

Upregulated in NH vs EmptyVector

Downregulated in NH vs EmptyVector

ID	logFC	AveExpr	t	P.Value	adj.P.Val
A_33_P3377519	4,061536661	9,887740928	6,051758107	6,84E-05	0,220196735
A_23_P93772	3,542567732	9,332661755	6,036676614	7,00E-05	0,220196735
A_23_P63209	-3,296940095	8,690225694	-5,962916128	7,81E-05	0,220196735
A_33_P3361422	-3,32502961	11,76107318	-6,144664481	5,97E-05	0,220196735
A_23_P40174	-3,308031948	13,75747795	-6,379683371	4,24E-05	0,220196735
A_23_P70968	4,083237636	10,84413415	5,605388396	0,000134326	0,315644604
A_23_P142075	-3,054204744	13,64960744	-5,375829722	0,000192102	0,338555613
A_24_P125335	-3,481320469	9,399669769	-5,379249429	0,00019107	0,338555613
A_33_P3333982	-2,720921372	10,17341037	-5,213041474	0,000248697	0,350638386
A_23_P145096	-2,750031415	11,08715548	-5,270535687	0,000226924	0,350638386
A_21_P0000199	3,38894793	8,96996854	5,007505637	0,000346398	0,443988167
A_23_P137366	-2,535101336	10,82841315	-4,858194643	0,000442308	0,519674583
A_23_P501538	3,180715657	8,190050264	4,669744894	0,000604787	0,577799689
A_33_P3629678	3,386399183	10,21796747	4,658875213	0,000615891	0,577799689
A_21_P0012224	2,584171111	9,572439561	4,537780956	0,000755082	0,577799689
A_21_P0000588	2,326935461	10,85748798	4,512843153	0,00078763	0,577799689
A_33_P3262495	2,520081694	9,568506421	4,460633723	0,000860614	0,577799689
A_23_P46936	-2,18398927	8,984950262	-4,461546955	0,000859278	0,577799689
A_23_P1691	-2,497605496	8,769010763	-4,477492433	0,000836304	0,577799689
A_23_P122924	-2,800887646	8,854030673	-4,53303823	0,000761162	0,577799689
A_23_P134426	-2,785894462	12,35642777	-4,586776601	0,000695165	0,577799689
A_23_P253536	2,024553129	7,880686121	4,193629737	0,001361398	0,674976974
A_23_P500998	2,772335039	12,32322294	4,191448441	0,001366557	0,674976974
A_23_P75310	2,875815728	11,16631665	4,091852537	0,001625182	0,674976974
A_33_P3379644	1,917596948	8,162189176	3,936754888	0,002133549	0,674976974
A_21_P0013834	2,401258681	7,712328486	3,929767534	0,002160005	0,674976974
A_33_P3331641	1,949902135	8,00147798	3,8260699	0,002595025	0,674976974
A_23_P29303	1,914733471	9,413739695	3,614695017	0,003784164	0,674976974
A_33_P3406836	2,440491978	9,400483582	3,527860694	0,004423404	0,674976974
A_23_P83098	2,205213755	10,98598352	3,525274832	0,004444052	0,674976974
A_23_P162449	1,890894633	8,356840808	3,518393119	0,004499484	0,674976974
A_23_P206359	2,781684448	8,088965642	3,411302955	0,005459175	0,674976974
A_24_P417352	2,096931475	7,897034191	3,322033641	0,006417434	0,674976974
A_21_P0012187	1,659936296	7,481541257	3,308432933	0,006577775	0,674976974
A_23_P43337	2,437025973	9,083671549	3,300718859	0,006670521	0,674976974
A_33_P3768196	1,611847372	8,054489322	3,296568263	0,006720971	0,674976974
A_23_P54968	2,715382521	8,111628075	3,296485746	0,006721978	0,674976974
A_23_P109072	1,639310478	7,666391967	3,284640283	0,006868123	0,674976974
A_33_P3300975	2,561580045	7,837619151	3,257899273	0,007210011	0,674976974
A_24_P411186	2,218105153	9,51008667	3,246421109	0,007362008	0,674976974

A_33_P3224495	1,827340964	10,32632088	3,244786057	0,007383923	0,674976974
A_32_P215179	1,930413096	10,92035649	3,239788825	0,007451311	0,674976974
A_23_P30567	2,738818598	8,057007962	3,236682209	0,007493517	0,674976974
A_19_P00329511	5,601120588	9,379979588	3,235125024	0,007514765	0,674976974
A_33_P3308914	1,991467035	9,886865791	3,140232157	0,008931528	0,674976974
A_23_P115492	1,814212112	7,887313196	3,131625234	0,009072687	0,674976974
A_33_P3396159	1,870367827	10,60823594	3,120912873	0,009251524	0,674976974
A_21_P0010945	1,941890751	7,180919941	3,09214785	0,009749523	0,674976974
A_19_P00323692	5,087777204	9,07561658	3,088290474	0,009818328	0,674976974
A_33_P3257861	1,849215563	9,350022172	3,084020693	0,009895058	0,674976974
A_33_P3258223	1,688900757	10,40763059	3,079310113	0,009980411	0,674976974
A_19_P00802872	4,130390933	8,401794381	3,076949051	0,010023471	0,674976974
A_23_P46781	2,100716577	7,335588182	3,060696439	0,01032499	0,674976974
A_33_P3341686	5,44413995	9,45708266	3,058753347	0,010361644	0,674976974
A_23_P129801	1,935473499	7,90983857	3,047877805	0,010569224	0,674976974
A_33_P3262138	1,823493956	9,141942513	3,046614587	0,010593605	0,674976974
A_21_P0000096	1,921276382	11,25442835	3,045144674	0,010622045	0,674976974
A_33_P3336484	2,229063966	12,34431411	3,045042962	0,010624016	0,674976974
A_32_P96036	2,222136377	8,868472277	3,035390719	0,010812725	0,674976974
A_23_P86470	1,669426271	8,7574883	3,03453671	0,010829582	0,674976974
A_23_P380010	1,537803357	7,660088514	2,978267361	0,012000473	0,674976974
A_23_P64980	2,199694958	8,308450211	2,969653741	0,012190589	0,674976974
A_23_P134663	1,391513269	7,389096373	2,955241649	0,012515456	0,674976974
A_33_P3300965	2,432715513	7,557989845	2,946778877	0,012710241	0,674976974
A_24_P33156	1,45984961	7,764423646	2,940046963	0,012867351	0,674976974
A_23_P163306	2,400696199	7,812933669	2,933719847	0,013016784	0,674976974
A_32_P62863	1,501722211	9,310017475	2,929251125	0,01312337	0,674976974
A_19_P00331623	5,068920063	9,284155365	2,92476471	0,013231256	0,674976974
A_21_P0005951	1,986546441	7,985157145	2,923810305	0,013254321	0,674976974
A_23_P363316	3,024251243	8,220519796	2,918983922	0,013371575	0,674976974
A_23_P253484	1,40224167	7,536310165	2,915057094	0,01346774	0,674976974
A_21_P0013726	2,289934957	7,295176038	2,898052052	0,013892213	0,674976974
A_33_P3527721	1,760786415	8,732142628	2,8978779	0,013896629	0,674976974
A_21_P0000120	2,678198248	10,61235368	2,894173749	0,013990878	0,674976974
A_23_P122906	1,829555592	8,998810356	2,867525976	0,01468796	0,674976974
A_23_P3849	1,485313986	9,426595527	2,866820577	0,014706875	0,674976974
A_21_P0014321	1,620001951	9,802092359	2,866646422	0,014711549	0,674976974
A_21_P0014714	1,543553274	9,784120543	2,863111058	0,014806748	0,674976974
A_32_P215938	1,66432607	12,82122203	2,848346897	0,015210988	0,674976974
A_33_P3317761	1,480080259	8,114893098	2,842330841	0,01537884	0,674976974
A_33_P3329433	2,33049438	8,384973187	2,837450235	0,015516366	0,674976974
A_33_P3265872	2,102758136	11,24418692	2,836834907	0,015533791	0,674976974
A_33_P3336642	1,581141756	9,548220059	2,827933826	0,015788047	0,674976974
A_23_P74115	1,723084495	12,33104889	2,821606197	0,015971306	0,674976974

A_19_P00327297	3,310420419	8,222005791	2,816900773	0,016108953	0,674976974
A_33_P3286864	1,925030962	7,364625009	2,808119891	0,016368978	0,674976974
A_33_P3346222	1,50733823	9,011131463	2,798485336	0,016659082	0,674976974
A_23_P69586	1,30586999	6,723161959	2,797016557	0,016703754	0,674976974
A_21_P0006538	3,212856973	8,168416883	2,79662156	0,016715788	0,674976974
A_33_P3321293	1,549758957	11,59397792	2,793423476	0,016813538	0,674976974
A_33_P3288754	1,669613768	12,84353467	2,78453489	0,017088208	0,674976974
A_33_P3231542	1,330206603	8,340790021	2,781997249	0,017167439	0,674976974
A_24_P340776	1,4528894	12,50717915	2,757060062	0,017965669	0,674976974
A_23_P339954	1,327405521	15,35530423	2,753963464	0,018067322	0,674976974
A_21_P0014003	1,741042296	7,93952103	2,751302263	0,018155138	0,674976974
A_33_P3286859	1,981357581	7,880826174	2,742688311	0,018442293	0,674976974
A_33_P3215948	1,430502279	8,749313997	2,741078218	0,018496463	0,674976974
A_19_P00319151	3,422766411	8,267980037	2,737766487	0,01860838	0,674976974
A_23_P60166	1,576088336	9,237308166	2,73552339	0,018684564	0,674976974
A_23_P90790	1,432229943	7,905676035	2,731688245	0,018815534	0,674976974
A_23_P70818	1,344251427	9,349413021	2,731265888	0,018830013	0,674976974
A_21_P0011085	1,428723018	8,50247723	2,730323227	0,018862369	0,674976974
A_19_P00317451	1,987630652	7,176207153	2,725937098	0,01901364	0,674976974
A_33_P3332547	1,295088334	8,103535968	2,722720771	0,019125329	0,674976974
A_21_P0000624	3,462907486	10,50986855	2,720418314	0,01920568	0,674976974
A_23_P316511	1,454975911	7,717176562	2,717867129	0,019295102	0,674976974
A_23_P316501	1,704750501	7,71677644	2,709244906	0,019600377	0,674976974
A_21_P0013984	1,534330776	8,485533744	2,701085798	0,019893645	0,674976974
A_33_P3281468	1,384510648	7,981076162	2,697705074	0,020016427	0,674976974
A_33_P3329898	1,563156269	7,235885656	2,694441264	0,020135672	0,674976974
A_33_P3348887	1,482981273	11,15289911	2,689701064	0,020310107	0,674976974
A_23_P140384	1,689808173	16,04388363	2,673639195	0,020912324	0,674976974
A_23_P52986	2,381863577	11,07936264	2,6670421	0,021164743	0,674976974
A_33_P3362770	1,454600215	10,46053031	2,656441783	0,021576633	0,674976974
A_23_P375566	1,64566994	9,937316272	2,648633338	0,021885079	0,674976974
A_24_P402588	1,720699365	11,307408	2,648258821	0,021899982	0,674976974
A_23_P159237	1,637976491	7,721054536	2,647450758	0,02193217	0,674976974
A_23_P150935	1,493709538	13,19764618	2,646162527	0,021983581	0,674976974
A_23_P5002	1,296592063	9,602757348	2,643385004	0,022094831	0,674976974
A_21_P0013548	1,26938151	7,936712021	2,639200679	0,022263476	0,674976974
A_21_P0011654	1,295434503	13,73441121	2,636224923	0,02238418	0,674976974
A_23_P65629	2,206687023	7,149519456	2,627900126	0,022725283	0,674976974
A_23_P395374	1,737332914	13,10033664	2,615258558	0,023253053	0,674976974
A_23_P411833	1,494542206	11,8733787	2,599216008	0,023940166	0,674976974
A_33_P3363637	2,21838193	7,875386739	2,597844498	0,023999825	0,674976974
A_23_P314805	1,438850434	7,373144551	2,596516157	0,024057745	0,674976974
A_23_P93032	1,309952155	11,99036429	2,594230974	0,024157707	0,674976974
A_23_P27013	2,744393797	8,398894087	2,593097206	0,024207454	0,674976974

A_23_P167168	2,486346515	8,970646171	2,590318599	0,024329796	0,674976974
A_33_P3287108	2,723348634	7,866692453	2,590177926	0,024336006	0,674976974
A_33_P3316562	1,571889238	8,016133565	2,589736588	0,024355498	0,674976974
A_24_P253780	1,774158809	7,808664916	2,582376985	0,024682816	0,674976974
A_24_P102053	1,545479722	7,536690132	2,572511037	0,025128374	0,674976974
A_33_P3263217	1,733222062	8,333360443	2,572328924	0,025136672	0,674976974
A_33_P3337277	1,301566689	7,17493757	2,572234407	0,025140979	0,674976974
A_33_P3253596	1,446580453	9,120491763	2,567089407	0,025376564	0,674976974
A_23_P83818	1,303467418	6,971771346	2,563352108	0,025549045	0,674976974
A_33_P3366073	1,646485201	10,91861018	2,560305014	0,025690521	0,674976974
A_33_P3309468	1,804129466	11,55419798	2,558668293	0,025766683	0,674976974
A_21_P0000253	1,432227738	7,900578739	2,558194852	0,025788945	0,674976974
A_23_P159335	1,652107171	9,085058587	2,557559938	0,025818631	0,674976974
A_23_P114299	1,446560303	7,614195673	2,553935044	0,025988758	0,674976974
A_33_P3246635	1,888411937	7,371339994	2,544973389	0,026414075	0,674976974
A_21_P0006456	2,759023198	7,45657077	2,543533628	0,026483037	0,674976974
A_33_P3366987	1,728750458	7,59554655	2,543512855	0,026484034	0,674976974
A_33_P3309551	1,979243473	7,595810348	2,539661272	0,026669391	0,674976974
A_21_P0011320	1,227559994	7,399188074	2,536777204	0,026809015	0,674976974
A_33_P3249595	1,487103924	7,719138911	2,534937022	0,026898476	0,674976974
A_33_P3415698	1,291205389	10,60609259	2,53421087	0,026933858	0,674976974
A_24_P8075	1,337497536	10,41037939	2,531190688	0,027081506	0,674976974
A_24_P204675	1,214383886	14,79298756	2,530595924	0,027110675	0,674976974
A_33_P3321657	2,224818753	12,68484551	2,529306026	0,027174042	0,674976974
A_23_P39067	1,635879996	8,321744173	2,528705424	0,027203596	0,674976974
A_24_P896205	1,229538758	6,786033198	2,525964367	0,027338875	0,674976974
A_23_P145529	2,024146752	8,251631886	2,524715669	0,02740072	0,674976974
A_33_P3375576	1,307791211	8,611632114	2,523949508	0,027438733	0,674976974
A_23_P377888	1,298488814	10,91337315	2,522448469	0,027513357	0,674976974
A_32_P40377	1,234217277	11,67654886	2,521669595	0,027552156	0,674976974
A_21_P0009343	1,305019591	6,742429384	2,511955681	0,028040561	0,674976974
A_23_P206501	1,365774451	9,046007846	2,509556526	0,028162483	0,674976974
A_33_P3235410	1,216030967	10,42693601	2,507259401	0,028279703	0,674976974
A_23_P165355	1,392673696	9,522218255	2,502777753	0,028509769	0,674976974
A_21_P0000208	1,425377421	9,395142636	2,499961145	0,028655292	0,674976974
A_23_P66608	1,477901316	10,73835547	2,499308205	0,02868913	0,674976974
A_21_P0011895	1,179791873	6,95574131	2,497118974	0,028802869	0,674976974
A_23_P415411	1,383545798	15,19671483	2,494918696	0,028917625	0,674976974
A_21_P0011219	1,594524789	7,570760596	2,493218977	0,029006579	0,674976974
A_23_P54517	1,307712356	8,01773859	2,491075506	0,029119136	0,674976974
A_33_P3305203	1,186238724	9,171923394	2,488698557	0,029244451	0,674976974
A_23_P41804	1,39086021	8,447518654	2,486621844	0,029354367	0,674976974
A_33_P3258117	1,49749823	10,25773185	2,485377296	0,029420431	0,674976974
A_33_P3403179	1,477455494	8,474677443	2,483840478	0,029502209	0,674976974

A_23_P66682	2,276422238	10,49192119	2,481522637	0,029625965	0,674976974
A_32_P14850	1,192335725	15,06240196	2,478426725	0,029792054	0,674976974
A_19_P00321917	1,797540237	7,498957099	2,47577532	0,029935015	0,674976974
A_24_P358381	1,455474067	9,266181027	2,472088908	0,030134892	0,674976974
A_32_P86739	1,35911909	7,599327165	2,470107213	0,030242875	0,674976974
A_33_P3322589	1,368214399	9,854907919	2,469252494	0,030289565	0,674976974
A_21_P0014234	1,628732926	8,565452975	2,467471257	0,030387093	0,674976974
A_21_P0000236	1,97265579	8,731198712	2,463567899	0,03060188	0,674976974
A_23_P393401	1,271977299	10,08709609	2,460271691	0,030784406	0,674976974
A_33_P3323847	1,535258133	14,21920232	2,459157067	0,030846367	0,674976974
A_21_P0014057	1,163199232	7,84457951	2,458652917	0,030874432	0,674976974
A_33_P3403048	1,350448517	8,391616414	2,455699776	0,031039326	0,674976974
A_33_P3317387	1,208227756	7,218099713	2,453059485	0,031187476	0,674976974
A_33_P3233081	1,418456118	10,60536033	2,452194198	0,031236177	0,674976974
A_33_P3246638	1,477678345	7,057129913	2,448783779	0,031428847	0,674976974
A_23_P9392	1,262051412	9,420760651	2,446209594	0,031575038	0,674976974
A_21_P0011086	1,403930798	10,69978978	2,443531568	0,031727827	0,674976974
A_24_P3804	1,386592379	10,79503693	2,442239664	0,03180179	0,674976974
A_23_P214627	1,249693364	15,5576496	2,441237474	0,031859281	0,674976974
A_33_P3392677	1,264346329	9,74220262	2,440315518	0,031912259	0,674976974
A_23_P158925	1,785277626	10,17342586	2,437389951	0,032080936	0,674976974
A_24_P89509	1,357105921	8,657556183	2,435859371	0,032169528	0,674976974
A_33_P3264895	1,513235644	11,39823263	2,43247433	0,0323663	0,674976974
A_23_P205575	1,488051039	9,446898427	2,429802103	0,032522461	0,674976974
A_33_P3333992	1,264095491	8,044080347	2,429508357	0,032539672	0,674976974
A_33_P3626301	1,292758866	8,822233771	2,429192539	0,032558185	0,674976974
A_33_P3262191	2,022242137	9,031692115	2,428086041	0,03262313	0,674976974
A_33_P3319870	2,219725426	7,27332083	2,422164502	0,032972826	0,674976974
A_23_P90484	1,514086478	10,39124234	2,420958915	0,033044466	0,674976974
A_33_P3211263	1,772210403	11,46693121	2,415990756	0,033341283	0,674976974
A_23_P129157	1,559399609	8,215599385	2,411917807	0,03358654	0,674976974
A_23_P33720	1,202954337	9,494929218	2,411609696	0,033605165	0,674976974
A_23_P12816	1,645780705	10,30050557	2,410381298	0,033679516	0,674976974
A_23_P258612	2,463027897	7,699190686	2,410014207	0,033701766	0,674976974
A_23_P203900	1,463161438	14,18604005	2,40772798	0,033840658	0,674976974
A_33_P3280094	1,719466895	12,35026884	2,402473418	0,034161983	0,674976974
A_33_P3223056	1,955245543	9,757183579	2,400352582	0,034292509	0,674976974
A_21_P0000638	1,198880567	7,538082271	2,395534657	0,034590823	0,674976974
A_32_P38637	1,267242995	11,45067936	2,393874016	0,034694226	0,674976974
A_33_P3410836	1,433183407	13,24132315	2,392994274	0,034749125	0,674976974
A_23_P218058	1,906802622	7,327368551	2,392114215	0,034804129	0,674976974
A_21_P0000284	1,451322875	9,970577935	2,390374493	0,034913109	0,674976974
A_33_P3216237	1,444322802	12,40949204	2,388818466	0,035010861	0,674976974
A_23_P321984	1,659318687	9,509568718	2,388300018	0,035043489	0,674976974

A_33_P3234197	1,240821367	9,496509287	2,387509932	0,03509327	0,674976974
A_33_P3238166	1,599200265	11,05785539	2,38666798	0,035146393	0,674976974
A_33_P3301524	1,278128135	11,63145013	2,383474404	0,035348601	0,674976974
A_33_P3319113	1,390260307	8,356436893	2,380448473	0,03554123	0,674976974
A_33_P3384932	1,284120728	10,71933785	2,378958878	0,035636428	0,674976974
A_23_P55616	1,284964386	7,587071013	2,375199835	0,035877761	0,674976974
A_19_P00810009	1,474367846	7,836807429	2,374954805	0,035893547	0,674976974
A_33_P3331746	1,849520429	7,243088281	2,373087803	0,036014046	0,674976974
A_23_P41304	2,032289024	10,12379188	2,372411906	0,036057765	0,674976974
A_33_P3386262	1,288001613	13,91603105	2,369724655	0,036232094	0,674976974
A_23_P122216	2,319584424	8,310517491	2,368465323	0,03631407	0,674976974
A_33_P3800734	1,421261404	10,20327328	2,36839196	0,036318851	0,674976974
A_33_P3297345	2,4470367	7,818786814	2,364312961	0,036585634	0,674976974
A_23_P301414	1,153198623	7,132342502	2,35897253	0,036937779	0,674976974
A_33_P3307980	1,385640806	8,877538609	2,35844412	0,036972799	0,674976974
A_23_P9603	1,340669307	10,05249057	2,351799659	0,037415896	0,674976974
A_33_P3386344	1,438008655	10,40824948	2,344120995	0,037934333	0,674976974
A_33_P3209351	1,232735065	10,66861675	2,343920343	0,037947973	0,674976974
A_24_P84419	1,180199935	8,47895894	2,341123194	0,038138605	0,674976974
A_23_P398275	1,717960387	9,209459909	2,340376387	0,038189658	0,674976974
A_23_P103628	1,283914378	11,70729431	2,338794676	0,038298002	0,674976974
A_33_P3271455	1,530308281	10,35330736	2,336628871	0,038446836	0,674976974
A_24_P51118	1,64642026	9,601464456	2,33580005	0,03850394	0,674976974
A_23_P71316	1,552908902	7,434416184	2,332782838	0,038712507	0,674976974
A_23_P116614	1,806100915	10,24679094	2,33113698	0,038826736	0,674976974
A_33_P3410925	2,27045504	13,35186707	2,329892419	0,038913329	0,674976974
A_33_P3295523	1,28351311	11,55215325	2,327917486	0,039051119	0,674976974
A_23_P252335	1,254103047	11,49468912	2,327044729	0,039112161	0,674976974
A_23_P3014	1,182064463	11,8885387	2,326262994	0,039166914	0,674976974
A_33_P3296169	1,23064866	8,886656697	2,323127633	0,039387257	0,674976974
A_21_P0000265	1,392316188	7,236398993	2,320447424	0,039576557	0,674976974
A_23_P349676	1,424696237	11,93793328	2,318179477	0,039737423	0,674976974
A_21_P0013805	1,139661585	11,26692295	2,317550771	0,039782128	0,674976974
A_33_P3351851	1,796395266	9,799552816	2,317233971	0,039804673	0,674976974
A_33_P3282005	1,119111424	7,236406328	2,313502803	0,040071123	0,674976974
A_33_P3387272	1,416609566	14,51011822	2,312468064	0,040145319	0,674976974
A_23_P131383	1,20880085	12,03065066	2,310373449	0,040295917	0,674976974
A_23_P25069	1,382118221	9,998105116	2,310182818	0,04030965	0,674976974
A_21_P0000365	1,668310059	8,395436835	2,31010837	0,040315014	0,674976974
A_23_P24433	1,303741641	10,62274454	2,309303467	0,040373055	0,674976974
A_21_P0014428	1,162837173	9,89149405	2,308780407	0,040410816	0,674976974
A_33_P3394183	1,284378585	10,3192759	2,307799276	0,040481737	0,674976974
A_21_P0011308	1,103934066	7,540433333	2,30715525	0,040528355	0,674976974
A_21_P0000229	1,13492458	7,22207286	2,303868048	0,040767104	0,674976974

A_21_P0006410	1,154458027	7,087780481	2,299622985	0,04107742	0,674976974
A_23_P17204	1,256740948	12,18421216	2,298990042	0,041123882	0,674976974
A_19_P00321230	1,181189326	8,460733239	2,298598018	0,041152684	0,674976974
A_23_P138461	1,299744305	7,951910759	2,297540828	0,041230453	0,674976974
A_33_P3228762	1,119399927	12,92314182	2,297064783	0,041265518	0,674976974
A_23_P50455	1,332396182	11,9780994	2,296437797	0,041311744	0,674976974
A_19_P00807053	1,196075839	8,25418911	2,293395423	0,041536759	0,674976974
A_23_P78867	1,355187665	8,680535107	2,292438446	0,041607779	0,674976974
A_24_P312325	1,406665664	9,046155793	2,290041542	0,041786173	0,674976974
A_33_P3299958	2,122541325	8,251500609	2,285841505	0,042100537	0,674976974
A_23_P3552	1,097336371	9,666421112	2,28494712	0,042167771	0,674976974
A_21_P0013847	1,301787195	7,732261551	2,284663015	0,04218915	0,674976974
A_23_P258769	1,865311267	14,24783611	2,282158775	0,042378044	0,674976974
A_23_P358709	1,283840631	10,98756681	2,280437018	0,042508384	0,674976974
A_23_P146456	1,32436146	7,674986958	2,280058328	0,042537103	0,674976974
A_19_P00322887	1,201742347	7,850321156	2,276838887	0,04278201	0,674976974
A_23_P128084	1,84161459	10,20818543	2,276718623	0,042791185	0,674976974
A_23_P63980	1,497495673	11,24167428	2,273087543	0,043069082	0,674976974
A_33_P3295550	1,622956359	8,942594978	2,272922971	0,043081718	0,674976974
A_32_P82189	1,155983819	7,84171184	2,271728823	0,043173512	0,674976974
A_33_P3411427	2,598183453	11,43272353	2,269123574	0,043374427	0,674976974
A_23_P164035	1,2157435	12,01689784	2,264932641	0,043699506	0,674976974
A_32_P219116	1,318261959	13,01566873	2,263887852	0,043780909	0,674976974
A_23_P92132	1,376148212	11,60119126	2,262247545	0,043909004	0,674976974
A_32_P148726	1,197410999	8,437997299	2,262134572	0,04391784	0,674976974
A_24_P332739	1,099936005	13,466862	2,261077974	0,044000557	0,674976974
A_21_P0010943	1,327516702	8,973128786	2,259347059	0,044136386	0,674976974
A_24_P838483	1,29592966	7,115761732	2,256034272	0,044397466	0,674976974
A_23_P359870	1,114328364	7,799999448	2,254558562	0,044514241	0,674976974
A_32_P203786	1,171615383	9,594825626	2,254247233	0,044538914	0,674976974
A_33_P3304824	1,678702128	9,586843846	2,250557551	0,044832323	0,674976974
A_21_P0011087	1,363360926	10,30534074	2,249536574	0,044913838	0,674976974
A_24_P317835	1,282922096	12,15538133	2,246711138	0,04514016	0,674976974
A_21_P0003091	1,519496809	9,812744126	2,246665459	0,045143828	0,674976974
A_33_P3230688	1,447217523	12,19749562	2,246090892	0,045189988	0,674976974
A_23_P115046	1,354241438	10,04908012	2,241618349	0,045550852	0,674976974
A_23_P105227	1,213743224	7,121888059	2,237001716	0,045926223	0,674976974
A_21_P0000251	1,699684701	8,373126166	2,234407487	0,046138449	0,674976974
A_23_P434944	1,201452104	10,05740654	2,23212983	0,046325547	0,674976974
A_33_P3383724	1,560609491	8,15958693	2,231648948	0,046365141	0,674976974
A_19_P00321183	1,178509815	7,711467767	2,229712673	0,046524895	0,674976974
A_24_P84822	1,54405916	12,47520049	2,229543207	0,046538902	0,674976974
A_33_P3397443	1,148673384	13,7451523	2,229206582	0,046566737	0,674976974
A_32_P14843	1,127963887	12,72741209	2,224252762	0,046978198	0,674976974

A_23_P129103	1,672648757	9,854263441	2,222974695	0,047084914	0,674976974
A_23_P331049	1,262484473	7,535149407	2,220841288	0,047263564	0,674976974
A_33_P3416142	1,192963614	8,614949697	2,220462003	0,047295392	0,674976974
A_23_P500464	1,419155288	7,052720308	2,219173015	0,047403713	0,674976974
A_24_P92183	1,595202462	9,211681357	2,219113498	0,04740872	0,674976974
A_33_P3337831	1,050679539	7,333206046	2,215721374	0,047694937	0,674976974
A_24_P409881	1,278679894	12,92094783	2,215430614	0,047719547	0,674976974
A_24_P223384	1,440467625	11,21456663	2,213572689	0,047877086	0,674976974
A_33_P3336514	1,866820907	9,753501753	2,211637999	0,048041661	0,674976974
A_21_P0009604	1,61468275	7,154406953	2,211008538	0,048095322	0,674976974
A_33_P3252359	1,23717434	12,32891439	2,208000852	0,048352512	0,674976974
A_23_P20743	1,333373619	8,483580065	2,207713172	0,04837718	0,674976974
A_23_P128663	1,386414887	10,34514356	2,207662951	0,048381488	0,674976974
A_33_P3309319	1,315152755	12,96517415	2,204201911	0,048679233	0,674976974
A_23_P209200	1,25217811	11,86431434	2,201581908	0,048905783	0,674976974
A_21_P0009119	1,374521222	8,756455345	2,200837137	0,048970366	0,674976974
A_33_P3210203	1,280014485	8,013689244	2,197576894	0,049254032	0,674976974
A_21_P0012011	1,220357384	7,684981175	2,197506167	0,049260203	0,674976974
A_23_P355289	1,086802251	12,69676846	2,195904167	0,049400177	0,674976974
A_19_P00320132	1,263158203	9,689328316	2,195842507	0,049405572	0,674976974
A_23_P354297	1,342239786	12,78328355	2,194479029	0,049525015	0,674976974
A_33_P3339375	1,56074466	10,54251856	2,19394137	0,049572191	0,674976974
A_19_P00322336	1,260372462	10,12715671	2,192505763	0,049698363	0,674976974
A_33_P3377529	1,376361103	7,466166138	2,191247511	0,049809198	0,674976974
A_23_P202448	2,540937604	8,308205514	2,189301175	0,049981108	0,674976974
A_23_P312646	1,110451364	11,05804129	2,188906677	0,05001602	0,674976974
A_33_P3305472	1,192190064	10,67439522	2,188291498	0,050070508	0,674976974
A_33_P3347343	2,30229392	8,340419113	2,187892661	0,050105865	0,674976974
A_33_P3387901	1,116633939	8,046377876	2,186984632	0,050186449	0,674976974
A_32_P170749	1,054148558	12,77451255	2,185165731	0,05034824	0,674976974
A_33_P3408420	1,18502154	7,096415355	2,184883045	0,050373429	0,674976974
A_24_P6911	1,102217035	10,69918174	2,184264464	0,05042859	0,674976974
A_21_P0000484	1,426124419	8,420637722	2,183480544	0,050498578	0,674976974
A_21_P0011796	1,198192785	11,98468169	2,181877958	0,050641942	0,674976974
A_23_P128532	1,217231387	11,01547971	2,181209317	0,050701872	0,674976974
A_24_P904903	1,060809468	9,785862796	2,181021344	0,050718731	0,674976974
A_21_P0000295	1,759881715	10,27847002	2,178966808	0,050903356	0,674976974
A_21_P0000282	1,202343944	8,412262564	2,178860327	0,050912942	0,674976974
A_23_P394064	1,091880033	14,2285128	2,1780505	0,050985903	0,674976974
A_24_P91991	1,160910643	7,175003867	2,177872468	0,051001956	0,674976974
A_33_P3265185	1,169195268	13,93133759	2,176094295	0,051162554	0,674976974
A_33_P3333667	1,446790417	7,514048667	2,174569923	0,051300612	0,674976974
A_33_P3424295	1,122491341	8,60512893	2,174524885	0,051304696	0,674976974
A_33_P3339336	1,042989132	7,807143082	2,173238403	0,051421493	0,674976974

A_23_P95930	2,068693681	8,23406367	2,170111404	0,051706436	0,674976974
A_23_P34637	1,316396503	7,227700178	2,167581925	0,051938025	0,674976974
A_21_P0014665	1,438789385	7,686203057	2,167241218	0,051969293	0,674976974
A_33_P3294031	1,175752457	7,888350055	2,166028621	0,052080725	0,674976974
A_33_P3292417	1,182334491	12,98054561	2,165538143	0,052125862	0,674976974
A_21_P0000394	1,627618039	8,335730789	2,165196638	0,052157312	0,674976974
A_23_P130764	1,197360149	8,75181968	2,163646151	0,052300322	0,674976974
A_21_P0000275	1,83571299	8,136954495	2,160146147	0,052624515	0,674976974
A_23_P204751	1,178876116	7,68757192	2,158780865	0,052751491	0,674976974
A_23_P138058	1,192569972	12,04697054	2,157425646	0,052877818	0,674976974
A_32_P215318	1,062422156	9,513194049	2,156088398	0,05300275	0,674976974
A_21_P0011317	1,040231942	7,091594694	2,156017978	0,053009337	0,674976974
A_23_P141092	1,145431848	6,84342669	2,15521133	0,053084842	0,674976974
A_24_P99071	1,362448609	10,49821606	2,155073818	0,053097724	0,674976974
A_19_P00316753	1,331905815	8,570051193	2,154412622	0,053159704	0,674976974
A_23_P140725	1,083116303	7,974240156	2,153545425	0,053241098	0,674976974
A_33_P3380612	1,165775573	7,076879231	2,152373736	0,053351259	0,674976974
A_33_P3259022	1,05523871	7,936676284	2,150113941	0,053564331	0,674976974
A_21_P0000255	1,582001283	7,850286088	2,149862488	0,05358809	0,674976974
A_23_P28057	1,211715847	14,48100061	2,149643857	0,053608755	0,674976974
A_21_P0000218	1,870946397	8,850837362	2,148237471	0,053741871	0,674976974
A_19_P00318272	1,052348451	7,345923123	2,147665865	0,053796064	0,674976974
A_23_P39647	2,211779521	7,530268484	2,147489501	0,053812795	0,674976974
A_32_P117422	1,171018109	12,11579145	2,146478028	0,053908844	0,674976974
A_19_P00320242	1,143667545	7,794853858	2,145882537	0,053965468	0,674976974
A_23_P212126	1,281514941	7,97046045	2,145133141	0,054036806	0,674976974
A_24_P145009	1,116911682	8,68216062	2,14345052	0,054197306	0,674976974
A_21_P0010877	1,120654867	9,989286996	2,138911934	0,054632477	0,674976974
A_32_P39003	1,517273082	12,16244652	2,138354705	0,054686133	0,674976974
A_23_P216355	1,087891977	9,398859601	2,137408699	0,054777337	0,674976974
A_33_P3260322	1,136638159	10,34484484	2,137031674	0,054813727	0,674976974
A_23_P78092	1,271064009	10,58948376	2,136756786	0,054840272	0,674976974
A_33_P3249872	1,350028272	8,305675336	2,135933785	0,054919821	0,674976974
A_23_P202658	1,012786077	16,26878106	2,135108958	0,054999655	0,674976974
A_21_P0011319	1,154591615	7,458761361	2,134929638	0,055017026	0,674976974
A_23_P352494	1,320270381	7,008678155	2,13264487	0,055238805	0,674976974
A_23_P122068	1,244469265	7,665952653	2,13244502	0,055258245	0,674976974
A_33_P3357062	1,143181762	11,22813603	2,131472488	0,055352934	0,674976974
A_23_P6836	1,349401126	8,974510745	2,131373768	0,055362554	0,674976974
A_33_P3659678	1,051249911	10,72303519	2,130701315	0,055428127	0,674976974
A_32_P925529	1,024358749	6,831653928	2,130212746	0,055475815	0,674976974
A_21_P0010879	1,342425236	10,11561294	2,128789594	0,055614946	0,674976974
A_21_P0011656	1,327447311	11,1250519	2,126968634	0,055793447	0,674976974
A_33_P3273173	1,082305311	7,37502087	2,126834448	0,055806622	0,674976974

A_21_P0002407	1,763130995	8,497384086	2,125045434	0,055982557	0,674976974
A_24_P941188	1,055703262	8,962687084	2,124105683	0,056075183	0,674976974
A_33_P3245126	1,170659479	8,43897708	2,123833378	0,05610205	0,674976974
A_21_P0011600	1,314635957	10,97382005	2,12353253	0,056131747	0,674976974
A_21_P0011418	1,006570988	7,710956054	2,123448541	0,05614004	0,674976974
A_33_P3303742	3,748015133	9,620697479	2,121200131	0,056362483	0,674976974
A_19_P00321521	1,253354961	9,707308509	2,120095236	0,056472098	0,674976974
A_23_P161644	1,105615665	8,079875665	2,118982992	0,056582645	0,674976974
A_21_P0012236	1,175582979	9,013950115	2,116543058	0,056825868	0,674976974
A_24_P280983	1,068747418	7,318152504	2,116487689	0,056831399	0,674976974
A_23_P64873	1,213578497	7,258536047	2,114668635	0,057013387	0,674976974
A_23_P132260	1,056516144	9,757728506	2,113341959	0,057146461	0,674976974
A_32_P116556	1,007551778	9,776240656	2,113242984	0,0571564	0,674976974
A_33_P3408320	1,164341954	8,554149115	2,112782947	0,057202621	0,674976974
A_21_P0000206	1,259146588	8,323923035	2,112587812	0,057222237	0,674976974
A_23_P29384	1,12063968	8,999384102	2,111815293	0,057299957	0,674976974
A_33_P3227774	1,437675017	9,115915558	2,111108502	0,057371151	0,674976974
A_33_P3359306	1,187167323	12,88568945	2,110610472	0,057421367	0,674976974
A_23_P378526	1,270227732	10,36826517	2,110563525	0,057426103	0,674976974
A_21_P0009669	1,261264936	7,471561255	2,109308793	0,057552811	0,674976974
A_33_P3395883	1,269544357	11,88162007	2,108991714	0,057584872	0,674976974
A_24_P123347	1,151551021	9,869521825	2,106970463	0,057789647	0,674976974
A_33_P3293346	1,681326755	8,40145363	2,106251141	0,057862687	0,674976974
A_24_P298737	1,230934371	7,790685465	2,10579827	0,057908716	0,674976974
A_33_P3350634	1,050519178	11,94403393	2,105756513	0,057912962	0,674976974
A_21_P0000482	1,120782596	9,101611011	2,105738142	0,05791483	0,674976974
A_23_P158880	1,005247406	8,386689964	2,102874272	0,058206738	0,674976974
A_24_P416370	1,039137531	11,31122839	2,102716918	0,058222817	0,674976974
A_23_P251795	1,120318921	9,534277813	2,102096558	0,058286247	0,674976974
A_24_P26177	1,05204582	8,488354823	2,09851321	0,058653911	0,674976974
A_23_P113572	0,994922444	8,140975474	2,09815567	0,058690716	0,674976974
A_33_P3503937	1,516518005	10,10735581	2,094908689	0,059025947	0,674976974
A_21_P0014461	1,043139766	7,154493711	2,094300333	0,059088956	0,674976974
A_23_P163546	1,174228071	12,91737652	2,093977673	0,059122401	0,674976974
A_23_P399001	1,171651804	13,66222817	2,093924613	0,059127902	0,674976974
A_23_P357351	1,57489803	7,907412921	2,092202082	0,059306763	0,674976974
A_24_P10214	1,221247259	9,224073428	2,090963854	0,05943565	0,674976974
A_23_P253571	1,104776171	10,78485848	2,090951671	0,059436919	0,674976974
A_23_P406105	1,119432296	14,38260395	2,090635846	0,059469836	0,674976974
A_23_P148519	1,172463055	12,95799899	2,089900089	0,059546587	0,674976974
A_21_P0000470	1,236284923	7,163165632	2,089505451	0,059587792	0,674976974
A_21_P0000303	1,183164563	7,366238814	2,089242065	0,059615307	0,674976974
A_23_P305616	1,059190908	7,351753909	2,088365939	0,059706921	0,674976974
A_21_P0006583	1,265751151	6,954733307	2,088110711	0,059733634	0,674976974

A_23_P48217	1,07344861	8,568078899	2,087276471	0,059821028	0,674976974
A_23_P256021	1,075009645	13,25157051	2,086886042	0,05986197	0,674976974
A_33_P3269338	1,18314645	11,32567693	2,086248699	0,059928861	0,674976974
A_23_P159227	1,184514726	8,911581765	2,085847815	0,059970971	0,674976974
A_23_P5131	1,44139723	9,83837573	2,085717433	0,059984672	0,674976974
A_33_P3343485	1,374850166	9,472909159	2,084877577	0,060073002	0,674976974
A_33_P3395562	1,271123605	7,398285022	2,084423668	0,060120791	0,674976974
A_21_P0000237	1,235063707	10,76077535	2,084335549	0,060130073	0,674976974
A_21_P0013247	1,11019944	11,71724605	2,083495317	0,060218643	0,674976974
A_33_P3362915	1,707930536	9,472255345	2,082742894	0,060298061	0,674976974
A_23_P61487	1,210788976	10,24329646	2,082202897	0,060355118	0,674976974
A_21_P0000225	1,768633342	9,187041847	2,080479431	0,060537562	0,674976974
A_33_P3294801	1,229128044	9,812483556	2,079689601	0,060621345	0,674976974
A_24_P213161	1,071214891	9,211830891	2,079428268	0,060649091	0,674976974
A_23_P155688	1,567914989	10,01741574	2,079230363	0,06067011	0,674976974
A_23_P317756	1,073723261	9,818143037	2,079198201	0,060673526	0,674976974
A_23_P31721	1,457836245	8,079184533	2,078930132	0,06070201	0,674976974
A_33_P3382835	1,171241732	7,839020287	2,077995622	0,060801405	0,674976974
A_23_P137856	0,981206382	9,829387918	2,077629703	0,060840366	0,674976974
A_33_P3280157	1,327900529	11,03681839	2,07567866	0,061048497	0,674976974
A_33_P3219641	1,405353863	9,571990809	2,075628621	0,061053844	0,674976974
A_33_P3244117	0,996044624	6,983057087	2,075377731	0,061080659	0,674976974
A_23_P428129	1,410230463	12,0628101	2,075035836	0,061117218	0,674976974
A_24_P406986	1,066831014	12,04669697	2,0749472	0,061126699	0,674976974
A_23_P89062	1,263215431	9,157753008	2,074258068	0,061200462	0,674976974
A_23_P83498	1,125894226	9,586952458	2,073376519	0,061294941	0,674976974
A_33_P3344451	1,145708735	13,43720601	2,072878286	0,0613484	0,674976974
A_21_P0010875	1,419943814	9,598495025	2,071317938	0,061516102	0,674976974
A_33_P3349469	1,285485067	13,70035465	2,070802876	0,061571554	0,674976974
A_23_P217297	0,976865483	8,37766779	2,070568253	0,061596829	0,674976974
A_23_P370588	1,334135192	6,912918837	2,069276417	0,061736169	0,674976974
A_23_P115861	1,014420051	7,500627689	2,063645447	0,062346992	0,674976974
A_19_P00316659	1,216000984	14,57802868	2,062287803	0,062495108	0,674976974
A_23_P10385	1,099451928	11,5478639	2,062206845	0,062503951	0,674976974
A_21_P0014012	1,133565198	9,543930172	2,06105706	0,062629664	0,674976974
A_23_P258088	1,132539336	7,175080343	2,060326297	0,062709686	0,674976974
A_21_P0000252	1,724118152	9,770946574	2,060084199	0,062736218	0,674976974
A_21_P0000286	1,22178248	8,323593354	2,059665233	0,062782158	0,674976974
A_24_P299996	1,293624867	8,667205506	2,057876121	0,062978691	0,674976974
A_23_P88095	1,117053783	9,90014579	2,057375807	0,063033754	0,674976974
A_21_P0008462	1,195518214	6,800634773	2,05687269	0,06308917	0,674976974
A_23_P126844	1,238396391	9,823734652	2,055751168	0,063212864	0,674976974
A_23_P34741	1,241044644	12,4634464	2,054815343	0,063316252	0,674976974
A_21_P0000497	1,216657116	6,933449746	2,0534904	0,063462899	0,674976974

A_21_P0000481	1,374530485	7,452098477	2,053113317	0,063504693	0,674976974
A_23_P82868	1,417633344	8,511145492	2,051765187	0,063654325	0,674976974
A_24_P693321	1,26372539	11,51519141	2,051706616	0,063660833	0,674976974
A_33_P3385477	1,322297901	13,772552	2,050721802	0,063770359	0,674976974
A_33_P3253975	1,195655732	9,016835711	2,050062325	0,0638438	0,674976974
A_33_P3392097	1,021852733	7,829341091	2,049415867	0,063915869	0,674976974
A_21_P0014312	1,408839226	12,98123559	2,046902079	0,064196836	0,674976974
A_19_P00322702	1,246795966	15,48764027	2,046310722	0,0642631	0,674976974
A_23_P340149	0,98779505	7,992219956	2,045267028	0,064380205	0,674976974
A_33_P3271634	1,200283766	7,223994501	2,044045542	0,064517513	0,674976974
A_23_P320878	1,018827998	8,308471555	2,042432958	0,064699204	0,674976974
A_24_P327499	0,981701431	8,971452669	2,041906405	0,064758634	0,674976974
A_19_P00322645	1,002945309	9,120276602	2,041849112	0,064765104	0,674976974
A_23_P371076	1,109464858	8,043057726	2,041623	0,064790643	0,674976974
A_24_P64233	1,223744262	8,966026749	2,040392702	0,064929766	0,674976974
A_24_P203964	1,073133656	11,06774336	2,040093335	0,064963661	0,674976974
A_23_P255376	1,300512472	9,644150851	2,03988694	0,064987039	0,674976974
A_33_P3279708	1,982405838	12,20006566	2,03972935	0,065004894	0,674976974
A_33_P3372844	1,090836397	13,90090574	2,039163048	0,065069095	0,674976974
A_33_P3331588	1,295858265	13,60131687	2,038688234	0,06512297	0,674976974
A_24_P200854	1,049931455	7,112977593	2,037904212	0,06521202	0,674976974
A_19_P00315826	1,236595121	8,050961479	2,037740208	0,065230662	0,674976974
A_32_P440768	1,152491662	7,763586314	2,037666995	0,065238986	0,674976974
A_33_P3387831	1,116273342	14,7430608	2,036932466	0,06532255	0,674976974
A_24_P20630	1,882705612	9,716023394	2,035767342	0,065455306	0,674976974
A_21_P0000376	1,172959602	7,314287303	2,035413187	0,065495709	0,674976974
A_23_P50990	1,11984495	9,530241115	2,035072804	0,065534562	0,674976974
A_23_P84596	2,063076366	9,622389709	2,035011811	0,065541527	0,674976974
A_23_P115885	1,032551682	9,655064102	2,034545324	0,065594815	0,674976974
A_19_P00319779	1,509649639	8,872194178	2,033861965	0,065672951	0,674976974
A_32_P80068	1,103535226	12,78222668	2,033777694	0,065682592	0,674976974
A_21_P0011475	1,053883864	12,5745081	2,033770504	0,065683415	0,674976974
A_23_P19084	1,109288161	11,80192641	2,030606396	0,066046387	0,674976974
A_23_P336513	1,138047182	10,54717293	2,029857498	0,066132571	0,674976974
A_21_P0014358	1,11896242	9,540627503	2,028991669	0,066232342	0,674976974
A_33_P3225983	1,314290094	11,56369642	2,02743068	0,066412572	0,674976974
A_24_P111134	1,182100866	9,857660135	2,026534222	0,066516283	0,674976974
A_21_P0003208	1,260426089	10,03780176	2,024359941	0,066768453	0,674976974
A_23_P1145	1,108111543	10,07256031	2,022889576	0,066939489	0,674976974
A_24_P39639	1,56612214	10,57115023	2,022686357	0,06696316	0,674976974
A_23_P13604	1,207685809	14,53011877	2,021871869	0,06705811	0,674976974
A_33_P3247988	1,527129378	9,553798513	2,021110702	0,067146957	0,674976974
A_33_P3210516	1,397706045	8,334116935	2,019708913	0,067310868	0,674976974
A_32_P44316	1,118386455	15,06129398	2,019340758	0,067353978	0,674976974

A_33_P3507542	1,142554964	10,13303462	2,01928846	0,067360104	0,674976974
A_19_P00319623	1,062765747	11,16293544	2,017885978	0,067524582	0,674976974
A_23_P37144	1,050959057	9,030959689	2,016290613	0,067712134	0,674976974
A_33_P3313258	1,078443472	9,760242544	2,016035286	0,067742196	0,674976974
A_23_P362183	1,327467515	9,892738689	2,015574178	0,067796517	0,674976974
A_23_P31407	1,851194827	8,359483059	2,014439552	0,067930355	0,674976974
A_33_P3386760	1,213253912	9,151750173	2,011289467	0,068303224	0,674976974
A_24_P157156	1,246837621	8,208020971	2,009517488	0,068513806	0,674976974
A_23_P52227	1,698653763	7,344815705	2,007079846	0,068804482	0,674976974
A_21_P0012971	1,067667878	8,002510479	2,006726776	0,068846679	0,674976974
A_21_P0000358	1,476228195	8,064938557	2,005018807	0,069051146	0,674976974
A_21_P0003519	1,087311234	6,773903834	2,004567465	0,069105272	0,674976974
A_23_P22224	1,140842265	13,37647967	2,002948884	0,069299701	0,674976974
A_23_P406135	1,235300735	11,3427429	2,00201131	0,069412558	0,674976974
A_21_P0009368	1,092387941	7,73593263	1,999738302	0,069686872	0,674976974
A_23_P40049	1,298550756	11,34672184	1,999263449	0,069744306	0,674976974
A_33_P3254606	1,219510341	13,11240167	1,998887112	0,069789856	0,674976974
A_24_P260639	1,377313974	14,07097608	1,998871967	0,069791689	0,674976974
A_23_P42282	1,034499147	7,487525162	1,998594013	0,06982535	0,674976974
A_24_P73075	0,973626144	7,473481138	1,997847215	0,069915863	0,674976974
A_23_P328766	0,96956932	8,553099264	1,997053071	0,070012233	0,674976974
A_33_P3416231	1,152162197	9,841551907	1,996207115	0,070115027	0,674976974
A_23_P54622	0,998900074	11,97791053	1,994525402	0,070319793	0,674976974
A_21_P0011474	1,074448981	10,27186879	1,994507225	0,070322009	0,674976974
A_23_P143190	1,021539315	10,20180917	1,993443433	0,070451827	0,674976974
A_23_P72068	1,050263083	8,719268743	1,991720092	0,070662605	0,674976974
A_21_P0013251	0,989677803	12,02877048	1,991651005	0,070671067	0,674976974
A_21_P0006263	1,058283642	6,702688224	1,990812933	0,070773792	0,674976974
A_33_P3374559	1,119522706	9,232187819	1,990117997	0,070859078	0,674976974
A_23_P92672	0,988411238	6,95256245	1,990078609	0,070863915	0,674976974
A_33_P3347049	1,165987647	8,12685994	1,989317548	0,070957431	0,674976974
A_32_P10272	0,965829918	10,56157564	1,98868547	0,071035186	0,674976974
A_24_P827	0,983943467	7,291214987	1,988060224	0,071112178	0,674976974
A_23_P139123	1,069689671	8,158861457	1,98750752	0,071180302	0,674976974
A_19_P00317871	1,345486111	7,762581138	1,987246981	0,071212436	0,674976974
A_32_P95729	1,056414054	12,85355477	1,986998825	0,071243055	0,674976974
A_23_P424582	1,117352601	10,3645432	1,986993145	0,071243756	0,674976974
A_32_P41526	1,037578135	8,998569874	1,985838229	0,071386419	0,674976974
A_23_P20823	1,055629609	12,06310336	1,98566805	0,071407463	0,674976974
A_21_P0002308	1,014763055	6,730135486	1,984773331	0,071518198	0,674976974
A_33_P3386242	1,182806246	7,262010621	1,982293658	0,071825927	0,674976974
A_21_P0000276	1,173489072	10,97378308	1,982182095	0,0718398	0,674976974
A_24_P615822	1,286093329	10,12463914	1,981703818	0,071899307	0,674976974
A_21_P0014684	1,388046983	9,613996272	1,979073938	0,072227329	0,674976974

A_33_P3229032	1,063229991	14,96568466	1,978381079	0,072313979	0,674976974
A_21_P0010725	0,997474734	8,135378822	1,978013714	0,072359962	0,674976974
A_23_P361085	1,248855648	15,04142296	1,977580629	0,072414205	0,674976974
A_24_P358084	1,926614651	12,18474238	1,977384813	0,072438743	0,674976974
A_33_P3229122	1,115598457	12,97206402	1,97607788	0,072602715	0,674976974
A_21_P0000314	1,247157915	8,677092951	1,973413606	0,07293805	0,674976974
A_23_P69179	1,017612676	8,947316328	1,973217948	0,072962732	0,674976974
A_21_P0005647	1,164383576	7,484261702	1,973205672	0,072964281	0,674976974
A_21_P0011363	1,078453455	8,913972569	1,973122505	0,072974776	0,674976974
A_23_P70045	0,933714957	16,16249413	1,972736249	0,073023533	0,674976974
A_33_P3212037	1,020551796	7,41950421	1,971955237	0,073122212	0,674976974
A_33_P3380263	1,076126503	8,893708673	1,971301607	0,073204892	0,674976974
A_33_P3322075	1,073015913	10,99840063	1,971252547	0,073211102	0,674976974
A_33_P3414789	0,973904246	7,428524901	1,96917032	0,073475089	0,674976974
A_23_P155969	0,944139449	9,353778281	1,968845639	0,073516331	0,674976974
A_33_P3695548	1,064723054	8,738012885	1,968338288	0,073580821	0,674976974
A_33_P3375451	1,372068745	8,400828553	1,967851585	0,073642735	0,674976974
A_23_P101551	1,097850252	10,6139668	1,965781665	0,073906592	0,674976974
A_23_P407684	1,149169403	10,26485914	1,965012528	0,074004858	0,674976974
A_23_P26649	0,958986397	11,77741761	1,96490571	0,074018515	0,674976974
A_33_P3402354	0,97426013	7,304948913	1,964857567	0,074024671	0,674976974
A_23_P97573	1,100251913	9,11150703	1,963699447	0,074172899	0,674976974
A_21_P0000493	1,414844675	7,583397752	1,963489032	0,07419986	0,674976974
A_23_P85441	1,243080531	8,575664003	1,963455978	0,074204096	0,674976974
A_33_P3563369	1,028933817	10,94160546	1,963133394	0,074245448	0,674976974
A_23_P26557	1,198082628	10,97815151	1,96296474	0,074267077	0,674976974
A_32_P351936	1,100151442	11,08105431	1,962579621	0,074316487	0,674976974
A_21_P0011939	1,119635279	11,45205026	1,962135958	0,074373446	0,674976974
A_23_P46309	1,200168551	10,34925237	1,960399076	0,074596823	0,674976974
A_23_P373464	1,094213136	6,940096207	1,959319676	0,074735955	0,674976974
A_33_P3345132	1,004049431	7,597381648	1,958686725	0,074817653	0,674976974
A_21_P0012910	1,184944886	10,17996194	1,958162333	0,074885401	0,674976974
A_23_P141362	1,144618405	9,139889723	1,958146361	0,074887465	0,674976974
A_24_P64344	1,176685493	7,056313149	1,957401788	0,074983759	0,674976974
A_24_P374586	0,979707842	9,688084669	1,956421268	0,075110742	0,674976974
A_21_P0000417	1,056877993	8,004646052	1,955001719	0,075294934	0,674976974
A_23_P57268	1,080009532	6,713257649	1,954909283	0,075306942	0,674976974
A_32_P415151	1,026966267	7,483425934	1,954640135	0,075341917	0,674976974
A_23_P119778	1,053955119	8,576586033	1,953963955	0,075429852	0,674976974
A_23_P214638	0,93918796	10,8700625	1,94961276	0,07599798	0,674976974
A_33_P3212799	1,565773201	9,683965966	1,948756919	0,07611019	0,674976974
A_33_P3334948	1,244442624	7,535036866	1,946011795	0,07647114	0,674976974
A_24_P167654	0,93536299	8,703544214	1,945972989	0,076476254	0,674976974
A_24_P3005	1,033745549	7,835490773	1,94501126	0,07660309	0,674976974

A_33_P3335022	1,096577411	8,846652449	1,944783927	0,0766331	0,674976974
A_21_P0014686	1,114733919	9,538567671	1,943991264	0,076737824	0,674976974
A_33_P3266080	1,141277747	12,27028169	1,943364455	0,076820729	0,674976974
A_24_P710730	1,086180844	13,60879192	1,941279917	0,077097036	0,674976974
A_23_P8797	1,148088339	10,86867859	1,940293653	0,077228085	0,674976974
A_24_P101786	0,962713021	7,323113835	1,939849487	0,077287171	0,674976974
A_23_P47839	1,182669089	10,10341093	1,939500293	0,077333652	0,674976974
A_33_P3578325	1,759099435	7,760814941	1,937949908	0,077540335	0,674976974
A_24_P312041	1,487843406	9,060611096	1,93731082	0,07762568	0,674976974
A_33_P3299170	1,043420056	13,81038889	1,936019765	0,077798355	0,674976974
A_21_P0006457	1,108675226	6,940361136	1,935963544	0,077805883	0,674976974
A_19_P00316701	1,174334284	15,32308836	1,935420199	0,077878666	0,674976974
A_21_P0000500	1,274616417	10,62707651	1,934264263	0,078033718	0,674976974
A_33_P3325336	1,109800883	15,14527781	1,933788403	0,07809763	0,674976974
A_23_P218827	1,06452519	10,6402342	1,933750263	0,078102755	0,674976974
A_33_P3330211	1,118991835	7,847888939	1,933740656	0,078104046	0,674976974
A_21_P0000318	1,63394028	10,40382316	1,933500745	0,078136288	0,674976974
A_23_P328621	0,925669981	7,669509814	1,93276569	0,078235153	0,674976974
A_33_P3272553	1,119550504	9,667870016	1,930644093	0,078521153	0,674976974
A_33_P3311755	0,955110412	9,970164852	1,93048794	0,078542241	0,674976974
A_23_P15202	1,108495212	10,24493738	1,930177122	0,078584232	0,674976974
A_23_P372988	1,062128392	8,486639785	1,929158931	0,078721932	0,674976974
A_21_P0000317	1,74668993	8,202032132	1,929141915	0,078724235	0,674976974
A_33_P3413335	0,939684529	9,100378256	1,929086306	0,078731763	0,674976974
A_21_P0000563	1,906856538	8,338393421	1,928689872	0,078785443	0,674976974
A_19_P00316419	1,191165524	15,39965091	1,926107979	0,079135876	0,674976974
A_24_P101402	1,099825841	14,16138236	1,924782873	0,079316286	0,674976974
A_21_P0014024	0,903295495	8,964474067	1,924475684	0,079358163	0,674976974
A_19_P00802713	1,083837937	8,689262535	1,923936232	0,079431752	0,674976974
A_33_P3404453	1,038752067	6,896887357	1,922577888	0,079617329	0,674976974
A_23_P119418	1,247213636	10,46428975	1,921953259	0,0797028	0,674976974
A_21_P0014026	1,411842039	9,285250481	1,921862194	0,079715268	0,674976974
A_33_P3414851	1,104720073	9,206440744	1,921766537	0,079728367	0,674976974
A_23_P250385	1,326935208	12,61627601	1,920326205	0,079925834	0,674976974
A_33_P3365845	1,024056516	9,248229873	1,920286317	0,079931309	0,674976974
A_23_P390190	0,919567755	10,51618246	1,920267902	0,079933837	0,674976974
A_33_P3402056	1,02034398	7,332429193	1,920240114	0,079937651	0,674976974
A_33_P3335984	1,009655412	7,753323805	1,920209852	0,079941805	0,674976974
A_24_P838448	1,039803004	7,896069774	1,920162812	0,079948263	0,674976974
A_33_P3324495	1,056082802	10,0870503	1,919772522	0,080001863	0,674976974
A_23_P142255	1,163687348	8,913545896	1,919092596	0,080095317	0,674976974
A_33_P3382380	1,208770163	8,997303332	1,918552712	0,080169595	0,674976974
A_21_P0000339	0,95186517	8,036888557	1,918329102	0,080200379	0,674976974
A_32_P142652	1,019319862	15,67071999	1,918095797	0,080232508	0,674976974

A_33_P3335940	1,172647371	9,868445014	1,918085322	0,080233951	0,674976974
A_33_P3389133	1,265724485	9,793348227	1,917341024	0,080336532	0,674976974
A_19_P00321511	1,145397416	13,73601539	1,916301888	0,08047995	0,674976974
A_24_P83787	1,797766888	8,136344548	1,915763917	0,080554292	0,674976974
A_33_P3240348	0,982596334	7,792822586	1,915228522	0,08062834	0,674976974
A_23_P168576	0,923032918	8,126074174	1,915123973	0,080642807	0,674976974
A_19_P00319019	1,198339552	14,79775555	1,914444212	0,080736928	0,674976974
A_21_P0000257	1,505722922	8,002184637	1,914140058	0,080779074	0,674976974
A_33_P3324884	1,002952641	9,529370856	1,914023136	0,080795281	0,674976974
A_33_P3385750	0,997202771	7,108855154	1,913923396	0,080809109	0,674976974
A_21_P0013069	1,094845734	10,5041317	1,913359307	0,080887354	0,674976974
A_21_P0011081	0,912577556	9,089004443	1,912916678	0,080948801	0,674976974
A_21_P0011089	1,292831111	10,60050675	1,912481494	0,081009256	0,674976974
A_33_P3241786	1,950065291	9,116883447	1,910972849	0,081219155	0,674976974
A_23_P130182	1,043977604	10,17282636	1,910944202	0,081223145	0,674976974
A_33_P3245679	0,991355934	7,021965941	1,910907582	0,081228247	0,674976974
A_21_P0011745	1,276263325	9,697212856	1,908879503	0,081511232	0,674976974
A_24_P134235	1,189004524	8,019270571	1,908847674	0,081515681	0,674976974
A_32_P151782	1,134070538	9,614547644	1,908659565	0,081541976	0,674976974
A_32_P173662	0,970621803	7,27777668	1,908105603	0,081619456	0,674976974
A_23_P136196	0,903188142	7,814224504	1,907674585	0,081679788	0,674976974
A_33_P3210492	0,966023144	8,759967848	1,906709078	0,081815084	0,674976974
A_23_P71821	1,242111829	10,62330973	1,903926701	0,082206128	0,674976974
A_33_P3366859	1,645995346	9,875712032	1,902689916	0,0823805	0,674976974
A_21_P0013836	1,000988097	6,899922937	1,900985217	0,0826214	0,674976974
A_19_P00803360	1,188543988	9,144466233	1,900663332	0,08266696	0,674976974
A_21_P0014187	1,045614309	6,732473487	1,900546412	0,082683514	0,674976974
A_33_P3310293	1,315594263	11,74171054	1,900132844	0,082742095	0,674976974
A_21_P0000186	0,949146188	7,703713571	1,899376978	0,082849261	0,674976974
A_33_P3292919	1,034626051	12,45317422	1,898535085	0,082968773	0,674976974
A_23_P384698	0,892956645	9,188663236	1,898435532	0,082982916	0,674976974
A_23_P42087	1,088165402	9,532954446	1,897617435	0,08309922	0,674976974
A_23_P155257	0,926129094	14,89358994	1,897353252	0,083136809	0,674976974
A_21_P0011309	1,369764495	8,289704685	1,897012166	0,083185364	0,674976974
A_33_P3349145	1,057493195	10,1190161	1,894090021	0,083602407	0,674976974
A_21_P0001322	1,022032729	7,489938915	1,893648494	0,083665587	0,674976974
A_23_P70794	1,084959817	8,173264984	1,893021975	0,083755314	0,674976974
A_33_P3413732	0,964491435	8,14774303	1,89289698	0,083773226	0,674976974
A_33_P3318763	1,522247356	10,13930538	1,892124063	0,083884063	0,674976974
A_23_P78438	0,966071008	13,40684084	1,891266638	0,084007176	0,674976974
A_33_P3418686	0,953656673	6,655379664	1,890580479	0,084105817	0,674976974
A_23_P383688	0,991015879	11,6255984	1,888860197	0,084353588	0,674976974
A_33_P3635136	0,939753579	7,154600086	1,888084402	0,084465544	0,674976974
A_33_P3327165	1,014961369	9,964324426	1,887838066	0,084501122	0,674976974

A_33_P3347147	0,925731413	7,309442405	1,887763933	0,084511832	0,674976974
A_23_P35883	0,968120232	9,239126063	1,88728108	0,084581617	0,674976974
A_23_P50008	2,749490094	12,92606089	1,884755876	0,084947436	0,674976974
A_21_P0000216	1,079533911	9,080518017	1,883974814	0,08506088	0,674976974
A_24_P34545	1,346843631	9,935080791	1,883103531	0,085187591	0,674976974
A_19_P00321075	1,297564263	8,002810026	1,882792133	0,08523292	0,674976974
A_33_P3227472	0,972780851	12,85902763	1,882043395	0,085342001	0,674976974
A_21_P0000581	1,118688888	8,979157047	1,881839796	0,085371684	0,674976974
A_23_P252748	1,203103263	11,16454198	1,881708666	0,085390808	0,674976974
A_24_P277155	1,211520389	10,64260904	1,880010927	0,085638748	0,674976974
A_33_P3236686	0,888871642	7,10528379	1,879627676	0,08569481	0,674976974
A_32_P40375	0,980369617	10,1331002	1,879416135	0,085725768	0,674976974
A_21_P0000740	0,917575705	7,198251554	1,879389436	0,085729676	0,674976974
A_23_P6802	1,060217118	10,51218606	1,878329207	0,085884999	0,674976974
A_33_P3290909	1,328235216	13,02666728	1,878311371	0,085887614	0,674976974
A_23_P102391	1,072683146	12,72282596	1,877844136	0,085956147	0,674976974
A_21_P0014801	1,062024105	10,82917086	1,877779855	0,08596558	0,674976974
A_23_P32064	0,979247327	8,856064338	1,877464334	0,086011893	0,674976974
A_19_P00322754	1,136025898	14,99808728	1,877427212	0,086017343	0,674976974
A_33_P3227209	1,004401552	14,93673965	1,877329103	0,086031749	0,674976974
A_33_P3411925	1,197792961	14,01755672	1,876661534	0,086129832	0,674976974
A_33_P3224307	1,544350208	9,832716663	1,876507473	0,086152483	0,674976974
A_19_P00319630	1,388782133	8,805742207	1,875504464	0,086300079	0,674976974
A_24_P166663	1,159447119	13,53951915	1,875461736	0,086306372	0,674976974
A_23_P397543	1,166245743	9,577789008	1,87531825	0,086327506	0,674976974
A_33_P3737979	0,927889279	7,104273077	1,874729608	0,08641426	0,674976974
A_33_P3254695	1,658719567	10,32555769	1,871791324	0,086848496	0,674976974
A_23_P57306	1,076236147	11,96618792	1,870520222	0,087036964	0,674976974
A_33_P3243439	1,12401944	11,50536793	1,870055997	0,087105889	0,674976974
A_21_P0000495	1,662323243	11,55938501	1,868964774	0,087268102	0,674976974
A_24_P167877	1,029087539	16,50546198	1,866962672	0,087566437	0,674976974
A_33_P3321801	1,04784685	8,221963084	1,866652542	0,087612733	0,674976974
A_21_P0000260	1,345560023	8,213847803	1,86617296	0,087684369	0,674976974
A_23_P132027	0,918693998	7,509639836	1,865648556	0,087762761	0,674976974
A_24_P415280	1,022152856	7,52123105	1,865422934	0,087796509	0,674976974
A_19_P00319095	1,116864197	14,9112615	1,865101566	0,087844598	0,674976974
A_33_P3833211	0,926606335	8,001545123	1,864719011	0,087901875	0,674976974
A_33_P3314446	1,316477734	9,426862044	1,864100136	0,087994606	0,674976974
A_21_P0000223	1,530176958	7,785075986	1,863868175	0,088029385	0,674976974
A_21_P0000347	1,518293876	10,37649827	1,863409876	0,088098138	0,674976974
A_19_P00801506	1,050261885	8,345080333	1,863182226	0,088132308	0,674976974
A_33_P3306504	1,312983179	8,833431615	1,862661691	0,088210485	0,674976974
A_23_P55091	1,282800642	12,45201374	1,862458099	0,088241079	0,674976974
A_21_P0000385	1,257405475	7,671379289	1,861529233	0,088380782	0,674976974

A_23_P10121	1,022847984	6,999392111	1,861231485	0,088425607	0,674976974
A_33_P3411632	1,033938158	9,282148638	1,861227263	0,088426243	0,674976974
A_33_P3610123	1,091949709	10,43582218	1,860279547	0,088569056	0,674976974
A_23_P138725	0,905566531	13,59241983	1,860139288	0,08859021	0,674976974
A_23_P118815	0,946120175	14,8372221	1,859560013	0,088677625	0,674976974
A_33_P3409844	0,894751802	6,855471828	1,859301046	0,08871673	0,674976974
A_32_P132438	1,343667165	12,80560031	1,859046207	0,088755227	0,674976974
A_32_P471485	0,867624342	7,104453789	1,858528793	0,088833436	0,674976974
A_23_P144337	1,0440801	7,451889515	1,858276798	0,088871549	0,674976974
A_24_P944040	1,17386566	10,84345442	1,858171698	0,088887449	0,674976974
A_23_P170978	1,159864671	11,88204808	1,858114478	0,088896107	0,674976974
A_23_P128993	1,287008636	8,019159474	1,857791074	0,088945054	0,674976974
A_23_P97892	0,928673253	9,924363509	1,857424149	0,089000618	0,674976974
A_23_P348227	0,955517566	7,425087385	1,85731491	0,089017166	0,674976974
A_23_P34877	1,270645126	9,78278872	1,856883535	0,089082541	0,674976974
A_23_P77048	1,052512079	12,64363357	1,856725841	0,089106451	0,674976974
A_23_P207879	0,994247792	7,090315646	1,855492333	0,089293678	0,674976974
A_21_P0000220	1,920644716	8,347075474	1,855473346	0,089296563	0,674976974
A_23_P60286	1,07291426	10,91926806	1,855055605	0,089360052	0,674976974
A_23_P10305	0,907119108	8,094721889	1,854539964	0,089438478	0,674976974
A_33_P3323323	0,965905798	8,491028619	1,851244937	0,089941113	0,674976974
A_23_P345707	1,029505689	8,71936101	1,851189951	0,089949523	0,674976974
A_24_P267686	1,553809121	8,203079469	1,851089867	0,089964832	0,674976974
A_23_P501435	1,027321885	11,40735825	1,849445027	0,090216765	0,674976974
A_24_P147765	1,07168087	10,07426294	1,848563224	0,090352092	0,674976974
A_23_P385322	0,927284426	7,37744409	1,847695973	0,090485366	0,674976974
A_24_P119685	1,093813543	8,387310788	1,846964657	0,090597889	0,674976974
A_21_P0010747	0,971930165	9,847745384	1,846713321	0,090636591	0,674976974
A_23_P154972	0,893872739	7,97159048	1,846139794	0,090724959	0,674976974
A_24_P399888	1,186526678	11,35810764	1,846055426	0,090737965	0,674976974
A_23_P380181	1,119056574	13,94564583	1,845847435	0,090770036	0,674976974
A_32_P216872	0,980315333	10,51275608	1,845235217	0,090864496	0,674976974
A_33_P3406661	1,189320165	8,008931893	1,845192244	0,09087113	0,674976974
A_24_P100351	0,922222736	14,11026635	1,845172459	0,090874184	0,674976974
A_21_P0007949	1,274929112	7,044042956	1,843882813	0,091073478	0,674976974
A_23_P102571	0,941462776	14,29263989	1,843879436	0,091074	0,674976974
A_33_P3368646	0,906650513	7,397466766	1,84377445	0,091090242	0,674976974
A_33_P3593774	0,908859936	7,193761167	1,843121239	0,091191353	0,674976974
A_33_P3403044	0,896606102	10,43571497	1,842364025	0,091308692	0,674976974
A_23_P45517	0,904443563	9,492773779	1,842326683	0,091314482	0,674976974
A_21_P0014353	0,917231235	8,728177976	1,841682956	0,091414348	0,674976974
A_19_P00321613	1,038270164	10,4260195	1,841564103	0,091432798	0,674976974
A_23_P136817	0,924475746	11,4885154	1,841204148	0,091488694	0,674976974
A_32_P148745	0,908256739	7,125790503	1,840755409	0,09155842	0,674976974

A_21_P0014213	0,903127442	7,315076507	1,840622483	0,091579084	0,674976974
A_24_P195476	0,940078068	10,97701043	1,840080092	0,091663445	0,674976974
A_19_P00321546	1,094082773	13,96792757	1,840079875	0,091663479	0,674976974
A_33_P3350306	1,130867142	7,696131152	1,839671018	0,091727117	0,674976974
A_33_P3295991	0,97192509	7,356536686	1,839584686	0,09174056	0,674976974
A_23_P44964	1,579311848	9,868988431	1,839542408	0,091747143	0,674976974
A_23_P97265	1,140234354	10,65788703	1,839425446	0,09176536	0,674976974
A_23_P166023	0,989900126	10,87871593	1,839262187	0,091790791	0,674976974
A_33_P3405500	1,0509655	8,823733664	1,83885857	0,091853693	0,674976974
A_24_P298360	0,932095164	8,632429054	1,838392507	0,091926376	0,674976974
A_32_P169735	0,874713832	9,300178291	1,837877699	0,092006721	0,674976974
A_33_P3211153	1,166809084	12,06565023	1,836466501	0,092227292	0,674976974
A_32_P230196	0,886451437	8,20520071	1,836320743	0,092250101	0,674976974
A_23_P118042	0,876572596	6,744531894	1,835875744	0,09231977	0,674976974
A_24_P923102	1,298328132	8,052605567	1,835131876	0,092436337	0,674976974
A_32_P150891	1,431300993	10,90474504	1,833881263	0,092632614	0,674976974
A_33_P3712341	1,118259845	7,310575774	1,833480221	0,092695636	0,674976974
A_21_P0005949	1,782598118	8,563644874	1,832516882	0,092847179	0,674976974
A_21_P0014544	0,899643654	8,506948784	1,832259744	0,092887668	0,674976974
A_23_P933	0,885850819	10,49760638	1,83201739	0,092925843	0,674976974
A_19_P00318261	1,479103211	9,120397303	1,831828671	0,09295558	0,674976974
A_21_P0014396	0,973280136	10,29532379	1,830262151	0,093202753	0,674976974
A_23_P54605	1,068266222	11,74899418	1,830059552	0,093234764	0,674976974
A_23_P363647	0,956188395	10,26373498	1,830026858	0,09323993	0,674976974
A_32_P221958	1,032044591	9,884252923	1,828200676	0,093528933	0,674976974
A_21_P0011337	0,891940322	7,105506893	1,827971644	0,093565236	0,674976974
A_24_P21056	0,94283344	11,64926635	1,827470237	0,093644756	0,674976974
A_24_P314571	0,997900756	11,25779183	1,827211162	0,093685868	0,674976974
A_19_P00810474	1,098224367	8,010637409	1,826633758	0,093777554	0,674976974
A_23_P151653	1,080166716	10,27544809	1,826529885	0,093794057	0,674976974
A_32_P30905	1,36418691	12,82947997	1,826309997	0,093829	0,674976974
A_21_P0011655	1,115087007	9,772136806	1,825551103	0,093949689	0,674976974
A_23_P20683	0,996457937	11,96563474	1,824630501	0,094096284	0,674976974
A_21_P0000280	0,964979577	8,869217192	1,822386585	0,094454472	0,674976974
A_33_P3367196	1,179968715	7,086963503	1,82076765	0,094713665	0,674976974
A_24_P241276	0,927328654	13,58600739	1,820605727	0,094739624	0,674976974
A_23_P140738	1,027040854	11,07855288	1,819972397	0,094841222	0,674976974
A_21_P0013766	1,030315216	7,365744622	1,81973076	0,094880011	0,674976974
A_23_P127079	0,982138534	12,54712204	1,819074499	0,09498543	0,674976974
A_23_P58819	0,901238651	8,406642824	1,818967768	0,095002585	0,674976974
A_24_P331675	2,046609486	7,663507239	1,817792503	0,095191673	0,674976974
A_33_P3243332	0,856428222	7,219584976	1,817660897	0,095212868	0,674976974
A_21_P0000235	1,035965668	9,353636274	1,816732056	0,09536258	0,674976974
A_33_P3275412	2,838051888	8,274331704	1,816430046	0,095411304	0,674976974

A_23_P5611	0,94819346	10,25720634	1,815309335	0,095592311	0,674976974
A_33_P3390477	0,998559346	14,35206691	1,815299143	0,095593958	0,674976974
A_33_P3230254	0,894889313	8,944864053	1,814531614	0,095718104	0,674976974
A_21_P0011685	0,929994417	8,465115586	1,814358698	0,095746092	0,674976974
A_33_P3338186	1,167286451	14,02869789	1,813008415	0,095964909	0,674976974
A_21_P0004400	1,121029797	7,197814966	1,812537588	0,096041314	0,674976974
A_21_P0000249	0,945838022	6,906105415	1,812522863	0,096043705	0,674976974
A_23_P103511	1,139410072	9,253111808	1,812077175	0,096116083	0,674976974
A_23_P5339	1,280831183	10,53373794	1,811820773	0,096157744	0,674976974
A_21_P0011890	1,006600758	7,216494621	1,811630669	0,096188644	0,674976974
A_33_P3251796	1,120065686	9,520457729	1,811526631	0,096205558	0,674976974
A_19_P00322236	1,124014385	7,906962853	1,81118823	0,096260592	0,674976974
A_21_P0000221	1,176426421	8,191108631	1,810399545	0,096388968	0,674976974
A_32_P5480	1,013805724	12,69806406	1,808824483	0,096645808	0,674976974
A_23_P333852	0,929343888	7,391378614	1,808470771	0,096703572	0,674976974
A_32_P152696	1,016803015	12,03011573	1,808277704	0,096735115	0,674976974
A_33_P3363655	0,936331216	8,588928051	1,807343815	0,096887821	0,674976974
A_33_P3285132	0,883015817	6,911728926	1,807235831	0,096905492	0,674976974
A_23_P392384	1,141515156	7,112834784	1,80666351	0,0969992	0,674976974
A_21_P0000389	0,940180527	8,037379435	1,80635043	0,097050496	0,674976974
A_21_P0014497	1,169130033	9,172259452	1,80634458	0,097051455	0,674976974
A_33_P3357748	1,674960791	9,672304699	1,806188879	0,097076975	0,674976974
A_33_P3356525	0,910595142	9,830497215	1,806094968	0,09709237	0,674976974
A_33_P3415744	1,579519483	10,49410681	1,805741015	0,097150415	0,674976974
A_19_P00812062	0,989570086	7,213789852	1,804400605	0,097370516	0,674976974
A_23_P31858	0,955216433	7,050489847	1,804179719	0,097406829	0,674976974
A_33_P3229527	1,043948026	9,58591152	1,803252716	0,097559362	0,674976974
A_24_P52921	0,860294856	8,20796974	1,801460267	0,097854913	0,674976974
A_21_P0010921	0,857129713	8,405377639	1,801431149	0,097859721	0,674976974
A_33_P3292525	0,99316516	10,4289106	1,800435494	0,098024248	0,674976974
A_33_P3323887	1,148194691	7,55823719	1,800037127	0,098090146	0,674976974
A_24_P729905	1,178681868	10,86614881	1,799724077	0,098141959	0,674976974
A_23_P41380	0,935315171	10,48769045	1,799360302	0,098202199	0,674976974
A_21_P0013965	1,010997861	11,03825319	1,798463475	0,098350854	0,674976974
A_23_P74663	1,0675131	8,920453925	1,798238995	0,098388094	0,674976974
A_23_P93258	1,013528197	15,07988992	1,797878659	0,0984479	0,674976974
A_23_P329016	0,918060248	8,379655256	1,796399318	0,098693774	0,674976974
A_33_P3227217	1,864385361	8,997926751	1,796197943	0,098727286	0,674976974
A_21_P0011090	1,091603864	9,507472205	1,795458419	0,098850445	0,674976974
A_24_P823684	1,061759669	12,41225212	1,795457871	0,098850536	0,674976974
A_32_P135902	0,936881351	12,27608619	1,794809305	0,098958661	0,674976974
A_23_P159039	0,880782139	12,95825417	1,793923444	0,099106519	0,674976974
A_33_P3308481	0,854792336	9,385139504	1,793513433	0,099175022	0,674976974
A_33_P3298425	1,037721945	13,17136043	1,791687235	0,099480652	0,674976974

A_33_P3214310	1,300774117	9,806917308	1,790573375	0,099667484	0,674976974
A_21_P0013516	0,933992533	12,92003258	1,789553008	0,099838912	0,674976974
A_24_P32394	0,898849085	7,549938653	1,789508587	0,099846381	0,674976974
A_21_P0006238	1,131669688	7,596773786	1,78877338	0,099970074	0,674976974
A_24_P412156	1,223214261	7,001210269	1,787067185	0,100257662	0,674976974
A_19_P00317872	1,142490355	7,769430972	1,784540775	0,100684874	0,674976974
A_33_P3280993	1,089300203	10,2617685	1,784251151	0,100733954	0,674976974
A_21_P0000219	1,156055568	8,250941954	1,78381689	0,100807584	0,674976974
A_23_P113523	0,914061553	13,69725546	1,783299235	0,100895418	0,674976974
A_23_P15603	1,046974645	9,591056893	1,783145039	0,100921595	0,674976974
A_33_P3296442	1,034099121	10,09567988	1,782792875	0,100981402	0,674976974
A_21_P0013977	1,010321702	10,77258876	1,782512409	0,101029056	0,674976974
A_19_P00804979	0,975475961	7,102596234	1,781712483	0,101165083	0,674976974
A_33_P3235611	0,998546414	8,180132627	1,781273236	0,101239847	0,674976974
A_32_P2634	0,893449142	8,520423556	1,780787962	0,101322503	0,674976974
A_21_P0000308	1,353832775	9,605452659	1,780483682	0,101374362	0,674976974
A_21_P0000222	1,706090047	8,303656663	1,780467457	0,101377128	0,674976974
A_33_P3379091	1,034963124	10,2056367	1,780232703	0,101417154	0,674976974
A_23_P11032	0,918010245	10,66495841	1,778710852	0,101676983	0,674976974
A_33_P3261084	0,863059651	10,34766462	1,778397654	0,10173053	0,674976974
A_23_P9319	0,854027463	8,95854509	1,77802391	0,101794463	0,674976974
A_33_P3327245	0,927306918	10,47071953	1,777719084	0,101846633	0,674976974
A_24_P292964	0,931491691	11,69384455	1,777346109	0,101910499	0,674976974
A_33_P3659808	1,018710424	12,98770918	1,777240082	0,101928661	0,674976974
A_33_P3227556	1,191173744	9,277358304	1,77715464	0,101943299	0,674976974
A_33_P3265624	1,285307069	7,284962162	1,776534293	0,102049635	0,674976974
A_33_P3380346	1,000726407	9,249895757	1,775570689	0,102215008	0,674976974
A_33_P3241325	0,910488587	7,199742992	1,775560012	0,102216842	0,674976974
A_33_P3333527	0,968122569	12,89173277	1,775322463	0,102257647	0,674976974
A_23_P71972	0,950670282	7,684049072	1,774883986	0,102333007	0,674976974
A_33_P3270966	0,91976786	14,87773288	1,773660908	0,102543477	0,674976974
A_33_P3304878	1,000288393	7,223649208	1,773292439	0,102606961	0,674976974
A_23_P52058	0,9427437	10,25018508	1,773081909	0,102643249	0,674976974
A_24_P178423	0,904872996	12,51965957	1,772785665	0,102694331	0,674976974
A_23_P133365	0,891426952	9,319946349	1,772680129	0,102712534	0,674976974
A_24_P162373	0,91027455	9,351248095	1,771693106	0,102882921	0,674976974
A_23_P64617	0,97281912	7,726815886	1,77143576	0,102927388	0,674976974
A_24_P273157	0,97407527	7,638595591	1,771237109	0,102961724	0,674976974
A_21_P0011439	1,098309704	10,5123189	1,770976903	0,103006716	0,674976974
A_24_P206121	-0,845844221	9,742977369	-1,770594074	0,103072943	0,674976974
A_21_P0011301	-1,24739502	7,703438422	-1,770749523	0,103046047	0,674976974
A_23_P97623	-0,867357592	10,93617009	-1,771168109	0,102973653	0,674976974
A_23_P211047	-0,976296739	12,04585988	-1,771221555	0,102964413	0,674976974
A_33_P3342957	-1,00241602	12,9177584	-1,771817781	0,102861385	0,674976974

A_23_P386241	-1,150059136	14,73533703	-1,772149605	0,102804085	0,674976974
A_23_P382775	-1,150521633	13,12719111	-1,772571402	0,102731291	0,674976974
A_23_P141974	-1,107575645	14,74269241	-1,772644779	0,102718632	0,674976974
A_33_P3256952	-1,413591214	8,063955225	-1,77281838	0,102688689	0,674976974
A_23_P32577	-0,980363663	9,457122011	-1,7736218	0,102550214	0,674976974
A_33_P3289356	-1,206237463	11,07487836	-1,774377466	0,102420123	0,674976974
A_21_P0009345	-0,92497975	6,768665764	-1,774486918	0,102401293	0,674976974
A_23_P99163	-0,971031339	11,74343139	-1,775166832	0,102284389	0,674976974
A_19_P00321361	-1,163445311	9,877400735	-1,775874945	0,102162765	0,674976974
A_23_P2414	-1,959196266	9,169267168	-1,776895405	0,101987723	0,674976974
A_23_P54576	-0,949032103	9,181948388	-1,777758148	0,101839945	0,674976974
A_21_P0014586	-0,961501489	7,282140645	-1,777773363	0,101837341	0,674976974
A_19_P00319465	-1,035181954	11,34740144	-1,77794057	0,101808723	0,674976974
A_23_P216966	-1,292106106	13,09972652	-1,778280156	0,101750625	0,674976974
A_23_P204736	-1,035680607	7,357064173	-1,778482008	0,101716106	0,674976974
A_23_P25253	-0,974925823	12,27385006	-1,778705538	0,101677891	0,674976974
A_19_P00812044	-1,037212625	12,1119102	-1,77881408	0,10165934	0,674976974
A_21_P0002923	-1,040281611	7,7679402	-1,779566939	0,101530748	0,674976974
A_33_P3420068	-0,84299837	9,47302121	-1,780152653	0,101430806	0,674976974
A_33_P3294509	-0,943260875	15,13394633	-1,780326517	0,101401157	0,674976974
A_33_P3263417	-1,200287942	9,65930622	-1,78059441	0,101355487	0,674976974
A_24_P257348	-1,137088495	13,01314673	-1,780904833	0,101302591	0,674976974
A_23_P133923	-0,928060376	14,23928571	-1,781005396	0,10128546	0,674976974
A_33_P3370930	-1,120652366	8,594667337	-1,781301393	0,101235053	0,674976974
A_33_P3209096	-1,091383844	9,904375572	-1,781422778	0,101214388	0,674976974
A_23_P129246	-1,003230571	13,02373755	-1,782162968	0,101088458	0,674976974
A_23_P215406	-1,591978076	12,24854751	-1,782544291	0,101023638	0,674976974
A_23_P120316	-1,05987572	12,43092719	-1,782925129	0,100958938	0,674976974
A_24_P380132	-1,268851104	13,77015827	-1,784604271	0,100674117	0,674976974
A_33_P3388815	-0,864409373	9,30465853	-1,784876926	0,100627937	0,674976974
A_23_P90357	-1,579995799	12,81140694	-1,786109901	0,100419344	0,674976974
A_23_P146058	-0,896742083	11,844719	-1,786862167	0,100292269	0,674976974
A_24_P308506	-1,854629176	8,703223508	-1,787367056	0,100207063	0,674976974
A_21_P0001849	-0,937643819	7,206599478	-1,787380133	0,100204857	0,674976974
A_21_P0009773	-1,337012978	7,578523483	-1,788421056	0,100029399	0,674976974
A_21_P0014465	-0,986696203	9,350519365	-1,788526554	0,100011632	0,674976974
A_24_P311926	-1,052585274	16,60886323	-1,788861885	0,099955176	0,674976974
A_24_P852756	-1,396518998	10,85044139	-1,789451104	0,099856047	0,674976974
A_23_P372096	-0,927073062	10,22783057	-1,789614999	0,09982849	0,674976974
A_19_P00811234	-0,954064746	8,643826667	-1,790760113	0,099636139	0,674976974
A_23_P25706	-0,856151561	7,750173394	-1,791770956	0,099466622	0,674976974
A_21_P0002511	-0,895169125	7,81365222	-1,791807637	0,099460475	0,674976974
A_33_P3392537	-0,856637029	8,782522553	-1,79212505	0,099407302	0,674976974
A_24_P104119	-0,902752825	8,750916358	-1,792197841	0,099395112	0,674976974

A_33_P3380056	-1,035736791	8,432334791	-1,792764433	0,09930027	0,674976974
A_23_P401106	-1,466075264	8,317962071	-1,79302045	0,099257443	0,674976974
A_23_P88351	-1,157322364	9,054647248	-1,793223354	0,099223512	0,674976974
A_23_P137909	-1,077387923	16,5065371	-1,793303404	0,099210128	0,674976974
A_24_P273245	-1,158625002	9,919895866	-1,793546671	0,099169467	0,674976974
A_32_P229746	-1,081340966	13,80005737	-1,793897178	0,099110906	0,674976974
A_23_P354151	-0,957328492	8,579558972	-1,794102125	0,09907668	0,674976974
A_33_P3231557	-1,454623441	9,582557501	-1,794106974	0,09907587	0,674976974
A_23_P109345	-1,052482514	14,07047103	-1,794583121	0,098996394	0,674976974
A_23_P207774	-0,859088399	8,528850315	-1,794863932	0,09894955	0,674976974
A_24_P264909	-1,083795596	11,15662993	-1,795586921	0,098829035	0,674976974
A_21_P0001933	-0,883280878	8,31836329	-1,795613953	0,098824531	0,674976974
A_23_P387045	-0,890215591	11,60199287	-1,79578936	0,098795314	0,674976974
A_23_P330895	-1,016124958	9,359327377	-1,796191735	0,09872832	0,674976974
A_23_P67932	-1,024602991	8,95586347	-1,797208611	0,098559197	0,674976974
A_33_P3257187	-0,908770199	9,585334602	-1,798796212	0,098295677	0,674976974
A_23_P112531	-0,966234245	13,35749385	-1,799300446	0,098212114	0,674976974
A_33_P3285824	-1,023695594	14,57889848	-1,79964708	0,098154707	0,674976974
A_21_P0000202	-0,93781373	14,67303019	-1,799830599	0,098124326	0,674976974
A_33_P3394175	-1,063900206	6,916790832	-1,801121561	0,097910852	0,674976974
A_23_P132226	-1,473615202	13,51438369	-1,802089682	0,097751039	0,674976974
A_33_P3419334	-0,991976302	10,44791074	-1,80210792	0,09774803	0,674976974
A_23_P118025	-0,984885434	10,59775052	-1,802144123	0,097742059	0,674976974
A_33_P3234292	-0,996495212	9,471342764	-1,802611349	0,097665022	0,674976974
A_23_P49254	-1,059919482	9,586401609	-1,803086734	0,097586696	0,674976974
A_33_P3213596	-1,050585899	9,997912636	-1,803464233	0,097524539	0,674976974
A_24_P301557	-1,137224658	10,25432579	-1,803611812	0,097500249	0,674976974
A_33_P3423859	-0,932793403	11,86688591	-1,806140437	0,097084916	0,674976974
A_24_P96403	-0,944234346	14,79101073	-1,806551426	0,097017562	0,674976974
A_23_P201368	-0,979299734	11,1395402	-1,807537596	0,096856117	0,674976974
A_23_P138706	-1,669824534	10,66551059	-1,807771356	0,096817884	0,674976974
A_23_P106042	-1,890800746	13,5613326	-1,808153989	0,096755332	0,674976974
A_33_P3287338	-1,180845362	9,522075084	-1,808443697	0,096707995	0,674976974
A_32_P20454	-0,957675302	10,61198196	-1,809412544	0,096549843	0,674976974
A_23_P121011	-1,264229484	9,750667291	-1,809813793	0,096484412	0,674976974
A_23_P152234	-1,209089303	7,379272045	-1,811121369	0,096271469	0,674976974
A_33_P3362353	-0,916851332	8,613841206	-1,811222921	0,096254949	0,674976974
A_21_P0005785	-1,204849598	10,53569091	-1,812110563	0,096110659	0,674976974
A_23_P17695	-1,802032072	11,44661689	-1,81240304	0,096063159	0,674976974
A_23_P60837	-0,972731805	7,444661061	-1,812515613	0,096044882	0,674976974
A_21_P0009387	-0,95709061	7,059808233	-1,813531449	0,095880096	0,674976974
A_23_P92042	-1,240358753	11,40159793	-1,81385259	0,095828055	0,674976974
A_23_P138717	-1,43630322	16,25130333	-1,814050334	0,095796023	0,674976974
A_24_P58337	-0,928513156	16,76062356	-1,814184122	0,095774357	0,674976974

A_33_P3302312	-0,971128909	9,397982597	-1,814246025	0,095764334	0,674976974
A_23_P80832	-1,442023352	9,371198657	-1,815217574	0,095607145	0,674976974
A_23_P131227	-1,163668984	13,49800016	-1,815851452	0,095504714	0,674976974
A_23_P47410	-2,236425466	10,9367228	-1,817009371	0,09531786	0,674976974
A_23_P201483	-1,174645914	11,17975593	-1,817380676	0,095258012	0,674976974
A_33_P3298810	-1,011596761	6,983967273	-1,817592425	0,095223897	0,674976974
A_32_P151823	-1,087980936	11,34690302	-1,817962933	0,095164231	0,674976974
A_24_P325107	-1,133321374	8,762419186	-1,818460838	0,095084103	0,674976974
A_24_P399083	-1,356222875	8,644373793	-1,818924985	0,095009463	0,674976974
A_23_P25994	-1,222836132	8,394111008	-1,818979589	0,095000685	0,674976974
A_23_P411806	-1,45473225	11,6417624	-1,818992808	0,09499856	0,674976974
A_23_P205997	-0,895960789	11,92278072	-1,819385441	0,094935468	0,674976974
A_23_P48676	-0,909353426	13,49506704	-1,820566966	0,094745839	0,674976974
A_23_P431789	-1,092197755	13,69467701	-1,821410833	0,094610613	0,674976974
A_23_P364517	-1,022893583	13,95807649	-1,821607073	0,094579192	0,674976974
A_23_P19702	-1,15459451	13,40725686	-1,822095323	0,094501056	0,674976974
A_23_P164596	-1,339987146	10,29395235	-1,822781323	0,094391372	0,674976974
A_33_P3424803	-0,955065869	16,82901014	-1,822795368	0,094389127	0,674976974
A_23_P202004	-1,372741211	9,527673844	-1,822831541	0,094383347	0,674976974
A_23_P397376	-0,981204303	10,18984097	-1,823171442	0,094329047	0,674976974
A_33_P3215392	-1,706559055	8,931937124	-1,824016709	0,094194138	0,674976974
A_33_P3421163	-1,106079028	9,662782504	-1,824094538	0,094181725	0,674976974
A_33_P3341656	-0,906178972	12,74903097	-1,82467832	0,094088664	0,674976974
A_23_P103070	-1,157241329	11,94961832	-1,8251177	0,094018677	0,674976974
A_33_P3272209	-1,055071738	12,10706083	-1,826166583	0,093851797	0,674976974
A_33_P3315243	-1,405047829	8,081786251	-1,826248068	0,093838844	0,674976974
A_23_P307563	-1,385368107	7,618564119	-1,826827392	0,093746798	0,674976974
A_33_P3472460	-0,850045563	6,481372985	-1,826872894	0,093739572	0,674976974
A_24_P941441	-1,023267454	12,47053413	-1,829283204	0,093357519	0,674976974
A_33_P3211443	-1,384877415	11,77964142	-1,829524076	0,093319417	0,674976974
A_23_P10497	-0,985642319	10,66512729	-1,829547029	0,093315787	0,674976974
A_23_P204550	-1,087089238	13,58810505	-1,829696298	0,093292183	0,674976974
A_24_P94054	-1,003938506	12,5112305	-1,830136382	0,093222623	0,674976974
A_21_P0011482	-0,985168483	7,88478675	-1,830202486	0,093212179	0,674976974
A_32_P178945	-1,200747353	11,72663502	-1,83038108	0,093183967	0,674976974
A_23_P256948	-1,193101661	7,741775513	-1,832450239	0,092857671	0,674976974
A_23_P121564	-2,169242032	10,02756699	-1,832499029	0,09284999	0,674976974
A_23_P200096	-1,09217572	8,027835257	-1,83390483	0,092628912	0,674976974
A_33_P3406072	-0,894511304	6,673321161	-1,835881089	0,092318933	0,674976974
A_23_P39386	-0,909314627	16,20677956	-1,836807775	0,092173907	0,674976974
A_23_P256047	-1,06956832	7,082735973	-1,836847799	0,092167648	0,674976974
A_32_P57854	-1,007546631	15,20898717	-1,837267145	0,092102092	0,674976974
A_23_P90419	-1,189881851	8,634442896	-1,83751215	0,09206381	0,674976974
A_23_P58002	-1,026456318	9,846770938	-1,83793369	0,091997979	0,674976974

A_23_P92994	-1,386343404	10,87058818	-1,838311202	0,091939061	0,674976974
A_21_P0014876	-1,056834833	9,490281694	-1,8388557	0,091854141	0,674976974
A_23_P153945	-1,195777759	10,65552406	-1,8389487	0,091839644	0,674976974
A_23_P134125	-1,481515696	12,18012187	-1,839062844	0,091821853	0,674976974
A_23_P25003	-0,924445775	11,12462869	-1,840274261	0,091633237	0,674976974
A_24_P336276	-0,999371697	10,22364071	-1,840534968	0,091592691	0,674976974
A_23_P69109	-1,032824185	11,52867223	-1,842826052	0,091237079	0,674976974
A_23_P121716	-1,660603731	10,21618193	-1,843343407	0,091156952	0,674976974
A_23_P48886	-1,182496309	9,827799667	-1,843878634	0,091074124	0,674976974
A_19_P00321885	-1,243651969	9,667604343	-1,844341233	0,091002591	0,674976974
A_23_P99771	-1,140720936	13,06453519	-1,844634038	0,09095734	0,674976974
A_24_P942743	-1,166236724	7,573657161	-1,844944488	0,090909384	0,674976974
A_21_P0013393	-1,098282944	7,083435437	-1,845102896	0,090884924	0,674976974
A_24_P832426	-0,870240755	9,143775049	-1,845749066	0,090785208	0,674976974
A_23_P155979	-1,917970211	8,207982712	-1,847170067	0,090566271	0,674976974
A_33_P3415097	-1,635413427	11,56727403	-1,847429978	0,090526278	0,674976974
A_23_P218549	-1,184656487	10,53574365	-1,848391994	0,090378391	0,674976974
A_23_P19938	-0,915539328	12,05838083	-1,848483639	0,090364315	0,674976974
A_23_P79978	-1,018033027	14,47520965	-1,848542318	0,090355302	0,674976974
A_23_P204782	-1,084705799	9,442097084	-1,850228714	0,090096651	0,674976974
A_23_P385063	-1,315281955	10,69142825	-1,850902811	0,08999345	0,674976974
A_32_P120043	-0,964887891	6,785160378	-1,851871652	0,089845314	0,674976974
A_19_P00322946	-0,883851115	6,492930364	-1,852477895	0,089752733	0,674976974
A_33_P3366120	-1,274326382	14,85173624	-1,853036587	0,08966749	0,674976974
A_21_P0012143	-1,0211955	7,664871163	-1,853409945	0,089610566	0,674976974
A_23_P55270	-1,131513379	7,323970172	-1,853720852	0,089563188	0,674976974
A_33_P3284508	-1,148058285	14,01067566	-1,85411301	0,089503462	0,674976974
A_33_P3286151	-1,055847884	7,383679679	-1,855275005	0,089326702	0,674976974
A_19_P00803685	-1,348789655	12,80453107	-1,856070909	0,089205815	0,674976974
A_24_P97526	-1,093836176	12,90318819	-1,856381521	0,089158677	0,674976974
A_23_P250800	-1,036361528	10,59104391	-1,85692626	0,089076064	0,674976974
A_21_P0008340	-1,346924962	7,463832243	-1,858948907	0,08876993	0,674976974
A_23_P168909	-1,308980082	7,229846353	-1,859531994	0,088681856	0,674976974
A_23_P63798	-1,048382744	13,54931972	-1,86035545	0,088557611	0,674976974
A_33_P3273552	-1,133940234	8,500994396	-1,860465601	0,088541003	0,674976974
A_23_P347059	-1,3137584	10,8212234	-1,862328167	0,088260608	0,674976974
A_21_P0012345	-0,948208004	6,848201062	-1,863526207	0,088080682	0,674976974
A_23_P114839	-1,156657323	10,45977716	-1,863608784	0,088068292	0,674976974
A_33_P3336720	-1,039659345	9,000176599	-1,864978538	0,087863014	0,674976974
A_24_P372625	-1,215854455	11,03801139	-1,865198586	0,087830077	0,674976974
A_33_P3212615	-1,620394625	9,757486476	-1,865320896	0,087811775	0,674976974
A_24_P396994	-1,183031806	14,30305459	-1,865691933	0,087756274	0,674976974
A_23_P10172	-1,124094385	7,515292433	-1,866011875	0,087708442	0,674976974
A_33_P3266315	-0,986910209	11,74829221	-1,867096881	0,087546409	0,674976974

A_24_P319364	-1,141148347	14,41657282	-1,867150303	0,087538438	0,674976974
A_23_P67971	-0,899532933	10,80476862	-1,867451871	0,087493455	0,674976974
A_23_P255317	-1,18054004	9,492360259	-1,868947321	0,087270698	0,674976974
A_33_P3416797	-1,123041973	7,000840114	-1,870328031	0,087065493	0,674976974
A_21_P0013865	-1,327331915	7,283333734	-1,87050554	0,087039143	0,674976974
A_24_P165259	-1,055018883	14,50810621	-1,870689589	0,08701183	0,674976974
A_33_P3371055	-1,22415977	14,1976082	-1,870757337	0,087001778	0,674976974
A_33_P3386132	-0,993292361	11,04878193	-1,871014435	0,086963642	0,674976974
A_23_P79331	-1,397001439	13,33286035	-1,871450147	0,086899046	0,674976974
A_23_P37283	-1,238940567	8,637316455	-1,871464051	0,086896985	0,674976974
A_23_P49338	-1,047423458	11,30166101	-1,871627528	0,086872761	0,674976974
A_23_P79426	-1,06804077	11,77026763	-1,872037713	0,086812007	0,674976974
A_24_P282762	-1,070435951	8,732859314	-1,87324961	0,086632733	0,674976974
A_24_P372134	-1,83758127	8,435344502	-1,873417564	0,086607915	0,674976974
A_21_P0013883	-1,165682779	7,236965793	-1,87475454	0,086410584	0,674976974
A_33_P3375665	-1,042942912	13,44376911	-1,874926388	0,08638525	0,674976974
A_23_P126388	-1,084417441	16,64600688	-1,875698933	0,086271444	0,674976974
A_33_P3373364	-0,99629459	10,94008272	-1,876265557	0,08618806	0,674976974
A_21_P0006461	-1,397285761	9,082889083	-1,878304038	0,085888689	0,674976974
A_33_P3212257	-2,58486862	13,01006159	-1,879047249	0,085779778	0,674976974
A_23_P371266	-2,072573825	12,17009925	-1,879754998	0,085676181	0,674976974
A_33_P3226788	-1,178108863	11,25188345	-1,880200697	0,085611001	0,674976974
A_19_P00321339	-1,141649471	7,815355782	-1,880709487	0,08553665	0,674976974
A_21_P0000064	-2,542564053	10,10187633	-1,880956676	0,085500548	0,674976974
A_33_P3373805	-0,968236502	7,403695561	-1,8811088	0,085478338	0,674976974
A_23_P218111	-1,023854601	9,694633626	-1,882313228	0,085302675	0,674976974
A_23_P105957	-1,445461296	14,01950716	-1,883829981	0,085081931	0,674976974
A_33_P3354267	-1,203391409	12,96022069	-1,884231758	0,085023545	0,674976974
A_23_P116898	-1,403506227	10,46877759	-1,885030168	0,08490763	0,674976974
A_24_P329424	-0,914035002	6,922050933	-1,885174621	0,084886674	0,674976974
A_21_P0013796	-0,989784917	17,29837339	-1,887174723	0,084596995	0,674976974
A_21_P0003595	-0,983280036	13,02520949	-1,888234135	0,084443926	0,674976974
A_23_P340848	-1,916996663	12,79556335	-1,888664105	0,084381874	0,674976974
A_21_P0013701	-1,075495102	7,40065213	-1,88899928	0,084333531	0,674976974
A_21_P0014172	-1,383978433	9,124260605	-1,889048255	0,08432647	0,674976974
A_23_P90172	-1,609408002	11,21973854	-1,889061021	0,084324629	0,674976974
A_24_P141214	-2,760217243	14,06385325	-1,889498365	0,084261595	0,674976974
A_33_P3256334	-1,268460321	8,715738475	-1,889513471	0,084259419	0,674976974
A_23_P416314	-1,069623119	14,843334	-1,890179325	0,084163535	0,674976974
A_33_P3222203	-1,1886559	13,36437712	-1,890578054	0,084106165	0,674976974
A_33_P3294404	-0,995489967	10,57833693	-1,892292905	0,08385984	0,674976974
A_23_P250302	-1,632462101	9,113056639	-1,89259383	0,083816682	0,674976974
A_24_P76078	-1,200761827	12,05444947	-1,893237659	0,083724415	0,674976974
A_24_P73290	-1,43642474	10,26502027	-1,893945092	0,083623141	0,674976974

A_23_P134953	-1,321876132	12,08276213	-1,893951029	0,083622291	0,674976974
A_23_P70670	-0,935858531	11,44963293	-1,894428781	0,083553962	0,674976974
A_33_P3316273	-1,429466776	13,03264672	-1,894496625	0,083544263	0,674976974
A_23_P116264	-2,056885755	13,64462047	-1,895804096	0,083357545	0,674976974
A_19_P00327354	-1,087896341	9,378940892	-1,896530734	0,083253941	0,674976974
A_23_P145965	-1,142024608	10,55221345	-1,897605926	0,083100857	0,674976974
A_33_P3229402	-1,393689704	10,70507107	-1,897679901	0,083090334	0,674976974
A_23_P55373	-0,994702562	7,062453501	-1,898813005	0,082929303	0,674976974
A_23_P153562	-1,156823668	10,29117067	-1,899472904	0,082835654	0,674976974
A_23_P216712	-1,16545935	8,216563761	-1,900255481	0,08272472	0,674976974
A_21_P0007335	-1,011574957	7,257526132	-1,900591036	0,082677196	0,674976974
A_19_P00317109	-0,89277736	9,435514018	-1,90303016	0,082332496	0,674976974
A_33_P3266719	-1,011325267	8,218969087	-1,903219953	0,08230573	0,674976974
A_19_P00805625	-1,158741189	10,26485144	-1,903296363	0,082294956	0,674976974
A_23_P42746	-1,138091018	12,45998512	-1,903385623	0,082282372	0,674976974
A_23_P54996	-1,061436918	6,923295012	-1,908254118	0,081598677	0,674976974
A_33_P3376836	-1,057185423	13,43435477	-1,908282299	0,081594735	0,674976974
A_24_P4816	-1,057124911	9,122284133	-1,909430498	0,081434261	0,674976974
A_33_P3240392	-1,095095742	13,49645185	-1,91106561	0,081206235	0,674976974
A_24_P228026	-1,066083197	9,188924312	-1,911392575	0,081160708	0,674976974
A_24_P271049	-1,341909251	9,379452813	-1,912566263	0,080997476	0,674976974
A_24_P397294	-1,141443369	13,00948135	-1,913290411	0,080896916	0,674976974
A_24_P58037	-1,023049016	8,510014417	-1,913348126	0,080888906	0,674976974
A_23_P351215	-1,006776387	8,324711756	-1,913466893	0,080872426	0,674976974
A_33_P3395688	-0,907103097	6,748903916	-1,913792824	0,080827215	0,674976974
A_33_P3341568	-1,100546121	9,551996525	-1,91516168	0,080637589	0,674976974
A_21_P0009417	-1,023225896	9,277861418	-1,915436352	0,080599588	0,674976974
A_33_P3343316	-1,762580831	8,288989094	-1,916615352	0,080436662	0,674976974
A_33_P3240767	-1,008456231	10,74306831	-1,917465009	0,080319435	0,674976974
A_19_P00322933	-1,115084571	9,263717825	-1,918112494	0,080230208	0,674976974
A_33_P3540143	-0,968894521	12,6274684	-1,918176768	0,080221356	0,674976974
A_19_P00322409	-1,156286229	8,359429043	-1,919490135	0,080040664	0,674976974
A_24_P350576	-1,165098768	12,54460088	-1,919827492	0,079994311	0,674976974
A_33_P3283083	-0,983565837	8,342071582	-1,920641311	0,079882595	0,674976974
A_23_P148047	-0,966124695	11,12673222	-1,920705359	0,079873809	0,674976974
A_33_P3354858	-0,940675241	8,66536646	-1,920857201	0,079852983	0,674976974
A_23_P154894	-1,096541469	14,37150248	-1,921854824	0,079716277	0,674976974
A_24_P154037	-1,20725778	12,71198947	-1,92200608	0,079695569	0,674976974
A_33_P3243907	-1,007521452	12,80779455	-1,922298881	0,079655497	0,674976974
A_33_P3273436	-1,091063813	9,261246722	-1,922737499	0,079595503	0,674976974
A_23_P372834	-1,065307619	9,248783818	-1,92316559	0,079536989	0,674976974
A_23_P139965	-1,170604897	12,03824391	-1,924090874	0,079410651	0,674976974
A_21_P0014580	-1,576121152	7,829026034	-1,926034672	0,079145847	0,674976974
A_23_P34142	-2,004792494	11,08699532	-1,926082287	0,07913937	0,674976974

A_21_P0011903	-1,093781694	7,503903793	-1,926391772	0,079097287	0,674976974
A_21_P0006531	-0,896333728	6,664475608	-1,927210961	0,078985996	0,674976974
A_21_P0010882	-1,464229305	8,703803733	-1,927607982	0,07893211	0,674976974
A_24_P940166	-1,490902436	8,249793808	-1,928103697	0,078864877	0,674976974
A_33_P3316721	-0,960041631	6,850738447	-1,928699754	0,078784104	0,674976974
A_24_P62659	-1,029767213	7,985468399	-1,9299199	0,078618998	0,674976974
A_23_P162037	-1,055295804	10,70993693	-1,931018657	0,07847059	0,674976974
A_33_P3238250	-1,224374634	11,76848346	-1,931627072	0,078388524	0,674976974
A_23_P217958	-1,268609898	13,21094933	-1,931688471	0,078380246	0,674976974
A_23_P404481	-1,10825696	11,03557946	-1,932317767	0,078295455	0,674976974
A_23_P313632	-1,456988329	12,06446182	-1,932390504	0,078285659	0,674976974
A_33_P3347869	-0,914881361	7,047729583	-1,933203585	0,078176242	0,674976974
A_24_P225679	-1,302519683	7,362567767	-1,934232905	0,078037928	0,674976974
A_21_P0000057	-1,002450209	7,688798874	-1,93573804	0,077836083	0,674976974
A_24_P91701	-1,020280349	10,39223801	-1,936385542	0,077749398	0,674976974
A_24_P333802	-1,104990493	12,3919399	-1,937163178	0,077645409	0,674976974
A_21_P0011383	-0,939277053	8,147356771	-1,937632909	0,077582657	0,674976974
A_23_P214411	-1,240884185	11,21846269	-1,9381394	0,077515046	0,674976974
A_23_P37778	-1,326011155	12,74226887	-1,940996198	0,077134714	0,674976974
A_33_P3306163	-1,065583277	11,83851438	-1,941075068	0,077124238	0,674976974
A_21_P0000531	-1,30617897	8,34846609	-1,943583297	0,076791774	0,674976974
A_23_P401076	-1,297968337	14,1223023	-1,944556298	0,07666316	0,674976974
A_24_P37441	-1,301211109	10,22128454	-1,945580354	0,076528012	0,674976974
A_23_P131208	-1,707484634	8,041910758	-1,947469234	0,076279308	0,674976974
A_24_P154080	-1,507474715	8,41310844	-1,947496087	0,076275778	0,674976974
A_23_P142239	-1,065604191	8,620018188	-1,947990218	0,076210843	0,674976974
A_21_P0014599	-0,973239676	7,478810879	-1,948561363	0,076135851	0,674976974
A_23_P109171	-0,981594384	8,700530143	-1,950209025	0,075919894	0,674976974
A_23_P202269	-1,187296537	7,361273106	-1,950218171	0,075918696	0,674976974
A_21_P0011028	-1,011231211	8,691052812	-1,950819783	0,075839986	0,674976974
A_24_P280684	-1,075770033	6,687081905	-1,95141871	0,075761702	0,674976974
A_23_P327156	-1,809689209	8,812521357	-1,952170327	0,075663566	0,674976974
A_23_P168276	-1,520930715	12,52911667	-1,952198296	0,075659916	0,674976974
A_23_P360354	-1,463151978	7,614619791	-1,952715644	0,075592439	0,674976974
A_33_P3367726	-0,938607967	6,73720673	-1,953649679	0,075470754	0,674976974
A_23_P62634	-1,186038525	8,660207492	-1,953992211	0,075426175	0,674976974
A_23_P83200	-0,924849043	7,645232415	-1,954530365	0,075356186	0,674976974
A_23_P26457	-1,743154297	15,49359302	-1,955508461	0,075229134	0,674976974
A_23_P217938	-1,357101436	10,99763308	-1,956097112	0,075152765	0,674976974
A_33_P3258362	-1,72402719	15,49218077	-1,956653441	0,075080656	0,674976974
A_33_P3279515	-1,020370548	6,769223641	-1,958114207	0,074891621	0,674976974
A_23_P14564	-1,091104082	11,96903185	-1,958144763	0,074887672	0,674976974
A_24_P944964	-1,792344487	8,143312476	-1,958260323	0,074872737	0,674976974
A_23_P85453	-1,297480027	12,14431324	-1,95917452	0,074754684	0,674976974

A_33_P3275751	-1,264518169	13,25827454	-1,959384995	0,074727529	0,674976974
A_23_P64129	-0,993924377	11,82525935	-1,960213517	0,074620724	0,674976974
A_24_P385732	-1,071724424	7,718809344	-1,960732545	0,074553888	0,674976974
A_24_P129232	-1,193263819	11,8345287	-1,960969449	0,0745234	0,674976974
A_33_P3369190	-1,287650792	9,109521759	-1,961095581	0,074507173	0,674976974
A_33_P3301097	-1,551301807	9,825446876	-1,961427394	0,074464499	0,674976974
A_33_P3391375	-1,127385658	12,17929251	-1,961859303	0,074408985	0,674976974
A_23_P502142	-1,315177337	13,35215277	-1,962387625	0,074341132	0,674976974
A_23_P26583	-0,970240019	8,490320948	-1,965542213	0,073937172	0,674976974
A_23_P332374	-1,313847278	10,2150471	-1,966088784	0,073867387	0,674976974
A_21_P0001777	-0,970263272	8,203563489	-1,966218026	0,073850895	0,674976974
A_23_P114947	-1,342654883	11,78789148	-1,96691307	0,073762261	0,674976974
A_24_P943301	-1,864915599	9,497486035	-1,967384764	0,073702165	0,674976974
A_23_P27584	-1,096735675	12,49249814	-1,967564782	0,073679242	0,674976974
A_32_P140139	-2,631364994	13,56351179	-1,967584397	0,073676745	0,674976974
A_23_P397320	-0,990181359	7,298212848	-1,968282373	0,073587932	0,674976974
A_33_P3284463	-0,964633659	13,73065797	-1,968799018	0,073522255	0,674976974
A_23_P83798	-1,162286812	6,929773428	-1,970071649	0,073360709	0,674976974
A_32_P128701	-1,154327844	10,02759706	-1,970530162	0,073302587	0,674976974
A_33_P3286481	-1,248780668	14,80297342	-1,970805939	0,073267649	0,674976974
A_33_P3241021	-1,216128054	11,66360733	-1,971243858	0,073212201	0,674976974
A_23_P429998	-2,265962583	8,853447036	-1,972689089	0,073029488	0,674976974
A_23_P55706	-1,054099165	13,60974428	-1,975363786	0,072692453	0,674976974
A_23_P209678	-2,064589231	14,27070267	-1,975509064	0,072674188	0,674976974
A_33_P3812669	-0,992372126	12,10825553	-1,976605429	0,072536486	0,674976974
A_24_P62530	-1,042846499	8,546572341	-1,977747793	0,072393264	0,674976974
A_33_P3417150	-1,515072179	8,968744618	-1,977944098	0,072368679	0,674976974
A_23_P46149	-1,091733279	9,938393333	-1,97856525	0,072290937	0,674976974
A_23_P103398	-1,088834894	12,27814372	-1,978783897	0,07226359	0,674976974
A_33_P3348244	-1,008891771	13,51924434	-1,981539756	0,07191973	0,674976974
A_23_P138541	-1,493050452	11,12737974	-1,98348382	0,071678074	0,674976974
A_23_P28507	-0,976570396	10,10979868	-1,983659919	0,071656221	0,674976974
A_33_P3332252	-0,956743615	7,09826037	-1,983694893	0,071651882	0,674976974
A_24_P88763	-1,447467226	12,16088541	-1,983747339	0,071645375	0,674976974
A_33_P3422679	-0,983682164	9,31200695	-1,984076633	0,071604534	0,674976974
A_23_P206960	-1,092859888	13,20038404	-1,984147297	0,071595773	0,674976974
A_23_P371787	-1,072240079	13,5809015	-1,984366059	0,071568656	0,674976974
A_33_P3262515	-1,315279458	14,44398468	-1,986104263	0,071353533	0,674976974
A_23_P377214	-1,468703114	12,99500108	-1,986832871	0,071263538	0,674976974
A_23_P98995	-1,183809255	10,4370371	-1,987545613	0,071175605	0,674976974
A_33_P3208970	-1,265965875	11,14943713	-1,988010492	0,071118305	0,674976974
A_23_P371129	-1,311561145	11,84321479	-1,988118197	0,071105036	0,674976974
A_23_P126836	-1,628509169	8,06849744	-1,988269169	0,07108644	0,674976974
A_33_P3361636	-1,525448654	7,489321061	-1,988386069	0,071072044	0,674976974

A_23_P119143	-1,810005749	10,73262246	-1,989308709	0,070958518	0,674976974
A_23_P137931	-1,358407175	8,665067677	-1,989890626	0,070887003	0,674976974
A_24_P73599	-0,952184521	10,69397285	-1,990008668	0,070872504	0,674976974
A_21_P0002552	-0,934133225	7,155629213	-1,991645558	0,070671734	0,674976974
A_33_P3263841	-1,132782033	8,554545432	-1,991965285	0,07063258	0,674976974
A_32_P144220	-1,446506781	13,66321246	-1,992216276	0,070601858	0,674976974
A_24_P360078	-1,473059798	10,98942578	-1,992419257	0,070577021	0,674976974
A_24_P71938	-1,304738982	10,69118407	-1,992787346	0,070532003	0,674976974
A_23_P209625	-0,958206841	12,85362955	-1,993407597	0,070456204	0,674976974
A_23_P83175	-1,324523425	12,37872537	-1,99344644	0,07045146	0,674976974
A_24_P75190	-1,982480136	16,70357494	-1,994280386	0,070349672	0,674976974
A_24_P251534	-1,7852399	11,13498464	-1,995461469	0,070205749	0,674976974
A_23_P87973	-1,468187811	12,44166281	-1,995799679	0,070164586	0,674976974
A_23_P121926	-1,138393268	8,233836709	-1,995833446	0,070160477	0,674976974
A_23_P105066	-1,269822366	13,40886915	-1,995984027	0,070142159	0,674976974
A_33_P3378659	-1,18505492	12,11837319	-1,996279676	0,070106205	0,674976974
A_23_P408353	-1,264571537	13,41964729	-1,997674987	0,069936752	0,674976974
A_24_P265832	-1,134480221	8,563972601	-1,998721547	0,069809903	0,674976974
A_23_P202104	-1,410634735	15,27700473	-1,999500528	0,069715626	0,674976974
A_21_P0008448	-1,069551242	7,945627234	-2,000147498	0,069637415	0,674976974
A_19_P00317412	-1,076023849	10,46492124	-2,001819166	0,069435707	0,674976974
A_23_P213584	-1,154183216	10,7803787	-2,00196918	0,069417633	0,674976974
A_33_P3327140	-1,094656189	9,987343162	-2,002114411	0,069400139	0,674976974
A_23_P48585	-2,049105785	11,21058934	-2,002990473	0,069294699	0,674976974
A_33_P3303086	-1,006290524	11,14422087	-2,004530215	0,069109741	0,674976974
A_33_P3809497	-1,730943444	9,34435112	-2,004988388	0,069054793	0,674976974
A_24_P257416	-1,97329888	11,77290679	-2,005163542	0,069033798	0,674976974
A_32_P122226	-1,142679913	8,134771988	-2,0054804	0,068995832	0,674976974
A_33_P3305487	-1,024561601	8,034286324	-2,005744707	0,068964177	0,674976974
A_23_P402778	-0,965416057	6,887092095	-2,005914281	0,068943876	0,674976974
A_21_P0000177	-1,041590687	10,36628118	-2,006432007	0,068881927	0,674976974
A_33_P3273409	-1,083462784	13,50612523	-2,006498195	0,068874011	0,674976974
A_23_P361584	-1,119563575	11,43424039	-2,006655219	0,068855234	0,674976974
A_23_P26928	-1,544939015	8,318450239	-2,006962828	0,068818465	0,674976974
A_21_P0001290	-1,608004283	8,729671799	-2,008161864	0,068675316	0,674976974
A_21_P0000833	-1,113471101	9,764147307	-2,008833755	0,068595222	0,674976974
A_33_P3424467	-1,799070633	12,19496261	-2,009245495	0,068546183	0,674976974
A_23_P252052	-1,19043772	10,57030515	-2,009284213	0,068541573	0,674976974
A_33_P3282566	-1,168651138	10,99413614	-2,00930462	0,068539144	0,674976974
A_23_P139669	-1,569198376	8,565187575	-2,009461334	0,068520489	0,674976974
A_23_P146367	-1,173028192	15,14255026	-2,009694905	0,068492694	0,674976974
A_23_P21747	-1,792388344	8,23715169	-2,010866853	0,068353393	0,674976974
A_33_P3316928	-1,155633624	11,60201699	-2,011386313	0,068291732	0,674976974
A_23_P382835	-1,211777306	10,99790819	-2,011483033	0,068280257	0,674976974

A_21_P0002422	-1,636496376	7,826474792	-2,011683562	0,068256472	0,674976974
A_24_P287473	-1,661811625	11,65329972	-2,011881733	0,068232973	0,674976974
A_23_P152655	-1,375280836	15,72951348	-2,012822065	0,068121576	0,674976974
A_24_P128205	-1,057982786	11,49380104	-2,012991612	0,068101509	0,674976974
A_23_P119593	-0,992060554	11,27956192	-2,017018869	0,06762646	0,674976974
A_33_P3413597	-1,17851774	14,44607848	-2,017775399	0,067537566	0,674976974
A_33_P3244021	-1,106410674	12,83898753	-2,018568597	0,06744448	0,674976974
A_33_P3363420	-1,582424255	7,772600812	-2,019038585	0,067389381	0,674976974
A_23_P166633	-2,555621499	10,39646739	-2,019183044	0,067372454	0,674976974
A_23_P151166	-1,098347701	11,55771122	-2,019235633	0,067366293	0,674976974
A_24_P104407	-1,592541473	7,806286151	-2,019634425	0,067319588	0,674976974
A_33_P3326992	-1,033068405	8,326077283	-2,019863419	0,067292783	0,674976974
A_24_P148151	-1,368672709	9,926833125	-2,021241534	0,067131678	0,674976974
A_33_P3232552	-1,580716196	9,367990955	-2,022140191	0,067026816	0,674976974
A_23_P436353	-1,053785594	9,311169912	-2,022359575	0,06700124	0,674976974
A_23_P121253	-0,983246611	11,60707221	-2,023379097	0,066882501	0,674976974
A_23_P45475	-1,081208805	15,23507928	-2,026443447	0,066526793	0,674976974
A_23_P73848	-1,589370986	8,045629637	-2,027551275	0,066398632	0,674976974
A_23_P140146	-1,03025472	13,73351134	-2,02823756	0,066319354	0,674976974
A_33_P3392921	-1,685060594	7,63449075	-2,02898738	0,066232836	0,674976974
A_23_P145584	-1,20335145	9,770985178	-2,029661512	0,066155142	0,674976974
A_23_P128728	-1,274311808	9,146234043	-2,032536304	0,065824775	0,674976974
A_21_P0007033	-1,838634107	10,54141062	-2,032715542	0,065804228	0,674976974
A_23_P213247	-1,460199878	11,24806031	-2,033712987	0,065689996	0,674976974
A_24_P318656	-2,464211286	14,42075533	-2,035934929	0,065436195	0,674976974
A_32_P175934	-1,075697668	11,5979833	-2,036896946	0,065326593	0,674976974
A_23_P126593	-1,087249902	12,91262532	-2,037589313	0,065247818	0,674976974
A_33_P3323136	-2,124623916	8,310342053	-2,039148192	0,06507078	0,674976974
A_19_P00320597	-1,452843763	10,10066487	-2,039428998	0,065038937	0,674976974
A_23_P216307	-1,112037388	7,270434679	-2,040240825	0,064946959	0,674976974
A_33_P3213337	-1,912798524	8,814819254	-2,043373196	0,064593209	0,674976974
A_23_P58009	-1,556474567	8,664468844	-2,043537372	0,064574717	0,674976974
A_33_P3231252	-2,053641074	11,20300416	-2,045711032	0,064330362	0,674976974
A_23_P48109	-1,769189044	10,79523271	-2,045875548	0,064311903	0,674976974
A_21_P0005759	-1,084037652	6,859591436	-2,046876053	0,064199751	0,674976974
A_23_P72387	-1,318025555	7,193503879	-2,046937486	0,06419287	0,674976974
A_33_P3535175	-1,318850154	10,64848029	-2,046974946	0,064188675	0,674976974
A_21_P0006050	-1,469144754	7,981991345	-2,046997375	0,064186164	0,674976974
A_23_P300033	-1,416841759	7,380978994	-2,047487104	0,064131345	0,674976974
A_23_P50591	-1,289767426	11,08534622	-2,047840137	0,064091854	0,674976974
A_33_P3385785	-1,132084724	11,03291136	-2,049078769	0,06395348	0,674976974
A_23_P138352	-1,277784131	7,281611704	-2,050198728	0,063828604	0,674976974
A_23_P115167	-1,680807726	10,4674406	-2,050806342	0,06376095	0,674976974
A_23_P47682	-1,137104973	9,721709275	-2,051798039	0,063650675	0,674976974

A_24_P196851	-1,684437032	12,26092608	-2,051892698	0,063640158	0,674976974
A_33_P3301095	-1,175219103	10,15084195	-2,052735854	0,063546556	0,674976974
A_33_P3269539	-1,07398831	7,888496339	-2,05310182	0,063505968	0,674976974
A_23_P167920	-0,99875739	7,158677029	-2,053528269	0,063458703	0,674976974
A_24_P91852	-1,272165924	8,918723881	-2,054768386	0,063321444	0,674976974
A_33_P3330109	-1,336340777	17,06815743	-2,056538446	0,06312601	0,674976974
A_23_P374919	-1,217730489	7,121537686	-2,057005599	0,063074526	0,674976974
A_24_P12413	-1,588081634	10,34985875	-2,058247998	0,062937793	0,674976974
A_23_P200138	-1,610867492	11,42949578	-2,058734392	0,062884339	0,674976974
A_23_P141173	-1,172633243	16,52792543	-2,059135822	0,062840254	0,674976974
A_23_P362759	-1,108987227	7,18003211	-2,059176433	0,062835796	0,674976974
A_23_P124476	-1,489526979	9,409537785	-2,059270398	0,062825481	0,674976974
A_32_P460973	-1,24357874	15,30821927	-2,060181978	0,062725501	0,674976974
A_23_P254472	-1,441056402	11,15806015	-2,063357016	0,062378432	0,674976974
A_24_P245838	-1,370150462	13,73627004	-2,064334153	0,062271981	0,674976974
A_33_P3220242	-1,056648513	9,585603379	-2,065551567	0,062139593	0,674976974
A_24_P120934	-1,215636329	8,202273198	-2,06770345	0,061906231	0,674976974
A_23_P135548	-1,060475624	9,519636427	-2,068608218	0,061808358	0,674976974
A_21_P0012627	-1,806421594	7,743661496	-2,068826265	0,061784792	0,674976974
A_23_P58763	-1,220890961	12,20284575	-2,06923798	0,061740319	0,674976974
A_23_P104471	-0,998254874	7,097578795	-2,069855683	0,061673652	0,674976974
A_23_P211957	-1,329004711	12,86698681	-2,070336114	0,061621846	0,674976974
A_24_P399500	-1,619618684	11,01730281	-2,071163027	0,061532775	0,674976974
A_23_P345220	-1,171525687	8,870806044	-2,071577217	0,061488206	0,674976974
A_33_P3214516	-1,036995318	8,496205491	-2,072312968	0,061409109	0,674976974
A_33_P3423874	-2,020188837	7,784325262	-2,074492216	0,06117539	0,674976974
A_33_P3315949	-1,391146818	7,900594055	-2,074510679	0,061173413	0,674976974
A_23_P213706	-1,243339725	10,93419457	-2,074951851	0,061126202	0,674976974
A_24_P10884	-1,479681923	9,761057966	-2,075031091	0,061117725	0,674976974
A_24_P408424	-1,317207217	15,43869856	-2,076841574	0,060924361	0,674976974
A_23_P106362	-1,168901838	7,397210504	-2,076849487	0,060923517	0,674976974
A_33_P3286349	-2,001426754	8,146517644	-2,077912991	0,060810201	0,674976974
A_23_P310956	-1,055475387	7,379982944	-2,078463698	0,060751601	0,674976974
A_23_P97394	-1,154839266	8,768344873	-2,078599378	0,060737172	0,674976974
A_23_P81392	-1,310714407	7,261525688	-2,078697125	0,060726779	0,674976974
A_24_P189997	-2,000804018	8,151487264	-2,078811451	0,060714625	0,674976974
A_23_P163025	-1,11046725	15,1533863	-2,080386914	0,06054737	0,674976974
A_24_P389916	-2,875829702	11,06552427	-2,080993477	0,060483092	0,674976974
A_24_P406132	-1,011086356	8,723948953	-2,081370679	0,060443151	0,674976974
A_23_P10559	-1,303028918	10,39352876	-2,08258135	0,060315125	0,674976974
A_33_P3387696	-1,019410744	11,9834017	-2,083086825	0,060261747	0,674976974
A_23_P8281	-1,012359782	11,9345937	-2,08314948	0,060255134	0,674976974
A_23_P16866	-1,339863478	6,912462743	-2,083433268	0,060225189	0,674976974
A_33_P3210085	-1,454918063	10,99016504	-2,083528451	0,060215148	0,674976974

A_33_P3342528	-1,311649131	11,88893714	-2,083836522	0,060182661	0,674976974
A_23_P24543	-1,112483868	6,909623196	-2,084258182	0,060138223	0,674976974
A_23_P436138	-1,46868277	10,18317479	-2,084503331	0,060112401	0,674976974
A_32_P45168	-1,561854829	11,25892545	-2,085306926	0,060027831	0,674976974
A_24_P35478	-1,208831062	7,146666274	-2,086328039	0,05992053	0,674976974
A_23_P68486	-1,370318056	11,73433751	-2,086487737	0,059903765	0,674976974
A_23_P304356	-0,971937546	7,761416547	-2,086493154	0,059903196	0,674976974
A_24_P274814	-1,299310088	13,16099936	-2,086666191	0,059885036	0,674976974
A_23_P102731	-1,79011086	11,34999053	-2,087008158	0,059849162	0,674976974
A_23_P34031	-1,061591793	7,161769589	-2,08735033	0,059813286	0,674976974
A_23_P99253	-1,15382584	10,2852485	-2,087558221	0,059791499	0,674976974
A_23_P113701	-2,43783498	8,672454593	-2,087644053	0,059782506	0,674976974
A_21_P0003640	-2,720948323	9,63178968	-2,087715959	0,059774973	0,674976974
A_23_P406616	-1,315284804	12,99469336	-2,087845425	0,059761412	0,674976974
A_23_P152235	-2,55788363	8,906952275	-2,08860944	0,059681446	0,674976974
A_24_P356601	-1,807314399	10,69644147	-2,089111744	0,059628926	0,674976974
A_33_P3258274	-1,39598228	9,369456148	-2,089362342	0,059602741	0,674976974
A_23_P255104	-1,061336454	11,67976947	-2,090486097	0,059485449	0,674976974
A_23_P41854	-1,193788371	12,99783693	-2,093577024	0,059163954	0,674976974
A_32_P117313	-1,088199568	10,34111983	-2,093689368	0,059152299	0,674976974
A_21_P0001291	-1,017931953	7,690769151	-2,094147224	0,059104824	0,674976974
A_24_P62505	-1,121896931	8,936900718	-2,094436605	0,059074837	0,674976974
A_21_P0003312	-1,281956552	8,27610135	-2,094986648	0,059017877	0,674976974
A_33_P3286157	-1,080003778	11,68416083	-2,094997433	0,059016761	0,674976974
A_19_P00317128	-1,225403374	10,6610794	-2,095181904	0,05899767	0,674976974
A_33_P3237634	-1,828182555	12,86726912	-2,095254549	0,058990154	0,674976974
A_33_P3413701	-0,979357943	12,00946441	-2,096721323	0,058838582	0,674976974
A_33_P3288189	-1,054359714	9,209715165	-2,097797019	0,058727656	0,674976974
A_21_P0005116	-1,067417563	7,17943564	-2,09848139	0,058657186	0,674976974
A_21_P0004659	-1,156170769	7,280462152	-2,101157841	0,058382353	0,674976974
A_24_P732099	-1,344985675	12,89495509	-2,102804105	0,058213907	0,674976974
A_33_P3316786	-1,158878121	11,18972082	-2,103032107	0,058190614	0,674976974
A_32_P159651	-1,2660383	10,04420029	-2,10747091	0,057738882	0,674976974
A_32_P213661	-1,017491286	8,106150986	-2,10880647	0,057603611	0,674976974
A_24_P234116	-1,406122228	12,83238777	-2,109082418	0,057575699	0,674976974
A_33_P3251727	-1,392608244	7,159937297	-2,109372943	0,057546326	0,674976974
A_23_P104617	-1,375207518	9,418765364	-2,109771014	0,057506103	0,674976974
A_23_P143817	-2,734720503	12,23026815	-2,110154825	0,057467346	0,674976974
A_32_P91902	-1,166122837	11,34299413	-2,11025398	0,057457338	0,674976974
A_33_P3304655	-2,031835136	9,456408919	-2,110285582	0,057454148	0,674976974
A_23_P6935	-2,110290029	14,02396895	-2,110428868	0,057439689	0,674976974
A_33_P3302428	-1,244641244	11,96215947	-2,110908667	0,057391296	0,674976974
A_23_P64044	-1,542564983	12,93188371	-2,111648585	0,057316742	0,674976974
A_23_P357207	-1,168674641	7,047422733	-2,112915289	0,05718932	0,674976974

A_23_P110712	-1,325431649	9,696012067	-2,115486774	0,056931468	0,674976974
A_23_P404494	-1,687769208	12,30042754	-2,116850457	0,056795171	0,674976974
A_24_P185186	-1,56764873	9,809024636	-2,117180118	0,056762268	0,674976974
A_33_P3329078	-1,420087661	17,69269674	-2,119247114	0,056556376	0,674976974
A_23_P16915	-1,093149113	8,586479082	-2,12003945	0,056477638	0,674976974
A_33_P3337627	-1,237819341	12,34527726	-2,120385845	0,056443248	0,674976974
A_21_P0007089	-1,09059178	11,44560456	-2,121095321	0,056372872	0,674976974
A_24_P380679	-1,451127603	9,243320575	-2,121982615	0,056284975	0,674976974
A_33_P3317460	-1,042946067	7,873405004	-2,122052503	0,056278057	0,674976974
A_23_P85171	-1,221074347	10,57265485	-2,122806137	0,056203511	0,674976974
A_23_P35912	-1,301061317	14,19315469	-2,12305292	0,05617912	0,674976974
A_23_P210763	-1,109654755	7,904686058	-2,123797021	0,056105638	0,674976974
A_21_P0014829	-1,080564484	9,552994888	-2,124913957	0,055995507	0,674976974
A_24_P706752	-1,427827383	9,274956594	-2,126328714	0,055856304	0,674976974
A_24_P84608	-1,056218075	8,717713989	-2,126427525	0,055846594	0,674976974
A_33_P3339531	-1,746394034	9,410188913	-2,126823318	0,055807715	0,674976974
A_23_P162386	-1,164707447	12,54166091	-2,127360023	0,055755035	0,674976974
A_19_P00321721	-1,153275074	6,930918993	-2,127945225	0,055697649	0,674976974
A_33_P3334384	-1,551359497	8,828039899	-2,127963982	0,05569581	0,674976974
A_24_P150874	-1,235894303	9,559864969	-2,128151289	0,055677455	0,674976974
A_23_P372946	-1,467933412	7,811009957	-2,12855901	0,055637519	0,674976974
A_24_P636882	-1,345177717	10,37375728	-2,12874566	0,055619246	0,674976974
A_33_P3251771	-1,154269364	10,49348543	-2,128931234	0,055601084	0,674976974
A_21_P0011522	-1,595816163	11,09975355	-2,129379443	0,055557241	0,674976974
A_21_P0014177	-1,202374424	10,65908223	-2,129538896	0,055541651	0,674976974
A_21_P0011956	-1,360256477	9,654325456	-2,129790193	0,055517091	0,674976974
A_24_P64167	-2,094102829	12,64609354	-2,129796804	0,055516445	0,674976974
A_23_P361773	-1,970403377	13,7315795	-2,130175148	0,055479487	0,674976974
A_24_P192805	-1,145793592	9,177281335	-2,13029888	0,055467405	0,674976974
A_24_P588897	-1,022815568	10,87052292	-2,130347412	0,055462667	0,674976974
A_24_P79070	-1,833020201	8,828784985	-2,130645623	0,055433562	0,674976974
A_33_P3400943	-1,377548667	13,37834339	-2,130806967	0,05541782	0,674976974
A_24_P33895	-1,112476786	7,618274695	-2,132324311	0,055269989	0,674976974
A_24_P74371	-1,287576887	15,29637397	-2,132621029	0,055241124	0,674976974
A_33_P3232955	-1,841429007	13,43358455	-2,132725392	0,055230975	0,674976974
A_23_P210358	-1,544441493	12,93940434	-2,134283199	0,055079689	0,674976974
A_23_P141394	-1,343878382	13,70919771	-2,136376682	0,054876998	0,674976974
A_21_P0006606	-1,927091453	8,571866836	-2,137129147	0,054804317	0,674976974
A_21_P0014927	-1,16254944	8,137118573	-2,137159306	0,054801405	0,674976974
A_23_P419714	-1,565862632	8,656360641	-2,138187035	0,054702287	0,674976974
A_33_P3363425	-1,708849706	7,778422249	-2,138545725	0,054667734	0,674976974
A_24_P941359	-1,647119223	9,847757734	-2,138623187	0,054660275	0,674976974
A_23_P112135	-1,55928387	13,32411216	-2,139598504	0,054566436	0,674976974
A_32_P100109	-1,269855134	8,57633593	-2,140519946	0,054477921	0,674976974

A_23_P43810	-2,138379994	11,25297618	-2,140931822	0,0544384	0,674976974
A_33_P3323803	-1,082349961	8,610934136	-2,141017255	0,054430205	0,674976974
A_32_P54503	-1,029434174	7,514497997	-2,141264333	0,054406513	0,674976974
A_23_P217428	-2,196158809	10,19742816	-2,142081051	0,054328268	0,674976974
A_19_P00808794	-1,14903208	7,872573171	-2,143407034	0,05420146	0,674976974
A_23_P53137	-1,472336019	17,472609	-2,144011397	0,054143756	0,674976974
A_24_P325520	-1,168511122	11,58933629	-2,144929611	0,054056196	0,674976974
A_21_P0006527	-1,114025285	6,760956825	-2,145191844	0,054031215	0,674976974
A_23_P258381	-1,579998923	12,51853784	-2,146387734	0,053917427	0,674976974
A_23_P97700	-1,254174338	14,47084713	-2,146527047	0,053904186	0,674976974
A_21_P0005987	-1,08713942	7,183342485	-2,147021749	0,053857192	0,674976974
A_23_P154605	-1,184241902	12,11397862	-2,147594374	0,053802845	0,674976974
A_33_P3423425	-1,217825044	12,82398754	-2,148680385	0,053699915	0,674976974
A_33_P3679768	-1,125877258	11,68693272	-2,149321894	0,053639202	0,674976974
A_23_P420831	-1,444379819	8,243553287	-2,150521136	0,053525878	0,674976974
A_24_P167338	-1,749550623	7,951908318	-2,151651532	0,053419267	0,674976974
A_23_P99386	-1,095716203	7,944992579	-2,152894903	0,053302233	0,674976974
A_21_P0014236	-1,084941289	7,682813264	-2,154774043	0,053125816	0,674976974
A_24_P137376	-1,765263477	11,42997783	-2,15490981	0,053113091	0,674976974
A_21_P0014496	-1,260338137	10,316116	-2,157012517	0,052916385	0,674976974
A_33_P3300092	-1,115534392	14,14186426	-2,15726709	0,052892617	0,674976974
A_21_P0014103	-1,43944019	10,5994424	-2,157271513	0,052892204	0,674976974
A_33_P3338152	-1,195669909	13,01918573	-2,15813834	0,052811349	0,674976974
A_23_P131036	-2,161074924	8,584164106	-2,158150809	0,052810186	0,674976974
A_23_P205549	-1,382300116	15,67361534	-2,158311245	0,052795235	0,674976974
A_33_P3224800	-1,337465213	11,59367824	-2,158513567	0,052776385	0,674976974
A_21_P0012904	-1,510488774	7,001414996	-2,158942901	0,052736406	0,674976974
A_23_P501831	-2,205670395	12,82272794	-2,159227712	0,052709901	0,674976974
A_23_P417942	-1,817839009	11,51690831	-2,161444839	0,052504001	0,674976974
A_32_P377008	-1,042821352	7,063347681	-2,163078711	0,052352754	0,674976974
A_24_P110983	-1,351822454	9,430287302	-2,164994828	0,052175905	0,674976974
A_33_P3259801	-1,013583673	10,80329906	-2,165081235	0,052167943	0,674976974
A_23_P169437	-2,357111109	9,418306566	-2,165199017	0,052157092	0,674976974
A_24_P362540	-2,384293976	9,7747991	-2,165244507	0,052152902	0,674976974
A_23_P34628	-1,551498156	11,12342538	-2,165709441	0,052110094	0,674976974
A_23_P69310	-1,183023725	10,99997671	-2,166475539	0,052039629	0,674976974
A_23_P73114	-1,858070266	11,23823313	-2,166691374	0,052019793	0,674976974
A_23_P368909	-1,45002916	7,225154766	-2,167092503	0,051982947	0,674976974
A_24_P273143	-1,310883918	14,47836609	-2,167349664	0,051959339	0,674976974
A_23_P154065	-1,624197596	15,3076662	-2,168443947	0,051858991	0,674976974
A_23_P58396	-1,756847296	10,88782068	-2,168797811	0,051826581	0,674976974
A_23_P70060	-1,358331136	14,5966781	-2,169702132	0,051743841	0,674976974
A_24_P271363	-1,199513931	10,7862269	-2,170970047	0,051628045	0,674976974
A_33_P3273534	-1,177528779	14,62289698	-2,171916395	0,051541777	0,674976974

A_24_P787947	-1,138298306	8,708705593	-2,172004263	0,051533774	0,674976974
A_23_P21548	-1,097138146	9,294247134	-2,172170844	0,051518605	0,674976974
A_33_P3343145	-1,02568244	7,147845238	-2,173241044	0,051421253	0,674976974
A_23_P122662	-1,170687061	12,6868884	-2,173365558	0,051409937	0,674976974
A_23_P216610	-1,415910693	12,73484357	-2,173930638	0,051358615	0,674976974
A_33_P3253214	-1,556216141	13,70841779	-2,174296319	0,051325429	0,674976974
A_21_P0013590	-1,06087269	8,287718066	-2,175122049	0,051250567	0,674976974
A_24_P347378	-1,204776449	14,78095923	-2,176139037	0,051158508	0,674976974
A_23_P108835	-1,366742492	12,01049669	-2,176167906	0,051155897	0,674976974
A_23_P41217	-1,166374801	8,159198962	-2,177282922	0,051055148	0,674976974
A_23_P139500	-1,185177211	7,319113157	-2,177815102	0,051007129	0,674976974
A_24_P201739	-1,519977069	11,24967846	-2,179055134	0,050895406	0,674976974
A_23_P137434	-1,446520135	12,91867012	-2,179291058	0,050874176	0,674976974
A_33_P3249414	-2,041744421	13,69828973	-2,181793259	0,05064953	0,674976974
A_23_P394836	-1,545162271	10,94049862	-2,181848189	0,050644609	0,674976974
A_33_P3313899	-1,04648933	7,317454306	-2,186053249	0,050269234	0,674976974
A_23_P69226	-1,511057564	11,80705134	-2,186207314	0,050255531	0,674976974
A_33_P3414907	-1,126545394	8,213738209	-2,186596527	0,050220929	0,674976974
A_23_P37598	-1,136972898	10,5270952	-2,187458585	0,050144372	0,674976974
A_21_P0008063	-1,584292545	7,903001043	-2,187940854	0,050101591	0,674976974
A_23_P393080	-1,236377307	9,984261928	-2,188155414	0,05008257	0,674976974
A_24_P252996	-1,058080706	7,185679775	-2,190534196	0,049872136	0,674976974
A_23_P35456	-1,424335744	11,99579907	-2,192515321	0,049697522	0,674976974
A_23_P414273	-1,793947118	14,73018827	-2,193328301	0,049626035	0,674976974
A_33_P3393684	-1,335048446	8,651577358	-2,194531671	0,049520399	0,674976974
A_23_P120254	-1,410469238	11,21357423	-2,194730657	0,049502952	0,674976974
A_23_P7313	-1,674603589	10,86701726	-2,194793106	0,049497477	0,674976974
A_24_P56130	-1,423638149	16,28187371	-2,195407233	0,049443673	0,674976974
A_24_P402080	-1,185802503	13,3512429	-2,196089992	0,049383921	0,674976974
A_32_P217750	-1,327422098	14,24781513	-2,197832559	0,049231731	0,674976974
A_23_P25974	-1,379019095	13,72302755	-2,198231233	0,049196975	0,674976974
A_23_P50946	-2,558405721	12,17492904	-2,199300768	0,049103848	0,674976974
A_23_P137935	-1,165168078	11,13748829	-2,199671995	0,049071563	0,674976974
A_23_P39076	-1,40308619	11,3113447	-2,200817016	0,048972112	0,674976974
A_21_P0011352	-1,679457291	8,169758591	-2,202647702	0,048813504	0,674976974
A_23_P152995	-2,350456041	8,346970555	-2,203281603	0,048758698	0,674976974
A_23_P15582	-1,482661392	14,37240691	-2,204384168	0,048663511	0,674976974
A_23_P44421	-1,079189829	8,293821812	-2,207262698	0,048415832	0,674976974
A_33_P3415032	-2,489493156	9,079730142	-2,207907788	0,048360491	0,674976974
A_33_P3371089	-1,17720224	10,26960558	-2,209538174	0,048220891	0,674976974
A_23_P331253	-1,302477413	10,2140419	-2,209570493	0,048218128	0,674976974
A_19_P00315668	-1,50263904	9,821325666	-2,210968337	0,048098751	0,674976974
A_33_P3390057	-1,386547976	8,231428337	-2,211044061	0,048092292	0,674976974
A_33_P3405728	-1,193961652	7,762554068	-2,211358638	0,048065469	0,674976974

A_19_P00320602	-1,503078653	10,86037556	-2,211554953	0,048048737	0,674976974
A_33_P3224809	-1,23447785	14,24350656	-2,21167338	0,048038646	0,674976974
A_23_P64721	-1,420768671	8,75448484	-2,211850881	0,048023525	0,674976974
A_23_P168828	-1,373635796	10,0332453	-2,213665624	0,047869194	0,674976974
A_23_P145863	-1,159029792	13,10564827	-2,214137449	0,047829146	0,674976974
A_23_P73239	-2,212674006	8,875987304	-2,214859912	0,047767886	0,674976974
A_33_P3400653	-1,334621813	12,68882732	-2,215915093	0,047678547	0,674976974
A_32_P161994	-1,946912903	8,232738134	-2,217709694	0,04752697	0,674976974
A_21_P0004423	-1,111605291	7,768022107	-2,218943346	0,047423038	0,674976974
A_33_P3341429	-2,472771493	9,904356073	-2,219166253	0,047404282	0,674976974
A_23_P25246	-1,917134064	7,580629007	-2,219859521	0,047345993	0,674976974
A_33_P3219090	-1,187399307	13,79837508	-2,22015236	0,047321392	0,674976974
A_23_P142631	-1,301295792	12,90170353	-2,221086352	0,047243009	0,674976974
A_21_P0012042	-1,112427599	7,876484971	-2,224751531	0,046936614	0,674976974
A_23_P81898	-1,081465228	7,488543595	-2,224872807	0,046926508	0,674976974
A_23_P200489	-1,343777987	9,201097496	-2,226022348	0,046830821	0,674976974
A_33_P3392350	-1,489454316	7,860543825	-2,226446169	0,04679559	0,674976974
A_33_P3220105	-1,207425224	8,231869206	-2,227020456	0,04674789	0,674976974
A_32_P202013	-1,798137365	7,634908888	-2,227997655	0,046666832	0,674976974
A_33_P3621701	-1,331470492	11,42271244	-2,228381949	0,046634991	0,674976974
A_33_P3394075	-1,588471828	9,882657307	-2,228926544	0,046589905	0,674976974
A_23_P11025	-2,022616215	9,10484407	-2,230037933	0,046498023	0,674976974
A_24_P916378	-1,226243714	8,521206341	-2,230131203	0,046490319	0,674976974
A_24_P190472	-1,445168049	7,446377429	-2,230727547	0,046441097	0,674976974
A_33_P3290343	-1,577593901	10,22912125	-2,231163163	0,046405172	0,674976974
A_23_P382705	-1,077946564	7,322965898	-2,231600764	0,04636911	0,674976974
A_24_P228130	-1,722152693	9,365217082	-2,232561933	0,046289996	0,674976974
A_21_P0000160	-1,470432572	7,664053971	-2,233412878	0,046220062	0,674976974
A_23_P200801	-1,134431812	8,304486889	-2,235493415	0,046049499	0,674976974
A_24_P365767	-1,177204076	12,26426311	-2,236332726	0,045980862	0,674976974
A_21_P0005417	-1,389485246	9,17747823	-2,237359886	0,045896996	0,674976974
A_23_P76364	-2,849359394	11,66220954	-2,2376127	0,045876376	0,674976974
A_19_P00806473	-1,266408743	7,52507666	-2,238504458	0,045803715	0,674976974
A_32_P66881	-1,608619608	10,35507201	-2,238822389	0,045777836	0,674976974
A_24_P16124	-1,309779077	13,85738901	-2,240730282	0,045622831	0,674976974
A_23_P420281	-1,494912343	11,19637929	-2,241487014	0,04556149	0,674976974
A_33_P3302255	-1,409275297	15,25324639	-2,241561525	0,045555454	0,674976974
A_23_P5831	-1,567175342	11,57951586	-2,241821297	0,045534418	0,674976974
A_32_P32254	-1,135546445	12,12170977	-2,241938538	0,045524927	0,674976974
A_23_P154306	-1,214746048	11,6686768	-2,244739116	0,045298767	0,674976974
A_23_P367043	-1,517008002	8,11668388	-2,24500954	0,045276985	0,674976974
A_21_P0009290	-1,42717857	7,334566351	-2,246050137	0,045193264	0,674976974
A_23_P204375	-1,314747304	9,552476754	-2,246975596	0,045118931	0,674976974
A_23_P112452	-1,419982725	9,254884091	-2,247144569	0,045105371	0,674976974

A_23_P77117	-1,451594106	9,973245391	-2,247700359	0,045060799	0,674976974
A_24_P81947	-1,632034012	12,79834358	-2,248384652	0,045005978	0,674976974
A_23_P148410	-1,366664975	13,76301527	-2,248671952	0,044982981	0,674976974
A_23_P201808	-2,285796737	8,943115564	-2,249389272	0,044925611	0,674976974
A_23_P374844	-1,480860372	10,59143949	-2,249820975	0,044891118	0,674976974
A_19_P00802257	-1,149621596	10,12786951	-2,251253211	0,044776863	0,674976974
A_24_P254850	-2,004588546	7,848099094	-2,251793353	0,044733846	0,674976974
A_23_P137016	-1,379034467	15,21965794	-2,252327275	0,044691363	0,674976974
A_23_P17706	-1,185034521	13,83214009	-2,253131278	0,044627463	0,674976974
A_23_P420196	-1,298855254	13,03093841	-2,253565341	0,044593001	0,674976974
A_33_P3372004	-1,246400978	9,288999228	-2,256792177	0,044337606	0,674976974
A_21_P0010358	-1,119864616	7,566480342	-2,259246261	0,044144308	0,674976974
A_21_P0009442	-1,055676263	7,338916603	-2,259337943	0,044137102	0,674976974
A_23_P308603	-2,156411623	10,42729236	-2,259591331	0,044117193	0,674976974
A_23_P147025	-1,589255762	13,06782361	-2,260421176	0,04405205	0,674976974
A_32_P46214	-2,163596866	11,18027366	-2,260885124	0,044015671	0,674976974
A_24_P411899	-1,417339387	9,430795084	-2,26098865	0,044007557	0,674976974
A_23_P48596	-1,320459573	11,79827605	-2,261438703	0,0439723	0,674976974
A_33_P3250680	-3,1683262	9,849787614	-2,262102873	0,043920319	0,674976974
A_23_P151133	-2,171264652	8,04681064	-2,264007528	0,043771578	0,674976974
A_23_P131789	-1,421918193	7,623224251	-2,264561067	0,04372844	0,674976974
A_24_P942773	-1,371083751	10,91213843	-2,267216363	0,043522076	0,674976974
A_33_P3217700	-1,953869175	8,427716286	-2,267814532	0,043475717	0,674976974
A_23_P8834	-1,507079837	8,633809126	-2,268644025	0,043411507	0,674976974
A_23_P25155	-1,147876121	8,86389502	-2,270833641	0,043242447	0,674976974
A_33_P3280213	-1,771670941	12,87331366	-2,272299232	0,043129642	0,674976974
A_23_P33683	-1,714739861	10,09663573	-2,272866425	0,043086061	0,674976974
A_23_P209689	-1,275502128	9,941465665	-2,273034987	0,043073117	0,674976974
A_24_P142118	-2,926737514	13,53320505	-2,274928454	0,042927977	0,674976974
A_23_P64173	-1,146071874	11,60334846	-2,275705408	0,042868556	0,674976974
A_23_P103328	-1,389303842	9,608477647	-2,276868909	0,04277972	0,674976974
A_32_P6172	-1,935650185	11,18213353	-2,27724903	0,042750735	0,674976974
A_24_P673786	-1,618076652	13,03104189	-2,277559486	0,042727076	0,674976974
A_24_P26897	-1,481884681	12,45945057	-2,278698879	0,042640354	0,674976974
A_23_P358662	-1,678032348	9,721927059	-2,279467696	0,042581933	0,674976974
A_33_P3251985	-1,295895755	13,71514433	-2,280878858	0,0424749	0,674976974
A_32_P194779	-1,969675223	10,81620933	-2,281353714	0,042438941	0,674976974
A_23_P339818	-1,403504098	11,37777654	-2,281410203	0,042434665	0,674976974
A_33_P3230663	-1,233412957	7,20487385	-2,281925869	0,042395653	0,674976974
A_24_P304051	-2,101968674	14,40875906	-2,282019651	0,042388561	0,674976974
A_21_P0009565	-1,444334327	7,352619839	-2,284391537	0,042209589	0,674976974
A_23_P17430	-2,03455233	10,04135321	-2,284617296	0,042192592	0,674976974
A_33_P3382924	-2,212845974	9,483281225	-2,284783299	0,042180098	0,674976974
A_23_P217384	-1,352526935	12,66218927	-2,286005874	0,042088192	0,674976974

A_23_P434919	-1,195037746	8,413793819	-2,286178795	0,042075208	0,674976974
A_23_P8763	-1,546525157	13,31734901	-2,286441114	0,042055519	0,674976974
A_24_P183150	-2,84967886	10,28385798	-2,288474654	0,041903188	0,674976974
A_23_P129695	-1,126396566	7,430160707	-2,290823905	0,041727864	0,674976974
A_19_P00801279	-1,635579326	8,863408332	-2,292972185	0,041568154	0,674976974
A_23_P206396	-1,269158063	13,44924594	-2,295498722	0,041381074	0,674976974
A_33_P3348288	-1,650798172	10,95659084	-2,297044252	0,041267031	0,674976974
A_23_P59452	-1,094185794	8,01600553	-2,297304264	0,041247875	0,674976974
A_23_P208747	-1,255502421	7,37390026	-2,298035011	0,041194083	0,674976974
A_24_P319923	-2,795784528	11,75545254	-2,299301554	0,041101009	0,674976974
A_33_P3359115	-1,456457423	12,35288199	-2,299305675	0,041100706	0,674976974
A_23_P156445	-1,174004466	7,925886331	-2,301069636	0,040971416	0,674976974
A_33_P3227467	-1,391766137	13,61674015	-2,301233981	0,04095939	0,674976974
A_21_P0007880	-1,595368828	7,474106045	-2,302341947	0,040878403	0,674976974
A_23_P81399	-1,290985786	13,51985811	-2,305078266	0,04067905	0,674976974
A_21_P0012086	-1,934970377	8,252597536	-2,305428573	0,040653596	0,674976974
A_33_P3352103	-1,413362611	9,447617855	-2,305728884	0,040631787	0,674976974
A_33_P3226825	-1,274700772	7,027962857	-2,308543583	0,040427924	0,674976974
A_23_P80473	-1,312088723	11,94582922	-2,308568178	0,040426146	0,674976974
A_33_P3375859	-2,061671798	9,243384867	-2,30952575	0,040357018	0,674976974
A_21_P0009093	-1,671170626	11,53160447	-2,310093762	0,040316067	0,674976974
A_23_P315364	-2,242690219	12,18836537	-2,313084338	0,040101113	0,674976974
A_33_P3371727	-1,361172478	9,739297017	-2,3131641	0,040095395	0,674976974
A_23_P359277	-2,097389844	11,27632234	-2,313825454	0,040048015	0,674976974
A_23_P27306	-1,2280592	7,207457421	-2,316422528	0,039862474	0,674976974
A_23_P90407	-1,526698076	7,639550945	-2,319341555	0,039654918	0,674976974
A_33_P3233906	-2,418900879	9,250035122	-2,319850283	0,039618852	0,674976974
A_23_P165624	-1,206753062	8,47846447	-2,320123676	0,039599482	0,674976974
A_33_P3393801	-1,213196848	7,906433553	-2,32035921	0,039582803	0,674976974
A_23_P351275	-1,496463503	9,282231081	-2,321686948	0,039488903	0,674976974
A_21_P0012398	-1,768608177	10,63460746	-2,324440631	0,039294839	0,674976974
A_23_P364792	-1,833403594	8,186063052	-2,32975934	0,038922599	0,674976974
A_24_P916496	-1,607285923	11,94572385	-2,33003471	0,038903419	0,674976974
A_21_P0014427	-2,235291112	9,48480349	-2,330602528	0,038863899	0,674976974
A_23_P318296	-1,177775919	8,408523042	-2,332636962	0,038722618	0,674976974
A_24_P191588	-1,352730602	12,53199256	-2,333647455	0,038652629	0,674976974
A_21_P0011495	-1,463541956	8,751425397	-2,333955871	0,038631291	0,674976974
A_21_P0004066	-1,724239059	10,08931731	-2,334124395	0,038619637	0,674976974
A_23_P4572	-1,429561533	16,3083856	-2,334244221	0,038611352	0,674976974
A_24_P365901	-1,929246212	11,72956149	-2,335127457	0,038550339	0,674976974
A_21_P0011016	-1,859954547	10,79659316	-2,335735135	0,038508416	0,674976974
A_21_P0005507	-1,321765199	7,564043489	-2,336672915	0,038443804	0,674976974
A_23_P29773	-1,390840634	8,750521167	-2,339630496	0,038240713	0,674976974
A_23_P117506	-1,764113458	11,82175882	-2,343509727	0,0379759	0,674976974

A_19_P00321886	-1,535321553	9,448158246	-2,344827089	0,037886373	0,674976974
A_23_P258944	-1,782007448	11,62365182	-2,347644919	0,037695557	0,674976974
A_33_P3383226	-2,942597665	14,92427838	-2,348212983	0,037657202	0,674976974
A_23_P24616	-1,671921584	10,86159984	-2,348949143	0,037607552	0,674976974
A_33_P3222892	-1,343234645	12,91823092	-2,350758625	0,037485781	0,674976974
A_23_P104199	-1,431847383	10,90872759	-2,351104286	0,037462563	0,674976974
A_23_P47304	-1,456864448	11,68451267	-2,353001072	0,037335401	0,674976974
A_32_P98072	-1,759762679	7,920597093	-2,355493505	0,037168938	0,674976974
A_23_P30283	-1,495516653	9,070267561	-2,356680404	0,03708992	0,674976974
A_24_P176079	-2,469311612	9,573547904	-2,356939986	0,03707266	0,674976974
A_24_P277367	-1,548134806	8,630659932	-2,359301914	0,036915965	0,674976974
A_21_P0013717	-1,202168354	10,30061778	-2,361136832	0,036794674	0,674976974
A_21_P0001959	-1,408459489	7,985726059	-2,361406222	0,036776899	0,674976974
A_24_P143189	-1,54322973	17,62455412	-2,36207507	0,036732804	0,674976974
A_23_P159952	-1,768561714	10,89968232	-2,364890749	0,03654773	0,674976974
A_33_P3368750	-1,195946798	10,03345401	-2,367152779	0,036399699	0,674976974
A_24_P237036	-1,314982836	11,39702101	-2,367995645	0,036344689	0,674976974
A_24_P236799	-1,163871331	11,89917619	-2,36928908	0,036260427	0,674976974
A_23_P87879	-1,600573399	12,1009493	-2,372267084	0,03606714	0,674976974
A_24_P414376	-1,37596901	11,20775351	-2,372367805	0,03606062	0,674976974
A_23_P319617	-1,458675181	8,443210418	-2,372420625	0,036057201	0,674976974
A_23_P167040	-1,21661441	12,60340164	-2,372866404	0,036028361	0,674976974
A_23_P379789	-1,681854207	7,479283282	-2,374832885	0,035901404	0,674976974
A_23_P72668	-1,892381158	12,08668255	-2,375068056	0,03588625	0,674976974
A_33_P3294533	-1,489660163	12,91924794	-2,376053094	0,035822843	0,674976974
A_24_P389608	-1,332925467	8,026696491	-2,38096102	0,03550853	0,674976974
A_23_P104464	-1,420995071	14,441431	-2,382845826	0,035388532	0,674976974
A_23_P75038	-1,776856698	11,72092769	-2,383632897	0,035338539	0,674976974
A_23_P159775	-2,638047222	10,82325696	-2,383936148	0,035319295	0,674976974
A_21_P0001579	-1,553715648	10,46374029	-2,38795307	0,035065341	0,674976974
A_33_P3316456	-1,267900086	9,602854847	-2,390278485	0,034919132	0,674976974
A_24_P98613	-1,344021619	10,66097535	-2,392527901	0,034778263	0,674976974
A_23_P334123	-1,594730614	11,06250194	-2,394104805	0,034679837	0,674976974
A_24_P331830	-1,139407958	7,240592742	-2,396417999	0,034535941	0,674976974
A_23_P320113	-1,24122201	12,13745501	-2,397255092	0,034484011	0,674976974
A_33_P3415820	-2,904303787	11,53522396	-2,39828775	0,034420053	0,674976974
A_23_P130961	-2,206167792	13,77007866	-2,399508236	0,034344609	0,674976974
A_21_P0006594	-2,196509866	8,531006083	-2,39983189	0,034324629	0,674976974
A_23_P111701	-2,226990592	14,13131757	-2,403269428	0,034113116	0,674976974
A_23_P302550	-1,775314605	14,70442095	-2,404871171	0,034014992	0,674976974
A_23_P115366	-1,848957478	9,924711593	-2,406365757	0,033923678	0,674976974
A_33_P3312182	-1,510657523	8,447753254	-2,408140406	0,033815561	0,674976974
A_24_P81900	-1,92462734	10,43418136	-2,408372677	0,033801435	0,674976974
A_24_P23411	-1,470689649	9,479372785	-2,408498656	0,033793776	0,674976974

A_24_P396375	-2,0942553	9,559532281	-2,410597998	0,033666388	0,674976974
A_33_P3310780	-3,551076632	12,27833865	-2,412086655	0,033576338	0,674976974
A_23_P212568	-1,752180739	10,82888046	-2,412971184	0,033522943	0,674976974
A_32_P235796	-1,722084667	9,805744828	-2,41403734	0,033458693	0,674976974
A_23_P157879	-1,159277875	12,72664145	-2,415850233	0,033349716	0,674976974
A_21_P0011877	-1,454025356	8,0902761	-2,416848124	0,033289877	0,674976974
A_32_P169179	-1,310341874	8,49054563	-2,417906592	0,033226519	0,674976974
A_24_P284324	-1,379840393	12,68306982	-2,418632287	0,033183148	0,674976974
A_24_P100368	-1,278992322	9,463823773	-2,418965037	0,033163279	0,674976974
A_24_P41864	-1,428514301	9,110766125	-2,419785552	0,033114336	0,674976974
A_33_P3622802	-1,903982232	10,38579327	-2,420708506	0,033059365	0,674976974
A_24_P197537	-1,747742303	8,424421234	-2,420933768	0,033045962	0,674976974
A_33_P3268567	-1,760318475	13,12039328	-2,421633386	0,033004368	0,674976974
A_33_P3373403	-1,551109119	9,955860755	-2,422044594	0,032979945	0,674976974
A_33_P3304065	-2,244552614	7,647915361	-2,422556348	0,032949574	0,674976974
A_32_P79434	-1,304536577	8,627484863	-2,428042843	0,032625668	0,674976974
A_33_P3350863	-1,52501224	12,63940197	-2,428045714	0,032625499	0,674976974
A_23_P363769	-1,856067938	12,12126867	-2,428692054	0,032587545	0,674976974
A_23_P143173	-1,624984624	9,526580485	-2,429748377	0,032525608	0,674976974
A_33_P3461416	-3,183091527	12,05328473	-2,430821146	0,032462824	0,674976974
A_23_P201628	-1,568509028	9,737871177	-2,431013273	0,032451592	0,674976974
A_23_P52031	-1,578424836	12,79239216	-2,434585404	0,032243447	0,674976974
A_21_P0011015	-1,981220014	11,28823523	-2,435654892	0,032181381	0,674976974
A_33_P3310784	-1,566484609	9,086870945	-2,437800262	0,032057227	0,674976974
A_23_P153320	-1,295699123	10,0655989	-2,439293227	0,031971102	0,674976974
A_33_P3368159	-1,36572383	8,765995877	-2,439717311	0,031946679	0,674976974
A_23_P167005	-1,645874756	10,78141414	-2,440553313	0,031898587	0,674976974
A_21_P0013978	-1,510231178	7,049781904	-2,442113299	0,031809033	0,674976974
A_23_P354074	-1,249340728	10,28801103	-2,442468918	0,031788652	0,674976974
A_21_P0013472	-1,425587612	9,556043054	-2,443402406	0,031735214	0,674976974
A_23_P124252	-1,359627687	9,611474431	-2,4444687938	0,031661765	0,674976974
A_24_P374516	-1,31821414	16,71961394	-2,445866908	0,031594549	0,674976974
A_21_P0003040	-1,169302283	6,857580303	-2,447128725	0,031522764	0,674976974
A_23_P160159	-1,440891513	9,447811246	-2,447201635	0,031518621	0,674976974
A_24_P237270	-1,66432319	7,557893015	-2,449265264	0,031401576	0,674976974
A_23_P143902	-2,010738597	7,485556686	-2,449749524	0,031374171	0,674976974
A_33_P3211604	-1,913042337	15,1256005	-2,450177186	0,031349988	0,674976974
A_23_P56288	-1,722280643	12,0140876	-2,451048296	0,031300786	0,674976974
A_33_P3396370	-3,620696335	12,2613401	-2,452093277	0,031241862	0,674976974
A_23_P151907	-2,779250627	8,665915165	-2,45313906	0,031183001	0,674976974
A_33_P3251871	-2,381470167	10,31526295	-2,454102189	0,031128887	0,674976974
A_33_P3297587	-1,807739703	7,153483526	-2,456571791	0,030990547	0,674976974
A_24_P79403	-2,912226016	16,43035457	-2,456626876	0,030987468	0,674976974
A_23_P145074	-1,253887365	13,23146901	-2,45736604	0,030946183	0,674976974

A_21_P0010823	-1,958483339	7,714766052	-2,459114198	0,030848753	0,674976974
A_23_P84448	-2,96641016	12,39014474	-2,460724305	0,03075928	0,674976974
A_21_P0000792	-1,621915882	12,65622404	-2,462137652	0,03068095	0,674976974
A_23_P256107	-3,582009762	10,84041389	-2,466351098	0,030448581	0,674976974
A_23_P163467	-2,078960863	11,35794708	-2,468544761	0,030328279	0,674976974
A_21_P0014924	-1,313352813	7,847880963	-2,469103502	0,030297711	0,674976974
A_23_P131846	-1,251539238	9,432047515	-2,469188164	0,030293082	0,674976974
A_24_P89891	-1,595257775	9,235694928	-2,470734549	0,030208651	0,674976974
A_23_P207456	-1,478965086	6,824529511	-2,472378139	0,030119163	0,674976974
A_21_P0013520	-2,010956209	9,450703069	-2,472510395	0,030111974	0,674976974
A_23_P152906	-3,913616685	9,418780674	-2,478562327	0,02978476	0,674976974
A_33_P3333317	-1,274783355	10,66224254	-2,479505971	0,029734052	0,674976974
A_24_P253003	-2,240096916	9,129922797	-2,479676671	0,029724888	0,674976974
A_33_P3247320	-1,201740596	8,826022	-2,48025398	0,029693916	0,674976974
A_23_P376557	-1,437817255	12,55119851	-2,480639383	0,029673258	0,674976974
A_23_P102109	-1,88272025	14,00498305	-2,48131453	0,029637101	0,674976974
A_33_P3313055	-1,263906333	8,944519959	-2,481728238	0,029614967	0,674976974
A_23_P215913	-2,077388648	13,96216271	-2,483335447	0,029529131	0,674976974
A_23_P53039	-1,551601975	8,020159075	-2,487336729	0,029316484	0,674976974
A_23_P23048	-1,296558185	12,8149033	-2,487885487	0,029287437	0,674976974
A_23_P41114	-2,077040118	10,22787428	-2,488201427	0,029270727	0,674976974
A_23_P50907	-1,646458667	10,11216111	-2,489341314	0,029210513	0,674976974
A_24_P910297	-1,297161875	10,0146172	-2,489651995	0,029194122	0,674976974
A_23_P205489	-1,64001543	10,09614202	-2,490588195	0,029144785	0,674976974
A_23_P259314	-3,792750189	10,73418008	-2,492093023	0,029065652	0,674976974
A_23_P121596	-3,52791985	15,25536096	-2,49249154	0,02904473	0,674976974
A_33_P3273884	-2,131580669	10,54498692	-2,49438673	0,028945437	0,674976974
A_32_P212373	-1,285633909	11,89275945	-2,496232156	0,028849068	0,674976974
A_33_P3219105	-1,648894529	12,5920039	-2,49628235	0,028846451	0,674976974
A_19_P00322407	-1,391487044	8,997965256	-2,497013627	0,028808354	0,674976974
A_33_P3394140	-1,259793847	8,348182968	-2,501666525	0,028567095	0,674976974
A_21_P0006573	-2,050155426	7,764267341	-2,502245249	0,028537226	0,674976974
A_32_P14610	-1,436286121	12,33580143	-2,506359374	0,02832576	0,674976974
A_33_P3413558	-2,920069454	9,028942712	-2,507694365	0,028257471	0,674976974
A_23_P38795	-1,489740655	13,72057611	-2,507777479	0,028253225	0,674976974
A_23_P118061	-1,630225238	13,32311141	-2,508122967	0,02823558	0,674976974
A_21_P0008800	-1,596378397	7,480973136	-2,510187368	0,028130374	0,674976974
A_33_P3406090	-1,563510245	9,608653198	-2,511409206	0,028068287	0,674976974
A_21_P0010459	-1,439749018	8,998988066	-2,517440267	0,027763774	0,674976974
A_33_P3416321	-1,67585745	11,76403173	-2,518093974	0,027730962	0,674976974
A_33_P3387352	-1,588590203	7,462844258	-2,522912338	0,027490275	0,674976974
A_32_P87013	-2,422133443	8,570450261	-2,526176305	0,027328392	0,674976974
A_33_P3418597	-2,305746412	10,08717712	-2,528610583	0,027208266	0,674976974
A_33_P3293049	-2,02936744	12,64954608	-2,531587114	0,027062081	0,674976974

A_23_P45011	-1,335938837	7,306586251	-2,533475812	0,02696972	0,674976974
A_21_P0001109	-1,375537184	7,197706481	-2,533729832	0,026957322	0,674976974
A_24_P115651	-1,718082987	7,39583971	-2,537734555	0,026762589	0,674976974
A_23_P212354	-2,009316632	12,02220767	-2,538632208	0,026719128	0,674976974
A_23_P251937	-1,73306559	10,13768056	-2,540034164	0,02665139	0,674976974
A_23_P72989	-2,156233538	7,744567439	-2,541697423	0,026571244	0,674976974
A_21_P0013996	-2,627769243	8,790840037	-2,541759922	0,026568237	0,674976974
A_33_P3230269	-1,289668909	7,583529302	-2,54240514	0,026537213	0,674976974
A_21_P0013589	-1,207794847	8,545370668	-2,542418178	0,026536586	0,674976974
A_23_P386310	-1,623522976	9,746030704	-2,544165407	0,026452755	0,674976974
A_33_P3718269	-2,003415105	10,48468099	-2,547844427	0,026277081	0,674976974
A_21_P0011875	-1,579205574	7,633665129	-2,548646487	0,026238935	0,674976974
A_32_P178966	-1,487688178	10,61817138	-2,551718389	0,026093332	0,674976974
A_21_P0014908	-1,52103987	9,435624853	-2,553357694	0,026015956	0,674976974
A_23_P324885	-1,301020688	8,339183455	-2,554507601	0,025961814	0,674976974
A_24_P130936	-1,563930903	9,205231577	-2,554734965	0,025951121	0,674976974
A_23_P89941	-1,760611056	15,48237147	-2,554783466	0,025948841	0,674976974
A_23_P167983	-2,264943634	10,66024127	-2,556198437	0,025882402	0,674976974
A_32_P77102	-2,233005611	7,944624846	-2,556418749	0,025872073	0,674976974
A_23_P74609	-1,450879324	9,395425004	-2,558153676	0,025790869	0,674976974
A_24_P393740	-1,72739905	12,48460104	-2,559044221	0,025749284	0,674976974
A_23_P20275	-1,423617037	12,12311478	-2,559628797	0,025722022	0,674976974
A_23_P145238	-1,687433324	13,82075941	-2,561238592	0,025647094	0,674976974
A_24_P418044	-1,955417115	15,35490197	-2,56256829	0,025585365	0,674976974
A_24_P137897	-1,572190437	10,52435567	-2,564891371	0,025477868	0,674976974
A_24_P228550	-3,380760166	11,14887752	-2,565695633	0,025440755	0,674976974
A_24_P410797	-3,354849894	11,56898617	-2,566200352	0,025417492	0,674976974
A_21_P0011723	-1,231800581	8,866113748	-2,567106719	0,025375768	0,674976974
A_33_P3401647	-2,021651359	10,14351887	-2,568796607	0,025298155	0,674976974
A_23_P62920	-2,212262289	12,39967846	-2,570320095	0,025228383	0,674976974
A_19_P00806098	-2,5194813	11,36787787	-2,57067275	0,025212259	0,674976974
A_23_P95851	-1,680677962	7,733733508	-2,572127804	0,025145839	0,674976974
A_23_P154585	-1,701491602	9,665827303	-2,572586346	0,025124943	0,674976974
A_33_P3247042	-1,35671574	11,00272887	-2,572677662	0,025120784	0,674976974
A_23_P110531	-1,417703428	10,96943528	-2,572783835	0,025115948	0,674976974
A_23_P360964	-1,368126507	8,672045361	-2,577270781	0,024912443	0,674976974
A_23_P101407	-1,307876008	8,133952806	-2,584895662	0,024570316	0,674976974
A_33_P3371718	-1,607281216	14,17464139	-2,58721613	0,024467114	0,674976974
A_23_P168882	-1,494674803	11,29806902	-2,589373179	0,02437156	0,674976974
A_23_P3532	-1,405493076	10,33739604	-2,591616751	0,024272563	0,674976974
A_23_P422083	-1,78780862	11,8164044	-2,593888793	0,024172711	0,674976974
A_23_P426663	-1,294769748	9,740535072	-2,594810425	0,024132322	0,674976974
A_23_P213678	-1,633587696	12,27915242	-2,598042417	0,023991207	0,674976974
A_21_P0014081	-2,029320208	7,566061216	-2,598508004	0,023970945	0,674976974

A_21_P0000597	-1,566065347	8,265666508	-2,599971309	0,023907374	0,674976974
A_24_P339944	-2,059325687	8,336916642	-2,601535712	0,023839593	0,674976974
A_23_P100056	-1,899579813	8,921454894	-2,601772131	0,023829367	0,674976974
A_33_P3415445	-1,377571304	8,752308716	-2,608696311	0,023531747	0,674976974
A_23_P97141	-1,909826861	8,299883457	-2,61034538	0,023461405	0,674976974
A_23_P306941	-1,437662429	11,50981828	-2,611138862	0,023427633	0,674976974
A_21_P0006591	-2,044580189	7,406077967	-2,614235717	0,023296279	0,674976974
A_23_P160849	-1,544479096	15,33010199	-2,616738316	0,023190658	0,674976974
A_33_P3321432	-1,475294836	8,882616826	-2,618037724	0,023136004	0,674976974
A_19_P00315452	-3,02020701	12,19769915	-2,618177314	0,02313014	0,674976974
A_23_P119478	-1,285560431	7,942831507	-2,618998962	0,023095654	0,674976974
A_33_P3372666	-2,441159944	8,553678312	-2,620413579	0,023036399	0,674976974
A_32_P47754	-1,954403356	14,220337	-2,622254868	0,022959495	0,674976974
A_33_P3338166	-1,813482854	8,961084453	-2,622846003	0,02293486	0,674976974
A_23_P380240	-2,044976936	9,628223256	-2,623235768	0,02291863	0,674976974
A_23_P92730	-1,881341125	7,405450716	-2,623720238	0,022898473	0,674976974
A_23_P324384	-3,963935699	10,51554681	-2,624453882	0,022867981	0,674976974
A_33_P3508822	-1,637797721	11,67552912	-2,624658838	0,02285947	0,674976974
A_19_P00321743	-3,146949431	11,37249727	-2,626056235	0,022801524	0,674976974
A_33_P3272628	-1,451595817	9,274095199	-2,627495615	0,022741987	0,674976974
A_23_P219197	-2,46528168	11,73931911	-2,627816476	0,022728736	0,674976974
A_23_P149975	-1,376706756	12,92654962	-2,627924877	0,022724261	0,674976974
A_23_P58266	-1,659641604	14,42025665	-2,628571921	0,022697568	0,674976974
A_32_P133840	-1,928898219	9,526599389	-2,628717778	0,022691555	0,674976974
A_33_P3232688	-1,237206439	11,65392676	-2,630304095	0,022626261	0,674976974
A_23_P129144	-1,321972825	7,336876941	-2,632314429	0,022543778	0,674976974
A_23_P148629	-2,024060662	11,7204634	-2,633751576	0,022484995	0,674976974
A_33_P3330952	-1,657950777	11,94167493	-2,636597318	0,02236904	0,674976974
A_23_P351837	-1,34885235	8,652844431	-2,636993178	0,022352956	0,674976974
A_23_P214766	-1,417012313	9,169715842	-2,638463078	0,022293335	0,674976974
A_33_P3267799	-1,566331377	8,916317531	-2,640009647	0,022230773	0,674976974
A_32_P101031	-1,503948752	8,851094016	-2,641247253	0,022180833	0,674976974
A_24_P388528	-2,080804482	12,7832894	-2,643249397	0,022100277	0,674976974
A_33_P3275722	-2,743797241	11,18676026	-2,647015285	0,021949536	0,674976974
A_23_P166677	-1,559405255	14,89345565	-2,6522343	0,0217423	0,674976974
A_33_P3260223	-2,954089421	9,775134918	-2,653186312	0,021704705	0,674976974
A_23_P210176	-2,778373179	10,69553839	-2,654023782	0,021671687	0,674976974
A_23_P208788	-2,884822101	12,04184382	-2,654623562	0,021648071	0,674976974
A_23_P360769	-1,623278594	9,272076954	-2,656720674	0,021565695	0,674976974
A_33_P3378514	-3,92195236	11,6158152	-2,658834786	0,021482965	0,674976974
A_23_P19673	-1,328731648	11,27250513	-2,660817729	0,021405651	0,674976974
A_33_P3341234	-1,482487415	11,99444868	-2,662135588	0,02135442	0,674976974
A_24_P10137	-3,180582352	12,23534841	-2,662634557	0,021335055	0,674976974
A_33_P3421515	-1,650797765	15,96868705	-2,662784169	0,021329251	0,674976974

A_33_P3446495	-2,822523743	10,75839986	-2,662905841	0,021324533	0,674976974
A_23_P150018	-1,397942509	8,614576108	-2,663493176	0,021301771	0,674976974
A_24_P303480	-1,520093466	12,26989941	-2,664814036	0,021250669	0,674976974
A_23_P2661	-1,892960632	15,7526492	-2,665742609	0,021214817	0,674976974
A_33_P3409477	-2,137607198	8,921554558	-2,666480321	0,021186376	0,674976974
A_33_P3242623	-1,328275771	11,73990985	-2,670096184	0,021047516	0,674976974
A_23_P109143	-1,703112831	13,92522895	-2,670266334	0,021041004	0,674976974
A_33_P3281191	-1,942639961	9,896513547	-2,671125852	0,021008138	0,674976974
A_21_P0012252	-1,265466432	8,094203951	-2,67643546	0,020806231	0,674976974
A_23_P376488	-1,475368227	10,14339196	-2,676956453	0,020786523	0,674976974
A_21_P0001238	-1,389439969	11,52967523	-2,677512132	0,020765523	0,674976974
A_33_P3391418	-3,133510073	9,035687166	-2,677594018	0,02076243	0,674976974
A_23_P99642	-1,449606994	8,003176348	-2,681052682	0,020632209	0,674976974
A_21_P0010947	-2,213072879	9,883405569	-2,682819342	0,020566004	0,674976974
A_33_P3330264	-2,792464264	10,01666639	-2,683398351	0,020544352	0,674976974
A_23_P392222	-1,919720716	10,97877022	-2,684184278	0,020514997	0,674976974
A_32_P196142	-3,073545461	12,17540208	-2,687476622	0,020392477	0,674976974
A_32_P128391	-1,484646893	8,996810729	-2,688396108	0,020358389	0,674976974
A_33_P3423551	-1,51115245	11,40906415	-2,692926617	0,020191248	0,674976974
A_23_P203558	-2,340311749	16,83446759	-2,696234258	0,020070077	0,674976974
A_33_P3215803	-1,487872232	9,251597718	-2,696313273	0,020067191	0,674976974
A_21_P0013078	-1,907272741	16,20049344	-2,703320091	0,019812908	0,674976974
A_23_P99360	-1,858801619	10,65376243	-2,704005343	0,019788211	0,674976974
A_23_P74278	-1,366377776	8,616003947	-2,704327069	0,019776627	0,674976974
A_21_P0002805	-1,866905367	9,917846516	-2,704859497	0,01975747	0,674976974
A_21_P0011315	-2,441986061	13,75309452	-2,70516363	0,019746535	0,674976974
A_33_P3388501	-1,392939139	9,164275094	-2,708137518	0,019639928	0,674976974
A_23_P160336	-2,408987703	8,081818211	-2,709455844	0,019592852	0,674976974
A_24_P130363	-2,098563413	10,00819175	-2,712349623	0,019489907	0,674976974
A_24_P753476	-2,332458521	9,957731464	-2,722741948	0,019124591	0,674976974
A_24_P497318	-1,998020257	7,968244432	-2,724188405	0,019074284	0,674976974
A_23_P156970	-2,709726434	11,21633136	-2,724800583	0,019053032	0,674976974
A_33_P3231447	-2,680470914	9,468790758	-2,726381358	0,018998264	0,674976974
A_23_P160546	-2,045640516	14,26929353	-2,730679755	0,018850125	0,674976974
A_33_P3887888	-2,325562103	7,857403978	-2,73283722	0,018776202	0,674976974
A_24_P219474	-2,013146756	8,176596727	-2,734647502	0,018714396	0,674976974
A_23_P18078	-1,516448867	9,393487636	-2,734960425	0,018703732	0,674976974
A_23_P62642	-1,972313981	8,47171033	-2,74217593	0,018459514	0,674976974
A_24_P157926	-1,861135838	10,38332697	-2,744667692	0,018375913	0,674976974
A_23_P897	-2,648157654	8,024886991	-2,745790863	0,018338352	0,674976974
A_33_P3275070	-2,783517184	7,851360626	-2,746982202	0,018298594	0,674976974
A_23_P7684	-1,671418947	8,235865548	-2,748861805	0,018236041	0,674976974
A_23_P106002	-2,012580161	14,93573386	-2,750798475	0,01817181	0,674976974
A_23_P206760	-1,407120626	12,47118571	-2,752010394	0,01813173	0,674976974

A_33_P3337019	-2,19496842	10,25376868	-2,752360859	0,018120155	0,674976974
A_24_P30923	-2,74745529	10,21865296	-2,757916676	0,017937649	0,674976974
A_21_P0000547	-1,375482723	9,184334589	-2,758466602	0,017919683	0,674976974
A_24_P160104	-2,735962145	14,02136145	-2,759913904	0,017872486	0,674976974
A_23_P217109	-1,593080363	10,75178614	-2,760942549	0,017839017	0,674976974
A_23_P128598	-2,455413838	9,611137162	-2,762758609	0,017780079	0,674976974
A_23_P88559	-2,540776751	9,439660323	-2,76708946	0,017640303	0,674976974
A_23_P115608	-2,351045968	9,835930444	-2,768741696	0,017587265	0,674976974
A_21_P0004566	-1,40420816	7,740598905	-2,771400058	0,017502262	0,674976974
A_23_P72117	-1,876023289	8,739926664	-2,77284462	0,017456242	0,674976974
A_24_P215240	-2,251926278	7,545459283	-2,773132278	0,017447093	0,674976974
A_23_P11201	-1,455866412	10,41981522	-2,773943846	0,017421304	0,674976974
A_33_P3421728	-2,467876633	9,602346652	-2,775633566	0,017367733	0,674976974
A_23_P416581	-3,59262984	12,6854774	-2,775906887	0,017359083	0,674976974
A_24_P71468	-1,790011607	9,572886591	-2,777621572	0,017304914	0,674976974
A_23_P128919	-1,570185527	13,27927411	-2,778417787	0,017279817	0,674976974
A_23_P328740	-2,119787186	7,241031041	-2,780910974	0,017201466	0,674976974
A_33_P3390172	-1,527142238	8,77377075	-2,78259702	0,01714868	0,674976974
A_21_P0007684	-1,335863294	7,282737549	-2,783123736	0,017132223	0,674976974
A_24_P236251	-2,347703395	9,423684727	-2,787164121	0,017006501	0,674976974
A_23_P415401	-2,887383522	11,27223663	-2,787674933	0,016990671	0,674976974
A_21_P0011867	-1,707137432	10,93104898	-2,78917313	0,016944329	0,674976974
A_21_P0001239	-1,45633607	11,45000104	-2,789498021	0,016934296	0,674976974
A_33_P3236065	-4,134115458	12,48397323	-2,790002907	0,016918716	0,674976974
A_32_P19840	-1,816813498	12,03909539	-2,791238328	0,016880653	0,674976974
A_23_P431388	-2,81426109	8,812458955	-2,791865526	0,016861362	0,674976974
A_33_P3243230	-1,781404485	8,342625175	-2,793666948	0,016806076	0,674976974
A_23_P10232	-2,197187313	10,07438645	-2,797881463	0,016677434	0,674976974
A_33_P3403851	-1,375177048	8,715637894	-2,79813662	0,016669677	0,674976974
A_23_P150457	-1,565677974	7,248609235	-2,800429208	0,016600142	0,674976974
A_33_P3323298	-1,429556727	8,133563205	-2,801971019	0,016553541	0,674976974
A_23_P393620	-1,644499707	7,573808181	-2,806078466	0,016430025	0,674976974
A_33_P3412087	-1,9545008	9,326426298	-2,809866767	0,016316918	0,674976974
A_23_P17345	-1,369633769	10,14594062	-2,817854453	0,01608096	0,674976974
A_23_P339240	-1,924127122	8,824091942	-2,826259527	0,015836333	0,674976974
A_23_P166	-2,683227066	11,15862269	-2,832388648	0,015660284	0,674976974
A_32_P60065	-3,047778214	10,07064611	-2,832874754	0,015646405	0,674976974
A_33_P3271111	-1,74527827	14,72304575	-2,834165017	0,015609625	0,674976974
A_33_P3389653	-1,561553414	10,06361399	-2,838317288	0,015491845	0,674976974
A_23_P157007	-1,452953915	11,27721349	-2,842139174	0,015384218	0,674976974
A_33_P3236071	-4,197432339	11,15444489	-2,848317514	0,015211803	0,674976974
A_24_P915692	-1,825944898	8,50218219	-2,851408425	0,01512627	0,674976974
A_23_P3221	-1,490182413	13,6051691	-2,85240177	0,015098884	0,674976974
A_32_P69368	-1,688825728	11,57054144	-2,854899217	0,015030248	0,674976974

A_33_P3280694	-2,226495028	9,456165253	-2,859854588	0,01489498	0,674976974
A_24_P90097	-2,109372821	11,82303718	-2,860123458	0,014887675	0,674976974
A_33_P3421827	-1,779815826	9,705792344	-2,866925	0,014704074	0,674976974
A_23_P42257	-1,561811689	12,9122238	-2,867250778	0,014695337	0,674976974
A_23_P408285	-2,050861797	11,20807876	-2,869668673	0,014630651	0,674976974
A_21_P0014744	-2,313205356	8,743687039	-2,871715947	0,014576103	0,674976974
A_24_P13083	-2,970236036	8,478465056	-2,871994834	0,014568688	0,674976974
A_23_P119196	-1,63524395	12,51982508	-2,87260216	0,014552553	0,674976974
A_23_P97860	-1,623377782	13,71190136	-2,87565886	0,014471617	0,674976974
A_33_P3734378	-2,844814118	8,152795031	-2,877898875	0,01441259	0,674976974
A_24_P237511	-2,287761698	8,350406465	-2,88047602	0,014344976	0,674976974
A_23_P124108	-1,712745201	12,55031069	-2,885318657	0,01421878	0,674976974
A_23_P131825	-2,000639303	9,019647071	-2,88663054	0,014184784	0,674976974
A_33_P3214334	-3,856141297	10,59300836	-2,886909422	0,014177567	0,674976974
A_24_P137522	-1,594752208	9,585408841	-2,888250326	0,014142921	0,674976974
A_24_P381604	-1,76892947	12,03563928	-2,889626504	0,01410745	0,674976974
A_24_P766716	-1,674158668	10,10866272	-2,90339589	0,013757403	0,674976974
A_33_P3369799	-3,45817082	9,726206661	-2,910050104	0,013591359	0,674976974
A_23_P8906	-2,59100338	11,37743921	-2,922041187	0,013297181	0,674976974
A_33_P3379947	-1,552043165	15,81762986	-2,927448489	0,013166612	0,674976974
A_23_P207564	-2,076002504	10,60560907	-2,931403571	0,013071922	0,674976974
A_23_P55518	-1,84386241	9,483462295	-2,93490746	0,012988603	0,674976974
A_24_P96961	-2,196817794	10,69303866	-2,934993946	0,012986554	0,674976974
A_33_P3417626	-1,689627104	8,353506814	-2,937891983	0,012918053	0,674976974
A_23_P164047	-1,780163608	11,71272129	-2,94428848	0,012768137	0,674976974
A_23_P50508	-3,265536429	10,45383924	-2,957800798	0,012457143	0,674976974
A_33_P3252394	-1,86468408	11,54123306	-2,966865472	0,012252774	0,674976974
A_33_P3280521	-2,971754552	11,85977689	-2,967805581	0,012231772	0,674976974
A_23_P1083	-2,954768489	9,876226616	-2,971192989	0,012156395	0,674976974
A_24_P921321	-2,821425109	11,29716827	-2,976034234	0,012049474	0,674976974
A_23_P92499	-1,407248077	11,24741434	-2,995416218	0,01163077	0,674976974
A_21_P0011413	-1,70286933	8,224948623	-2,995970549	0,011619012	0,674976974
A_33_P3354607	-2,377836051	10,48224465	-2,997846763	0,011579303	0,674976974
A_33_P3303372	-2,520034675	9,113373168	-2,997951189	0,011577097	0,674976974
A_33_P3223958	-2,637871182	9,319149958	-2,998722557	0,011560814	0,674976974
A_23_P252082	-1,607046581	9,904709741	-3,009539367	0,011334888	0,674976974
A_33_P3298024	-2,608881336	10,1245248	-3,013536058	0,011252535	0,674976974
A_33_P3367361	-1,592745945	11,58914971	-3,015293838	0,011216507	0,674976974
A_23_P40956	-1,58501108	10,08703429	-3,015496265	0,011212365	0,674976974
A_33_P3423270	-3,840222195	10,09803804	-3,022309622	0,011073855	0,674976974
A_32_P189781	-1,911365678	8,078903839	-3,024611522	0,011027449	0,674976974
A_24_P268676	-1,598934576	11,5119676	-3,026558308	0,010988354	0,674976974
A_21_P0006982	-1,91434803	8,284413663	-3,027496912	0,010969555	0,674976974
A_23_P150768	-1,689470532	9,792522119	-3,033807085	0,010844006	0,674976974

A_23_P101434	-1,795101806	10,62965121	-3,036279127	0,010795216	0,674976974
A_33_P3290709	-2,645401849	8,00330818	-3,038293302	0,010755626	0,674976974
A_23_P416894	-2,104114242	10,00437754	-3,040354053	0,010715271	0,674976974
A_33_P3369844	-1,690379856	12,11869367	-3,046649947	0,010592921	0,674976974
A_23_P410115	-1,48583721	7,450293936	-3,05887191	0,010359403	0,674976974
A_23_P46315	-2,890614831	10,11848243	-3,062801187	0,010285434	0,674976974
A_24_P226008	-1,825427168	12,64798966	-3,072838018	0,010098891	0,674976974
A_24_P189533	-3,31734861	11,96487703	-3,073091012	0,010094233	0,674976974
A_33_P3311403	-3,460740279	11,25205665	-3,088379895	0,009816727	0,674976974
A_33_P3285540	-3,668577686	9,338235667	-3,09552901	0,009689613	0,674976974
A_23_P389118	-3,035724851	12,08280222	-3,100342366	0,009604964	0,674976974
A_33_P3424800	-1,625516474	15,85606198	-3,10807606	0,009470516	0,674976974
A_33_P3328254	-1,627265104	10,87066154	-3,108964523	0,009455192	0,674976974
A_23_P210425	-1,804531325	8,812334205	-3,109686175	0,009442763	0,674976974
A_23_P325155	-1,548801333	7,735856284	-3,109899685	0,00943909	0,674976974
A_33_P3281795	-1,957313113	12,17269474	-3,12127978	0,00924534	0,674976974
A_23_P250164	-3,421749248	12,19659569	-3,123865434	0,00920188	0,674976974
A_24_P286114	-1,618141083	9,476448083	-3,126910386	0,009150965	0,674976974
A_24_P379750	-1,941101139	13,27799706	-3,146103617	0,008836506	0,674976974
A_23_P68601	-1,619791733	12,77482019	-3,153374039	0,008720257	0,674976974
A_33_P3352970	-2,989792894	9,414561933	-3,15588851	0,008680412	0,674976974
A_23_P98350	-2,270598846	11,73984299	-3,160608742	0,008606111	0,674976974
A_24_P142305	-2,338662805	11,57542805	-3,163179149	0,00856592	0,674976974
A_21_P0010979	-2,670509796	9,061342799	-3,165527948	0,008529361	0,674976974
A_33_P3289236	-1,683816313	11,09268788	-3,167136078	0,008504421	0,674976974
A_23_P330561	-1,762719085	11,45539613	-3,167176727	0,008503791	0,674976974
A_33_P3370404	-2,193912178	11,51023752	-3,168986067	0,008475821	0,674976974
A_33_P3326553	-1,616385111	11,45788271	-3,172361992	0,008423881	0,674976974
A_23_P12884	-2,272658944	11,55982765	-3,179609042	0,008313467	0,674976974
A_23_P157875	-1,518589736	10,77095848	-3,18052909	0,008299554	0,674976974
A_33_P3332955	-4,513731461	13,00608266	-3,195789787	0,00807219	0,674976974
A_24_P148750	-4,0611117	11,55048107	-3,199369519	0,008019775	0,674976974
A_23_P44155	-1,86184683	9,441119191	-3,209798236	0,00786903	0,674976974
A_33_P3379967	-1,689840788	9,102647286	-3,209835708	0,007868493	0,674976974
A_19_P00809076	-2,095718664	10,38969424	-3,223880512	0,007670013	0,674976974
A_23_P89431	-1,757582071	12,27934877	-3,224233382	0,007665092	0,674976974
A_23_P138262	-1,993799225	8,459756554	-3,247761008	0,007344099	0,674976974
A_23_P127948	-1,618485219	10,30663615	-3,256001706	0,007234918	0,674976974
A_33_P3229918	-4,558493014	11,15984264	-3,268456802	0,007073016	0,674976974
A_23_P51936	-1,820651757	8,345135343	-3,270571109	0,007045899	0,674976974
A_24_P76675	-2,253670682	8,784352065	-3,274380669	0,006997306	0,674976974
A_23_P217845	-2,402435101	8,38886065	-3,290906835	0,006790411	0,674976974
A_32_P74409	-2,374177071	9,389453929	-3,294950223	0,006740743	0,674976974
A_23_P360804	-3,22331588	10,92374638	-3,296262005	0,006724709	0,674976974

A_24_P222655	-1,804938704	9,139325591	-3,296988487	0,006715846	0,674976974
A_23_P8913	-2,423267971	11,86235573	-3,297611995	0,006708248	0,674976974
A_23_P137238	-3,405224338	9,87586663	-3,297865185	0,006705166	0,674976974
A_23_P369899	-2,453922758	8,704581898	-3,326594586	0,006364557	0,674976974
A_33_P3256793	-1,581298995	8,603377078	-3,357539415	0,006017312	0,674976974
A_33_P3224331	-3,732370499	9,843954587	-3,359300301	0,005998142	0,674976974
A_23_P94533	-1,879902161	10,89050363	-3,399518352	0,005576825	0,674976974
A_23_P24948	-2,486095237	11,4726574	-3,40472628	0,005524517	0,674976974
A_33_P3381777	-4,132084255	9,269523981	-3,421571333	0,005358726	0,674976974
A_24_P12397	-1,654322877	7,749538127	-3,435837629	0,005222288	0,674976974
A_23_P54116	-2,909709997	10,26098003	-3,446059363	0,005126713	0,674976974
A_19_P00323454	-2,078486562	9,379164259	-3,459834142	0,005000734	0,674976974
A_23_P434809	-1,712479576	14,93182646	-3,460074743	0,004998562	0,674976974
A_23_P47466	-1,927926763	14,27383472	-3,460212219	0,004997321	0,674976974
A_23_P47665	-1,790423722	8,211829894	-3,512565364	0,00454698	0,674976974
A_33_P3332156	-1,830620382	7,431594045	-3,523771533	0,004456101	0,674976974
A_23_P26024	-1,850427233	8,736941698	-3,53546165	0,004363277	0,674976974
A_23_P380208	-2,545511019	8,234602748	-3,610792923	0,003810751	0,674976974
A_23_P214950	-2,100777021	8,655295738	-3,64621689	0,003576255	0,674976974
A_23_P50146	-1,822686403	10,23441326	-3,647325354	0,003569161	0,674976974
A_23_P154849	-2,190265083	11,82168946	-3,649185561	0,003557288	0,674976974
A_23_P109034	-2,708005164	9,766668491	-3,687192778	0,003323393	0,674976974
A_23_P66881	-2,090633016	9,156539933	-3,709850731	0,003191534	0,674976974
A_23_P97112	-2,119792929	7,44918131	-3,737754781	0,003036506	0,674976974
A_21_P0014093	-2,554285099	10,91237067	-3,763858221	0,002898497	0,674976974
A_24_P63347	-4,068792851	8,908848279	-3,788776533	0,002772776	0,674976974
A_23_P152002	-1,975160457	9,23310382	-3,796800816	0,002733498	0,674976974
A_24_P289709	-1,879515408	9,204798497	-3,824089041	0,002604164	0,674976974
A_23_P138194	-1,984824074	11,60653982	-3,836120586	0,00254916	0,674976974
A_23_P7144	-3,684477327	10,33671539	-3,838554426	0,00253818	0,674976974
A_23_P133293	-2,025446584	10,59931044	-3,851545991	0,002480391	0,674976974
A_23_P207507	-4,109754949	10,22314968	-3,859636295	0,002445091	0,674976974
A_23_P152838	-2,979511006	11,83467043	-3,89085174	0,00231368	0,674976974
A_23_P131785	-2,710935321	9,390398731	-3,931112672	0,002154886	0,674976974
A_23_P139198	-2,286917658	11,82192298	-3,97660866	0,001988932	0,674976974
A_23_P84219	-2,520664767	8,111725768	-3,989835256	0,001943211	0,674976974
A_23_P210330	-4,639816424	12,93767083	-4,011154475	0,001871793	0,674976974
A_33_P3514487	-2,274614017	10,54958056	-4,045274821	0,001763099	0,674976974
A_23_P75786	-1,93353998	9,891258044	-4,063909662	0,001706519	0,674976974
A_23_P34915	-2,561420502	11,3770573	-4,065279171	0,001702436	0,674976974
A_23_P119222	-2,096705647	10,40279272	-4,094468862	0,001617776	0,674976974
A_23_P137665	-2,638714478	9,605957822	-4,123552711	0,00153776	0,674976974
A_23_P320578	-3,499803964	10,36303533	-4,152423876	0,001462386	0,674976974
A_23_P150316	-2,168032991	9,013037843	-4,152719752	0,001461634	0,674976974

A_23_P17844	-2,132120325	8,298047232	-4,298256406	0,001136256	0,674976974
A_21_P0009566	-0,910597365	6,861499023	-1,769515177	0,103259791	0,675886629
A_32_P209960	1,203966837	11,51904843	1,769195604	0,103315195	0,675933647
A_23_P205778	-1,93437457	10,46412623	-1,7689208	0,103362859	0,675933647
A_23_P105730	-1,264791732	10,34444171	-1,768252779	0,103478807	0,676064733
A_32_P152437	-1,017850104	12,26595608	-1,768310221	0,103468832	0,676064733
A_33_P3267502	1,053098231	10,89378982	1,766764103	0,103737616	0,676231556
A_23_P91015	1,142271799	8,719540815	1,766726531	0,103744156	0,676231556
A_23_P217475	-0,938533853	11,41670278	-1,767100276	0,103679121	0,676231556
A_33_P3319967	-0,839918501	6,760270007	-1,767204279	0,10366103	0,676231556
A_33_P3257973	-0,889379663	11,19072329	-1,767775724	0,10356168	0,676231556
A_23_P79488	-1,051946349	8,864682936	-1,766116796	0,103850334	0,67661084
A_19_P00321439	-0,970254018	7,943524622	-1,765836287	0,103899214	0,676616638
A_21_P0000380	0,995198347	7,975834816	1,76520654	0,104009026	0,676703102
A_33_P3287502	0,924731729	11,36108978	1,764937036	0,104056053	0,676703102
A_24_P360269	-0,836667065	12,75696519	-1,764934583	0,104056481	0,676703102
A_19_P00320927	-1,016401523	9,27782948	-1,764319848	0,10416382	0,677088844
A_23_P8139	0,907261741	8,686991606	1,762718121	0,104443967	0,677287932
A_32_P170547	0,85378751	6,724774632	1,762419717	0,104496234	0,677287932
A_33_P3355040	0,84130305	8,272873004	1,762339881	0,104510221	0,677287932
A_33_P3220202	0,919488625	12,63352488	1,761832205	0,104599207	0,677287932
A_23_P118615	1,067388884	6,713107308	1,759634247	0,104985255	0,677287932
A_32_P93149	1,02534918	6,874575021	1,759184476	0,105064411	0,677287932
A_21_P0011889	1,025656006	7,986319181	1,758336072	0,105213868	0,677287932
A_33_P3245937	0,883936524	6,899234268	1,758164777	0,105244067	0,677287932
A_24_P368544	0,84341763	7,670734491	1,757573183	0,105348423	0,677287932
A_33_P3316505	1,920482584	9,849888586	1,757540372	0,105354214	0,677287932
A_23_P104651	0,959420787	13,45513962	1,757522924	0,105357293	0,677287932
A_33_P3317406	0,903336204	14,56272218	1,756215801	0,105588216	0,677287932
A_21_P0006580	0,907602991	8,388758305	1,755937541	0,105637433	0,677287932
A_23_P203949	1,000557004	11,19895303	1,755721231	0,105675708	0,677287932
A_21_P0005511	1,195584658	14,23424162	1,75571939	0,105676033	0,677287932
A_33_P3293446	1,087440976	7,262613593	1,755414195	0,105730056	0,677287932
A_33_P3366082	0,974611584	12,43071425	1,755132921	0,105779867	0,677287932
A_23_P43800	0,992268595	11,08027666	1,755094164	0,105786732	0,677287932
A_19_P00319181	0,8834212	7,7276097	1,75505127	0,105794331	0,677287932
A_33_P3278941	0,882528223	13,4114534	1,754679322	0,105860239	0,677287932
A_19_P00806486	0,955982649	7,293813766	1,754493719	0,105893142	0,677287932
A_23_P154447	1,051145086	13,72515488	1,753258008	0,106112434	0,677287932
A_24_P318939	0,864289095	8,001777149	1,753157398	0,106130307	0,677287932
A_33_P3413989	1,194787061	9,106648603	1,749547274	0,106773405	0,677287932
A_21_P0000348	1,210294344	9,339449194	1,749079315	0,106857022	0,677287932
A_33_P3344204	1,325442977	9,162288639	1,748992145	0,106872604	0,677287932
A_33_P3363537	1,128192757	8,121431131	1,748453018	0,106969023	0,677287932

A_23_P28730	0,879825998	10,72552026	1,748348555	0,106987714	0,677287932
A_33_P3284557	1,067094894	12,6139167	1,746791795	0,107266611	0,677287932
A_21_P0011357	0,877411827	7,056565097	1,746407364	0,107335583	0,677287932
A_33_P3273238	0,841297297	9,101937794	1,745491801	0,107500008	0,677287932
A_21_P0011838	1,082945337	9,338302777	1,744721589	0,107638504	0,677287932
A_23_P13914	0,956424151	10,44373882	1,74461777	0,107657185	0,677287932
A_23_P102508	1,050136198	10,26247079	1,743538764	0,107851506	0,677287932
A_23_P131954	0,908549538	14,44667639	1,741991719	0,108130667	0,677287932
A_33_P3350374	1,061718438	9,137839719	1,741476754	0,108223736	0,677287932
A_23_P28068	1,08001716	10,33633996	1,740715489	0,108361448	0,677287932
A_33_P3293529	1,0205877	12,52485572	1,740262162	0,10844353	0,677287932
A_33_P3333777	1,008452368	8,510889824	1,739989346	0,108492954	0,677287932
A_24_P58187	0,94098428	9,115107086	1,739912769	0,10850683	0,677287932
A_21_P0011465	1,126378998	9,93245559	1,73976925	0,108532842	0,677287932
A_21_P0000143	0,902129479	7,138161988	1,739423665	0,108595498	0,677287932
A_32_P83845	0,949001524	6,912427862	1,73779658	0,108890936	0,677287932
A_33_P3215317	1,346871671	8,05938977	1,737505102	0,108943937	0,677287932
A_32_P147078	0,930722809	8,087522479	1,736871922	0,109059151	0,677287932
A_23_P82478	1,110982898	10,75308881	1,736452754	0,109135483	0,677287932
A_32_P202703	1,001796401	9,276172488	1,735831658	0,109248675	0,677287932
A_23_P125519	0,885114414	17,00718781	1,735249313	0,109354901	0,677287932
A_24_P413884	0,882632446	10,20102181	1,735083837	0,109385102	0,677287932
A_23_P135104	0,929357259	13,42054574	1,734376989	0,109514195	0,677287932
A_23_P357717	1,02394681	7,368816738	1,73364023	0,109648895	0,677287932
A_33_P3355407	1,448475795	9,91562324	1,733633716	0,109650087	0,677287932
A_23_P132358	0,926551298	9,45616459	1,732830622	0,109797086	0,677287932
A_23_P326319	1,372347537	9,857895376	1,732345035	0,109886053	0,677287932
A_33_P3287428	1,156314935	9,574473396	1,732009305	0,109947603	0,677287932
A_19_P00317023	1,094691549	8,085227347	1,731794907	0,109986924	0,677287932
A_33_P3393543	0,98271332	6,680571345	1,731676462	0,110008653	0,677287932
A_23_P61268	0,910432303	11,07286373	1,730660494	0,11019519	0,677287932
A_21_P0003297	0,881694349	7,418179577	1,730234588	0,110273473	0,677287932
A_33_P3288700	1,052634724	9,841065278	1,729275288	0,110449978	0,677287932
A_33_P3246863	0,99322317	8,357223314	1,728801249	0,110537291	0,677287932
A_23_P33433	1,336060025	10,66099207	1,727880235	0,110707109	0,677287932
A_21_P0013558	1,035297784	14,65083648	1,727708322	0,110738833	0,677287932
A_23_P74290	1,390392391	9,80559581	1,72716915	0,11083838	0,677287932
A_33_P3700794	0,973798923	9,455224171	1,727162662	0,110839579	0,677287932
A_33_P3272412	0,887978678	7,694853054	1,726127986	0,111030837	0,677287932
A_23_P143981	1,369785429	8,992609003	1,725887512	0,111075331	0,677287932
A_19_P00322944	1,007213209	13,64056536	1,724674638	0,111299985	0,677287932
A_24_P84428	0,972957643	12,11722839	1,723733163	0,111474649	0,677287932
A_24_P31235	0,924425681	13,0948826	1,723404246	0,111535729	0,677287932
A_19_P00803771	0,833705568	9,234901787	1,723279636	0,111558876	0,677287932

A_32_P514599	0,919967761	10,25833981	1,722321017	0,111737093	0,677287932
A_24_P410086	0,899873498	12,08070358	1,722204255	0,111758818	0,677287932
A_21_P0011461	1,252271667	10,32159205	1,719847586	0,112198106	0,677287932
A_32_P113436	1,150857554	13,18220468	1,719694489	0,112226697	0,677287932
A_21_P0010876	1,434384967	10,31817238	1,719403386	0,112281078	0,677287932
A_23_P352950	0,941386527	8,621744348	1,719350213	0,112291014	0,677287932
A_23_P218817	1,136686673	10,2172667	1,716823392	0,112764082	0,677287932
A_21_P0013191	0,820868873	8,885346145	1,71668584	0,112789885	0,677287932
A_19_P00801821	1,033282723	11,9137751	1,716379684	0,112847335	0,677287932
A_33_P3421200	0,903747987	9,699416404	1,716232995	0,112874871	0,677287932
A_33_P3403778	0,973345503	13,21118233	1,716208336	0,112879501	0,677287932
A_33_P3294372	0,847765976	7,094213903	1,716123357	0,112895456	0,677287932
A_19_P00320259	0,841345951	7,601292025	1,715993335	0,112919872	0,677287932
A_23_P343808	0,888235093	9,725757259	1,715632828	0,112987594	0,677287932
A_23_P309224	0,849231128	9,114976085	1,7135857	0,113372838	0,677287932
A_24_P65507	0,841075397	13,37922829	1,713216077	0,113442522	0,677287932
A_23_P348298	0,924275836	12,69845079	1,713018112	0,113479859	0,677287932
A_23_P59388	0,819878842	6,760625777	1,712939907	0,113494612	0,677287932
A_24_P269129	1,17056229	8,062520307	1,712090112	0,113655031	0,677287932
A_23_P76386	0,909582568	7,148333316	1,711650194	0,113738155	0,677287932
A_23_P152858	1,022706773	12,99868465	1,711391441	0,113787073	0,677287932
A_24_P398500	0,865595521	8,936224749	1,710059512	0,114039174	0,677287932
A_33_P3381117	1,392518421	8,240328492	1,710002127	0,114050047	0,677287932
A_23_P416468	1,042312475	10,99529176	1,709927331	0,11406422	0,677287932
A_33_P3209346	0,943857577	9,391458549	1,709493102	0,114146533	0,677287932
A_23_P67529	0,965376126	12,13811794	1,709427293	0,114159012	0,677287932
A_33_P3348802	0,861275385	10,34747826	1,709073354	0,114226151	0,677287932
A_23_P386561	1,023562905	10,94517581	1,708323027	0,114368597	0,677287932
A_21_P0000494	1,939590315	9,001257006	1,70822854	0,114386546	0,677287932
A_21_P0000374	0,854405198	7,082738609	1,707710826	0,114484937	0,677287932
A_23_P410965	0,907005507	11,33343338	1,705517247	0,114902664	0,677287932
A_33_P3215113	0,865052992	11,40243721	1,705474563	0,114910806	0,677287932
A_24_P203072	0,834115987	9,108174127	1,705113875	0,114979627	0,677287932
A_19_P00806490	0,944661971	8,854848703	1,704837907	0,115032307	0,677287932
A_32_P53524	0,997298813	7,615558769	1,704448793	0,115106623	0,677287932
A_21_P0000661	0,99391357	7,45581062	1,704251803	0,115144262	0,677287932
A_23_P151497	0,91493787	8,944455853	1,703095347	0,115365448	0,677287932
A_33_P3257030	0,845058788	11,26175537	1,702558324	0,115468289	0,677287932
A_23_P36076	0,956551686	14,88741933	1,702135555	0,115549307	0,677287932
A_33_P3239084	0,842052869	9,048492919	1,701940302	0,115586742	0,677287932
A_19_P00326248	0,974157721	7,112656963	1,699851991	0,1159878	0,677287932
A_33_P3234546	1,079416801	8,026626987	1,69948026	0,11605932	0,677287932
A_33_P3296577	1,289708586	11,18073439	1,698768476	0,116196376	0,677287932
A_23_P206107	1,025996367	11,0185284	1,698558062	0,116236919	0,677287932

A_33_P3216945	1,044382288	9,132076148	1,698448431	0,116258048	0,677287932
A_23_P417415	1,130346301	11,3235145	1,69830051	0,116286562	0,677287932
A_33_P3403927	0,86031589	9,656541206	1,697202104	0,116498491	0,677287932
A_23_P106737	1,400063652	11,18604491	1,696821302	0,116572045	0,677287932
A_33_P3291636	0,981436601	7,772596506	1,695894802	0,116751174	0,677287932
A_33_P3332081	0,893605225	8,660578396	1,694986201	0,11692708	0,677287932
A_21_P0000561	0,808573275	7,263258479	1,694889866	0,116945745	0,677287932
A_23_P500433	1,002369996	13,56330194	1,69484012	0,116955384	0,677287932
A_24_P11100	1,20228646	7,361823445	1,694735895	0,116975581	0,677287932
A_23_P355536	0,92758734	9,569793074	1,694576598	0,117006457	0,677287932
A_23_P129556	0,908220291	14,78153487	1,694517806	0,117017854	0,677287932
A_23_P51660	0,829376169	12,24962668	1,693987996	0,117120606	0,677287932
A_23_P128641	0,844405448	8,665152714	1,693829108	0,117151436	0,677287932
A_33_P3276615	1,242392137	8,81267342	1,693468999	0,117221338	0,677287932
A_33_P3395859	0,901218871	7,699932611	1,692153294	0,11747705	0,677287932
A_23_P30666	0,936881648	9,301971412	1,691815914	0,117542701	0,677287932
A_23_P252855	0,867280456	11,9332597	1,691538696	0,117596669	0,677287932
A_23_P165657	1,012952929	13,38213105	1,691518097	0,11760068	0,677287932
A_23_P51410	0,825190642	8,16774876	1,691346836	0,117634033	0,677287932
A_21_P0012439	1,115339505	11,15631288	1,691134723	0,117675353	0,677287932
A_23_P76249	0,794540767	6,815526161	1,691040497	0,117693713	0,677287932
A_23_P4190	0,82594008	9,993782759	1,690435164	0,117811721	0,677287932
A_33_P3413468	1,101856019	8,139968967	1,689772724	0,117940982	0,677287932
A_23_P14193	0,903743145	9,667917309	1,689759723	0,117943521	0,677287932
A_21_P0011627	0,809967299	7,608548688	1,689333504	0,118026757	0,677287932
A_23_P100196	0,930743537	11,42407938	1,688702911	0,118150001	0,677287932
A_23_P16573	0,851329833	11,19010434	1,688590706	0,118171942	0,677287932
A_23_P99452	0,804704242	8,192448633	1,688553339	0,11817925	0,677287932
A_23_P94053	0,844950448	10,36188224	1,687722534	0,118341834	0,677287932
A_19_P00322687	1,04475169	10,48268667	1,687691822	0,118347848	0,677287932
A_33_P3321697	0,930219495	8,359339908	1,687550613	0,118375503	0,677287932
A_33_P3365810	0,962549376	11,67291131	1,687043316	0,118474901	0,677287932
A_23_P152984	0,828614606	13,85352575	1,686124854	0,11865505	0,677287932
A_23_P162719	1,143797562	8,900893063	1,686064376	0,118666921	0,677287932
A_23_P154962	1,048123649	9,973146951	1,685651779	0,118747935	0,677287932
A_33_P3367692	0,828355639	8,873122441	1,685217394	0,118833281	0,677287932
A_23_P138168	0,890937507	8,302597903	1,685026745	0,118870755	0,677287932
A_32_P50924	0,863638043	15,60017877	1,684752531	0,118924674	0,677287932
A_21_P0002474	1,124629274	11,247963	1,683536955	0,119163956	0,677287932
A_23_P103099	0,846871667	6,800232265	1,683406118	0,119189737	0,677287932
A_21_P0000882	0,809919224	6,913959987	1,683374727	0,119195923	0,677287932
A_33_P3274935	0,799696187	6,624716005	1,683277027	0,119215178	0,677287932
A_21_P0000285	1,008427784	9,582824703	1,683257127	0,1192191	0,677287932
A_33_P3407256	0,839078537	7,535748026	1,683112579	0,119247594	0,677287932

A_24_P112750	0,835733676	8,336992887	1,682981141	0,119273509	0,677287932
A_24_P369232	1,411798042	8,672056761	1,682447082	0,119378857	0,677287932
A_21_P0012927	0,836109574	9,002941362	1,682365964	0,119394866	0,677287932
A_23_P6066	1,190928256	9,197669002	1,682348344	0,119398343	0,677287932
A_23_P385126	0,98010914	8,314831036	1,681447163	0,119576324	0,677287932
A_21_P0000332	1,855652738	9,51522433	1,681423905	0,11958092	0,677287932
A_33_P3307660	0,834692527	9,698409885	1,680667222	0,11973055	0,677287932
A_33_P3351914	0,898218507	14,29789313	1,680331077	0,119797074	0,677287932
A_23_P202143	0,930334562	12,08157787	1,680045196	0,119853676	0,677287932
A_33_P3326483	1,270509571	8,486180275	1,680021827	0,119858304	0,677287932
A_24_P318073	0,882478641	9,989783656	1,680019111	0,119858842	0,677287932
A_32_P51084	0,852142869	13,21082256	1,679812475	0,119899771	0,677287932
A_21_P0014694	0,985609847	8,972089635	1,679724688	0,119917163	0,677287932
A_21_P0000238	1,674162744	11,23711931	1,678730761	0,120114231	0,677287932
A_24_P356509	0,851102691	8,520393058	1,678694321	0,120121461	0,677287932
A_33_P3362498	1,159084602	9,135260236	1,678675187	0,120125258	0,677287932
A_23_P39034	0,842224377	14,77772183	1,678522461	0,120155567	0,677287932
A_32_P31182	1,013914597	13,18315733	1,678343426	0,120191106	0,677287932
A_32_P212897	-0,869384846	8,570550284	-1,678934674	0,120073777	0,677287932
A_33_P3300800	-0,829539963	6,739167165	-1,678936632	0,120073389	0,677287932
A_24_P265506	-1,28476947	10,09586652	-1,679294797	0,120002363	0,677287932
A_23_P129704	-0,897531018	13,02369696	-1,679859204	0,119890514	0,677287932
A_23_P342709	-0,921923791	7,574336898	-1,681293513	0,119606693	0,677287932
A_23_P20196	-1,170273506	13,67209554	-1,681742836	0,119517903	0,677287932
A_32_P36694	-0,900450543	10,00831001	-1,682196068	0,119428401	0,677287932
A_33_P3343516	-1,297204616	9,102468401	-1,682909076	0,119287719	0,677287932
A_33_P3407606	-1,01123068	9,880157711	-1,683024084	0,119265041	0,677287932
A_23_P164179	-0,796372531	9,862577613	-1,683158755	0,119238491	0,677287932
A_33_P3304983	-1,564983419	14,30636889	-1,683695755	0,119132673	0,677287932
A_24_P148094	-1,508531325	11,12357304	-1,684121732	0,119048792	0,677287932
A_24_P270829	-1,460055795	8,076816759	-1,684406107	0,118992823	0,677287932
A_21_P0005900	-0,873972259	9,593393671	-1,685412422	0,118794956	0,677287932
A_33_P3258772	-0,932153335	7,209435921	-1,686637381	0,118554492	0,677287932
A_33_P3267482	-1,073738018	13,61226823	-1,687502151	0,118384995	0,677287932
A_24_P245298	-0,902116256	12,79960982	-1,688305246	0,11822778	0,677287932
A_24_P79054	-1,580612711	12,30668269	-1,688317632	0,118225356	0,677287932
A_23_P202138	-0,931814442	10,59917635	-1,688422332	0,118204874	0,677287932
A_23_P143016	-0,842196727	11,99448464	-1,69003128	0,117890515	0,677287932
A_21_P0009255	-0,812465808	6,92298006	-1,69032379	0,117833444	0,677287932
A_24_P12401	-0,855972821	9,030511844	-1,690418496	0,117814972	0,677287932
A_33_P3214720	-0,820416588	10,17842	-1,69057102	0,117785227	0,677287932
A_23_P94494	-0,879816315	9,233075293	-1,691331475	0,117637025	0,677287932
A_23_P77043	-0,842524994	6,510741278	-1,691629605	0,117578968	0,677287932
A_21_P0011160	-0,926158245	6,947813717	-1,692926748	0,117326667	0,677287932

A_21_P0001830	-0,89183654	6,739863166	-1,693119527	0,117289211	0,677287932
A_23_P111860	-1,495441011	9,360798108	-1,693356532	0,117243177	0,677287932
A_33_P3415052	-0,788230621	6,771376148	-1,693920192	0,117133762	0,677287932
A_23_P404108	-0,845313739	10,17387478	-1,694077586	0,117103225	0,677287932
A_24_P69691	-0,919973756	9,504085285	-1,694948682	0,116934349	0,677287932
A_23_P6891	-1,064640789	11,76559218	-1,696140706	0,116703607	0,677287932
A_23_P140760	-0,993735724	9,2427909	-1,69627553	0,116677534	0,677287932
A_23_P353056	-0,941028831	13,23882127	-1,69783946	0,116375476	0,677287932
A_21_P0005760	-0,865569064	7,412410099	-1,699158129	0,116121329	0,677287932
A_21_P0000951	-0,839279017	12,63397687	-1,699200572	0,116113158	0,677287932
A_23_P108743	-1,683245769	8,106806238	-1,699562834	0,11604343	0,677287932
A_33_P3369760	-0,894620154	11,82840822	-1,700741814	0,115816759	0,677287932
A_21_P0006496	-0,824122217	10,39193939	-1,700854617	0,115795092	0,677287932
A_24_P787889	-0,826469691	9,64410661	-1,701002744	0,115766646	0,677287932
A_24_P873659	-1,036640455	10,88104566	-1,701164413	0,115735606	0,677287932
A_23_P67453	-1,27753163	7,728908805	-1,701320723	0,115705603	0,677287932
A_24_P171268	-0,856160904	11,7632922	-1,701715376	0,11562988	0,677287932
A_33_P3278868	-0,833318631	10,769143	-1,701759353	0,115621444	0,677287932
A_23_P146284	-1,064188527	14,33241564	-1,701863502	0,11560147	0,677287932
A_21_P0013879	-0,946914663	6,952056863	-1,702186152	0,115539608	0,677287932
A_24_P22050	-0,862272977	8,408277111	-1,705936449	0,11482273	0,677287932
A_32_P132860	-0,863576601	6,905363564	-1,707308287	0,114561492	0,677287932
A_23_P309381	-0,897971308	10,97146932	-1,707443484	0,114535775	0,677287932
A_23_P133691	-1,000284475	9,864842981	-1,707461801	0,114532291	0,677287932
A_33_P3232006	-0,887024273	11,6749563	-1,707552305	0,114515079	0,677287932
A_33_P3281283	-0,93461209	7,101640242	-1,708098968	0,114411164	0,677287932
A_33_P3416946	-0,978539586	8,798266985	-1,708890385	0,114260872	0,677287932
A_23_P1292	-0,998902721	8,52270566	-1,709224512	0,114197473	0,677287932
A_24_P484797	-1,081528957	9,242447625	-1,710070418	0,114037108	0,677287932
A_24_P71373	-1,138505035	9,035360926	-1,710147087	0,114022584	0,677287932
A_21_P0008940	-0,891511509	6,564034448	-1,710206355	0,114011356	0,677287932
A_23_P216282	-1,083240247	9,629626916	-1,710756164	0,113907253	0,677287932
A_21_P0006792	-0,879528174	6,616883576	-1,710903873	0,1138793	0,677287932
A_21_P0000155	-0,877337152	9,581193728	-1,712041953	0,113664128	0,677287932
A_21_P0006256	-0,898542276	6,642804623	-1,712224527	0,113629644	0,677287932
A_21_P0005689	-0,967881472	15,78457381	-1,712282703	0,113618657	0,677287932
A_23_P85800	-0,890888338	16,90499658	-1,712669213	0,11354569	0,677287932
A_23_P48747	-0,852206874	10,77732496	-1,712891729	0,113503701	0,677287932
A_33_P3375140	-0,809930518	8,287629097	-1,713317653	0,113423368	0,677287932
A_33_P3320752	-0,849890631	6,728321567	-1,713523687	0,113384527	0,677287932
A_23_P252471	-1,302066221	13,54269459	-1,713959171	0,113302468	0,677287932
A_24_P181254	-0,917712589	6,50682843	-1,714287705	0,113240598	0,677287932
A_21_P0004002	-0,941196617	6,617931329	-1,714587106	0,11318424	0,677287932
A_19_P00812033	-0,805412526	7,108112663	-1,714703389	0,113162358	0,677287932

A_23_P302005	-0,935700302	11,47025869	-1,714827413	0,113139023	0,677287932
A_33_P3259973	-1,196371994	9,748204194	-1,71557515	0,112998432	0,677287932
A_32_P416583	-0,870846525	9,177272046	-1,715691149	0,112976635	0,677287932
A_23_P67367	-0,836210613	7,807523223	-1,716246048	0,112872421	0,677287932
A_23_P156049	-0,837881167	13,03694517	-1,716393177	0,112844803	0,677287932
A_23_P158596	-1,318407005	10,09511199	-1,716568805	0,112811844	0,677287932
A_33_P3374190	-1,040608044	9,293132577	-1,717648746	0,112609365	0,677287932
A_21_P0003738	-0,873723243	6,587050805	-1,717698617	0,112600022	0,677287932
A_23_P42004	-0,873193113	9,863134945	-1,718047277	0,112534726	0,677287932
A_24_P291973	-0,820061648	12,71095651	-1,71828944	0,112489394	0,677287932
A_24_P134834	-0,912272997	9,45303756	-1,718333578	0,112481133	0,677287932
A_23_P85604	-0,902085345	12,68049933	-1,719108737	0,112336146	0,677287932
A_23_P123086	-1,290051558	9,395054747	-1,72000462	0,112168786	0,677287932
A_33_P3424577	-1,131594695	11,05139836	-1,720322814	0,112109398	0,677287932
A_24_P269432	-0,889810783	9,535652564	-1,720766574	0,112026621	0,677287932
A_33_P3303810	-0,972873146	7,529357458	-1,720856578	0,112009839	0,677287932
A_33_P3364646	-1,213863264	7,821398788	-1,72087371	0,112006645	0,677287932
A_24_P261567	-0,876384842	9,115530045	-1,720966312	0,111989381	0,677287932
A_33_P3387463	-0,820473754	11,34280986	-1,72176473	0,11184063	0,677287932
A_24_P47182	-1,90549024	13,53989868	-1,722995585	0,111611658	0,677287932
A_23_P321511	-1,077682595	9,551045282	-1,723255321	0,111563393	0,677287932
A_23_P85164	-0,953281818	11,60023915	-1,723894468	0,111444706	0,677287932
A_23_P316960	-1,076995807	10,08279135	-1,723963086	0,111431971	0,677287932
A_24_P209171	-1,800333484	8,362437468	-1,724009612	0,111423337	0,677287932
A_23_P92543	-1,235620558	10,61929287	-1,724170971	0,111393396	0,677287932
A_33_P3245439	-1,030875561	8,541284652	-1,724285305	0,111372185	0,677287932
A_23_P168556	-1,481999989	11,52919124	-1,724852593	0,111266998	0,677287932
A_21_P0006552	-1,04505494	6,8601254	-1,725346166	0,111175551	0,677287932
A_24_P30194	-1,051651304	10,18681055	-1,725408917	0,11116393	0,677287932
A_23_P129486	-0,95944032	12,61229162	-1,725562582	0,111135476	0,677287932
A_21_P0005014	-0,930406583	6,913500856	-1,725784391	0,111094415	0,677287932
A_23_P388993	-1,517151275	10,74468961	-1,726110387	0,111034093	0,677287932
A_33_P3390264	-0,999501265	7,007665956	-1,726643437	0,11093552	0,677287932
A_21_P0002868	-0,80401055	6,380494637	-1,726976447	0,110873978	0,677287932
A_21_P0008227	-1,308684109	8,222577972	-1,727067871	0,110857088	0,677287932
A_33_P3213702	-1,026397298	7,458976353	-1,727241238	0,110825066	0,677287932
A_32_P177024	-1,153426088	9,894670386	-1,727271945	0,110819395	0,677287932
A_24_P226355	-0,983121779	10,39474022	-1,729711059	0,110369768	0,677287932
A_21_P0000173	-0,819505089	10,37618873	-1,730255738	0,110269584	0,677287932
A_23_P124642	-1,02503096	7,638651846	-1,730421073	0,11023919	0,677287932
A_33_P3217559	-1,01341038	8,3119168	-1,730473721	0,110229513	0,677287932
A_24_P139943	-0,903164822	10,93949736	-1,731823028	0,109981766	0,677287932
A_33_P3358109	-0,89477627	6,604939879	-1,731942838	0,109959791	0,677287932
A_33_P3257993	-0,835125831	11,4985425	-1,732763705	0,109809342	0,677287932

A_33_P3395605	-1,132870728	7,754808848	-1,733315001	0,109708403	0,677287932
A_32_P53558	-0,967010753	8,54893774	-1,733545405	0,109666243	0,677287932
A_24_P355626	-0,929518034	6,800545079	-1,733598746	0,109656484	0,677287932
A_21_P0004836	-0,908680746	7,022128688	-1,734366802	0,109516056	0,677287932
A_24_P117029	-0,875607837	14,98498152	-1,734554802	0,109481708	0,677287932
A_23_P78980	-0,991019485	8,027686473	-1,7348325	0,109430989	0,677287932
A_33_P3246985	-1,129988436	9,489537457	-1,735605763	0,10928987	0,677287932
A_33_P3294836	-0,890754081	8,565517484	-1,736165827	0,109187761	0,677287932
A_33_P3323048	-0,853780696	8,850098409	-1,736256466	0,109171244	0,677287932
A_21_P0011240	-0,928734838	6,743562595	-1,736811455	0,109070159	0,677287932
A_19_P00317108	-1,319781547	12,79187637	-1,737806501	0,108889132	0,677287932
A_23_P63371	-1,28599952	11,50281253	-1,738768638	0,108714348	0,677287932
A_24_P202497	-1,129909463	8,638456261	-1,738877047	0,10869467	0,677287932
A_23_P355517	-0,831152659	7,014404275	-1,739006356	0,108671203	0,677287932
A_23_P29153	-1,458323476	7,924676882	-1,740601752	0,108382037	0,677287932
A_33_P3416097	-1,902866926	9,210485692	-1,741123461	0,108287627	0,677287932
A_33_P3367596	-1,112561081	9,022998514	-1,742287604	0,108077225	0,677287932
A_24_P165864	-0,989819839	11,52411252	-1,744044726	0,107760347	0,677287932
A_23_P137697	-2,320565746	11,3448824	-1,744414106	0,107693839	0,677287932
A_32_P159445	-1,091283766	11,95602161	-1,745767596	0,107450454	0,677287932
A_19_P00318904	-1,030241424	7,579537141	-1,746395315	0,107337746	0,677287932
A_23_P146233	-1,131385242	7,651286689	-1,746584996	0,107303709	0,677287932
A_23_P102037	-0,988713345	8,944911848	-1,747466058	0,107145736	0,677287932
A_32_P168349	-2,043002437	14,44691853	-1,748403047	0,106977964	0,677287932
A_24_P348265	-0,959015722	7,195645379	-1,750985074	0,106516861	0,677287932
A_19_P00322793	-1,115143925	11,3022742	-1,751070925	0,10650156	0,677287932
A_23_P137797	-1,653914109	8,185756073	-1,752162005	0,106307275	0,677287932
A_23_P200001	-1,891563777	10,60206621	-1,753875857	0,106002738	0,677287932
A_24_P169343	-0,993460511	10,35701906	-1,756935951	0,105460934	0,677287932
A_23_P163361	-0,89602522	6,939589512	-1,757810025	0,105306633	0,677287932
A_23_P24723	-0,982733732	10,62834196	-1,757968754	0,105278634	0,677287932
A_24_P373174	-0,905779058	10,63436059	-1,758398819	0,105202807	0,677287932
A_23_P56404	-0,940945095	6,931683401	-1,75846992	0,105190276	0,677287932
A_33_P3394868	-1,076937057	12,72702555	-1,758826659	0,105127421	0,677287932
A_33_P3335535	-0,996242206	6,792250264	-1,759985483	0,104923479	0,677287932
A_24_P89971	-0,884291265	12,98257217	-1,760567004	0,10482127	0,677287932
A_24_P62860	-0,925210101	8,385349926	-1,760751224	0,10478891	0,677287932
A_33_P3211432	-1,061176001	12,99218111	-1,76122859	0,104705099	0,677287932
A_32_P132317	-1,251114932	8,080446607	-1,761237171	0,104703592	0,677287932
A_23_P426021	-1,22187784	11,50337972	-1,761274994	0,104696955	0,677287932
A_23_P29939	-1,76241738	14,18870739	-1,761754196	0,104612887	0,677287932
A_21_P0010857	-1,036572454	10,46969585	-1,76178003	0,104608357	0,677287932
A_24_P122337	-1,607507788	10,61280344	-1,678039453	0,120251467	0,677357343
A_32_P60223	0,867124021	10,0822178	1,676718932	0,120513999	0,678137823

A_24_P282210	0,867225607	12,70562274	1,676380587	0,120581347	0,678137823
A_23_P36345	-0,966194942	9,116437145	-1,676375206	0,120582419	0,678137823
A_23_P91283	-1,172832187	8,901616678	-1,676710971	0,120515584	0,678137823
A_32_P761797	-0,805681302	6,77541544	-1,675335049	0,120789674	0,679032542
A_33_P3884179	0,833720224	9,700771413	1,674416019	0,120973057	0,679309919
A_33_P3368540	0,788781309	8,171701231	1,673519455	0,121152196	0,679309919
A_33_P3379454	1,111067218	10,02627818	1,673493969	0,121157291	0,679309919
A_33_P3403361	0,82751597	11,27796864	1,673212172	0,121213646	0,679309919
A_23_P160004	-1,248888099	7,499178473	-1,673158079	0,121224467	0,679309919
A_19_P00322968	-1,035994122	9,724964391	-1,673380455	0,12117999	0,679309919
A_33_P3271850	-0,988548511	7,344107806	-1,673820407	0,121092038	0,679309919
A_33_P3270826	-0,801991156	7,147368333	-1,674213403	0,121013521	0,679309919
A_24_P126892	0,819832509	6,674579798	1,671991118	0,121458107	0,67972677
A_19_P00321166	0,879045421	10,05693275	1,671743985	0,121507638	0,67972677
A_33_P3277198	0,836869895	7,545539465	1,671452809	0,121566018	0,67972677
A_23_P16157	0,945757671	15,79643057	1,671279428	0,121600793	0,67972677
A_33_P3315659	0,891060791	7,381548053	1,671102281	0,121636332	0,67972677
A_23_P354175	-0,880922061	11,16244264	-1,671888848	0,121478602	0,67972677
A_21_P0006852	-0,84846896	6,75334815	-1,672182705	0,121419722	0,67972677
A_23_P120860	0,924664532	10,31774177	1,670807842	0,121695422	0,679787541
A_23_P110430	1,436557504	7,609689066	1,669232535	0,122011999	0,680236388
A_24_P808522	1,158421672	15,54427307	1,66916583	0,12202542	0,680236388
A_21_P0010899	0,913461725	11,77772766	1,668847833	0,12208942	0,680236388
A_23_P147070	0,889059188	7,579909843	1,667959033	0,122268457	0,680236388
A_23_P416751	0,845229942	6,882604406	1,667704337	0,122319805	0,680236388
A_21_P0001484	0,84247773	7,558793375	1,66702203	0,122457456	0,680236388
A_32_P22622	0,856511428	8,510805213	1,665571589	0,122750528	0,680236388
A_23_P146354	0,921697875	12,66463787	1,665476271	0,122769809	0,680236388
A_23_P151059	1,033299571	7,469664035	1,664685354	0,122929904	0,680236388
A_23_P53193	1,408153071	8,288345174	1,664540904	0,122959163	0,680236388
A_33_P3288859	0,930562428	11,95049875	1,664471059	0,122973312	0,680236388
A_23_P169873	0,800077583	7,819907634	1,663404873	0,123189485	0,680236388
A_24_P13041	0,894012135	8,117227081	1,663307181	0,12320931	0,680236388
A_23_P92999	0,878700671	7,039250378	1,6611772	0,12364224	0,680236388
A_19_P00322332	0,833694933	7,077809999	1,660512837	0,12377755	0,680236388
A_23_P40657	0,845107617	8,411048874	1,660493601	0,12378147	0,680236388
A_23_P128372	0,945948065	11,69674691	1,659664027	0,123950618	0,680236388
A_33_P3257042	0,90109273	9,225114752	1,659067175	0,12407244	0,680236388
A_21_P0011463	1,015222559	10,15300193	1,658411431	0,124206405	0,680236388
A_21_P0008877	0,779697166	7,13817517	1,657689057	0,124354131	0,680236388
A_32_P28939	1,105717412	10,89308499	1,656842075	0,124527536	0,680236388
A_33_P3283420	1,489246003	9,048113633	1,656535714	0,124590311	0,680236388
A_23_P28318	0,956804601	11,29867843	1,656481888	0,124601343	0,680236388
A_21_P0008156	0,78883352	8,398491795	1,656200966	0,124658934	0,680236388

A_33_P3336527	0,831352487	11,06942786	1,655565646	0,124789267	0,680236388
A_33_P3211229	0,815372385	7,619366228	1,654927829	0,124920233	0,680236388
A_33_P3376454	0,826899107	7,708221942	1,65351015	0,125211767	0,680236388
A_33_P3422330	0,997139821	11,06677029	1,65344407	0,12522537	0,680236388
A_19_P00813482	1,464050477	8,008273123	1,65222208	0,125477169	0,680236388
A_23_P49924	1,194310962	8,776304862	1,651764723	0,125571525	0,680236388
A_21_P0000353	1,006118761	7,730461453	1,651211913	0,125685657	0,680236388
A_23_P88484	0,859239828	15,26882386	1,65118127	0,125691987	0,680236388
A_23_P20722	1,033299032	12,83650444	1,650982327	0,125733084	0,680236388
A_23_P389250	0,798643981	7,62224726	1,650887274	0,125752724	0,680236388
A_21_P0011084	0,994376651	8,857842411	1,650500349	0,125832701	0,680236388
A_33_P3324814	0,782537194	10,00963624	1,650112059	0,125913004	0,680236388
A_33_P3344264	0,84792066	11,86115081	1,649891699	0,125958598	0,680236388
A_23_P89056	0,853541421	11,39629428	1,649764878	0,125984844	0,680236388
A_21_P0000488	0,825361197	7,286785955	1,649748751	0,125988182	0,680236388
A_23_P395534	1,58719912	9,861212443	1,649019355	0,126139232	0,680236388
A_24_P396197	0,921961205	9,961985771	1,647893477	0,126372704	0,680236388
A_21_P0000263	1,41727073	10,21411774	1,647339153	0,126487793	0,680236388
A_23_P41025	0,886959208	12,04989282	1,646749412	0,126610338	0,680236388
A_23_P58676	1,44599536	8,972496964	1,646470056	0,126668422	0,680236388
A_33_P3296308	0,782089596	12,62096549	1,646231125	0,126718121	0,680236388
A_23_P500271	1,042633232	13,0380729	1,646174506	0,1267299	0,680236388
A_21_P0005924	0,860522917	7,561621628	1,645681725	0,126832462	0,680236388
A_21_P0014073	0,86901292	10,17400105	1,64421434	0,127138302	0,680236388
A_23_P76015	1,053815646	9,397688846	1,644066218	0,12716921	0,680236388
A_23_P71644	0,816722744	13,31685783	1,64398841	0,127185449	0,680236388
A_23_P21473	1,066023093	8,834987771	1,643390988	0,127310194	0,680236388
A_21_P0000469	0,787355247	7,449432667	1,643268904	0,127335699	0,680236388
A_21_P0006837	0,984473167	6,951933549	1,643085183	0,127374089	0,680236388
A_23_P59130	1,24063232	8,05664679	1,642515353	0,127493226	0,680236388
A_19_P00315716	1,242505609	8,087419386	1,640973968	0,127815981	0,680236388
A_23_P397208	0,911871041	8,714589312	1,63959406	0,128105535	0,680236388
A_21_P0008515	1,334836869	8,328220493	1,639241403	0,128179628	0,680236388
A_24_P127748	0,963883656	7,796029798	1,638764329	0,128279921	0,680236388
A_33_P3424207	0,783474738	12,87457743	1,638356328	0,128365747	0,680236388
A_23_P111112	1,037381209	11,9791066	1,637078833	0,128634807	0,680236388
A_23_P3453	0,885980945	11,15412144	1,636211987	0,128817661	0,680236388
A_33_P3881056	1,341240433	9,137082819	1,636013102	0,128859646	0,680236388
A_32_P103695	0,848730159	9,804929902	1,635848258	0,128894454	0,680236388
A_24_P375205	0,832845813	7,135738574	1,635476276	0,128973032	0,680236388
A_21_P0000509	1,901186602	12,04253564	1,635251244	0,129020588	0,680236388
A_33_P3340613	0,83281106	7,192304355	1,634906883	0,129093393	0,680236388
A_23_P352435	0,956566095	8,479584225	1,634503555	0,129178709	0,680236388
A_21_P0012899	0,981388494	10,76615666	1,634397795	0,129201089	0,680236388

A_23_P69249	0,783280319	12,54977908	1,634309932	0,129219685	0,680236388
A_33_P3279871	0,774408454	7,447078721	1,633826577	0,129322024	0,680236388
A_23_P397969	0,778463412	11,3761127	1,632829886	0,129533275	0,680236388
A_33_P3229181	1,122599834	13,33886724	1,63263309	0,129575022	0,680236388
A_23_P48936	1,066370289	9,217527455	1,631110543	0,129898408	0,680236388
A_21_P0011708	0,875247708	8,259172025	1,630409813	0,130047481	0,680236388
A_21_P0000750	0,93319266	9,759734951	1,630407353	0,130048004	0,680236388
A_33_P3343828	0,960649401	8,958822255	1,629299809	0,130283929	0,680236388
A_32_P108655	1,184842102	11,05815698	1,629194104	0,130306465	0,680236388
A_21_P0000172	0,787940703	7,261643421	1,629127588	0,130320649	0,680236388
A_21_P0000463	2,028909574	10,1122896	1,628548353	0,130444215	0,680236388
A_23_P370097	1,047988311	10,01593297	1,627828299	0,130597966	0,680236388
A_23_P104705	0,865146369	7,958212987	1,625717702	0,131049554	0,680236388
A_33_P3394517	1,673470235	10,79284063	1,624373324	0,131337915	0,680236388
A_24_P66337	0,853833415	6,642250399	1,624260825	0,131362071	0,680236388
A_21_P0000291	1,159094087	6,995731022	1,624210806	0,131372812	0,680236388
A_21_P0011980	0,815133717	6,995398576	1,623503745	0,131524732	0,680236388
A_23_P108404	0,816532822	6,995581453	1,622962869	0,131641049	0,680236388
A_23_P150255	0,789433251	13,1164321	1,622132926	0,131819706	0,680236388
A_24_P929322	0,79307622	6,869487215	1,622020529	0,131843917	0,680236388
A_24_P305038	0,772251394	7,10855646	1,621977441	0,1318532	0,680236388
A_33_P3214199	0,881397289	7,079844558	1,621780888	0,131895552	0,680236388
A_21_P0011808	1,052853113	11,56795353	1,621766643	0,131898622	0,680236388
A_24_P272548	0,979400048	13,36096837	1,620611629	0,13214774	0,680236388
A_23_P52610	0,886549364	13,4678917	1,620514578	0,132168692	0,680236388
A_24_P1255	0,797819253	8,129827016	1,62048254	0,132175609	0,680236388
A_24_P914625	0,79910928	7,020095639	1,620338269	0,132206761	0,680236388
A_21_P0000498	0,795493979	6,886661139	1,620297965	0,132215464	0,680236388
A_33_P3362367	0,908500572	7,434042329	1,620039403	0,132271314	0,680236388
A_23_P205529	0,825194938	11,80721184	1,618702362	0,132560446	0,680236388
A_23_P146572	0,89509353	11,30675219	1,618047226	0,13270232	0,680236388
A_23_P7873	0,933438363	14,62333208	1,617246999	0,132875796	0,680236388
A_21_P0000197	0,998473406	12,50866299	1,61708494	0,132910952	0,680236388
A_33_P3280237	0,916993064	8,013271547	1,616427011	0,133053761	0,680236388
A_24_P375683	1,011529354	13,87701168	1,616302017	0,133080908	0,680236388
A_23_P217704	0,793688578	7,008733457	1,615890728	0,133170266	0,680236388
A_21_P0014387	0,997378375	7,711656541	1,615865732	0,133175699	0,680236388
A_23_P37949	0,861912027	8,57073136	1,615307762	0,133297014	0,680236388
A_21_P0003718	0,768299832	6,922357496	1,615062072	0,133350464	0,680236388
A_33_P3658861	0,822181823	6,795356457	1,615017782	0,133360101	0,680236388
A_32_P71788	0,956878437	8,909728915	1,613701747	0,13364674	0,680236388
A_23_P304524	0,782096231	6,991085021	1,613524653	0,133685354	0,680236388
A_24_P664995	0,878648559	11,50217524	1,612863985	0,133829491	0,680236388
A_23_P501134	0,788900276	8,745658261	1,612350526	0,133941605	0,680236388

A_23_P131096	0,839776018	11,39535254	1,611962232	0,134026445	0,680236388
A_24_P199929	2,756877289	9,391376929	1,611277472	0,134176175	0,680236388
A_33_P3293734	0,876402148	11,13377338	1,611204275	0,134192189	0,680236388
A_33_P3260307	0,794227609	11,847381	1,611062245	0,134223267	0,680236388
A_33_P3301025	0,90804941	12,75745023	1,610842978	0,134271257	0,680236388
A_33_P3384287	0,901898488	11,91096785	1,610645114	0,134314577	0,680236388
A_33_P3381751	1,057989424	10,98572811	1,609847435	0,13448934	0,680236388
A_33_P3227788	0,982122711	9,505011734	1,608912469	0,134694435	0,680236388
A_21_P0012896	0,840075997	7,651090903	1,608906773	0,134695685	0,680236388
A_33_P3336437	0,797021541	8,177842769	1,608852256	0,134707653	0,680236388
A_33_P3359473	0,813239915	12,26918303	1,608836174	0,134711183	0,680236388
A_23_P162525	0,929287015	9,314881354	1,608080308	0,134877209	0,680236388
A_33_P3334448	1,062304929	8,79599999	1,608038592	0,134886377	0,680236388
A_23_P100539	0,78649822	6,705807278	1,606869203	0,135143602	0,680236388
A_23_P386942	0,801572192	10,52056385	1,606796343	0,135159643	0,680236388
A_21_P0007065	0,814923436	7,121940319	1,606205847	0,135289708	0,680236388
A_23_P117558	0,773520723	12,99968062	1,60535704	0,135476862	0,680236388
A_23_P254507	1,353684346	8,628438329	1,604908631	0,135575823	0,680236388
A_23_P37877	0,794137406	9,29419161	1,604897308	0,135578323	0,680236388
A_23_P359904	0,830741326	14,00571908	1,604607273	0,135642367	0,680236388
A_23_P84821	0,809581525	8,474007685	1,604424452	0,13568275	0,680236388
A_23_P38677	1,114803648	9,583697028	1,604242439	0,135722965	0,680236388
A_23_P12849	1,012879808	10,13500773	1,603380077	0,135913642	0,680236388
A_23_P387057	0,816643435	13,76998359	1,60305861	0,135984782	0,680236388
A_21_P0000880	-1,299419182	9,176088825	-1,60273275	0,136056927	0,680236388
A_33_P3288694	-0,850249629	10,44564768	-1,602748738	0,136053387	0,680236388
A_24_P36868	-0,84175101	10,62992937	-1,602753782	0,13605227	0,680236388
A_33_P3263666	-0,880554303	13,03379625	-1,603708771	0,135840937	0,680236388
A_33_P3308446	-1,293606406	7,960884105	-1,603789404	0,135823107	0,680236388
A_24_P75230	-0,851313201	15,21431418	-1,60389945	0,135798776	0,680236388
A_24_P43588	-0,988514021	12,28430373	-1,603944708	0,13578877	0,680236388
A_21_P0012416	-0,937124663	7,141632134	-1,604382981	0,135691912	0,680236388
A_33_P3235053	-0,970606821	11,61620952	-1,604771758	0,135606043	0,680236388
A_33_P3427239	-0,872614487	8,542873178	-1,604807764	0,135598093	0,680236388
A_33_P3353125	-1,031657942	10,91999431	-1,60509525	0,13553463	0,680236388
A_23_P213014	-0,867618718	8,929987949	-1,605655523	0,135411024	0,680236388
A_33_P3408711	-0,983456456	9,509915446	-1,606288136	0,135271576	0,680236388
A_33_P3387991	-1,074683316	13,69015206	-1,606458618	0,135234019	0,680236388
A_21_P0001059	-0,890365558	6,782856992	-1,606505034	0,135223794	0,680236388
A_23_P105862	-0,825975876	12,06442932	-1,606971445	0,135121096	0,680236388
A_19_P00812340	-0,778991487	14,26483519	-1,607620952	0,134978195	0,680236388
A_23_P316460	-0,948729289	10,41751366	-1,607852298	0,134927327	0,680236388
A_33_P3393836	-1,326860619	12,25059825	-1,608816236	0,13471556	0,680236388
A_23_P99853	-0,913703109	10,0749567	-1,609416782	0,134583775	0,680236388

A_24_P661641	-1,061899368	10,19036032	-1,609910611	0,134475491	0,680236388
A_21_P0009287	-0,766799002	7,645616953	-1,610039273	0,134447292	0,680236388
A_33_P3284939	-0,798840822	13,11925739	-1,61003937	0,134447271	0,680236388
A_33_P3369258	-0,781811869	10,40280491	-1,610506979	0,134344826	0,680236388
A_23_P8083	-0,764716632	7,441733769	-1,610946209	0,134248661	0,680236388
A_23_P140256	-0,902990952	15,58315761	-1,611275783	0,134176544	0,680236388
A_19_P00805757	-0,991326519	16,48814377	-1,611343035	0,134161832	0,680236388
A_33_P3250939	-1,447235511	8,447375665	-1,611415984	0,134145876	0,680236388
A_33_P3424462	-1,289301864	8,518801091	-1,612194898	0,133975603	0,680236388
A_21_P0008973	-0,778957525	6,448983335	-1,612509043	0,133906984	0,680236388
A_33_P3290672	-0,936029589	12,15578372	-1,613037684	0,133791582	0,680236388
A_33_P3332329	-0,801085166	6,680669214	-1,613222708	0,133751212	0,680236388
A_32_P162250	-1,114353179	11,31907817	-1,613276362	0,133739507	0,680236388
A_21_P0007736	-0,951965748	7,514987065	-1,613386948	0,133715385	0,680236388
A_24_P940135	-0,936077805	10,19893446	-1,613754335	0,133635276	0,680236388
A_23_P32036	-0,800120336	11,36524323	-1,614111616	0,133556421	0,680236388
A_32_P226149	-0,884483161	14,34994177	-1,615811396	0,133187508	0,680236388
A_33_P3407529	-0,772193019	8,349969194	-1,616220483	0,133098618	0,680236388
A_33_P3324086	-0,910253499	14,67772587	-1,616261326	0,133089746	0,680236388
A_23_P423695	-0,777492513	11,26476639	-1,616910536	0,132948794	0,680236388
A_24_P336577	-1,229477925	10,12960514	-1,61723229	0,132878986	0,680236388
A_21_P0010991	-0,887658546	9,25805745	-1,61742515	0,132837158	0,680236388
A_24_P6467	-0,967265471	7,204516766	-1,618634797	0,132575072	0,680236388
A_32_P206949	-1,21083369	8,249763063	-1,619129426	0,132468034	0,680236388
A_23_P171296	-0,941248914	15,46716006	-1,619215495	0,132449417	0,680236388
A_23_P411296	-0,804701423	14,73204338	-1,619222144	0,132447979	0,680236388
A_33_P3753757	-0,883286389	10,46749899	-1,619742196	0,132335536	0,680236388
A_23_P254888	-1,065252486	12,82725311	-1,619861352	0,132309785	0,680236388
A_23_P156180	-0,800267952	8,199387214	-1,61994423	0,132291876	0,680236388
A_23_P39561	-0,97794614	11,88047879	-1,620104441	0,132257264	0,680236388
A_23_P210015	-0,860349896	11,59189433	-1,620202001	0,13223619	0,680236388
A_21_P0001480	-0,963144924	8,178713468	-1,620401415	0,132193125	0,680236388
A_23_P415021	-0,80311504	13,60954191	-1,620637486	0,132142159	0,680236388
A_23_P153461	-0,772994692	8,183229203	-1,620867122	0,132092599	0,680236388
A_23_P153236	-0,909323394	13,97451473	-1,621740008	0,131904362	0,680236388
A_33_P3287028	-0,781546991	12,34270945	-1,622507247	0,131739102	0,680236388
A_33_P3350232	-0,921510851	8,104205159	-1,622566917	0,131726257	0,680236388
A_23_P39799	-1,216325307	8,81588612	-1,622573369	0,131724868	0,680236388
A_21_P0000201	-0,918770387	13,8328398	-1,624115594	0,131393261	0,680236388
A_23_P362191	-0,833305199	7,824091708	-1,624191781	0,131376898	0,680236388
A_21_P0013736	-0,777011407	6,50649864	-1,624742714	0,131258628	0,680236388
A_23_P9293	-1,355992629	11,92690285	-1,624767779	0,131253249	0,680236388
A_23_P162746	-0,909826033	11,43220666	-1,625509952	0,131094079	0,680236388
A_23_P66017	-0,866269081	7,796716275	-1,625752005	0,131042204	0,680236388

A_23_P382199	-0,827510482	11,92274188	-1,626070079	0,130974064	0,680236388
A_23_P78289	-0,851891696	13,70495682	-1,626089989	0,130969799	0,680236388
A_23_P132644	-0,899578642	10,07196215	-1,626650064	0,130849895	0,680236388
A_33_P3238415	-0,844176107	7,528131935	-1,627111834	0,130751109	0,680236388
A_23_P95029	-0,858793251	11,09902156	-1,627681391	0,130629355	0,680236388
A_23_P88580	-0,903094519	14,01520014	-1,629553071	0,130229947	0,680236388
A_33_P3361202	-1,079343283	9,389076156	-1,629618599	0,130215983	0,680236388
A_24_P111242	-1,046593802	8,573092813	-1,630040888	0,130126025	0,680236388
A_23_P9662	-0,855327128	8,642038373	-1,630681037	0,129989763	0,680236388
A_33_P3237050	-0,827664778	6,604546568	-1,631096118	0,129901476	0,680236388
A_33_P3220056	-0,868947527	7,699505599	-1,631324084	0,12985301	0,680236388
A_24_P115932	-0,921035135	11,7171322	-1,631542077	0,12980668	0,680236388
A_32_P206104	-0,852290362	7,211516607	-1,632293883	0,129647008	0,680236388
A_33_P3343972	-1,127773151	8,313831389	-1,632590796	0,129583996	0,680236388
A_23_P215787	-0,876467547	10,08849017	-1,6329898	0,12949936	0,680236388
A_23_P34307	-1,03200486	10,23978061	-1,633036716	0,129489412	0,680236388
A_21_P0003249	-0,829670471	6,76063042	-1,633509522	0,129389192	0,680236388
A_33_P3867461	-0,907697285	16,24480911	-1,633875924	0,129311572	0,680236388
A_23_P48070	-0,948629213	10,9962887	-1,633940397	0,129297919	0,680236388
A_24_P87490	-0,891170755	10,40413665	-1,633941676	0,129297648	0,680236388
A_23_P54636	-0,855246291	13,33389942	-1,634249791	0,129232414	0,680236388
A_21_P0014131	-0,884087485	8,959287139	-1,634317234	0,129218139	0,680236388
A_24_P55225	-1,042122079	7,445392559	-1,634756571	0,129125183	0,680236388
A_33_P3246244	-0,923293568	8,534103396	-1,636187988	0,128822726	0,680236388
A_33_P3304678	-0,849053221	7,471530109	-1,636307781	0,128797442	0,680236388
A_33_P3241511	-0,768959408	6,827867029	-1,636700205	0,128714647	0,680236388
A_23_P86283	-1,104679195	14,54714195	-1,637204148	0,128608392	0,680236388
A_33_P3209962	-0,888072139	12,17705788	-1,637274147	0,128593639	0,680236388
A_23_P320887	-0,800741726	10,78741229	-1,638182963	0,128402232	0,680236388
A_24_P323104	-0,892373802	16,50749607	-1,63822708	0,128392946	0,680236388
A_23_P64913	-0,902414967	6,86962835	-1,638250846	0,128387945	0,680236388
A_24_P328969	-1,082593791	9,571764045	-1,638613695	0,128311602	0,680236388
A_23_P102000	-0,856532223	15,10927147	-1,638704907	0,128292418	0,680236388
A_23_P97365	-0,989242791	11,06477182	-1,638799803	0,128272461	0,680236388
A_23_P161399	-1,075766249	8,46471577	-1,63991073	0,128039036	0,680236388
A_23_P166797	-0,914065495	8,557946146	-1,639993976	0,128021559	0,680236388
A_23_P372848	-0,959464668	13,03242683	-1,64008872	0,128001672	0,680236388
A_23_P2801	-1,000083918	11,2715069	-1,640224369	0,127973202	0,680236388
A_23_P213085	-0,832602966	10,39303459	-1,640230509	0,127971914	0,680236388
A_33_P3236858	-1,538367766	11,34917456	-1,641531246	0,127699208	0,680236388
A_23_P83931	-0,845427108	13,16447493	-1,641689562	0,127666051	0,680236388
A_21_P0000169	-0,937463488	7,517902698	-1,642106383	0,127578791	0,680236388
A_23_P106389	-0,929759696	12,90185257	-1,642183203	0,127562715	0,680236388
A_24_P879740	-1,028065818	6,94223092	-1,642248613	0,127549028	0,680236388

A_32_P74366	-0,856453681	10,47897909	-1,643305342	0,127328086	0,680236388
A_21_P0001784	-0,868022481	6,826617192	-1,644341925	0,127111684	0,680236388
A_23_P350187	-0,812523898	10,93288412	-1,645164363	0,126940219	0,680236388
A_33_P3340757	-1,071292455	10,57366163	-1,645719117	0,126824677	0,680236388
A_23_P136012	-1,019894352	9,98259773	-1,646512814	0,126659531	0,680236388
A_23_P207003	-0,8943034	7,24614261	-1,646607122	0,12663992	0,680236388
A_33_P3336038	-0,786672544	16,35390778	-1,647212415	0,12651412	0,680236388
A_21_P0001111	-0,818050668	7,298618491	-1,647379343	0,126479446	0,680236388
A_21_P0010958	-0,804076057	7,283106174	-1,647989151	0,126352849	0,680236388
A_23_P18325	-1,465768494	11,79060438	-1,648164078	0,126316555	0,680236388
A_23_P25684	-0,909101143	13,83780384	-1,648267701	0,126295059	0,680236388
A_33_P3398862	-1,552725194	9,053196899	-1,648382547	0,126271239	0,680236388
A_33_P3395219	-0,812808478	7,206999404	-1,648545988	0,126237347	0,680236388
A_23_P79221	-1,431620081	9,469693985	-1,649345335	0,126071706	0,680236388
A_23_P121885	-0,922467572	10,13829562	-1,649968061	0,125942796	0,680236388
A_33_P3371154	-0,889038749	6,854819773	-1,650203588	0,125894071	0,680236388
A_23_P39237	-1,17779916	13,9788576	-1,650660133	0,125799668	0,680236388
A_23_P96658	-1,108828409	7,617675977	-1,650722706	0,125786735	0,680236388
A_23_P404606	-0,910464784	10,92024217	-1,651502705	0,125625609	0,680236388
A_33_P3323678	-1,229879485	9,523962108	-1,652419789	0,125436399	0,680236388
A_33_P3381684	-0,777207779	6,912405035	-1,652481328	0,125423712	0,680236388
A_33_P3329740	-0,906742951	12,23250126	-1,653056568	0,125305169	0,680236388
A_33_P3241184	-0,891650152	7,482273155	-1,653881697	0,125135303	0,680236388
A_23_P357929	-0,853327237	9,08493675	-1,654588562	0,124989946	0,680236388
A_23_P111037	-1,273785193	13,60172367	-1,657020054	0,12449108	0,680236388
A_24_P398064	-0,861391662	10,29895918	-1,657481824	0,124396538	0,680236388
A_23_P376449	-0,849927553	7,060067878	-1,657984795	0,124293633	0,680236388
A_19_P00806320	-1,089613093	12,41355651	-1,658201615	0,124249297	0,680236388
A_33_P3371650	-0,835571046	8,567685047	-1,658444334	0,12419968	0,680236388
A_33_P3284266	-0,842580105	6,826408187	-1,658705207	0,124146372	0,680236388
A_23_P33723	-0,816348461	10,95482295	-1,659504833	0,1239831	0,680236388
A_24_P304154	-0,832648943	11,28663387	-1,660893129	0,12370008	0,680236388
A_33_P3275651	-0,87911685	7,067639021	-1,661656722	0,123544657	0,680236388
A_23_P386905	-0,884287873	10,89327789	-1,66170038	0,123535776	0,680236388
A_23_P119562	-1,397286533	14,88291156	-1,662375775	0,123398458	0,680236388
A_24_P925314	-0,877884684	11,1736102	-1,662900456	0,123291875	0,680236388
A_23_P303155	-1,19019138	8,290218538	-1,663591808	0,123151559	0,680236388
A_33_P3260654	-1,024737091	12,47461971	-1,663745996	0,123120285	0,680236388
A_33_P3420852	-0,9602727	10,6110156	-1,664154934	0,123037373	0,680236388
A_23_P6293	-0,967354714	7,753121909	-1,664255797	0,12301693	0,680236388
A_21_P0009481	-1,954119365	13,23266744	-1,665340429	0,122797293	0,680236388
A_21_P0008848	-1,639776943	9,506102082	-1,665726548	0,122719188	0,680236388
A_23_P501547	-1,931467261	10,78585436	-1,665936264	0,122676784	0,680236388
A_19_P00316063	-1,055794102	11,01398461	-1,666000152	0,122663869	0,680236388

A_24_P921366	-2,596791563	9,723287533	-1,666020649	0,122659726	0,680236388
A_23_P412562	-0,879825597	13,05650097	-1,666492962	0,122564286	0,680236388
A_23_P26704	-0,847594486	11,56208836	-1,666854366	0,122491302	0,680236388
A_23_P257003	-0,830638117	8,334420132	-1,666977686	0,122466407	0,680236388
A_33_P3271323	-0,870699258	12,31299505	-1,667237414	0,122413989	0,680236388
A_24_P219785	-1,014577892	13,02917374	-1,668829853	0,122093039	0,680236388
A_33_P3777584	-1,132261388	8,634385617	-1,6694417	0,121969922	0,680236388
A_23_P126623	-1,224389928	14,69296741	-1,669510712	0,121956043	0,680236388
A_23_P397120	0,914109437	9,659363648	1,601702433	0,136285259	0,68025185
A_33_P3256785	1,02946639	12,16098619	1,601651491	0,136296557	0,68025185
A_23_P159027	0,875583532	10,41813725	1,601318297	0,136370474	0,68025185
A_33_P3308534	0,799594577	10,58814047	1,601195352	0,136397757	0,68025185
A_32_P17635	-0,951466516	11,74431643	-1,60119839	0,136397083	0,68025185
A_21_P0000867	-0,927708871	14,04591286	-1,601378441	0,136357129	0,68025185
A_33_P3330039	-1,108104183	16,27939723	-1,602119599	0,136192769	0,68025185
A_23_P91250	0,748591694	7,541293901	1,600457976	0,136561493	0,680522913
A_32_P49423	0,872840447	13,79473371	1,600200928	0,136618612	0,680522913
A_32_P65616	1,174122177	6,966956077	1,600081405	0,136645178	0,680522913
A_32_P178800	-0,778947684	6,729305418	-1,600568181	0,136537011	0,680522913
A_23_P399078	-0,859538315	11,91988464	-1,598918404	0,136903913	0,681570716
A_32_P129288	-0,814738692	12,26982837	-1,597906495	0,137129382	0,682452228
A_23_P331598	0,947675503	10,07995605	1,59733933	0,137255898	0,682599965
A_24_P132383	-0,829848857	6,934899432	-1,597471075	0,137226501	0,682599965
A_24_P219808	0,765724709	12,3528758	1,597120831	0,137304665	0,682601716
A_21_P0000292	-0,847868301	7,118465474	-1,596860018	0,137362896	0,682650499
A_33_P3569555	0,803016793	6,778457217	1,596524388	0,137437862	0,682659583
A_33_P3252730	0,867519233	9,939233821	1,596418319	0,137461561	0,682659583
A_23_P39131	0,797094264	12,23143805	1,595865972	0,137585031	0,682783161
A_21_P0006885	0,918594996	7,257276812	1,595816538	0,137596086	0,682783161
A_21_P0000506	0,75998975	13,21988767	1,594959607	0,137787846	0,682783161
A_33_P3336113	0,813993122	8,213842157	1,594403264	0,137912467	0,682783161
A_24_P365753	0,933548421	8,51025622	1,593954268	0,138013114	0,682783161
A_23_P360179	0,916155412	10,19310492	1,593916491	0,138021585	0,682783161
A_33_P3320718	0,75261772	9,597579919	1,593550545	0,138103667	0,682783161
A_21_P0000341	0,788237804	11,40285123	1,593544029	0,138105129	0,682783161
A_23_P314086	0,86146899	13,35721692	1,593494249	0,138116298	0,682783161
A_23_P434301	0,762607296	16,18141266	1,592525649	0,13833378	0,682783161
A_32_P209989	0,785155254	11,15375544	1,59150579	0,138563095	0,682783161
A_23_P341532	1,034596491	13,08099377	1,591126722	0,138648412	0,682783161
A_33_P3375476	0,919399783	13,55583153	1,591021268	0,138672155	0,682783161
A_23_P158533	0,768224973	11,27201574	1,590582723	0,138770931	0,682783161
A_33_P3239152	0,766323269	13,55205775	1,590440335	0,138803015	0,682783161
A_23_P19482	0,788803143	12,46857068	1,590238239	0,138848565	0,682783161
A_24_P74487	0,836884388	10,84330551	1,589261549	0,139068879	0,682783161

A_23_P75299	0,85310662	12,03339646	1,588955406	0,139137999	0,682783161
A_24_P83183	0,910131051	10,65036883	1,588730218	0,139188861	0,682783161
A_33_P3394489	0,858613152	8,089601227	1,588149166	0,139320173	0,682783161
A_23_P201047	0,857271285	10,28531141	1,5879351	0,139368578	0,682783161
A_24_P8088	0,818409359	10,3037714	1,587857691	0,139386085	0,682783161
A_33_P3214914	0,956922241	7,233524892	1,587704267	0,13942079	0,682783161
A_21_P0011021	0,819693637	10,78557582	1,587435813	0,139481533	0,682783161
A_23_P42335	0,836105466	12,73287254	1,586979006	0,139584947	0,682783161
A_32_P198731	0,767076275	8,848101711	1,585975254	0,139812418	0,682783161
A_33_P3389638	0,825167744	13,32955785	1,585938659	0,139820717	0,682783161
A_23_P73982	0,874304706	11,84728181	1,585430641	0,139935973	0,682783161
A_33_P3357580	1,065193202	11,20268251	1,58536105	0,139951768	0,682783161
A_23_P162378	0,883058311	9,005600985	1,585203601	0,13998751	0,682783161
A_33_P3242965	0,847363844	7,893300542	1,585128408	0,140004581	0,682783161
A_33_P3391626	0,872819978	16,31413809	1,584148579	0,140227209	0,682783161
A_19_P00801634	1,485819868	9,632322602	1,584062292	0,140246829	0,682783161
A_33_P3288904	-1,011571986	9,384981852	-1,58425241	0,140203602	0,682783161
A_19_P00315717	-0,764931796	11,75933394	-1,584622011	0,140119601	0,682783161
A_23_P165504	-0,815867553	6,949654492	-1,58470053	0,140101762	0,682783161
A_21_P0005266	-0,817985546	6,770737104	-1,584805022	0,140078024	0,682783161
A_33_P3375145	-0,890337858	6,501154464	-1,586127172	0,139777969	0,682783161
A_23_P48029	-0,760336628	10,35911434	-1,586193633	0,139762901	0,682783161
A_23_P163455	-1,320729962	10,1255516	-1,586317919	0,139734727	0,682783161
A_23_P383819	-0,824649334	6,852595041	-1,587579649	0,139448984	0,682783161
A_23_P157726	-0,839657132	11,42269727	-1,587674211	0,139427589	0,682783161
A_23_P103282	-1,013470847	13,87490638	-1,588050733	0,139342429	0,682783161
A_23_P61398	-1,025114298	14,04799664	-1,588159488	0,13931784	0,682783161
A_19_P00319537	-0,823535226	7,166703835	-1,588195644	0,139309666	0,682783161
A_21_P0000553	-0,793450663	8,387128358	-1,589548665	0,139004082	0,682783161
A_33_P3420235	-1,450365915	8,54739342	-1,590268691	0,138841701	0,682783161
A_33_P3878772	-0,914251548	10,41338665	-1,59084758	0,138711269	0,682783161
A_21_P0008333	-0,774312204	7,235238982	-1,590974359	0,138682718	0,682783161
A_33_P3209491	-0,887591151	9,378358283	-1,591978289	0,138456813	0,682783161
A_24_P122921	-1,098634754	12,30608967	-1,592121475	0,138424619	0,682783161
A_23_P61057	-0,79462228	10,40953272	-1,592194867	0,13840812	0,682783161
A_24_P7934	-0,958761757	16,81392482	-1,592454323	0,138349807	0,682783161
A_33_P3767927	-0,820109457	12,88110631	-1,592914636	0,138246404	0,682783161
A_21_P0007753	-0,872879695	6,672301602	-1,594348388	0,137924765	0,682783161
A_33_P3257140	-0,938382134	9,937706007	-1,594435136	0,137905325	0,682783161
A_21_P0007155	-0,786632797	8,120588737	-1,594614745	0,137865084	0,682783161
A_23_P43071	0,826606466	11,27122662	1,583259009	0,140429595	0,68305915
A_33_P3404775	0,901554184	13,11509798	1,582933367	0,140503746	0,68305915
A_33_P3262789	0,86422141	9,280475878	1,58253632	0,140594202	0,68305915
A_33_P3222648	-0,873226644	13,51115485	-1,582745055	0,140546641	0,68305915

A_23_P134176	-1,179527358	14,65273509	-1,583087576	0,140468627	0,68305915
A_24_P681011	-1,294325127	10,15147752	-1,5835867	0,140355012	0,68305915
A_21_P0003093	0,903479195	7,906889906	1,581151843	0,140910014	0,683282369
A_23_P89509	0,787041981	13,76790339	1,580694125	0,141014559	0,683282369
A_23_P258689	0,891430052	10,36996876	1,580638387	0,141027295	0,683282369
A_24_P153456	0,991750925	8,275100842	1,579873997	0,14120205	0,683282369
A_21_P0011321	0,784379466	7,043634702	1,579671214	0,141248442	0,683282369
A_23_P413224	0,786374561	6,748044367	1,579450826	0,141298877	0,683282369
A_33_P3724750	0,939537992	6,945843467	1,579348681	0,141322258	0,683282369
A_33_P3337599	0,948662536	7,878240191	1,577599905	0,141723071	0,683282369
A_24_P515319	1,462681223	7,240697626	1,577484951	0,141749453	0,683282369
A_21_P0011535	0,80318482	9,256149966	1,576731473	0,14192248	0,683282369
A_33_P3279581	0,94821241	9,290951593	1,576664997	0,141937755	0,683282369
A_33_P3307836	0,896701876	7,464066993	1,57657285	0,14195893	0,683282369
A_33_P3287119	0,990964307	8,449648958	1,57569779	0,142160153	0,683282369
A_24_P58177	1,061346979	8,21864617	1,575558959	0,1421921	0,683282369
A_23_P117778	0,786260146	9,542569901	1,575503175	0,142204939	0,683282369
A_21_P0005368	0,960648112	7,763486828	1,575181888	0,142278903	0,683282369
A_23_P315789	0,797055775	9,348389135	1,5748888	0,142346404	0,683282369
A_33_P3325280	1,166442738	10,43760746	1,574597667	0,142413482	0,683282369
A_23_P250619	1,017794373	10,7581368	1,573904437	0,142573317	0,683282369
A_24_P944588	0,753436481	7,604197648	1,573486574	0,142669736	0,683282369
A_33_P3705907	0,821953636	10,60790836	1,573317566	0,14270875	0,683282369
A_23_P76918	0,821710508	13,32552812	1,572868177	0,142812533	0,683282369
A_24_P151727	0,745747319	14,28491944	1,571406405	0,143150569	0,683282369
A_23_P10685	0,825783423	12,09981133	1,571381153	0,143156415	0,683282369
A_23_P164814	0,799041495	9,094985829	1,570707106	0,143312529	0,683282369
A_33_P3287223	1,010850438	10,0954056	1,570682291	0,14331828	0,683282369
A_23_P411612	0,751143238	10,72175814	1,570527675	0,143354112	0,683282369
A_33_P3314146	0,865165345	7,344744127	1,570467454	0,14336807	0,683282369
A_23_P160406	0,780579152	10,61238553	1,570440846	0,143374238	0,683282369
A_21_P0000530	1,0543721	11,57903877	1,570356618	0,143393763	0,683282369
A_23_P208880	0,906038407	11,76953903	1,570173478	0,143436226	0,683282369
A_23_P160559	-0,902383358	8,886773689	-1,56948308	0,143596401	0,683282369
A_24_P944827	-0,758813031	9,6104777	-1,569580003	0,143573905	0,683282369
A_33_P3247057	-1,171018241	12,21163954	-1,56968559	0,143549402	0,683282369
A_21_P0010244	-0,737777103	7,763968821	-1,569926881	0,14349342	0,683282369
A_24_P268196	-1,021380802	8,823837132	-1,57075113	0,143302329	0,683282369
A_23_P250735	-0,942916996	10,9866443	-1,571225245	0,143192511	0,683282369
A_23_P57036	-1,004826058	8,539638014	-1,571356263	0,143162177	0,683282369
A_21_P0011399	-0,780494969	6,581195331	-1,57192172	0,143031323	0,683282369
A_23_P46907	-0,898134169	10,9763251	-1,572495983	0,142898537	0,683282369
A_33_P3335590	-0,800408327	8,148127981	-1,572523987	0,142892064	0,683282369
A_23_P128254	-0,74986895	6,430515049	-1,572644355	0,142864247	0,683282369

A_24_P48403	-1,123942211	10,00879152	-1,572849164	0,142816925	0,683282369
A_33_P3415336	-0,754296751	7,942278482	-1,573016715	0,142778222	0,683282369
A_33_P3414591	-0,881745336	7,283529446	-1,573847481	0,142586456	0,683282369
A_23_P212728	-1,078265555	11,85769887	-1,57461774	0,142408857	0,683282369
A_23_P358009	-0,9519514	9,5324628	-1,574633887	0,142405136	0,683282369
A_23_P59547	-1,119709034	14,0069558	-1,575127917	0,142291331	0,683282369
A_24_P370156	-0,820636748	11,62196393	-1,575622802	0,142177408	0,683282369
A_33_P3233841	-1,281535325	11,25733518	-1,575762873	0,142145178	0,683282369
A_23_P108785	-0,804637938	14,75775033	-1,57595582	0,142100792	0,683282369
A_33_P3209960	-0,859652548	13,55559249	-1,57641569	0,141995051	0,683282369
A_24_P925062	-0,81262157	7,93817321	-1,576703733	0,141928854	0,683282369
A_32_P198923	-0,919013183	12,99902864	-1,577688269	0,141702795	0,683282369
A_33_P3392177	-1,195797525	13,28832515	-1,579367287	0,141317999	0,683282369
A_33_P3398401	-0,824015615	12,49452798	-1,57984266	0,141209219	0,683282369
A_23_P75921	-0,83940453	9,651734207	-1,579883803	0,141199807	0,683282369
A_24_P185117	-1,039315725	9,70481319	-1,580608393	0,141034148	0,683282369
A_33_P3224710	-0,774484994	11,26302386	-1,580796379	0,140991198	0,683282369
A_33_P3352407	-0,835060246	17,41260609	-1,581479916	0,140835121	0,683282369
A_21_P0014894	-0,85812764	8,878721208	-1,582070957	0,140700287	0,683282369
A_33_P3354955	0,884211462	10,30882592	1,568948318	0,143720575	0,683422054
A_33_P3283713	0,81436045	13,5446559	1,568730514	0,143771176	0,683422054
A_23_P16469	-0,906592605	11,0426627	-1,568913726	0,14372861	0,683422054
A_33_P3276237	0,771173893	7,097768334	1,568301959	0,143870786	0,683665052
A_24_P31275	0,947756163	7,272543234	1,567925981	0,143958224	0,683668117
A_33_P3279590	0,784931709	6,512880754	1,567437923	0,144071798	0,683668117
A_32_P227845	1,010302085	10,99558095	1,566456134	0,144300499	0,683668117
A_23_P326142	1,097807224	8,052603731	1,566215635	0,144356571	0,683668117
A_23_P28538	0,874746707	10,73409254	1,565958279	0,144416592	0,683668117
A_32_P725218	0,774018817	8,982760869	1,565385323	0,144550298	0,683668117
A_21_P0003118	-0,801370303	8,670330486	-1,56552797	0,144517	0,683668117
A_21_P0012056	-0,982473416	7,387105534	-1,565544868	0,144513056	0,683668117
A_33_P3293668	-0,768535809	11,92598308	-1,565664232	0,144485198	0,683668117
A_23_P113111	-1,10535294	7,83216488	-1,565836046	0,144445108	0,683668117
A_23_P162589	-1,179391154	11,01484541	-1,566125572	0,144377573	0,683668117
A_23_P34176	-0,813320939	11,22104581	-1,566608559	0,144264972	0,683668117
A_23_P161909	-0,950344418	11,95213649	-1,566662695	0,144252356	0,683668117
A_24_P330773	-0,761283434	8,521462497	-1,567745772	0,144000151	0,683668117
A_23_P257815	0,787473809	6,766704605	1,564830191	0,144679947	0,683885331
A_23_P46627	-0,837877618	12,0755228	-1,564773313	0,144693236	0,683885331
A_23_P123622	0,89238002	8,263467416	1,564219058	0,144822792	0,684165423
A_33_P3272957	0,750448414	6,450965208	1,564104642	0,144849549	0,684165423
A_33_P3353916	0,756459405	7,281874824	1,563808452	0,144918834	0,684263445
A_23_P433990	0,801396204	11,83115622	1,563580225	0,144972242	0,684286453
A_33_P3398697	0,794707597	13,08745494	1,562953727	0,145118936	0,684749625

A_33_P3214035	-0,803684067	6,797207952	-1,562250698	0,145283704	0,685297737
A_23_P143535	0,804535359	7,503887399	1,561561075	0,145445487	0,685715777
A_23_P42306	0,770098405	12,78925568	1,561368484	0,145490696	0,685715777
A_23_P129174	0,789231173	7,09407841	1,56125119	0,145518236	0,685715777
A_33_P3344648	0,816902195	7,376099585	1,560507118	0,145693044	0,686247684
A_33_P3214849	0,847025606	10,05927467	1,559597036	0,145907101	0,686247684
A_23_P62270	0,826807223	11,68988532	1,559405215	0,145952253	0,686247684
A_33_P3305368	0,879663322	8,731884214	1,559390128	0,145955805	0,686247684
A_33_P3397763	-0,841858521	9,628813262	-1,559322071	0,145971828	0,686247684
A_24_P201153	-1,489441391	8,684180223	-1,559408642	0,145951446	0,686247684
A_23_P89902	-0,936719608	11,0639776	-1,559753319	0,145870323	0,686247684
A_32_P31618	-0,876807022	10,63757985	-1,55910596	0,146022718	0,686258102
A_23_P159907	0,832120003	8,346832517	1,558732637	0,146110666	0,686442611
A_23_P133095	-0,99518725	13,40928201	-1,557734814	0,146345958	0,686632832
A_23_P17130	-1,882404526	10,5964943	-1,557926341	0,146300769	0,686632832
A_33_P3376234	-0,795442929	10,70680517	-1,557937087	0,146298234	0,686632832
A_33_P3418710	-0,785676923	7,183680932	-1,558287536	0,146215582	0,686632832
A_33_P3384108	0,910254274	10,8211176	1,55746473	0,146409702	0,686703388
A_33_P3243588	-0,833976298	8,475717175	-1,557206857	0,146470586	0,686760489
A_33_P3345643	1,211805641	8,884633329	1,55680594	0,146565287	0,68688995
A_32_P74579	-0,815628436	6,940791427	-1,556677507	0,146595635	0,68688995
A_21_P0009428	0,765100443	6,49864913	1,555881286	0,146783902	0,687232345
A_33_P3296181	-1,010659585	8,268920732	-1,555750111	0,146814939	0,687232345
A_21_P0007927	-0,996930929	7,965134974	-1,556097007	0,146732874	0,687232345
A_24_P26073	0,844418111	11,52716972	1,555421571	0,146892698	0,687336586
A_23_P53646	-0,799028902	13,77080674	-1,555244128	0,14693471	0,687336586
A_33_P3285145	1,117248937	7,251286519	1,554138265	0,147196773	0,687509631
A_21_P0000212	1,133527485	9,989688848	1,553946254	0,147242316	0,687509631
A_24_P343095	0,829575616	10,4396301	1,553755787	0,147287505	0,687509631
A_33_P3290945	1,080933152	10,14310787	1,553523017	0,147342747	0,687509631
A_33_P3235004	1,203364075	8,403594426	1,553184025	0,14742323	0,687509631
A_33_P3229156	1,156540037	11,44880864	1,55280176	0,147514033	0,687509631
A_23_P24192	0,984652642	9,370631593	1,552450166	0,147597593	0,687509631
A_23_P57379	0,864788628	13,6046317	1,552283281	0,147637269	0,687509631
A_23_P144959	0,948857637	9,923097536	1,551653139	0,147787166	0,687509631
A_23_P120710	0,820704358	10,86926644	1,550978836	0,147947714	0,687509631
A_23_P64669	0,837267631	11,96034536	1,550923545	0,147960885	0,687509631
A_33_P3297205	0,811014398	11,66205724	1,550862461	0,147975437	0,687509631
A_23_P78871	0,7898598	9,384521441	1,549826717	0,148222377	0,687509631
A_33_P3298413	0,864624617	12,78744968	1,549813121	0,148225621	0,687509631
A_21_P0000258	1,96467296	10,12207902	1,549754783	0,14823954	0,687509631
A_23_P78209	-0,845935349	13,65133565	-1,550086512	0,148160404	0,687509631
A_32_P134968	-1,313035798	11,53897078	-1,550511214	0,148059141	0,687509631
A_33_P3249674	-0,729782975	6,260973632	-1,550673662	0,148020424	0,687509631

A_33_P3239849	-1,324682733	17,34564495	-1,550696411	0,148015003	0,687509631
A_23_P321354	-0,813047977	9,714275727	-1,551244287	0,147884493	0,687509631
A_19_P00316675	-0,982973083	8,164879224	-1,551283324	0,147875198	0,687509631
A_23_P121657	-0,819306237	8,668691139	-1,551373258	0,147853786	0,687509631
A_24_P334248	-1,057358696	7,652441819	-1,552602621	0,147561355	0,687509631
A_23_P404821	-0,763493423	10,41018864	-1,552786713	0,147517608	0,687509631
A_23_P8311	-0,794677838	13,04199376	-1,552900582	0,147490554	0,687509631
A_23_P406025	-0,970344998	9,165203011	-1,553715961	0,147296955	0,687509631
A_21_P0000392	0,788246893	7,374421983	1,549358751	0,148334065	0,6875391
A_23_P211631	0,993819835	7,907978289	1,54931955	0,148343424	0,6875391
A_23_P11237	0,919627466	9,107710148	1,548638859	0,148506022	0,688066515
A_21_P0012440	0,921612219	10,04279607	1,548173439	0,148617287	0,688110364
A_23_P105138	0,852314411	13,6872809	1,547782887	0,148710709	0,688110364
A_23_P303548	-0,835925438	9,939830719	-1,547849601	0,148694747	0,688110364
A_33_P3311971	-0,735580791	6,724744339	-1,548288136	0,14858986	0,688110364
A_23_P310	0,895793553	9,689667704	1,547288345	0,148829078	0,688182879
A_19_P00317953	0,752006509	7,264236132	1,546766062	0,148954176	0,688182879
A_24_P149902	0,774338851	7,049056539	1,546520655	0,149012988	0,688182879
A_23_P255286	0,756337122	14,76161018	1,546381354	0,14904638	0,688182879
A_23_P144476	-1,223841054	8,367090011	-1,546290949	0,149068055	0,688182879
A_23_P92687	-0,94958505	11,91467179	-1,546329467	0,14905882	0,688182879
A_24_P123408	-1,030180455	7,242691456	-1,54675623	0,148956532	0,688182879
A_33_P3362616	0,793581095	8,47844279	1,545930971	0,149154388	0,688356044
A_33_P3319126	-0,964369912	9,022286799	-1,545599693	0,149233876	0,688497518
A_33_P3222664	-0,927160701	9,002209621	-1,544707784	0,149448065	0,689034751
A_21_P0008364	-0,765973464	7,169992584	-1,544714965	0,149446339	0,689034751
A_23_P216549	-0,760928473	10,14023718	-1,544420435	0,149517127	0,689127813
A_33_P3313785	0,752479902	9,618406068	1,543948734	0,149630558	0,689225559
A_24_P945096	0,877236688	7,377356677	1,543861417	0,149651563	0,689225559
A_23_P30995	-0,997634993	10,93377208	-1,543722491	0,149684989	0,689225559
A_33_P3215333	-0,873066807	8,878443034	-1,543333292	0,149778666	0,689431736
A_33_P3389188	0,884483181	12,6867523	1,542602988	0,14995458	0,690016194
A_23_P329573	-0,754550829	15,47532708	-1,54237039	0,150010645	0,690048966
A_23_P344481	0,789243708	7,548231489	1,541360073	0,150254381	0,690151376
A_24_P844984	1,051084473	6,942472323	1,540997945	0,150341827	0,690151376
A_19_P00317743	0,902761793	13,98194346	1,540858296	0,150375561	0,690151376
A_23_P18282	-0,74305888	6,934526777	-1,540910204	0,150363021	0,690151376
A_33_P3350086	-0,722838314	6,837639284	-1,541013152	0,150338154	0,690151376
A_33_P3318581	-1,41615723	10,80133265	-1,54144901	0,150232912	0,690151376
A_23_P45488	-0,858954873	10,11313611	-1,541789873	0,150150651	0,690151376
A_23_P23765	0,86384684	10,16301745	1,540163449	0,150543506	0,690385983
A_33_P3224878	0,896835826	10,72912658	1,539707236	0,150653861	0,690385983
A_21_P0014395	0,824259884	7,149122116	1,538053871	0,151054387	0,690385983
A_21_P0000145	0,742901822	8,611705435	1,537939821	0,151082049	0,690385983

A_33_P3414482	0,851797731	14,76783533	1,537476109	0,151194566	0,690385983
A_21_P0000190	0,790091284	7,250775869	1,537062485	0,15129499	0,690385983
A_32_P221822	0,941800258	7,514794873	1,536920346	0,151329513	0,690385983
A_21_P0000307	1,165005595	9,592767654	1,536886332	0,151337775	0,690385983
A_23_P66487	0,770333519	10,79852954	1,536669926	0,151390353	0,690385983
A_33_P3222753	0,739463088	9,71086928	1,536565724	0,151415675	0,690385983
A_23_P109452	0,83095665	10,00546721	1,536444433	0,151445154	0,690385983
A_21_P0000330	0,743329633	7,076956519	1,53593338	0,151569419	0,690385983
A_24_P393372	0,91253047	10,56572484	1,53592712	0,151570942	0,690385983
A_33_P3286422	0,780128949	8,827747742	1,53566247	0,151635328	0,690385983
A_33_P3369039	0,785172169	12,95315264	1,534919401	0,151816233	0,690385983
A_21_P0011318	0,769092883	6,688704112	1,534558058	0,151904272	0,690385983
A_23_P170491	0,805296639	11,27979318	1,53454286	0,151907976	0,690385983
A_23_P64712	0,911340759	7,180232761	1,533961821	0,152049638	0,690385983
A_33_P3407618	1,1280011	7,400590069	1,533875258	0,152070752	0,690385983
A_23_P43276	0,757573255	7,054287348	1,533312242	0,152208145	0,690385983
A_33_P3347937	0,865485128	7,068754728	1,533214636	0,152231974	0,690385983
A_23_P52885	0,748812003	7,075971131	1,533102586	0,152259334	0,690385983
A_23_P16992	0,777537685	8,595857424	1,532463323	0,152415509	0,690385983
A_23_P80098	0,872003898	12,29909424	1,532186039	0,152483293	0,690385983
A_33_P3340424	-0,919332261	12,3717208	-1,532294331	0,152456817	0,690385983
A_24_P173823	-1,359834676	10,99563946	-1,532373038	0,152437577	0,690385983
A_23_P145006	-0,895673173	10,2489172	-1,532447772	0,15241931	0,690385983
A_33_P3329949	-1,023476139	13,03785402	-1,532573517	0,152388578	0,690385983
A_23_P52647	-0,781563923	14,63283496	-1,532893476	0,152310406	0,690385983
A_23_P53162	-1,341487802	11,77259802	-1,533338892	0,152201639	0,690385983
A_21_P0006149	-0,78711985	7,808175961	-1,533519639	0,152157521	0,690385983
A_21_P0010508	-0,773076369	6,9448419	-1,53413961	0,152006279	0,690385983
A_19_P00321851	-1,038771149	10,83053735	-1,53418068	0,151996265	0,690385983
A_21_P0002706	-0,81527576	6,885960898	-1,535073228	0,151778768	0,690385983
A_19_P00802679	-0,747709905	7,750825301	-1,535766902	0,151609918	0,690385983
A_23_P30243	-1,003857819	10,11415456	-1,536627169	0,151400743	0,690385983
A_24_P201064	-0,888391276	11,35353152	-1,537001819	0,151309724	0,690385983
A_23_P311616	-0,893642589	9,877503352	-1,537062555	0,151294973	0,690385983
A_21_P0009165	-1,01187668	7,558334942	-1,53758413	0,151168349	0,690385983
A_24_P935009	-1,187067097	9,839961576	-1,537773717	0,151122345	0,690385983
A_32_P42574	-1,149798685	12,48042247	-1,538441206	0,150960473	0,690385983
A_24_P658427	-1,588831516	10,04385752	-1,539724363	0,150649717	0,690385983
A_33_P3356371	0,744942946	7,3371803	1,531754793	0,152588767	0,690402274
A_33_P3367855	0,904894675	13,94410748	1,531570762	0,152633796	0,690402274
A_33_P3391865	-0,919631347	9,236512915	-1,531874334	0,152559523	0,690402274
A_23_P70095	0,856901621	10,48608287	1,531151967	0,152736311	0,69042297
A_21_P0005367	-0,763435003	6,773909697	-1,531156096	0,1527353	0,69042297
A_24_P215628	0,744439097	8,050213795	1,530606048	0,152870032	0,69054716

A_33_P3217834	0,805485324	13,02245676	1,530440024	0,152910719	0,69054716
A_21_P0014186	-1,182159856	9,710970677	-1,530602878	0,152870809	0,69054716
A_33_P3264379	0,792730701	8,637636719	1,530059346	0,153004047	0,690719828
A_33_P3244347	0,806990864	9,938343561	1,529452572	0,153152906	0,690719828
A_33_P3421203	0,822093526	8,34522077	1,52917903	0,153220054	0,690719828
A_24_P148811	0,855418894	8,085998586	1,529045623	0,153252812	0,690719828
A_23_P117602	0,902402644	10,457001	1,528886512	0,153291889	0,690719828
A_24_P333993	-1,337821503	8,483681924	-1,52904964	0,153251826	0,690719828
A_33_P3309662	-0,971459252	14,40000565	-1,529067629	0,153247408	0,690719828
A_23_P126416	0,838658615	9,416154831	1,52820426	0,153459545	0,690786886
A_23_P93690	0,81492001	15,91172591	1,527713012	0,153580362	0,690786886
A_33_P3219398	0,840113331	8,509823689	1,52730992	0,153679559	0,690786886
A_32_P142440	1,046381718	7,725900264	1,527269074	0,153689614	0,690786886
A_23_P71946	0,84292183	9,871598758	1,527232023	0,153698735	0,690786886
A_33_P3247644	-1,341798141	11,35018966	-1,527246776	0,153695103	0,690786886
A_21_P0002600	-0,771015912	6,542158726	-1,528293203	0,153437679	0,690786886
A_33_P3231247	-0,788877001	6,713814574	-1,528574449	0,153368556	0,690786886
A_21_P0012889	-0,78332854	6,641565568	-1,527002819	0,15375517	0,690820314
A_32_P62211	0,771195245	8,256070594	1,525887546	0,154030032	0,69115763
A_33_P3217103	0,763967463	6,653507929	1,525309609	0,154172633	0,69115763
A_21_P0013108	-0,769916914	7,964929753	-1,525306506	0,154173399	0,69115763
A_23_P379026	-0,889336163	12,54726797	-1,525312473	0,154171926	0,69115763
A_24_P297078	-1,361213992	10,06364174	-1,525432372	0,154142333	0,69115763
A_32_P119616	-1,009829376	11,77789895	-1,526040951	0,1539922	0,69115763
A_23_P71433	-0,766594597	11,513427	-1,526398786	0,153903983	0,69115763
A_23_P146997	0,915074332	9,885637599	1,524778349	0,154303816	0,691231056
A_21_P0000369	1,773795839	13,25375805	1,524256212	0,154432841	0,691231056
A_23_P373708	0,765564825	7,987466645	1,524011274	0,154493399	0,691231056
A_23_P113161	0,992184824	7,611450087	1,523997159	0,15449689	0,691231056
A_33_P3209741	0,997943961	7,851908787	1,523201373	0,154693784	0,691231056
A_23_P32054	0,800649981	8,235676189	1,523038298	0,154734159	0,691231056
A_24_P189458	0,759540355	10,28747623	1,522732737	0,154809836	0,691231056
A_23_P107801	0,889452094	9,381168083	1,522208557	0,154939731	0,691231056
A_23_P169978	0,755387622	6,991533841	1,521361043	0,155149949	0,691231056
A_24_P50245	0,78979952	12,13244118	1,521109808	0,155212313	0,691231056
A_23_P79247	0,758696172	6,694677218	1,521082039	0,155219207	0,691231056
A_23_P152620	2,674434179	11,95788615	1,520662726	0,155323345	0,691231056
A_33_P3335248	0,758889763	9,950448726	1,519041873	0,155726453	0,691231056
A_33_P3257808	0,992667782	10,84051179	1,518879496	0,155766886	0,691231056
A_23_P217528	0,723123227	7,860916497	1,518550586	0,155848814	0,691231056
A_23_P116235	0,778052514	8,607671401	1,518479762	0,155866461	0,691231056
A_32_P195401	0,913458617	9,785347955	1,518144025	0,155950136	0,691231056
A_21_P0007886	-0,751475641	6,917050292	-1,517732304	0,156052802	0,691231056
A_23_P346006	-0,870774214	9,157123407	-1,517889961	0,156013482	0,691231056

A_33_P3289045	-0,732125362	7,519037181	-1,5180695	0,155968715	0,691231056
A_23_P77145	-0,99980818	9,725349896	-1,518292103	0,155913226	0,691231056
A_33_P3303176	-0,778403492	8,826339528	-1,518457346	0,155872046	0,691231056
A_24_P355967	-1,906926071	8,557568848	-1,518604809	0,155835306	0,691231056
A_33_P3255924	-0,850476072	6,761408104	-1,519279272	0,155667355	0,691231056
A_24_P299318	-0,86181716	15,24782309	-1,519696353	0,155563575	0,691231056
A_24_P294124	-0,777427974	11,44493857	-1,51995665	0,155498836	0,691231056
A_23_P38446	-0,794237618	11,86575321	-1,520043938	0,155477132	0,691231056
A_23_P378690	-0,943002453	8,58438263	-1,520779641	0,155294303	0,691231056
A_21_P0011923	-0,776235697	9,308196135	-1,520851631	0,155276422	0,691231056
A_33_P3405213	-1,229435978	12,04900183	-1,521721646	0,155060475	0,691231056
A_33_P3300635	-0,916035679	12,37328492	-1,52180154	0,155040657	0,691231056
A_21_P0010255	-0,845003407	6,995386354	-1,521911323	0,155013429	0,691231056
A_23_P205519	-1,091229678	11,7336722	-1,521958646	0,155001694	0,691231056
A_23_P422831	-0,792437102	6,91088396	-1,522708399	0,154815865	0,691231056
A_21_P0014743	-0,711751003	6,59387782	-1,522856869	0,154779089	0,691231056
A_23_P259344	-0,760186888	8,24153524	-1,523540292	0,154609902	0,691231056
A_33_P3386547	-0,787882166	6,893348227	-1,524560861	0,154357548	0,691231056
A_32_P148345	-0,745385567	6,930101103	-1,524636226	0,154338927	0,691231056
A_33_P3228757	0,827520619	9,482724827	1,517386266	0,156139134	0,69134133
A_23_P118	0,732983398	7,857961626	1,517239482	0,156175767	0,69134133
A_23_P393686	-0,711911352	6,707163048	-1,517033175	0,156227268	0,691352243
A_21_P0013096	1,173449948	7,464364839	1,516122866	0,156454684	0,691756362
A_19_P00315718	-0,721385581	11,77249449	-1,515686063	0,156563909	0,691756362
A_19_P00317360	-1,317310546	12,37915136	-1,515830565	0,156527768	0,691756362
A_21_P0014907	-0,959087954	7,947678504	-1,515877141	0,156516121	0,691756362
A_23_P202156	-0,818843377	8,254638793	-1,515974096	0,156491878	0,691756362
A_23_P109333	0,776772055	13,1662969	1,515471171	0,156617668	0,691777098
A_23_P143748	0,913636055	12,70129587	1,515265322	0,156669179	0,691787897
A_33_P3269408	-0,847374198	15,97371318	-1,514873049	0,156767381	0,691788204
A_23_P73457	-1,264975835	14,99571831	-1,515016722	0,156731408	0,691788204
A_21_P0004750	1,623393571	10,87022896	1,514511899	0,156857839	0,691970799
A_21_P0005770	-0,759681911	6,585940389	-1,514154202	0,156947476	0,69214966
A_23_P370989	0,927963965	11,39643516	1,512609086	0,15733518	0,692215936
A_23_P74344	0,747228106	9,71058374	1,512299497	0,157412962	0,692215936
A_24_P114438	0,753683547	7,110551649	1,511941885	0,15750285	0,692215936
A_23_P63655	0,720528677	12,27526185	1,51153654	0,157604789	0,692215936
A_19_P00326179	0,810032364	7,541344363	1,510594014	0,157842042	0,692215936
A_23_P60537	0,763875495	11,65775675	1,510057627	0,157977199	0,692215936
A_33_P3272117	0,761922824	9,999279005	1,508886758	0,158272574	0,692215936
A_21_P0013952	1,142801783	9,897593091	1,507742081	0,1585618	0,692215936
A_33_P3620832	3,154426308	8,635806341	1,507485302	0,158626743	0,692215936
A_32_P755542	0,807313464	11,39616996	1,50654523	0,158864694	0,692215936
A_21_P0012206	0,737639299	7,155051366	1,5064744	0,158882635	0,692215936

A_23_P103361	0,766706872	6,877788558	1,506217047	0,158947836	0,692215936
A_23_P129118	0,779985074	11,31317306	1,506012153	0,158999763	0,692215936
A_33_P3290303	0,746668945	6,987415419	1,50505535	0,15924244	0,692215936
A_23_P169154	0,79558708	8,781475612	1,503859159	0,159546282	0,692215936
A_21_P0000473	0,706092075	7,752645513	1,503099069	0,159739608	0,692215936
A_23_P98431	0,866640117	13,64028962	1,502765776	0,159824443	0,692215936
A_21_P0004944	0,871382213	6,929552899	1,502555226	0,159878056	0,692215936
A_24_P935782	0,739062423	8,462940218	1,502331408	0,159935064	0,692215936
A_23_P423074	0,715264393	7,481350408	1,5022619	0,159952771	0,692215936
A_33_P3349045	0,71133182	7,953935791	1,501606463	0,160119832	0,692215936
A_33_P3220247	0,71005162	6,70537133	1,501441728	0,160161843	0,692215936
A_23_P405531	0,744766274	12,0513491	1,501438288	0,160162721	0,692215936
A_33_P3315874	0,775282464	14,22514327	1,501161302	0,160233381	0,692215936
A_33_P3217119	0,705698443	7,172300554	1,500086056	0,160507935	0,692215936
A_33_P3408054	0,979673417	13,33248367	1,500012078	0,160526839	0,692215936
A_21_P0010686	0,776841581	7,532463087	1,499549125	0,160645186	0,692215936
A_33_P3888629	1,196560587	8,497048023	1,499188634	0,160737391	0,692215936
A_33_P3382162	0,763171435	11,81214764	1,499097086	0,160760814	0,692215936
A_33_P3291831	1,012546532	10,05893318	1,499003711	0,160784708	0,692215936
A_23_P68949	0,860458198	13,86818579	1,498999652	0,160785746	0,692215936
A_33_P3332018	0,942915265	8,153580356	1,498805057	0,160835551	0,692215936
A_33_P3325665	0,89831259	7,451337414	1,497911949	0,161064303	0,692215936
A_33_P3245321	0,778754605	10,14790456	1,497290122	0,161223735	0,692215936
A_33_P3298430	0,831180521	7,916261518	1,497200785	0,161246652	0,692215936
A_21_P0013832	0,756304926	7,119566022	1,497099207	0,161272712	0,692215936
A_23_P1352	0,885678367	6,948179169	1,496717432	0,16137069	0,692215936
A_21_P0007055	0,815677142	6,746935166	1,496646322	0,161388945	0,692215936
A_21_P0011476	0,741982946	9,829522587	1,496153366	0,161515543	0,692215936
A_33_P3298111	0,752910996	6,713488538	1,496013989	0,161551352	0,692215936
A_21_P0000231	0,771243306	8,258557477	1,495820597	0,16160105	0,692215936
A_24_P210829	0,871902016	10,64589719	1,494925134	0,16183134	0,692215936
A_33_P3407524	0,747601747	7,705885976	1,494161862	0,162027855	0,692215936
A_33_P3414487	0,761271657	13,17619232	1,49411735	0,162039321	0,692215936
A_24_P190168	0,92655249	12,68923098	1,493906074	0,162093756	0,692215936
A_33_P3360525	0,738088454	8,278887711	1,493699657	0,162146955	0,692215936
A_23_P7941	0,778864199	8,709488183	1,492960745	0,162337512	0,692215936
A_21_P0000006	0,938776022	13,79525984	1,492687204	0,162408104	0,692215936
A_23_P105592	0,797347802	13,81217156	1,492306837	0,162506307	0,692215936
A_23_P416036	0,820119189	10,14657498	1,492114383	0,162556015	0,692215936
A_33_P3334225	0,724984596	12,79795321	1,491614897	0,162685084	0,692215936
A_21_P0014162	1,040051915	7,918431282	1,491151038	0,162805025	0,692215936
A_24_P159635	-0,84269662	9,815586592	-1,49125896	0,162777112	0,692215936
A_21_P0014330	-0,862012708	7,815192524	-1,491269053	0,162774502	0,692215936
A_23_P127891	-2,119950562	9,443031355	-1,491395164	0,162741891	0,692215936

A_21_P0002824	-0,746609136	6,735670852	-1,491712011	0,162659982	0,692215936
A_33_P3319760	-1,500274036	13,10159752	-1,492409091	0,162479902	0,692215936
A_23_P134835	-0,800900758	7,681639432	-1,492839346	0,162368838	0,692215936
A_33_P3222069	-0,922230222	11,71932298	-1,492916957	0,162348811	0,692215936
A_33_P3360341	-1,052348956	7,199129891	-1,493029998	0,162319644	0,692215936
A_33_P3354256	-0,95656914	8,991341227	-1,493176253	0,162281915	0,692215936
A_23_P145777	-0,968773641	16,36771904	-1,493257032	0,16226108	0,692215936
A_33_P3244803	-0,717360929	13,2287163	-1,493403357	0,162223344	0,692215936
A_23_P141021	-0,722985491	10,95515852	-1,49385015	0,162108168	0,692215936
A_33_P3423979	-0,763163709	8,194610416	-1,49436017	0,161976778	0,692215936
A_19_P00805339	-0,736037775	6,646834861	-1,494428725	0,161959124	0,692215936
A_21_P0008061	-0,743865812	6,556195492	-1,494753048	0,161875628	0,692215936
A_21_P0003681	-0,874931248	9,154595326	-1,494800648	0,161863376	0,692215936
A_33_P3244026	-0,740616034	11,53428387	-1,495793423	0,161608035	0,692215936
A_23_P153628	-0,940432439	11,9693303	-1,495939008	0,161570619	0,692215936
A_21_P0012261	-0,735088121	6,41379342	-1,496145106	0,161517665	0,692215936
A_23_P141180	-0,884686794	11,28819948	-1,496812271	0,161346346	0,692215936
A_23_P56709	-1,003302338	11,0908421	-1,496864905	0,161332836	0,692215936
A_33_P3369153	-0,817233656	10,16818668	-1,49726473	0,161230249	0,692215936
A_33_P3383029	-0,967955013	9,849387087	-1,498291585	0,160967033	0,692215936
A_23_P26325	-0,75522447	7,324081393	-1,49846645	0,160922246	0,692215936
A_23_P109427	-0,749723814	8,65242338	-1,498683392	0,160866697	0,692215936
A_33_P3424297	-0,959090245	12,15823065	-1,499085964	0,16076366	0,692215936
A_23_P69720	-0,705037793	14,13840948	-1,499123666	0,160754013	0,692215936
A_21_P0012872	-0,820414679	8,38505114	-1,499793708	0,160582653	0,692215936
A_23_P119634	-1,000705367	7,372462067	-1,499936672	0,16054611	0,692215936
A_21_P0010449	-0,876993419	6,88248551	-1,500043864	0,160518716	0,692215936
A_23_P90014	-0,988900862	10,90940476	-1,500175416	0,160485102	0,692215936
A_33_P3338928	-1,13602308	12,5942776	-1,500604006	0,160375631	0,692215936
A_33_P3251369	-0,847074287	10,35389249	-1,501166944	0,160231942	0,692215936
A_23_P153745	-1,023882293	14,96006934	-1,501328005	0,160190851	0,692215936
A_21_P0010507	-0,854640518	6,838782567	-1,501828882	0,160063124	0,692215936
A_21_P0004535	-0,753621879	6,892300198	-1,501927251	0,160038049	0,692215936
A_24_P320163	-0,723284041	6,720825703	-1,50293112	0,159782352	0,692215936
A_33_P3414912	-0,719652555	8,280058528	-1,503465274	0,15964644	0,692215936
A_23_P108948	-0,901876673	8,745893675	-1,50349319	0,159639339	0,692215936
A_23_P212792	-0,80212359	11,54023813	-1,503642748	0,159601304	0,692215936
A_21_P0011142	-0,783545562	13,64160551	-1,503688766	0,159589603	0,692215936
A_33_P3360942	-0,86705592	9,3302117	-1,504887739	0,159284985	0,692215936
A_24_P336983	-0,712771542	6,980968034	-1,505314193	0,159176758	0,692215936
A_23_P204286	-1,007371796	6,883733753	-1,506617765	0,158846323	0,692215936
A_24_P151032	-1,1481468	9,618818958	-1,506749713	0,15881291	0,692215936
A_23_P357546	-1,193142033	9,900350868	-1,506870449	0,15878234	0,692215936
A_21_P0008005	-0,839811328	6,942426911	-1,507202777	0,158698224	0,692215936

A_33_P3332130	-1,150552595	13,12889971	-1,507881559	0,158526534	0,692215936
A_23_P7402	-0,760384258	7,145629359	-1,508031247	0,158488694	0,692215936
A_23_P47517	-0,735422365	12,19950201	-1,508037142	0,158487204	0,692215936
A_33_P3378509	-0,828618042	11,64329061	-1,508689115	0,15832248	0,692215936
A_19_P00317612	-0,901855014	7,168217051	-1,508872754	0,15827611	0,692215936
A_24_P114249	-0,787198836	8,798139408	-1,509456386	0,158128815	0,692215936
A_23_P361940	-0,905783466	12,58230342	-1,509862742	0,158026329	0,692215936
A_23_P143551	-0,991203228	11,74179396	-1,509870751	0,15802431	0,692215936
A_33_P3237894	-0,722264821	6,712324787	-1,509905927	0,158015441	0,692215936
A_19_P00324839	-1,07121131	12,37050196	-1,510020517	0,157986553	0,692215936
A_23_P371239	-0,974273905	12,08601058	-1,510782366	0,157794606	0,692215936
A_23_P144096	-0,775801829	13,33132051	-1,511226745	0,157682737	0,692215936
A_32_P74712	-1,002553378	10,92001157	-1,511668205	0,157571671	0,692215936
A_32_P220715	-0,723329432	11,78763968	-1,511679316	0,157568876	0,692215936
A_33_P3384562	-0,897993228	12,59193966	-1,512146715	0,157451359	0,692215936
A_33_P3212555	-1,285873159	8,816572473	-1,512604577	0,157336313	0,692215936
A_33_P3290667	-0,975574138	10,63967448	-1,512774459	0,157293645	0,692215936
A_33_P3291484	-0,795734208	10,27388911	-1,513257793	0,157172305	0,692215936
A_23_P118203	-0,834042135	9,701822559	-1,513479831	0,15711659	0,692215936
A_23_P24004	-0,853321665	10,23514533	-1,513653379	0,157073054	0,692215936
A_23_P428842	0,896952718	11,45202241	1,490926246	0,162863177	0,692221072
A_33_P3236157	0,852903903	13,9273057	1,49004772	0,163090616	0,692221072
A_24_P237753	0,776860117	8,790309074	1,489718502	0,163175916	0,692221072
A_24_P339429	1,497486093	9,297033818	1,487953527	0,163633871	0,692221072
A_33_P3357658	0,796887144	6,690624213	1,487716068	0,163695568	0,692221072
A_33_P3587376	1,879039225	12,45975047	1,487562734	0,163735418	0,692221072
A_33_P3250289	0,740681516	7,96191175	1,486802839	0,163933029	0,692221072
A_32_P35969	0,84161256	10,08929236	1,486727772	0,163952561	0,692221072
A_24_P179903	0,797028263	12,75833874	1,485489127	0,164275141	0,692221072
A_23_P73150	0,835488899	8,388552196	1,485341079	0,164313733	0,692221072
A_23_P36157	0,987446968	10,19598673	1,485331952	0,164316113	0,692221072
A_23_P60472	0,877676479	11,95722966	1,485285415	0,164328245	0,692221072
A_21_P0009066	-0,721895849	6,56822356	-1,485317533	0,164319872	0,692221072
A_23_P111132	-0,748738319	14,08318756	-1,485365208	0,164307443	0,692221072
A_24_P98249	-1,070465822	11,88150358	-1,485783793	0,164198352	0,692221072
A_23_P409462	-0,705296334	7,27419594	-1,485905681	0,164166597	0,692221072
A_21_P0012324	-0,763768606	6,860273607	-1,486576419	0,163991949	0,692221072
A_33_P3403576	-0,823727963	13,32088904	-1,486753224	0,163945938	0,692221072
A_23_P354547	-0,735334568	7,929820615	-1,486912856	0,163904406	0,692221072
A_23_P106675	-0,694078187	11,33721479	-1,487018607	0,163876897	0,692221072
A_33_P3424872	-0,710865059	6,424531869	-1,487059479	0,163866267	0,692221072
A_33_P3404047	-0,745387064	8,879284788	-1,487125363	0,163849131	0,692221072
A_33_P3323842	-0,720682572	7,164303543	-1,487766021	0,163682587	0,692221072
A_23_P97532	-0,737513263	9,983655794	-1,487832168	0,1636654	0,692221072

A_23_P88381	-0,729804025	10,38927785	-1,487873618	0,163654631	0,692221072
A_23_P64058	-0,832659445	15,84921546	-1,488843327	0,163402859	0,692221072
A_33_P3344831	-1,304130387	10,27216397	-1,489110807	0,163333347	0,692221072
A_33_P3377045	-0,91930239	9,432751663	-1,489185323	0,163314144	0,692221072
A_23_P30435	-0,699789993	12,80141747	-1,48990144	0,163128512	0,692221072
A_24_P245379	-0,732894999	7,418110955	-1,490229972	0,163043411	0,692221072
A_33_P3277728	-0,731716351	7,772086366	-1,490375468	0,163005735	0,692221072
A_33_P3372886	0,827967775	10,7287901	1,484736778	0,164471339	0,692437583
A_21_P0004593	0,801575538	10,34116328	1,484711754	0,164477868	0,692437583
A_23_P123256	0,885786099	11,17925411	1,484109103	0,164635178	0,692570235
A_24_P96780	0,829088334	10,12202606	1,483800655	0,164715742	0,692570235
A_33_P3254335	0,937401731	10,10508078	1,483695116	0,164743315	0,692570235
A_23_P52939	0,818706727	10,55526024	1,483152017	0,164885269	0,692570235
A_33_P3391796	0,795334875	7,477366536	1,48291799	0,164946471	0,692570235
A_33_P3411414	0,737642676	8,404606995	1,482795727	0,164978452	0,692570235
A_21_P0008873	0,71809615	6,804877996	1,482519481	0,165050732	0,692570235
A_21_P0000501	1,653459811	9,250875006	1,482148036	0,165147963	0,692570235
A_23_P43846	-0,708198809	7,077634416	-1,482291433	0,165110421	0,692570235
A_33_P3295358	-0,754312401	7,242227823	-1,482533291	0,165047118	0,692570235
A_23_P129829	-0,754027082	13,58783079	-1,48306307	0,164908528	0,692570235
A_21_P0008194	-0,696724068	6,348945986	-1,483423467	0,164814305	0,692570235
A_23_P30547	-0,844834494	13,26601263	-1,484126084	0,164630744	0,692570235
A_21_P0000714	0,968893443	13,55339118	1,481493049	0,165319534	0,693083589
A_33_P3320368	0,761750926	13,17747716	1,481010823	0,165445948	0,693289803
A_33_P3351524	1,03937521	10,30307511	1,480930291	0,165467068	0,693289803
A_33_P3423949	1,038586751	9,848927933	1,480740549	0,165516836	0,693292296
A_23_P60627	-0,791948382	7,870706143	-1,480518151	0,165575186	0,693330725
A_21_P0004858	0,821318484	7,008464013	1,479963036	0,165720907	0,693668229
A_23_P334751	0,962277633	10,92128698	1,479610432	0,165813524	0,693668229
A_21_P0000239	0,75874176	7,752065752	1,479303003	0,165894312	0,693668229
A_32_P210252	0,81895241	15,06443184	1,47814648	0,166198529	0,693668229
A_33_P3346302	0,781584807	10,01926471	1,477816148	0,166285508	0,693668229
A_23_P20894	0,733526249	8,195300352	1,477756499	0,166301218	0,693668229
A_19_P00811038	0,819268997	7,508121243	1,477553017	0,16635482	0,693668229
A_23_P52127	0,735251343	12,82670286	1,476155048	0,166723478	0,693668229
A_23_P215658	0,788499256	11,70706646	1,476056848	0,1667494	0,693668229
A_21_P0011419	0,883468686	7,505002351	1,475258109	0,166960375	0,693668229
A_33_P3305023	0,889092921	8,452935657	1,474991355	0,167030885	0,693668229
A_23_P407565	0,726283618	10,96588787	1,474791266	0,16708379	0,693668229
A_23_P302654	1,084536907	9,791692679	1,474712963	0,167104498	0,693668229
A_24_P222997	1,01557405	8,771695161	1,474487253	0,167164201	0,693668229
A_21_P0010724	0,734983312	7,267237475	1,473999543	0,167293269	0,693668229
A_21_P0011743	0,720143474	9,338011056	1,473890785	0,167322062	0,693668229
A_23_P4611	0,943728803	11,82369141	1,47388885	0,167322574	0,693668229

A_23_P216679	-0,914046015	7,411310034	-1,473866168	0,16732858	0,693668229
A_24_P174824	-0,75000557	11,71795165	-1,47429141	0,167216019	0,693668229
A_33_P3375934	-0,74300322	10,50835382	-1,475015173	0,167024588	0,693668229
A_33_P3408529	-0,74801683	6,67370312	-1,475778622	0,166822864	0,693668229
A_21_P0013940	-0,812707378	6,599411803	-1,475783003	0,166821707	0,693668229
A_24_P76879	-0,794708697	11,16745045	-1,47586809	0,166799237	0,693668229
A_21_P0002946	-0,776772803	6,645734308	-1,475900277	0,166790738	0,693668229
A_21_P0013622	-0,76497489	7,091261858	-1,476040898	0,166753611	0,693668229
A_21_P0011713	-0,728921372	7,81083131	-1,476157375	0,166722863	0,693668229
A_24_P62615	-0,96567023	13,78592385	-1,47621608	0,166707368	0,693668229
A_33_P3306327	-0,792108169	12,43268352	-1,476414478	0,166655011	0,693668229
A_24_P215804	-0,803839525	7,750981126	-1,476447282	0,166646355	0,693668229
A_24_P178175	-0,709075958	9,597948404	-1,476979624	0,166505945	0,693668229
A_24_P202840	-0,794418657	8,303741093	-1,477773266	0,166296802	0,693668229
A_19_P00321063	-0,711193982	8,974747668	-1,478083204	0,166215187	0,693668229
A_32_P178499	-0,700129744	8,643719036	-1,478183362	0,16618882	0,693668229
A_23_P134851	-0,895876195	10,82052027	-1,478931735	0,16599192	0,693668229
A_24_P166407	0,876316264	13,74234858	1,473502452	0,167424906	0,69380019
A_21_P0011288	0,745785556	7,13746672	1,472984167	0,167562249	0,69380019
A_24_P144163	0,79019395	13,64658668	1,472732658	0,167628933	0,69380019
A_23_P82975	0,967658013	8,564645799	1,472646175	0,167651868	0,69380019
A_23_P121144	0,697949173	6,671488522	1,472600083	0,167664092	0,69380019
A_23_P27810	0,754844182	9,215876347	1,472446329	0,167704876	0,69380019
A_23_P79836	-0,871277006	12,82651799	-1,473340706	0,167467758	0,69380019
A_21_P0000095	0,751160873	8,623264325	1,472245648	0,16775812	0,693816877
A_23_P211106	0,744410336	8,893712931	1,471979958	0,167828634	0,69390496
A_23_P309837	-1,117615517	9,84802796	-1,471384774	0,167986688	0,694354825
A_33_P3423941	-0,838003659	15,4090761	-1,470171386	0,1683093	0,695280639
A_33_P3408762	-1,200049917	13,29672775	-1,470251399	0,16828801	0,695280639
A_24_P385313	-1,189719449	8,205302402	-1,469736588	0,168425031	0,695351249
A_21_P0011833	-0,761724549	7,013612156	-1,46986429	0,168391034	0,695351249
A_33_P3368945	0,817875449	6,915483913	1,46915474	0,168580009	0,695523993
A_32_P21474	0,707936044	7,422270996	1,469023932	0,168614867	0,695523993
A_23_P79251	-1,773035541	10,06593468	-1,469225043	0,168561277	0,695523993
A_24_P238257	0,691163806	6,471619584	1,46781137	0,168938285	0,69620579
A_24_P215765	0,936138267	9,763383475	1,467279897	0,169080207	0,69620579
A_23_P88630	0,817159307	12,15093173	1,467242203	0,169090277	0,69620579
A_33_P3351290	0,702570585	6,909937994	1,466706133	0,169233536	0,69620579
A_23_P35467	0,850404527	10,80637418	1,465896653	0,169450058	0,69620579
A_21_P0000207	0,71316773	9,622173423	1,465012057	0,169686941	0,69620579
A_24_P9321	0,873076694	11,58987145	1,464903737	0,169715967	0,69620579
A_33_P3212994	0,775235798	11,87462527	1,464896131	0,169718005	0,69620579
A_23_P206441	0,809693692	10,19490954	1,464733891	0,169761488	0,69620579
A_33_P3225487	0,771539352	10,3840783	1,46427305	0,169885053	0,69620579

A_33_P3247624	0,71809602	7,637616027	1,464004795	0,169957015	0,69620579
A_23_P435941	0,708007494	9,640108656	1,463742638	0,170027366	0,69620579
A_21_P0000244	0,894286027	9,129742477	1,463456961	0,170104057	0,69620579
A_33_P3290914	1,045323371	10,59082397	1,463279968	0,170151586	0,69620579
A_21_P0011696	0,928128166	8,358397413	1,462110938	0,170465798	0,69620579
A_23_P13065	0,749978991	9,622807975	1,461769228	0,170557735	0,69620579
A_24_P935881	0,706497369	11,65560664	1,46135712	0,17066867	0,69620579
A_23_P64560	0,724001085	9,688590065	1,46121862	0,170705966	0,69620579
A_33_P3381092	-0,747358067	6,828772421	-1,461490965	0,170632634	0,69620579
A_33_P3379939	-1,070756464	15,4951307	-1,46161559	0,170599086	0,69620579
A_21_P0002494	-0,793384466	7,099183159	-1,461628558	0,170595595	0,69620579
A_33_P3282898	-0,995794986	8,566885582	-1,461956172	0,170507433	0,69620579
A_24_P322635	-0,723025897	11,56858527	-1,462225028	0,170435111	0,69620579
A_23_P202334	-0,950925771	8,53986481	-1,462377419	0,17039413	0,69620579
A_21_P0013107	-0,68474839	6,719129526	-1,462534641	0,170351858	0,69620579
A_21_P0012669	-0,705463842	7,842164731	-1,462904672	0,170252405	0,69620579
A_21_P0011010	-0,709018204	11,96938191	-1,463338404	0,170135893	0,69620579
A_23_P122915	-0,716071614	14,76004654	-1,463377161	0,170125485	0,69620579
A_23_P327777	-0,722618625	7,406696622	-1,463879338	0,169990679	0,69620579
A_23_P125233	-0,749679217	7,085398699	-1,464574189	0,1698043	0,69620579
A_23_P338479	-1,207415477	8,647905214	-1,464579061	0,169802994	0,69620579
A_23_P215227	-0,984327305	11,8970283	-1,464848	0,169730904	0,69620579
A_23_P218131	-0,825344026	11,00380537	-1,464924986	0,169710273	0,69620579
A_21_P0000069	-0,878681589	7,120903483	-1,465832004	0,169467361	0,69620579
A_21_P0010465	-0,811373622	7,259708987	-1,466688607	0,169238222	0,69620579
A_33_P3319502	-1,186100222	12,32332327	-1,466842352	0,169197123	0,69620579
A_23_P45524	-1,209560432	15,11722816	-1,467083663	0,169132634	0,69620579
A_23_P27515	-0,995639127	13,34659126	-1,467482264	0,169026156	0,69620579
A_23_P58953	-0,987730623	11,87693963	-1,467639495	0,168984171	0,69620579
A_33_P3366336	0,817084834	7,181224467	1,460386204	0,170930271	0,696277188
A_33_P3266444	0,723344591	10,55538702	1,458590514	0,171414993	0,696277188
A_23_P28590	0,815101914	11,32760454	1,458193952	0,171522197	0,696277188
A_23_P254271	0,926820315	14,31861576	1,457912666	0,171598273	0,696277188
A_23_P141315	1,0750919	10,06778589	1,457720122	0,171650364	0,696277188
A_21_P0010220	1,009692878	8,1661168	1,4576044	0,171681678	0,696277188
A_21_P0000230	0,689850343	7,138734649	1,457452861	0,171722691	0,696277188
A_24_P173754	0,895892569	9,799189341	1,45681715	0,171894834	0,696277188
A_33_P3365087	0,723236521	6,802273661	1,456392315	0,172009956	0,696277188
A_23_P208310	0,852341974	9,496472586	1,456202925	0,172061298	0,696277188
A_23_P47790	0,817396888	10,09988266	1,455722204	0,172191675	0,696277188
A_33_P3296205	-0,881721108	14,17995321	-1,455673024	0,172205018	0,696277188
A_23_P50276	-0,865716552	9,065385568	-1,455745878	0,172185253	0,696277188
A_23_P502553	-0,773773245	11,70382381	-1,455871612	0,172151145	0,696277188
A_23_P256172	-0,921555117	15,30877135	-1,456068325	0,172097795	0,696277188

A_23_P133470	-0,761890006	11,16668651	-1,456211278	0,172059033	0,696277188
A_33_P3338413	-0,697935182	6,792628371	-1,456699824	0,17192662	0,696277188
A_33_P3281695	-0,714556661	9,304982232	-1,456879347	0,171877985	0,696277188
A_33_P3377130	-1,128499269	10,6988819	-1,457456577	0,171721685	0,696277188
A_24_P335620	-0,980811688	12,25020395	-1,457478211	0,17171583	0,696277188
A_21_P0005579	-1,239052506	8,931567621	-1,457819361	0,171623514	0,696277188
A_21_P0000818	-0,737257885	8,047412745	-1,457876042	0,17160818	0,696277188
A_33_P3851788	-0,904175205	8,582173226	-1,457886327	0,171605398	0,696277188
A_24_P410408	-0,821500424	7,975899586	-1,45809856	0,171547993	0,696277188
A_23_P217319	-0,834913184	6,846773126	-1,458710571	0,171382549	0,696277188
A_23_P71752	-0,941497067	13,80415549	-1,459212339	0,171247008	0,696277188
A_23_P138574	-0,753470807	9,263903942	-1,459464971	0,1711788	0,696277188
A_32_P420563	-0,757234233	8,720279966	-1,459520051	0,171163932	0,696277188
A_24_P416131	-0,747773394	15,12670544	-1,459868766	0,171069827	0,696277188
A_33_P3480395	-0,828090439	9,103131312	-1,460229552	0,170972511	0,696277188
A_24_P110082	0,730233809	14,92122338	1,455260613	0,172316944	0,696330349
A_33_P3738458	-0,848216209	9,241543843	-1,455283914	0,172310618	0,696330349
A_21_P0005280	0,700971163	6,884725044	1,454162616	0,172615233	0,696345792
A_23_P89812	0,714279962	10,8008206	1,453355556	0,172834762	0,696345792
A_24_P127691	0,744184528	7,095110921	1,453259731	0,172860844	0,696345792
A_33_P3313221	0,7483752	7,770176944	1,453158035	0,172888527	0,696345792
A_21_P0005145	-0,684154061	6,316454948	-1,453066518	0,172913442	0,696345792
A_21_P0006502	-0,943755944	10,59922396	-1,453232504	0,172868255	0,696345792
A_33_P3223116	-0,892769807	8,957311266	-1,453387687	0,172826018	0,696345792
A_23_P156697	-1,00695527	9,14166756	-1,453874015	0,172693708	0,696345792
A_33_P3305526	-0,690387577	6,579675954	-1,454282032	0,17258277	0,696345792
A_23_P73660	-1,069951035	10,51569276	-1,454427392	0,172543262	0,696345792
A_23_P101392	-0,721359752	7,686774681	-1,454542567	0,172511963	0,696345792
A_33_P3307177	-0,741843506	8,321379083	-1,454850835	0,172428215	0,696345792
A_23_P19333	-0,815645672	7,679623993	-1,452765906	0,172995304	0,696476526
A_24_P245246	0,684333211	13,53634138	1,452383009	0,173099622	0,696618676
A_32_P42054	0,755605112	11,52218472	1,452273631	0,173129431	0,696618676
A_23_P130194	0,82455472	13,5307927	1,451892364	0,173233372	0,696710039
A_21_P0007679	0,764139254	7,061402369	1,451676847	0,17329215	0,696710039
A_32_P216426	0,825108758	13,64085331	1,451411833	0,17336445	0,696710039
A_21_P0000270	1,158788322	9,31113787	1,450736476	0,173548815	0,696710039
A_33_P3242952	0,709044563	9,545951231	1,450473177	0,173620737	0,696710039
A_33_P3839760	0,822668046	13,73296379	1,450372698	0,17364819	0,696710039
A_33_P3276369	0,766270653	9,445165273	1,450357505	0,173652342	0,696710039
A_33_P3227842	0,756825847	7,600840818	1,45013027	0,173714443	0,696710039
A_23_P151267	-0,830962852	11,03323514	-1,450018032	0,173745123	0,696710039
A_23_P218988	-0,855044844	11,62225738	-1,450668149	0,173567476	0,696710039
A_33_P3889862	-0,707956767	7,025873926	-1,451041192	0,17346561	0,696710039
A_33_P3398156	-0,717499103	6,617534451	-1,451137743	0,173439253	0,696710039

A_23_P350895	0,736652982	7,119299774	1,449482029	0,173891705	0,697099557
A_23_P47484	-0,735276813	7,127599388	-1,449205721	0,173967307	0,697204397
A_23_P150903	-0,873271807	10,37415876	-1,448826944	0,174070993	0,69722356
A_23_P151662	-1,008691057	12,26328142	-1,448865876	0,174060334	0,69722356
A_21_P0014804	0,70037645	6,906506546	1,448606499	0,174131361	0,697267272
A_23_P83453	0,75353287	11,46379232	1,447882422	0,174329772	0,697487657
A_33_P3272080	0,691827924	9,392737093	1,4473229	0,174483223	0,697487657
A_23_P414654	-0,732541698	14,95437946	-1,44735078	0,174475574	0,697487657
A_33_P3251685	-0,842206729	9,02470779	-1,447455484	0,174446851	0,697487657
A_21_P0013880	-0,69287738	6,770544669	-1,447762374	0,174362686	0,697487657
A_21_P0002421	-0,816993594	6,797527927	-1,448145965	0,174257535	0,697487657
A_24_P393844	0,900243086	10,58962288	1,446301013	0,174763775	0,697905144
A_21_P0008920	0,695410442	7,258186741	1,4460315	0,174837831	0,697905144
A_33_P3237096	0,708200124	9,351498351	1,445734735	0,174919406	0,697905144
A_23_P14302	0,67731107	13,06009003	1,445327727	0,175031338	0,697905144
A_24_P253818	0,721455934	7,588997629	1,445143438	0,175082039	0,697905144
A_21_P0004548	0,855678057	7,931771346	1,444912773	0,175145517	0,697905144
A_19_P00800549	0,6810546	14,31522454	1,444604569	0,175230363	0,697905144
A_33_P3369567	0,72590994	9,693212454	1,444458706	0,17527053	0,697905144
A_33_P3273148	0,776042041	11,89376295	1,444367284	0,17529571	0,697905144
A_23_P414958	0,917850718	8,957679368	1,444114473	0,175365355	0,697905144
A_21_P0009055	0,722216507	6,907022617	1,443675376	0,175486374	0,697905144
A_33_P3210860	0,863259157	9,361719193	1,443465258	0,175544309	0,697905144
A_24_P77904	0,775948477	8,81189817	1,442816915	0,175723178	0,697905144
A_24_P417460	3,442648641	9,251644771	1,442384119	0,175842665	0,697905144
A_21_P0014378	0,719270231	7,107199469	1,442375723	0,175844984	0,697905144
A_23_P329152	0,694965621	12,23813722	1,441920432	0,175970758	0,697905144
A_33_P3260125	0,838757081	7,646320303	1,441887108	0,175979967	0,697905144
A_21_P0007548	-0,899648272	8,539008983	-1,441551714	0,176072672	0,697905144
A_23_P213385	-0,686085487	15,1278915	-1,441721387	0,176025768	0,697905144
A_21_P0012079	-0,827421705	16,68388015	-1,441754131	0,176016717	0,697905144
A_33_P3263274	-0,79658034	14,16628536	-1,442134491	0,175911615	0,697905144
A_21_P0014149	-0,862098424	8,296569322	-1,442326732	0,175858514	0,697905144
A_23_P78802	-0,829537957	10,94852699	-1,442407717	0,175836149	0,697905144
A_21_P0012453	-1,164893538	8,821125407	-1,442704592	0,175754182	0,697905144
A_21_P0004211	-0,690338362	6,698746425	-1,442728098	0,175747693	0,697905144
A_23_P109928	-1,070388832	12,87671236	-1,443143651	0,175633017	0,697905144
A_21_P0003187	-0,73006432	6,914036764	-1,443760779	0,17546283	0,697905144
A_19_P00322371	-0,923143009	11,47715864	-1,443819028	0,175446774	0,697905144
A_21_P0001902	-0,8958692	10,11710592	-1,443847543	0,175438915	0,697905144
A_33_P3286774	-0,720940031	7,04807516	-1,444546917	0,175246238	0,697905144
A_23_P12189	0,72892845	11,04465656	1,441070151	0,176205851	0,698236733
A_33_P3383955	0,740707463	9,894590427	1,440523742	0,176357067	0,698333998
A_33_P3235766	0,819362907	10,45355692	1,440497855	0,176364234	0,698333998

A_33_P3529860	1,059892417	9,733359697	1,440266592	0,17642827	0,698333998
A_24_P254705	0,766727999	7,237593085	1,440123908	0,176467789	0,698333998
A_19_P00321284	0,70809213	7,131674073	1,439988396	0,176505328	0,698333998
A_33_P3306110	0,711861215	7,335027569	1,439768807	0,176566172	0,698333998
A_23_P66798	2,045955297	9,049648743	1,439182538	0,176728704	0,698333998
A_33_P3268618	0,883501347	10,11213506	1,438528912	0,176910058	0,698333998
A_24_P246963	0,72473886	10,18198231	1,437905784	0,177083096	0,698333998
A_33_P3390873	0,800387444	15,0429592	1,437797328	0,177113229	0,698333998
A_33_P3265159	0,720765934	8,438132032	1,437745677	0,17712758	0,698333998
A_23_P143935	0,751646297	10,41833794	1,437683345	0,177144901	0,698333998
A_21_P0003733	-1,064472822	8,018501282	-1,437587702	0,177171481	0,698333998
A_21_P0008778	-0,778426661	7,093770752	-1,43769154	0,177142624	0,698333998
A_21_P0006706	-0,683662735	6,720773231	-1,438449918	0,176931986	0,698333998
A_23_P150979	-0,865117155	7,248551071	-1,438495407	0,176919358	0,698333998
A_21_P0006762	-0,759299591	6,689329193	-1,438663689	0,17687265	0,698333998
A_21_P0010480	-0,679656138	7,112444854	-1,438871579	0,176814962	0,698333998
A_23_P8196	-0,689632275	7,564432285	-1,438946514	0,176794173	0,698333998
A_21_P0000262	1,897227883	9,553294339	1,436713176	0,177414675	0,698795898
A_23_P307310	0,733100975	7,034346893	1,435520302	0,17774685	0,698795898
A_33_P3248664	0,818767381	12,03141475	1,435502997	0,177751673	0,698795898
A_21_P0000511	1,690334898	11,6634741	1,43510243	0,177863338	0,698795898
A_21_P0013121	1,080186468	7,97636355	1,434855504	0,177932202	0,698795898
A_33_P3420266	0,746021607	7,473577545	1,434804713	0,17794637	0,698795898
A_33_P3408237	0,941739381	8,160377833	1,434701197	0,177975248	0,698795898
A_24_P88775	0,678629967	7,530467068	1,434545587	0,178018666	0,698795898
A_33_P3389573	0,714969085	9,286719098	1,434175235	0,178122037	0,698795898
A_23_P201400	0,772886859	12,01347133	1,433830327	0,178218351	0,698795898
A_33_P3255194	0,719414181	6,74926475	1,433549569	0,178296784	0,698795898
A_23_P113623	0,782949932	13,00939104	1,433373715	0,178345926	0,698795898
A_32_P208424	-0,948816012	16,57760486	-1,433255151	0,178379065	0,698795898
A_21_P0014063	-0,715181194	7,907184199	-1,433418258	0,178333478	0,698795898
A_33_P3339100	-1,804444587	11,64470762	-1,433968385	0,178179794	0,698795898
A_23_P44112	-0,92857915	17,0004913	-1,433995755	0,178172151	0,698795898
A_23_P423108	-0,769534863	6,933988418	-1,434150594	0,178128916	0,698795898
A_23_P305092	-0,67738942	6,455974597	-1,434489826	0,178034226	0,698795898
A_24_P158089	-1,18896274	7,313811407	-1,435074578	0,177871105	0,698795898
A_33_P3274930	-0,683049407	8,288552379	-1,435129724	0,177855728	0,698795898
A_33_P3289860	-0,909731835	10,53228074	-1,435161227	0,177846944	0,698795898
A_21_P0012452	-0,979883418	9,338844206	-1,43558793	0,177728004	0,698795898
A_23_P29185	0,706174709	7,760279256	1,432999593	0,178450511	0,6988816
A_23_P118246	0,983215632	11,89831826	1,432324123	0,178639469	0,699321977
A_33_P3335030	1,198075331	11,39276694	1,431885091	0,178762375	0,699321977
A_23_P43248	0,696028246	9,504488602	1,431656456	0,17882641	0,699321977
A_33_P3261869	0,731566004	9,85462869	1,431454652	0,178882945	0,699321977

A_32_P173058	-0,864316139	10,62252249	-1,431357522	0,178910162	0,699321977
A_33_P3339376	-0,773387164	12,0169863	-1,43184714	0,178773003	0,699321977
A_32_P169574	-0,792000072	9,117603268	-1,431851655	0,178771738	0,699321977
A_21_P0012002	1,023112182	12,41503032	1,430643314	0,179110395	0,699329121
A_23_P408094	-1,149659735	12,86464928	-1,430735637	0,179084501	0,699329121
A_23_P10647	-1,23191761	12,84022027	-1,430825995	0,179059161	0,699329121
A_23_P153867	-0,806171603	9,756202552	-1,430956194	0,179022654	0,699329121
A_23_P103942	0,769974982	10,96307555	1,430385603	0,179182692	0,699337257
A_23_P53276	0,807770743	13,95172598	1,43028229	0,179211682	0,699337257
A_33_P3316983	-0,70563837	10,57657761	-1,429808126	0,179344785	0,699663013
A_33_P3259373	0,688142191	6,839731718	1,429484902	0,179435565	0,6996804
A_21_P0009803	-0,717929788	6,84657766	-1,429438879	0,179448495	0,6996804
A_24_P115007	0,745674665	8,593601856	1,428264711	0,179778616	0,700386488
A_23_P98900	-0,833091789	11,11599531	-1,428356122	0,179752897	0,700386488
A_21_P0010620	-0,683048267	6,525891058	-1,428571333	0,179692359	0,700386488
A_32_P151800	0,703309548	10,85832758	1,42787431	0,179888491	0,700427461
A_24_P200942	-0,835630022	11,3258781	-1,42795878	0,179864713	0,700427461
A_23_P423864	0,719547164	13,01481788	1,427075064	0,18011361	0,70109349
A_19_P00320155	0,726282378	7,607705747	1,425910131	0,180442155	0,70109349
A_33_P3272361	0,734671029	14,6790135	1,42577016	0,180481665	0,70109349
A_33_P3228252	1,034601477	11,21068463	1,424918511	0,180722218	0,70109349
A_32_P105083	0,740339591	7,311581122	1,424815977	0,180751197	0,70109349
A_23_P50775	0,849326558	9,037184892	1,424503875	0,180839432	0,70109349
A_33_P3403658	0,71988703	6,916545112	1,424409234	0,180866195	0,70109349
A_23_P142154	0,852794401	11,77702631	1,424334445	0,180887347	0,70109349
A_24_P194688	0,734059023	6,888520092	1,423249769	0,181194346	0,70109349
A_23_P48550	0,865132561	8,890184171	1,422906211	0,181291676	0,70109349
A_21_P0012441	0,839842372	9,496485029	1,422602738	0,181377686	0,70109349
A_23_P119886	-1,120747059	7,663228708	-1,422516409	0,18140216	0,70109349
A_24_P945059	-1,429585681	8,898545849	-1,422575651	0,181385365	0,70109349
A_33_P3260053	-0,833086752	9,766683348	-1,422772725	0,181329504	0,70109349
A_33_P3366391	-0,685000547	6,649464405	-1,422805334	0,181320263	0,70109349
A_23_P365086	-0,749435978	6,941041181	-1,423133298	0,181227337	0,70109349
A_23_P86133	-0,943541299	12,76136905	-1,423265296	0,181189948	0,70109349
A_24_P242646	-0,684655003	8,272252382	-1,42341463	0,181147657	0,70109349
A_21_P0012961	-0,683190504	7,271711202	-1,423613183	0,181091439	0,70109349
A_24_P156490	-0,783808031	6,941869283	-1,424468949	0,180849308	0,70109349
A_21_P0002838	-0,744014217	6,74215917	-1,424562588	0,18082283	0,70109349
A_19_P00319295	-0,707476504	11,76382151	-1,424916969	0,180722654	0,70109349
A_24_P941038	-0,694479388	6,49589179	-1,424920478	0,180721662	0,70109349
A_24_P355649	-0,749786635	13,33606952	-1,425064882	0,180680855	0,70109349
A_23_P7325	-0,692189884	9,244214538	-1,425564635	0,180539692	0,70109349
A_33_P3361309	-0,735941643	15,67852213	-1,425770517	0,180481564	0,70109349
A_23_P97064	-0,739501025	8,95850827	-1,42610563	0,180386983	0,70109349

A_24_P115700	0,720032036	7,800662182	1,422306711	0,181461619	0,701131096
A_21_P0000507	1,710437633	12,7005542	1,421794128	0,18160703	0,701249458
A_23_P62868	0,762357049	12,28577267	1,421688739	0,181636939	0,701249458
A_23_P309850	0,756404623	12,05973174	1,421469319	0,181699224	0,701249458
A_21_P0000753	0,667304683	6,925673795	1,421247448	0,181762222	0,701249458
A_23_P126727	0,694131439	9,844741239	1,420416825	0,181998232	0,701249458
A_21_P0000395	0,675130438	6,756585238	1,419778767	0,182179703	0,701249458
A_33_P3321602	0,774958916	8,232118888	1,419504468	0,182257764	0,701249458
A_32_P46840	0,73382228	7,427585562	1,419139654	0,182361627	0,701249458
A_24_P61753	0,935429475	9,018746053	1,418873508	0,18243743	0,701249458
A_33_P3270197	0,684295515	7,322700191	1,418463877	0,182554153	0,701249458
A_24_P140391	0,701987826	13,33899079	1,41807996	0,182663605	0,701249458
A_23_P42096	0,827074788	9,056498713	1,417882831	0,182719827	0,701249458
A_24_P135391	0,737602983	11,31668708	1,417827216	0,182735691	0,701249458
A_21_P0001556	-0,765974395	8,035471796	-1,417910199	0,18271202	0,701249458
A_23_P80122	-1,0952064	10,79226452	-1,417991997	0,182688691	0,701249458
A_32_P36235	-0,681858853	15,72919998	-1,418418499	0,182567087	0,701249458
A_23_P377212	-0,752821487	6,881737172	-1,418795279	0,182459716	0,701249458
A_21_P0010225	-0,685704304	6,497049063	-1,419399651	0,1822876	0,701249458
A_33_P3241984	-0,724736732	11,15082412	-1,41942132	0,182281432	0,701249458
A_23_P200999	-0,72226129	10,24794236	-1,419524452	0,182252076	0,701249458
A_23_P402319	-0,797206663	11,60503046	-1,41968447	0,182206535	0,701249458
A_19_P00318418	-1,245562109	10,44720736	-1,419983843	0,182121361	0,701249458
A_33_P3267865	-0,759002126	8,141846816	-1,420131435	0,182079382	0,701249458
A_33_P3383876	-0,709213089	6,756834639	-1,421129324	0,181795769	0,701249458
A_21_P0009521	-1,268127289	10,17232492	-1,421527541	0,181682695	0,701249458
A_24_P35400	0,798316581	7,044923203	1,417613691	0,18279661	0,701292354
A_23_P518	-0,671101335	6,387604681	-1,417342392	0,182874036	0,70139854
A_33_P3340025	0,912779501	11,80596217	1,416193962	0,183202093	0,702069115
A_33_P3349591	0,695805989	7,161096304	1,415986449	0,183261423	0,702069115
A_23_P113613	0,670750868	7,203954937	1,41507751	0,183521489	0,702069115
A_19_P00321878	1,026162365	9,616053039	1,414737679	0,1836188	0,702069115
A_23_P348636	0,81921421	7,45332641	1,414518899	0,183681472	0,702069115
A_33_P3709317	1,849547282	8,382785594	1,414066267	0,18381119	0,702069115
A_23_P76731	0,77980839	8,531778326	1,413554553	0,183957932	0,702069115
A_21_P0013831	0,899426731	7,829666054	1,413333671	0,184021304	0,702069115
A_33_P3276913	0,795052459	8,598919262	1,413330488	0,184022217	0,702069115
A_33_P3285769	0,794702999	13,26213474	1,41242356	0,184282611	0,702069115
A_33_P3421733	0,994004488	11,22197023	1,412391134	0,184291927	0,702069115
A_24_P400044	0,726843951	6,458876863	1,412064045	0,184385919	0,702069115
A_23_P97606	1,202096529	8,616634541	1,411691825	0,184492929	0,702069115
A_21_P0001139	0,696408386	6,790616272	1,410996892	0,184692857	0,702069115
A_23_P301855	0,728441763	6,971021668	1,410988417	0,184695296	0,702069115
A_24_P358805	0,879665348	7,042401861	1,410772893	0,184757338	0,702069115

A_23_P100642	0,855832401	9,816624116	1,410366159	0,184874471	0,702069115
A_24_P111511	0,690029679	8,612721592	1,40999316	0,184981944	0,702069115
A_23_P411162	0,676558012	7,755246783	1,409388585	0,185156252	0,702069115
A_23_P91590	0,783061734	14,25369962	1,408481119	0,185418147	0,702069115
A_23_P68547	0,759446804	11,09299815	1,408445523	0,185428426	0,702069115
A_19_P00806911	0,762202793	11,29600678	1,408444327	0,185428772	0,702069115
A_23_P206140	0,729447956	11,52414495	1,408442289	0,18542936	0,702069115
A_33_P3389478	0,7411538	7,649469143	1,408424852	0,185434396	0,702069115
A_21_P0003859	1,112251416	7,531960623	1,40842096	0,18543552	0,702069115
A_23_P37327	0,737984998	11,58750076	1,408328832	0,185462127	0,702069115
A_33_P3396120	0,874079818	7,956939723	1,408137169	0,185517492	0,702069115
A_23_P49539	0,864816903	8,912480494	1,407248009	0,18577452	0,702069115
A_23_P26865	0,829199805	8,167670204	1,407168023	0,185797656	0,702069115
A_23_P432947	0,964605769	6,70736419	1,406960452	0,185857708	0,702069115
A_23_P145016	0,704005116	12,67919588	1,406750416	0,185918489	0,702069115
A_33_P3257678	0,869385367	15,62642071	1,406498396	0,185991442	0,702069115
A_21_P0007446	1,334343653	8,621938707	1,406269686	0,186057667	0,702069115
A_23_P4909	0,812465223	11,06248298	1,406034699	0,186125732	0,702069115
A_24_P363477	0,682402079	9,568529321	1,405808652	0,186191226	0,702069115
A_33_P3250730	0,844393348	12,12413121	1,405483074	0,186285592	0,702069115
A_24_P289471	-0,714530452	11,50518066	-1,405522685	0,186274109	0,702069115
A_33_P3243153	-0,688024561	10,19843414	-1,405766356	0,186203483	0,702069115
A_24_P67988	-0,747520673	13,52338875	-1,405962916	0,186146528	0,702069115
A_23_P112950	-0,874814928	11,0000365	-1,406009358	0,186133073	0,702069115
A_23_P123193	-0,7492816	10,10493287	-1,406185366	0,186082089	0,702069115
A_23_P51487	-0,918371667	8,3457881	-1,406213315	0,186073993	0,702069115
A_33_P3223780	-0,834778768	9,251717065	-1,406464803	0,186001168	0,702069115
A_24_P113221	-0,917235183	12,78444272	-1,406800029	0,18590413	0,702069115
A_33_P3220570	-0,68502369	10,78146566	-1,407046706	0,185832752	0,702069115
A_23_P346969	-0,728830169	9,373080065	-1,408230294	0,18549059	0,702069115
A_32_P163125	-1,025180949	10,63225641	-1,408471384	0,185420958	0,702069115
A_21_P0000691	-0,857762878	10,31617518	-1,408812766	0,185322397	0,702069115
A_21_P0011942	-0,811788365	6,683564292	-1,409071906	0,18524761	0,702069115
A_23_P379034	-0,954368898	10,04755082	-1,409322875	0,185175206	0,702069115
A_23_P372255	-0,708628144	11,75930498	-1,409559744	0,18510689	0,702069115
A_23_P84705	-0,747048746	6,573242776	-1,409605541	0,185093684	0,702069115
A_23_P138760	-0,696505172	8,101246112	-1,409785738	0,185041731	0,702069115
A_23_P213562	-1,879963894	11,74999525	-1,409871345	0,185017054	0,702069115
A_23_P210886	-1,094247752	10,1441165	-1,410076167	0,184958023	0,702069115
A_24_P354615	-0,871212244	9,832451874	-1,410106854	0,18494918	0,702069115
A_32_P73045	-0,882041542	11,26485617	-1,410421313	0,184858584	0,702069115
A_33_P3328410	-0,772112108	6,735391225	-1,412186487	0,18435073	0,702069115
A_33_P3325349	-0,763681991	10,74314058	-1,412365214	0,184299373	0,702069115
A_21_P0010997	-0,661896284	7,777956169	-1,41415629	0,183785384	0,702069115

A_21_P0000590	-0,73649056	11,38018436	-1,414571969	0,183666268	0,702069115
A_33_P3360972	-1,258250883	10,09427286	-1,414613122	0,183654479	0,702069115
A_23_P327069	-0,736845217	11,39709287	-1,415308333	0,183455416	0,702069115
A_23_P250294	-0,680073578	11,91090589	-1,415394377	0,183430791	0,702069115
A_33_P3210934	-0,679281685	6,506803394	-1,415652487	0,18335694	0,702069115
A_23_P166929	-0,959126845	8,67135262	-1,404165785	0,186667806	0,703321592
A_33_P3344229	0,998711166	12,07385147	1,403245343	0,186935264	0,7035659
A_21_P0005568	0,934260566	8,428846263	1,4028861	0,187039738	0,7035659
A_23_P165608	0,747413342	7,264128177	1,402599351	0,187123165	0,7035659
A_33_P3424864	0,682029099	6,798887435	1,402398001	0,187181764	0,7035659
A_23_P200252	-0,840482525	10,00867521	-1,402434625	0,187171104	0,7035659
A_32_P219520	-0,735225652	13,28116506	-1,402457524	0,187164439	0,7035659
A_23_P259172	-0,667604529	15,16768664	-1,402816814	0,187059893	0,7035659
A_23_P203743	-0,715115586	12,86681886	-1,402853141	0,187049325	0,7035659
A_24_P318897	-1,021066731	7,823867404	-1,402879458	0,18704167	0,7035659
A_23_P431939	-0,704058395	10,83500185	-1,401540477	0,187431504	0,704129168
A_32_P201212	-0,757948916	7,074574553	-1,401663956	0,187395525	0,704129168
A_24_P365365	0,783433771	12,47288901	1,400965563	0,187599094	0,704354798
A_33_P3323435	0,726734297	6,802185524	1,400820373	0,187641437	0,704354798
A_23_P1962	-0,791079518	9,800774024	-1,400898083	0,187618773	0,704354798
A_21_P0000227	0,680668986	8,689936651	1,400356547	0,187776762	0,704675156
A_33_P3314468	1,002819628	10,49584695	1,399591726	0,188000082	0,704792186
A_33_P3352837	2,995851305	8,08162267	1,399506813	0,188024889	0,704792186
A_23_P211064	0,917473449	9,293352263	1,398921966	0,188195827	0,704792186
A_24_P941930	-0,832007356	8,717616137	-1,398880823	0,188207857	0,704792186
A_33_P3297245	-0,922216591	10,67831274	-1,398928533	0,188193907	0,704792186
A_33_P3224285	-0,742171166	6,845033835	-1,399227251	0,188106583	0,704792186
A_23_P202219	-0,683065603	10,18258466	-1,399298796	0,188085673	0,704792186
A_33_P3276475	-0,885597212	10,30788185	-1,399395166	0,188057511	0,704792186
A_33_P3420416	0,722678461	9,333278541	1,398342619	0,188365286	0,705194415
A_21_P0001771	-0,686088573	7,865001667	-1,398105257	0,188434751	0,705267203
A_21_P0011770	1,136968629	10,312954	1,39750416	0,188610761	0,705466761
A_19_P00321466	1,110783111	9,585371023	1,397119263	0,188723536	0,705466761
A_23_P98183	0,774948521	9,79654242	1,39687845	0,188794124	0,705466761
A_23_P50678	1,005447049	9,06242096	1,396336894	0,188952946	0,705466761
A_33_P3373541	0,762561712	7,803699739	1,39548941	0,189201711	0,705466761
A_23_P34233	0,75439464	12,61680284	1,395467419	0,18920817	0,705466761
A_33_P3386765	0,732891749	13,48735703	1,395338545	0,189246024	0,705466761
A_32_P123629	0,840423303	11,35275	1,395277551	0,189263942	0,705466761
A_33_P3315190	0,674061468	7,629788846	1,395235692	0,189276239	0,705466761
A_33_P3341442	-0,842190692	10,18771099	-1,395023146	0,189338692	0,705466761
A_33_P3379669	-0,92035767	8,975959352	-1,395083293	0,189321017	0,705466761
A_33_P3225882	-0,668787578	8,806183706	-1,395084772	0,189320583	0,705466761
A_23_P36658	-0,911867773	12,41784161	-1,395457373	0,189211121	0,705466761

A_23_P211345	-0,752747407	8,348652988	-1,395696378	0,189140934	0,705466761
A_23_P139143	-0,764948228	9,774399452	-1,395701309	0,189139486	0,705466761
A_33_P3258617	-0,71350343	10,5948894	-1,396787454	0,188820802	0,705466761
A_33_P3230090	-0,806897739	13,61539885	-1,397124017	0,188722143	0,705466761
A_23_P71328	0,897441103	7,339256884	1,394829333	0,189395656	0,705492564
A_33_P3293391	0,907947988	9,13866619	1,394282162	0,189556553	0,705905397
A_33_P3327608	-0,680087144	6,64129954	-1,394073131	0,189618048	0,705947944
A_24_P25080	0,672711935	11,54853915	1,393741461	0,189715658	0,705951077
A_21_P0000213	0,696208563	7,233695458	1,39272507	0,190015043	0,705951077
A_21_P0009857	0,675680853	6,646914722	1,392671959	0,190030698	0,705951077
A_21_P0012537	0,72771814	7,950319695	1,392586154	0,190055992	0,705951077
A_24_P38081	0,731435361	10,09398006	1,392462123	0,190092559	0,705951077
A_23_P204417	0,735381379	10,59056919	1,392353652	0,190124544	0,705951077
A_23_P217946	0,717753293	7,07443517	1,39231625	0,190135574	0,705951077
A_23_P320897	-0,947201814	9,833517878	-1,39220064	0,190169671	0,705951077
A_23_P129903	-0,958467054	11,67940346	-1,392743247	0,190009685	0,705951077
A_33_P3322539	-0,950891745	7,819567417	-1,392811385	0,189989603	0,705951077
A_24_P22079	-0,914236943	9,047810559	-1,393437794	0,189805064	0,705951077
A_32_P180210	0,935724705	9,534761321	1,391849201	0,190273351	0,706036526
A_33_P3253799	-1,430066741	12,33437709	-1,390765681	0,190593306	0,706036526
A_24_P943949	-0,688090008	6,844363582	-1,39080837	0,190580692	0,706036526
A_23_P1904	-0,925094761	13,45208488	-1,390854787	0,190566977	0,706036526
A_23_P23141	-1,028332313	17,57306021	-1,390922172	0,190547068	0,706036526
A_33_P3474250	-0,746140249	11,62250929	-1,390977239	0,190530799	0,706036526
A_23_P201376	-1,178072953	8,701053424	-1,391009207	0,190521356	0,706036526
A_24_P329795	-0,87030976	9,590954135	-1,391524706	0,190369125	0,706036526
A_33_P3620881	0,671338984	7,228784088	1,390186706	0,190764456	0,706484914
A_33_P3296366	0,764878212	7,01309553	1,389780035	0,190884749	0,706744767
A_23_P71981	0,708009266	9,620535901	1,389379806	0,191003198	0,70698615
A_24_P14932	0,713244407	7,119142757	1,388237286	0,191341667	0,70698615
A_33_P3316587	0,657305825	7,500080588	1,387814881	0,19146693	0,70698615
A_33_P3424566	0,763198901	7,911887147	1,387629754	0,19152185	0,70698615
A_33_P3252326	0,822441177	7,57211601	1,387360265	0,191601821	0,70698615
A_23_P128362	-0,707785508	6,882403322	-1,38738003	0,191595955	0,70698615
A_24_P336417	-0,758850658	10,17847955	-1,387527876	0,191552079	0,70698615
A_21_P0007129	-0,758290979	8,871412129	-1,387639896	0,191518841	0,70698615
A_23_P101683	-0,742111351	17,87750711	-1,387686155	0,191505117	0,70698615
A_24_P353638	-1,192188168	11,56972992	-1,388139264	0,191370729	0,70698615
A_23_P167096	-2,13081923	9,588003126	-1,388181311	0,191358262	0,70698615
A_32_P124746	-0,680570266	7,884247812	-1,388488355	0,191267245	0,70698615
A_33_P3225625	-0,76230499	11,39059625	-1,389074537	0,191093584	0,70698615
A_23_P74981	0,678919965	9,022450838	1,386995086	0,191710233	0,707201092
A_32_P64475	-0,776013609	9,607853474	-1,386600595	0,191827404	0,707448227
A_23_P22672	0,760347649	10,5905575	1,386049331	0,19199124	0,707867282

A_23_P256205	-1,366164384	8,593203153	-1,385514849	0,192150199	0,708083025
A_32_P66035	-0,667772695	7,185688652	-1,385620239	0,192118846	0,708083025
A_23_P154986	-0,694724809	8,853567673	-1,385248363	0,192229495	0,708190136
A_19_P00321129	0,809388218	6,898815688	1,383918457	0,192625632	0,708272996
A_33_P3353027	0,666979765	6,792155571	1,383387032	0,192784117	0,708272996
A_23_P52727	0,677103843	6,835420823	1,383063916	0,192880532	0,708272996
A_32_P155416	0,782765887	8,488390221	1,382946317	0,192915633	0,708272996
A_23_P57588	0,702231355	11,28672698	1,38290165	0,192928966	0,708272996
A_23_P137948	0,667727486	13,99559093	1,38253085	0,193039682	0,708272996
A_24_P138713	0,905606204	8,842796041	1,381574849	0,193325375	0,708272996
A_33_P3296119	0,758550625	7,962884726	1,380626626	0,193609092	0,708272996
A_21_P0001708	1,533563431	9,194865905	1,380605138	0,193615525	0,708272996
A_21_P0011893	0,722166	7,513437556	1,380016705	0,193791769	0,708272996
A_21_P0010322	0,932568164	8,277117017	1,379592736	0,193918835	0,708272996
A_24_P341116	0,898309797	7,103637533	1,379404321	0,193975327	0,708272996
A_33_P3356406	0,71475826	10,84885942	1,379169036	0,194045891	0,708272996
A_24_P217234	0,676550042	6,71281128	1,379017004	0,194091498	0,708272996
A_21_P0014871	0,778748613	11,67417599	1,378782753	0,194161787	0,708272996
A_24_P126471	0,67731764	7,396332047	1,378717288	0,194181434	0,708272996
A_23_P356004	0,656109015	6,915377072	1,377925094	0,194419315	0,708272996
A_23_P94762	0,780971237	8,357489982	1,377637744	0,19450566	0,708272996
A_33_P3360216	0,89571209	11,87140383	1,377543802	0,194533896	0,708272996
A_24_P349002	0,720436481	11,44740612	1,377265102	0,194617683	0,708272996
A_21_P0011405	0,941685225	8,958526872	1,376796936	0,194758497	0,708272996
A_33_P3386955	0,792014898	14,42988107	1,376789771	0,194760653	0,708272996
A_23_P307382	0,737931321	6,847623094	1,376747721	0,194773305	0,708272996
A_23_P97810	0,664274958	7,157177245	1,375734747	0,195078296	0,708272996
A_24_P231546	1,421990056	9,356782721	1,375691807	0,195091233	0,708272996
A_23_P395524	0,66711345	13,45992025	1,37489713	0,195330789	0,708272996
A_21_P0012268	0,738714378	8,178033337	1,374534476	0,195440193	0,708272996
A_19_P00317180	0,859885824	8,189916229	1,373893684	0,195633628	0,708272996
A_33_P3380625	0,756962126	6,98682873	1,373399203	0,195783005	0,708272996
A_32_P479743	0,766294844	6,664555614	1,373330215	0,195803853	0,708272996
A_19_P00315583	0,662429661	8,084663317	1,372704635	0,195992987	0,708272996
A_23_P7253	0,682217524	7,220380846	1,372216049	0,196140808	0,708272996
A_24_P274640	0,813358606	12,30885263	1,372126018	0,196168057	0,708272996
A_21_P0005703	0,963914123	8,319215428	1,371697011	0,196297944	0,708272996
A_33_P3628409	0,652594283	9,539782941	1,371237327	0,196437198	0,708272996
A_23_P35791	0,729043927	10,42820566	1,371152593	0,196462875	0,708272996
A_23_P216396	0,799956375	9,823730865	1,371006202	0,196507244	0,708272996
A_24_P162287	0,793430264	8,258844214	1,370854164	0,196553333	0,708272996
A_23_P9465	0,656293698	10,85413014	1,370678615	0,196606561	0,708272996
A_33_P3404706	0,832387126	11,19877842	1,370427484	0,196682726	0,708272996
A_21_P0001124	0,74236364	9,439074558	1,370413356	0,196687012	0,708272996

A_23_P115597	0,73914221	7,489296389	1,370375894	0,196698376	0,708272996
A_23_P404698	0,713481813	7,149222423	1,370076808	0,196789124	0,708272996
A_33_P3284951	0,82329594	11,73613985	1,370055065	0,196795722	0,708272996
A_19_P00800206	1,480950165	11,69733801	1,369812381	0,196869384	0,708272996
A_21_P0011312	0,834591254	9,498041426	1,369564397	0,196944678	0,708272996
A_33_P3213857	0,699624868	13,0712956	1,369540902	0,196951813	0,708272996
A_33_P3394494	0,7133226	10,99361788	1,369425019	0,196987007	0,708272996
A_23_P133956	0,708759952	10,77257947	1,368803587	0,197175828	0,708272996
A_24_P48069	0,69163179	7,618425555	1,368558184	0,197250435	0,708272996
A_24_P320254	0,647636497	14,75865886	1,367750738	0,197496077	0,708272996
A_33_P3257568	0,691928329	9,978072371	1,367654328	0,197525424	0,708272996
A_21_P0011225	0,666253417	6,643822762	1,367554611	0,197555782	0,708272996
A_21_P0001032	0,661573244	6,582157576	1,367281192	0,19763904	0,708272996
A_33_P3372451	0,806385541	13,56429658	1,366923371	0,197748043	0,708272996
A_23_P138805	0,791530691	10,75122568	1,366592633	0,197848841	0,708272996
A_24_P248053	0,796725822	13,01275394	1,366353264	0,197921819	0,708272996
A_23_P34578	0,713011708	11,9012402	1,366161695	0,197980239	0,708272996
A_33_P3416196	0,654914286	6,922313393	1,365860973	0,198071977	0,708272996
A_21_P0012220	0,986286717	9,37570269	1,365588669	0,198155075	0,708272996
A_21_P0012437	0,648051189	7,570141518	1,365417103	0,198207446	0,708272996
A_23_P70231	0,703293071	8,604995998	1,365348471	0,1982284	0,708272996
A_21_P0000489	0,882778252	12,27497898	1,365198438	0,198274211	0,708272996
A_21_P0000315	0,679640822	9,508861857	1,365168706	0,198283291	0,708272996
A_23_P76102	0,824674112	11,47565464	1,365088096	0,198307909	0,708272996
A_23_P12405	0,729779459	7,146171289	1,3648804	0,198371352	0,708272996
A_23_P215132	0,641022251	11,49866275	1,364462602	0,198499022	0,708272996
A_33_P3261902	0,688597483	11,71004862	1,364384409	0,198522923	0,708272996
A_21_P0000492	1,497287877	10,55139586	1,364356524	0,198531448	0,708272996
A_32_P7316	-0,9717004	7,314763079	-1,364447889	0,198503519	0,708272996
A_21_P0008807	-0,798161974	8,704618564	-1,364529499	0,198478575	0,708272996
A_33_P3335682	-0,808699585	12,52085933	-1,364863004	0,198376666	0,708272996
A_24_P62783	-0,66169566	7,245313306	-1,364883885	0,198370287	0,708272996
A_33_P3273136	-0,840280942	12,97672305	-1,365118837	0,19829852	0,708272996
A_32_P194062	-0,652084073	6,505626913	-1,365354284	0,198226625	0,708272996
A_23_P85716	-0,769514818	12,50163052	-1,36547481	0,19818983	0,708272996
A_33_P3365002	-0,855616184	8,983771077	-1,366404386	0,197906231	0,708272996
A_23_P94660	-0,736710933	15,01198311	-1,366441485	0,19789492	0,708272996
A_19_P00800114	-1,056785567	9,295281272	-1,366455837	0,197890544	0,708272996
A_33_P3402217	-0,695466974	9,658956464	-1,367034068	0,197714316	0,708272996
A_33_P3222210	-1,005899003	10,91409099	-1,368398183	0,19729909	0,708272996
A_21_P0002746	-0,749216414	6,909592676	-1,368876217	0,197153752	0,708272996
A_24_P74932	-0,9157842	14,51675358	-1,36906835	0,197095362	0,708272996
A_23_P31873	-0,672972746	12,06270307	-1,369138699	0,197073986	0,708272996
A_32_P99432	-0,643557105	13,20106788	-1,369185369	0,197059806	0,708272996

A_24_P944973	-0,757957531	7,659090468	-1,369689201	0,196906781	0,708272996
A_24_P379165	-0,719177622	8,867082986	-1,369891003	0,196845517	0,708272996
A_33_P3299066	-1,17334148	8,126123595	-1,370688024	0,196603708	0,708272996
A_33_P3213665	-0,860810299	7,593752786	-1,371136665	0,196467702	0,708272996
A_21_P0007469	-0,821468589	7,001061798	-1,371365822	0,196398264	0,708272996
A_23_P67103	-0,64026117	6,317992617	-1,371569839	0,19633646	0,708272996
A_33_P3303414	-0,702347181	12,16156379	-1,371985544	0,196210579	0,708272996
A_19_P00329711	-0,792465509	12,21449882	-1,373006172	0,195901803	0,708272996
A_23_P127676	-1,276193027	12,07610961	-1,373253699	0,195826979	0,708272996
A_24_P362193	-0,783148259	12,7556442	-1,374129632	0,195562384	0,708272996
A_24_P346762	-0,754434258	8,163321466	-1,374263409	0,195522	0,708272996
A_23_P256148	-0,719893111	12,17970046	-1,374334148	0,195500648	0,708272996
A_32_P116206	-0,650547558	10,79713872	-1,375019758	0,195293807	0,708272996
A_23_P36888	-0,988063409	9,115863746	-1,375203893	0,195238286	0,708272996
A_24_P212539	-0,787928733	8,866440531	-1,375418868	0,195173483	0,708272996
A_24_P114255	-0,730763059	10,36439849	-1,375625166	0,195111313	0,708272996
A_23_P27795	-0,767952806	16,01463408	-1,376069141	0,194977571	0,708272996
A_23_P120883	-0,905177903	12,25965895	-1,376459769	0,194859962	0,708272996
A_33_P3219475	-0,921377294	7,44434345	-1,377534622	0,194536655	0,708272996
A_23_P319027	-0,665647347	6,620699046	-1,377551439	0,1945316	0,708272996
A_24_P270728	-1,10523462	8,834485748	-1,377882012	0,194432258	0,708272996
A_21_P0013030	-0,75791429	7,083839116	-1,378197806	0,194337397	0,708272996
A_23_P144578	-0,979241478	10,26986084	-1,378320175	0,194300649	0,708272996
A_33_P3311825	-0,641701456	6,404719889	-1,378973512	0,194104547	0,708272996
A_24_P132039	-0,823408966	8,615347445	-1,379214295	0,194032316	0,708272996
A_33_P3212022	-0,843778729	7,714503653	-1,380424885	0,193669499	0,708272996
A_23_P22671	-0,740762959	12,53690341	-1,380535723	0,193636309	0,708272996
A_24_P133905	-0,837212468	10,93623269	-1,380847368	0,193543013	0,708272996
A_23_P433369	-0,663144414	9,565499995	-1,381106311	0,193465523	0,708272996
A_33_P3410194	-0,822208356	10,40612356	-1,381334461	0,193397269	0,708272996
A_21_P0014397	-0,69087296	10,50143346	-1,381595927	0,193319072	0,708272996
A_33_P3390017	-0,854940343	7,055910082	-1,382047765	0,193184004	0,708272996
A_23_P427747	-0,738303351	7,130153001	-1,382350088	0,193093674	0,708272996
A_23_P205370	-0,740809152	9,399126134	-1,382456121	0,193062001	0,708272996
A_32_P102062	-0,872523591	10,06975066	-1,382556793	0,193031934	0,708272996
A_33_P3286046	-0,886830106	9,814623782	-1,383082347	0,192875031	0,708272996
A_23_P215479	-0,844848977	11,59109742	-1,383244639	0,192826601	0,708272996
A_24_P132470	-0,71918978	11,70875658	-1,383391709	0,192782722	0,708272996
A_24_P410627	-0,860184006	11,66684733	-1,383654596	0,192704309	0,708272996
A_33_P3262854	-0,699433619	8,145944703	-1,384071026	0,192580152	0,708272996
A_33_P3415888	-0,718521158	7,5006058	-1,364074425	0,198617701	0,708401459
A_21_P0000352	1,126947009	7,750278365	1,363517713	0,198788011	0,708523463
A_21_P0001326	-0,655083197	6,478100834	-1,363141484	0,198903175	0,708523463
A_33_P3602006	-0,747294687	15,31698574	-1,363295411	0,198856051	0,708523463

A_21_P0002641	-0,653374789	6,704343687	-1,363341267	0,198842014	0,708523463
A_33_P3346102	-0,711637942	13,07184443	-1,363691591	0,198734805	0,708523463
A_33_P3407937	0,757906986	9,819875136	1,362104338	0,199220934	0,70913231
A_23_P415882	0,792847044	12,21779227	1,361938536	0,199271771	0,70913231
A_21_P0000450	0,76090875	7,677380976	1,361644953	0,199361814	0,70913231
A_33_P3287631	-0,748609355	13,07175863	-1,361599115	0,199375876	0,70913231
A_33_P3413038	-1,344703833	8,795104349	-1,361884846	0,199288236	0,70913231
A_24_P348861	-1,00455684	7,401567113	-1,362227452	0,199183193	0,70913231
A_23_P418431	0,70055207	7,220362391	1,360749344	0,199636709	0,709251006
A_21_P0000682	0,744859878	10,94257876	1,360521544	0,199706679	0,709251006
A_33_P3239102	-0,775903181	12,56381504	-1,360507223	0,199711078	0,709251006
A_33_P3309621	-0,819433284	8,857513953	-1,360895884	0,199591709	0,709251006
A_21_P0010121	-0,699246116	7,193027395	-1,361116291	0,199524042	0,709251006
A_24_P110780	-0,897429688	7,137611541	-1,361163876	0,199509435	0,709251006
A_24_P248741	-0,749371412	7,149097593	-1,36019121	0,199808179	0,709417152
A_21_P0008398	0,663598164	8,115450916	1,359844644	0,199914712	0,709616699
A_33_P3364811	-0,666463437	12,32033693	-1,359670114	0,19996838	0,709628541
A_21_P0011391	0,702927653	9,228639789	1,359195333	0,200114435	0,709835348
A_33_P3235217	0,827511826	11,57447838	1,359153364	0,20012735	0,709835348
A_23_P99917	0,658823431	12,27511778	1,35894508	0,200191455	0,709874054
A_23_P104942	0,659868321	12,0978021	1,358790764	0,200238961	0,709874054
A_21_P0001158	-0,76115257	6,906021429	-1,358626591	0,200289511	0,709874767
A_33_P3357332	0,643909382	7,142332671	1,358251737	0,200404972	0,71010548
A_23_P113417	0,675167068	10,61155447	1,357674424	0,200582902	0,710240625
A_33_P3317523	0,743773211	15,61834924	1,357548702	0,200621667	0,710240625
A_33_P3346573	1,086028121	8,952709877	1,357283052	0,200703598	0,710240625
A_33_P3245922	0,981472755	11,90116544	1,357211296	0,200725733	0,710240625
A_21_P0004757	0,648406044	7,001267803	1,357147664	0,200745364	0,710240625
A_23_P317465	-0,697549452	10,40296877	-1,35765831	0,20058787	0,710240625
A_21_P0013334	0,875693799	8,846134036	1,355984454	0,201104506	0,710253582
A_33_P3228366	0,688089284	9,317515144	1,355886962	0,201134631	0,710253582
A_33_P3275310	0,959866563	8,775432301	1,355511199	0,201250775	0,710253582
A_23_P89762	0,917361262	7,698725446	1,355454634	0,201268264	0,710253582
A_23_P105276	0,647666238	8,949710384	1,3549922	0,201411285	0,710253582
A_23_P122976	0,93540646	8,329323994	1,354537469	0,201552004	0,710253582
A_21_P0014018	0,749667158	8,283354131	1,354478345	0,201570307	0,710253582
A_24_P22939	0,729870464	7,980022558	1,354247928	0,201641647	0,710253582
A_23_P68106	0,705601936	15,15239554	1,353947994	0,201734543	0,710253582
A_23_P254442	0,69576605	8,348819359	1,353789889	0,201783525	0,710253582
A_23_P308150	0,88219397	8,86093663	1,353657184	0,201824646	0,710253582
A_33_P3386181	0,784165005	8,463222082	1,353560599	0,201854579	0,710253582
A_33_P3287770	0,922309998	12,5844174	1,353152661	0,201981045	0,710253582
A_33_P3320499	0,687498411	7,141082839	1,352588997	0,202155895	0,710253582
A_23_P147397	0,676809105	7,180915435	1,352248571	0,202261556	0,710253582

A_21_P0012068	0,689034233	6,61128895	1,351846787	0,202386321	0,710253582
A_33_P3357626	0,975796072	8,428453761	1,351828288	0,202392067	0,710253582
A_24_P941336	0,832090511	10,91889265	1,35176592	0,20241144	0,710253582
A_33_P3410459	-0,646728373	11,88545177	-1,351812354	0,202397016	0,710253582
A_33_P3265222	-0,730342589	7,008324117	-1,351897311	0,202370629	0,710253582
A_33_P3253144	-0,724907953	13,23575478	-1,352164575	0,202287634	0,710253582
A_23_P102706	-1,02583614	8,415155967	-1,352496305	0,20218466	0,710253582
A_24_P41939	-0,683186387	6,783921896	-1,352682347	0,202126929	0,710253582
A_33_P3279193	-0,693134964	6,761996392	-1,353219207	0,20196041	0,710253582
A_33_P3377110	-0,637311124	11,38752233	-1,353351426	0,201919417	0,710253582
A_21_P0009147	-0,718435809	7,678975432	-1,353890609	0,20175232	0,710253582
A_23_P213699	-0,643550537	6,407597699	-1,35391212	0,201745656	0,710253582
A_33_P3332997	-0,715337796	6,87065119	-1,354607455	0,201530341	0,710253582
A_23_P143143	-0,886393164	13,89458894	-1,355038385	0,201396997	0,710253582
A_23_P20704	-0,770727645	7,456734585	-1,355753586	0,20117585	0,710253582
A_23_P60742	-0,685696915	6,901028067	-1,356089426	0,201072074	0,710253582
A_23_P34835	-0,771851661	15,34051959	-1,356698906	0,200883855	0,710253582
A_23_P216630	-1,076305698	15,09151197	-1,356789188	0,200855987	0,710253582
A_24_P212127	-0,661737758	10,50722147	-1,351579237	0,202469438	0,710280319
A_32_P2392	0,869167593	10,85014199	1,35057536	0,202781552	0,710751478
A_19_P00327772	0,750325779	8,459116702	1,350486991	0,202809046	0,710751478
A_24_P932418	0,746920959	12,16129299	1,350319065	0,2028613	0,710751478
A_21_P0002505	1,118731702	11,32625832	1,350163135	0,202909831	0,710751478
A_32_P203300	-0,779007172	10,2615462	-1,350012819	0,202956625	0,710751478
A_23_P76538	-0,680383865	16,73811061	-1,350104737	0,20292801	0,710751478
A_33_P3309849	-0,751525358	9,066685315	-1,350113609	0,202925248	0,710751478
A_21_P0013784	0,778661643	9,823303444	1,349762139	0,203034681	0,710848266
A_23_P207632	-0,747260603	13,0973104	-1,349311995	0,203174908	0,711162618
A_23_P151150	0,694752422	11,30490705	1,348718616	0,203359877	0,711633386
A_19_P00809119	1,471511646	11,17456401	1,348338085	0,203478571	0,711786512
A_23_P106617	-1,607381484	9,680765069	-1,348254641	0,203504605	0,711786512
A_24_P371425	0,694084916	7,841704979	1,347433229	0,203761037	0,712093023
A_33_P3250028	-0,755915413	11,51473601	-1,347326855	0,203794265	0,712093023
A_32_P123255	-0,771126	10,55557791	-1,347393452	0,203773462	0,712093023
A_23_P19592	-0,650524288	10,39276162	-1,347487818	0,203743988	0,712093023
A_33_P3271395	0,634919046	8,090903576	1,346571155	0,20403045	0,712141134
A_23_P357794	0,744778806	8,045131166	1,34623218	0,204136467	0,712141134
A_23_P904	0,846908093	7,704140058	1,345821675	0,204264915	0,712141134
A_23_P136355	1,164266433	9,60436747	1,345697661	0,204303732	0,712141134
A_32_P182156	0,669999103	11,91591337	1,345682966	0,204308332	0,712141134
A_24_P590560	0,669687317	8,683476113	1,345582014	0,204339936	0,712141134
A_33_P3329974	0,634353829	7,123878807	1,34509592	0,204492168	0,712141134
A_23_P63402	0,740323589	9,93179271	1,344964741	0,204533267	0,712141134
A_23_P2582	0,839281504	10,20131816	1,344662414	0,204628011	0,712141134

A_23_P167269	0,673770611	11,1434824	1,344458022	0,204692084	0,712141134
A_23_P152038	0,649021246	8,59797413	1,344426323	0,204702022	0,712141134
A_23_P156562	0,792027946	6,862955815	1,344226986	0,20476453	0,712141134
A_23_P435521	0,712348454	8,813792025	1,344060098	0,204816874	0,712141134
A_33_P3393694	0,674530914	16,29201022	1,34353718	0,204980958	0,712141134
A_23_P28598	0,692553455	6,904618879	1,343533404	0,204982143	0,712141134
A_23_P75204	0,666939812	12,20140899	1,343079783	0,205124571	0,712141134
A_21_P0011124	0,677331999	8,268700434	1,343021069	0,205143012	0,712141134
A_23_P141302	0,67707775	10,20351112	1,342993732	0,205151598	0,712141134
A_24_P79855	0,671002092	7,452575849	1,342743046	0,205230352	0,712141134
A_33_P3217709	0,664221468	7,169359152	1,342413611	0,205333883	0,712141134
A_23_P421175	0,653016087	8,726823309	1,342379258	0,205344682	0,712141134
A_23_P61810	0,829981364	8,827038021	1,342214016	0,20539663	0,712141134
A_33_P3282394	0,70099589	13,21499186	1,34191468	0,205490763	0,712141134
A_24_P550924	2,409353111	8,359336358	1,341210606	0,205712315	0,712141134
A_33_P3671291	0,72171029	6,894339735	1,34100222	0,205777926	0,712141134
A_24_P92472	-0,663780394	6,728208103	-1,341127518	0,205738473	0,712141134
A_24_P250765	-0,651907411	6,739973943	-1,341274024	0,205692351	0,712141134
A_33_P3417260	-0,637034646	10,93678381	-1,341333983	0,205673478	0,712141134
A_21_P0010609	-0,636092826	6,218591703	-1,341402519	0,205651906	0,712141134
A_24_P920188	-0,880683494	10,40821959	-1,341717098	0,205552917	0,712141134
A_33_P3234697	-0,973306941	13,68374815	-1,342594179	0,205277131	0,712141134
A_33_P3327921	-0,630650105	7,643250191	-1,343077556	0,20512527	0,712141134
A_21_P0014473	-0,836269571	9,093132355	-1,343912844	0,204863069	0,712141134
A_23_P83094	-0,641517832	10,79554411	-1,343914725	0,204862479	0,712141134
A_23_P30020	-0,847644704	11,16794708	-1,343954476	0,204850008	0,712141134
A_33_P3362311	-0,792022842	6,809495469	-1,345524895	0,204357819	0,712141134
A_21_P0014150	-1,123939429	8,219378969	-1,345622071	0,204327395	0,712141134
A_23_P19226	-0,941282934	12,38093543	-1,345857813	0,204253604	0,712141134
A_33_P3213797	-0,676315561	7,564682817	-1,346195055	0,20414808	0,712141134
A_19_P00321076	0,840913743	7,88470604	1,34082843	0,205832657	0,712155738
A_23_P368996	0,745468134	10,67493858	1,340345482	0,205984814	0,71246865
A_33_P3281616	0,739615049	11,23221351	1,340167585	0,206040886	0,71246865
A_21_P0005240	-0,736559509	7,705766071	-1,34006033	0,206074697	0,71246865
A_23_P171388	-0,760178652	7,005535431	-1,339814489	0,206152215	0,712561922
A_24_P372932	0,673326418	6,90108807	1,339587528	0,206223801	0,712634649
A_33_P3357322	0,657679511	10,82418253	1,339333182	0,206304049	0,712645586
A_23_P131866	0,674014038	11,45596437	1,33916838	0,206356058	0,712645586
A_24_P349387	0,663903115	16,08210671	1,339096953	0,206378603	0,712645586
A_23_P204364	0,765894979	10,45868263	1,338769324	0,206482041	0,712687834
A_33_P3260575	0,842300194	12,24711396	1,338732736	0,206493595	0,712687834
A_21_P0000377	0,780474987	8,033099246	1,338573168	0,206543991	0,712687834
A_23_P259189	-0,724475061	11,45207537	-1,338417916	0,206593033	0,712687834
A_33_P3784253	0,785372014	12,18004511	1,338050734	0,20670906	0,712828972

A_24_P109071	-0,647341414	7,24468073	-1,337968466	0,206735064	0,712828972
A_21_P0007708	0,658963323	7,506884246	1,337481891	0,206888917	0,713185047
A_33_P3775741	0,669875245	16,29313564	1,337198343	0,206978617	0,713319855
A_23_P115356	-0,938382962	12,84989357	-1,336865096	0,20708408	0,713508908
A_23_P161183	0,734146853	9,805644486	1,336208878	0,207291884	0,713555165
A_33_P3357678	0,757547697	7,375282972	1,336183428	0,207299947	0,713555165
A_32_P100439	-0,928172146	14,44157264	-1,336322274	0,207255963	0,713555165
A_21_P0004589	-0,663351552	6,768178957	-1,336380008	0,207237677	0,713555165
A_33_P3281807	0,663986017	9,220564896	1,335507872	0,207514061	0,714117829
A_33_P3293432	1,058760641	10,1815453	1,335193864	0,207613646	0,714244306
A_24_P813147	0,766700406	8,862710428	1,334912878	0,207702791	0,714244306
A_33_P3247858	-0,902906286	11,98168331	-1,335004714	0,207673652	0,714244306
A_24_P287780	0,875781333	9,66341185	1,334614152	0,2077976	0,714320617
A_21_P0000336	1,57791793	9,920508415	1,333982906	0,207998059	0,714320617
A_33_P3529859	0,952903518	8,884777087	1,333814315	0,208051624	0,714320617
A_23_P345942	0,789016041	11,44832238	1,333793875	0,208058119	0,714320617
A_33_P3416882	0,67682182	7,691471402	1,333683278	0,208093265	0,714320617
A_24_P139773	0,762150069	11,82698115	1,333647549	0,20810462	0,714320617
A_23_P134113	0,853909199	9,337775639	1,333228824	0,208237734	0,714320617
A_33_P3221989	0,882386973	7,450116071	1,33293422	0,208331432	0,714320617
A_33_P3357516	0,706204259	7,167468014	1,332828527	0,208365056	0,714320617
A_23_P60599	0,820436172	7,753377078	1,332775069	0,208382064	0,714320617
A_33_P3275707	0,887909734	9,255843304	1,33221438	0,208560521	0,714320617
A_33_P3421867	0,989704863	8,361785341	1,331629933	0,208746673	0,714320617
A_21_P0000278	1,534491716	9,746822823	1,331371595	0,208829	0,714320617
A_21_P0006902	0,649031865	8,987986711	1,33094887	0,20896377	0,714320617
A_33_P3407042	0,692280724	12,59124407	1,330856187	0,208993329	0,714320617
A_32_P150086	0,677105561	7,219085847	1,330853695	0,208994123	0,714320617
A_23_P157215	0,755063413	13,05327583	1,329903323	0,209297412	0,714320617
A_33_P3297923	0,731628405	13,56254953	1,329765171	0,20934153	0,714320617
A_19_P00316159	1,138667775	14,55846971	1,329757805	0,209343883	0,714320617
A_23_P18579	0,668173684	12,79106824	1,329683853	0,209367503	0,714320617
A_33_P3294133	0,955087871	13,2553939	1,329466218	0,209437026	0,714320617
A_23_P156310	0,682251275	9,055757035	1,328930716	0,209608171	0,714320617
A_21_P0010339	0,683003878	7,338296855	1,328369476	0,209787666	0,714320617
A_33_P3394031	0,638592268	7,241946415	1,328079313	0,209880515	0,714320617
A_21_P0002166	0,680449604	7,233176049	1,327668856	0,210011915	0,714320617
A_21_P0004274	0,718988077	9,869691442	1,327603874	0,210032723	0,714320617
A_24_P388433	1,45169268	8,729311619	1,327330976	0,210120131	0,714320617
A_33_P3417313	0,626958224	6,709202999	1,327218398	0,210156197	0,714320617
A_32_P217510	0,742519458	10,51200717	1,327150916	0,210177819	0,714320617
A_33_P3399571	0,954145358	9,579511136	1,326796487	0,21029141	0,714320617
A_21_P0000306	0,93355128	7,818885772	1,326790575	0,210293305	0,714320617
A_33_P3357082	0,657939767	9,086017658	1,326562155	0,210366538	0,714320617

A_24_P854492	0,635195076	6,884975643	1,326511784	0,210382691	0,714320617
A_33_P3395146	0,690783264	11,7751744	1,326227758	0,210473787	0,714320617
A_23_P201672	0,7012552	13,15387666	1,325952189	0,210562202	0,714320617
A_33_P3274332	-0,715922086	11,94143269	-1,326047068	0,210531757	0,714320617
A_33_P3360758	-0,700785507	7,503983103	-1,32613511	0,210503509	0,714320617
A_21_P0003182	-0,689050509	6,741915286	-1,326558411	0,210367739	0,714320617
A_33_P3214314	-0,648783231	10,02174362	-1,326991964	0,210228755	0,714320617
A_23_P105562	-2,102918692	12,5608497	-1,32709041	0,210197207	0,714320617
A_32_P138617	-0,894635411	9,641434271	-1,327938991	0,209925429	0,714320617
A_21_P0012757	-0,621390431	6,491490412	-1,32852985	0,209736363	0,714320617
A_23_P43476	-0,74533623	8,728698172	-1,328784924	0,209654786	0,714320617
A_33_P3229477	-1,204867709	8,075193664	-1,329008949	0,209583161	0,714320617
A_33_P3353275	-0,699705179	6,608611841	-1,329108917	0,209551206	0,714320617
A_23_P94319	-0,655469235	13,40148616	-1,329461212	0,209438625	0,714320617
A_23_P2114	-0,873114981	12,20603881	-1,329501272	0,209425827	0,714320617
A_33_P3278573	-0,872381914	9,727356538	-1,330085259	0,209239324	0,714320617
A_21_P0001256	-0,712799525	6,573920507	-1,330652229	0,209058386	0,714320617
A_33_P3258782	-0,632868164	10,69331472	-1,331159958	0,208896463	0,714320617
A_33_P3305438	-0,769225732	7,903762396	-1,331213556	0,208879376	0,714320617
A_24_P157370	-0,99348076	8,923399769	-1,331305512	0,208850063	0,714320617
A_23_P216845	-1,22249579	13,08116865	-1,331392391	0,208822371	0,714320617
A_23_P125078	-1,05294557	10,72568195	-1,332070552	0,208606319	0,714320617
A_23_P201747	-0,863351851	8,518598621	-1,332808059	0,208371568	0,714320617
A_21_P0013592	-0,696995509	6,884643686	-1,333925756	0,208016215	0,714320617
A_33_P3284888	0,639934947	6,828627527	1,325415274	0,210734556	0,714564254
A_23_P40354	-0,686880092	11,45053203	-1,325412697	0,210735383	0,714564254
A_21_P0009522	-1,050986467	7,91198754	-1,324895942	0,210901375	0,714955155
A_33_P3257513	1,075275553	11,00542361	1,324505402	0,211026895	0,715134972
A_24_P136866	1,426306124	8,445033382	1,324415299	0,211055863	0,715134972
A_23_P149206	0,760159505	9,650127499	1,324110225	0,211153969	0,715295484
A_23_P370434	0,807047081	15,23947758	1,323746235	0,211271069	0,715515891
A_33_P3346937	0,999191059	8,294126956	1,323327612	0,211405811	0,715515891
A_24_P76649	0,642199185	6,652152027	1,323248437	0,211431302	0,715515891
A_24_P68631	0,75694491	13,49685304	1,322957943	0,211524854	0,715515891
A_21_P0000383	0,886099971	7,999145039	1,322547285	0,211657162	0,715515891
A_33_P3416366	0,743873273	8,937377036	1,322489525	0,211675777	0,715515891
A_23_P315451	-0,704428754	6,711479879	-1,322672849	0,2116167	0,715515891
A_32_P179138	-1,026758214	7,928655076	-1,32271347	0,211603612	0,715515891
A_23_P53891	-0,850410762	8,198177784	-1,323054585	0,211493728	0,715515891
A_23_P398294	0,642934085	11,52592464	1,322266922	0,21174753	0,715586871
A_21_P0003548	0,637087874	6,630208093	1,321857417	0,21187958	0,715861537
A_23_P144202	0,769412483	7,598653689	1,321660302	0,211943166	0,715871911
A_19_P00317965	-0,748572511	7,911270965	-1,321533126	0,211984199	0,715871911
A_33_P3365644	-0,663499404	6,517199459	-1,321131467	0,212113837	0,715966721

A_23_P120822	-0,648224613	6,984999381	-1,321183505	0,212097038	0,715966721
A_23_P145957	-0,6313681	9,780365175	-1,320902437	0,212187787	0,716044905
A_33_P3279715	0,755673029	11,67481249	1,320356654	0,212364097	0,7161205
A_23_P50389	0,69236861	10,00599972	1,320070004	0,212456744	0,7161205
A_21_P0012451	-0,912811127	8,940037153	-1,320047094	0,21246415	0,7161205
A_33_P3231352	-0,624361558	8,200790988	-1,320216626	0,21240935	0,7161205
A_21_P0007545	-0,742650632	8,293251972	-1,320643688	0,212271358	0,7161205
A_33_P3304304	0,756396035	7,923197253	1,319181937	0,212743983	0,716632571
A_23_P365817	0,680980152	14,71139399	1,31841887	0,212991046	0,716632571
A_23_P100499	-0,709005737	9,294721059	-1,318164267	0,213073533	0,716632571
A_21_P0008352	-0,733768718	8,950804998	-1,318266298	0,213040473	0,716632571
A_23_P52207	-1,413619375	11,21620703	-1,318269295	0,213039502	0,716632571
A_23_P319565	-0,643857644	8,338844499	-1,318437484	0,212985017	0,716632571
A_23_P204324	-0,921862911	11,17994635	-1,318908873	0,212832368	0,716632571
A_21_P0000802	-0,72079764	7,141744956	-1,318921663	0,212828227	0,716632571
A_23_P25566	-0,866609592	12,22139162	-1,319214679	0,212733387	0,716632571
A_21_P0000445	0,854328377	8,823324467	1,317736579	0,213212154	0,716725376
A_23_P142205	-0,691618874	8,609618483	-1,317451895	0,213304467	0,716725376
A_23_P24688	-0,693481148	6,999324173	-1,317471533	0,213298098	0,716725376
A_19_P00317444	-0,761242265	8,131305112	-1,317831856	0,213181267	0,716725376
A_33_P3350074	0,762170419	13,54639074	1,317034618	0,213439833	0,716970975
A_33_P3233981	0,750405357	15,66314468	1,316694844	0,213550109	0,716970975
A_21_P0007429	0,722641628	11,75696238	1,316156594	0,213724898	0,716970975
A_33_P3404729	0,879261151	8,204407486	1,316126105	0,213734802	0,716970975
A_33_P3249589	0,663832241	7,125982067	1,315973503	0,21378438	0,716970975
A_23_P413180	-1,143968068	8,521343872	-1,31630217	0,213677613	0,716970975
A_23_P21363	-0,661421446	10,76387554	-1,316432289	0,213635355	0,716970975
A_33_P3324415	-0,635347884	6,534923859	-1,316792299	0,213518475	0,716970975
A_23_P106887	0,776804757	12,52774087	1,315652358	0,213888747	0,716979895
A_21_P0006516	-0,71474216	7,351270939	-1,315703564	0,213872103	0,716979895
A_33_P3237482	0,67227143	6,55123181	1,315383195	0,213976252	0,717102727
A_23_P1102	0,651025732	6,648954159	1,314497125	0,214264521	0,717495016
A_23_P16063	0,705368795	7,885764009	1,314190115	0,214364476	0,717495016
A_33_P3252925	0,62515386	11,62103771	1,313772149	0,214500617	0,717495016
A_24_P865	1,144745826	9,803625035	1,313718527	0,214518088	0,717495016
A_33_P3321577	0,740896123	12,16038386	1,313400724	0,214621658	0,717495016
A_21_P0001923	1,464506967	10,91189517	1,313304285	0,214653094	0,717495016
A_23_P255884	-0,814711668	13,80287716	-1,313383257	0,214627351	0,717495016
A_33_P3324974	-0,648944464	6,69584661	-1,313742598	0,214510245	0,717495016
A_23_P77000	-0,803319868	12,68448469	-1,314225756	0,21435287	0,717495016
A_23_P208182	-0,643163579	10,41504554	-1,314303161	0,214327667	0,717495016
A_21_P0007901	-0,751238594	6,804735627	-1,314357892	0,214309847	0,717495016
A_33_P3288824	0,626586543	6,879193619	1,312921895	0,214777782	0,717632962
A_21_P0000703	0,669756159	7,258405299	1,312277112	0,214988162	0,717632962

A_23_P334263	0,749381969	7,920560384	1,31226354	0,214992592	0,717632962
A_21_P0010816	0,664601386	6,515656241	1,312039888	0,215065607	0,717632962
A_33_P3252236	0,635153348	9,916890946	1,311654508	0,215191466	0,717632962
A_33_P3271480	0,704928257	10,27227472	1,31159241	0,215211752	0,717632962
A_33_P3216008	0,898305772	10,50600461	1,311272377	0,215316325	0,717632962
A_33_P3210423	0,64287408	9,603093819	1,311024468	0,215397358	0,717632962
A_21_P0000215	1,163048444	8,307453012	1,310995496	0,21540683	0,717632962
A_21_P0003710	-0,623227959	8,813445773	-1,310995106	0,215406958	0,717632962
A_33_P3223503	-0,69443842	9,105668406	-1,311009734	0,215402175	0,717632962
A_32_P305888	-1,013605518	7,32281515	-1,311165834	0,215351147	0,717632962
A_33_P3251227	-0,638520869	9,439366797	-1,31154227	0,215228133	0,717632962
A_19_P00315581	-0,722233852	12,88729097	-1,311942262	0,215097484	0,717632962
A_33_P3391290	0,770446382	7,649755463	1,310695942	0,215504782	0,717789256
A_24_P332471	0,721373095	15,40744949	1,309974566	0,215740815	0,717901056
A_23_P152768	0,695076362	9,665367086	1,30987289	0,2157741	0,717901056
A_33_P3272568	0,634884513	6,9417033	1,309815344	0,215792941	0,717901056
A_33_P3262181	-0,65362074	11,26504137	-1,310064886	0,215711251	0,717901056
A_23_P41765	-0,763922216	9,263701137	-1,310256281	0,215648613	0,717901056
A_33_P3282434	0,750937144	8,878599749	1,309464272	0,215907911	0,718094002
A_23_P46606	-0,620582194	13,04730924	-1,309327229	0,215952803	0,718094002
A_33_P3211793	0,901806029	9,066177077	1,309106014	0,216025285	0,718165642
A_33_P3238636	1,09869718	7,842429029	1,3085902	0,21619437	0,71833818
A_23_P2446	0,64226838	10,97253268	1,308481447	0,216230033	0,71833818
A_23_P166848	-0,856421825	7,994554677	-1,30853985	0,21621088	0,71833818
A_33_P3349776	0,896647825	10,85566227	1,308036236	0,216376081	0,718654031
A_21_P0009457	-0,645069295	6,726218066	-1,307593521	0,216521389	0,718967279
A_23_P420551	0,747608563	11,90517111	1,306478985	0,216887557	0,719408218
A_24_P160874	0,708114773	12,46897626	1,306470525	0,216890338	0,719408218
A_33_P3359856	0,94496351	9,224913696	1,306016859	0,217039531	0,719408218
A_32_P72181	0,685057584	7,199581627	1,30584723	0,217095337	0,719408218
A_33_P3210965	0,668048277	9,342975344	1,305569909	0,217186597	0,719408218
A_33_P3381963	0,65602149	6,855351272	1,305490188	0,217212837	0,719408218
A_21_P0014722	0,622614379	6,849688775	1,30526972	0,217285418	0,719408218
A_24_P206047	0,864112332	8,554238367	1,304126652	0,217662047	0,719408218
A_24_P65616	0,618412717	8,478048106	1,303465577	0,217880106	0,719408218
A_33_P3270384	0,645554515	15,32226467	1,302709225	0,218129812	0,719408218
A_21_P0014718	0,72763438	8,42793876	1,302373026	0,218240882	0,719408218
A_23_P208961	0,665181717	13,06769499	1,302173308	0,218306884	0,719408218
A_23_P398530	0,61355597	7,700930051	1,302138506	0,218318387	0,719408218
A_23_P200404	0,749444307	11,513621	1,301981063	0,218370432	0,719408218
A_23_P132675	0,655501687	12,80228538	1,301773208	0,218439157	0,719408218
A_24_P90216	0,873435978	7,933455558	1,301351677	0,218578585	0,719408218
A_23_P81859	0,688698676	15,72103559	1,301295883	0,218597045	0,719408218
A_21_P0011387	0,823945553	11,32004216	1,301153459	0,218644174	0,719408218

A_23_P502224	-0,73066036	17,02310669	-1,301387746	0,218566652	0,719408218
A_23_P3193	-0,650073289	9,786534904	-1,30162099	0,218489497	0,719408218
A_23_P380965	-0,707481169	12,18907549	-1,3017136	0,218458869	0,719408218
A_23_P144746	-0,609845034	6,26940409	-1,301739654	0,218450252	0,719408218
A_23_P256375	-0,637545074	12,58346734	-1,301755131	0,218445134	0,719408218
A_33_P3364205	-0,626107506	9,206691513	-1,302057359	0,21834521	0,719408218
A_24_P175176	-0,667821466	11,58771292	-1,30210854	0,218328292	0,719408218
A_23_P102950	-1,384164641	9,12086701	-1,302398279	0,218232537	0,719408218
A_21_P0002727	-0,713990002	7,163953995	-1,302784781	0,218104858	0,719408218
A_21_P0007914	-0,663549232	6,616057368	-1,303201988	0,217967103	0,719408218
A_33_P3284290	-0,897082708	8,328094072	-1,303373314	0,217910554	0,719408218
A_23_P170733	-0,623088425	13,32370197	-1,303462363	0,217881167	0,719408218
A_33_P3244141	-0,62053933	13,57490154	-1,303500308	0,217868646	0,719408218
A_33_P3256560	-0,765880874	14,88035693	-1,304006021	0,217701824	0,719408218
A_24_P230282	-0,76927412	7,334184467	-1,304422687	0,217564455	0,719408218
A_21_P0000116	-0,624516112	6,733236928	-1,304748639	0,217457043	0,719408218
A_33_P3329686	-1,308613085	8,909984992	-1,304967949	0,217384797	0,719408218
A_21_P0000527	-0,885362354	8,271914295	-1,306023469	0,217037357	0,719408218
A_19_P00322856	-0,629617986	12,31708367	-1,306193414	0,216981459	0,719408218
A_33_P3305758	-0,78482246	12,66247823	-1,306672095	0,216824077	0,719408218
A_23_P89589	-0,777017229	9,166596865	-1,306801592	0,216781517	0,719408218
A_23_P111583	-0,819557946	13,81648309	-1,300818594	0,218755015	0,719604984
A_23_P215778	0,613058711	7,759780266	1,299486731	0,219196317	0,720665211
A_33_P3351276	1,738333523	8,337458331	1,299368929	0,219235385	0,720665211
A_33_P3278881	0,786703163	9,268072492	1,299104789	0,219323005	0,720665211
A_23_P119698	0,899874218	9,936825987	1,298953624	0,219373161	0,720665211
A_21_P0011146	0,688537279	11,24972131	1,298920947	0,219384005	0,720665211
A_23_P302595	-0,608661106	6,214610081	-1,299353808	0,2192404	0,720665211
A_23_P329361	0,701288665	10,662504	1,298023738	0,219681904	0,721063056
A_23_P93269	0,722704392	9,130719963	1,297835355	0,219744494	0,721063056
A_33_P3308833	0,686112851	9,1077108	1,297494012	0,219857943	0,721063056
A_21_P0011791	1,026819851	7,97174184	1,296737085	0,220109684	0,721063056
A_33_P3510335	0,683431494	7,966525398	1,296727396	0,220112908	0,721063056
A_23_P108028	0,642814544	9,493169754	1,296682355	0,220127895	0,721063056
A_33_P3225843	0,639090252	7,167304025	1,296605162	0,220153583	0,721063056
A_21_P0009169	0,644490837	6,558134903	1,296232272	0,220277707	0,721063056
A_23_P422212	0,648968905	7,214425915	1,296169231	0,220298697	0,721063056
A_33_P3415430	0,678672134	10,90674682	1,296091926	0,220324438	0,721063056
A_32_P116989	0,688977515	7,549728387	1,295934981	0,220376706	0,721063056
A_23_P393766	0,614228463	7,189043342	1,295740981	0,220441329	0,721063056
A_21_P0013869	0,872475986	8,327151031	1,295004926	0,220686653	0,721063056
A_33_P3326285	0,735753359	15,68984643	1,294485099	0,220860044	0,721063056
A_33_P3302320	0,680651532	7,143182353	1,294417518	0,220882594	0,721063056
A_33_P3217123	0,623869991	15,278699	1,294238623	0,220942295	0,721063056

A_24_P195272	0,634784948	6,902518443	1,294081801	0,220994642	0,721063056
A_21_P0000508	1,59746451	12,0504872	1,294014373	0,221017152	0,721063056
A_33_P3349496	0,699511694	7,270405345	1,293626326	0,221146733	0,721063056
A_33_P3284108	1,06254589	9,226298026	1,293316088	0,221250376	0,721063056
A_23_P134347	0,751407363	9,300978316	1,293306598	0,221253547	0,721063056
A_23_P27381	0,632760975	10,64657863	1,293139638	0,221309342	0,721063056
A_21_P0013579	1,104478728	9,732155482	1,292759186	0,221436523	0,721063056
A_23_P163481	0,733073342	11,87159175	1,292054608	0,221672213	0,721063056
A_21_P0000333	0,900318694	7,811032876	1,292022405	0,221682991	0,721063056
A_23_P415633	0,656626831	8,569722489	1,291854417	0,221739217	0,721063056
A_33_P3291325	-0,671741159	7,301643477	-1,291806067	0,221755402	0,721063056
A_32_P827528	-0,702356823	11,53476176	-1,292137748	0,221644391	0,721063056
A_33_P3254136	-1,289040901	8,210057131	-1,292534139	0,221511782	0,721063056
A_21_P0003533	-0,608213225	6,73731842	-1,292568352	0,221500339	0,721063056
A_33_P3390335	-0,995666434	11,75300439	-1,29296261	0,221368513	0,721063056
A_33_P3360311	-0,705202227	7,013407826	-1,293309605	0,221252543	0,721063056
A_33_P3219785	-0,877733361	8,187923159	-1,293357288	0,22123661	0,721063056
A_33_P3351836	-0,688529108	7,874505066	-1,293383323	0,221227911	0,721063056
A_24_P942517	-0,767234868	12,23638515	-1,29398579	0,221026695	0,721063056
A_33_P3275948	-0,714742438	11,44564229	-1,294164098	0,22096717	0,721063056
A_23_P321703	-0,607360007	12,62478249	-1,294517876	0,220849108	0,721063056
A_23_P42498	-0,908006888	14,90091731	-1,2949266	0,220712772	0,721063056
A_23_P143845	-1,038818465	12,30471356	-1,296199371	0,220288661	0,721063056
A_33_P3379076	-0,605602356	6,423906409	-1,296813125	0,220084384	0,721063056
A_32_P84009	-0,68913465	10,47811036	-1,297302305	0,219921679	0,721063056
A_33_P3382118	-0,861110304	10,06468426	-1,2974066	0,219887002	0,721063056
A_33_P3329549	-0,684328099	10,76790295	-1,297586609	0,219827162	0,721063056
A_19_P00318813	-0,769632905	10,45814381	-1,297720392	0,219782698	0,721063056
A_24_P400573	0,638278711	7,283228767	1,291415984	0,221886017	0,72132141
A_23_P27332	0,770368677	11,92823755	1,290791883	0,22209512	0,721623606
A_33_P3299865	0,666703866	15,02225534	1,290711875	0,222121938	0,721623606
A_23_P161686	-0,906692074	8,311845237	-1,290374989	0,222234889	0,721623606
A_23_P20558	-0,732422573	9,808567498	-1,290519404	0,222186464	0,721623606
A_32_P122754	-0,685753289	10,16849379	-1,2905559	0,222174228	0,721623606
A_19_P00802390	0,724957613	7,871779397	1,289374891	0,222570474	0,722214296
A_33_P3372124	-0,689253628	14,11583842	-1,289461314	0,222541459	0,722214296
A_23_P215341	-0,637788255	10,29490767	-1,289524381	0,222520286	0,722214296
A_24_P945000	0,611516437	10,04453431	1,288704314	0,222795718	0,722679805
A_33_P3366124	0,981098578	10,44861016	1,288322655	0,222923998	0,722679805
A_24_P298174	0,768038481	10,94012124	1,287306108	0,223265965	0,722679805
A_33_P3270657	0,623293903	9,231514347	1,287305933	0,223266024	0,722679805
A_33_P3223208	1,012044285	8,507210438	1,286736936	0,22345762	0,722679805
A_24_P65060	0,809204849	10,01966381	1,286481443	0,223543694	0,722679805
A_23_P89921	0,598456765	8,648320208	1,286302975	0,223603836	0,722679805

A_33_P3250463	0,762112357	10,06769276	1,28618322	0,223644199	0,722679805
A_24_P175612	0,891942073	8,552145745	1,28617987	0,223645328	0,722679805
A_23_P132388	0,835050227	12,1784682	1,285802015	0,223772722	0,722679805
A_23_P259333	0,725163492	10,53404958	1,285731003	0,22379667	0,722679805
A_23_P130376	0,753731083	8,273901121	1,285678242	0,223814465	0,722679805
A_33_P3242234	0,616626584	12,09781887	1,285601901	0,223840214	0,722679805
A_21_P0000313	1,305101206	8,084081808	1,285597795	0,223841599	0,722679805
A_33_P3297003	-0,660251779	12,51223146	-1,286073739	0,223681104	0,722679805
A_33_P3286146	-0,674479076	6,636418622	-1,286533796	0,223526055	0,722679805
A_23_P500956	-1,014592049	9,59808143	-1,28718507	0,22330671	0,722679805
A_33_P3849275	-0,829669114	11,7096246	-1,287474302	0,223209355	0,722679805
A_33_P3298955	-0,752112838	7,10018024	-1,287978935	0,223039578	0,722679805
A_19_P00321973	-0,733938663	10,61162908	-1,288068803	0,223009354	0,722679805
A_23_P215461	-0,612181629	10,8081066	-1,288143502	0,222984235	0,722679805
A_23_P141520	-0,664176105	14,27940666	-1,288244	0,222950443	0,722679805
A_23_P412392	-0,630477367	11,04884127	-1,285243229	0,223961225	0,722735022
A_23_P360167	-0,759017993	13,57711944	-1,285325956	0,223933309	0,722735022
A_24_P250335	0,761019154	12,31572924	1,284785673	0,224115675	0,723067939
A_23_P553	0,659142081	10,90564273	1,283979916	0,22438787	0,723449481
A_21_P0004869	-0,804370534	8,252792517	-1,283998268	0,224381668	0,723449481
A_33_P3381870	-0,935326944	15,5766817	-1,284085978	0,224352026	0,723449481
A_23_P57347	0,618337125	11,60185325	1,283626476	0,224507352	0,723669216
A_24_P241330	0,622690524	10,40131539	1,282812132	0,224782839	0,723709424
A_23_P106194	-1,068556126	10,42566073	-1,282527658	0,224879139	0,723709424
A_21_P0001241	-0,602423788	6,285719732	-1,282648438	0,224838249	0,723709424
A_23_P342053	-0,636843556	9,198739962	-1,28282721	0,224777736	0,723709424
A_23_P83028	-0,640727511	9,337721686	-1,282939204	0,224739834	0,723709424
A_23_P156748	-0,677290988	12,02654182	-1,282939662	0,224739678	0,723709424
A_32_P73217	-0,706234819	8,639763776	-1,283184199	0,224656937	0,723709424
A_23_P302681	0,657439249	8,262219534	1,2821437	0,22500917	0,723754308
A_21_P0007070	1,346655142	10,29115941	1,282075211	0,225032371	0,723754308
A_23_P339079	0,732607412	10,41241082	1,28172878	0,225149755	0,723754308
A_21_P0003454	-0,855011801	7,543200063	-1,281843401	0,225110911	0,723754308
A_23_P103765	-0,780317326	15,32117608	-1,281949027	0,225075121	0,723754308
A_33_P3403132	0,658793577	13,88490794	1,281196934	0,225330061	0,7241688
A_23_P383278	0,682670756	8,476352939	1,28094166	0,225416645	0,72424635
A_33_P3254660	0,773469576	10,08199381	1,280659777	0,225512286	0,72424635
A_23_P49865	0,84221032	7,154499334	1,280569153	0,225543041	0,72424635
A_23_P152066	-0,776562052	11,53235224	-1,280520171	0,225559666	0,72424635
A_23_P163099	0,720502962	9,883303458	1,280181658	0,225674584	0,724348179
A_33_P3548190	0,626432998	6,688020184	1,280124092	0,225694131	0,724348179
A_23_P323685	0,694739633	13,27490382	1,279876393	0,225778255	0,72445326
A_23_P110288	0,618577123	7,971617036	1,279550576	0,225888949	0,724643526
A_21_P0005314	0,624867965	7,080163432	1,279332356	0,225963112	0,724682805

A_21_P0007638	0,653251878	7,240452479	1,279212093	0,226003993	0,724682805
A_23_P137173	-1,00361206	8,907280852	-1,278728845	0,226168321	0,72488001
A_21_P0001492	-0,720453007	6,880007525	-1,278862372	0,226122906	0,72488001
A_33_P3361741	-0,745689136	11,41685824	-1,278197626	0,226349074	0,72512965
A_23_P157736	-0,742473988	10,26374597	-1,278306013	0,226312185	0,72512965
A_33_P3622472	0,626766037	10,84623193	1,277948949	0,226433729	0,725236061
A_23_P134147	0,626884117	9,999956316	1,277191115	0,22669187	0,725375607
A_33_P3209651	0,896527023	10,69318097	1,276988112	0,226761059	0,725375607
A_33_P3390773	0,665065543	9,857735004	1,276625563	0,226884669	0,725375607
A_24_P20873	0,671853944	12,40661914	1,276591649	0,226896234	0,725375607
A_23_P22352	0,927719483	8,911140104	1,27640619	0,226959489	0,725375607
A_33_P3306287	0,641399949	9,246281549	1,276405705	0,226959655	0,725375607
A_33_P3344816	0,619852841	8,97504658	1,276104372	0,227062462	0,725375607
A_32_P30649	0,732512616	7,064919607	1,275941947	0,227117893	0,725375607
A_23_P429425	0,684937991	6,664518882	1,275247834	0,227354897	0,725375607
A_33_P3360611	0,610233543	6,569209113	1,275204475	0,227369708	0,725375607
A_33_P3650353	0,597461436	7,605646994	1,274637458	0,227563474	0,725375607
A_21_P0000670	0,929945804	8,741890152	1,274519955	0,227603645	0,725375607
A_23_P153583	0,722759777	7,998904335	1,274166467	0,227724527	0,725375607
A_23_P104073	0,702941046	7,15244242	1,274165891	0,227724723	0,725375607
A_23_P33558	-0,628623426	6,848616501	-1,274052484	0,227763516	0,725375607
A_33_P3349671	-0,645905403	6,651965757	-1,274499508	0,227610636	0,725375607
A_23_P4662	-0,745572822	13,74973579	-1,274596004	0,227577645	0,725375607
A_23_P10873	-0,654653623	9,195185697	-1,274741597	0,227527877	0,725375607
A_33_P3237567	-0,763051944	8,805941481	-1,274795447	0,227509471	0,725375607
A_24_P256307	-0,770797114	14,68999093	-1,274990315	0,227442877	0,725375607
A_21_P0010269	-0,674413055	7,647355782	-1,275661751	0,227213541	0,725375607
A_21_P0003450	-0,623631031	6,623568285	-1,275903914	0,227130874	0,725375607
A_32_P104000	-0,657422986	12,68534642	-1,276142129	0,227049578	0,725375607
A_23_P11729	-0,603482131	8,818878128	-1,277377361	0,226628407	0,725375607
A_33_P3380529	-0,725764408	7,812299015	-1,277650688	0,226535297	0,725375607
A_32_P47701	0,777020324	14,69545308	1,273299879	0,228021091	0,726029457
A_33_P3641427	0,688468919	7,787156558	1,273140134	0,228075793	0,726029457
A_23_P100795	-0,822087301	9,019118743	-1,273001409	0,228123306	0,726029457
A_32_P91042	-0,72663691	10,05545879	-1,272699506	0,228226735	0,726030851
A_21_P0007384	-0,610037063	6,852416946	-1,272730444	0,228216134	0,726030851
A_19_P00319540	0,66331056	7,455379607	1,271951996	0,228482985	0,726195858
A_33_P3375002	0,722741249	8,60137647	1,271671729	0,228579122	0,726195858
A_23_P110167	0,69917924	13,22625859	1,271567894	0,228614748	0,726195858
A_23_P31654	0,654307539	16,66359675	1,271496772	0,228639153	0,726195858
A_33_P3278191	-0,674294927	6,912877123	-1,271562693	0,228616533	0,726195858
A_23_P69573	-1,348831038	10,92108676	-1,271847043	0,228518982	0,726195858
A_21_P0011958	-0,622433525	7,791228524	-1,271857151	0,228515515	0,726195858
A_33_P3294986	0,667487384	12,44825327	1,270868403	0,22885486	0,726298216

A_33_P3332625	0,698935997	6,979736441	1,270634692	0,22893513	0,726298216
A_33_P3415042	0,654143533	11,57788882	1,270571209	0,228956938	0,726298216
A_24_P517901	0,911609875	11,50760923	1,270527203	0,228972056	0,726298216
A_33_P3273584	0,932776792	8,49870095	1,270054011	0,22913467	0,726298216
A_23_P102925	0,678901643	10,80727678	1,269886721	0,229192181	0,726298216
A_23_P258272	0,641958443	11,98980844	1,269858313	0,229201949	0,726298216
A_33_P3419314	0,638792772	6,757165161	1,26948121	0,229331639	0,726298216
A_24_P703830	0,604478022	9,700965865	1,269474027	0,22933411	0,726298216
A_21_P0005933	0,632108799	7,159190997	1,269199047	0,229428716	0,726298216
A_23_P163117	0,640614103	11,64921882	1,269028295	0,229487479	0,726298216
A_23_P395566	0,686049547	8,517253205	1,268884729	0,229536896	0,726298216
A_21_P0000677	0,629680957	7,245078769	1,268765052	0,229578096	0,726298216
A_24_P156576	0,700919486	8,000150918	1,268447685	0,229687383	0,726298216
A_33_P3620087	0,665133754	6,863405171	1,267626635	0,229970308	0,726298216
A_33_P3379406	0,592861826	7,159133228	1,267571642	0,229989269	0,726298216
A_23_P53866	0,673349535	11,49848998	1,267499881	0,230014012	0,726298216
A_33_P3292307	0,648815247	7,427248844	1,267441122	0,230034274	0,726298216
A_32_P25273	0,754309415	15,28675939	1,266976262	0,23019462	0,726298216
A_24_P647682	0,673606965	8,920175067	1,266902347	0,230220124	0,726298216
A_23_P45099	0,598768323	12,26513029	1,266861661	0,230234164	0,726298216
A_21_P0011949	1,09212528	11,23862657	1,265853697	0,230582205	0,726298216
A_19_P00320047	0,759487099	8,043813255	1,265566187	0,230681557	0,726298216
A_23_P70480	0,688269943	15,31529709	1,265398643	0,23073947	0,726298216
A_24_P25346	0,753433858	11,46935708	1,265219676	0,230801344	0,726298216
A_33_P3443165	0,596498721	14,2229497	1,265181447	0,230814562	0,726298216
A_33_P3266614	-0,702285495	8,785462292	-1,265122417	0,230834974	0,726298216
A_33_P3421053	-0,649032574	6,559860007	-1,265422626	0,230731179	0,726298216
A_33_P3330549	-0,955189237	10,55320987	-1,265847929	0,230584198	0,726298216
A_23_P67618	-0,820821335	9,631656054	-1,265923437	0,230558111	0,726298216
A_33_P3741059	-0,646134862	10,08878025	-1,266108574	0,230494158	0,726298216
A_24_P329353	-0,939848501	11,00180789	-1,266581051	0,230331014	0,726298216
A_33_P3357470	-0,806393811	9,499057031	-1,266613094	0,230319953	0,726298216
A_21_P0011297	-0,882122738	10,55247542	-1,266750316	0,23027259	0,726298216
A_21_P0010671	-0,72288129	6,817567598	-1,266802916	0,230254437	0,726298216
A_33_P3279286	-0,622289368	6,393062843	-1,267170462	0,230127623	0,726298216
A_24_P300777	-0,779440212	16,38336888	-1,267996063	0,229842972	0,726298216
A_21_P0008285	-0,611867503	6,922638166	-1,26808156	0,229813511	0,726298216
A_21_P0002800	-0,602183671	6,657214998	-1,268600718	0,22963468	0,726298216
A_23_P24884	-0,923127652	9,550465415	-1,268739002	0,229587065	0,726298216
A_23_P27571	-0,697681887	9,156285939	-1,269915381	0,229182328	0,726298216
A_33_P3274304	-0,612692177	12,62385385	-1,270306131	0,229048016	0,726298216
A_23_P203947	0,686690832	10,54121433	1,264927431	0,23090241	0,726348299
A_19_P00321089	-0,833357928	8,764801447	-1,264659455	0,230995114	0,726477832
A_33_P3405911	0,657610755	6,564327227	1,264377795	0,231092585	0,726530728

A_23_P114740	0,694390883	10,75488226	1,264070787	0,231198866	0,726530728
A_33_P3361513	0,784838073	8,181395981	1,263443982	0,231415976	0,726530728
A_33_P3284408	0,785383558	7,521700264	1,263303752	0,231464571	0,726530728
A_33_P3871347	0,982819699	8,195405969	1,263251969	0,231482518	0,726530728
A_23_P78372	0,661526345	8,629789702	1,263102857	0,231534203	0,726530728
A_33_P3394404	-0,713841426	11,63849667	-1,262825682	0,231630302	0,726530728
A_33_P3251841	-0,948019791	7,980422717	-1,262924138	0,231596162	0,726530728
A_23_P29638	-0,588738567	8,722143468	-1,263139562	0,231521479	0,726530728
A_23_P408787	-0,763156667	11,37832564	-1,263365939	0,23144302	0,726530728
A_23_P74701	-0,788180743	9,700573798	-1,263399097	0,231431529	0,726530728
A_32_P129894	-0,720445423	9,825698618	-1,263645133	0,231346284	0,726530728
A_23_P157170	0,63008717	10,13066932	1,262574544	0,231717401	0,726594244
A_24_P413437	0,621077698	11,86616374	1,262230876	0,231836634	0,726594244
A_33_P3261625	0,665916039	15,00762621	1,262173075	0,231856692	0,726594244
A_33_P3214550	-0,728348843	8,856199784	-1,262213048	0,23184282	0,726594244
A_24_P199655	-0,695987859	12,79299368	-1,261840744	0,231972047	0,726794197
A_24_P210675	0,645210812	7,912840969	1,261458829	0,23210467	0,727048153
A_33_P3236403	0,765788947	14,17781126	1,260532516	0,232426592	0,727287546
A_33_P3295458	0,599951922	6,849163268	1,260113102	0,23257247	0,727287546
A_33_P3325384	0,622400614	7,673689102	1,259945536	0,232630772	0,727287546
A_33_P3306146	0,957802753	8,421836185	1,259451537	0,232802721	0,727287546
A_33_P3242373	1,090556883	11,06623204	1,259310903	0,23285169	0,727287546
A_23_P139919	-0,631016575	11,54076826	-1,259373139	0,232830018	0,727287546
A_33_P3327847	-0,722277661	9,156751151	-1,25970327	0,232715086	0,727287546
A_33_P3281930	-0,613446448	12,4982153	-1,259842045	0,232666786	0,727287546
A_33_P3223002	-0,604181342	7,915500207	-1,259961634	0,232625171	0,727287546
A_21_P0012316	-0,593423583	8,273128244	-1,26039273	0,232475204	0,727287546
A_23_P140648	-0,774782115	11,69127235	-1,260528233	0,232428082	0,727287546
A_23_P70785	-0,59041173	8,292132505	-1,260574254	0,232412079	0,727287546
A_33_P3386147	-0,60816576	6,743537391	-1,260778503	0,232341069	0,727287546
A_21_P0008816	0,600520915	6,704142316	1,258903783	0,232993499	0,727381996
A_23_P321349	0,675896589	10,45877271	1,25884044	0,233015569	0,727381996
A_23_P203115	0,802266051	8,287442961	1,258654524	0,233080356	0,727381996
A_23_P230	0,685299197	8,802345605	1,25821545	0,233233419	0,727381996
A_23_P52298	0,895021271	11,17105394	1,258148295	0,233256836	0,727381996
A_23_P74653	0,671803554	12,41276092	1,257829474	0,233368038	0,727381996
A_23_P80032	0,596815835	11,18151284	1,257663364	0,233425992	0,727381996
A_21_P0008530	0,839462969	7,937368912	1,25731161	0,233548755	0,727381996
A_24_P192914	1,093717226	14,65890325	1,257043708	0,233642288	0,727381996
A_24_P139901	0,745974032	11,49130206	1,257026891	0,23364816	0,727381996
A_33_P3210521	0,658685742	9,478908494	1,25697613	0,233665886	0,727381996
A_21_P0003905	0,605736731	6,874373706	1,256243177	0,233921957	0,727381996
A_21_P0006717	0,700385999	8,455948029	1,256186748	0,233941681	0,727381996
A_33_P3213342	0,584934477	7,318246866	1,256174669	0,233945903	0,727381996

A_23_P36120	0,776981921	9,94207328	1,255920299	0,234034832	0,727381996
A_23_P125717	0,909883246	8,093810121	1,255613875	0,234141996	0,727381996
A_21_P0001037	0,598610457	7,782212895	1,255569423	0,234157545	0,727381996
A_33_P3243812	0,687263009	10,15418963	1,255556756	0,234161976	0,727381996
A_33_P3321230	0,612820886	7,197020597	1,255079276	0,234329052	0,727381996
A_23_P218331	0,833946576	9,445792472	1,2548483	0,234409907	0,727381996
A_24_P213788	0,668671703	6,782045843	1,254727181	0,234452315	0,727381996
A_23_P134477	0,605259297	11,02674272	1,254350708	0,23458417	0,727381996
A_33_P3257554	0,728136134	10,62499992	1,25382934	0,234766872	0,727381996
A_21_P0006842	0,684970908	6,651054443	1,253674852	0,234821031	0,727381996
A_33_P3803639	0,648565348	13,45144097	1,253449137	0,234900177	0,727381996
A_23_P112311	0,735466847	8,294028623	1,253281222	0,23495907	0,727381996
A_23_P28012	1,125233376	8,116773196	1,253025584	0,235048753	0,727381996
A_32_P204795	-0,731918175	7,547173034	-1,253037653	0,235044519	0,727381996
A_23_P77562	-0,669753172	10,51861491	-1,253339971	0,234938464	0,727381996
A_21_P0012983	-0,724111565	7,315871054	-1,253785204	0,234782343	0,727381996
A_23_P252193	-0,667402509	8,790123955	-1,253985628	0,234712092	0,727381996
A_24_P400376	-0,771965432	13,52539778	-1,254054188	0,234688065	0,727381996
A_33_P3244843	-0,722352455	10,32014139	-1,254572125	0,234506614	0,727381996
A_33_P3408898	-0,60654133	11,61394664	-1,254630534	0,234486159	0,727381996
A_23_P54816	-0,617148734	17,26077554	-1,25491231	0,234387498	0,727381996
A_23_P3450	-0,874419033	9,978683137	-1,255104088	0,234320367	0,727381996
A_23_P140290	-0,965208912	7,772637644	-1,255927176	0,234032428	0,727381996
A_24_P98277	-0,642552512	10,8401423	-1,256603632	0,233795997	0,727381996
A_33_P3246833	-0,903517099	13,54708046	-1,25664088	0,233782984	0,727381996
A_33_P3219454	-0,729621417	16,23577372	-1,256745024	0,233746603	0,727381996
A_23_P124003	-0,835216486	7,969553682	-1,257663965	0,233425783	0,727381996
A_23_P23029	-0,618452936	6,659984177	-1,258264969	0,233216152	0,727381996
A_33_P3227731	-0,981862656	13,67171856	-1,252273559	0,235312739	0,728039129
A_23_P75149	0,824564241	10,51841189	1,252115219	0,235368352	0,728051424
A_33_P3267263	1,064591928	14,16673416	1,251844557	0,235463439	0,728185793
A_33_P3378334	0,651731064	10,18327424	1,251090198	0,235728619	0,72853015
A_23_P140994	0,664240527	9,930780071	1,250975189	0,235769069	0,72853015
A_33_P3345936	-0,679860067	15,88868662	-1,250793021	0,235833151	0,72853015
A_33_P3398693	-0,659240298	9,243496494	-1,25086647	0,235807312	0,72853015
A_23_P393163	-0,822082037	7,28815631	-1,250882979	0,235801505	0,72853015
A_23_P129629	-0,718684266	11,88905585	-1,25061423	0,23589606	0,728564851
A_23_P386442	0,599380374	6,656265476	1,250175962	0,236050322	0,728713389
A_33_P3400823	0,66205982	6,56797999	1,250020361	0,23610511	0,728713389
A_24_P935103	0,704002254	9,701899304	1,249903688	0,236146198	0,728713389
A_23_P35796	-0,593606218	9,818786425	-1,249743611	0,236202581	0,728713389
A_21_P0013753	-0,7577671	14,74791526	-1,249855161	0,236163289	0,728713389
A_32_P187599	0,676074003	14,00151983	1,248501478	0,236640455	0,729079328
A_33_P3318631	0,595818554	6,569313948	1,248301443	0,236711031	0,729079328

A_33_P3230548	0,751831724	10,76731701	1,248219269	0,236740029	0,729079328
A_33_P3387861	0,626438247	12,14318663	1,247980965	0,236824138	0,729079328
A_23_P162142	-0,675310082	7,454550728	-1,247940821	0,236838309	0,729079328
A_23_P256572	-0,886038721	11,71083452	-1,247999452	0,236817612	0,729079328
A_33_P3391955	-0,769441933	7,013494493	-1,248035367	0,236804935	0,729079328
A_23_P349373	-0,584075574	6,44089499	-1,248369468	0,236687029	0,729079328
A_21_P0002264	-0,586845814	6,33764218	-1,248802869	0,236534149	0,729079328
A_33_P3282688	-0,692595877	8,317208084	-1,249042809	0,236449546	0,729079328
A_33_P3211956	-0,667314214	14,69599119	-1,24771814	0,23691693	0,729162146
A_33_P3363560	0,635473918	10,95269336	1,247233847	0,237087988	0,729370181
A_24_P227927	-0,950770111	11,82026344	-1,247350031	0,237046941	0,729370181
A_33_P3234571	0,745642441	9,229626871	1,246469962	0,237358002	0,729405072
A_23_P386478	-0,655064497	7,483075845	-1,246496732	0,237348535	0,729405072
A_23_P110196	-0,626207661	7,966272091	-1,246621456	0,237304433	0,729405072
A_33_P3390086	-0,739829647	11,42793231	-1,246887677	0,23721032	0,729405072
A_21_P0014248	-0,762370319	10,76327852	-1,24697567	0,237179219	0,729405072
A_24_P171058	-0,865761711	8,195002321	-1,246168763	0,237464536	0,729573435
A_23_P99172	0,657360816	11,50283548	1,245973657	0,237533566	0,729626524
A_21_P0011361	0,928162502	8,542532813	1,245418481	0,237730078	0,729926646
A_33_P3878964	0,644235527	9,062543999	1,24530925	0,237768757	0,729926646
A_33_P3212172	1,119776306	8,214813958	1,244804874	0,237947424	0,729926646
A_33_P3349269	0,592065973	10,19162718	1,244623178	0,238011812	0,729926646
A_23_P119295	0,734524746	11,03480394	1,244588403	0,238024138	0,729926646
A_21_P0010661	1,202638289	7,529816096	1,24433179	0,238115103	0,729926646
A_19_P00322666	0,835373268	13,73740769	1,244263759	0,238139224	0,729926646
A_33_P3319041	0,626733027	11,69196292	1,244199631	0,238161963	0,729926646
A_33_P3395675	1,157779975	12,05294334	1,244147488	0,238180453	0,729926646
A_21_P0000241	0,690073365	8,30175947	1,244090228	0,238200759	0,729926646
A_23_P99747	-0,711422068	9,34445503	-1,244387908	0,238095208	0,729926646
A_23_P425197	0,599572361	6,539722825	1,243159565	0,238530994	0,730779767
A_23_P160720	-0,581016229	9,079063932	-1,242920981	0,238615712	0,730880495
A_33_P3327617	-0,646985863	11,71771805	-1,242618771	0,238723057	0,731050473
A_23_P168629	0,65721871	11,22854736	1,2424641	0,238778011	0,731059973
A_19_P00317775	0,608011357	6,766974369	1,241716398	0,23904381	0,731264509
A_24_P238143	1,007786577	11,98611672	1,241610975	0,239081305	0,731264509
A_33_P3375435	0,752562424	8,586978881	1,241543791	0,239105203	0,731264509
A_33_P3406171	0,625199786	7,181665305	1,241396477	0,23915761	0,731264509
A_23_P91095	-0,698748868	6,730539564	-1,241255191	0,239207881	0,731264509
A_33_P3224070	-0,838734448	8,290187362	-1,241356539	0,239171819	0,731264509
A_33_P3393821	-0,583755725	9,399219289	-1,241913175	0,238973835	0,731264509
A_32_P180958	-0,661181266	9,736084421	-1,241069264	0,239274049	0,73130822
A_21_P0012517	0,654321654	6,517202193	1,240829595	0,239359364	0,73141042
A_19_P00322686	0,658340868	7,441156568	1,240679919	0,239412657	0,731414744
A_23_P78268	0,634383887	11,79006113	1,240376745	0,239520632	0,731574376

A_33_P3238866	-0,728660174	10,79869541	-1,240241855	0,239568685	0,731574376
A_23_P81121	0,624904005	12,43947167	1,239846807	0,239709462	0,731672853
A_21_P0010372	-0,716349171	6,943821665	-1,239714515	0,23975662	0,731672853
A_33_P3244931	-0,582512729	16,56593432	-1,239873969	0,239699781	0,731672853
A_33_P3260100	0,668271259	14,06379848	1,239480233	0,239840151	0,731769378
A_24_P158421	-0,836315335	11,3859713	-1,239214673	0,239934863	0,731899965
A_32_P156892	0,779612274	13,04486056	1,238719909	0,2401114	0,732121676
A_33_P3343526	-0,617035494	6,547814607	-1,23875344	0,240099432	0,732121676
A_23_P301247	0,813510549	14,7502001	1,238185401	0,240302235	0,732185838
A_23_P78664	0,612253487	15,0381632	1,238027538	0,24035862	0,732185838
A_33_P3263379	1,463544677	9,627525598	1,237999893	0,240368495	0,732185838
A_24_P38895	0,657459715	14,49909688	1,23793381	0,240392102	0,732185838
A_24_P346604	-0,641315934	10,28558856	-1,238466933	0,240201705	0,732185838
A_33_P3416612	-0,584589187	7,441233607	-1,237596637	0,240512581	0,732394573
A_33_P3248272	0,665062763	8,640684917	1,237199716	0,24065447	0,732526243
A_23_P89123	0,613411047	10,91496796	1,237185002	0,240659732	0,732526243
A_33_P3234103	0,614371951	13,37472953	1,236566447	0,240880987	0,732888916
A_23_P60180	0,67073743	10,63993711	1,236415998	0,240934827	0,732888916
A_33_P3228931	-0,715568618	8,934248447	-1,236557321	0,240884253	0,732888916
A_19_P00318110	0,689698433	11,33705552	1,235289669	0,241338201	0,733535713
A_33_P3405789	0,624896803	10,45598777	1,235096731	0,241407353	0,733535713
A_33_P3263307	0,622081261	15,67611283	1,235096051	0,241407597	0,733535713
A_21_P0008524	-0,588959119	6,276416603	-1,235334292	0,24132221	0,733535713
A_33_P3317850	-0,816009974	13,93329523	-1,235335538	0,241321764	0,733535713
A_23_P1186	0,618714667	6,706803296	1,23460334	0,241584262	0,733914353
A_23_P501849	0,732923994	15,62212558	1,233982519	0,24180701	0,734432794
A_33_P3325110	0,773547053	10,82151327	1,233796081	0,241873934	0,734477838
A_19_P00320532	0,614592752	9,514430808	1,233477978	0,241988157	0,734508294
A_23_P54758	-0,836245815	11,29744521	-1,233598323	0,241944939	0,734508294
A_24_P83272	-0,614053964	6,404172224	-1,233199559	0,242088165	0,73465369
A_23_P2066	0,662336843	9,60923991	1,232849367	0,242214001	0,734654545
A_33_P3389261	0,611099287	8,343717075	1,232783017	0,242237849	0,734654545
A_23_P90463	0,66736319	15,1948646	1,232760934	0,242245787	0,734654545
A_21_P0013986	0,614623879	8,591934426	1,232244673	0,242431411	0,734654545
A_21_P0003882	0,980672427	13,01971489	1,231934448	0,242543009	0,734654545
A_21_P0010491	0,649521876	11,32218551	1,231894427	0,242557409	0,734654545
A_23_P170186	-0,813372862	10,37661803	-1,232080041	0,242490629	0,734654545
A_33_P3299754	-0,593199516	9,474527626	-1,23245057	0,242357366	0,734654545
A_33_P3409154	-0,698899411	8,81886913	-1,232470515	0,242350194	0,734654545
A_23_P371765	0,95740439	8,856619137	1,231112235	0,242838983	0,734989514
A_23_P92320	0,607995233	11,20161839	1,230857824	0,242930623	0,734989514
A_32_P405902	0,622582309	6,671296223	1,230718588	0,242980788	0,734989514
A_23_P3204	-0,673985437	12,67481468	-1,230988871	0,242883416	0,734989514
A_33_P3258581	-0,73054858	7,752706676	-1,231089453	0,242847189	0,734989514

A_24_P182494	-0,602640118	9,732086062	-1,231400885	0,242735045	0,734989514
A_33_P3418294	0,638510658	6,688998491	1,230568144	0,243035	0,734995809
A_23_P106933	-0,60841098	7,54053579	-1,230074546	0,243212934	0,735376187
A_23_P49759	-1,041355176	8,16509084	-1,229859632	0,24329044	0,735452812
A_23_P93499	0,661657964	10,61616228	1,229382418	0,243462611	0,73581551
A_23_P65757	0,660648304	14,01485103	1,229050531	0,243582407	0,735850646
A_23_P139929	0,622809201	13,90715683	1,228987384	0,243605206	0,735850646
A_23_P52017	0,621912486	13,253586	1,228916467	0,243630812	0,735850646
A_21_P0011341	0,684152394	15,73695022	1,228743151	0,2436934	0,73588204
A_21_P0000233	0,716278367	10,16306534	1,228226646	0,243879996	0,735905436
A_23_P422193	0,655753488	9,268206757	1,228220329	0,243882279	0,735905436
A_33_P3403963	0,615675645	9,176861909	1,22799941	0,243962126	0,735905436
A_23_P502678	-0,651664323	11,87622468	-1,228035631	0,243949033	0,735905436
A_23_P42975	-1,216153067	13,40947216	-1,2281559	0,243905564	0,735905436
A_24_P16610	0,572648957	11,56479731	1,227728697	0,244059997	0,736043187
A_23_P146209	-0,69844987	9,997595632	-1,227233581	0,244239079	0,736425742
A_32_P201496	0,638620633	8,688175464	1,226987711	0,244328047	0,736429595
A_33_P3399172	-0,667938247	9,318841687	-1,226797055	0,244397055	0,736429595
A_23_P206310	-1,5043967	13,47133717	-1,226885403	0,244365076	0,736429595
A_24_P860703	0,653638602	11,82670118	1,226575983	0,244477091	0,73644225
A_23_P27133	-0,636245587	8,691251523	-1,226496913	0,244505722	0,73644225
A_21_P0000302	0,614085058	10,3216203	1,226030119	0,244674802	0,736727805
A_33_P3460043	-0,727947076	9,020166639	-1,225946674	0,244705037	0,736727805
A_23_P102420	0,629249254	15,44144369	1,224667233	0,245168993	0,737040066
A_21_P0010469	0,610543942	7,078594171	1,224574418	0,245202677	0,737040066
A_24_P258235	0,719118838	7,559124153	1,224548367	0,245212132	0,737040066
A_23_P68072	0,747155114	10,59698685	1,224365027	0,245278682	0,737040066
A_23_P40025	-0,683070212	15,55706955	-1,223931602	0,245436067	0,737040066
A_33_P3303121	-0,684603754	9,628686373	-1,223953058	0,245428274	0,737040066
A_24_P46093	-0,695642126	11,8881121	-1,224143683	0,245359046	0,737040066
A_33_P3692979	-0,680660086	6,789343016	-1,224153686	0,245355414	0,737040066
A_21_P0000130	-0,605122394	8,213901728	-1,224468051	0,245241284	0,737040066
A_24_P928969	-0,602975313	6,327324311	-1,224657624	0,24517248	0,737040066
A_23_P501722	-0,842470638	12,63315406	-1,224944497	0,245068391	0,737040066
A_23_P76983	-0,802883545	7,554039822	-1,225196285	0,244977061	0,737040066
A_23_P205841	0,632041195	10,29810243	1,223762295	0,245497568	0,737043501
A_33_P3262470	-0,686063219	8,520550063	-1,223640647	0,245541763	0,737043501
A_33_P3280927	0,988776467	10,95602864	1,223420547	0,245621744	0,737112803
A_23_P502575	0,681841574	12,61285753	1,223229244	0,245691277	0,737112803
A_23_P207201	0,697744568	7,600836225	1,222974607	0,245783855	0,737112803
A_33_P3308332	0,632757682	8,028224285	1,221850409	0,246192907	0,737112803
A_33_P3210986	0,637269018	8,292064139	1,221823886	0,246202565	0,737112803
A_21_P0012058	0,60849071	7,036013573	1,221704384	0,24624608	0,737112803
A_33_P3253832	0,758835751	12,12508759	1,221041462	0,246487587	0,737112803

A_33_P3338360	0,887166127	9,444380527	1,220892598	0,246541845	0,737112803
A_24_P339664	0,653098869	13,40368756	1,220871111	0,246549677	0,737112803
A_33_P3298539	0,569829027	7,2727813	1,220842842	0,246559982	0,737112803
A_23_P21316	-0,871811774	7,690382095	-1,220130947	0,2468196	0,737112803
A_23_P39840	-0,626901955	9,391168875	-1,22022327	0,246785919	0,737112803
A_21_P0003857	-0,638859863	6,771477608	-1,220283692	0,246763878	0,737112803
A_23_P29124	-1,188490716	16,06673931	-1,220339869	0,246743387	0,737112803
A_24_P305467	-0,635684276	10,88650704	-1,220595923	0,246650005	0,737112803
A_19_P00328996	-0,649547962	8,016068006	-1,220852394	0,2465565	0,737112803
A_24_P305933	-0,689089229	8,303850791	-1,221433079	0,246344896	0,737112803
A_33_P3214293	-0,72187839	10,11412345	-1,221455929	0,246336572	0,737112803
A_33_P3447441	-0,601306285	9,617850014	-1,221554733	0,246300582	0,737112803
A_21_P0002479	-0,666027469	6,792585426	-1,221733868	0,246235343	0,737112803
A_21_P0009074	-0,615450059	6,862344442	-1,221820492	0,246203801	0,737112803
A_23_P38015	-0,609943638	15,65279392	-1,221837435	0,246197631	0,737112803
A_21_P0009219	-0,570386127	6,29858086	-1,222207106	0,246063061	0,737112803
A_21_P0006026	-0,746699658	6,927096575	-1,222917662	0,245804562	0,737112803
A_23_P118633	0,644760969	9,885679057	1,219709042	0,246973566	0,737226183
A_24_P381199	0,892898722	9,193814342	1,218872358	0,247279121	0,737226183
A_32_P56525	0,58887838	8,603863823	1,218621619	0,247370749	0,737226183
A_33_P3328360	0,671620757	8,056031518	1,218338597	0,247474207	0,737226183
A_33_P3257015	0,677727306	14,0698249	1,218161868	0,247538827	0,737226183
A_33_P3314952	0,640607052	6,998819748	1,217890524	0,247638068	0,737226183
A_23_P78170	1,000152247	9,112322335	1,217081832	0,247934027	0,737226183
A_21_P0011815	0,573891399	6,677823538	1,216923859	0,247991874	0,737226183
A_24_P489164	0,69571255	6,865916033	1,216689284	0,24807779	0,737226183
A_21_P0000335	0,87963471	8,059040016	1,216539621	0,248132619	0,737226183
A_32_P101699	0,578615168	10,03918461	1,216169254	0,248268343	0,737226183
A_23_P300600	0,833148002	11,13913543	1,216072433	0,248303833	0,737226183
A_33_P3336287	0,696096549	7,44683705	1,215730134	0,248429338	0,737226183
A_23_P208389	0,653638118	8,193046503	1,215702619	0,248439429	0,737226183
A_24_P58894	0,611749926	8,009489	1,215179479	0,248631342	0,737226183
A_23_P6771	0,607836164	7,137355506	1,214961158	0,248711469	0,737226183
A_21_P0000898	0,613056883	8,095780762	1,214397586	0,248918399	0,737226183
A_21_P0011934	0,642977173	11,35103229	1,213574282	0,249220943	0,737226183
A_33_P3246163	0,621930723	16,79822743	1,213436756	0,249271509	0,737226183
A_23_P42331	0,813463613	13,95484567	1,213414736	0,249279606	0,737226183
A_21_P0000766	0,915564386	10,84634592	1,21340253	0,249284095	0,737226183
A_33_P3276693	0,763636209	7,379315488	1,21311543	0,249389687	0,737226183
A_23_P317324	0,943708889	7,960950302	1,213085214	0,249400802	0,737226183
A_33_P3236340	0,890184569	7,875733001	1,212821303	0,2494979	0,737226183
A_21_P0007321	1,414259091	10,12113696	1,212768627	0,249517284	0,737226183
A_24_P44279	0,679363074	7,408021022	1,212707315	0,249539848	0,737226183
A_24_P130962	0,610991016	8,642233466	1,212181975	0,249733246	0,737226183

A_33_P3221353	0,645186505	8,088348125	1,212156894	0,249742481	0,737226183
A_33_P3230073	0,624308374	11,65870608	1,212093762	0,249765731	0,737226183
A_32_P28685	0,685661948	12,10647369	1,212050036	0,249781836	0,737226183
A_24_P335358	0,771462401	10,54744539	1,212014622	0,249794879	0,737226183
A_33_P3292297	0,914577996	8,032313075	1,211371462	0,250031859	0,737226183
A_24_P132099	0,595346343	13,35154848	1,211288696	0,250062368	0,737226183
A_23_P138137	0,650570715	11,21006823	1,211187842	0,250099549	0,737226183
A_21_P0013770	0,776669046	8,02268665	1,21054353	0,250337182	0,737226183
A_21_P0013186	0,591563723	6,596607786	1,210493889	0,250355498	0,737226183
A_19_P00322310	-0,693028941	7,820281783	-1,210479128	0,250360945	0,737226183
A_33_P3285809	-0,848938479	9,504816257	-1,210608889	0,250313069	0,737226183
A_32_P128258	-0,704360428	11,87469316	-1,210769088	0,250253972	0,737226183
A_23_P32404	-0,718044019	11,62291487	-1,211099001	0,250132304	0,737226183
A_21_P0003732	-0,656155707	6,991015093	-1,211190036	0,25009874	0,737226183
A_33_P3343957	-0,636523246	8,271752181	-1,211192806	0,250097719	0,737226183
A_33_P3423315	-0,586164152	6,678105041	-1,211315688	0,250052418	0,737226183
A_24_P82880	-0,856674975	15,19948813	-1,211366686	0,250033619	0,737226183
A_32_P181297	-1,125131683	8,949662253	-1,211620827	0,249939956	0,737226183
A_33_P3238290	-0,925723236	12,9007928	-1,212259461	0,249704712	0,737226183
A_24_P461497	-0,656388955	8,987853552	-1,213422073	0,249276909	0,737226183
A_33_P3409159	-0,97845768	9,42459326	-1,213579091	0,249219175	0,737226183
A_23_P364355	-0,61808663	7,553288535	-1,213588989	0,249215536	0,737226183
A_33_P3262600	-0,565857105	6,389592612	-1,213649642	0,249193239	0,737226183
A_21_P0000663	-0,679449669	7,491846748	-1,213815819	0,249132155	0,737226183
A_21_P0010536	-0,600398054	7,645371467	-1,213979168	0,249072121	0,737226183
A_33_P3398331	-0,701155953	7,1205581	-1,214076824	0,249036237	0,737226183
A_23_P62953	-1,018154925	8,209340957	-1,214872139	0,248744145	0,737226183
A_23_P110571	-0,734574663	12,66197482	-1,214889686	0,248737704	0,737226183
A_33_P3262276	-0,587299117	6,760914968	-1,215163863	0,248637073	0,737226183
A_19_P00317683	-0,793377736	10,81693574	-1,215324695	0,248578058	0,737226183
A_33_P3361817	-0,713401459	11,19397862	-1,216054725	0,248310325	0,737226183
A_33_P3464555	-0,580335978	13,46091179	-1,216097033	0,248294816	0,737226183
A_33_P3322353	-0,709189051	10,80836723	-1,216282978	0,248226661	0,737226183
A_33_P3799936	-0,993806213	9,918094067	-1,216507302	0,24814446	0,737226183
A_23_P218770	-0,645370438	16,51505003	-1,216822995	0,248028814	0,737226183
A_21_P0006486	-0,583787291	6,37341459	-1,218284255	0,247494075	0,737226183
A_23_P418015	-0,826595813	13,40052716	-1,218396641	0,247452986	0,737226183
A_33_P3358957	-0,937767282	10,31496754	-1,218534151	0,247402719	0,737226183
A_33_P3224819	-0,639288623	9,725280692	-1,21921464	0,247154084	0,737226183
A_33_P3233843	-0,88388489	7,941935492	-1,219221083	0,247151731	0,737226183
A_24_P456723	0,693082451	8,53589019	1,210044081	0,250521511	0,737390978
A_19_P00811533	-0,591776537	6,89470033	-1,210164093	0,250477209	0,737390978
A_23_P139297	0,576377942	11,80303128	1,209560598	0,25070005	0,73765921
A_23_P68717	0,791819693	14,36283128	1,209393084	0,250761932	0,73765921

A_23_P46429	-0,774923862	7,266157792	-1,209372329	0,2507696	0,73765921
A_21_P0000373	0,597689687	9,441161753	1,208892588	0,250946895	0,737689292
A_32_P146659	0,67362412	7,346344855	1,207833037	0,251338819	0,737689292
A_23_P82979	0,583646956	6,805212543	1,207439735	0,251484423	0,737689292
A_23_P316085	0,629800329	7,053136979	1,207098546	0,251610789	0,737689292
A_33_P3289192	0,621827275	12,45780259	1,206775796	0,251730371	0,737689292
A_33_P3230264	1,038889303	8,484582261	1,206492394	0,251835411	0,737689292
A_23_P407992	0,633349172	7,625646321	1,206150169	0,2519623	0,737689292
A_32_P102252	0,619280496	10,83824224	1,206116735	0,2519747	0,737689292
A_23_P75609	0,736855838	8,805317074	1,206057192	0,251996783	0,737689292
A_24_P42014	0,720237513	15,75429909	1,205809582	0,252088632	0,737689292
A_23_P310460	0,93228804	7,662330142	1,205754412	0,252109101	0,737689292
A_23_P68529	0,615514034	12,8971144	1,205547754	0,252185785	0,737689292
A_19_P00317519	0,684379728	6,800673622	1,205509704	0,252199906	0,737689292
A_23_P251421	0,811206371	12,35100689	1,205130306	0,252340742	0,737689292
A_21_P0000366	0,65086909	9,396636109	1,205011523	0,252384848	0,737689292
A_21_P0002225	-0,621628586	6,791670013	-1,204965841	0,252401812	0,737689292
A_24_P54390	-0,910583734	10,95288866	-1,205182573	0,252321336	0,737689292
A_33_P3277096	-0,600885818	7,005331168	-1,20529567	0,252279349	0,737689292
A_23_P35349	-0,635477375	8,429287893	-1,205398833	0,252241056	0,737689292
A_23_P501010	-0,617418341	6,482905699	-1,205540225	0,252188579	0,737689292
A_23_P337550	-0,725174473	13,7120294	-1,205707092	0,252126658	0,737689292
A_33_P3224803	-0,682866712	10,60307417	-1,205852433	0,252072735	0,737689292
A_33_P3233550	-0,64220745	16,08783769	-1,206520942	0,251824829	0,737689292
A_21_P0010330	-0,589012567	6,589847398	-1,206842446	0,251705673	0,737689292
A_24_P141332	-0,58543744	12,38843596	-1,206908706	0,251681121	0,737689292
A_23_P48997	-0,677031149	10,7979276	-1,207057161	0,25162612	0,737689292
A_23_P358394	-0,68797538	9,043211065	-1,207094483	0,251612293	0,737689292
A_33_P3320563	-0,96688136	8,329719588	-1,208218109	0,251196326	0,737689292
A_23_P126241	-0,712201506	11,87506421	-1,208285608	0,251171355	0,737689292
A_21_P0003836	-0,593015737	6,556444071	-1,209054545	0,25088703	0,737689292
A_33_P3250595	-0,630741667	7,258508067	-1,2090705	0,250881134	0,737689292
A_33_P3343120	1,084381191	9,833034798	1,204459429	0,25258993	0,737823725
A_19_P00317553	0,567534926	7,154663995	1,204419402	0,252604803	0,737823725
A_23_P327022	-0,670907317	9,780863898	-1,204685681	0,25250587	0,737823725
A_33_P3370284	0,646411154	14,49616172	1,204259473	0,252664238	0,737844467
A_33_P3311170	0,770121129	10,51236504	1,203624307	0,252900395	0,737962777
A_33_P3411260	0,567301964	6,561472916	1,203372037	0,252994239	0,737962777
A_19_P00315584	0,653984888	8,317132733	1,203273626	0,253030855	0,737962777
A_23_P82990	0,609591312	6,569536422	1,202957854	0,253148373	0,737962777
A_33_P3312366	0,593837419	8,993467644	1,202904192	0,253168348	0,737962777
A_21_P0011326	0,677014565	7,69809566	1,202884107	0,253175825	0,737962777
A_23_P784	-0,633733236	13,34115716	-1,202888821	0,25317407	0,737962777
A_23_P48414	-0,9285709	9,861345556	-1,203276391	0,253029826	0,737962777

A_33_P3294790	-0,793712956	9,364357421	-1,203865441	0,25281072	0,737962777
A_21_P0003525	-0,561067297	6,371736705	-1,202401419	0,253355561	0,738028938
A_23_P161156	-0,567366208	11,80256783	-1,202526486	0,253308981	0,738028938
A_33_P3267612	-0,637744444	7,389176015	-1,20265613	0,253260703	0,738028938
A_33_P3275998	0,598733683	8,767388034	1,202072429	0,253478124	0,738233436
A_23_P152082	0,588437503	6,868891635	1,201652468	0,253634644	0,738454382
A_21_P0006020	0,574728813	6,574528791	1,201175669	0,253812441	0,738454382
A_33_P3342722	0,575136673	6,477485793	1,201079174	0,253848436	0,738454382
A_23_P115872	0,632991927	10,81324167	1,200912369	0,253910667	0,738454382
A_23_P347508	0,779562985	10,63081427	1,20088569	0,253920622	0,738454382
A_21_P0012077	-0,623833315	10,93262942	-1,201003053	0,253876834	0,738454382
A_23_P79108	-0,821738647	9,211829802	-1,201035865	0,253864593	0,738454382
A_33_P3289406	0,67395334	8,59883676	1,200689103	0,253993982	0,738515395
A_23_P369733	0,612577493	11,71010047	1,200308931	0,254135898	0,738554563
A_23_P3663	0,657227476	12,56008856	1,200239718	0,254161741	0,738554563
A_23_P4944	-0,584300691	12,39263308	-1,200232053	0,254164603	0,738554563
A_33_P3242109	0,626761981	7,534659387	1,199903663	0,25428725	0,73874246
A_33_P3345708	0,668748926	10,02385539	1,199679547	0,25437098	0,73874246
A_33_P3266520	0,655832271	8,059286611	1,199426434	0,254465569	0,73874246
A_33_P3398548	-0,632931416	8,453417702	-1,199357728	0,254491249	0,73874246
A_33_P3407424	-0,634194087	8,219195618	-1,199484945	0,254443701	0,73874246
A_23_P216402	0,590930062	10,04926486	1,198814286	0,254694445	0,738766731
A_23_P210708	-0,590193974	12,27710553	-1,198774825	0,254709205	0,738766731
A_33_P3321025	-0,629702802	7,231182493	-1,198910674	0,254658396	0,738766731
A_33_P3288942	-0,940138038	12,66334186	-1,198918217	0,254655575	0,738766731
A_33_P3268954	-0,627905394	7,234242276	-1,198497119	0,254813095	0,738916047
A_33_P3841819	-0,640895258	9,190824474	-1,19807555	0,254970867	0,738917628
A_24_P200162	-0,705010494	13,43837149	-1,198092929	0,254964362	0,738917628
A_21_P0004375	-0,597700132	6,528134918	-1,198287541	0,25489152	0,738917628
A_21_P0003628	-0,621829003	6,720303035	-1,197929348	0,255025602	0,738924365
A_33_P3403107	0,613693621	8,086910507	1,197579164	0,255156739	0,739152428
A_23_P252783	0,647771823	11,29249009	1,197103147	0,255335084	0,73936524
A_21_P0011747	-0,688688341	7,379457076	-1,197116318	0,255330149	0,73936524
A_23_P141965	0,585214543	12,55734549	1,19642487	0,255589379	0,739848873
A_33_P3218356	-0,563976661	10,78261593	-1,196377742	0,255607055	0,739848873
A_24_P363087	0,621072583	10,08649959	1,194100523	0,256462317	0,742172046
A_33_P3410093	0,731852742	9,864706143	1,193574349	0,256660254	0,742286435
A_23_P13344	0,58942266	16,55155227	1,193391788	0,256728959	0,742286435
A_33_P3362891	0,648098851	15,18348185	1,192901277	0,256913627	0,742286435
A_23_P256641	0,929162617	9,155375215	1,192842988	0,256935579	0,742286435
A_23_P42695	0,698786762	13,34562999	1,192490316	0,257068427	0,742286435
A_23_P128624	0,620894881	14,40455198	1,192459446	0,257080058	0,742286435
A_21_P0010650	0,621228158	6,667426292	1,192288445	0,257144494	0,742286435
A_24_P364954	0,648841603	9,544033475	1,192247635	0,257159874	0,742286435

A_23_P137035	-0,712926083	11,82401092	-1,19203792	0,257238919	0,742286435
A_33_P3358233	-0,569499611	7,567302619	-1,192119198	0,257208282	0,742286435
A_24_P943997	-0,84357379	8,490290505	-1,192119976	0,257207989	0,742286435
A_24_P15502	-0,804910264	14,53180475	-1,192155915	0,257194442	0,742286435
A_21_P0005715	-0,639098448	6,8034979	-1,19299537	0,256878195	0,742286435
A_23_P170581	-0,672542466	8,354865549	-1,19306214	0,256853053	0,742286435
A_32_P109036	0,577905859	7,605283447	1,191701247	0,257365857	0,742311692
A_21_P0001802	-0,625249656	7,169768573	-1,191595808	0,257405622	0,742311692
A_23_P89981	-1,21641535	9,174664413	-1,191777884	0,257336958	0,742311692
A_21_P0000418	0,653067013	8,958625941	1,19136288	0,257493484	0,742413217
A_21_P0007517	-0,624148996	6,846982021	-1,191004047	0,257628884	0,742651735
A_33_P3494748	0,732085015	10,09376202	1,190264895	0,257907969	0,743173145
A_23_P17012	-0,589305474	7,451212888	-1,19024579	0,257915185	0,743173145
A_21_P0000281	0,57636257	6,8414184	1,189798482	0,258084196	0,743348026
A_19_P00317773	0,612804178	7,167310104	1,189755605	0,258100402	0,743348026
A_33_P3388312	-0,70907033	12,97659446	-1,189666589	0,258134048	0,743348026
A_33_P3373273	-0,572945184	6,394046611	-1,189491683	0,258200168	0,743386598
A_32_P195719	0,58419865	6,762176688	1,188607086	0,258534779	0,743691472
A_33_P3233030	0,637681733	11,1729787	1,188561953	0,25855186	0,743691472
A_23_P107855	0,602138163	8,653457956	1,188324967	0,258641566	0,743691472
A_23_P121196	0,625021618	10,37454666	1,188038302	0,25875011	0,743691472
A_33_P3300817	0,633202956	17,33932173	1,187418814	0,258984796	0,743691472
A_23_P321452	0,679293509	11,40894829	1,186843571	0,25920287	0,743691472
A_23_P207367	0,593897426	11,38427504	1,186675138	0,25926675	0,743691472
A_33_P3326349	1,082696489	9,466361725	1,186450738	0,259351876	0,743691472
A_24_P136470	0,801246108	8,727732734	1,186020107	0,259515296	0,743691472
A_23_P108641	0,591254204	12,68100635	1,185524371	0,259703523	0,743691472
A_23_P38618	0,596817791	8,959006797	1,185464577	0,259726233	0,743691472
A_21_P0013280	1,051205559	9,517942453	1,185146312	0,259847141	0,743691472
A_24_P218979	0,646208089	11,37788586	1,184979848	0,259910397	0,743691472
A_23_P17144	0,576084504	12,75675209	1,184954006	0,259920218	0,743691472
A_32_P525524	0,650902889	9,347790262	1,184722563	0,260008189	0,743691472
A_23_P13382	0,903053727	13,0551396	1,184628008	0,260044136	0,743691472
A_23_P99614	-0,646369674	14,1305205	-1,184621166	0,260046738	0,743691472
A_33_P3305851	-0,720054374	7,950931053	-1,184952193	0,259920907	0,743691472
A_23_P40108	-0,61625298	10,80817136	-1,185104752	0,259862932	0,743691472
A_33_P3225572	-0,711255019	11,53957765	-1,18514149	0,259848973	0,743691472
A_33_P3265030	-1,049865659	16,86517652	-1,185199435	0,259826956	0,743691472
A_24_P365180	-0,682439712	6,750534713	-1,18586289	0,259574978	0,743691472
A_33_P3390868	-0,554120515	6,605096732	-1,186131462	0,25947303	0,743691472
A_23_P132760	-0,699529235	7,986437709	-1,186653886	0,259274811	0,743691472
A_23_P58337	-0,628212357	12,81068159	-1,18678511	0,259225041	0,743691472
A_33_P3257330	-0,598963438	7,165495252	-1,187063028	0,259119657	0,743691472
A_21_P0009558	-0,775183777	11,55995152	-1,187097176	0,259106711	0,743691472

A_24_P937325	-0,615917926	7,886942165	-1,187177118	0,259076405	0,743691472
A_23_P155666	-0,559754022	9,117186324	-1,187791905	0,258843434	0,743691472
A_23_P126540	-0,602558616	7,69716464	-1,188004579	0,258762881	0,743691472
A_23_P330070	-1,068697433	9,103265463	-1,188124931	0,258717304	0,743691472
A_23_P210210	-0,704080535	12,48122431	-1,188431318	0,258601306	0,743691472
A_23_P303260	-0,628637643	9,890894119	-1,188576856	0,25854622	0,743691472
A_21_P0002960	-0,627260727	7,887278728	-1,184310523	0,260164864	0,743878404
A_21_P0010878	0,641788297	9,148253398	1,184142138	0,260228911	0,743910669
A_23_P255444	-1,147042848	11,47549557	-1,183309561	0,260545777	0,744212908
A_33_P3397905	-0,626402764	7,978269047	-1,183394298	0,260513514	0,744212908
A_23_P12343	-0,962038509	12,75717512	-1,183396144	0,260512811	0,744212908
A_23_P417383	-0,592177045	9,557446239	-1,183564647	0,260448664	0,744212908
A_33_P3234764	0,853053641	8,039930993	1,182817926	0,260733028	0,744596914
A_24_P917026	0,574448945	8,826191974	1,182624811	0,26080661	0,744610511
A_24_P932736	1,125795718	8,438616139	1,182190229	0,260972255	0,744610511
A_23_P140614	1,041662995	10,89689709	1,181895128	0,261084783	0,744610511
A_33_P3378785	0,718658703	8,825449642	1,181545263	0,261218242	0,744610511
A_33_P3379535	0,683092466	7,351896482	1,181451549	0,261254	0,744610511
A_23_P381577	-0,625471826	8,972448399	-1,181420312	0,261265919	0,744610511
A_24_P233960	-0,9210368	10,57249884	-1,181586783	0,261202401	0,744610511
A_23_P20384	-0,600502492	13,27900782	-1,181716641	0,261152862	0,744610511
A_24_P204244	-0,608306865	10,83676138	-1,181825547	0,261111321	0,744610511
A_33_P3281816	-0,646070326	12,1248952	-1,182287298	0,260935249	0,744610511
A_24_P45446	0,999104748	10,05939317	1,180863487	0,261478467	0,744691431
A_24_P414269	0,608603119	11,91521814	1,180390493	0,261659121	0,744691431
A_24_P401768	0,559354072	7,528597452	1,180034821	0,261795031	0,744691431
A_33_P3279959	-0,643232018	7,059722614	-1,179686623	0,261928137	0,744691431
A_32_P701268	-0,856607555	9,079866223	-1,17979956	0,261884959	0,744691431
A_21_P0009332	-0,561101833	6,634921057	-1,179931117	0,261834668	0,744691431
A_23_P84952	-0,551890907	9,610178201	-1,179982944	0,261814858	0,744691431
A_33_P3352098	-0,716967833	10,57878105	-1,180320769	0,26168576	0,744691431
A_23_P76529	-0,562429207	13,75816636	-1,18039194	0,261658568	0,744691431
A_23_P149042	-0,839893075	11,5801945	-1,180774804	0,261512331	0,744691431
A_21_P0001706	-0,599385459	7,524595164	-1,180968514	0,261438366	0,744691431
A_21_P0004421	-0,611532403	7,888034966	-1,181171863	0,261360739	0,744691431
A_33_P3279730	0,562630357	8,827765826	1,179452687	0,262017595	0,744795578
A_23_P134109	0,586555582	8,67316806	1,179038932	0,262175874	0,745095271
A_23_P421221	0,583942338	10,40287487	1,178440865	0,262404792	0,74508563
A_21_P0004241	0,70133486	7,666773151	1,178382732	0,262427051	0,74508563
A_32_P78816	0,834713821	11,76806961	1,178089905	0,2625392	0,745676909
A_33_P3272160	0,6037563	13,70529613	1,177937832	0,262597456	0,745692151
A_23_P16096	0,700992008	8,555755493	1,177573736	0,262736975	0,745938102
A_33_P3327108	-0,789834579	14,21243282	-1,176775898	0,263042905	0,746506022
A_21_P0010321	-0,566955323	7,646903247	-1,176799784	0,263033742	0,746506022

A_23_P155463	1,163450935	8,86250937	1,176282784	0,263232129	0,746523839
A_23_P153086	0,663678581	11,81101555	1,175734631	0,263442597	0,746523839
A_33_P3251073	0,835114457	8,202913356	1,175581202	0,263501531	0,746523839
A_23_P106405	0,694378264	8,223896778	1,175563181	0,263508454	0,746523839
A_23_P123905	0,621536628	11,02580906	1,175549563	0,263513686	0,746523839
A_21_P0004696	0,768564782	12,57093245	1,175236952	0,2636338	0,746523839
A_33_P3350343	0,765760043	7,498366065	1,174688704	0,263844556	0,746523839
A_33_P3269718	0,576796676	12,3933524	1,174597375	0,263879678	0,746523839
A_23_P132845	0,586617126	7,445173895	1,174548418	0,263898506	0,746523839
A_23_P421436	0,598135308	6,84383084	1,174325117	0,263984398	0,746523839
A_19_P00806765	0,587135894	7,265364423	1,17394273	0,264131533	0,746523839
A_19_P00809029	0,601157332	7,1546421	1,173913869	0,264142641	0,746523839
A_33_P3339650	0,551492109	6,609272803	1,173728861	0,264213854	0,746523839
A_23_P108751	-1,046946047	13,65321629	-1,173453296	0,264319952	0,746523839
A_21_P0014627	-0,57977743	6,801727858	-1,173580197	0,264271089	0,746523839
A_33_P3212274	-1,347433532	11,77552024	-1,173706118	0,264222609	0,746523839
A_23_P53663	-0,613259712	9,765437083	-1,173903941	0,264146462	0,746523839
A_21_P0005617	-0,61097258	9,241723779	-1,174041771	0,264093418	0,746523839
A_33_P3228977	-0,885318621	7,526552008	-1,174573219	0,263888967	0,746523839
A_33_P3219459	-0,575174719	7,542302722	-1,174899399	0,263763545	0,746523839
A_23_P38457	-0,643355652	12,66796443	-1,175072508	0,263697001	0,746523839
A_23_P99741	-0,712098013	9,802578319	-1,175160163	0,263663311	0,746523839
A_23_P419107	-0,580124579	8,550854656	-1,175921728	0,263370745	0,746523839
A_33_P3368755	-0,580265231	6,533582534	-1,176551493	0,263129003	0,746523839
A_23_P8848	0,57716285	12,35101818	1,172871353	0,264544121	0,746593065
A_23_P91619	0,610412094	17,0280638	1,172577015	0,264657558	0,746593065
A_19_P00805047	0,65953224	15,78885168	1,172455117	0,264704549	0,746593065
A_23_P336506	0,557120759	6,31996153	1,172428303	0,264714887	0,746593065
A_33_P3832852	0,597979643	10,55652043	1,172281081	0,26477165	0,746593065
A_24_P53519	0,710022448	13,33401869	1,171922378	0,264909992	0,746593065
A_24_P193592	0,705898528	7,776104136	1,171847818	0,264938755	0,746593065
A_33_P3294392	0,566015511	13,89219372	1,171741155	0,264979906	0,746593065
A_24_P348806	-0,650678708	7,047299715	-1,171753377	0,26497519	0,746593065
A_24_P378788	-0,64757649	8,738153412	-1,171872537	0,264929218	0,746593065
A_33_P3242064	-0,649687225	6,936344437	-1,172721898	0,264601716	0,746593065
A_33_P3382629	-0,681957072	7,247264275	-1,17311812	0,264449046	0,746593065
A_21_P0006224	-0,649414238	6,79343129	-1,17155215	0,265052838	0,746649343
A_23_P380766	-0,807351343	11,50942091	-1,171158014	0,265204975	0,746928673
A_33_P3392807	0,554296663	6,893741971	1,170412564	0,265492905	0,747175651
A_24_P410582	0,651232174	10,03370805	1,17038218	0,265504646	0,747175651
A_33_P3239736	-0,71881432	9,599628629	-1,170457629	0,265475492	0,747175651
A_24_P383901	-0,651632211	13,4075879	-1,170579914	0,265428245	0,747175651
A_23_P169050	0,653599086	11,77182333	1,170217333	0,265568354	0,747205792
A_33_P3312735	0,59129644	7,135545009	1,169741439	0,265752337	0,747259387

A_23_P71790	0,631222114	8,186312947	1,169630591	0,265795205	0,747259387
A_23_P4294	0,662010309	8,439381503	1,169386598	0,265889585	0,747259387
A_33_P3411397	0,638886541	16,45273448	1,169345698	0,265905408	0,747259387
A_23_P139687	-0,62364125	8,774598549	-1,169397776	0,26588526	0,747259387
A_24_P169386	-0,64448774	7,131719717	-1,169611159	0,265802721	0,747259387
A_21_P0010010	-0,568714284	8,914865215	-1,169202417	0,265960846	0,747266234
A_23_P85240	0,631620345	7,536656734	1,168661505	0,266170214	0,74764583
A_23_P96271	-1,229289957	10,22297532	-1,168305551	0,266308061	0,74764583
A_23_P142345	-0,843316981	12,54587486	-1,168351875	0,266290119	0,74764583
A_23_P217367	-0,591785497	10,38310829	-1,168544835	0,266215389	0,74764583
A_33_P3303215	0,594370143	11,71198985	1,167744562	0,266525425	0,747680915
A_23_P120566	0,59514736	11,09461721	1,167736296	0,266528628	0,747680915
A_23_P6980	0,607638479	8,633416511	1,167725838	0,266532682	0,747680915
A_23_P15299	-0,69922281	11,64442472	-1,167920855	0,266457102	0,747680915
A_33_P3277110	0,602547463	11,12532161	1,167226299	0,266726356	0,748075371
A_33_P3262022	-0,69194887	7,767922236	-1,166993886	0,266816501	0,748179364
A_21_P0014800	0,575143611	6,976331533	1,166644494	0,266952063	0,748410646
A_24_P196534	0,557769726	10,83727156	1,166379469	0,267054927	0,748550182
A_24_P206343	0,580429994	13,00219956	1,164851529	0,267648569	0,749518646
A_24_P117138	0,819838184	11,30130572	1,164806074	0,267666245	0,749518646
A_24_P475349	-0,750342481	7,710958066	-1,164827756	0,267657813	0,749518646
A_21_P0000407	-0,569242542	6,405541113	-1,16518151	0,267520276	0,749518646
A_23_P31816	-1,266132005	11,02166749	-1,165314651	0,267468526	0,749518646
A_32_P56624	0,648977187	6,604057049	1,164625322	0,267736543	0,749566624
A_33_P3303748	0,571152267	8,020504557	1,163571502	0,268146681	0,749940804
A_33_P3349536	0,683552281	10,22452592	1,163284336	0,268258529	0,749940804
A_23_P430658	0,589371784	7,284635549	1,163214027	0,268285919	0,749940804
A_21_P0013641	0,639076379	6,613858135	1,162873601	0,268418569	0,749940804
A_33_P3555937	1,273696729	8,115215136	1,162645295	0,268507558	0,749940804
A_33_P3390778	0,613897971	9,211252129	1,162402608	0,268602179	0,749940804
A_23_P136683	0,563367213	8,590231873	1,162338912	0,268627017	0,749940804
A_21_P0000684	0,594268846	10,77380472	1,162192778	0,268684009	0,749940804
A_23_P93302	0,72124902	8,748381367	1,162166092	0,268694418	0,749940804
A_33_P3298960	0,597179836	8,530630395	1,162097295	0,268721253	0,749940804
A_24_P152188	-0,970103611	7,52412759	-1,162262119	0,268656965	0,749940804
A_21_P0000061	-0,695492445	9,617310758	-1,162997154	0,268370419	0,749940804
A_21_P0011385	-0,595121864	6,910777658	-1,163017812	0,26836237	0,749940804
A_24_P63030	-0,563785088	10,56888948	-1,163238151	0,268276521	0,749940804
A_23_P259328	-0,588547245	9,410852377	-1,163738335	0,268081719	0,749940804
A_23_P322845	-0,602033085	10,87553915	-1,163942339	0,268002299	0,749940804
A_33_P3412418	-0,622800794	7,599639302	-1,161897861	0,268799056	0,750009477
A_23_P143994	0,661326939	9,689135414	1,161376017	0,269002719	0,750114614
A_23_P59138	0,899506304	9,443744329	1,161348022	0,269013649	0,750114614
A_23_P64799	0,65619698	10,31114951	1,161267698	0,269045009	0,750114614

A_33_P3712008	-0,614308894	6,812380105	-1,161256068	0,26904955	0,750114614
A_21_P0012222	0,610147259	7,197703299	1,160916228	0,269182264	0,750187931
A_21_P0010967	-0,578030209	6,535775996	-1,161028395	0,269138455	0,750187931
A_33_P3299525	-0,580751715	9,51222617	-1,160596958	0,269306992	0,75038721
A_24_P269895	0,619307486	13,14073023	1,16003299	0,269527425	0,75041889
A_21_P0009768	0,549872784	7,732508635	1,159972035	0,269551258	0,75041889
A_23_P99275	-0,8718308	8,058199261	-1,159614885	0,269690936	0,75041889
A_23_P40856	-0,541377426	6,316485609	-1,159738889	0,269642433	0,75041889
A_33_P3220207	-0,606536891	6,84990325	-1,159846283	0,269600432	0,75041889
A_33_P3342628	-0,703256677	8,59211344	-1,160202949	0,26946098	0,75041889
A_33_P3235432	-0,713408752	8,421107205	-1,160293459	0,2694256	0,75041889
A_24_P364296	0,868756502	10,48311043	1,159407315	0,269772141	0,750462567
A_21_P0013333	0,540881339	8,212484023	1,159302663	0,26981309	0,750462567
A_33_P3325229	0,597876908	8,910424371	1,158607616	0,270085173	0,750601478
A_24_P944049	0,6006319	7,392859008	1,158528618	0,270116111	0,750601478
A_23_P193	0,576663997	10,50638058	1,158419551	0,27015883	0,750601478
A_23_P258108	0,583626034	15,36714847	1,158286282	0,270211035	0,750601478
A_23_P4551	0,551837206	6,994014649	1,158045426	0,270305404	0,750601478
A_21_P0003881	0,540482788	6,449787815	1,157925906	0,270352243	0,750601478
A_24_P72518	-0,687602371	10,15198643	-1,157679953	0,270448649	0,750601478
A_24_P156769	-1,297276606	10,67349626	-1,15772204	0,270432151	0,750601478
A_33_P3264926	-0,580343676	7,016948812	-1,157805666	0,27039937	0,750601478
A_23_P64860	-0,622079592	13,4068269	-1,158605506	0,270086	0,750601478
A_23_P126888	-0,585301786	11,70102538	-1,159003711	0,269930091	0,750601478
A_24_P418536	0,575793674	7,592182475	1,157101666	0,270675426	0,751005959
A_33_P3332215	0,546803508	7,149204142	1,156721126	0,270824736	0,751005959
A_21_P0000056	-0,659473888	9,774112679	-1,156629437	0,270860721	0,751005959
A_33_P3395532	-0,659484183	6,8246987	-1,156724952	0,270823234	0,751005959
A_33_P3362991	-0,579541823	6,527178116	-1,156924021	0,270745119	0,751005959
A_33_P3395314	-0,760951218	9,853637131	-1,156406194	0,270948352	0,751101222
A_23_P201731	0,77922892	9,835205284	1,155876563	0,27115634	0,751212027
A_23_P165414	0,738935663	7,967110613	1,154540773	0,271681462	0,751212027
A_33_P3270192	0,575601754	9,028014751	1,154529859	0,271685755	0,751212027
A_33_P3329991	0,625580707	10,24777689	1,154353944	0,27175497	0,751212027
A_33_P3351207	0,623877771	12,14045588	1,153948498	0,271914547	0,751212027
A_19_P00322316	0,572143769	6,631646661	1,153707427	0,272009463	0,751212027
A_33_P3396008	0,549490397	7,159155328	1,153673171	0,272022953	0,751212027
A_21_P0014584	0,609638161	10,482058	1,153594467	0,272053948	0,751212027
A_33_P3281408	-0,675743892	13,90099147	-1,153597182	0,272052878	0,751212027
A_19_P00325794	-0,657829649	7,258414382	-1,1541757	0,271825115	0,751212027
A_23_P106241	-0,550061426	11,04980038	-1,154345475	0,271758303	0,751212027
A_21_P0013841	-0,65651165	7,542422273	-1,154564671	0,27167206	0,751212027
A_24_P238786	-0,608092375	7,383912531	-1,154815779	0,271573288	0,751212027
A_21_P0010154	-0,590757932	6,690294124	-1,155013484	0,271495541	0,751212027

A_24_P411121	-0,737523503	9,053155932	-1,155167929	0,271434818	0,751212027
A_21_P0005169	-0,552938161	6,439886142	-1,15523214	0,271409575	0,751212027
A_23_P71864	-0,589782391	10,2326961	-1,155269455	0,271394906	0,751212027
A_23_P158053	-0,743544519	11,02430253	-1,155594973	0,271266972	0,751212027
A_23_P54929	-0,844266859	9,95179906	-1,155710642	0,271221524	0,751212027
A_23_P149992	-1,217736393	11,73459704	-1,155843611	0,271169285	0,751212027
A_23_P78762	-0,674345367	8,373775934	-1,153420783	0,272122357	0,75125379
A_23_P102890	0,571587411	13,98473482	1,153174559	0,27221936	0,751374462
A_23_P132515	-1,055535818	8,24822701	-1,152705495	0,272404227	0,751737561
A_33_P3248644	0,599401406	14,53838246	1,152063138	0,272657551	0,751805149
A_33_P3238941	0,579904717	6,938826852	1,151964078	0,272696634	0,751805149
A_33_P3408137	0,691326343	7,135709054	1,151862855	0,272736574	0,751805149
A_33_P3283646	0,565546335	6,851255172	1,151578445	0,272848819	0,751805149
A_33_P3262670	0,582164671	7,635726629	1,151528077	0,272868701	0,751805149
A_21_P0003853	0,625214677	7,071324799	1,151426936	0,272908628	0,751805149
A_24_P13475	-0,600474287	8,702465363	-1,151607834	0,272837219	0,751805149
A_33_P3255914	-0,649255666	10,25040056	-1,151890346	0,272725726	0,751805149
A_19_P00322934	-0,77073898	8,726820916	-1,152087316	0,272648013	0,751805149
A_33_P3256677	0,577503398	10,316001	1,150912026	0,273111969	0,75192537
A_24_P626931	0,611643898	7,802674375	1,150868458	0,273129179	0,75192537
A_33_P3331267	0,572883747	7,398799897	1,150682384	0,273202693	0,75192537
A_33_P3399019	1,285179112	10,48565191	1,150506336	0,27327226	0,75192537
A_23_P11685	-0,904287745	10,46420385	-1,150583069	0,273241937	0,75192537
A_33_P3611762	-0,557873521	9,410355706	-1,150965881	0,273090695	0,75192537
A_21_P0011005	-0,618866365	6,54636091	-1,15025234	0,273372653	0,752054837
A_23_P80839	0,664522238	10,6264144	1,150001615	0,273471782	0,752099779
A_23_P28334	0,689937618	10,78378356	1,149632475	0,273617778	0,752099779
A_32_P217655	0,610642654	11,00974478	1,149629223	0,273619065	0,752099779
A_33_P3247237	0,782652481	8,946272876	1,149424583	0,273700027	0,752099779
A_33_P3215999	0,708944423	8,987136345	1,149308553	0,27374594	0,752099779
A_24_P281395	0,715784429	9,266462698	1,149266963	0,273762399	0,752099779
A_21_P0000681	-0,628043231	7,348574496	-1,149645665	0,27361256	0,752099779
A_33_P3306207	0,653282775	9,121998223	1,149096826	0,273829737	0,752138216
A_32_P189204	0,718000986	8,44657555	1,148582079	0,274033544	0,752551411
A_21_P0012043	0,891046227	8,030086461	1,148342915	0,274128278	0,752639423
A_21_P0003089	0,582753906	9,348515399	1,148231655	0,274172358	0,752639423
A_33_P3303245	0,744341156	11,06721197	1,147939351	0,27428819	0,752757562
A_23_P156809	1,025549888	14,02901145	1,147807407	0,274340488	0,752757562
A_21_P0003279	1,097859388	7,84605318	1,147553086	0,274441314	0,752757562
A_33_P3334220	0,856170801	10,10324311	1,14744157	0,274485534	0,752757562
A_33_P3358626	0,65749714	7,386349201	1,147311927	0,274536948	0,752757562
A_23_P345460	0,623655065	9,687092076	1,147067608	0,274633862	0,752757562
A_33_P3264364	-1,226770118	12,75355152	-1,147045784	0,274642521	0,752757562
A_21_P0005149	-0,549600069	6,418307378	-1,147674494	0,274393178	0,752757562

A_23_P336612	-1,054572051	8,496891483	-1,146842734	0,274723087	0,752832031
A_24_P175460	0,598379728	7,573959316	1,146329898	0,27492665	0,753024544
A_23_P252758	0,744776602	8,852270218	1,146262107	0,274953568	0,753024544
A_24_P336759	-0,630465235	11,72223706	-1,1462939	0,274940944	0,753024544
A_23_P384499	0,592108279	11,83055723	1,145812026	0,275132332	0,753078832
A_32_P40744	0,556165652	7,570177288	1,14570325	0,275175549	0,753078832
A_23_P430792	-0,567321452	6,578792426	-1,145674318	0,275187045	0,753078832
A_23_P218442	-0,789040303	7,336842339	-1,145907034	0,275094589	0,753078832
A_23_P65230	0,594455055	9,640811573	1,145308472	0,275332441	0,753135442
A_21_P0011348	0,64834345	8,807283732	1,145180787	0,275383199	0,753135442
A_33_P3420204	0,59131187	11,37713138	1,145084702	0,275421401	0,753135442
A_24_P944253	-0,622762372	11,41739067	-1,145232992	0,275362445	0,753135442
A_32_P528967	0,57054409	7,000829846	1,144321355	0,275725041	0,753455364
A_23_P200829	0,583733397	11,67944027	1,144275759	0,275743186	0,753455364
A_19_P00315922	0,585771659	6,816608733	1,144118942	0,275805598	0,753455364
A_24_P310616	-0,700721576	10,49507743	-1,144202302	0,27577242	0,753455364
A_21_P0007871	-0,533754829	6,448508239	-1,144342298	0,275716707	0,753455364
A_21_P0000924	0,660739696	9,47304017	1,143956013	0,275870456	0,753486547
A_33_P3261054	0,692562208	8,597662197	1,143669796	0,275984419	0,753505871
A_23_P216448	-1,031806079	9,269803201	-1,143778569	0,275941104	0,753505871
A_23_P41948	0,583075749	10,29702194	1,143494482	0,276054241	0,753550581
A_24_P860797	0,60900532	8,039645694	1,143198603	0,276172113	0,753726406
A_33_P3270311	-0,569695487	7,179017664	-1,142825858	0,276320661	0,753985872
A_33_P3901921	0,585895516	8,120600458	1,142243113	0,276553023	0,754009687
A_23_P67278	0,541438946	7,583774621	1,142163072	0,276584951	0,754009687
A_19_P00802433	1,01815732	8,174814873	1,141882595	0,276696851	0,754009687
A_24_P48723	0,589241026	6,36724102	1,141784253	0,276736095	0,754009687
A_23_P12062	0,569951608	9,738787553	1,141440747	0,276873204	0,754009687
A_24_P143686	0,694633866	9,983663142	1,141435838	0,276875164	0,754009687
A_24_P299911	0,559029607	9,441103926	1,14131932	0,276921684	0,754009687
A_19_P00808120	-0,646296481	7,936854413	-1,141195454	0,276971145	0,754009687
A_21_P0006913	-0,755306557	7,494492451	-1,141256408	0,276946804	0,754009687
A_23_P396299	-0,69137584	7,398128817	-1,141409031	0,276885866	0,754009687
A_23_P24922	-0,679218623	9,885662353	-1,141432498	0,276876498	0,754009687
A_23_P502470	-0,954447133	8,740209111	-1,142402256	0,276489552	0,754009687
A_33_P3353816	0,671559999	12,06609264	1,140847259	0,277110217	0,754172712
A_23_P336015	0,637823732	8,117958074	1,140777688	0,277138011	0,754172712
A_23_P254081	0,669152117	9,204332144	1,140452397	0,277267995	0,754260035
A_33_P3388618	0,7122315	7,718067838	1,140295785	0,277330592	0,754260035
A_21_P0004207	-0,554650782	6,399861579	-1,14037906	0,277297306	0,754260035
A_33_P3287228	0,570805133	7,067080068	1,140022016	0,277440044	0,754412185
A_21_P0012918	0,644628437	11,23044371	1,139536871	0,277634085	0,754578107
A_23_P65967	0,767525015	10,64141512	1,139484481	0,277655045	0,754578107
A_33_P3342613	0,622443831	13,74815546	1,13946804	0,277661623	0,754578107

A_32_P35220	0,653091911	12,8495429	1,139198213	0,277769597	0,754580646
A_21_P0004222	-0,545873661	6,349175306	-1,13923129	0,27775636	0,754580646
A_23_P389102	-0,651985785	7,71256385	-1,13876135	0,277944482	0,754910279
A_21_P0000364	0,595864936	6,65632433	1,138443233	0,278071884	0,754923267
A_33_P3214298	0,801120021	11,86696974	1,138385604	0,278094969	0,754923267
A_33_P3360863	0,604849698	7,442522366	1,138170012	0,278181342	0,754923267
A_33_P3410935	0,580565913	14,5808129	1,138081057	0,278216987	0,754923267
A_23_P122443	-0,555481645	15,50995317	-1,138203021	0,278168116	0,754923267
A_33_P3341836	0,634994575	7,781536506	1,137874123	0,278299919	0,754984987
A_33_P3677061	0,605926792	8,509822712	1,137757089	0,27834683	0,754984987
A_33_P3266928	-0,658066452	10,71913685	-1,137588096	0,27841458	0,755023497
A_23_P26777	0,628783795	11,75481288	1,137343579	0,27851263	0,755144147
A_21_P0012392	0,637698141	7,232402198	1,137135236	0,278596195	0,755225487
A_32_P780817	0,569817029	6,684072148	1,136315473	0,278925186	0,755527496
A_33_P3245575	0,585991553	7,987931457	1,136278983	0,278939838	0,755527496
A_33_P3422374	0,557001094	7,097186567	1,136264401	0,278945692	0,755527496
A_33_P3423171	0,542031454	7,36482721	1,135895135	0,279093994	0,755527496
A_33_P3278293	0,607741483	12,27663571	1,135871507	0,279103486	0,755527496
A_24_P55465	-0,700309608	12,48893059	-1,135789817	0,279136302	0,755527496
A_33_P3319401	-0,663974802	6,954601699	-1,135998207	0,279052593	0,755527496
A_23_P250462	-0,558636093	15,65947188	-1,136260869	0,278947111	0,755527496
A_23_P214080	-0,698760029	11,18949474	-1,135483171	0,279259516	0,755715914
A_23_P25293	0,574037616	12,34424263	1,135084799	0,279419648	0,756004148
A_21_P0001883	-0,656091982	6,956467194	-1,134827013	0,279523307	0,756139507
A_21_P0000243	0,814046259	9,632128757	1,134615811	0,279608257	0,756224211
A_32_P486620	-0,577180104	7,800548671	-1,134378815	0,279703604	0,756337
A_33_P3322373	0,631366189	8,209933173	1,134144096	0,279798061	0,756447336
A_23_P17393	0,611206799	13,31585347	1,133638122	0,28000176	0,756651824
A_23_P122674	0,689093626	10,52673123	1,133582585	0,280024126	0,756651824
A_33_P3530314	0,55982833	9,278624243	1,133534324	0,280043562	0,756651824
A_23_P33187	0,543605	9,688551703	1,133423086	0,280088366	0,756651824
A_23_P159721	0,538993046	6,52440127	1,133187736	0,280183176	0,756762951
A_33_P3322307	0,613108257	7,828523729	1,132552145	0,280439348	0,757029059
A_33_P3310366	0,773728617	11,5447121	1,132410467	0,280496475	0,757029059
A_23_P90626	-0,673722851	12,17581541	-1,132509438	0,280456567	0,757029059
A_32_P141238	-0,87865185	7,890972855	-1,132792726	0,280342362	0,757029059
A_33_P3371663	0,722417524	11,59147094	1,132189877	0,280585439	0,757124229
A_21_P0012183	0,70593109	7,8687614	1,131869801	0,280714564	0,757327714
A_23_P209987	0,662699864	9,380751311	1,131437151	0,280889176	0,757653814
A_33_P3349651	-0,536976824	11,85506079	-1,131179342	0,280993264	0,7577896
A_23_P400147	0,568171102	9,822937765	1,130764147	0,281160958	0,757967627
A_32_P54544	0,581129851	13,58646709	1,13063351	0,281213737	0,757967627
A_33_P3331346	0,639859088	11,95418868	1,130515313	0,281261497	0,757967627
A_33_P3297611	0,699204584	8,0575406	1,129581304	0,281639121	0,757967627

A_23_P404730	0,553342172	8,706150073	1,129552825	0,281650642	0,757967627
A_23_P23855	-0,573213375	14,07736829	-1,129628337	0,281620097	0,757967627
A_21_P0004731	-0,555299956	6,769070622	-1,129628356	0,281620089	0,757967627
A_33_P3268564	-0,594061963	11,85475382	-1,129792918	0,281553531	0,757967627
A_33_P3266265	-0,70018306	13,09102805	-1,129989752	0,281473936	0,757967627
A_23_P254944	-0,657371699	11,21065941	-1,130044897	0,28145164	0,757967627
A_33_P3415086	-0,695496275	8,006015393	-1,130367099	0,281321395	0,757967627
A_33_P3236986	-0,633432847	8,761761527	-1,129125353	0,281823607	0,758288365
A_21_P0004760	0,550807955	6,908866615	1,128940435	0,281898454	0,75834503
A_21_P0014649	0,534162243	6,657686235	1,127820931	0,28235191	0,758527056
A_23_P384056	0,562534306	13,14454285	1,127701471	0,28240033	0,758527056
A_33_P3662000	0,539062255	6,947967758	1,127654686	0,282419295	0,758527056
A_32_P353798	0,568886984	13,46151851	1,127623525	0,282431927	0,758527056
A_32_P88635	1,043915147	7,804143253	1,127445463	0,282504119	0,758527056
A_32_P207124	-0,558508387	10,8178478	-1,127554334	0,282459978	0,758527056
A_24_P319736	-0,900148427	11,13676256	-1,127785562	0,282366245	0,758527056
A_23_P142974	-0,559095225	13,38186497	-1,12793827	0,282304355	0,758527056
A_23_P167389	-0,611001283	10,67474728	-1,128301383	0,282157233	0,758527056
A_32_P119033	-0,527196145	6,227385186	-1,128364503	0,282131665	0,758527056
A_23_P208768	-0,771406631	7,603954251	-1,127001201	0,282684297	0,758866319
A_23_P310931	0,573605159	10,94780804	1,126743529	0,282788841	0,758988743
A_33_P3268284	0,643463668	10,23590279	1,126623459	0,282837567	0,758988743
A_23_P18493	0,668858619	8,351871795	1,125595244	0,283255091	0,759472118
A_33_P3411122	0,555674647	7,223172538	1,125409603	0,283330524	0,759472118
A_21_P0011029	0,836397888	8,408898229	1,125384072	0,2833409	0,759472118
A_23_P119266	-0,771508257	9,81477916	-1,12559953	0,28325335	0,759472118
A_23_P104804	-0,787108613	11,89511169	-1,12560416	0,283251469	0,759472118
A_33_P3381513	-0,916714078	8,081703478	-1,125745068	0,283194223	0,759472118
A_19_P00321210	-0,561243914	6,717285414	-1,125045849	0,283478376	0,759696184
A_23_P201459	-1,075512382	11,77453294	-1,124619224	0,283651859	0,759872231
A_21_P0009734	-0,550660929	7,088386573	-1,124704059	0,283617355	0,759872231
A_21_P0012783	-0,607140494	7,10218325	-1,124414925	0,283734963	0,759950465
A_33_P3364582	-0,613613281	9,237915564	-1,124128051	0,283851689	0,760118702
A_33_P3352449	-0,630639205	10,75510023	-1,123982649	0,283910866	0,760132795
A_32_P126557	-0,924518142	8,058952893	-1,123694147	0,284028311	0,760158533
A_23_P253046	-0,641015228	13,4704517	-1,1237162	0,284019332	0,760158533
A_23_P24997	0,632010717	13,75266649	1,1229334	0,284338177	0,760389327
A_21_P0011936	0,626489266	8,045765445	1,122867201	0,284365154	0,760389327
A_24_P462853	-0,546311116	6,713454945	-1,122688124	0,284438138	0,760389327
A_23_P114862	-0,541186422	6,127981889	-1,122813453	0,284387058	0,760389327
A_32_P150735	-0,549020256	8,330091145	-1,123020525	0,284302677	0,760389327
A_23_P69293	-0,732756809	9,007828177	-1,123093494	0,284272946	0,760389327
A_21_P0004351	-0,578144141	6,542217616	-1,122271627	0,284607941	0,760699027
A_33_P3263938	1,018323882	8,192836003	1,121845557	0,284781727	0,760730878

A_23_P169909	-0,581113535	6,708247944	-1,121847094	0,2847811	0,760730878
A_23_P360240	-0,640824959	8,203810053	-1,122022717	0,284709457	0,760730878
A_21_P0000310	1,202086709	8,478985771	1,12149947	0,28492295	0,760963947
A_21_P0012596	0,535904274	6,729722401	1,121212845	0,285039949	0,760988117
A_33_P3301306	-0,556769654	12,33500625	-1,121330892	0,284991759	0,760988117
A_23_P212284	0,610929828	11,26602739	1,120319403	0,285404886	0,761818154
A_32_P214284	0,584043954	7,484891768	1,119806617	0,285614501	0,761971057
A_33_P3209229	0,562339314	8,8502811	1,119782648	0,285624302	0,761971057
A_21_P0010715	-0,536570645	6,431498475	-1,119856261	0,285594203	0,761971057
A_23_P126613	-1,377687515	11,64700551	-1,118668177	0,286080291	0,763043138
A_24_P673333	-0,65724915	7,029843299	-1,118220819	0,286263486	0,763387344
A_33_P3328928	0,538598024	9,913563781	1,11731614	0,28663423	0,763503099
A_33_P3247753	0,842277819	9,258692923	1,117100517	0,286722648	0,763503099
A_23_P59855	0,661414192	8,564157219	1,117058098	0,286740045	0,763503099
A_21_P0013098	0,55927448	7,441460407	1,11684976	0,286825499	0,763503099
A_33_P3241661	0,62737726	7,578004525	1,116663634	0,286901859	0,763503099
A_21_P0014782	0,887375946	9,947053719	1,116571251	0,286939766	0,763503099
A_33_P3382147	0,67668465	7,894762149	1,116513904	0,286963299	0,763503099
A_19_P00319990	0,556931081	7,996812708	1,11619566	0,28709392	0,763503099
A_23_P156739	0,570506169	12,82478843	1,11613411	0,287119188	0,763503099
A_23_P166421	-0,555986388	10,80242117	-1,116143491	0,287115337	0,763503099
A_33_P3346333	-0,658514049	8,021072492	-1,116387456	0,287015193	0,763503099
A_33_P3353502	-0,665088751	7,445611113	-1,116518691	0,286961335	0,763503099
A_32_P114284	-0,586363678	12,90331794	-1,117154645	0,28670045	0,763503099
A_21_P0011466	-0,667342863	10,09442205	-1,1174472	0,286580497	0,763503099
A_33_P3399363	-0,750174213	7,847911292	-1,117788259	0,286440706	0,763503099
A_23_P11543	-0,64719409	12,24127185	-1,115878776	0,287224028	0,763637859
A_21_P0009875	-0,680701795	7,495330364	-1,11510185	0,287543213	0,764342338
A_33_P3548860	0,653314246	7,097960813	1,114258617	0,287889946	0,764578647
A_23_P67391	0,541458943	8,888032127	1,114233241	0,287900385	0,764578647
A_33_P3358295	1,144041865	12,01444766	1,114226258	0,287903258	0,764578647
A_21_P0009306	-0,606521649	6,976175992	-1,114345365	0,287854261	0,764578647
A_21_P0007670	-0,531498296	6,577108228	-1,114720483	0,287699989	0,764578647
A_23_P85682	0,711988786	8,37158118	1,113540114	0,288185643	0,764579433
A_21_P0006963	-0,605021174	6,488786614	-1,113171611	0,288337389	0,764579433
A_32_P185628	-0,583700639	7,569084343	-1,113190631	0,288329555	0,764579433
A_33_P3231923	-0,603540295	10,1373917	-1,113424621	0,288233195	0,764579433
A_21_P0011096	-0,522029568	6,85364174	-1,113446913	0,288224016	0,764579433
A_19_P00316745	-0,759892261	10,95634043	-1,113522157	0,288193036	0,764579433
A_33_P3256303	-0,872290262	9,400651775	-1,113677096	0,28812925	0,764579433
A_23_P346048	-0,740609646	12,98048123	-1,11384982	0,288058156	0,764579433
A_23_P468	0,565584234	7,030802904	1,11252515	0,288603743	0,764995027
A_19_P00801042	0,843098693	10,91719939	1,112284691	0,288702865	0,764995027
A_21_P0007923	0,52511033	6,438896714	1,112158025	0,288755089	0,764995027

A_19_P00316000	0,888979155	7,466355497	1,112132991	0,288765411	0,764995027
A_33_P3314441	-0,699071607	9,293391863	-1,11227656	0,288706217	0,764995027
A_24_P12539	-0,631868698	9,707807535	-1,111996908	0,288821528	0,764999949
A_23_P62115	-0,667173487	13,42863435	-1,111228125	0,289138709	0,765408685
A_33_P3333455	-0,666292267	15,33155011	-1,111290514	0,289112959	0,765408685
A_23_P103672	-0,617597708	7,30425135	-1,111370189	0,289080076	0,765408685
A_33_P3807062	0,548557725	14,01600123	1,110870913	0,289286176	0,765447457
A_33_P3427102	0,56701421	13,22458961	1,110503613	0,289437868	0,765447457
A_21_P0006803	0,570332429	6,852122629	1,110403799	0,289479101	0,765447457
A_33_P3309556	-0,561206137	9,721266457	-1,110512375	0,289434248	0,765447457
A_21_P0007850	-0,639063545	7,40067802	-1,110593679	0,289400666	0,765447457
A_23_P203344	-0,860482343	11,68348172	-1,110911944	0,289269234	0,765447457
A_21_P0010340	0,663529315	6,797368551	1,109840815	0,289711751	0,765649713
A_33_P3302613	0,559326386	6,824926463	1,109824475	0,289718506	0,765649713
A_23_P394605	-0,60657377	9,460398263	-1,109923535	0,289677559	0,765649713
A_23_P45304	-0,909077219	12,51633157	-1,109354009	0,289913037	0,765733217
A_33_P3399208	-0,786361642	12,08599175	-1,109465951	0,289866742	0,765733217
A_33_P3378665	-1,184118925	9,204323197	-1,109482965	0,289859706	0,765733217
A_33_P3263387	0,593651865	9,054613556	1,109191487	0,289980261	0,765767316
A_33_P3327046	0,548686419	6,763094383	1,108946271	0,290081712	0,765891771
A_23_P120442	-0,785168346	8,550815761	-1,108786889	0,290147666	0,765922475
A_21_P0011133	0,898730395	8,497622376	1,108370119	0,290320184	0,765991128
A_19_P00805272	0,601832614	7,651307306	1,108321598	0,290340274	0,765991128
A_23_P111228	0,606963621	7,883460579	1,108218745	0,290382864	0,765991128
A_24_P283288	-0,562911765	10,13857421	-1,10819912	0,290390991	0,765991128
A_33_P3377691	0,561929907	10,04594471	1,107842767	0,29053859	0,766237107
A_33_P3375899	0,566820988	6,840134608	1,107550088	0,290659858	0,766389276
A_23_P367405	0,660084048	11,55014705	1,107076753	0,290856061	0,766389276
A_23_P130488	0,605949487	8,728288868	1,106989463	0,290892255	0,766389276
A_21_P0011372	0,723871299	9,991091334	1,106956078	0,290906098	0,766389276
A_33_P3270489	-0,884597236	7,987368633	-1,106916683	0,290922434	0,766389276
A_23_P155755	-0,573198216	6,823943265	-1,107303936	0,290761878	0,766389276
A_33_P3309684	0,586643692	14,50866625	1,106479523	0,291103764	0,766481219
A_21_P0011135	0,550424747	13,75476138	1,106130987	0,291248395	0,766481219
A_33_P3359713	0,62551075	9,632042918	1,106046356	0,291283521	0,766481219
A_23_P406424	-0,67292301	11,98806367	-1,106165011	0,291234273	0,766481219
A_21_P0004139	-0,552612814	6,863722808	-1,106196867	0,291221052	0,766481219
A_24_P124624	-0,566114853	6,472374141	-1,106470293	0,291107593	0,766481219
A_24_P945181	0,591179381	7,500084539	1,10558487	0,291475125	0,766613078
A_23_P38254	0,58512143	15,00366665	1,105092828	0,29167952	0,766613078
A_24_P937405	1,309192758	9,596282823	1,104977004	0,29172765	0,766613078
A_23_P312174	0,552778051	10,27732816	1,104553243	0,291903791	0,766613078
A_23_P155360	0,565497144	7,078286686	1,104397846	0,291968403	0,766613078
A_23_P132874	0,742451968	12,76772649	1,104381382	0,29197525	0,766613078

A_23_P251893	0,625120094	13,36840953	1,104190642	0,292054574	0,766613078
A_32_P24709	0,560845942	8,010711781	1,104110569	0,29208788	0,766613078
A_24_P381505	0,513385969	6,488049072	1,103879807	0,292183878	0,766613078
A_24_P152649	-0,741535296	9,16204847	-1,103832386	0,292203609	0,766613078
A_24_P105298	-0,627292013	17,75240128	-1,103866711	0,292189327	0,766613078
A_24_P125434	-0,570784018	7,060791753	-1,104548819	0,29190563	0,766613078
A_24_P358305	-0,867655583	11,33533231	-1,104684734	0,291849126	0,766613078
A_23_P59005	-0,574856131	12,91241967	-1,104852375	0,291779444	0,766613078
A_23_P360744	-0,592497949	7,291546097	-1,105054216	0,291695564	0,766613078
A_33_P3326682	-0,539853095	10,29103609	-1,105776934	0,291395371	0,766613078
A_33_P3410821	0,782037669	8,891505045	1,103570922	0,292312415	0,766755857
A_33_P3683076	-0,621768073	7,916525053	-1,103089322	0,292512909	0,767139045
A_33_P3254121	-0,601521261	8,435681124	-1,10264425	0,29269829	0,767482459
A_21_P0011611	-0,563176672	8,097998204	-1,101825533	0,293039534	0,767806056
A_23_P210253	-0,722995436	14,33602473	-1,101932122	0,29299509	0,767806056
A_33_P3373459	-0,586149823	14,51922593	-1,102018216	0,292959195	0,767806056
A_23_P379327	-0,62636774	9,4398859	-1,102140008	0,292908423	0,767806056
A_23_P76690	0,550348117	11,96560771	1,101423165	0,293207353	0,768103023
A_21_P0013088	0,58344248	9,143915326	1,100695221	0,293511149	0,76866022
A_33_P3244274	-0,706192576	11,35736992	-1,100652253	0,293529089	0,76866022
A_32_P118250	0,650782463	7,550433601	1,100315659	0,293669648	0,768722631
A_23_P102542	-0,559641615	11,78133775	-1,100072997	0,293771015	0,768722631
A_24_P346431	-0,671210581	9,394519724	-1,100084399	0,293766251	0,768722631
A_21_P0006297	-0,526732091	7,040626925	-1,100138609	0,293743604	0,768722631
A_33_P3223980	-0,553605466	13,04273019	-1,099899944	0,29384332	0,768769153
A_23_P426989	-0,545405409	12,62042417	-1,09938293	0,294059419	0,769191789
A_21_P0006371	-0,655101155	9,48947298	-1,098891378	0,294264987	0,769586728
A_33_P3338698	0,550151965	7,149489687	1,098375461	0,294480863	0,770008473
A_33_P3340085	0,813214674	9,900773033	1,09768647	0,294769346	0,77021386
A_24_P133584	0,591975665	8,572017303	1,097651664	0,294783925	0,77021386
A_33_P3412233	0,923609256	9,158355258	1,09762881	0,294793498	0,77021386
A_21_P0005718	-0,572452099	6,972146991	-1,097535573	0,294832556	0,77021386
A_21_P0008047	-0,539062602	6,440333787	-1,097828622	0,294709808	0,77021386
A_23_P84189	-0,624420584	8,347587726	-1,097088353	0,295019954	0,770275246
A_21_P0008521	-0,599377672	7,738314498	-1,097144323	0,294996496	0,770275246
A_23_P143334	-0,637455738	7,08660248	-1,097207991	0,294969813	0,770275246
A_23_P121956	0,639384782	9,361339493	1,096756195	0,295159196	0,77039805
A_23_P146922	0,666715537	7,58896762	1,09655692	0,295242757	0,77039805
A_33_P3267651	0,700372652	7,859638961	1,096416379	0,2953017	0,77039805
A_32_P173298	0,570728964	9,786869843	1,096324597	0,295340199	0,77039805
A_24_P80204	-0,792063923	7,858391335	-1,096649676	0,29520386	0,77039805
A_21_P0011842	0,607686789	11,20091584	1,09593242	0,295504742	0,770485678
A_33_P3381483	0,535580783	9,28758468	1,095723598	0,295592385	0,770485678
A_32_P138042	-0,624192121	7,661985142	-1,09575948	0,295577324	0,770485678

A_21_P0014542	-0,531143015	6,569415698	-1,096076028	0,295444481	0,770485678
A_21_P0000334	0,87085222	8,304016023	1,094989845	0,295900498	0,771009536
A_32_P119569	0,919562321	10,48914171	1,094935726	0,295923233	0,771009536
A_23_P18887	0,573783532	8,744419049	1,094594078	0,296066787	0,771009536
A_19_P00322717	-0,603359418	7,960936443	-1,094639654	0,296047634	0,771009536
A_33_P3353431	-0,518272403	6,329221189	-1,09469054	0,29602625	0,771009536
A_23_P103110	-0,623763428	10,08898004	-1,094063139	0,296289983	0,771448285
A_33_P3376786	0,51427728	6,37855991	1,093255331	0,296629813	0,772190497
A_23_P500734	0,541857276	10,98752302	1,093123852	0,296685152	0,77219198
A_23_P145978	0,510121421	6,350192066	1,092967199	0,296751097	0,772201614
A_33_P3256232	0,748898267	14,1516142	1,092772824	0,296832936	0,772201614
A_21_P0011744	0,568157677	8,185844102	1,092594737	0,296907933	0,772201614
A_23_P212089	-0,587966539	8,645345164	-1,092692466	0,296866775	0,772201614
A_23_P104892	-0,654039305	14,45341564	-1,092322813	0,297022475	0,772214618
A_23_P67980	-0,724976205	9,039166544	-1,092358161	0,297007583	0,772214618
A_33_P3243500	0,755921537	8,536139194	1,09206802	0,297129831	0,772351306
A_33_P3348752	0,573821614	10,95972232	1,091318722	0,297445714	0,772475377
A_21_P0011271	0,580791365	13,50682665	1,091282552	0,297460969	0,772475377
A_33_P3246505	-0,638279757	12,43182637	-1,0910452	0,297561088	0,772475377
A_23_P217269	-0,559327243	9,311005996	-1,091157374	0,297513768	0,772475377
A_23_P329835	-0,633471372	7,220611174	-1,09130938	0,297449655	0,772475377
A_24_P103886	-0,52405504	13,11689243	-1,09160595	0,297324597	0,772475377
A_21_P0013085	-0,602902273	15,6082537	-1,091777097	0,297252446	0,772475377
A_24_P548866	-0,627195664	7,660653956	-1,090771684	0,297676492	0,772632706
A_24_P175187	-0,554541266	9,200848223	-1,089821046	0,298077858	0,773389716
A_23_P343963	-0,670617251	9,843946055	-1,089924637	0,298034101	0,773389716
A_33_P3224483	0,75179063	9,864504078	1,089249777	0,298319248	0,77345257
A_23_P68401	0,578401348	10,93513121	1,08847852	0,298645379	0,77345257
A_24_P138361	0,546057078	14,53638336	1,088259443	0,298738066	0,77345257
A_33_P3315899	0,605650611	10,84874569	1,088059999	0,298822466	0,77345257
A_21_P0000351	1,486714611	11,44992193	1,087986547	0,298853554	0,77345257
A_23_P29684	0,568378678	10,10538576	1,087929524	0,29887769	0,77345257
A_21_P0009386	0,601585519	9,734807031	1,087897073	0,298891426	0,77345257
A_21_P0014633	0,568488316	7,581565399	1,087817847	0,298924963	0,77345257
A_21_P0010056	-0,574315612	7,054840496	-1,088065556	0,298820114	0,77345257
A_23_P308058	-0,539098905	7,52371294	-1,088328399	0,29870889	0,77345257
A_23_P435501	-0,924080572	10,65194689	-1,088458392	0,298653894	0,77345257
A_23_P338325	-0,775286729	8,160690153	-1,088467189	0,298650172	0,77345257
A_33_P3368014	-0,618708458	11,7972884	-1,088491411	0,298639926	0,77345257
A_33_P3359724	-0,714033297	7,302210383	-1,089407851	0,298252439	0,77345257
A_33_P3702055	-0,519479354	8,787957639	-1,089547617	0,298193377	0,77345257
A_33_P3258452	0,562387003	7,350279873	1,087535044	0,299044701	0,773620411
A_23_P391164	0,559579822	10,48625954	1,087033795	0,299257016	0,773639191
A_21_P0012219	0,573328948	6,942211635	1,086859857	0,299330719	0,773639191

A_21_P0013547	0,519215382	6,809902964	1,086730673	0,299385466	0,773639191
A_23_P300484	0,552758847	10,69843373	1,086531584	0,299469854	0,773639191
A_21_P0002415	0,82634602	7,935353236	1,086504456	0,299481354	0,773639191
A_33_P3330826	0,945890501	9,123907164	1,085994213	0,299697719	0,773639191
A_33_P3335571	0,515268353	7,623305449	1,08586609	0,299752067	0,773639191
A_23_P19182	0,667421597	8,410669494	1,085705572	0,299820167	0,773639191
A_21_P0002995	-0,513721749	6,215935427	-1,085707098	0,29981952	0,773639191
A_23_P2294	-0,587011419	8,866267882	-1,086112767	0,299647436	0,773639191
A_23_P48166	-0,655016871	9,574691528	-1,086348225	0,29954759	0,773639191
A_23_P19624	-1,231799443	9,923706008	-1,086384021	0,299532413	0,773639191
A_23_P18017	-0,589301078	16,51406303	-1,086567496	0,299454631	0,773639191
A_19_P00808320	-0,783434388	13,53400642	-1,087326279	0,299133114	0,773639191
A_21_P0013269	0,833314386	11,57214064	1,085179432	0,300043466	0,774070049
A_23_P161424	-0,854280151	11,75441939	-1,085053459	0,300096949	0,774070049
A_23_P126135	-0,551828648	14,2199848	-1,084923832	0,300151991	0,774070408
A_33_P3241190	0,530044926	10,64134551	1,084527505	0,300320325	0,774283927
A_33_P3332135	0,579187244	9,533103862	1,084316127	0,300410134	0,774283927
A_24_P322444	0,566411598	15,05915866	1,084211827	0,300454455	0,774283927
A_33_P3217704	-0,778581714	10,75362828	-1,084337188	0,300401185	0,774283927
A_33_P3360555	0,586893983	13,80120624	1,083927664	0,300575234	0,774418039
A_21_P0014189	0,822186217	8,694435221	1,083686683	0,300677688	0,774418039
A_33_P3325404	0,535023169	6,54065906	1,083327844	0,300830298	0,774418039
A_23_P31489	0,567898	9,325316548	1,083314299	0,300836059	0,774418039
A_33_P3279765	-0,585808644	7,70500961	-1,083383183	0,300806759	0,774418039
A_23_P18692	-0,817554829	9,608723572	-1,083609346	0,300710573	0,774418039
A_23_P23411	0,880301018	9,399430858	1,08300885	0,300966011	0,774563609
A_21_P0001685	-0,658180408	7,047397685	-1,082923141	0,301002484	0,774563609
A_32_P321996	0,522495633	6,603294604	1,082664883	0,301112402	0,77456372
A_23_P418083	-0,785978721	8,159753974	-1,082781637	0,301062706	0,77456372
A_33_P3346157	0,714622453	8,401453827	1,082397992	0,301226026	0,774644894
A_33_P3229017	0,589677335	7,456658193	1,082332661	0,301253844	0,774644894
A_23_P337262	0,62890852	6,997751888	1,082182373	0,301317845	0,77466818
A_21_P0006347	0,549255077	8,34064927	1,081915367	0,301431577	0,774756197
A_32_P424761	0,526361789	6,366392145	1,081843997	0,301461983	0,774756197
A_23_P46063	-0,820570038	9,211488572	-1,081488657	0,301613402	0,775004075
A_23_P47102	0,609354314	6,774548195	1,080879489	0,301873118	0,775243117
A_23_P406591	0,539802972	6,773087814	1,079762116	0,302349943	0,775243117
A_23_P154411	0,624675531	12,58078737	1,079288867	0,302552067	0,775243117
A_21_P0000322	1,431269141	10,61437904	1,078663926	0,302819136	0,775243117
A_33_P3271930	0,620140305	6,967342497	1,07863976	0,302829467	0,775243117
A_33_P3265549	0,566066179	7,835019221	1,078629938	0,302833666	0,775243117
A_32_P221748	0,697890541	8,606182626	1,078143755	0,303041566	0,775243117
A_33_P3342106	0,599628937	8,018103215	1,078097046	0,303061545	0,775243117
A_33_P3294277	0,619851717	6,837061138	1,077938398	0,303129413	0,775243117

A_23_P79927	0,607469484	11,72995909	1,077643171	0,303255737	0,775243117
A_21_P0014306	0,551785959	11,06658829	1,077345042	0,303383343	0,775243117
A_21_P0007854	1,114942252	9,000631069	1,077287844	0,30340783	0,775243117
A_33_P3261953	0,557360651	6,959336062	1,0771353	0,303473143	0,775243117
A_21_P0000112	0,740265272	9,101144666	1,077041251	0,303513415	0,775243117
A_24_P158468	0,576858046	7,050752868	1,076591807	0,303705927	0,775243117
A_33_P3337131	0,504867115	6,563311976	1,07655756	0,303720599	0,775243117
A_24_P228637	0,54545711	10,61782382	1,076537735	0,303729094	0,775243117
A_24_P186379	0,56498812	9,877721588	1,076524926	0,303734582	0,775243117
A_21_P0002860	0,52697421	6,727842903	1,076402975	0,303786837	0,775243117
A_24_P603224	0,534284823	12,62939131	1,076300333	0,303830824	0,775243117
A_24_P350589	0,506961583	6,576678425	1,076285213	0,303837304	0,775243117
A_23_P110699	0,509066091	6,649701119	1,076224051	0,303863517	0,775243117
A_23_P254816	0,702051153	11,85656876	1,076138857	0,303900033	0,775243117
A_33_P3307297	0,535288026	6,770609482	1,075860622	0,304019314	0,775243117
A_23_P210482	0,560730259	14,64505293	1,075734872	0,304073235	0,775243117
A_24_P942017	0,517634053	8,967694993	1,075667913	0,30410195	0,775243117
A_33_P3257714	0,712875363	12,15007645	1,075014399	0,30438231	0,775243117
A_23_P1361	0,632429872	10,56434264	1,075011209	0,304383679	0,775243117
A_21_P0002888	0,519640993	6,392188928	1,075001465	0,304387861	0,775243117
A_33_P3305775	0,571269392	7,811876904	1,074734687	0,304502368	0,775243117
A_23_P413796	0,553092407	12,51763433	1,074437576	0,304629932	0,775243117
A_23_P207400	0,636788382	10,83071033	1,074318352	0,304681132	0,775243117
A_23_P38328	0,53853156	9,012611524	1,0742796	0,304697775	0,775243117
A_23_P29803	0,555560163	12,94214757	1,074059115	0,304792482	0,775243117
A_21_P0002454	0,533842928	9,566361559	1,074051055	0,304795945	0,775243117
A_23_P23584	-0,59643344	13,16709853	-1,073563212	0,305005573	0,775243117
A_23_P355471	-0,600109166	8,475804538	-1,073592284	0,304993077	0,775243117
A_21_P0013861	-0,518014284	6,039281273	-1,073670573	0,30495943	0,775243117
A_24_P45620	-0,586747379	8,773516754	-1,073727345	0,304935032	0,775243117
A_21_P0002057	-0,533396761	6,388874276	-1,073773524	0,304915187	0,775243117
A_23_P65674	-0,548248439	11,14128503	-1,074033931	0,304803301	0,775243117
A_24_P235316	-0,873007517	12,53109812	-1,074402597	0,304644953	0,775243117
A_24_P218688	-0,549348493	9,366300351	-1,075115668	0,304338853	0,775243117
A_33_P3354569	-0,576288621	10,97424764	-1,075353256	0,304236915	0,775243117
A_33_P3215647	-0,60868295	7,21709793	-1,075608945	0,304127239	0,775243117
A_23_P67399	-0,588003347	11,83831787	-1,075813257	0,304039623	0,775243117
A_33_P3228445	-0,619135631	7,522612046	-1,075860645	0,304019304	0,775243117
A_23_P24586	-0,787039533	11,20435318	-1,075912855	0,303996919	0,775243117
A_24_P86993	-0,862964271	7,75048909	-1,076158535	0,303891598	0,775243117
A_32_P107644	-0,534437455	6,458289579	-1,076414103	0,303782069	0,775243117
A_23_P141960	-0,573598648	8,516750671	-1,076710927	0,303654895	0,775243117
A_23_P390734	-0,563315561	10,92390617	-1,076816304	0,303609756	0,775243117
A_21_P0001742	-0,556282886	7,072472659	-1,077518015	0,303309302	0,775243117

A_21_P0003457	-0,526477239	6,741723228	-1,078125952	0,303049181	0,775243117
A_23_P4160	-0,589452743	7,657329673	-1,078402428	0,30293094	0,775243117
A_24_P181677	-0,701423131	9,605837605	-1,078531098	0,302875922	0,775243117
A_19_P00317272	-0,536400855	6,905969152	-1,078729047	0,302791298	0,775243117
A_21_P0011816	-0,632323265	7,632657157	-1,078825694	0,302749987	0,775243117
A_21_P0004917	-0,568926379	6,698379904	-1,07918566	0,302596161	0,775243117
A_23_P89030	-0,571762143	11,08137298	-1,080398264	0,302078405	0,775243117
A_24_P887857	-0,601490974	6,878156018	-1,072762819	0,30534974	0,775978007
A_23_P107421	0,616648755	15,99281841	1,072428418	0,305493618	0,776041051
A_21_P0010950	0,567460742	9,892365306	1,072271542	0,305561132	0,776041051
A_23_P87545	-0,562599061	16,36929929	-1,0719378	0,305704801	0,776041051
A_23_P140434	-0,554277475	7,259847832	-1,071967205	0,305692141	0,776041051
A_33_P3315564	-0,578318112	6,924080122	-1,072061726	0,305651448	0,776041051
A_33_P3304754	-0,557882769	9,561268417	-1,072142972	0,305616473	0,776041051
A_23_P23006	-0,529929837	13,82341082	-1,071277354	0,30598926	0,776623327
A_21_P0000297	0,706172904	8,003952672	1,071029956	0,306095867	0,776754074
A_23_P86021	0,831901254	8,143029536	1,070643577	0,30626242	0,777036864
A_32_P89827	0,531177779	6,820810091	1,070435161	0,306352287	0,777125027
A_21_P0005189	0,878520607	8,929790357	1,069909864	0,30657888	0,777420078
A_32_P524614	-0,64298672	7,911517563	-1,069962706	0,30655608	0,777420078
A_33_P3316835	0,540352419	8,301234503	1,069565079	0,306727676	0,777657526
A_33_P3312807	0,56363383	7,0999169	1,069076552	0,306938597	0,777772697
A_23_P404685	-0,634576654	13,35724207	-1,069167554	0,306899299	0,777772697
A_19_P00318404	-0,667487595	8,740425468	-1,069266342	0,306856643	0,777772697
A_19_P00318559	0,908967537	7,979726231	1,068300419	0,307273917	0,777861116
A_33_P3666346	0,66968309	8,7114751	1,068190321	0,307321506	0,777861116
A_33_P3399433	0,663360735	14,37084979	1,067974377	0,307414862	0,777861116
A_21_P0014840	-0,608790726	7,350673422	-1,068029617	0,307390979	0,777861116
A_21_P0002534	-0,632380782	7,333025311	-1,068031457	0,307390184	0,777861116
A_32_P355396	-0,54744583	9,209392559	-1,068185986	0,30732338	0,777861116
A_33_P3365432	-0,654611674	14,01736835	-1,068559717	0,30716186	0,777861116
A_21_P0014048	-0,97941971	9,175483055	-1,068643437	0,307125686	0,777861116
A_33_P3884230	0,5246773	7,068923763	1,067355644	0,307682468	0,778025528
A_21_P0013534	0,542126659	6,588721276	1,067334053	0,307691809	0,778025528
A_19_P00803226	0,523930807	10,77070256	1,066855885	0,307898745	0,778025528
A_19_P00320828	0,517750053	6,964387069	1,066835765	0,307907454	0,778025528
A_23_P385861	0,548745425	12,50210761	1,066801215	0,30792241	0,778025528
A_24_P301846	0,565662999	9,589697997	1,066207412	0,308179549	0,778025528
A_33_P3258546	0,672479077	7,305204524	1,065861788	0,308329291	0,778025528
A_24_P287756	0,510473019	10,39656868	1,065798219	0,308356838	0,778025528
A_23_P215675	0,613775111	10,63409714	1,065615121	0,308436193	0,778025528
A_23_P200637	0,534024782	7,724858426	1,065451678	0,308507042	0,778025528
A_21_P0011004	0,735826763	8,576116211	1,065418659	0,308521357	0,778025528
A_23_P50108	0,57914103	12,856697	1,06528504	0,308579289	0,778025528

A_21_P0007999	-0,537720051	6,346273995	-1,065148072	0,308638682	0,778025528
A_33_P3216372	-0,555117014	13,1633176	-1,065249889	0,308594531	0,778025528
A_23_P6818	-0,525708765	7,376500195	-1,065517921	0,308478326	0,778025528
A_23_P409168	-0,601237834	12,09416892	-1,065623197	0,308432692	0,778025528
A_23_P144896	-0,553769581	11,0969751	-1,06565903	0,308417161	0,778025528
A_33_P3366053	-0,694161972	11,4406713	-1,065886213	0,308318707	0,778025528
A_23_P29005	-0,562806403	13,02875877	-1,066600179	0,308009448	0,778025528
A_33_P3397995	-0,579770783	8,821764954	-1,066729822	0,307953318	0,778025528
A_33_P3281567	-0,566598626	9,479386968	-1,067436162	0,307647633	0,778025528
A_23_P169428	0,570836831	10,86040424	1,064702352	0,308832017	0,778373723
A_23_P74349	0,544921073	10,23223779	1,064408295	0,308959616	0,778422404
A_21_P0005443	-0,624297982	7,700993101	-1,064403368	0,308961754	0,778422404
A_33_P3285545	0,574904804	7,487875481	1,064239066	0,309033067	0,778462964
A_33_P3340205	-0,552444004	7,150344272	-1,063837777	0,309207292	0,778623613
A_33_P3409665	-0,670817599	7,53087674	-1,063886023	0,309186341	0,778623613
A_24_P14634	0,850522325	10,04517705	1,063346448	0,309420709	0,778723398
A_23_P14804	0,561239903	12,6592592	1,063205812	0,309481817	0,778723398
A_33_P3229177	0,538189564	12,47892463	1,0631823	0,309492034	0,778723398
A_33_P3270776	0,841615343	8,372849813	1,063128636	0,309515355	0,778723398
A_33_P3223338	0,578518451	7,614382244	1,063076137	0,309538171	0,778723398
A_33_P3280945	0,659273811	14,69434744	1,062856707	0,309633546	0,778723398
A_23_P121215	-0,690895564	9,656461157	-1,062915452	0,309608011	0,778723398
A_33_P3396200	-0,599247726	11,4120504	-1,061172324	0,310366403	0,780427308
A_21_P0010890	-0,55679586	6,856746424	-1,060749106	0,310550744	0,780751594
A_23_P323898	0,5311985	6,476815456	1,060257999	0,310764759	0,781150353
A_33_P3411885	0,532149643	8,00703932	1,059604131	0,311049873	0,781309844
A_23_P386268	-0,58513136	7,08148931	-1,05963227	0,311037599	0,781309844
A_24_P918032	-0,503407799	6,463745553	-1,059757362	0,31098304	0,781309844
A_21_P0011595	-0,556622554	8,105610953	-1,059960426	0,310894489	0,781309844
A_23_P206856	0,555776797	10,80589666	1,059060879	0,311286902	0,781765949
A_23_P58538	0,57702158	13,42061513	1,058750189	0,311422522	0,781796214
A_23_P4416	0,525281541	6,686059777	1,058413388	0,311569589	0,781796214
A_23_P26895	0,541205879	9,152476509	1,058292488	0,311622394	0,781796214
A_24_P251688	0,512124622	11,97888791	1,058271283	0,311631656	0,781796214
A_23_P135271	-0,58710583	9,29652502	-1,058333722	0,311604384	0,781796214
A_23_P88303	-0,626592744	8,334549429	-1,058746446	0,311424156	0,781796214
A_23_P148807	0,567571185	10,92343071	1,057156832	0,312118735	0,782274186
A_21_P0013637	0,628397264	7,71239507	1,056628303	0,312349931	0,782274186
A_23_P135474	0,585941643	12,68902107	1,056548935	0,31238466	0,782274186
A_33_P3283044	0,527731158	7,498441198	1,056476771	0,31241624	0,782274186
A_33_P3256550	0,535716326	6,502246415	1,056313731	0,312487596	0,782274186
A_33_P3209816	0,571970408	7,915948087	1,056231827	0,312523447	0,782274186
A_23_P301995	0,520308218	8,5501774	1,056028018	0,312612671	0,782274186
A_33_P3241393	0,562581293	6,951342025	1,055920412	0,312659787	0,782274186

A_23_P256694	0,577023486	8,90070196	1,055783741	0,312719636	0,782274186
A_33_P3408632	0,571243069	7,525040244	1,055366247	0,312902514	0,782274186
A_24_P522864	0,521615981	7,013035754	1,054950993	0,31308449	0,782274186
A_33_P3316223	0,532461312	8,635349697	1,054928409	0,313094389	0,782274186
A_19_P00320067	0,511486241	6,925594559	1,054822738	0,313140711	0,782274186
A_32_P186981	0,56227015	16,15541122	1,05463144	0,31322458	0,782274186
A_21_P0010206	0,531139236	6,754026974	1,054357375	0,313344767	0,782274186
A_23_P45699	0,533701365	12,20230891	1,054346965	0,313349333	0,782274186
A_33_P3384885	0,607890317	8,77983125	1,054132136	0,313443567	0,782274186
A_32_P100683	0,649512983	7,687152925	1,054110933	0,313452869	0,782274186
A_32_P171181	0,627801977	10,5893743	1,053994805	0,313503818	0,782274186
A_24_P305764	0,585335479	12,05841707	1,053822935	0,313579235	0,782274186
A_24_P322354	0,598371619	9,56850877	1,053573894	0,313688538	0,782274186
A_23_P90089	0,599933772	10,55002264	1,053333521	0,313794064	0,782274186
A_32_P114896	0,679143219	9,835455172	1,05313348	0,313881904	0,782274186
A_21_P0000240	0,556315028	8,383672046	1,052942563	0,313965755	0,782274186
A_21_P0006824	0,53201904	7,539219612	1,052855291	0,31400409	0,782274186
A_23_P122001	0,582451934	10,12326628	1,052648436	0,314094968	0,782274186
A_23_P39766	-0,635414677	11,2876904	-1,05264372	0,31409704	0,782274186
A_24_P166789	-0,690094724	11,33335489	-1,052828228	0,314015979	0,782274186
A_33_P3374289	-0,761259202	10,73817883	-1,052893628	0,31398725	0,782274186
A_23_P165598	-0,573842301	6,921033882	-1,053311283	0,313803828	0,782274186
A_24_P57528	-0,54322699	13,06539646	-1,053783608	0,313596494	0,782274186
A_23_P135499	-0,641864118	10,49417774	-1,054168044	0,313427814	0,782274186
A_33_P3565133	-0,622540286	7,16252694	-1,054305171	0,313367664	0,782274186
A_33_P3285987	-0,519346077	10,68641919	-1,054393145	0,313329078	0,782274186
A_33_P3315303	-0,630281879	9,640601033	-1,05468312	0,313201921	0,782274186
A_33_P3237266	-0,522138537	7,581354245	-1,055329459	0,312918632	0,782274186
A_23_P258093	-0,546928106	12,8040832	-1,055370062	0,312900843	0,782274186
A_33_P3271445	-0,513201311	11,85850745	-1,055704155	0,312754491	0,782274186
A_21_P0008473	-0,619487456	6,914336902	-1,055818828	0,31270427	0,782274186
A_23_P150876	-0,576406542	13,24890657	-1,056154097	0,312557474	0,782274186
A_23_P206532	-0,554986913	13,24432035	-1,056557809	0,312380777	0,782274186
A_33_P3763846	0,575707182	8,142971557	1,052233581	0,314277286	0,782584855
A_23_P128094	0,54820165	7,052476176	1,05180186	0,314467099	0,78283702
A_33_P3340014	0,564115329	6,981828403	1,051446182	0,314623544	0,78283702
A_23_P30972	0,782843105	11,14413973	1,051192732	0,314735059	0,78283702
A_23_P88119	0,575900173	13,30491614	1,051188785	0,314736795	0,78283702
A_24_P273203	0,589456385	15,59492816	1,051119643	0,314767222	0,78283702
A_23_P159920	-0,56153386	11,34101283	-1,051578449	0,31456536	0,78283702
A_23_P427622	-0,572888865	9,986896888	-1,051641808	0,314537491	0,78283702
A_33_P3385121	-0,568395796	7,739857773	-1,050817235	0,314900327	0,78302993
A_33_P3395422	0,631969872	7,41478077	1,050476367	0,31505041	0,783042733
A_23_P12140	0,665178604	13,74148654	1,050427133	0,315072092	0,783042733

A_24_P128683	-0,73736694	9,859436608	-1,050521418	0,315030571	0,783042733
A_33_P3395947	1,028376534	7,940586196	1,050090035	0,315220575	0,783067633
A_33_P3320994	0,532401615	6,714843355	1,049900067	0,315304274	0,783067633
A_24_P225961	-0,830506833	9,247509299	-1,049919779	0,315295588	0,783067633
A_21_P0006670	-0,550484082	6,547694432	-1,049943307	0,315285221	0,783067633
A_33_P3295108	0,563366702	9,261372262	1,049665467	0,31540766	0,78318644
A_24_P59494	0,537048365	7,517850886	1,048917962	0,315737249	0,783340591
A_21_P0010978	1,019818702	8,094965139	1,048840175	0,315771561	0,783340591
A_23_P420334	0,499149432	9,277222522	1,04876868	0,315803101	0,783340591
A_23_P103601	-0,640358118	11,27107296	-1,048912194	0,315739793	0,783340591
A_24_P49106	-0,561846322	7,182523005	-1,049203418	0,315611356	0,783340591
A_21_P0007959	-0,588928522	7,622043374	-1,049273331	0,315580528	0,783340591
A_23_P52668	-0,579536546	8,219665268	-1,048424251	0,315955076	0,783579704
A_19_P00320090	-0,537190821	10,71449942	-1,048229812	0,316040894	0,783654688
A_23_P133345	-0,542806512	13,29819333	-1,047918687	0,316178248	0,783857414
A_24_P944299	0,564217898	9,233855887	1,047757649	0,31624936	0,783895873
A_23_P134935	0,769006606	8,964259465	1,047406584	0,316404427	0,784004571
A_24_P412734	-0,654392938	10,59682851	-1,047452661	0,316384071	0,784004571
A_24_P400172	0,535585643	8,817266096	1,046760091	0,316690132	0,784423678
A_24_P159312	0,522178998	7,517500316	1,046671927	0,31672911	0,784423678
A_23_P165937	0,553387085	10,85240144	1,046635045	0,316745416	0,784423678
A_23_P58036	0,557454225	12,05149314	1,046394572	0,316851752	0,784423678
A_33_P3238196	-0,559011732	9,780884189	-1,046494645	0,316807497	0,784423678
A_23_P138835	-0,851176838	12,03907876	-1,045190703	0,317384494	0,785466733
A_23_P400716	-0,571718067	6,769591677	-1,045244123	0,31736084	0,785466733
A_33_P3464855	0,641483194	8,283754703	1,04469638	0,317603437	0,785732735
A_21_P0008152	-0,587175033	6,934407057	-1,044712375	0,317596351	0,785732735
A_33_P3395442	0,898165823	7,89455403	1,044415355	0,317727957	0,785765035
A_23_P2431	-0,700373251	12,60775627	-1,044518512	0,317682245	0,785765035
A_19_P00317447	0,869943925	14,00921215	1,04415775	0,317842132	0,785909543
A_23_P82941	-0,527844009	12,07367941	-1,043901722	0,317955638	0,786052347
A_23_P173	0,507904019	7,197847146	1,043737342	0,318028529	0,786094711
A_21_P0013896	-0,575388652	7,40065012	-1,04357779	0,318099291	0,786131798
A_23_P144684	0,507275998	9,891909704	1,043435339	0,318162479	0,786150156
A_23_P133543	-0,577133318	8,333149708	-1,042637788	0,318516425	0,786748962
A_21_P0013929	-0,52937349	6,804403153	-1,042661193	0,318506034	0,786748962
A_33_P3352578	0,717670626	10,07411012	1,042302604	0,318665264	0,786978728
A_23_P115955	0,563817123	13,36849525	1,041703569	0,318931395	0,78713258
A_23_P45940	0,519451233	10,43428962	1,041662322	0,318949726	0,78713258
A_33_P3309039	0,556866228	13,71623817	1,041615835	0,318970387	0,78713258
A_33_P3411075	0,590093104	15,19995219	1,041528396	0,31900925	0,78713258
A_23_P117494	0,699618838	13,25665027	1,041316547	0,319103424	0,78713258
A_23_P10463	-0,546683613	16,81808911	-1,041282941	0,319118365	0,78713258
A_23_P166336	-0,524517241	11,00563247	-1,041980908	0,318808163	0,78713258

A_21_P0010845	0,503757573	7,561449891	1,040572754	0,319434228	0,787165458
A_33_P3221134	0,520020417	6,787251505	1,040502335	0,31946556	0,787165458
A_33_P3464025	-0,53548937	6,611074554	-1,040499813	0,319466682	0,787165458
A_33_P3231670	-0,67298247	11,46505741	-1,040554561	0,319442323	0,787165458
A_33_P3351566	-0,639644544	8,501642187	-1,040949229	0,319266758	0,787165458
A_33_P3350638	-0,566268191	7,890312326	-1,0410788	0,319209135	0,787165458
A_33_P3338693	0,692946928	7,847930402	1,039855919	0,319753283	0,787460655
A_23_P250231	0,507269775	6,467364211	1,039730676	0,319809052	0,787460655
A_33_P3281465	0,563205086	9,605236889	1,039033211	0,320119753	0,787460655
A_23_P7361	0,525150244	11,09253288	1,0388386	0,320206486	0,787460655
A_33_P3418010	0,598339869	12,23207462	1,038586915	0,320318683	0,787460655
A_21_P0014031	0,493777788	6,847183482	1,038237744	0,320474384	0,787460655
A_23_P114983	0,755213217	7,033670365	1,038224879	0,320480122	0,787460655
A_23_P347632	-0,751007207	11,66118856	-1,038225228	0,320479966	0,787460655
A_33_P3211260	-0,630497421	10,33801577	-1,038303767	0,320444939	0,787460655
A_33_P3281403	-0,522201874	11,74847776	-1,038879936	0,320188063	0,787460655
A_32_P49848	-0,574925388	9,668745303	-1,038954015	0,320155047	0,787460655
A_33_P3214303	-0,520546423	13,57668555	-1,039333932	0,319985763	0,787460655
A_19_P00325158	-0,58175883	11,05132324	-1,039385763	0,319962673	0,787460655
A_33_P3289701	-0,530353467	6,781615772	-1,03942935	0,319943257	0,787460655
A_21_P0002514	-0,533325767	6,907135754	-1,039489993	0,319916244	0,787460655
A_21_P0012527	-0,559459534	6,942763091	-1,039728292	0,319810113	0,787460655
A_24_P135769	0,559230305	8,295495652	1,037782281	0,320677568	0,787544351
A_23_P145134	0,594263184	9,918169976	1,037670501	0,320727448	0,787544351
A_24_P210637	0,590320622	7,564588798	1,037647055	0,320737911	0,787544351
A_23_P145035	0,528785706	7,405156281	1,037160542	0,320955081	0,787544351
A_23_P209477	0,640961228	11,36972963	1,037130557	0,32096847	0,787544351
A_33_P3504659	0,557665877	12,07904602	1,036848896	0,321094252	0,787544351
A_23_P372144	0,514211566	12,20774687	1,036735804	0,321144766	0,787544351
A_33_P3346327	0,545704353	8,274122267	1,036645215	0,321185233	0,787544351
A_33_P3298750	0,641684529	7,545899944	1,036555464	0,321225329	0,787544351
A_23_P389919	0,541804849	11,05437695	1,036521866	0,321240341	0,787544351
A_33_P3221373	-0,545065426	7,042205348	-1,036551507	0,321227097	0,787544351
A_21_P0007874	-0,489100832	6,876579143	-1,036649213	0,321183447	0,787544351
A_23_P142389	-0,51879672	7,418725273	-1,037709215	0,320710171	0,787544351
A_23_P44932	0,631315268	10,59652297	1,036089911	0,321433376	0,787720984
A_33_P3413808	0,92749352	7,824640568	1,036077292	0,321439016	0,787720984
A_33_P3291776	0,56204384	14,06521856	1,035877184	0,321528472	0,787720984
A_33_P3398533	0,555612459	7,588579683	1,035404925	0,321739663	0,787720984
A_33_P3338539	0,657111188	7,786773172	1,035333688	0,321771529	0,787720984
A_24_P384569	0,752533907	9,6763351	1,035141297	0,321857601	0,787720984
A_23_P56328	0,506098514	7,114780205	1,035134545	0,321860622	0,787720984
A_33_P3243857	-0,690342667	11,61168674	-1,034986274	0,321926967	0,787720984
A_33_P3406866	-0,602985118	7,187062262	-1,034994547	0,321923265	0,787720984

A_23_P14083	-0,71317951	8,920533769	-1,035621409	0,321642841	0,787720984
A_21_P0013404	-0,488385265	6,593181472	-1,035829044	0,321549995	0,787720984
A_23_P70701	0,524854105	10,68520262	1,034851054	0,321987482	0,787732345
A_23_P34788	0,587014958	12,99307311	1,034682143	0,322063086	0,787780612
A_24_P151834	0,538307807	9,512301192	1,034428122	0,32217681	0,787915824
A_23_P16944	0,780701965	8,464167579	1,034097664	0,322324798	0,787915824
A_23_P111865	0,507233235	7,617546543	1,034090509	0,322328003	0,787915824
A_24_P159181	0,628496985	12,45459156	1,033898306	0,3224141	0,787915824
A_23_P82738	0,563481042	9,012474258	1,033685259	0,322509555	0,787915824
A_23_P33894	-0,726562084	12,72896901	-1,033706273	0,322500139	0,787915824
A_33_P3339441	-0,508115683	6,860270328	-1,033930724	0,322399577	0,787915824
A_19_P00813085	0,549340068	7,307723072	1,033390343	0,322641725	0,78805977
A_33_P3302652	0,916153355	9,134881961	1,033304365	0,322680265	0,78805977
A_33_P3256725	0,523248564	9,023127408	1,033040497	0,322798565	0,788075666
A_33_P3255209	-0,529159998	14,08850787	-1,033105887	0,322769246	0,788075666
A_24_P117942	0,841114243	9,975732534	1,032438441	0,323068605	0,788366717
A_32_P111336	0,529564069	6,686254336	1,032352904	0,323106985	0,788366717
A_21_P0012676	-0,551262723	8,991040924	-1,032276104	0,323141447	0,788366717
A_33_P3350726	-0,547031821	6,626976933	-1,032292936	0,323133894	0,788366717
A_24_P41149	0,603727615	9,105602967	1,031945809	0,32328969	0,788472903
A_19_P00318694	0,495951791	7,019353428	1,031533414	0,323474851	0,788472903
A_32_P80089	0,566532144	13,16867438	1,031453593	0,323510699	0,788472903
A_19_P00326514	0,754795658	7,904635048	1,031431737	0,323520515	0,788472903
A_23_P7791	-0,580437538	11,77633377	-1,031589524	0,323449654	0,788472903
A_33_P3245539	-0,781448316	9,936662992	-1,031915574	0,323303262	0,788472903
A_33_P3318861	0,79569203	11,59900093	1,031288908	0,323584669	0,788492958
A_23_P29079	0,569227061	12,35160448	1,031057381	0,323688683	0,788610117
A_33_P3297517	0,708732732	12,50310546	1,030919414	0,323750677	0,788624879
A_23_P106898	-0,682570916	10,32832852	-1,03039177	0,323987848	0,788929995
A_23_P80626	-0,575105074	10,4928536	-1,030512656	0,3239335	0,788929995
A_23_P70688	0,94731759	11,13694514	1,030044429	0,324144045	0,789174043
A_32_P149174	-0,5402483	9,556060407	-1,029479878	0,324398038	0,789656066
A_33_P3276718	-0,516090361	8,44427766	-1,028960445	0,324631861	0,78995247
A_33_P3405743	-0,782079054	9,487278832	-1,029081679	0,324577276	0,78995247
A_24_P941831	0,547086316	7,264674159	1,028419994	0,324875279	0,790363682
A_33_P3659876	0,513943671	9,653360341	1,028336346	0,324912966	0,790363682
A_33_P3388870	-0,534610338	11,88690495	-1,028110875	0,325014566	0,790474446
A_24_P320759	0,56756512	9,647901578	1,027918173	0,325101418	0,790549308
A_33_P3228959	0,583302126	12,55791629	1,027459517	0,325308207	0,790915745
A_24_P230938	0,536049536	7,076002417	1,026948462	0,325538735	0,79113936
A_33_P3364498	1,131742732	9,53476281	1,026882451	0,32556852	0,79113936
A_21_P0008270	-0,549203403	6,622739509	-1,027025379	0,325504031	0,79113936
A_23_P213754	-0,79556062	12,30754886	-1,026228686	0,325863617	0,791719996
A_21_P0004556	-0,778803507	9,315520549	-1,025907244	0,326008782	0,79193622

A_21_P0003703	-0,487647879	6,609732493	-1,025680059	0,326111409	0,792049054
A_23_P387630	-0,51681012	10,19173637	-1,02492127	0,326454352	0,792608905
A_32_P160561	-0,872415807	8,127084809	-1,025029641	0,326405356	0,792608905
A_33_P3272479	0,515214605	8,409235106	1,024750954	0,326531364	0,792659385
A_33_P3254380	0,529094203	10,7872535	1,02438701	0,326695976	0,792922459
A_32_P507710	0,514037933	8,524692121	1,023404509	0,327140664	0,793168949
A_23_P135966	0,491851918	11,40247001	1,023368247	0,327157085	0,793168949
A_23_P11862	0,539911547	11,83177603	1,023163307	0,327249903	0,793168949
A_33_P3415087	0,546105617	7,636951863	1,022795874	0,327416362	0,793168949
A_23_P250380	-0,741264632	9,439694725	-1,022834244	0,327398976	0,793168949
A_23_P412214	-0,612300037	7,702050172	-1,022912133	0,327363686	0,793168949
A_23_P78383	-0,521912624	10,38046027	-1,023016797	0,327316269	0,793168949
A_24_P386639	-0,634698761	10,32275721	-1,023149792	0,327256025	0,793168949
A_33_P3305102	-0,519229412	9,367934993	-1,023784653	0,326968555	0,793168949
A_23_P401361	-0,90564046	8,7676762	-1,023809315	0,326957392	0,793168949
A_23_P16834	-0,552181457	7,097613988	-1,023914766	0,326909662	0,793168949
A_23_P42884	0,531736951	15,07763749	1,022362701	0,327612683	0,793235654
A_23_P156788	-0,893156422	9,960845465	-1,022365807	0,327611275	0,793235654
A_23_P38468	-0,660717513	9,778433491	-1,022406074	0,327593021	0,793235654
A_33_P3222045	0,575894488	8,542030807	1,021994646	0,32777956	0,79324676
A_33_P3276638	-0,559889717	11,41894621	-1,021980318	0,327786058	0,79324676
A_24_P396167	-0,815276969	10,98886766	-1,022103976	0,327729983	0,79324676
A_21_P0005640	0,76689462	10,21425278	1,021318307	0,328086376	0,793300308
A_24_P275073	0,6379667	8,734139947	1,020810856	0,328316716	0,793300308
A_23_P76435	0,512766527	8,864809992	1,020728658	0,328354039	0,793300308
A_23_P6464	0,524242442	10,02676993	1,020540131	0,328439651	0,793300308
A_23_P88740	0,618151576	12,30176423	1,020385068	0,32851008	0,793300308
A_33_P3370832	0,684440158	7,953696277	1,020198983	0,328594614	0,793300308
A_33_P3353051	0,56610025	13,69752174	1,019882868	0,328738253	0,793300308
A_24_P166443	0,608782675	13,69185826	1,01978279	0,328783737	0,793300308
A_24_P113815	0,573294452	10,55348037	1,019628164	0,328854021	0,793300308
A_21_P0009662	0,518806594	6,956206918	1,019308454	0,328999378	0,793300308
A_23_P51019	0,501534493	7,211014906	1,019180841	0,329057412	0,793300308
A_33_P3362933	0,552669542	9,951390325	1,019082116	0,329102312	0,793300308
A_23_P343261	-0,500214491	7,512828452	-1,019178015	0,329058697	0,793300308
A_33_P3461633	-0,690530284	10,15863604	-1,019299687	0,329003365	0,793300308
A_21_P0002473	-0,520150474	6,881043786	-1,019383247	0,32896537	0,793300308
A_21_P0014217	-0,958710081	8,330039201	-1,019413022	0,328951831	0,793300308
A_23_P31224	-0,525027334	11,72882176	-1,019469185	0,328926296	0,793300308
A_23_P152605	-0,552917989	6,601248448	-1,019544015	0,328892275	0,793300308
A_21_P0005823	-0,550724911	7,310173124	-1,019779162	0,328785386	0,793300308
A_23_P39223	-0,697615579	10,17738264	-1,020237905	0,328576931	0,793300308
A_24_P261929	-0,562039774	12,83149016	-1,020616484	0,328404976	0,793300308
A_21_P0007811	-0,544384889	7,38756159	-1,021207914	0,328136475	0,793300308

A_23_P133386	-0,555725336	6,541976295	-1,021687173	0,327919017	0,793300308
A_24_P933418	-0,679864727	9,667453722	-1,01819886	0,329504226	0,793997622
A_23_P317691	-0,508962582	13,02556441	-1,018230782	0,329489694	0,793997622
A_33_P3389779	0,858298013	8,070732846	1,017859144	0,329658905	0,794230023
A_23_P253158	0,542115457	9,13774174	1,017354248	0,329888892	0,794230023
A_23_P336565	0,514785662	8,601844225	1,017105768	0,330002122	0,794230023
A_32_P190416	0,526087977	7,352774681	1,017024868	0,330038993	0,794230023
A_32_P182473	0,744754932	11,83974575	1,016968452	0,330064707	0,794230023
A_24_P332081	0,494369507	6,931850191	1,016841315	0,330122661	0,794230023
A_24_P145911	0,656254838	13,52534301	1,016699054	0,330187518	0,794230023
A_33_P3215422	-0,685275314	12,07004146	-1,016627096	0,330220327	0,794230023
A_23_P71830	-0,591524803	7,546060503	-1,017435262	0,329851981	0,794230023
A_21_P0009792	-0,607579585	7,720702791	-1,017492591	0,329825863	0,794230023
A_33_P3397865	-1,016305793	11,98177089	-1,017493286	0,329825547	0,794230023
A_33_P3378925	0,573739401	10,55179321	1,016357812	0,330343129	0,794389864
A_21_P0006472	-0,8946652	8,139376156	-1,016226211	0,330403155	0,794398718
A_23_P305914	-0,546531134	7,459974345	-1,015577312	0,330699249	0,794975057
A_33_P3252333	0,937601015	14,82474781	1,014877623	0,331018737	0,795312859
A_21_P0008531	0,579449437	7,828665877	1,014793997	0,331056937	0,795312859
A_23_P4400	0,897618601	9,083594344	1,014607955	0,331141931	0,795312859
A_33_P3255499	0,838250916	10,30672595	1,01440508	0,331234634	0,795312859
A_23_P85015	-0,593939673	7,006835704	-1,014405311	0,331234529	0,795312859
A_24_P274615	-0,734076607	7,742445343	-1,014668391	0,331114319	0,795312859
A_33_P3215729	-0,489718954	6,538691337	-1,014680762	0,331108667	0,795312859
A_23_P32328	0,671382955	11,64104034	1,013905926	0,331462803	0,795498178
A_32_P43826	0,495575429	6,792855894	1,013902349	0,331464438	0,795498178
A_33_P3341787	-0,557852326	8,368107631	-1,013865945	0,331481084	0,795498178
A_23_P122304	0,494036507	12,85384955	1,013321713	0,331729999	0,795960049
A_23_P112554	0,500812477	6,578371527	1,01296202	0,331894586	0,796141638
A_23_P161091	0,503247944	8,552650041	1,01290952	0,331918614	0,796141638
A_21_P0011068	0,531988701	9,445207095	1,012759532	0,331987267	0,796170858
A_32_P41405	0,807652354	12,31213297	1,012629767	0,332046672	0,79617153
A_24_P28295	-0,698707565	9,324353106	-1,012512225	0,332100487	0,79617153
A_33_P3238052	0,683786218	11,53220743	1,011973104	0,332347402	0,796326864
A_24_P315184	0,545427385	15,86859784	1,011763029	0,332443652	0,796326864
A_33_P3297255	0,503865587	13,34425361	1,011743355	0,332452667	0,796326864
A_19_P00808852	0,619626219	7,442596268	1,01163097	0,332504167	0,796326864
A_33_P3418662	-0,507566198	6,935656175	-1,011827945	0,332413907	0,796326864
A_23_P37191	-0,719104941	12,47585883	-1,012070386	0,332302837	0,796326864
A_33_P3406828	-0,511927105	7,767759594	-1,011399893	0,332610077	0,796445223
A_23_P201342	0,506426231	13,31796113	1,011045009	0,332772779	0,796564247
A_23_P202708	-0,545769925	12,89520523	-1,011116772	0,332739874	0,796564247
A_23_P75083	0,863313267	11,07374852	1,010616052	0,33296952	0,796565483
A_23_P374351	-0,549240302	11,90639762	-1,010428023	0,333055786	0,796565483

A_23_P137765	-0,529162574	8,094154331	-1,010478063	0,333032826	0,796565483
A_21_P0014655	-0,491062998	6,557336385	-1,010690187	0,332935512	0,796565483
A_33_P3279629	-0,486534014	6,668704222	-1,010914903	0,332832443	0,796565483
A_33_P3423755	0,537104861	6,799194406	1,010230177	0,333146573	0,796612484
A_23_P106661	-0,712012995	9,306445399	-1,010138953	0,33318844	0,796612484
A_24_P831309	-0,606896648	10,17674336	-1,010008364	0,333248381	0,796620705
A_23_P102202	0,601934547	13,28266069	1,009035914	0,333694982	0,797282757
A_33_P3397920	-0,552142396	7,520887716	-1,009085282	0,333672299	0,797282757
A_33_P3305093	-0,657724023	10,11980676	-1,00920185	0,333618744	0,797282757
A_23_P336992	-0,619423823	9,544003088	-1,008686316	0,333855643	0,797531465
A_33_P3248519	0,51715006	12,64650243	1,008295462	0,334035331	0,797726103
A_23_P124837	-0,518687882	7,97617809	-1,008139913	0,334106861	0,797726103
A_23_P168092	-0,502693122	6,845226938	-1,008259303	0,334051958	0,797726103
A_23_P152136	0,585976042	12,0006678	1,007939825	0,334198889	0,797810725
A_24_P397107	0,610912993	10,53154703	1,007815805	0,33425594	0,797811834
A_23_P398566	-0,64263371	10,77634009	-1,007530697	0,334387121	0,797854802
A_24_P10233	-0,529728881	8,670092349	-1,00753176	0,334386632	0,797854802
A_33_P3331856	0,753260624	7,792877595	1,00683222	0,334708657	0,797942848
A_23_P131215	0,559176408	8,653261545	1,00663159	0,334801056	0,797942848
A_21_P0003354	0,699403461	7,944724858	1,006337011	0,334936757	0,797942848
A_23_P70448	0,605732149	10,06219799	1,005970001	0,33510588	0,797942848
A_33_P3226167	0,532718646	14,39100008	1,005902421	0,335137029	0,797942848
A_23_P424002	0,564530589	11,03618525	1,005716457	0,335222753	0,797942848
A_33_P3323520	0,742837689	9,118264906	1,005692144	0,335233962	0,797942848
A_33_P3271196	0,66442083	9,962388565	1,005639895	0,335258051	0,797942848
A_23_P427217	0,582074958	8,794864936	1,005620097	0,335267179	0,797942848
A_23_P254079	0,486347519	6,960722573	1,005156215	0,335481107	0,797942848
A_33_P3233834	-0,892460915	8,54633548	-1,005116686	0,335499341	0,797942848
A_23_P43425	-0,719526698	9,875414433	-1,005219803	0,335451776	0,797942848
A_33_P3338066	-0,49147072	6,764512603	-1,005400458	0,335368457	0,797942848
A_32_P25253	-0,668801122	11,94014679	-1,005508682	0,335318551	0,797942848
A_33_P3338733	-0,619038895	11,48539561	-1,005768622	0,335198705	0,797942848
A_23_P90311	-0,495348502	12,47530206	-1,006228755	0,334986636	0,797942848
A_33_P3509019	-0,501668863	6,518589414	-1,006248939	0,334977336	0,797942848
A_21_P0011479	-0,515764259	15,03365798	-1,006427152	0,334895228	0,797942848
A_23_P165989	-0,552232629	8,288637412	-1,00650451	0,334859592	0,797942848
A_23_P363255	-0,558389096	6,757131624	-1,004919519	0,335590301	0,798024567
A_33_P3252695	-0,719598487	12,83086281	-1,004608677	0,335733742	0,798231034
A_23_P4773	-0,519588011	7,807143076	-1,004434383	0,335814191	0,798287688
A_21_P0003871	0,531534375	7,380345654	1,004202074	0,335921439	0,798408019
A_24_P673063	0,689057828	10,75181044	1,004060353	0,335986879	0,798428958
A_33_P3299279	0,612249164	12,1541813	1,003763585	0,336123942	0,798584611
A_33_P3257165	0,541638701	8,229376077	1,003538461	0,336227943	0,798584611
A_23_P123732	-0,51407978	11,33943962	-1,003428081	0,336278944	0,798584611

A_24_P289383	-0,484041663	10,25469785	-1,003632925	0,336184301	0,798584611
A_32_P68533	0,624015572	7,974182079	1,003207977	0,33638066	0,798691636
A_21_P0008957	0,499553609	6,725406938	1,003041895	0,336457426	0,798739393
A_23_P85703	-0,527028431	7,83451796	-1,002853829	0,336544369	0,798811289
A_23_P46045	0,497371766	6,625601206	1,002730228	0,336601519	0,798812458
A_23_P101972	-0,589191291	7,312736344	-1,002496227	0,336709733	0,798934791
A_21_P0013723	0,538942646	11,98853466	1,0020007	0,336938976	0,799088812
A_21_P0001664	0,493315412	6,638364131	1,001773316	0,337044207	0,799088812
A_23_P13554	0,553190239	13,43978955	1,00160564	0,337121821	0,799088812
A_23_P48307	0,638411032	12,75535268	1,001584534	0,337131591	0,799088812
A_23_P131683	0,598845483	7,317324574	1,001325998	0,337251291	0,799088812
A_33_P3322082	0,607410319	8,674145282	1,001263999	0,337280001	0,799088812
A_33_P3374025	-0,480499137	6,549351077	-1,001253769	0,337284738	0,799088812
A_19_P00320449	-0,632835191	10,28242614	-1,001689286	0,337083101	0,799088812
A_23_P58132	-0,494005684	12,91581359	-1,002138034	0,33687543	0,799088812
A_21_P0003024	0,810326681	11,37588933	1,000842596	0,337475185	0,799277085
A_23_P126057	-0,525992917	11,47252784	-1,000470376	0,337647657	0,799277085
A_24_P30567	-0,495739635	11,04221704	-1,000570906	0,337601069	0,799277085
A_23_P31765	-0,726417874	10,97259051	-1,000593966	0,337590383	0,799277085
A_23_P14124	-0,552943046	7,677318237	-1,00065135	0,337563793	0,799277085
A_23_P12477	0,493952343	9,345788699	1,000050048	0,337842498	0,799405438
A_24_P941167	-0,568646693	10,0577922	-0,999986468	0,337871977	0,799405438
A_23_P203888	-0,528912811	9,675259188	-1,000075018	0,337830921	0,799405438
A_23_P201022	0,570560099	7,589167888	0,999103868	0,338281394	0,799904563
A_23_P150693	0,786363416	9,008791863	0,99904993	0,338306427	0,799904563
A_23_P100315	0,512395552	11,86694749	0,998925328	0,338364259	0,799904563
A_21_P0011649	0,505405525	6,56569753	0,998695282	0,33847105	0,799904563
A_21_P0011500	0,72004468	10,42464206	0,998276341	0,338665593	0,799904563
A_33_P3290949	0,488352732	9,436641635	0,998240296	0,338682335	0,799904563
A_21_P0007464	0,872572033	9,667481708	0,998187156	0,338707018	0,799904563
A_33_P3449097	-0,591345591	7,726820966	-0,998243442	0,338680873	0,799904563
A_19_P00320063	-0,575205945	6,749160768	-0,998589282	0,338520265	0,799904563
A_23_P206018	-1,06340367	12,78429171	-0,99879681	0,338423916	0,799904563
A_23_P254165	-0,485113575	6,997395477	-0,999247591	0,3382147	0,799904563
A_33_P3421365	0,58877094	10,51086657	0,997650299	0,338956458	0,800225569
A_32_P59010	-0,504387973	6,402664528	-0,997772134	0,338899838	0,800225569
A_24_P219108	0,482176956	6,939282049	0,997389159	0,33907784	0,800244135
A_24_P234415	-0,564099717	8,171066314	-0,997409609	0,339068333	0,800244135
A_33_P3388646	-0,583705674	7,329034969	-0,997095902	0,339214188	0,800297998
A_33_P3218188	-0,502218799	12,71074162	-0,997105503	0,339209723	0,800297998
A_21_P0010771	0,740744811	9,072124948	0,996921821	0,339295145	0,800355068
A_33_P3275687	0,503230291	7,202081765	0,996575314	0,339456331	0,800492227
A_33_P3389917	0,859842534	8,421667581	0,996552718	0,339466843	0,800492227
A_33_P3275199	0,623463244	9,446099896	0,996409913	0,33953329	0,800515027

A_23_P122007	-0,761065721	11,66141564	-0,996200159	0,339630906	0,800611292
A_33_P3326617	0,534214963	7,101956973	0,995860105	0,339789203	0,800645159
A_24_P608302	0,514928625	7,326519388	0,995859918	0,33978929	0,800645159
A_23_P313223	0,503724114	8,454315643	0,995792424	0,339820715	0,800645159
A_33_P3383970	0,529266277	6,771652653	0,99568138	0,339872422	0,800645159
A_23_P137143	0,556982526	12,45750254	0,994867724	0,340251469	0,80113167
A_33_P3346483	-0,492012794	6,652844878	-0,994750225	0,340306233	0,80113167
A_33_P3281995	-0,499426997	6,613223726	-0,994822182	0,340272695	0,80113167
A_23_P204702	-0,528492447	14,43167073	-0,995099997	0,340143232	0,80113167
A_33_P3241250	0,543928828	8,279058594	0,994286444	0,340522451	0,80134643
A_23_P329353	0,801331628	11,00794889	0,994258739	0,340535371	0,80134643
A_23_P135164	0,521154069	10,34128444	0,994188835	0,34056797	0,80134643
A_19_P00318878	0,535414588	12,30728094	0,993738741	0,340777923	0,801706648
A_23_P54953	0,522246375	10,10084353	0,993529118	0,340875737	0,801802973
A_24_P319374	0,558243507	7,031533914	0,993042534	0,341102865	0,801896401
A_33_P3232624	0,819398734	10,37422347	0,992412358	0,341397182	0,801896401
A_33_P3242833	0,788056168	11,4401493	0,992226076	0,341484218	0,801896401
A_33_P3347452	-0,657554512	8,649329631	-0,99227555	0,341461101	0,801896401
A_33_P3310377	-0,50065909	6,670081235	-0,992316515	0,341441961	0,801896401
A_33_P3404052	-0,535335808	12,02095858	-0,992572002	0,341322604	0,801896401
A_24_P253723	-0,742603496	10,38134513	-0,992698383	0,341263574	0,801896401
A_23_P57667	-0,650398651	9,880829021	-0,992911713	0,341163948	0,801896401
A_21_P0013960	-0,529622307	7,300682257	-0,993092783	0,341079405	0,801896401
A_19_P00809614	-0,516417072	11,42955953	-0,993157305	0,341049282	0,801896401
A_33_P3331188	0,594867619	7,407486029	0,991868115	0,341651513	0,802019815
A_24_P132518	0,530015123	11,44332549	0,991748502	0,341707428	0,802019815
A_23_P91390	-0,536427589	11,05681774	-0,991783597	0,341691022	0,802019815
A_24_P126557	0,582844458	7,958874766	0,991332732	0,341901838	0,802220673
A_23_P323783	0,603975824	10,16020869	0,991164488	0,34198053	0,802220673
A_24_P23625	0,62104421	8,001441539	0,991035228	0,342040997	0,802220673
A_21_P0010794	0,744298845	9,393241513	0,990957202	0,342077501	0,802220673
A_33_P3672756	-0,642602236	9,179851745	-0,991026839	0,342044922	0,802220673
A_23_P408830	0,504667626	9,674888917	0,990631905	0,34222972	0,802339938
A_33_P3364348	-0,590998873	11,44048181	-0,990605298	0,342242172	0,802339938
A_24_P151121	0,568005086	6,799535996	0,990300998	0,342384614	0,802540427
A_23_P66719	0,554480758	10,71747212	0,989782712	0,34262732	0,802971644
A_23_P116387	0,547127419	11,04643528	0,9893746	0,342818521	0,802971644
A_32_P224234	0,731163245	8,513776288	0,989247743	0,342877969	0,802971644
A_19_P00326132	0,490141434	6,729445378	0,989221405	0,342890313	0,802971644
A_33_P3212232	0,804263696	8,413126367	0,989087041	0,342953289	0,802971644
A_23_P65518	-1,009287867	8,91406957	-0,989057259	0,342967249	0,802971644
A_23_P43613	-0,818076517	12,73799505	-0,989144019	0,342926582	0,802971644
A_23_P12147	0,558357318	7,187056175	0,988468493	0,343243309	0,803028736
A_33_P3220160	0,544642503	8,085240408	0,988354828	0,343296623	0,803028736

A_23_P44836	0,567476343	11,44487206	0,988272453	0,343335264	0,803028736
A_23_P124438	0,615601004	7,949719693	0,988061781	0,343434102	0,803028736
A_19_P00802450	-0,500482221	7,57628897	-0,988033685	0,343447285	0,803028736
A_33_P3260605	-0,512450399	11,59784633	-0,988466918	0,343244048	0,803028736
A_21_P0012044	-0,497180154	6,645795935	-0,988677756	0,343145172	0,803028736
A_24_P345822	-0,762832075	11,18820292	-0,988773104	0,343100463	0,803028736
A_33_P3379962	-0,577273765	17,88982032	-0,987319251	0,34378263	0,803679539
A_21_P0009265	-0,652735479	8,243951545	-0,987022118	0,34392217	0,803872458
A_21_P0009762	-0,54898644	6,886092101	-0,986676817	0,344084381	0,804118297
A_23_P52266	-0,966872696	10,08223423	-0,986550809	0,34414359	0,804123379
A_23_P111481	0,518066322	14,12172013	0,985995392	0,344404656	0,80446674
A_24_P87931	-0,506571398	9,941400023	-0,986062812	0,344372959	0,80446674
A_23_P171074	-0,851499519	13,83485126	-0,985826277	0,344484175	0,804519195
A_33_P3229246	0,71655757	9,291974093	0,985421653	0,344674485	0,804796735
A_32_P28402	1,045069824	10,58035675	0,985330905	0,344717177	0,804796735
A_33_P3289391	1,00999558	9,94044642	0,985027361	0,344860009	0,804996898
A_24_P419028	-0,592625387	10,15502097	-0,984807471	0,344963503	0,805105186
A_24_P332482	0,529190127	15,19263896	0,98439734	0,345156599	0,805422523
A_23_P103104	-0,658774119	13,6024181	-0,98418182	0,345258099	0,805526054
A_19_P00812911	-0,566427565	11,14825028	-0,983952405	0,345366168	0,805644871
A_21_P0011735	-0,504703801	6,666313633	-0,983401347	0,34562585	0,806117264
A_21_P0011307	0,795855706	10,00888882	0,983105835	0,345765166	0,806130118
A_21_P0000283	0,492118934	6,747513883	0,982912576	0,345856298	0,806130118
A_33_P3328736	0,519774018	12,26502679	0,982662136	0,34597442	0,806130118
A_33_P3408269	-0,53508868	6,88783724	-0,982669341	0,345971021	0,806130118
A_21_P0013670	-0,482852872	7,84727164	-0,982881641	0,345870887	0,806130118
A_23_P409623	-0,508857207	7,130272745	-0,983020215	0,345805539	0,806130118
A_21_P0005564	0,508052347	6,820970093	0,982388834	0,346103358	0,806297297
A_33_P3269278	0,489294052	8,243230998	0,981916801	0,346326135	0,806367488
A_24_P198844	0,490420944	11,28563011	0,981890659	0,346338475	0,806367488
A_24_P135255	0,601293556	7,061543228	0,981773037	0,346394004	0,806367488
A_21_P0014573	0,576056303	9,050529135	0,981468638	0,346537742	0,806367488
A_23_P119943	0,926649177	11,39977282	0,981086567	0,346718216	0,806367488
A_23_P8640	0,592366409	7,262493035	0,981052186	0,346734459	0,806367488
A_33_P3237944	0,505701238	7,440651541	0,980789814	0,346858436	0,806367488
A_33_P3220615	0,679676285	10,02887458	0,980702635	0,346899638	0,806367488
A_19_P00319675	-0,671295762	10,77228249	-0,980629525	0,346934193	0,806367488
A_23_P63929	-0,562255402	11,04982024	-0,980736247	0,346883752	0,806367488
A_24_P148450	-0,943848121	10,60843872	-0,980751885	0,346876361	0,806367488
A_33_P3266536	-0,472945806	6,600336953	-0,980756608	0,346874129	0,806367488
A_24_P127719	-0,547741659	8,822813747	-0,981531029	0,346508277	0,806367488
A_24_P270460	-0,670878437	8,516012006	-0,981682257	0,346436866	0,806367488
A_33_P3276142	0,808496301	11,15787495	0,980490009	0,347000141	0,806371893
A_23_P500873	0,507226803	9,708853283	0,980363377	0,347060007	0,806371893

A_24_P100016	0,674483049	9,117446375	0,98026257	0,347107669	0,806371893
A_23_P29257	-0,55698786	11,83260466	-0,980017925	0,347223358	0,806507764
A_23_P97328	0,473693625	12,78585469	0,979638605	0,347402789	0,806605294
A_33_P3422170	0,547225985	10,69167219	0,979475588	0,347479921	0,806605294
A_21_P0013156	0,58234584	7,627007546	0,979445439	0,347494188	0,806605294
A_23_P211244	-0,537620862	10,44996615	-0,979635476	0,347404269	0,806605294
A_23_P345710	0,502334828	8,932584338	0,978919105	0,347743319	0,806801824
A_23_P165360	0,505665643	9,394254995	0,978813129	0,347793496	0,806801824
A_33_P3378772	0,543353452	8,263822218	0,978771754	0,347813088	0,806801824
A_33_P3673242	-0,657997482	7,368993767	-0,978662183	0,347864975	0,806801824
A_23_P30275	-0,518176545	13,08539171	-0,978877717	0,347762915	0,806801824
A_33_P3214466	0,528569622	9,289590665	0,978488362	0,347947299	0,806860029
A_33_P3281532	0,502633141	9,08148287	0,97824989	0,348060266	0,806989261
A_33_P3278187	-0,505882563	9,17916714	-0,977992634	0,348182161	0,807139145
A_33_P3382267	0,679922584	8,024852041	0,977498898	0,348416192	0,807500459
A_23_P83192	0,514054995	13,07766782	0,977366776	0,348478837	0,807500459
A_21_P0013323	0,885889296	9,610127887	0,977301387	0,348509844	0,807500459
A_23_P162120	0,484342692	9,548728959	0,977022477	0,348642123	0,807674219
A_33_P3294449	0,490296713	9,025916288	0,976727881	0,348781881	0,807865244
A_24_P319113	0,496001087	6,696041558	0,976445626	0,348915822	0,807938682
A_33_P3298387	0,56037651	8,16237722	0,976402202	0,348936432	0,807938682
A_23_P68087	0,674784742	11,04370027	0,976298823	0,348985501	0,807938682
A_33_P3229380	0,863681639	12,11795301	0,975904467	0,349172728	0,808239417
A_23_P21706	0,66766213	12,57435591	0,975509224	0,349360447	0,808415727
A_33_P3359753	-0,526532493	12,41343173	-0,975502643	0,349363574	0,808415727
A_24_P540057	-0,486690773	7,690268794	-0,975268098	0,349475006	0,808540877
A_33_P3249743	-0,50634367	7,89620598	-0,975127076	0,349542017	0,808563233
A_21_P0010767	-0,592652843	7,528820466	-0,974720395	0,349735318	0,808877667
A_33_P3371564	0,486387987	7,699195065	0,974293615	0,349938255	0,809187227
A_33_P3405424	-0,715179868	12,2453331	-0,974197543	0,34998395	0,809187227
A_21_P0006819	-0,483859966	6,673821465	-0,974068565	0,350045302	0,80919638
A_19_P00322966	0,671875615	7,761992777	0,973943108	0,350104987	0,809201675
A_23_P12363	0,485207467	6,736954651	0,973648215	0,350245309	0,809342511
A_21_P0013854	0,516406089	8,030236035	0,973435239	0,350346676	0,809342511
A_24_P119201	0,480622608	6,648585167	0,973334599	0,350394584	0,809342511
A_21_P0005502	0,505133706	6,678086592	0,972279595	0,35089708	0,809342511
A_23_P154315	0,551268687	12,33916713	0,97205816	0,351002615	0,809342511
A_33_P3243502	0,739502563	10,25298868	0,971850877	0,351101425	0,809342511
A_24_P230176	0,554200659	11,85236651	0,971804717	0,351123433	0,809342511
A_23_P112774	0,571150021	10,02383356	0,971678147	0,35118378	0,809342511
A_33_P3245977	0,744623083	7,853453069	0,971677879	0,351183908	0,809342511
A_23_P349771	0,543788346	8,102116546	0,971645815	0,351199197	0,809342511
A_24_P106542	-0,489264284	7,949906324	-0,971742547	0,351153074	0,809342511
A_24_P409857	-0,596739409	15,33840327	-0,971819989	0,351116151	0,809342511

A_23_P218463	-0,524108975	13,15669888	-0,971840862	0,3511062	0,809342511
A_33_P3278068	-0,531903286	13,28178409	-0,972083757	0,350990414	0,809342511
A_33_P3367106	-0,520477976	13,39285266	-0,972338197	0,350869154	0,809342511
A_24_P270144	-0,476432526	17,64877085	-0,972488122	0,350797718	0,809342511
A_24_P65373	-1,060260813	13,4071863	-0,972942424	0,350581315	0,809342511
A_24_P374244	-0,671242694	12,71427237	-0,973030813	0,350539223	0,809342511
A_24_P92952	0,489356383	10,2424102	0,971006998	0,351503905	0,809912331
A_21_P0014456	-0,526591893	9,590029385	-0,970046648	0,351962337	0,810703641
A_23_P6119	-0,873562336	9,954782494	-0,970058082	0,351956876	0,810703641
A_23_P343935	-0,47712962	9,983538436	-0,969399263	0,352271614	0,811150986
A_23_P23947	-0,579835646	10,55564559	-0,969436514	0,352253813	0,811150986
A_21_P0012376	0,509160678	8,189488289	0,96913703	0,352396947	0,81130708
A_23_P257503	-0,517040267	12,24146306	-0,968058712	0,352912661	0,811964035
A_21_P0010889	-0,543889896	10,15966729	-0,968069005	0,352907735	0,811964035
A_33_P3372189	-0,545180214	17,12359591	-0,968071216	0,352906677	0,811964035
A_23_P153529	-0,524507308	7,558350933	-0,968361256	0,352767912	0,811964035
A_21_P0014604	0,513498737	8,266675713	0,967682807	0,353092567	0,812030961
A_33_P3255409	0,48083185	14,43675677	0,967636917	0,353114535	0,812030961
A_23_P214222	-0,71879016	12,80262759	-0,967792737	0,353039948	0,812030961
A_24_P169688	0,481885884	8,838742212	0,967323993	0,353264355	0,812110574
A_21_P0001114	-0,476109647	6,84922246	-0,967364639	0,353244892	0,812110574
A_24_P137582	0,486640433	8,065431371	0,966694306	0,353565974	0,81252684
A_33_P3215953	0,539124447	9,635770406	0,966574531	0,353623366	0,81252684
A_19_P00321010	0,500520302	6,818665135	0,966072287	0,3538641	0,81252684
A_21_P0000925	0,553301367	9,38500562	0,965909759	0,353942028	0,81252684
A_23_P203773	0,462143864	6,351558697	0,96570059	0,354042336	0,81252684
A_33_P3316878	0,640511327	12,53177485	0,965592924	0,354093976	0,81252684
A_33_P3390342	0,661804073	8,224617115	0,965460638	0,354157432	0,81252684
A_33_P3327444	0,627085815	8,065242294	0,96545402	0,354160607	0,81252684
A_23_P134650	0,482125355	12,20413211	0,964825548	0,35446219	0,81252684
A_21_P0007763	0,471786329	13,40010964	0,964782672	0,354482771	0,81252684
A_23_P358410	-0,569500751	7,787838707	-0,964825343	0,354462288	0,81252684
A_23_P200838	-0,555981962	8,793750646	-0,964847094	0,354451848	0,81252684
A_33_P3438072	-0,6032641	6,68893279	-0,964938653	0,354407901	0,81252684
A_21_P0002631	-0,622752313	7,703622951	-0,965198916	0,354283	0,81252684
A_24_P67946	-0,673610829	8,41635851	-0,965370722	0,354200568	0,81252684
A_23_P336554	-0,56262351	9,159605914	-0,96621403	0,353796148	0,81252684
A_21_P0012334	-0,477359393	6,709213207	-0,966254264	0,353776862	0,81252684
A_19_P00319633	-0,531763153	8,934444198	-0,966535823	0,353641915	0,81252684
A_21_P0014223	-0,69720211	9,779518028	-0,964365942	0,354682856	0,812853314
A_33_P3531828	0,533909913	11,8095233	0,964187347	0,35476863	0,81291775
A_33_P3413048	0,57886476	11,97228393	0,9637618	0,354973067	0,813254025
A_23_P165136	-0,580224122	10,04038516	-0,963341495	0,355175069	0,813584613
A_33_P3358938	0,489137578	8,410524964	0,963157319	0,355263611	0,813607249

A_21_P0011929	0,571930056	8,711526309	0,963080878	0,355300364	0,813607249
A_21_P0010012	0,482584283	6,80883781	0,962866191	0,355403602	0,813711495
A_21_P0011580	0,638495278	8,804215585	0,962347107	0,355653306	0,814150992
A_23_P106822	0,648104656	10,08901589	0,961861148	0,355887189	0,814448869
A_33_P3330209	0,587887918	7,126094067	0,96183669	0,355898963	0,814448869
A_33_P3214943	-0,535975076	8,734333347	-0,961640865	0,355993243	0,814532414
A_23_P28886	0,570666883	13,89438825	0,961033725	0,356285665	0,815069219
A_19_P00809992	0,485299427	8,161271853	0,959613318	0,356970459	0,816106129
A_23_P259586	-0,503538111	10,35991441	-0,959615173	0,356969564	0,816106129
A_33_P3248004	-0,524188605	7,122274106	-0,95978936	0,356885536	0,816106129
A_24_P54178	-0,502862227	12,09136481	-0,9598677	0,356847749	0,816106129
A_24_P218265	0,531411928	11,79924637	0,959438992	0,357054568	0,816166075
A_23_P37988	-0,506178641	10,50898952	-0,959009529	0,357261837	0,816507479
A_33_P3245178	0,647181261	9,936291443	0,958650889	0,35743499	0,816644755
A_23_P53081	0,58385382	13,00004792	0,958645182	0,357437746	0,816644755
A_23_P119448	0,806042903	9,881439131	0,958389191	0,357561377	0,816676081
A_23_P434352	0,603597318	11,45070952	0,958376917	0,357567306	0,816676081
A_24_P42436	-0,545700779	7,430143247	-0,958167372	0,35766853	0,81677496
A_23_P250813	0,510369524	10,70409334	0,957744739	0,357872752	0,817108977
A_33_P3422248	0,704663479	12,98824283	0,957547074	0,357968295	0,817194786
A_23_P424513	-0,526486707	12,01044249	-0,956795443	0,358331769	0,817892117
A_33_P3256894	0,889299178	11,75993509	0,956537519	0,358456556	0,81791212
A_19_P00810465	-0,632203628	7,872875995	-0,956572148	0,3584398	0,81791212
A_33_P3261246	0,496052098	8,51273724	0,956032095	0,358701177	0,818224343
A_21_P0012818	-0,472668396	6,306527253	-0,955895119	0,358767493	0,818224343
A_33_P3395008	-0,498695972	7,278479701	-0,955933909	0,358748713	0,818224343
A_21_P0011910	0,678969995	9,53642058	0,955390631	0,359011813	0,81826648
A_23_P106633	0,487771164	12,57900585	0,955377615	0,359018118	0,81826648
A_23_P91293	-0,488791675	10,48356085	-0,95538341	0,359015311	0,81826648
A_23_P385771	-0,594594081	10,1179011	-0,955493875	0,358961803	0,81826648
A_23_P64650	0,512387989	12,57268433	0,955019359	0,359191693	0,818387333
A_23_P86855	0,562722003	8,472530227	0,954534595	0,359426655	0,818387333
A_23_P100292	0,491401871	13,35955466	0,954468947	0,359458483	0,818387333
A_33_P3280421	-0,594417953	7,238520433	-0,9544298	0,359477463	0,818387333
A_23_P22096	-0,613999877	8,894450244	-0,954681475	0,359355452	0,818387333
A_23_P200443	-0,474775979	11,92895463	-0,954845809	0,359275799	0,818387333
A_24_P12998	-0,483071391	6,804339918	-0,954855623	0,359271042	0,818387333
A_24_P126181	0,513259846	10,02768455	0,954191091	0,359593216	0,818518689
A_24_P388570	0,496492924	7,82357138	0,953957707	0,359706413	0,818524911
A_33_P3213086	0,506739214	7,295722058	0,953846121	0,359760543	0,818524911
A_32_P204676	0,647224457	11,36907945	0,953760564	0,359802052	0,818524911
A_24_P941487	0,497744162	8,823606901	0,95368947	0,359836545	0,818524911
A_23_P204304	0,515016196	7,028144208	0,95358708	0,359886228	0,818524911
A_33_P3389827	0,806712204	7,966333499	0,953143877	0,360101338	0,818882058

A_23_P66525	0,485462943	6,690470265	0,952672574	0,360330187	0,819111828
A_33_P3401058	0,607763138	7,645311961	0,952290708	0,360515684	0,819111828
A_23_P336854	0,487792467	17,19399281	0,952117555	0,360599818	0,819111828
A_33_P3215277	0,503677802	10,79973192	0,952053366	0,36063101	0,819111828
A_21_P0009077	0,482853993	7,201766545	0,95197899	0,360667156	0,819111828
A_33_P3861706	-0,540625621	12,2148823	-0,952249541	0,360535685	0,819111828
A_33_P3279831	-0,476013987	11,58809908	-0,952512529	0,360407922	0,819111828
A_23_P79094	-0,558140619	7,554673161	-0,952655283	0,360338584	0,819111828
A_21_P0011402	0,590166497	7,699315039	0,951800949	0,360753691	0,819176403
A_32_P175349	-0,529689726	8,550820478	-0,951499333	0,360900323	0,819377399
A_33_P3267296	0,56954137	12,23391444	0,951191777	0,361049885	0,819417456
A_33_P3627001	0,505306538	7,909840686	0,951046041	0,361120771	0,819417456
A_33_P3227934	0,531915135	7,755624358	0,950638193	0,361319201	0,819417456
A_21_P0000845	0,524065385	6,86546966	0,950053616	0,361603751	0,819417456
A_33_P3324394	0,60247575	7,419777053	0,950039298	0,361610722	0,819417456
A_21_P0001201	-0,458532838	6,537992187	-0,950029707	0,361615392	0,819417456
A_23_P128698	-0,472551275	9,599347792	-0,950176648	0,36154385	0,819417456
A_33_P3420446	-0,641935826	9,890976865	-0,950249753	0,361508261	0,819417456
A_33_P3214650	-0,487582036	11,42858591	-0,950321135	0,361473513	0,819417456
A_21_P0009864	-0,621688772	8,085366359	-0,950338893	0,361464869	0,819417456
A_24_P161233	-0,485217957	6,796129173	-0,950782333	0,361249064	0,819417456
A_21_P0007465	-0,477597219	7,279858492	-0,950849846	0,361216216	0,819417456
A_33_P3424067	0,505059424	7,200944892	0,949815618	0,361719644	0,819521977
A_24_P48898	0,720731723	11,75300095	0,949548518	0,361849741	0,81965523
A_33_P3243364	0,499702771	6,693391604	0,94933684	0,361952866	0,81965523
A_33_P3295803	-0,553739729	8,754387593	-0,949418043	0,361913303	0,81965523
A_33_P3228642	0,642656848	7,736426795	0,949128888	0,362054197	0,819711371
A_33_P3491294	0,661542224	11,10142495	0,948724005	0,362251546	0,819711371
A_33_P3305058	0,572112968	7,196021869	0,948559799	0,362331606	0,819711371
A_33_P3304963	0,54729507	8,891541809	0,948419419	0,362400059	0,819711371
A_33_P3341105	0,493240699	12,20201643	0,948324459	0,362446369	0,819711371
A_33_P3334162	0,594352865	9,191676259	0,948301769	0,362457435	0,819711371
A_33_P3273258	0,649439627	11,53806305	0,948188925	0,362512474	0,819711371
A_23_P259863	0,695614104	7,231839591	0,947974253	0,362617194	0,819711371
A_33_P3557274	-0,609255717	8,939403284	-0,947998554	0,362605339	0,819711371
A_23_P427023	-0,573938425	8,982935586	-0,948413985	0,362402709	0,819711371
A_23_P352870	-0,542214205	8,708010382	-0,948705061	0,362260782	0,819711371
A_24_P280901	0,483067546	15,71300149	0,947459976	0,362868154	0,820147179
A_32_P200237	0,541118022	8,167562411	0,9469105	0,363136427	0,820571617
A_33_P3410201	0,585524101	7,215785648	0,946717796	0,363230546	0,820571617
A_23_P207967	-0,598068766	9,745878336	-0,946811559	0,363184749	0,820571617
A_21_P0013550	0,509681537	7,446334942	0,946420966	0,363375553	0,820622946
A_32_P215113	0,617061014	9,189469817	0,946313875	0,363427879	0,820622946
A_21_P0008780	-0,484681246	6,823658474	-0,946359212	0,363405726	0,820622946

A_32_P200238	1,01529805	8,565508202	0,946109853	0,363527583	0,820655486
A_33_P3305763	0,464718877	6,764653085	0,946046178	0,363558704	0,820655486
A_33_P3249354	0,494232356	9,173217196	0,945843337	0,363657855	0,820747895
A_23_P29594	0,527357825	9,921615609	0,945610122	0,363771877	0,820805769
A_32_P4985	0,542928511	7,012060168	0,945552748	0,363799933	0,820805769
A_23_P304016	0,469345596	7,644639936	0,945260074	0,363943069	0,820997332
A_24_P371962	-0,539950238	14,55516089	-0,945129835	0,364006777	0,821009686
A_33_P3727762	0,491656359	15,50452524	0,944987729	0,364076298	0,821035146
A_23_P120062	0,572472193	9,190294065	0,944753751	0,364190787	0,821161988
A_23_P34733	0,510342618	11,69806005	0,944571745	0,364279863	0,821181174
A_24_P355944	-0,700082403	7,95402278	-0,944498357	0,364315784	0,821181174
A_32_P166693	-0,76876567	12,33310321	-0,944279546	0,3644229	0,821291316
A_23_P103631	0,601973081	13,80524176	0,943918151	0,364599866	0,821450169
A_21_P0014070	0,574388413	7,129637137	0,943897638	0,364609913	0,821450169
A_33_P3321205	0,484818626	11,88599943	0,943525549	0,364792182	0,821696758
A_21_P0001767	0,561150683	7,617468552	0,943436271	0,364835925	0,821696758
A_24_P400324	-0,587316973	9,856214129	-0,943206612	0,364948466	0,821818946
A_24_P105391	0,553662991	8,115595606	0,943008957	0,365045344	0,821854565
A_32_P34	0,539773538	9,154919569	0,94293649	0,365080867	0,821854565
A_33_P3340792	0,469277723	9,155443838	0,942787576	0,365153872	0,821887683
A_23_P160226	0,751148889	9,856918457	0,94245435	0,365317274	0,821947091
A_23_P109410	0,488597992	9,227394134	0,942258248	0,365413459	0,821947091
A_21_P0011876	-0,723420301	8,137831955	-0,942303011	0,365391502	0,821947091
A_33_P3316691	-0,508326548	7,339341594	-0,942587625	0,365251915	0,821947091
A_24_P932016	0,620168663	10,23203509	0,941964672	0,365557488	0,822139898
A_23_P155103	0,600801706	11,21183064	0,941755222	0,365660269	0,822161288
A_19_P00319476	0,762503692	8,306750222	0,941659115	0,365707437	0,822161288
A_21_P0005793	0,464926931	6,95942395	0,941584125	0,365744244	0,822161288
A_33_P3789056	-0,480635108	8,538213127	-0,941470026	0,365800252	0,822161288
A_33_P3840512	-0,519898822	9,995496417	-0,941208521	0,365928641	0,822318761
A_33_P3252635	0,681240391	10,85105391	0,940967186	0,366047155	0,822453999
A_33_P3415923	-0,57729979	10,21957236	-0,9405832	0,366235778	0,822615618
A_23_P90933	-0,575877228	7,613645191	-0,940596578	0,366229206	0,822615618
A_33_P3257755	0,577013474	9,942256972	0,940264291	0,366392486	0,822753146
A_23_P166306	0,546639081	10,62909793	0,939917642	0,366562879	0,822753146
A_23_P203376	0,503625269	7,675077327	0,939685675	0,366676932	0,822753146
A_23_P23924	-0,605945879	12,5442353	-0,939627591	0,366705495	0,822753146
A_24_P414712	-0,529325034	7,694113582	-0,93981749	0,366612118	0,822753146
A_23_P368718	-0,593081527	8,066796058	-0,940094718	0,366475832	0,822753146
A_23_P335452	-0,485049814	8,55415721	-0,940218983	0,366414754	0,822753146
A_23_P211428	-0,501210012	9,668699683	-0,939337974	0,366847936	0,822941774
A_33_P3213468	-0,496204363	8,285680678	-0,939195314	0,366918114	0,822968261
A_33_P3257903	0,490572087	7,21385238	0,938995017	0,367016662	0,823058361
A_24_P653603	0,502437523	14,65550214	0,938795611	0,36711479	0,823091676

A_33_P3266730	-0,713707269	9,241278483	-0,938727571	0,367148277	0,823091676
A_33_P3391090	-0,470445607	6,663011472	-0,938434342	0,367292617	0,823284358
A_33_P3324428	0,511559661	7,777668764	0,938143588	0,36743578	0,823474339
A_33_P3303956	0,47883149	6,681190634	0,937865829	0,367572581	0,823650003
A_19_P00804215	0,536033625	8,791051727	0,937392989	0,367805545	0,823946904
A_23_P102842	0,476241265	10,82160162	0,937241103	0,3678804	0,823946904
A_24_P237613	-0,481076159	8,220402658	-0,937337926	0,367832681	0,823946904
A_23_P206830	0,47047415	10,24030923	0,936845151	0,36807559	0,824118608
A_33_P3306048	0,56243836	9,533096039	0,936729896	0,36813242	0,824118608
A_23_P410312	-0,615226418	12,19687941	-0,93677512	0,36811012	0,824118608
A_23_P326931	0,513005345	7,527718405	0,935802693	0,368589835	0,824764333
A_33_P3403356	0,511449959	9,67967254	0,935789474	0,368596359	0,824764333
A_24_P78161	-0,519722459	8,380437624	-0,935937572	0,36852327	0,824764333
A_23_P401098	0,512454654	8,582860821	0,935344756	0,368815895	0,824912321
A_23_P427760	-0,502163641	9,877890003	-0,935181459	0,36889653	0,824912321
A_33_P3343390	-0,588150767	8,46426762	-0,935268391	0,368853602	0,824912321
A_33_P3380523	-0,693889592	8,668895456	-0,935501106	0,368738702	0,824912321
A_33_P3241937	0,463708758	6,915512895	0,934842919	0,369063739	0,824971656
A_21_P0005255	0,482317772	6,74831405	0,934772345	0,369098603	0,824971656
A_23_P74088	-0,5159083	7,979908293	-0,934893563	0,369038722	0,824971656
A_32_P106732	0,483526208	10,62843862	0,934497772	0,369234267	0,825042574
A_21_P0014362	-0,467784889	6,602845321	-0,934471259	0,369247368	0,825042574
A_23_P20311	-0,487391707	6,503932018	-0,934189924	0,369386413	0,825222474
A_23_P44643	0,555076145	9,544497088	0,934037066	0,369461975	0,825248708
A_24_P943957	-0,582443532	10,0340428	-0,933929367	0,36951522	0,825248708
A_23_P54891	0,464411069	10,79095144	0,933689891	0,369633635	0,825382423
A_33_P3370600	0,732394567	7,988718401	0,933465222	0,369744752	0,825499803
A_19_P00807628	0,470774561	7,234856375	0,933258032	0,369847245	0,825597896
A_21_P0011184	0,493546467	11,06514047	0,93305503	0,369947686	0,825691377
A_33_P3349840	0,472553787	11,50048158	0,932785058	0,370081292	0,825858494
A_33_P3331726	-0,512292369	11,42141324	-0,932667029	0,370139714	0,825858494
A_21_P0013324	0,45145583	8,595440247	0,932040495	0,370449943	0,826331793
A_24_P17870	-0,535349654	8,297593143	-0,932001902	0,370469059	0,826331793
A_23_P102876	0,467770404	13,89172017	0,931774167	0,370581872	0,826452675
A_23_P88691	0,543110895	7,710126515	0,931587231	0,370674492	0,826467685
A_24_P192627	0,628362785	8,472334298	0,931523968	0,37070584	0,826467685
A_21_P0004503	0,488817686	7,379335623	0,931026653	0,370952337	0,826583471
A_23_P12113	0,488750981	10,3077287	0,930935773	0,370997395	0,826583471
A_33_P3315375	0,475057218	11,7140985	0,930890389	0,371019897	0,826583471
A_19_P00321303	-0,638672411	10,90501635	-0,930827844	0,371050911	0,826583471
A_32_P78783	-0,683911948	8,333709593	-0,931298844	0,37081741	0,826583471
A_33_P3306526	-0,524834969	15,18069491	-0,93068912	0,371119703	0,826606112
A_33_P3359071	0,465107473	13,45555523	0,930531298	0,371197977	0,826649863
A_33_P3307840	0,463797615	6,498515078	0,929800036	0,37156081	0,826918826

A_33_P3339212	0,588671096	11,61352483	0,929498742	0,371710376	0,826918826
A_33_P3256997	0,588272506	7,814409265	0,929437488	0,371740789	0,826918826
A_23_P117933	0,620910054	12,11340267	0,929403792	0,37175752	0,826918826
A_23_P52531	0,462126078	10,25191804	0,929100834	0,371907968	0,826918826
A_33_P3213752	0,508032758	12,6008785	0,929090157	0,371913271	0,826918826
A_23_P62227	0,649823853	10,41772069	0,928846805	0,372034152	0,826918826
A_33_P3234277	0,501988239	13,11932689	0,928542098	0,372185548	0,826918826
A_21_P0009195	0,534074952	7,713944244	0,928525407	0,372193843	0,826918826
A_19_P00321471	0,56709162	10,54400865	0,928516004	0,372198515	0,826918826
A_23_P164536	-0,51981325	12,13696239	-0,928700469	0,372106855	0,826918826
A_21_P0012409	-0,48185254	7,085539055	-0,928938301	0,3719887	0,826918826
A_33_P3546070	-0,479064805	10,65975061	-0,929116153	0,37190036	0,826918826
A_33_P3423740	-0,48423129	9,416106495	-0,92943303	0,371743002	0,826918826
A_33_P3354564	-0,478125094	10,09049233	-0,929700465	0,371610233	0,826918826
A_32_P57702	0,598124065	11,65658869	0,928333301	0,372289316	0,826920812
A_33_P3305482	0,55730847	10,04518222	0,928041295	0,372434471	0,826920812
A_21_P0000294	0,703170052	8,058500758	0,927924992	0,372492296	0,826920812
A_23_P35055	0,664746542	8,308310709	0,927914224	0,37249765	0,826920812
A_23_P78888	0,564413205	15,79069167	0,927756739	0,372575961	0,826920812
A_24_P239076	0,855561063	12,26182299	0,927728242	0,372590133	0,826920812
A_23_P92261	0,585120577	11,2278886	0,927302602	0,37280185	0,826920812
A_24_P205364	0,528353322	8,10049372	0,927262133	0,372821984	0,826920812
A_21_P0010309	0,448618104	6,722652534	0,927145702	0,372879915	0,826920812
A_23_P327140	0,758140174	8,236674627	0,927098444	0,37290343	0,826920812
A_33_P3419139	0,658114813	7,501002158	0,926880882	0,373011701	0,826920812
A_33_P3257594	-0,508187291	6,973450285	-0,926863155	0,373020524	0,826920812
A_23_P160214	-0,455414987	6,482404731	-0,927118317	0,372893542	0,826920812
A_33_P3399291	-0,517916203	11,96327391	-0,927569892	0,372668888	0,826920812
A_23_P28953	0,50703553	12,81509674	0,926103152	0,373398922	0,827503265
A_23_P433218	0,459733973	6,794240203	0,92586403	0,373518035	0,827503265
A_23_P32454	-0,603511906	7,644321591	-0,925892949	0,373503629	0,827503265
A_23_P350574	-0,598147779	10,4783957	-0,926019893	0,373440393	0,827503265
A_23_P120812	1,059313748	11,78075041	0,925588386	0,373655373	0,827677472
A_24_P409330	0,509169747	13,1341118	0,924961261	0,373967966	0,828160888
A_21_P0006269	0,472841766	6,749809641	0,924914886	0,37399109	0,828160888
A_23_P46982	0,505556148	11,94971203	0,924579833	0,374158181	0,828400784
A_23_P40059	0,512961113	10,22158471	0,92410806	0,374393544	0,828578152
A_23_P100868	0,524214924	11,15747653	0,924043371	0,374425824	0,828578152
A_23_P34700	-0,575776454	7,252443952	-0,923948107	0,374473366	0,828578152
A_33_P3341509	-0,475498213	10,69441519	-0,924179318	0,374357987	0,828578152
A_24_P106910	-0,542413365	7,063487638	-0,923589073	0,37465258	0,828844614
A_23_P339098	0,554231615	10,97972097	0,923263728	0,374815031	0,829073913
A_33_P3231414	-0,685956142	9,023146024	-0,923068566	0,374912502	0,829159431
A_33_P3235400	0,811646624	11,26439166	0,922551487	0,375170837	0,829175656

A_33_P3398143	0,633580194	8,248235722	0,922465331	0,375213894	0,829175656
A_23_P205584	-0,553241331	8,028814411	-0,922504839	0,375194149	0,829175656
A_33_P3384721	-0,75662157	14,64658531	-0,922681525	0,375105858	0,829175656
A_32_P220770	-0,503167439	7,133540328	-0,92277472	0,375059294	0,829175656
A_19_P00323028	0,46008321	7,487910263	0,921951675	0,375470663	0,829390965
A_32_P209624	0,61669963	8,913046983	0,921929194	0,375481903	0,829390965
A_33_P3382748	0,458798693	7,082761498	0,921647274	0,375622887	0,829390965
A_23_P344853	0,527342064	10,28411127	0,92159908	0,375646991	0,829390965
A_21_P0012248	0,637352334	9,555326419	0,921555729	0,375668674	0,829390965
A_33_P3378384	0,748737057	11,09181659	0,921522759	0,375685166	0,829390965
A_24_P336584	-0,60196957	10,78244583	-0,921446909	0,375723108	0,829390965
A_33_P3319406	-0,507483121	7,301756345	-0,921220297	0,375836481	0,829511356
A_23_P431179	0,505006553	10,5372103	0,920852292	0,376020642	0,829638377
A_23_P324490	0,480220759	9,805108124	0,920752558	0,376070563	0,829638377
A_33_P3284854	-0,623483475	10,71000044	-0,920893663	0,375999935	0,829638377
A_24_P130865	0,742178642	9,885912326	0,920624091	0,376134873	0,829650434
A_23_P31073	0,492320384	15,57732985	0,920355991	0,376269107	0,829816696
A_23_P202496	0,572788576	9,950265321	0,920070079	0,376412297	0,829865691
A_24_P728006	0,786136884	8,555574643	0,919959069	0,376467903	0,829865691
A_23_P112406	-0,518994911	12,87272243	-0,920155363	0,376369581	0,829865691
A_21_P0001700	0,474800418	7,616259305	0,919770273	0,376562485	0,829909921
A_24_P204144	0,497783947	16,32341518	0,919684037	0,376605694	0,829909921
A_24_P272515	0,520049641	7,736777371	0,919549371	0,376673174	0,829928908
A_23_P32707	0,461865558	12,15496282	0,919120577	0,376888097	0,830180858
A_21_P0001457	0,612261818	12,37423003	0,919086284	0,376905289	0,830180858
A_33_P3291594	0,476122118	6,729658378	0,918608995	0,377144627	0,830578272
A_32_P234604	-0,480929677	13,63336756	-0,918397892	0,37725052	0,830681724
A_24_P370420	0,550266617	9,089543449	0,917593824	0,377654042	0,830784706
A_33_P3423570	0,517736782	12,74280988	0,917536922	0,37768261	0,830784706
A_21_P0000642	0,451590792	9,970431698	0,917354029	0,377774442	0,830784706
A_23_P143526	0,813360391	10,98705888	0,9173221	0,377790475	0,830784706
A_23_P40295	0,735470363	8,511361625	0,91724122	0,377831091	0,830784706
A_33_P3279049	0,609192751	9,133424772	0,916853856	0,378025662	0,830784706
A_21_P0010941	0,537808706	8,733854798	0,916814431	0,378045469	0,830784706
A_33_P3361412	0,46865841	7,867805221	0,916784031	0,378060742	0,830784706
A_23_P59179	0,516979742	10,11868412	0,916655649	0,378125247	0,830784706
A_21_P0014134	0,532676958	8,135595014	0,916629872	0,3781382	0,830784706
A_21_P0000451	0,554875871	7,597347224	0,916117247	0,378395849	0,830784706
A_21_P0014377	0,563904578	8,679112898	0,91609698	0,378406038	0,830784706
A_32_P38467	0,529155588	14,88082448	0,915999656	0,378454969	0,830784706
A_33_P3315355	0,53322218	8,136118949	0,915970243	0,378469757	0,830784706
A_33_P3358163	0,465217404	6,809517767	0,915799832	0,378555446	0,830784706
A_21_P0000027	0,461709848	13,12819258	0,915737442	0,378586821	0,830784706
A_33_P3613358	-0,574881873	9,224184509	-0,915723882	0,378593641	0,830784706

A_23_P73632	-0,538501659	7,300875852	-0,916228028	0,378340159	0,830784706
A_23_P429560	-0,57282662	11,2466202	-0,916592945	0,378156755	0,830784706
A_33_P3407925	-0,495818839	12,28161353	-0,917205094	0,377849235	0,830784706
A_23_P100326	-0,460256626	12,82804666	-0,917450117	0,377726193	0,830784706
A_23_P332509	-0,469472206	11,81090484	-0,917602255	0,377649809	0,830784706
A_23_P47497	0,44930609	13,77882693	0,915415636	0,378748683	0,830995594
A_24_P218006	0,440913684	9,559860574	0,915137548	0,378888595	0,831043917
A_23_P64372	-1,06372538	13,60533807	-0,915223503	0,378845345	0,831043917
A_33_P3248265	0,711205792	13,52178525	0,914920026	0,378998059	0,831154711
A_23_P115919	0,446204017	10,26670471	0,914542968	0,379187861	0,831441625
A_33_P3226080	0,447058703	7,092869137	0,914082077	0,379419951	0,831724353
A_23_P216052	0,694645532	7,7325411	0,913775201	0,37957454	0,831724353
A_23_P432512	0,441091599	9,995475007	0,913628848	0,37964828	0,831724353
A_23_P74309	0,475921416	6,987446434	0,913125597	0,379901922	0,831724353
A_19_P00316565	0,479447388	6,698233864	0,912999806	0,379965339	0,831724353
A_24_P382017	0,923005392	10,43862207	0,912999069	0,379965711	0,831724353
A_33_P3408962	-0,556929976	7,434593292	-0,913040664	0,37994474	0,831724353
A_21_P0005017	-0,502083107	6,911095529	-0,913057778	0,379936112	0,831724353
A_23_P76557	-0,720865834	12,8509062	-0,91332747	0,379800162	0,831724353
A_33_P3301620	-0,6919702	11,86998376	-0,913658072	0,379633555	0,831724353
A_23_P50919	-0,7042603	9,378278047	-0,914045856	0,379438195	0,831724353
A_24_P331128	0,51024896	11,98685362	0,912746862	0,380092884	0,831873576
A_24_P382319	-0,64859046	8,362758903	-0,91240949	0,380263047	0,832116825
A_23_P94461	0,497217613	7,935776923	0,912173129	0,380382295	0,832119468
A_33_P3214665	-0,730220795	7,742364714	-0,912191327	0,380373113	0,832119468
A_23_P203299	0,509108466	10,98993455	0,911968807	0,380485398	0,832127042
A_23_P205611	0,663345261	9,296933902	0,91181541	0,380562818	0,832127042
A_33_P3376379	-0,777890686	12,20156797	-0,911845285	0,380547739	0,832127042
A_21_P0004422	-0,482169974	7,241011597	-0,911518266	0,380712817	0,832325944
A_23_P115482	0,493049365	13,72938301	0,911092562	0,380927786	0,8326668
A_32_P107876	0,462207374	6,735813488	0,910921579	0,381014151	0,832719027
A_23_P419213	0,446258663	7,011086407	0,910775832	0,381087781	0,832719027
A_21_P0013462	-0,458038668	6,879274529	-0,910694514	0,381128866	0,832719027
A_24_P21410	0,508604706	8,687082289	0,910452852	0,381250981	0,832727742
A_24_P136522	-0,440436699	6,36473335	-0,910453985	0,381250408	0,832727742
A_21_P0011653	0,517416871	7,404344089	0,910141741	0,381408229	0,832813168
A_33_P3287105	-0,666333515	9,693954252	-0,910227199	0,381365031	0,832813168
A_33_P3223487	-0,453347197	7,03732444	-0,909867708	0,381546775	0,832857715
A_33_P3363620	-0,594398189	11,51232341	-0,909984102	0,381487924	0,832857715
A_32_P9575	0,481200299	10,54865272	0,909533723	0,381715678	0,832891254
A_33_P3268900	0,716634503	14,99101777	0,909486897	0,381739363	0,832891254
A_33_P3216448	-0,4992339	8,82964448	-0,909626249	0,381668881	0,832891254
A_33_P3228300	-0,53078607	10,93619142	-0,909330889	0,381818281	0,832934542
A_24_P409595	-0,446685824	7,191254641	-0,909186016	0,381891576	0,832965552

A_23_P357985	0,522872214	9,205501319	0,908830306	0,382071581	0,833229268
A_23_P100141	-0,445471689	9,720671974	-0,908457433	0,382260335	0,833511979
A_23_P171336	0,456561474	9,104687459	0,907995065	0,382494482	0,833675847
A_33_P3376478	0,556513225	8,186376335	0,90777943	0,382603715	0,833675847
A_33_P3570974	0,444135067	6,83937596	0,907754034	0,382616581	0,833675847
A_23_P503010	0,512461115	7,231129339	0,907165052	0,382915058	0,833675847
A_33_P3241782	0,771180107	7,914855221	0,907049141	0,382973817	0,833675847
A_21_P0013244	0,443325189	7,102320137	0,906953754	0,383022176	0,833675847
A_23_P96599	0,457667288	10,63235801	0,906906642	0,383046062	0,833675847
A_33_P3344243	0,505853441	11,9848418	0,906878909	0,383060124	0,833675847
A_24_P186608	0,435667164	6,923496902	0,906853674	0,383072919	0,833675847
A_23_P156319	0,45547512	13,97695352	0,906500637	0,383251955	0,833675847
A_23_P164313	-0,499784327	7,882401138	-0,906442254	0,383281569	0,833675847
A_23_P213000	-0,516162013	12,43080683	-0,906451993	0,383276628	0,833675847
A_33_P3384337	-0,510253888	6,610202211	-0,906563239	0,383220203	0,833675847
A_21_P0011702	-0,54083889	9,66501372	-0,907312061	0,382840544	0,833675847
A_23_P201086	-0,614425627	10,33463327	-0,907394895	0,382798562	0,833675847
A_24_P15043	-0,474429035	10,55136609	-0,907597046	0,382696122	0,833675847
A_23_P127652	0,471163395	7,9433011	0,906081339	0,38346467	0,833756515
A_33_P3395971	0,560748857	9,33149241	0,905951845	0,38353038	0,833756515
A_23_P152353	0,52241674	7,888884371	0,90581811	0,383598251	0,833756515
A_23_P359430	0,50894825	10,98741389	0,905522697	0,383748203	0,833756515
A_23_P34956	0,457716559	13,31004417	0,90536325	0,383829155	0,833756515
A_23_P143958	0,571804156	15,11438597	0,905246339	0,383888519	0,833756515
A_23_P256473	0,478118677	6,855143017	0,905225353	0,383899176	0,833756515
A_23_P170352	0,567027209	12,12538681	0,905157804	0,383933479	0,833756515
A_23_P117274	0,496450877	7,331478159	0,905087225	0,383969323	0,833756515
A_33_P3252524	-0,450667769	6,558345821	-0,904971132	0,384028286	0,833756515
A_24_P212481	-0,700759888	10,07993116	-0,905072021	0,383977045	0,833756515
A_19_P00317411	-0,528707372	10,8506123	-0,90514285	0,383941073	0,833756515
A_33_P3377194	0,51045695	8,976074154	0,903634529	0,3847076	0,834358715
A_33_P3365357	0,509248929	12,7121112	0,903620965	0,384714498	0,834358715
A_23_P165952	0,445501661	8,098672738	0,903573806	0,384738482	0,834358715
A_33_P3290567	0,476983598	10,90646859	0,903568042	0,384741413	0,834358715
A_33_P3417437	0,483527614	7,599183223	0,903489121	0,384781552	0,834358715
A_24_P68079	0,463420769	11,64415958	0,903297053	0,38487925	0,834358715
A_23_P25073	0,494884815	12,99319237	0,903190899	0,384933254	0,834358715
A_33_P3870056	-0,588672307	9,017626797	-0,903144965	0,384956624	0,834358715
A_23_P37441	-0,49160634	16,50890917	-0,903556133	0,38474747	0,834358715
A_21_P0010728	-0,500100019	8,961376974	-0,904004567	0,384519449	0,834358715
A_33_P3405022	-0,57027192	8,595205046	-0,904218912	0,384410491	0,834358715
A_32_P226498	-0,488824596	8,218393308	-0,902901625	0,385080444	0,834370551
A_21_P0005806	-0,476324021	7,240341816	-0,902960044	0,385050716	0,834370551
A_33_P3255165	-0,780202792	9,795725182	-0,902558327	0,385255173	0,83462088

A_33_P3280531	-0,451380169	14,52435895	-0,902185009	0,385445244	0,834904363
A_32_P89730	-0,505757204	7,5371277	-0,901903404	0,385588663	0,835086722
A_33_P3372705	0,834977093	11,96709565	0,901278016	0,3859073	0,835321513
A_23_P408455	0,515841196	11,17655102	0,901201849	0,385946121	0,835321513
A_23_P91491	0,501949194	12,20586884	0,90110927	0,385993308	0,835321513
A_24_P374319	-0,545493897	8,539947171	-0,901232014	0,385930746	0,835321513
A_23_P65262	-0,572849408	10,23669562	-0,901361371	0,38586482	0,835321513
A_21_P0000444	0,537137285	7,730334646	0,900977756	0,386060349	0,835338376
A_33_P3274194	0,474430483	6,881466999	0,900445891	0,386331554	0,83566949
A_23_P132405	0,45531834	13,58690721	0,900445174	0,38633192	0,83566949
A_33_P3610406	0,459285805	7,324331682	0,900150888	0,386482037	0,835698266
A_24_P648176	-0,472079594	8,270217337	-0,900070513	0,386523044	0,835698266
A_33_P3318414	-0,472001987	16,71999722	-0,90025312	0,386429883	0,835698266
A_23_P257971	-0,582758786	7,799042877	-0,899786309	0,386668067	0,835755492
A_23_P30464	-0,458579783	10,64174021	-0,899873777	0,38662343	0,835755492
A_19_P00321781	0,692020421	8,604495017	0,899342963	0,386894372	0,836069007
A_23_P110851	0,477513105	8,025004957	0,898857295	0,387142386	0,836069007
A_33_P3409553	0,457995581	15,16448932	0,898764227	0,387189925	0,836069007
A_23_P429491	0,519117427	9,661683656	0,898436488	0,387357366	0,836069007
A_23_P145694	0,433676896	12,68495415	0,898201503	0,387477451	0,836069007
A_24_P339611	0,528404406	12,8893624	0,89812987	0,387514062	0,836069007
A_23_P370666	-0,482499983	6,978001685	-0,898109027	0,387524715	0,836069007
A_23_P321223	-0,485892358	7,302420212	-0,898116992	0,387520644	0,836069007
A_33_P3242863	-0,525905694	14,88027273	-0,898244854	0,387455295	0,836069007
A_33_P3331426	-0,514127764	7,696931212	-0,898294338	0,387430006	0,836069007
A_33_P3253634	-0,506565983	8,998951716	-0,898745239	0,387199624	0,836069007
A_23_P42128	-0,894372035	9,837184448	-0,898909523	0,38711571	0,836069007
A_23_P150198	-0,474974938	6,653500401	-0,897988184	0,387586485	0,836074334
A_23_P129358	0,541258264	9,588810017	0,897801885	0,387681726	0,836090315
A_23_P135257	0,552714031	8,592045386	0,897741704	0,387712496	0,836090315
A_23_P64280	0,438910659	6,788447087	0,897514623	0,387828614	0,836170305
A_24_P219920	-0,457230832	8,743069486	-0,897437213	0,387868203	0,836170305
A_19_P00319050	0,562972917	9,965690805	0,896999028	0,388092353	0,836525621
A_32_P182941	0,568142786	14,73000979	0,896852597	0,388167279	0,836559228
A_23_P400603	0,598449404	7,314840192	0,896366162	0,388416249	0,836839959
A_33_P3215575	-0,522830321	7,797083396	-0,89643245	0,388382314	0,836839959
A_23_P138139	0,449156545	10,90396771	0,896210342	0,388496025	0,836883951
A_32_P221799	0,505662169	13,3009783	0,896022253	0,388592337	0,836917273
A_23_P359540	0,519166168	11,55876119	0,895948292	0,388630214	0,836917273
A_33_P3281850	0,454585976	6,956566854	0,89579001	0,388711282	0,836964013
A_23_P130906	0,611155134	7,056132415	0,895389642	0,388916391	0,837022163
A_33_P3260669	-0,457544078	11,06054669	-0,895399979	0,388911094	0,837022163
A_32_P154342	-0,462898787	9,958917231	-0,89546583	0,388877354	0,837022163
A_24_P820037	0,468427337	6,848011413	0,895102864	0,389063353	0,837040876

A_23_P19543	-0,557427906	12,82406181	-0,894677711	0,389281298	0,837040876
A_23_P40693	-0,56283013	9,525533928	-0,894696628	0,3892716	0,837040876
A_32_P56713	-0,542495055	9,979349405	-0,894765486	0,389236296	0,837040876
A_24_P118472	-0,474841791	8,986335611	-0,894928518	0,389152718	0,837040876
A_23_P331670	-0,452440882	12,06171542	-0,895251805	0,388987022	0,837040876
A_23_P162106	0,472717628	12,38379352	0,894346618	0,389451084	0,837150608
A_24_P29733	-0,519117326	8,349232212	-0,89436559	0,389441354	0,837150608
A_21_P0013171	0,446931017	6,538300113	0,893764021	0,389749967	0,83734708
A_21_P0003242	-0,516479515	7,695689936	-0,893705403	0,389780047	0,83734708
A_33_P3335147	-0,464966197	7,256451985	-0,893872031	0,389694544	0,83734708
A_23_P65442	-0,518508525	11,23214154	-0,894052441	0,389601983	0,83734708
A_23_P717	0,471731092	10,2873302	0,893325187	0,3899752	0,83755301
A_33_P3342081	-0,466317901	8,645394855	-0,893287171	0,389994716	0,83755301
A_23_P124733	-0,510390037	9,285794796	-0,89285125	0,390218552	0,837906086
A_21_P0011031	0,657120014	8,969926526	0,892595078	0,390350131	0,837933389
A_23_P203023	-0,604779449	9,102719067	-0,892669715	0,390311792	0,837933389
A_24_P286935	0,509443468	7,852478538	0,892221653	0,390541991	0,83794879
A_23_P133332	0,503983753	11,94588316	0,892113911	0,390597359	0,83794879
A_23_P57709	0,436005074	6,523552799	0,891920662	0,390696683	0,83794879
A_21_P0002291	-0,496799508	6,624866454	-0,891887158	0,390713905	0,83794879
A_23_P409553	-0,554519116	7,58139906	-0,891892241	0,390711292	0,83794879
A_21_P0005741	-0,43217242	6,341801621	-0,891897425	0,390708627	0,83794879
A_21_P0010727	0,678353254	7,471191224	0,891215688	0,391059164	0,838561696
A_23_P126008	0,451709659	9,391902285	0,891036142	0,391151519	0,838562462
A_33_P3267665	-0,838191142	10,61347491	-0,890983745	0,391178474	0,838562462
A_21_P0013773	0,436803779	7,354287945	0,890706167	0,391321292	0,838741091
A_24_P200427	0,689038578	12,54719017	0,889894226	0,391739253	0,838906637
A_23_P256821	-0,644243495	10,13667345	-0,889862605	0,391755536	0,838906637
A_23_P417261	-0,484311412	7,032382708	-0,889959504	0,391705638	0,838906637
A_23_P346405	-0,571969008	8,865301638	-0,889970394	0,39170003	0,838906637
A_21_P0001596	-0,480461369	7,15298042	-0,890110443	0,391627921	0,838906637
A_21_P0014597	-0,497183475	6,937709655	-0,890398715	0,391479522	0,838906637
A_33_P3412560	-0,614892382	10,77215614	-0,889743231	0,391817013	0,838910869
A_23_P213153	0,442473419	12,05080679	0,888947328	0,392227072	0,839383294
A_33_P3409245	0,682772431	11,91368596	0,888883549	0,392259945	0,839383294
A_33_P3303385	0,462945061	13,96384026	0,888782269	0,39231215	0,839383294
A_33_P3305536	0,517689312	8,113024809	0,888655122	0,392377695	0,839383294
A_23_P51884	0,497960673	11,98071559	0,888400339	0,392509059	0,839383294
A_23_P89884	0,542466996	12,99602086	0,888288193	0,39256689	0,839383294
A_23_P201002	0,442641407	14,44621365	0,888161841	0,392632054	0,839383294
A_23_P164826	0,510190321	12,29772678	0,888088269	0,392670001	0,839383294
A_33_P3221843	0,466073826	8,137831346	0,887813748	0,392811616	0,839383294
A_33_P3530868	-0,43967951	7,078565358	-0,887867692	0,392783785	0,839383294
A_23_P15394	-0,730053935	12,57714922	-0,887925249	0,392754093	0,839383294

A_24_P159434	-0,472608909	12,08941153	-0,888231331	0,392596215	0,839383294
A_21_P0010561	-0,499684431	9,408895841	-0,889151903	0,392121645	0,839383294
A_23_P25121	0,527021177	12,18694283	0,887461628	0,392993313	0,839613529
A_33_P3356325	0,590519624	9,693844701	0,887171976	0,393142819	0,839613529
A_33_P3248231	-0,448865068	6,732503768	-0,887143409	0,393157566	0,839613529
A_32_P167471	-0,486910018	7,147550564	-0,887351104	0,393050356	0,839613529
A_21_P0011349	0,46656569	10,21430278	0,886891558	0,393287596	0,839636858
A_24_P48539	-0,753204768	9,420304365	-0,886898697	0,39328391	0,839636858
A_21_P0014870	0,650860154	10,26968206	0,886629327	0,393423016	0,839671678
A_33_P3729436	-0,481607042	6,948997225	-0,886730789	0,393370616	0,839671678
A_23_P162970	0,596260269	9,447427322	0,886511685	0,393483779	0,839674254
A_24_P62800	-0,544024164	7,173395351	-0,886153314	0,393668919	0,839942205
A_21_P0013961	-0,561988173	9,015258446	-0,885890921	0,393804513	0,840104378
A_21_P0005570	-0,490744407	10,13526413	-0,885496074	0,394008615	0,840412627
A_23_P341567	0,502233302	7,940173167	0,885125649	0,394200159	0,840694001
A_24_P281975	0,449215007	12,25933464	0,884835545	0,394350214	0,840759665
A_23_P116653	-0,431070398	6,49835289	-0,884847253	0,394344157	0,840759665
A_33_P3377199	0,458442866	15,98933716	0,884507017	0,394520191	0,840994885
A_23_P23815	-0,581644279	10,01589795	-0,884354222	0,394599263	0,841036282
A_24_P103060	0,492656154	8,593167954	0,883992649	0,394786421	0,841147069
A_23_P212854	1,166591146	10,33478135	0,883798296	0,394887047	0,841147069
A_23_P138089	-0,48154121	7,265328106	-0,88379282	0,394889882	0,841147069
A_23_P391725	-0,486732326	12,06324303	-0,88404719	0,394758185	0,841147069
A_33_P3209591	0,576753451	7,704566945	0,883659908	0,394958708	0,84116659
A_19_P00320664	0,437013193	8,100444215	0,883253173	0,395169379	0,841415064
A_33_P3299590	0,466431893	10,53753715	0,883204231	0,395194734	0,841415064
A_21_P0004689	0,873924554	8,192726077	0,882718795	0,39544628	0,841715997
A_23_P66732	0,477402717	9,075355976	0,882588233	0,395513954	0,841715997
A_23_P316472	0,734271542	8,519750908	0,882585874	0,395515177	0,841715997
A_23_P41267	0,492463173	8,172619363	0,88234816	0,395638412	0,841797637
A_32_P49616	0,455310826	16,24830015	0,882040228	0,395798088	0,841797637
A_24_P42501	0,432947292	9,955753875	0,881987474	0,395825447	0,841797637
A_23_P371824	-0,467533462	9,924065348	-0,881936145	0,39585207	0,841797637
A_21_P0013876	-0,445559782	6,791561151	-0,881962632	0,395838332	0,841797637
A_23_P63660	0,480162106	12,03864893	0,88123296	0,396216901	0,84191671
A_33_P3228102	0,806974604	10,83939831	0,881201737	0,396233106	0,84191671
A_21_P0000840	0,517289861	8,814627961	0,881137683	0,396266351	0,84191671
A_33_P3421695	-0,459495155	9,560797445	-0,881236559	0,396215034	0,84191671
A_21_P0010438	-0,496503112	7,191087155	-0,881433722	0,396112717	0,84191671
A_21_P0000719	-0,426667963	6,91826802	-0,881439534	0,396109701	0,84191671
A_23_P436281	0,478413074	12,82948088	0,880712844	0,3964869	0,842151661
A_33_P3248227	0,509212768	7,369500583	0,880400645	0,396649026	0,842151661
A_33_P3266674	0,72404518	8,450899213	0,880039874	0,396836434	0,842151661
A_23_P80643	0,449890658	10,73052216	0,880017514	0,396848051	0,842151661

A_19_P00317052	1,025702171	10,24953411	0,879895122	0,396911644	0,842151661
A_21_P0008499	0,433442297	7,836158894	0,879600521	0,397064743	0,842151661
A_21_P0006925	0,462453455	6,880878166	0,879544787	0,397093712	0,842151661
A_21_P0006675	-0,45237623	10,2431145	-0,879562235	0,397084643	0,842151661
A_33_P3412294	-0,574692623	8,984898984	-0,879835234	0,396942763	0,842151661
A_24_P201531	-0,597181306	10,96409832	-0,879972548	0,396871413	0,842151661
A_23_P428827	-0,600752885	11,04650214	-0,879982947	0,396866011	0,842151661
A_24_P322353	-0,514773135	11,16896363	-0,88034742	0,396676671	0,842151661
A_33_P3297978	-0,463864501	9,171971639	-0,87932269	0,397209164	0,842269815
A_24_P62367	-0,429895512	6,560579448	-0,878906747	0,397425445	0,842475018
A_21_P0010842	-0,464180732	6,655194423	-0,878939166	0,397408585	0,842475018
A_33_P3347040	0,63621471	12,18672044	0,878468655	0,39765333	0,842831374
A_33_P3259058	0,556619304	12,40421645	0,877931158	0,397933045	0,842925162
A_23_P63789	0,474063795	13,267026	0,877909234	0,397944457	0,842925162
A_24_P218001	0,628922255	10,18257179	0,877282861	0,3982706	0,842925162
A_21_P0010789	0,43206453	6,574361333	0,877083179	0,39837461	0,842925162
A_24_P263653	0,443092739	8,706504669	0,87670382	0,39857226	0,842925162
A_24_P945228	0,434546959	6,971381179	0,87665091	0,398599832	0,842925162
A_23_P101960	0,535427869	13,60536198	0,876484396	0,398686613	0,842925162
A_33_P3309075	0,433513251	8,285390104	0,876450291	0,398704389	0,842925162
A_33_P3378697	0,540556136	7,970395582	0,876445636	0,398706815	0,842925162
A_23_P119102	-0,565458983	13,73134358	-0,876431958	0,398713945	0,842925162
A_24_P252780	-0,504515249	8,19635796	-0,876654507	0,398597957	0,842925162
A_33_P3424477	-0,458763583	6,886627987	-0,876715954	0,398565937	0,842925162
A_23_P408167	-0,508007363	7,36039517	-0,877110118	0,398360577	0,842925162
A_23_P380614	-0,548648831	8,879588244	-0,877378359	0,398220864	0,842925162
A_21_P0000181	-0,473402638	11,06437317	-0,877420893	0,398198713	0,842925162
A_23_P352535	-0,492767117	11,03506252	-0,877446026	0,398185625	0,842925162
A_21_P0000414	-0,44968832	6,925071115	-0,877631797	0,398088892	0,842925162
A_23_P402610	0,632180435	8,276660636	0,875985274	0,398946814	0,843055949
A_24_P364838	0,459055277	7,761500708	0,875761936	0,399063282	0,843055949
A_23_P119214	0,63514248	9,570126816	0,8756272	0,399133556	0,843055949
A_21_P0008857	0,672889254	9,394231197	0,875488014	0,39920616	0,843055949
A_33_P3276308	0,444441901	6,797646362	0,875176673	0,399368599	0,843055949
A_23_P43726	0,496710403	10,69512502	0,875130123	0,39939289	0,843055949
A_23_P20876	0,511603687	8,006910204	0,874915581	0,399504855	0,843055949
A_23_P32125	0,482121401	12,08747507	0,874626998	0,399655495	0,843055949
A_33_P3375528	0,509495008	9,374204271	0,874620932	0,399658662	0,843055949
A_23_P146187	0,544724747	11,25611417	0,874344235	0,399803135	0,843055949
A_24_P88031	0,479983065	8,080050811	0,874198627	0,399879176	0,843055949
A_33_P3225313	0,532716246	8,063115932	0,874152434	0,399903301	0,843055949
A_19_P00328247	0,461773515	8,313067567	0,874128832	0,399915628	0,843055949
A_23_P59877	0,628335437	12,17941628	0,873848241	0,400062199	0,843055949
A_23_P103720	0,452482144	7,916019883	0,873072047	0,400467845	0,843055949

A_33_P3628481	0,452060374	9,757976333	0,872868717	0,400574153	0,843055949
A_21_P0012880	0,480573071	8,181558956	0,872241955	0,400901969	0,843055949
A_24_P302574	0,515815336	9,39760754	0,872239931	0,400903028	0,843055949
A_23_P100001	0,486709192	8,081360605	0,872102458	0,400974955	0,843055949
A_33_P3209326	0,461151229	6,92102614	0,872013372	0,401021571	0,843055949
A_21_P0014432	0,474065816	7,091980268	0,871845656	0,40110934	0,843055949
A_23_P377616	0,469082958	9,983376917	0,871517371	0,401281176	0,843055949
A_33_P3219591	-0,437735012	8,913043316	-0,871505832	0,401287217	0,843055949
A_21_P0005421	-0,439939981	7,224825706	-0,871609537	0,401232928	0,843055949
A_24_P39101	-0,466828661	9,66842563	-0,871658093	0,401207511	0,843055949
A_33_P3348744	-0,494017087	12,95739532	-0,87176971	0,401149088	0,843055949
A_21_P0011546	-0,519521246	6,932350251	-0,872026356	0,401014776	0,843055949
A_33_P3400389	-0,46169175	11,31893028	-0,872253752	0,400895797	0,843055949
A_33_P3383656	-0,479567495	11,76769145	-0,872577771	0,400726304	0,843055949
A_23_P134744	-0,502866057	11,90767367	-0,872793733	0,400613363	0,843055949
A_33_P3395369	-0,477712051	12,13516533	-0,872802943	0,400608547	0,843055949
A_32_P181527	-0,496719232	6,932383462	-0,872851709	0,400583047	0,843055949
A_21_P0004700	-0,422019834	6,368952096	-0,872926568	0,400543905	0,843055949
A_33_P3610768	-0,491767571	7,404466923	-0,873001496	0,400504729	0,843055949
A_21_P0011948	-0,558384974	9,624462833	-0,873172396	0,400415386	0,843055949
A_33_P3239879	-0,446611592	16,89726457	-0,873379405	0,400307183	0,843055949
A_21_P0000721	-0,486411213	7,170384349	-0,873931632	0,400018635	0,843055949
A_23_P126278	-0,49981209	7,306252271	-0,8743415	0,399804563	0,843055949
A_23_P502957	-0,770083805	10,45920269	-0,874458114	0,399743671	0,843055949
A_33_P3332175	-0,581027998	9,655213662	-0,875556369	0,399170503	0,843055949
A_24_P303193	-0,730864736	9,13671791	-0,875664994	0,399113843	0,843055949
A_32_P70818	-0,506825649	6,951879719	-0,875997438	0,398940471	0,843055949
A_23_P28688	0,432797544	11,32274351	0,870917025	0,401595549	0,843229463
A_23_P87351	0,491680973	13,21556133	0,870835643	0,401638178	0,843229463
A_33_P3242778	0,444093482	6,94327964	0,870830815	0,401640707	0,843229463
A_21_P0005323	0,509657762	7,427566209	0,870594737	0,401764385	0,843229463
A_21_P0000892	0,515449509	8,000463033	0,870507923	0,401809872	0,843229463
A_23_P30175	-0,455177189	12,0583702	-0,870434644	0,40184827	0,843229463
A_23_P332042	-0,462072948	10,20493124	-0,870661853	0,401729221	0,843229463
A_23_P10156	-0,434626253	10,15872916	-0,871006333	0,401548772	0,843229463
A_21_P0007119	0,455937954	8,511072295	0,870099712	0,402023806	0,843346771
A_23_P83149	-0,464628122	8,769176241	-0,8701029	0,402022136	0,843346771
A_23_P341275	0,432757658	11,77340164	0,86980716	0,402177174	0,843469546
A_23_P377965	-0,511748557	8,384512663	-0,869759844	0,402201983	0,843469546
A_33_P3344733	0,484308854	10,33137817	0,869261157	0,402463517	0,843785123
A_23_P157196	0,472882195	15,20243195	0,869069628	0,402563995	0,843785123
A_23_P39616	0,445222505	9,813238947	0,86888123	0,402662847	0,843785123
A_33_P3293114	0,720129383	13,90525699	0,868788426	0,402711546	0,843785123
A_23_P72584	-0,558305096	9,769623137	-0,868931098	0,402636679	0,843785123

A_24_P220485	-0,493884648	6,939724932	-0,869098848	0,402548665	0,843785123
A_23_P345065	0,4598377	11,40245897	0,868607615	0,402806441	0,843845791
A_24_P414658	-0,492423694	7,209759868	-0,868505187	0,402860204	0,843845791
A_23_P61202	0,469148202	10,71272307	0,868227299	0,403006089	0,844025974
A_24_P178631	0,605198748	11,09804091	0,868065714	0,403090935	0,844048755
A_21_P0006520	-0,453491366	9,085784056	-0,867978567	0,403136699	0,844048755
A_21_P0001793	-0,441870201	8,133183681	-0,867668271	0,403299676	0,844139271
A_24_P202139	-0,457316737	8,622265533	-0,867730453	0,403267012	0,844139271
A_33_P3355371	-0,606008641	8,708729389	-0,867447258	0,403415786	0,844256964
A_23_P85783	0,588575819	10,26814591	0,866957391	0,403673221	0,844599486
A_33_P3212570	0,476001261	8,138575604	0,866814098	0,403748545	0,844599486
A_33_P3250083	0,537426034	7,675703339	0,866720919	0,403797531	0,844599486
A_33_P3240946	-0,545031538	7,974311726	-0,866679943	0,403819075	0,844599486
A_33_P3250438	0,544282197	9,324646973	0,86648728	0,403920378	0,84468606
A_32_P67623	0,45347041	10,22547994	0,866145698	0,404100027	0,844744765
A_23_P115726	0,424097449	6,830503424	0,86603963	0,404155823	0,844744765
A_23_P62901	-0,453603857	12,97373919	-0,865978254	0,404188111	0,844744765
A_23_P171095	-0,455875452	7,384330366	-0,865984788	0,404184674	0,844744765
A_21_P0009536	-0,450450024	8,168849309	-0,865524132	0,404427068	0,844993662
A_23_P208416	-0,478485123	11,62599727	-0,865613653	0,404379955	0,844993662
A_24_P203678	0,548443477	8,983453921	0,865299299	0,404545409	0,84511568
A_21_P0011079	0,433290258	7,023950525	0,865107926	0,404646157	0,845200914
A_23_P63232	0,41582376	11,35791799	0,864954216	0,40472709	0,845244741
A_21_P0000676	0,510449181	8,201492954	0,864818594	0,404798508	0,845268686
A_33_P3230528	0,438749575	8,153851323	0,864376725	0,405031254	0,845629447
A_21_P0014502	0,723489729	8,940164615	0,863923124	0,405270274	0,845763381
A_21_P0002006	-0,619325863	8,070231845	-0,863913461	0,405275367	0,845763381
A_32_P230868	-0,429437619	12,34580048	-0,863924504	0,405269547	0,845763381
A_21_P0011640	0,566678086	7,382194576	0,863303332	0,405597021	0,846088374
A_24_P74571	0,435466917	7,086439892	0,863276578	0,40561113	0,846088374
A_33_P3224745	-0,433774558	14,9226066	-0,863429654	0,405530411	0,846088374
A_21_P0007544	-0,538369801	9,763129752	-0,863122028	0,405692636	0,846133207
A_23_P144639	0,518457757	9,847462278	0,862966248	0,405774803	0,846165618
A_23_P151851	0,604101668	8,817199186	0,862780171	0,405872965	0,846165618
A_19_P00315914	-0,434739318	7,640251184	-0,862751247	0,405888224	0,846165618
A_23_P305033	-0,459266116	8,772439827	-0,862519673	0,406010412	0,846170112
A_33_P3323914	-0,421749589	7,465314174	-0,86252405	0,406008103	0,846170112
A_33_P3223472	-0,466138804	12,76922129	-0,862032177	0,406267717	0,84633105
A_21_P0000148	-0,643215666	12,75980761	-0,862143369	0,40620902	0,84633105
A_21_P0013604	-0,425857118	6,388033129	-0,86218535	0,406186859	0,84633105
A_23_P115346	0,476487512	10,59543877	0,861523724	0,406536202	0,846765239
A_21_P0013638	0,481428601	7,606974319	0,861213139	0,406700262	0,846774531
A_21_P0014693	0,429257283	6,947414217	0,861167716	0,40672426	0,846774531
A_23_P322756	0,447430893	6,905637158	0,861060516	0,406780899	0,846774531

A_23_P80954	-0,449557063	7,2122187	-0,861274678	0,406667752	0,846774531
A_23_P75978	0,460527192	10,36048578	0,860832192	0,406901552	0,846799549
A_33_P3305117	0,539001637	12,7114446	0,860810455	0,406913039	0,846799549
A_23_P200710	0,616806523	10,46403814	0,860546004	0,407052815	0,846893602
A_23_P142776	0,477492273	12,98412996	0,860497663	0,40707837	0,846893602
A_32_P23010	0,419554349	12,69109321	0,860236328	0,407216536	0,847056056
A_33_P3401902	0,579887463	8,585710294	0,859744513	0,407476643	0,847275996
A_33_P3278826	0,601642753	9,904415685	0,859468355	0,407622745	0,847275996
A_21_P0003488	-0,472478166	8,888082771	-0,859550691	0,407579181	0,847275996
A_21_P0000400	-0,578704087	8,242602377	-0,859559613	0,407574461	0,847275996
A_33_P3352278	-0,509608318	8,297951384	-0,859848321	0,407421733	0,847275996
A_23_P64611	0,774629515	9,764782246	0,858922622	0,407911569	0,847751358
A_23_P20615	0,432105027	13,8337575	0,858525933	0,4081216	0,848062849
A_23_P134274	0,483657414	14,77511637	0,858225068	0,408280945	0,848241305
A_24_P161144	-0,500019351	8,710723724	-0,858023035	0,408387969	0,848241305
A_33_P3346881	-0,417295917	6,565389331	-0,858043685	0,408377029	0,848241305
A_21_P0011152	0,833963562	7,342731874	0,857860475	0,408474097	0,848259723
A_23_P165333	-0,547646104	9,413906655	-0,857779195	0,408517166	0,848259723
A_21_P0000697	0,445509498	6,845398604	0,857472668	0,408679615	0,848298619
A_23_P96325	0,476472221	8,503591904	0,857291232	0,408775792	0,848298619
A_33_P3251430	0,482198012	12,76525431	0,857289769	0,408776567	0,848298619
A_23_P342067	-0,434884868	10,79669399	-0,857599785	0,408612242	0,848298619
A_33_P3250018	0,56142022	8,490740387	0,856810593	0,409030644	0,848641823
A_33_P3539223	0,478692371	8,785845918	0,85657731	0,409154378	0,848641823
A_23_P130158	0,443776627	7,04797528	0,856502682	0,409193966	0,848641823
A_23_P366230	0,566738649	8,411437566	0,856291922	0,409305783	0,848641823
A_23_P18684	0,488335443	9,194674016	0,856183542	0,409363291	0,848641823
A_33_P3240637	-0,473800542	6,84501439	-0,856399073	0,409248932	0,848641823
A_32_P98502	-0,675070707	13,44927748	-0,856449113	0,409222385	0,848641823
A_23_P111297	0,561307264	9,522233982	0,855816528	0,409558074	0,848920801
A_33_P3523583	0,423808601	7,03443338	0,855484146	0,409734531	0,849036913
A_33_P3214056	-0,447359924	13,76401519	-0,855572527	0,409687606	0,849036913
A_19_P00804596	0,594860833	7,364710799	0,85528777	0,409838808	0,849128194
A_33_P3264238	0,479215042	7,446447614	0,855055247	0,409962304	0,849221493
A_21_P0010444	0,432428277	7,526858239	0,854906407	0,410041367	0,849221493
A_23_P431268	-0,520259003	7,251105663	-0,85486279	0,410064538	0,849221493
A_23_P36183	0,477270376	10,97226578	0,854614924	0,410196232	0,849229775
A_21_P0014711	0,53831806	8,56578343	0,854336233	0,410344337	0,849229775
A_33_P3379061	-0,495984604	6,98602596	-0,854288507	0,410369704	0,849229775
A_23_P212706	-0,562341297	11,49418011	-0,854359197	0,410332132	0,849229775
A_24_P194886	-0,568191978	10,99928145	-0,854738836	0,410130392	0,849229775
A_24_P126060	0,650275481	11,65964574	0,854122093	0,410458163	0,849288177
A_21_P0014771	-0,47711466	10,44869677	-0,853510624	0,410783304	0,849836215
A_21_P0011827	0,421574554	6,673385079	0,853267156	0,410912813	0,849859595

A_21_P0004133	0,556806124	7,729584676	0,853243179	0,410925569	0,849859595
A_23_P141779	0,434083155	11,24277054	0,852952939	0,411079997	0,849859595
A_24_P23258	0,436648731	12,19654249	0,852437797	0,411354186	0,849859595
A_33_P3272483	0,43203975	14,42433846	0,852423477	0,411361809	0,849859595
A_23_P368681	0,496426035	9,443180936	0,852414526	0,411366575	0,849859595
A_23_P89910	0,434851752	11,31659212	0,852311558	0,411421396	0,849859595
A_21_P0011951	0,709363734	9,295924687	0,852027219	0,411572807	0,849859595
A_23_P3681	0,53680644	9,933482838	0,852024587	0,411574209	0,849859595
A_33_P3381429	0,425210484	17,31421663	0,85190388	0,411638497	0,849859595
A_33_P3404588	-0,500420442	9,714402842	-0,851997029	0,411588886	0,849859595
A_33_P3219286	-0,444636404	7,625796476	-0,85201935	0,411576998	0,849859595
A_23_P219117	-0,746350648	9,291530931	-0,852036293	0,411567975	0,849859595
A_33_P3395201	-0,477697563	7,281608452	-0,852364265	0,411393334	0,849859595
A_33_P3440264	0,53856605	8,867590554	0,851732172	0,41172996	0,849923969
A_23_P380857	0,56203961	7,895124558	0,851514018	0,411846183	0,850039429
A_24_P943815	0,435032745	7,160169719	0,851062621	0,412086737	0,850411433
A_19_P00317082	0,514299446	11,37642102	0,850472991	0,4124011	0,850735097
A_32_P196115	0,451561689	7,262782163	0,850441977	0,41241764	0,850735097
A_19_P00319503	0,527212779	9,956220585	0,85026054	0,412514408	0,850735097
A_23_P208900	-0,473835592	8,719406064	-0,850089554	0,412605617	0,850735097
A_21_P0005309	-0,466304832	11,78120995	-0,85010613	0,412596774	0,850735097
A_21_P0011298	-0,472463781	8,335760401	-0,850186471	0,412553917	0,850735097
A_23_P65797	0,4450313	9,884540367	0,84927033	0,413042801	0,851332122
A_24_P652700	0,430568818	10,31742622	0,848939657	0,413219356	0,851332122
A_21_P0000742	0,486542034	8,224826341	0,848934571	0,413222071	0,851332122
A_23_P56505	0,579883096	11,40405852	0,848929523	0,413224767	0,851332122
A_23_P99906	0,570263506	9,96404405	0,848680257	0,413357891	0,851332122
A_24_P303815	0,43709291	8,473153901	0,848561016	0,413421583	0,851332122
A_23_P166135	0,468824822	9,97268376	0,848529131	0,413438615	0,851332122
A_23_P131771	-0,58823578	8,60752208	-0,848616227	0,413392091	0,851332122
A_24_P56689	-0,639096807	9,42304884	-0,849151712	0,413106128	0,851332122
A_23_P401	0,502463716	14,36601655	0,84838678	0,413514662	0,851364373
A_23_P15493	0,483068672	13,65063924	0,847940493	0,41375314	0,851563475
A_23_P397480	0,483974616	6,559634714	0,847890455	0,413779885	0,851563475
A_23_P152919	0,433297137	12,17069588	0,847866731	0,413792565	0,851563475
A_23_P69383	-0,468235447	10,00725457	-0,847584771	0,41394329	0,851749335
A_19_P00806158	0,469997525	11,33900329	0,847259576	0,414117173	0,85185848
A_21_P0000139	-0,45735198	9,333835497	-0,847333175	0,414077815	0,85185848
A_33_P3404641	0,41154146	6,533472406	0,846877823	0,41432136	0,852029866
A_33_P3385957	0,435367572	8,255378254	0,84620645	0,41468062	0,852029866
A_23_P69877	0,491161139	11,98431176	0,846028727	0,414775756	0,852029866
A_23_P252211	0,534880951	9,455828402	0,846022719	0,414778973	0,852029866
A_33_P3386970	0,420930586	10,20074976	0,84597446	0,414804809	0,852029866
A_33_P3232544	-0,598466024	10,81371974	-0,846024723	0,4147779	0,852029866

A_33_P3725324	-0,418126349	6,797806133	-0,846077995	0,414749382	0,852029866
A_23_P21207	-0,459183209	11,84114769	-0,846082924	0,414746743	0,852029866
A_24_P157342	-0,560311424	12,48859441	-0,846089754	0,414743086	0,852029866
A_24_P200848	-0,431542917	8,31098487	-0,84621183	0,41467774	0,852029866
A_32_P99032	0,42840136	6,759536689	0,845794821	0,41490099	0,852103287
A_23_P354798	0,482871793	9,711979749	0,845323094	0,415153632	0,852336166
A_23_P401709	0,444072863	7,568486073	0,845186922	0,41522658	0,852336166
A_33_P3353259	0,435217259	16,94100004	0,845058582	0,415295341	0,852336166
A_33_P3229335	0,595584893	8,66143606	0,845018811	0,415316651	0,852336166
A_23_P125383	-0,480246329	7,387336233	-0,845243555	0,415196241	0,852336166
A_21_P0000599	0,604086359	10,89975736	0,844728734	0,415472099	0,85253109
A_23_P14174	0,627957664	11,21003632	0,844321234	0,415690537	0,852855193
A_23_P33093	0,445150507	6,940472266	0,844189066	0,415761402	0,852876474
A_21_P0006369	0,527227371	7,711932475	0,843984602	0,415871046	0,852977287
A_23_P35343	0,423045704	7,776043838	0,843405075	0,416181922	0,853195743
A_32_P184279	0,651786051	13,21993853	0,84325718	0,416261282	0,853195743
A_23_P375	0,483101219	13,33121049	0,843221809	0,416280264	0,853195743
A_23_P153286	0,418788437	11,53348619	0,843190201	0,416297227	0,853195743
A_21_P0014276	-0,477147758	7,712019576	-0,843109306	0,416340642	0,853195743
A_33_P3286754	-0,504336372	7,953347583	-0,843272902	0,416252846	0,853195743
A_23_P9582	0,47644941	13,65336157	0,842737878	0,41654002	0,85328187
A_33_P3314276	-0,438211331	8,24227876	-0,84269278	0,416564232	0,85328187
A_21_P0002889	-0,510377749	7,442652992	-0,842780659	0,416517052	0,85328187
A_33_P3356341	0,78688821	10,40663037	0,842326977	0,416760661	0,853560221
A_33_P3424057	0,918894408	8,680628988	0,841801947	0,4170427	0,85369176
A_33_P3399064	0,596874808	15,02867905	0,841643881	0,417127636	0,85369176
A_33_P3775007	-0,518373578	9,053521159	-0,841677747	0,417109437	0,85369176
A_23_P3963	-0,468894599	7,772063466	-0,841938495	0,416969336	0,85369176
A_33_P3335366	-0,446221397	9,280224905	-0,842044152	0,416912575	0,85369176
A_24_P376391	0,463647098	12,69077756	0,841367418	0,417276219	0,853871904
A_23_P258912	-0,437123933	7,764303873	-0,84077796	0,417593139	0,854272441
A_33_P3215834	-0,456280346	6,883199186	-0,84087966	0,417538448	0,854272441
A_21_P0006584	0,439653882	8,203740423	0,840520618	0,417731548	0,854345717
A_33_P3396270	-0,476386201	8,931998107	-0,840486035	0,41775015	0,854345717
A_24_P86240	0,486719325	11,06933094	0,840156343	0,417927522	0,854399129
A_23_P66872	0,502388283	11,04480769	0,840099577	0,417958067	0,854399129
A_23_P5441	-0,523062026	13,07774043	-0,84025652	0,417873623	0,854399129
A_21_P0011928	0,553497029	10,36409276	0,839765555	0,418137829	0,85451156
A_23_P164341	0,573119439	12,38490331	0,839641129	0,418204805	0,85451156
A_19_P00315633	-0,438726963	6,793107035	-0,839434385	0,418316106	0,85451156
A_33_P3240912	-0,440816742	9,082549941	-0,83945381	0,418305648	0,85451156
A_24_P6305	-0,448621577	7,364485545	-0,839562244	0,418247271	0,85451156
A_23_P145197	0,459556463	11,37018336	0,839230428	0,418425928	0,854612075
A_33_P3226605	0,410433027	13,41007362	0,838931413	0,418586967	0,854817157

A_23_P87329	0,522504779	10,27945118	0,838512528	0,418812635	0,855111029
A_24_P97405	-0,509543154	7,746470191	-0,838439155	0,418852171	0,855111029
A_33_P3316293	-0,469311629	9,659388105	-0,838295671	0,418929495	0,855145063
A_33_P3351150	0,638730489	8,061822801	0,837536676	0,419338674	0,855856393
A_23_P137543	0,441073108	12,31738729	0,837332086	0,419449015	0,855957688
A_24_P884376	0,470871202	10,11872454	0,83700312	0,419626477	0,856195904
A_19_P00318189	0,600735934	10,38446555	0,836485743	0,419905679	0,856517674
A_23_P19369	-0,613624035	7,730213187	-0,836492059	0,41990227	0,856517674
A_32_P66020	0,658602171	10,3599082	0,83595738	0,420190937	0,856699053
A_24_P178093	0,582126524	9,280231675	0,835858714	0,42024422	0,856699053
A_33_P3710442	0,447702484	9,919261916	0,835787259	0,420282811	0,856699053
A_21_P0014078	0,408563395	6,660405705	0,835785995	0,420283493	0,856699053
A_33_P3398998	0,500517952	8,455562262	0,835645871	0,420359178	0,856699053
A_24_P401637	-0,433653015	11,39635597	-0,835746598	0,420304772	0,856699053
A_21_P0000175	0,468476124	15,49710833	0,835388103	0,420498428	0,856728102
A_24_P344961	0,441530433	7,15737173	0,835282053	0,420555727	0,856728102
A_21_P0014820	-0,544483736	11,35844845	-0,83540261	0,420490591	0,856728102
A_23_P401472	0,442357607	7,299099684	0,835168838	0,420616903	0,856728939
A_33_P3394234	0,437680413	10,09156468	0,83471081	0,42086446	0,8569508
A_23_P162288	0,484242622	8,415089885	0,834371199	0,421048077	0,8569508
A_21_P0007934	0,676334173	8,53982797	0,834357077	0,421055713	0,8569508
A_33_P3808996	0,433195002	11,00171111	0,834353893	0,421057434	0,8569508
A_21_P0005807	0,722245593	7,730408053	0,834292724	0,421090513	0,8569508
A_33_P3241753	-0,673242459	13,2419372	-0,83463572	0,420905054	0,8569508
A_23_P487	0,507874049	11,71833209	0,833872549	0,421317777	0,856955479
A_24_P290013	0,41125778	7,630395302	0,833866997	0,421320781	0,856955479
A_23_P70746	0,415398044	7,746291249	0,83383898	0,421335937	0,856955479
A_21_P0001865	-0,430575075	6,384064354	-0,834104508	0,421192305	0,856955479
A_23_P301521	0,594378326	8,262934635	0,833548891	0,421492893	0,85696064
A_23_P168403	0,558016727	14,2708197	0,833412539	0,421566681	0,85696064
A_33_P3388070	0,506882021	7,60292746	0,833351479	0,421599727	0,85696064
A_24_P231025	0,42137713	7,411590702	0,833272666	0,421642383	0,85696064
A_24_P379765	-0,465321838	12,05778851	-0,833283413	0,421636566	0,85696064
A_23_P152666	0,402523358	12,36373714	0,83232496	0,42215554	0,8577563
A_33_P3292241	-0,43581723	7,603661687	-0,832373562	0,422129214	0,8577563
A_32_P105549	-0,519774213	10,42619613	-0,83213031	0,422260989	0,857846929
A_33_P3278906	-0,441425482	9,269900114	-0,831752794	0,422465554	0,857891667
A_24_P135628	-0,481868403	10,28755287	-0,83182286	0,422427582	0,857891667
A_21_P0012766	-0,453540737	7,05208022	-0,831871099	0,422401441	0,857891667
A_21_P0012276	-0,457160971	9,184655317	-0,83145391	0,422627557	0,858097052
A_23_P115792	-0,445639837	8,792536581	-0,831270059	0,422727229	0,85817584
A_21_P0014571	0,41431085	6,635342376	0,830841486	0,422959636	0,858400446
A_33_P3359012	-0,452744772	10,4406831	-0,830917627	0,42291834	0,858400446
A_33_P3327519	0,643749849	7,303675271	0,83056866	0,423107627	0,858453654

A_24_P112032	-0,720725903	9,452699774	-0,830680779	0,423046805	0,858453654
A_24_P116909	0,480319481	7,278971591	0,830315079	0,423245211	0,858555194
A_23_P133123	0,58214666	10,63381943	0,830251956	0,423279463	0,858555194
A_23_P407840	0,428631968	6,981186339	0,829680962	0,423589389	0,858674832
A_21_P0011382	0,646871356	9,425839346	0,829526323	0,42367335	0,858674832
A_23_P82412	0,435452715	13,36530364	0,829310043	0,423790798	0,858674832
A_24_P224488	0,442367503	6,608525757	0,829194261	0,42385368	0,858674832
A_24_P285522	0,404598093	6,824981232	0,828711048	0,424116186	0,858674832
A_24_P233488	0,830264482	8,294699735	0,828574226	0,424190534	0,858674832
A_33_P3354214	0,414942208	7,223598984	0,828444412	0,424261082	0,858674832
A_24_P106357	0,459002856	8,388591033	0,828354586	0,424309903	0,858674832
A_33_P3372237	0,490304087	9,34788314	0,828298624	0,424340321	0,858674832
A_33_P3372752	0,540660034	8,347331785	0,828210003	0,424388493	0,858674832
A_21_P0013574	0,512694046	8,73315331	0,828194586	0,424396874	0,858674832
A_23_P388190	0,40109282	10,70061758	0,827982266	0,424512301	0,858674832
A_23_P151634	0,43715179	8,338125539	0,827152963	0,424963351	0,858674832
A_23_P21092	0,844062314	8,281879496	0,827083684	0,425001045	0,858674832
A_24_P169092	0,426246068	6,969371081	0,827065808	0,425010772	0,858674832
A_21_P0010182	0,506805806	7,400863226	0,827061947	0,425012873	0,858674832
A_21_P0009711	0,458937178	8,310736042	0,826833072	0,425137421	0,858674832
A_24_P365322	0,448577353	7,478132057	0,8267814	0,425165544	0,858674832
A_23_P33407	-0,461278357	10,40594802	-0,826895269	0,425103572	0,858674832
A_24_P257108	-0,552844412	10,32428467	-0,827146325	0,424966962	0,858674832
A_21_P0008520	-0,436536164	7,65702207	-0,827199106	0,424938246	0,858674832
A_33_P3354589	-0,426013317	6,868349072	-0,827598763	0,424720845	0,858674832
A_21_P0007559	-0,453334962	6,536768909	-0,82774124	0,42464336	0,858674832
A_33_P3275487	-0,41567661	9,34671826	-0,827938718	0,424535978	0,858674832
A_33_P3299898	-0,410339804	8,471495865	-0,82811069	0,424442481	0,858674832
A_21_P0007341	-0,415461515	6,62254082	-0,828628063	0,424161279	0,858674832
A_21_P0010993	-0,482383015	7,845225999	-0,828728121	0,424106909	0,858674832
A_19_P00808072	-0,449828033	8,715171931	-0,828854893	0,424038031	0,858674832
A_23_P150407	-0,486417224	10,00901791	-0,82938742	0,423748777	0,858674832
A_24_P95723	-0,515756299	11,46236504	-0,829706211	0,423575681	0,858674832
A_24_P936145	0,424659794	6,691803612	0,826255741	0,425451699	0,859060976
A_23_P80940	0,549887648	9,225612098	0,826094441	0,425539532	0,859060976
A_21_P0004823	-0,397553152	6,668296356	-0,826154379	0,425506892	0,859060976
A_33_P3378383	0,651185568	10,35886369	0,825931089	0,425628494	0,859117558
A_23_P152678	0,567736024	7,634265395	0,82542886	0,425902089	0,859430449
A_21_P0011001	0,44146863	8,545479753	0,825416132	0,425909025	0,859430449
A_24_P67681	0,455884949	11,63260742	0,825256694	0,425995906	0,859430449
A_33_P3216928	0,403609965	6,99411474	0,825191843	0,426031247	0,859430449
A_23_P321388	-0,648596958	9,447467013	-0,825087175	0,426088293	0,859430449
A_21_P0000271	0,460837388	8,572642129	0,824924797	0,426176801	0,859486013
A_21_P0012081	0,444380375	8,773089948	0,824731096	0,426282398	0,859576019

A_23_P145376	-0,412281308	7,696734113	-0,824591021	0,426358771	0,85960708
A_33_P3274622	0,619814684	9,520468723	0,824146785	0,426601042	0,859639021
A_24_P409402	0,446099373	8,535496794	0,824111808	0,426620121	0,859639021
A_33_P3244424	0,482076631	7,790263849	0,824086497	0,426633928	0,859639021
A_24_P57367	0,67001844	10,26025494	0,823946549	0,426710274	0,859639021
A_23_P139786	-0,595590678	10,27764847	-0,823779502	0,426801415	0,859639021
A_33_P3369716	-0,615720394	7,531801763	-0,823842544	0,426767018	0,859639021
A_21_P0010977	-0,402449634	6,642058882	-0,823849499	0,426763223	0,859639021
A_23_P151778	0,421686819	6,786597743	0,823081749	0,427182248	0,859954405
A_33_P3396527	0,551256378	8,465248099	0,82267141	0,427406316	0,859954405
A_33_P3267410	0,462077188	7,811788406	0,822151799	0,427690164	0,859954405
A_23_P122532	0,475811645	9,907356076	0,822111876	0,427711977	0,859954405
A_33_P3399028	0,664633651	11,67409451	0,821990174	0,42777848	0,859954405
A_23_P92012	0,614936989	9,836185489	0,821839599	0,427860768	0,859954405
A_21_P0013213	0,42707065	7,472888672	0,82164557	0,42796682	0,859954405
A_32_P41553	0,433192325	7,709799798	0,821572339	0,428006851	0,859954405
A_33_P3354688	0,418404353	7,260119139	0,821125043	0,428251415	0,859954405
A_33_P3231267	0,40953372	6,643441119	0,820978393	0,428331617	0,859954405
A_23_P253524	0,438101123	11,11115802	0,820889371	0,428380308	0,859954405
A_33_P3769406	0,519676615	8,20205676	0,820619732	0,428527809	0,859954405
A_23_P142022	0,48784744	10,40070139	0,82059834	0,428539513	0,859954405
A_21_P0009682	-0,404948371	6,824639296	-0,820590424	0,428543844	0,859954405
A_23_P204277	-0,48804603	13,98186064	-0,820704716	0,428481316	0,859954405
A_33_P3293362	-0,417428281	8,360891494	-0,82076423	0,42844876	0,859954405
A_23_P157580	-0,468809918	13,30335138	-0,820847718	0,428403091	0,859954405
A_33_P3227899	-0,587531062	7,812855873	-0,821099004	0,428265654	0,859954405
A_23_P28869	-0,419367716	13,31260697	-0,821306551	0,428152162	0,859954405
A_23_P251945	-0,451413064	11,90727394	-0,821508975	0,428041491	0,859954405
A_23_P160582	-0,409960737	10,60254998	-0,821741143	0,42791458	0,859954405
A_23_P36689	-0,447334657	8,342017501	-0,821767134	0,427900374	0,859954405
A_24_P102981	-0,502355878	13,10075321	-0,821833276	0,427864224	0,859954405
A_23_P819	-0,629487255	13,56354532	-0,821995103	0,427775786	0,859954405
A_33_P3331307	-0,501960526	7,378953376	-0,822301969	0,427608117	0,859954405
A_23_P81934	-0,576916775	10,96324279	-0,823352495	0,427034448	0,859954405
A_23_P146077	0,405278605	11,73261341	0,820390991	0,428652965	0,859987052
A_21_P0000086	0,575449464	7,854133795	0,820229829	0,428741159	0,859987052
A_33_P3550894	0,959016629	13,18808012	0,819878037	0,428933714	0,859987052
A_33_P3380311	0,570950634	7,828118344	0,819829	0,428960559	0,859987052
A_33_P3396951	0,489505289	11,24845752	0,819783329	0,428985563	0,859987052
A_21_P0011710	0,397997931	8,017488933	0,819670255	0,429047472	0,859987052
A_23_P32938	0,508825043	11,28002776	0,819669139	0,429048083	0,859987052
A_33_P3310301	-0,420123574	7,102373929	-0,819992618	0,428870991	0,859987052
A_23_P37654	0,408158281	11,72130451	0,819484268	0,429149314	0,860067686
A_32_P154830	-0,411848711	9,137819252	-0,819217158	0,429295605	0,860116347

A_33_P3259890	-0,408516341	6,72053108	-0,819278661	0,429261918	0,860116347
A_21_P0001977	-0,412246355	7,078415375	-0,818833637	0,429505709	0,860170596
A_23_P217028	-0,463245355	12,39253655	-0,818863831	0,429489165	0,860170596
A_23_P394377	-0,499108712	8,207834803	-0,818881533	0,429479466	0,860170596
A_23_P136504	0,498674456	6,902469671	0,818210894	0,429847011	0,860731858
A_33_P3255274	0,412867817	10,10634298	0,817658184	0,43015008	0,861216413
A_23_P251881	-0,433333575	11,4991591	-0,817545728	0,430211761	0,861217608
A_23_P142688	-0,609761538	9,903656837	-0,816989569	0,430516892	0,861461491
A_23_P8452	-0,481634855	13,32857994	-0,816990766	0,430516235	0,861461491
A_33_P3415247	-0,550912695	10,00127671	-0,817149045	0,430429383	0,861461491
A_23_P50426	0,473516682	11,23693032	0,81654608	0,43076031	0,86158173
A_24_P418809	-0,530927294	15,31454463	-0,816597171	0,430732263	0,86158173
A_21_P0005676	-0,404126209	6,682074627	-0,816649015	0,430703804	0,86158173
A_24_P570583	0,553807414	9,858348679	0,816310038	0,430889904	0,861639723
A_32_P220307	0,413885853	16,46549574	0,816098697	0,431005957	0,861639723
A_33_P3216664	0,425301768	9,500014358	0,816048074	0,431033759	0,861639723
A_23_P385081	-0,531198232	11,2282953	-0,816157588	0,430973616	0,861639723
A_23_P356526	0,402458689	8,926328924	0,815638736	0,431258606	0,861874679
A_33_P3260317	0,45084232	6,973134262	0,81559226	0,43128414	0,861874679
A_21_P0013198	1,343082734	8,912239757	0,815500265	0,431334686	0,861874679
A_23_P256956	0,402117386	10,06399427	0,81508728	0,431561641	0,861946759
A_23_P146990	-0,420643406	10,55076113	-0,814989659	0,4316153	0,861946759
A_23_P121898	-0,493574287	9,455111926	-0,815081529	0,431564802	0,861946759
A_24_P44462	-0,666395719	11,83948946	-0,815313268	0,43143744	0,861946759
A_23_P434900	0,448398205	12,24207812	0,81479347	0,431723152	0,86204004
A_21_P0011368	0,414168483	7,898316803	0,814551094	0,431856419	0,862152833
A_21_P0000121	0,573911494	8,374995214	0,81439798	0,43194062	0,862152833
A_24_P152968	-0,457669171	7,587728509	-0,814357122	0,431963091	0,862152833
A_24_P262321	0,630859357	8,367009651	0,813736246	0,432304649	0,862443541
A_21_P0010588	0,405406628	6,491935242	0,813647757	0,432353344	0,862443541
A_33_P3280355	0,484764438	12,90246619	0,813607865	0,432375297	0,862443541
A_33_P3217517	0,396797413	8,169905279	0,813581363	0,432389882	0,862443541
A_33_P3329108	0,449620149	11,16396933	0,813456807	0,432458433	0,862443541
A_24_P288954	0,430815599	9,305733758	0,813044372	0,432685474	0,862443541
A_33_P3368188	0,871756373	9,250977451	0,812993919	0,432713254	0,862443541
A_33_P3361182	0,50670433	8,312369246	0,812789985	0,432825551	0,862443541
A_33_P3317282	0,491895756	10,71774729	0,812647612	0,432903961	0,862443541
A_23_P65651	-0,394993272	11,9471471	-0,812663148	0,432895403	0,862443541
A_21_P0003341	-0,396368135	6,64908041	-0,812772863	0,43283498	0,862443541
A_21_P0008615	-0,406257849	6,796641069	-0,81292881	0,432749104	0,862443541
A_24_P98086	-0,626521897	12,8249669	-0,813254536	0,432569772	0,862443541
A_19_P00316404	0,570390174	7,211816096	0,812077323	0,433218132	0,862825602
A_33_P3366540	-0,525718878	7,748988873	-0,812104665	0,433203065	0,862825602
A_33_P3388080	0,400169008	6,803050037	0,811600558	0,433480895	0,863226998

A_23_P141429	0,680486915	9,055621731	0,811298431	0,433647463	0,863436744
A_21_P0011501	0,64775879	9,477829326	0,811119818	0,433745956	0,863459785
A_23_P40989	0,431967565	8,543670582	0,811055329	0,43378152	0,863459785
A_23_P25019	0,487163397	11,36514825	0,810630149	0,434016048	0,863502597
A_24_P211151	0,611919953	8,309472183	0,810619647	0,434021842	0,863502597
A_33_P3408624	0,441907452	8,578889784	0,810554351	0,434057867	0,863502597
A_33_P3264514	0,474723384	6,897995758	0,810520993	0,434076272	0,863502597
A_21_P0000948	0,415012424	6,968719957	0,810461212	0,434109257	0,863502597
A_24_P267522	0,434446546	6,87754407	0,810286548	0,434205639	0,863572479
A_23_P164237	0,417755273	10,58288516	0,810011031	0,434357701	0,863753065
A_23_P211227	0,412652504	7,176312297	0,809619474	0,434573868	0,864061058
A_24_P678104	0,477286401	8,626131872	0,809197167	0,434807089	0,864217019
A_33_P3392000	-0,571819666	11,25860179	-0,809033509	0,434897493	0,864217019
A_24_P83738	-0,516266178	11,04015397	-0,809088297	0,434867227	0,864217019
A_33_P3407065	-0,51234426	12,10159926	-0,809110593	0,434854911	0,864217019
A_23_P371039	-0,437172482	6,837040606	-0,808781728	0,435036598	0,864371618
A_33_P3283485	0,388999712	6,523596532	0,807780849	0,435589859	0,865310885
A_23_P255827	-0,408458559	8,398461933	-0,807704507	0,435632077	0,865310885
A_21_P0003212	0,444695801	10,13231701	0,807580965	0,435700405	0,865314454
A_33_P3379456	0,413629341	9,533423237	0,807320015	0,435844751	0,865314454
A_21_P0004481	0,431857557	6,741610309	0,807257437	0,435879371	0,865314454
A_33_P3335371	-0,53242055	8,975122706	-0,807420287	0,435789281	0,865314454
A_33_P3288614	0,436501048	7,093340783	0,806940372	0,436054809	0,865329399
A_24_P795594	0,449214899	8,033697553	0,806669826	0,436204543	0,865329399
A_33_P3682006	0,419075082	7,318500467	0,806389452	0,436359752	0,865329399
A_23_P18598	0,39316772	10,24573224	0,806356672	0,436377901	0,865329399
A_23_P168592	-0,455827692	9,965782257	-0,806377761	0,436366225	0,865329399
A_24_P282108	-0,406532681	12,64172663	-0,806556092	0,4362675	0,865329399
A_33_P3293524	-0,535941566	12,07893124	-0,806715374	0,436179332	0,865329399
A_23_P145631	-0,518166994	9,303487854	-0,806918889	0,436066697	0,865329399
A_23_P8416	0,472691622	8,059855974	0,806139848	0,436497959	0,865338421
A_19_P00322847	0,4201482	7,46937276	0,806081872	0,436530064	0,865338421
A_33_P3311791	0,442530924	7,587949661	0,805989478	0,436581232	0,865338421
A_23_P161152	0,465969253	10,03228589	0,805885999	0,436638544	0,865338421
A_33_P3222917	0,496641221	12,83984625	0,80579431	0,43668933	0,865338421
A_21_P0011235	-0,495358552	9,118888413	-0,805650588	0,436768945	0,865374558
A_23_P135769	0,804125377	13,99564938	0,80530858	0,436958439	0,865506748
A_23_P218434	-0,417542964	10,99957011	-0,805385241	0,436915959	0,865506748
A_32_P56392	0,415493661	8,605863632	0,804962602	0,437150187	0,865764922
A_33_P3269109	-0,462860736	8,343822788	-0,804371198	0,437478081	0,866170969
A_23_P63243	-0,565515246	13,20298836	-0,804452302	0,437433105	0,866170969
A_24_P366749	0,570741838	9,155155265	0,804108359	0,43762386	0,866177927
A_23_P78014	0,471564683	9,051386988	0,803994904	0,437686795	0,866177927
A_23_P476	0,514813763	11,14797558	0,803921824	0,437727338	0,866177927

A_33_P3345549	-0,598343526	9,266198718	-0,803969179	0,437701066	0,866177927
A_23_P131299	-0,575832034	10,77581781	-0,803743954	0,437826023	0,866251628
A_33_P3237674	0,402195901	7,01944154	0,803539194	0,437939645	0,866354856
A_23_P211584	0,424465452	7,107527014	0,803304602	0,438069845	0,866490846
A_23_P212159	0,490446882	9,900506657	0,803065292	0,43820269	0,866530487
A_21_P0000055	0,502410246	10,05382866	0,802984417	0,43824759	0,866530487
A_24_P139094	-0,389245943	13,04034226	-0,802936368	0,438274268	0,866530487
A_33_P3421476	0,387919836	6,520777364	0,802790439	0,438355297	0,866569172
A_24_P341677	0,466526063	13,99728825	0,802412612	0,438565136	0,866862449
A_33_P3215059	-0,59623504	10,63836061	-0,802077958	0,438751051	0,867108364
A_23_P157593	0,626935157	9,782147502	0,801244516	0,43921429	0,86787234
A_19_P00320314	-0,431720968	9,345802001	-0,801160996	0,439260729	0,86787234
A_21_P0006974	0,518733724	10,24281427	0,800732469	0,439499051	0,868221539
A_21_P0000124	-0,421493454	9,048082415	-0,800385631	0,439692004	0,868481025
A_33_P3299244	-0,429596996	6,887719713	-0,800138982	0,439829253	0,868630429
A_33_P3229958	0,443448248	7,104081062	0,799663665	0,440093824	0,868680481
A_33_P3419234	0,431202782	7,317758307	0,799344007	0,440271811	0,868680481
A_33_P3295056	0,490855283	10,46696517	0,799289706	0,44030205	0,868680481
A_33_P3281613	0,601396866	9,43833757	0,799208098	0,4403475	0,868680481
A_33_P3365963	-0,438101754	11,17046265	-0,799357484	0,440264306	0,868680481
A_33_P3293207	-0,451701746	8,884287471	-0,799474203	0,440199312	0,868680481
A_33_P3311371	-0,400656221	9,593922663	-0,799606877	0,44012544	0,868680481
A_23_P23221	-0,461119298	13,02721747	-0,799776085	0,44003124	0,868680481
A_23_P137103	0,408023196	14,30991622	0,799041426	0,440440332	0,86874206
A_33_P3242264	0,386639229	11,3002574	0,798599611	0,440686474	0,869056058
A_32_P135336	0,400513255	6,667725843	0,798490861	0,440747074	0,869056058
A_23_P43557	0,569348104	8,862377715	0,798423805	0,440784443	0,869056058
A_33_P3336422	-0,422389972	11,23011862	-0,798139872	0,440942697	0,869246517
A_33_P3298577	0,61775771	9,547051651	0,79802218	0,441008305	0,869254313
A_23_P152272	0,470694026	12,42219236	0,797785395	0,441140322	0,869392982
A_32_P62008	0,450226006	16,66451073	0,797625957	0,441229229	0,86939789
A_33_P3273854	0,544323433	7,636506687	0,797559771	0,441266139	0,86939789
A_23_P105368	0,435801736	7,10360807	0,796913059	0,441626902	0,869768025
A_33_P3315021	-0,480879411	8,667821074	-0,796891248	0,441639073	0,869768025
A_21_P0001550	-0,534551723	11,10869709	-0,797020263	0,441567086	0,869768025
A_33_P3421183	0,405505835	7,27107286	0,796025746	0,442122195	0,870502192
A_33_P3402116	0,438090085	12,96722382	0,795826518	0,442233452	0,870502192
A_33_P3337500	0,397240611	6,883156933	0,79579542	0,44225082	0,870502192
A_33_P3222341	0,540663452	8,686760632	0,795781084	0,442258827	0,870502192
A_24_P73669	0,472806059	10,0166086	0,795500884	0,442415339	0,870688702
A_23_P334021	-0,410379474	8,780469494	-0,79533936	0,442505578	0,870744752
A_23_P426636	0,632565035	10,80298918	0,794824976	0,442793031	0,870945723
A_23_P253412	-0,575692977	11,42155404	-0,79491366	0,442743463	0,870945723
A_33_P3353692	-0,591707658	10,82140629	-0,795012883	0,442688009	0,870945723

A_33_P3264272	-0,481234458	8,123801647	-0,794251677	0,443113549	0,871454586
A_21_P0002212	-0,484160751	8,420765586	-0,793903544	0,443308256	0,871594353
A_33_P3225096	-0,495072138	8,483559929	-0,794005237	0,443251375	0,871594353
A_33_P3240200	-0,421441056	12,03910813	-0,793771369	0,443382194	0,871618176
A_21_P0012619	0,399805663	6,787893892	0,793518101	0,443523895	0,871775183
A_23_P431410	0,542427618	13,39807862	0,793392231	0,443594328	0,871785185
A_21_P0000372	0,388427342	6,635211745	0,793288016	0,443652649	0,871785185
A_33_P3417751	-0,40727283	6,78211398	-0,792947339	0,443843336	0,87203835
A_23_P122724	0,461800871	9,287882054	0,79268825	0,443988391	0,872059574
A_23_P14649	0,595430413	14,4015806	0,792596624	0,444039696	0,872059574
A_23_P171143	-0,468542151	8,96312519	-0,792637065	0,444017051	0,872059574
A_33_P3356075	0,441710282	9,213239943	0,792271544	0,444221754	0,872198521
A_23_P93562	0,383967435	9,089224084	0,792230475	0,444244758	0,872198521
A_24_P943922	0,425577773	7,129993999	0,791959477	0,44439657	0,872198521
A_33_P3390758	0,466602032	13,97715643	0,791780031	0,444497113	0,872198521
A_19_P00317163	0,407976074	7,808966397	0,791518267	0,444643806	0,872198521
A_21_P0010642	-0,400658437	7,261466019	-0,791476511	0,444667208	0,872198521
A_23_P67198	-0,414789721	9,744435457	-0,79147998	0,444665264	0,872198521
A_24_P101800	-0,390193821	8,739938527	-0,791854205	0,444455552	0,872198521
A_32_P3556	-0,551214963	11,38615541	-0,792027655	0,444358374	0,872198521
A_23_P120557	0,415512379	8,659250298	0,790439176	0,445248858	0,87321536
A_19_P00318191	0,577648276	9,685722213	0,790110321	0,445433355	0,87321536
A_33_P3703637	-0,396132119	6,400819444	-0,79012638	0,445424344	0,87321536
A_33_P3391135	-0,416966374	7,368175282	-0,790128372	0,445423226	0,87321536
A_23_P250283	-0,394497808	11,19834215	-0,789699503	0,445663905	0,873545863
A_23_P165148	0,427376744	10,75443205	0,78950946	0,445770582	0,873633506
A_21_P0008989	-0,445464004	6,873096661	-0,789300123	0,445888109	0,873742383
A_19_P00316857	0,514331677	8,700724911	0,789086924	0,446007825	0,87385552
A_19_P00800681	0,492138822	7,612602996	0,788711472	0,4462187	0,873904355
A_23_P339588	-0,432421072	8,806553374	-0,788750632	0,446196703	0,873904355
A_21_P0001160	-0,440970774	6,999955876	-0,788816391	0,446159765	0,873904355
A_19_P00320438	0,413913466	6,617008225	0,788205232	0,446503135	0,874016082
A_33_P3281552	0,403536018	6,829191144	0,788053846	0,446588215	0,874016082
A_23_P311144	0,402504654	7,241223225	0,78771233	0,446780188	0,874016082
A_21_P0005747	0,39954963	6,71444879	0,787362037	0,44697715	0,874016082
A_24_P213206	0,441522659	8,033207492	0,787320313	0,447000615	0,874016082
A_24_P238333	0,451898548	11,99409579	0,787220068	0,447056993	0,874016082
A_23_P166280	0,458366195	10,16532384	0,787005076	0,44717792	0,874016082
A_24_P262355	0,553296108	11,76276222	0,786487223	0,447469284	0,874016082
A_23_P12874	0,407427777	12,27842045	0,786283197	0,447584111	0,874016082
A_33_P3361584	0,426297736	8,865856838	0,786277309	0,447587425	0,874016082
A_33_P3388192	0,389717787	9,45974724	0,786147042	0,44766075	0,874016082
A_32_P195065	0,433577019	7,034543515	0,786001329	0,447742779	0,874016082
A_24_P20777	0,405625345	16,9915386	0,785917846	0,447789779	0,874016082

A_23_P70249	0,423884573	8,941293933	0,785769351	0,44787339	0,874016082
A_33_P3449417	0,399710976	12,76933734	0,785714262	0,44790441	0,874016082
A_23_P74269	0,600806438	10,93671224	0,785540729	0,448002136	0,874016082
A_23_P167841	0,414798979	7,523558904	0,785465437	0,448044541	0,874016082
A_21_P0002546	0,442832233	6,971353815	0,785388377	0,448087944	0,874016082
A_33_P3502037	0,495413016	9,026396262	0,785298632	0,448138496	0,874016082
A_33_P3342938	-0,388309119	7,126052111	-0,785193924	0,44819748	0,874016082
A_33_P3351536	-0,394535379	13,81600059	-0,785624898	0,447954734	0,874016082
A_21_P0005279	-0,423247689	6,981152641	-0,785662584	0,447933512	0,874016082
A_23_P96976	-0,393905123	12,16412786	-0,785847669	0,447829292	0,874016082
A_33_P3214745	-0,420712599	7,672108077	-0,786835338	0,447273408	0,874016082
A_21_P0006320	-0,409401606	6,896784141	-0,787022276	0,447168244	0,874016082
A_33_P3284253	-0,581299906	7,500667433	-0,78711499	0,447116094	0,874016082
A_33_P3220837	-0,571361925	12,7776059	-0,78741823	0,44694555	0,874016082
A_21_P0000408	-0,456597285	7,356036592	-0,787490888	0,446904694	0,874016082
A_24_P42066	-0,387086732	8,142955357	-0,787922678	0,446661941	0,874016082
A_21_P0001775	-0,410728776	10,24071847	-0,788190864	0,446511209	0,874016082
A_24_P295963	-0,498244618	11,91367136	-0,788263184	0,446470568	0,874016082
A_23_P43490	0,453138246	10,39882579	0,784949054	0,448335441	0,874162455
A_33_P3313796	0,556630201	10,72076675	0,784748793	0,448448289	0,874162455
A_33_P3265941	-0,425618042	9,135335903	-0,784620579	0,448520548	0,874162455
A_33_P3311646	-0,55565329	12,46383314	-0,784701928	0,4484747	0,874162455
A_33_P3218741	-0,475644161	13,92172192	-0,784384586	0,448653568	0,874180025
A_24_P179489	-0,383631478	9,190277411	-0,784456818	0,448612852	0,874180025
A_23_P101281	0,438824219	11,03341377	0,784255036	0,448726602	0,874180862
A_23_P314811	0,705078141	7,886095026	0,784163865	0,448778004	0,874180862
A_24_P417606	0,407727955	15,58620703	0,783680343	0,449050676	0,87422887
A_21_P0012287	-0,425370901	6,714771053	-0,78374097	0,449016481	0,87422887
A_23_P30264	-0,403472561	7,68512635	-0,783807844	0,448978764	0,87422887
A_33_P3220415	-0,409332272	8,001875641	-0,783969064	0,448887845	0,87422887
A_23_P59950	0,577833931	10,09790122	0,783418475	0,449198395	0,874357608
A_23_P60517	0,564572471	11,2641213	0,782892426	0,449495233	0,874357608
A_21_P0000210	0,457211372	8,509206905	0,782775977	0,44956096	0,874357608
A_33_P3225022	0,411706106	6,98876437	0,782574057	0,449674943	0,874357608
A_24_P316305	-0,49976071	10,73443243	-0,782590864	0,449665455	0,874357608
A_33_P3356502	-0,415311192	13,99340985	-0,782802634	0,449545913	0,874357608
A_21_P0005307	-0,421909348	8,174136991	-0,782882185	0,449501013	0,874357608
A_33_P3292769	-0,391060651	10,54992284	-0,783139794	0,449355633	0,874357608
A_33_P3211174	-0,397621204	8,613080686	-0,78317967	0,449333132	0,874357608
A_21_P0007523	0,476273488	7,798323923	0,781906005	0,450052188	0,874603385
A_23_P54736	0,418953632	7,461749374	0,781237434	0,450429931	0,874603385
A_23_P401675	0,424241006	8,273666166	0,781075103	0,450521679	0,874603385
A_23_P201939	0,487320589	8,035914147	0,781043726	0,450539414	0,874603385
A_23_P1676	0,381073656	11,84567079	0,780985069	0,45057257	0,874603385

A_23_P154500	0,398779616	10,25011316	0,780966789	0,450582904	0,874603385
A_33_P3347132	0,532729563	9,563416352	0,780809096	0,450672049	0,874603385
A_23_P48988	0,631414551	8,268809504	0,780735625	0,450713587	0,874603385
A_19_P00316405	0,497716035	7,430778964	0,780721104	0,450721797	0,874603385
A_21_P0013455	0,475356	7,430158941	0,780570065	0,450807198	0,874603385
A_23_P393749	0,447283363	7,539239577	0,780483931	0,450855905	0,874603385
A_33_P3320079	-0,611869874	7,966370533	-0,780561208	0,450812206	0,874603385
A_24_P132950	-0,509707799	9,195459439	-0,780617784	0,450780215	0,874603385
A_24_P141227	-0,394773008	6,608786271	-0,781012384	0,45055713	0,874603385
A_23_P55926	-0,543225365	8,929119945	-0,781031133	0,450546533	0,874603385
A_33_P3214343	-0,461333017	7,751542682	-0,781422875	0,450325137	0,874603385
A_21_P0005916	-0,462520452	7,347095663	-0,78164828	0,450197779	0,874603385
A_33_P3410859	0,393384065	6,918452691	0,780222274	0,451003886	0,874770091
A_21_P0013270	0,644356629	11,9282854	0,779834445	0,451223282	0,874880804
A_23_P23017	0,381158655	11,20180501	0,779792306	0,451247124	0,874880804
A_23_P202696	-0,551865903	10,16985475	-0,779939432	0,451163884	0,874880804
A_23_P205228	-0,56368275	9,885315607	-0,779677047	0,451312342	0,87488694
A_23_P111487	0,420622315	9,142924974	0,779359905	0,451491824	0,874888465
A_23_P58606	0,41359603	11,31282809	0,779346718	0,451499288	0,874888465
A_23_P66891	-0,547379527	9,291595419	-0,77944934	0,451441205	0,874888465
A_23_P409386	0,439144254	11,45371171	0,779002365	0,451694224	0,87514592
A_21_P0008060	0,380984586	6,927828146	0,778808946	0,45180374	0,875235519
A_23_P106433	0,490154288	11,46551418	0,778374532	0,452049774	0,875235519
A_23_P427148	0,491522374	9,382585234	0,778087414	0,452212433	0,875235519
A_23_P368779	0,416060944	7,102335732	0,777709688	0,45242648	0,875235519
A_24_P383356	0,384831922	6,533942595	0,777173933	0,452730189	0,875235519
A_33_P3789894	0,408173061	8,260994369	0,777091309	0,452777039	0,875235519
A_21_P0012264	0,38231819	8,565257564	0,776863173	0,452906413	0,875235519
A_33_P3404843	0,410118882	7,80514649	0,77685017	0,452913788	0,875235519
A_23_P74114	-0,514968976	12,70379001	-0,776510986	0,453106182	0,875235519
A_33_P3415617	-0,486613043	7,901185277	-0,776552383	0,453082697	0,875235519
A_33_P3380682	-0,428198422	10,18829625	-0,776564697	0,453075712	0,875235519
A_23_P38567	-0,399818103	12,1671112	-0,776678489	0,453011163	0,875235519
A_33_P3798989	-0,384838889	6,640880417	-0,777072404	0,452787759	0,875235519
A_23_P329870	-0,519965198	11,63958794	-0,777386025	0,452609943	0,875235519
A_23_P348208	-0,391041264	9,67170869	-0,777418745	0,452591394	0,875235519
A_23_P217088	-0,421068783	11,03186341	-0,777462702	0,452566475	0,875235519
A_33_P3218797	-0,44296279	12,6995858	-0,777465966	0,452564625	0,875235519
A_23_P41424	-0,429354875	12,18023454	-0,777634393	0,452469155	0,875235519
A_33_P3400374	-0,594874565	12,37685939	-0,77785735	0,452342796	0,875235519
A_23_P40847	-0,466234225	12,75196639	-0,77815116	0,452176316	0,875235519
A_24_P252575	-0,4752325	10,28254353	-0,778437457	0,452014131	0,875235519
A_24_P481375	-0,466407616	11,01439481	-0,778440521	0,452012395	0,875235519
A_23_P421423	-0,470274558	14,11874658	-0,775862913	0,453473932	0,875825887

A_23_P114144	0,716768493	11,57255064	0,775665887	0,453585773	0,875915984
A_21_P0010303	0,600553308	8,568800004	0,775365038	0,453756582	0,875915984
A_23_P29365	-0,423503985	10,13195296	-0,775343017	0,453769086	0,875915984
A_33_P3341540	-0,442193991	7,723872959	-0,775484711	0,453688632	0,875915984
A_32_P194962	-0,461482078	11,22639162	-0,775170452	0,453867082	0,875985213
A_33_P3408152	0,462071858	7,909717183	0,774835715	0,454057209	0,87602032
A_23_P39813	0,443237802	8,231708304	0,774832358	0,454059116	0,87602032
A_24_P122732	0,403061461	8,701317085	0,774810255	0,454071672	0,87602032
A_24_P152635	0,426415403	10,61906328	0,774270353	0,454378445	0,876176349
A_24_P53282	-0,536715623	8,578795506	-0,774230446	0,454401125	0,876176349
A_32_P42925	-0,384018261	16,11866349	-0,774275616	0,454375454	0,876176349
A_23_P34744	-0,429747277	10,5233716	-0,77427609	0,454375184	0,876176349
A_32_P52816	0,463050568	10,62164984	0,773921096	0,454576964	0,876395544
A_33_P3240747	-0,440734862	10,96527901	-0,773792525	0,454650058	0,87641662
A_33_P3352522	0,487028161	9,860109297	0,773630618	0,454742114	0,876474241
A_33_P3229863	-0,472033657	10,38672507	-0,773353731	0,454899574	0,876538074
A_33_P3270104	-0,383473748	6,643722362	-0,773461179	0,454838466	0,876538074
A_33_P3310929	-0,404191191	7,477218714	-0,773085186	0,455052322	0,876712584
A_24_P82630	0,384269339	7,06074179	0,772819088	0,455203712	0,876732199
A_23_P368645	0,471410336	11,64930315	0,772814391	0,455206384	0,876732199
A_21_P0000005	0,398640886	6,874917471	0,772739398	0,455249055	0,876732199
A_32_P8402	0,421692223	12,21268778	0,772454604	0,455411127	0,87680479
A_24_P97825	-0,515287871	9,172578139	-0,772540277	0,455362368	0,87680479
A_21_P0012200	0,381815201	16,52996764	0,772129579	0,455596138	0,876985612
A_23_P200203	0,423502941	14,2146094	0,772071067	0,45562945	0,876985612
A_24_P211558	0,408321821	8,305908505	0,771834045	0,455764405	0,877116046
A_32_P201979	0,384101416	7,016773128	0,77129812	0,456069642	0,877116046
A_33_P3212650	0,538832717	11,63159713	0,771241613	0,456101833	0,877116046
A_33_P3589217	0,564478053	12,75787827	0,77118928	0,456131648	0,877116046
A_33_P3287547	-0,413630187	7,54693611	-0,771187444	0,456132694	0,877116046
A_33_P3227990	-0,454147742	7,730594856	-0,771560792	0,45592002	0,877116046
A_23_P138105	-0,531310415	8,743422035	-0,771701286	0,455840006	0,877116046
A_33_P3211929	0,383702345	9,439438486	0,770865916	0,456315899	0,877229052
A_21_P0013164	-0,474237086	7,349919288	-0,770939027	0,456274237	0,877229052
A_23_P345808	0,393664295	6,3485514	0,770456602	0,456549193	0,877363348
A_19_P00316709	-0,531923274	8,552036189	-0,770197517	0,456696901	0,877363348
A_21_P0009690	-0,377442124	8,973155621	-0,770270219	0,45665545	0,877363348
A_33_P3238225	-0,438382404	9,052772101	-0,770365874	0,456600915	0,877363348
A_23_P207399	-0,405722418	13,31800033	-0,770502526	0,456523015	0,877363348
A_24_P325176	0,518664779	9,582235311	0,769556932	0,457062239	0,877945574
A_21_P0002284	0,399288561	7,477587952	0,769442612	0,457127458	0,877951236
A_23_P74449	0,547106518	10,71085043	0,768782528	0,457504145	0,878555018
A_33_P3233436	0,462523214	7,839091114	0,76849445	0,457668603	0,878624632
A_23_P320739	-0,609927214	12,47037307	-0,768391559	0,457727351	0,878624632

A_33_P3250015	-0,406546336	7,148948929	-0,768531794	0,457647282	0,878624632
A_23_P88099	-0,53362562	9,110723267	-0,768049499	0,457922691	0,878879938
A_21_P0002515	-0,404279541	6,750641675	-0,767621226	0,45816734	0,879229799
A_33_P3394727	0,434787186	7,649745861	0,76735271	0,458320771	0,879283786
A_21_P0010944	0,412829211	7,961895925	0,767083331	0,458474728	0,879283786
A_33_P3404759	0,459097062	7,942727676	0,766864784	0,458599658	0,879283786
A_33_P3406030	0,525477954	8,237269496	0,766808162	0,458632028	0,879283786
A_24_P349560	-0,380270897	9,440758691	-0,766847728	0,458609408	0,879283786
A_33_P3403082	-0,433607764	9,314237563	-0,767037231	0,458501078	0,879283786
A_33_P3352467	-0,642539487	8,173100143	-0,767247018	0,458381173	0,879283786
A_33_P3211809	0,561283442	10,84502135	0,766333418	0,458903495	0,87968462
A_33_P3285629	0,536050618	6,817254024	0,766157267	0,459004248	0,879758142
A_21_P0007126	0,373462638	6,851228714	0,765726218	0,459250853	0,879771958
A_23_P23303	0,490917989	9,906957969	0,765616837	0,459313443	0,879771958
A_33_P3440636	0,385418738	7,389164101	0,765122225	0,459596541	0,879771958
A_33_P3260377	0,39015581	7,210211798	0,764967462	0,459685144	0,879771958
A_33_P3226832	0,475009508	7,531993291	0,764861592	0,459745762	0,879771958
A_33_P3327822	0,380222347	6,908543891	0,764664548	0,459858597	0,879771958
A_33_P3240115	0,555546015	8,196627551	0,76443941	0,459987541	0,879771958
A_23_P428248	0,660552288	9,216716428	0,764412982	0,460002679	0,879771958
A_24_P418189	0,511836839	11,90685745	0,764404272	0,460007668	0,879771958
A_23_P60354	0,417747437	10,54728317	0,76419627	0,460126821	0,879771958
A_32_P223140	0,400384043	7,050323514	0,764043661	0,460214255	0,879771958
A_19_P00322219	0,373328216	6,657174361	0,764024917	0,460224995	0,879771958
A_23_P9458	0,512922914	8,580362927	0,763922177	0,460283865	0,879771958
A_33_P3294053	0,398423819	12,10524248	0,762805163	0,460924217	0,879771958
A_23_P146830	0,439906085	8,622912728	0,762801248	0,460926462	0,879771958
A_21_P0006742	0,38235505	6,604517592	0,762757488	0,46095156	0,879771958
A_19_P00325887	0,377408786	6,548562861	0,762659134	0,461007973	0,879771958
A_33_P3299796	0,409726105	7,950149452	0,762508523	0,461094367	0,879771958
A_23_P119964	0,382194203	11,30951247	0,762441104	0,461133043	0,879771958
A_33_P3374970	-0,383387649	6,984918826	-0,762501201	0,461098567	0,879771958
A_21_P0014135	-0,408429919	12,61084608	-0,762568664	0,461059867	0,879771958
A_32_P155631	-0,505709175	10,99940902	-0,762633535	0,461022656	0,879771958
A_33_P3276112	-0,407652302	7,159687346	-0,762708789	0,460979492	0,879771958
A_21_P0009554	-0,526600694	7,795944924	-0,762786603	0,460934861	0,879771958
A_33_P3391167	-0,384383366	8,59146195	-0,762834683	0,460907286	0,879771958
A_23_P137381	-0,413371405	7,78179122	-0,762921664	0,460857403	0,879771958
A_23_P59022	-0,413429847	11,96647673	-0,763096474	0,460757162	0,879771958
A_23_P49646	-0,509192917	11,75123279	-0,763439402	0,460560556	0,879771958
A_24_P142503	-0,381881073	6,805503285	-0,763678009	0,460423791	0,879771958
A_32_P167705	-0,393769723	6,982300709	-0,764223216	0,460111384	0,879771958
A_23_P88106	-0,444519863	6,97187765	-0,76448407	0,459961961	0,879771958
A_32_P703	-0,396494596	9,537126084	-0,76472309	0,459825072	0,879771958

A_24_P354496	-0,445970556	7,469127142	-0,765053733	0,459635752	0,879771958
A_23_P250228	-0,37497635	6,520564215	-0,765763643	0,459229438	0,879771958
A_23_P60499	0,377727795	7,112971874	0,761926517	0,461428316	0,880216186
A_23_P351467	-0,449973122	9,084670554	-0,761185523	0,461853713	0,880789327
A_21_P0001879	-0,435052574	10,47953488	-0,761280612	0,461799109	0,880789327
A_23_P115375	0,379923307	15,9435541	0,761034168	0,461940635	0,880793592
A_33_P3272169	0,448943343	8,886299524	0,76082681	0,462059736	0,880793592
A_24_P229871	-0,435153746	7,569791892	-0,760637809	0,46216831	0,880793592
A_21_P0012858	-0,393146791	7,058946308	-0,760651549	0,462160416	0,880793592
A_23_P380998	-0,503188516	9,886197966	-0,76072943	0,462115674	0,880793592
A_24_P915196	0,407761889	8,939230146	0,760419282	0,462293865	0,8809138
A_33_P3296858	0,406254528	8,803765501	0,760249564	0,462391392	0,88096677
A_21_P0009772	0,381908289	6,959467324	0,759757909	0,462673991	0,88096677
A_21_P0013963	0,382459465	6,891524904	0,759728634	0,462690822	0,88096677
A_33_P3278058	0,389199677	6,841646881	0,759713884	0,462699301	0,88096677
A_24_P394246	0,396389433	11,32389881	0,759552829	0,462791902	0,88096677
A_23_P77103	0,40758047	12,0375478	0,759474933	0,462836693	0,88096677
A_33_P3409620	0,388947306	6,947140211	0,759437147	0,462858421	0,88096677
A_23_P321160	0,382775565	8,065150789	0,759429063	0,46286307	0,88096677
A_24_P59220	0,387842818	14,65946988	0,759387999	0,462886684	0,88096677
A_33_P3415410	-0,381638041	6,686475438	-0,759283977	0,462946507	0,88096677
A_23_P385427	0,405902979	11,84624258	0,759026688	0,463094493	0,881015477
A_23_P50349	-0,374258597	8,582791036	-0,759022194	0,463097078	0,881015477
A_33_P3308263	0,400488834	7,510532531	0,758909414	0,463161956	0,881020024
A_24_P330303	0,404619293	6,70918106	0,758656209	0,463307635	0,881178248
A_23_P114808	0,499975353	8,971913083	0,758255908	0,463538005	0,881497483
A_23_P58321	0,415014438	11,17136015	0,757999901	0,463685373	0,881526842
A_33_P3213518	0,464139875	11,4016455	0,75788947	0,46374895	0,881526842
A_23_P58862	0,433440374	8,601826906	0,757794658	0,46380354	0,881526842
A_33_P3278275	-0,364678874	6,315027049	-0,75804258	0,463660803	0,881526842
A_33_P3264042	0,435245184	7,897028094	0,757166038	0,464165582	0,881577073
A_33_P3386364	0,397510936	11,32986322	0,757066332	0,464223023	0,881577073
A_33_P3336925	-0,413147265	10,75686307	-0,756446337	0,4645803	0,881577073
A_32_P40547	-0,48757541	9,564319037	-0,756486166	0,464557343	0,881577073
A_23_P26771	-0,412357467	9,043755345	-0,756499847	0,464549458	0,881577073
A_23_P211080	-0,389886228	7,760520842	-0,756589703	0,464497669	0,881577073
A_23_P74229	-0,428415672	15,39815333	-0,756607142	0,464487618	0,881577073
A_23_P429581	-0,416033521	6,923462936	-0,75692982	0,464301674	0,881577073
A_23_P106481	-0,598400124	12,4240172	-0,757050363	0,464232223	0,881577073
A_23_P150249	-0,390371181	12,07707916	-0,75741331	0,464023149	0,881577073
A_33_P3238997	-0,374108181	9,20621757	-0,757436009	0,464010075	0,881577073
A_23_P101093	-0,484353938	7,838646426	-0,757446433	0,464004072	0,881577073
A_23_P212639	0,381767975	14,41382689	0,756112441	0,464772782	0,881809882
A_33_P3246108	0,43888544	7,401959883	0,755920449	0,464883484	0,881809882

A_24_P125839	-0,376156144	9,430455487	-0,755799614	0,464953165	0,881809882
A_33_P3260634	-0,406002262	6,95892492	-0,755813059	0,464945411	0,881809882
A_23_P345564	0,374331405	7,288005398	0,755608076	0,465063631	0,881900758
A_33_P3370511	0,442245082	8,204975304	0,755412936	0,465176192	0,881909325
A_33_P3250750	0,451341369	8,020039724	0,755058114	0,465380905	0,881909325
A_21_P0010663	-0,458400885	10,71993252	-0,755128812	0,465340111	0,881909325
A_23_P18246	-0,39076292	7,820286315	-0,755274648	0,46525597	0,881909325
A_33_P3406255	-0,446767155	9,8977478	-0,755282963	0,465251173	0,881909325
A_33_P3299766	-0,375243117	9,76581476	-0,754941311	0,465448306	0,881918514
A_23_P129665	0,388323214	6,547782129	0,754396247	0,465762918	0,882242843
A_23_P99930	0,45275853	11,57158627	0,753876484	0,46606305	0,882242843
A_24_P43681	-0,515260718	10,37066855	-0,753777753	0,466120075	0,882242843
A_21_P0006589	-0,379688053	6,77857259	-0,753879362	0,466061388	0,882242843
A_21_P0010320	-0,372262332	6,418006475	-0,753915793	0,466040347	0,882242843
A_19_P00808453	-0,576118928	15,05856541	-0,754100508	0,465933674	0,882242843
A_19_P00322977	-0,541316175	9,119929158	-0,754252844	0,465845712	0,882242843
A_23_P1519	-0,437621245	8,694529896	-0,754506159	0,465699466	0,882242843
A_23_P24960	0,413002303	9,335748493	0,753648593	0,466194682	0,882265613
A_33_P3411477	-0,421078249	8,3546969	-0,753513243	0,466272872	0,882295159
A_21_P0012050	-0,411589556	8,395785249	-0,753128575	0,466495137	0,882597281
A_33_P3343996	0,406857699	8,569654423	0,753013393	0,466561703	0,882604784
A_21_P0012182	0,536909606	8,152716313	0,752860443	0,466650106	0,882653587
A_33_P3414058	0,48412276	9,612294413	0,752115139	0,467081028	0,883242214
A_23_P380951	0,457647822	7,827768716	0,752105509	0,467086598	0,883242214
A_21_P0005705	0,376818207	6,767473573	0,751985743	0,467155869	0,88325474
A_23_P319466	0,372222974	6,911078337	0,751379184	0,467506792	0,883459795
A_24_P317762	0,446449414	11,37186694	0,751195662	0,467613	0,883459795
A_19_P00322224	-0,460625962	7,950687952	-0,751148512	0,46764029	0,883459795
A_33_P3329013	-0,730752259	9,578222534	-0,751344568	0,467526824	0,883459795
A_33_P3244249	-0,406915157	6,616065291	-0,751446381	0,467467907	0,883459795
A_21_P0012418	-0,376407215	6,715209579	-0,751476826	0,46745029	0,883459795
A_23_P116557	0,42304678	10,31250584	0,750634987	0,467937571	0,883858203
A_23_P170088	0,379842768	7,07110862	0,750493278	0,468019628	0,883858203
A_23_P135357	0,414242238	10,31540346	0,750427992	0,468057435	0,883858203
A_21_P0011431	-0,477002938	9,873402073	-0,75035115	0,468101936	0,883858203
A_23_P125408	0,392856321	9,931470626	0,750171837	0,468205792	0,883911322
A_33_P3218772	0,505329386	9,89464884	0,750086099	0,468255456	0,883911322
A_23_P88904	0,537101619	10,07272934	0,749812411	0,46841401	0,884092253
A_23_P165691	-0,462823799	13,3274299	-0,749489015	0,468601406	0,884327563
A_23_P123563	0,382301377	17,98997245	0,74910132	0,468826123	0,884514854
A_23_P4494	-0,410635484	8,119895078	-0,749108581	0,468821914	0,884514854
A_23_P309803	0,396571208	11,41964528	0,748730474	0,469041137	0,884626132
A_33_P3315263	0,496216981	7,383433411	0,748678182	0,46907146	0,884626132
A_33_P3233125	-0,375942689	9,648028347	-0,748674948	0,469073336	0,884626132

A_23_P91076	-0,458571883	10,7870324	-0,74842259	0,469219693	0,884783796
A_33_P3292840	0,418775021	8,140377928	0,748292713	0,469295027	0,884807514
A_33_P3708658	-0,447703662	8,36202489	-0,747589061	0,469703308	0,885458877
A_23_P28834	0,427313165	7,067021209	0,747158507	0,469953239	0,885627963
A_23_P138507	0,380032652	12,087046	0,747001738	0,470044262	0,885627963
A_24_P261169	-0,470572798	9,416959669	-0,747022709	0,470032085	0,885627963
A_33_P3350748	-0,416799981	11,2924665	-0,747296595	0,469873072	0,885627963
A_24_P928901	-0,44183028	8,539340045	-0,746867352	0,470122297	0,885656637
A_21_P0007499	-0,372787421	7,103901809	-0,746584771	0,470286415	0,885847449
A_33_P3238390	0,458205745	7,834824397	0,746387964	0,470400737	0,885900465
A_33_P3229301	0,368767149	6,809623781	0,746319986	0,470440228	0,885900465
A_21_P0004394	-0,382839352	6,456562131	-0,74592654	0,47066884	0,886212603
A_24_P743907	-0,442131592	12,19622261	-0,745748074	0,47077256	0,886289535
A_24_P118247	0,459407101	8,155671381	0,745535479	0,470896134	0,886403817
A_23_P15182	-0,369989273	11,9152422	-0,745089876	0,471155214	0,886654746
A_23_P2884	-0,551118827	10,36507616	-0,745098968	0,471149927	0,886654746
A_21_P0011515	0,418843049	6,761220795	0,744849567	0,47129497	0,886799383
A_23_P39110	0,478638996	11,47501059	0,743832645	0,471886665	0,886940459
A_24_P131236	0,436160087	7,690022	0,743625331	0,472007348	0,886940459
A_32_P72940	0,389971006	15,31718948	0,743599966	0,472022114	0,886940459
A_24_P148499	0,509330767	8,740816311	0,743557659	0,472046745	0,886940459
A_33_P3224105	0,433214084	13,09787396	0,743531571	0,472061934	0,886940459
A_32_P74752	-0,506986874	7,809990587	-0,74388608	0,471855562	0,886940459
A_32_P192594	-0,380653024	11,9966932	-0,744084997	0,471739791	0,886940459
A_23_P83683	-0,375517383	6,93441534	-0,744277463	0,471627791	0,886940459
A_33_P3264179	-0,379054146	7,050589303	-0,744343608	0,471589304	0,886940459
A_33_P3222977	-0,373746957	6,470399282	-0,744492869	0,471502461	0,886940459
A_23_P160354	-0,445579615	9,009526537	-0,744570632	0,471457221	0,886940459
A_33_P3842886	0,393024323	12,03051582	0,743084741	0,472322129	0,887087357
A_24_P150791	0,362217743	6,849367253	0,742533462	0,472643269	0,887087357
A_23_P80336	0,423178725	12,08713329	0,742520621	0,472650751	0,887087357
A_24_P241318	0,49070463	8,903887637	0,742317173	0,472769303	0,887087357
A_23_P165078	-0,366868675	10,81789779	-0,742317879	0,472768891	0,887087357
A_23_P16743	-0,371259771	7,81838903	-0,74261603	0,472595162	0,887087357
A_33_P3242820	-0,548060736	11,87939119	-0,742794207	0,472491359	0,887087357
A_33_P3341524	-0,386101171	7,279366798	-0,742796984	0,472489741	0,887087357
A_21_P0001420	-0,370356149	6,537212045	-0,74303571	0,472350686	0,887087357
A_19_P00318409	-0,683983956	10,96651002	-0,743157481	0,472279765	0,887087357
A_23_P205623	0,442247099	7,909766625	0,742089077	0,472902239	0,887218719
A_23_P32722	0,3922233	7,245221009	0,741974794	0,472968853	0,887225634
A_21_P0013063	0,35738958	6,446037998	0,74117133	0,473437347	0,88759702
A_33_P3389540	0,43787084	15,64944063	0,740995852	0,473539705	0,88759702
A_23_P70127	-0,510493	10,71693677	-0,740987525	0,473544563	0,88759702
A_21_P0000723	-0,40280063	7,061639335	-0,741157544	0,473445387	0,88759702

A_23_P107612	-0,603352852	12,36158335	-0,741296664	0,473364246	0,88759702
A_21_P0002186	-0,399448523	6,62592229	-0,741389574	0,473310061	0,88759702
A_33_P3218625	-0,380208159	12,17008722	-0,740276129	0,473959672	0,888020919
A_33_P3240318	-0,427955978	9,852248724	-0,74037689	0,473900862	0,888020919
A_23_P92202	-0,511039353	9,445728951	-0,740382375	0,473897661	0,888020919
A_23_P114057	0,395195058	13,26920529	0,73997135	0,474137584	0,888118215
A_33_P3340847	-0,490610683	11,30767998	-0,740015844	0,474111608	0,888118215
A_23_P167017	-0,438766007	10,18722689	-0,739419342	0,47445992	0,88848591
A_21_P0001676	-0,43297145	7,191130605	-0,739499849	0,474412901	0,88848591
A_24_P110242	-0,374386018	6,780967299	-0,739112192	0,474639335	0,888703849
A_33_P3358844	-0,359229839	6,443802467	-0,73894069	0,474739532	0,888773424
A_21_P0002958	-0,389114186	6,618132759	-0,738700024	0,474880159	0,888918663
A_23_P311358	0,505380007	7,660092933	0,73828749	0,475121274	0,889043845
A_32_P231179	-0,474707384	7,610786789	-0,738261946	0,475136206	0,889043845
A_21_P0013549	-0,398821346	7,493045035	-0,738437751	0,475033441	0,889043845
A_21_P0012238	0,546445401	9,837179534	0,737973209	0,475305014	0,889045868
A_32_P494790	0,375834997	7,396077226	0,737860429	0,475370959	0,889045868
A_21_P0000617	0,387258579	7,898504958	0,737471459	0,475598446	0,889045868
A_33_P3239242	0,374556663	6,932698084	0,737448609	0,475611811	0,889045868
A_24_P940115	-0,641417129	9,439445923	-0,737397434	0,475641746	0,889045868
A_24_P16353	-0,380069369	6,441828533	-0,737529208	0,475564667	0,889045868
A_33_P3227079	-0,38881256	8,798879502	-0,737751824	0,475434469	0,889045868
A_21_P0012798	-0,3714702	6,487135443	-0,738027297	0,475273389	0,889045868
A_33_P3391076	0,446559968	8,437109618	0,73685776	0,475957501	0,889436636
A_33_P3356320	0,47945937	9,048079754	0,736824477	0,475976978	0,889436636
A_33_P3221253	0,50148894	8,63868507	0,73621491	0,476333792	0,889636149
A_23_P318039	0,371360547	7,87847391	0,736210893	0,476336144	0,889636149
A_24_P393958	-0,439240795	8,852849981	-0,736326575	0,476268416	0,889636149
A_24_P71244	-0,372615503	11,05766351	-0,736488841	0,476173424	0,889636149
A_33_P3245484	0,488638396	8,043288861	0,735736621	0,476613878	0,88980217
A_33_P3224971	0,552136221	11,8616184	0,735653261	0,476662703	0,88980217
A_33_P3217594	0,394739722	7,554684477	0,735537577	0,476730468	0,88980217
A_21_P0001138	-0,505564844	7,371632966	-0,735520296	0,476740591	0,88980217
A_33_P3356776	-0,358803932	6,365708673	-0,735735192	0,476614714	0,88980217
A_32_P184796	0,413276258	17,36073172	0,73496496	0,477065977	0,890212296
A_23_P86550	0,372236598	15,40274242	0,734809766	0,477156934	0,890212296
A_33_P3284584	0,515679689	9,661079349	0,734714302	0,47721289	0,890212296
A_24_P131392	-0,423708353	9,382090379	-0,734855279	0,477130259	0,890212296
A_33_P3335183	0,662141716	9,19440287	0,73450348	0,477336476	0,890325039
A_21_P0000877	0,410213057	7,105978414	0,73430339	0,477453789	0,890426054
A_33_P3560878	0,400823597	8,392954912	0,73395822	0,477656205	0,890478136
A_21_P0000798	0,407858975	6,670946256	0,73386148	0,477712945	0,890478136
A_23_P121276	0,381018416	9,432288038	0,733452311	0,477952979	0,890478136
A_33_P3702281	0,590271817	11,36398224	0,73338045	0,477995142	0,890478136

A_23_P86822	0,367722887	10,39026655	0,733286712	0,478050146	0,890478136
A_21_P0000080	-0,471106001	9,235754554	-0,733452217	0,477953034	0,890478136
A_24_P183128	-0,454292151	11,74900523	-0,733487785	0,477932166	0,890478136
A_33_P3281323	-0,363464654	7,399450932	-0,733747038	0,477780074	0,890478136
A_24_P193943	-0,462059001	7,98548929	-0,733749384	0,477778697	0,890478136
A_33_P3321996	0,356633735	6,476580604	0,733007301	0,478214123	0,890665907
A_33_P3359373	0,387398033	7,347640487	0,732798598	0,478336625	0,890776394
A_23_P41942	0,440389026	8,643111436	0,732648301	0,478424858	0,890823042
A_33_P3289426	0,386675571	11,36151211	0,732431027	0,478552427	0,890829192
A_32_P170481	0,54013516	7,978259911	0,732243515	0,478662539	0,890829192
A_24_P298420	0,533802536	8,530657588	0,73178768	0,478930283	0,890829192
A_33_P3214446	0,436996091	8,584909706	0,731627235	0,479024545	0,890829192
A_23_P24515	0,476901947	11,41613643	0,731566892	0,47906	0,890829192
A_33_P3214105	-0,520635075	8,584332482	-0,731616176	0,479031043	0,890829192
A_23_P122077	-0,396190779	7,556697893	-0,731742004	0,478957116	0,890829192
A_21_P0014886	-0,363336021	7,797360271	-0,73174776	0,478953734	0,890829192
A_23_P50786	-0,38986915	8,022595179	-0,732185052	0,478696873	0,890829192
A_33_P3222769	-0,474588781	11,62440681	-0,732411051	0,478564157	0,890829192
A_23_P360542	0,376247806	7,117134184	0,73109057	0,479339922	0,890931987
A_21_P0006954	0,426360126	8,465188227	0,730945378	0,479425269	0,890931987
A_33_P3285430	0,439240059	8,645847235	0,730935228	0,479431235	0,890931987
A_24_P315014	-0,41265438	7,088656736	-0,731006208	0,479389511	0,890931987
A_23_P57474	-0,484897366	7,629141785	-0,731013445	0,479385256	0,890931987
A_32_P95067	0,419517137	7,787972057	0,73024485	0,479837181	0,891206277
A_24_P240242	0,39698395	7,338019426	0,729942874	0,480014812	0,891206277
A_24_P401990	0,367873354	8,315905094	0,729767658	0,480117897	0,891206277
A_32_P385587	0,654213042	12,15829699	0,72965052	0,480186821	0,891206277
A_23_P141100	-0,566793397	9,42914578	-0,729609527	0,480210943	0,891206277
A_24_P194081	-0,366383838	13,73067835	-0,729673793	0,480173127	0,891206277
A_23_P253389	-0,463029926	8,711604604	-0,729691838	0,480162509	0,891206277
A_19_P00809055	-0,394046647	8,738392121	-0,729866917	0,480059498	0,891206277
A_21_P0005023	-0,49018825	11,15628314	-0,7299036	0,480037917	0,891206277
A_19_P00809682	-0,504154599	14,32432554	-0,730231622	0,479844962	0,891206277
A_24_P99795	0,390924099	10,40134281	0,729487298	0,480282871	0,891222453
A_21_P0009753	0,388317019	7,456683233	0,729201243	0,480451232	0,891253344
A_23_P139585	0,464813465	8,911322994	0,729090388	0,480516486	0,891253344
A_21_P0003658	0,44488674	7,733746076	0,728998007	0,480570871	0,891253344
A_33_P3267118	0,746630385	9,035070833	0,728772425	0,480703686	0,891253344
A_23_P1492	0,372389061	9,000438072	0,728690441	0,480751961	0,891253344
A_33_P3389942	0,43168076	14,52604222	0,728603722	0,480803027	0,891253344
A_33_P3235330	-0,377459343	10,50485862	-0,728385312	0,480931658	0,891253344
A_23_P6786	-0,410159558	10,05273244	-0,728491174	0,480869309	0,891253344
A_24_P387609	-0,699131178	8,84564901	-0,728589484	0,480811412	0,891253344
A_23_P417891	-0,48980935	7,574399663	-0,729284567	0,480402187	0,891253344

A_32_P831181	0,36951494	11,37843705	0,728045317	0,481131936	0,891469696
A_23_P20752	0,412253084	7,60035583	0,727972457	0,481174862	0,891469696
A_32_P186474	0,375356089	11,52351788	0,727726598	0,481319729	0,891601877
A_19_P00323041	0,368792443	11,15686148	0,727576645	0,481408099	0,891601877
A_24_P328504	0,627769914	10,07135377	0,727454999	0,481479794	0,891601877
A_33_P3250165	0,5504756	7,44281665	0,727422139	0,481499162	0,891601877
A_23_P319783	0,457591674	8,492906723	0,727054563	0,481715849	0,891878857
A_23_P204436	-0,375211549	9,767086574	-0,726846518	0,481838517	0,891878857
A_33_P3321120	-0,398556513	7,212312926	-0,726937081	0,481785117	0,891878857
A_32_P137399	0,436532608	7,18129522	0,726604939	0,481980983	0,891956184
A_33_P3217147	0,393393062	8,281824796	0,726561132	0,482006821	0,891956184
A_19_P00322932	-0,420105733	8,997123994	-0,726105406	0,482275655	0,892336543
A_21_P0010105	-0,384638224	8,379259562	-0,725665186	0,482535429	0,89246583
A_33_P3321507	-0,427081658	13,2982164	-0,725697116	0,482516585	0,89246583
A_23_P65506	-0,444095291	7,835072771	-0,725779969	0,482467688	0,89246583
A_32_P63848	-0,556105498	11,20604223	-0,725310921	0,482744545	0,892735485
A_21_P0011971	0,409549111	7,061289797	0,725065618	0,482889375	0,892884005
A_33_P3277913	0,395858498	6,716637992	0,724936048	0,482965885	0,892884005
A_33_P3282213	0,417928812	8,121538185	0,724853141	0,483014845	0,892884005
A_23_P60079	0,482905909	8,630675015	0,724626291	0,483148826	0,893014591
A_24_P168416	0,415567864	10,29304295	0,724356504	0,483308195	0,893064574
A_23_P171385	0,431582535	10,59237226	0,724293913	0,483345174	0,893064574
A_21_P0002085	-0,356820494	6,618532738	-0,72425884	0,483365896	0,893064574
A_24_P382253	0,371100319	10,15225366	0,7238533	0,483605536	0,893113278
A_32_P221305	0,520024489	11,73808621	0,723658606	0,48372061	0,893113278
A_23_P310274	0,442888436	8,891308031	0,723341041	0,483908343	0,893113278
A_19_P00318860	0,353819883	7,451772288	0,723333645	0,483912715	0,893113278
A_23_P205713	0,567938995	9,703296801	0,723084082	0,48406028	0,893113278
A_32_P113566	0,405865713	7,337705796	0,723009086	0,48410463	0,893113278
A_33_P3879920	0,364079437	13,62376021	0,7229283	0,484152407	0,893113278
A_23_P39814	-0,385244893	10,34895123	-0,723229029	0,483974571	0,893113278
A_32_P223777	-0,487784956	7,573697483	-0,723469367	0,483832475	0,893113278
A_24_P142495	-0,414813138	10,67165435	-0,723688681	0,483702833	0,893113278
A_33_P3372501	-0,368211713	7,738739766	-0,723831756	0,483618269	0,893113278
A_23_P101380	-0,483529468	11,68181097	-0,724089471	0,48346597	0,893113278
A_23_P54055	0,404522166	6,57113908	0,722693889	0,484291054	0,893252169
A_23_P141248	0,360081314	8,795569849	0,722505564	0,48440246	0,893270935
A_24_P222684	-0,358539876	12,11069232	-0,722355406	0,4844913	0,893270935
A_23_P149545	-0,487085738	6,989767759	-0,722451869	0,484434227	0,893270935
A_19_P00808126	0,359158542	6,652529744	0,722177479	0,484596581	0,893348221
A_21_P0011375	0,449472211	7,923380829	0,721749802	0,4848497	0,89369799
A_23_P209320	0,394950719	9,612362307	0,721594316	0,484941745	0,893750805
A_23_P125977	-0,47995008	8,388490497	-0,721410404	0,48505063	0,89383464
A_21_P0000671	0,602314887	8,019407046	0,721146378	0,485206973	0,894005895

A_33_P3355055	0,358061187	11,57535815	0,721028784	0,485276616	0,89401738
A_33_P3258923	0,364114646	6,619938803	0,720607759	0,485526013	0,894290844
A_23_P202860	0,359235447	12,08341734	0,720564044	0,485551912	0,894290844
A_21_P0013234	0,390481926	8,481551242	0,720262839	0,485730387	0,894293294
A_24_P743802	0,383629758	10,69593462	0,720087201	0,485834477	0,894293294
A_24_P94402	0,76871505	9,823457617	0,719607624	0,486118763	0,894293294
A_23_P160537	0,428335764	10,9653534	0,719553974	0,486150573	0,894293294
A_23_P217968	0,382442208	9,039471203	0,719491631	0,486187538	0,894293294
A_23_P208302	-0,421689397	8,080988795	-0,7195766	0,486137158	0,894293294
A_33_P3289865	-0,388188029	7,237342697	-0,719845117	0,485977968	0,894293294
A_23_P141770	-0,425697348	12,16770205	-0,719911541	0,485938594	0,894293294
A_23_P13998	-0,391150702	9,400569063	-0,719932456	0,485926196	0,894293294
A_33_P3307886	-0,502582817	10,95792821	-0,720026571	0,485870412	0,894293294
A_33_P3256095	0,379793978	11,69827203	0,71909908	0,486420333	0,89437145
A_24_P258846	-0,379775208	9,057847504	-0,719205263	0,486357356	0,89437145
A_24_P415327	-0,445588099	11,2616594	-0,719250813	0,486330343	0,89437145
A_23_P53763	0,377147398	6,828783896	0,718184763	0,486962816	0,894934128
A_33_P3343290	0,452271907	9,331342063	0,718076695	0,48702696	0,894934128
A_21_P0009234	0,382098032	7,364018198	0,718047627	0,487044214	0,894934128
A_23_P93750	0,387348358	13,23549299	0,71794151	0,487107206	0,894934128
A_23_P201432	-0,449918007	10,11569348	-0,717948745	0,487102911	0,894934128
A_33_P3410232	-0,403753643	6,802381739	-0,718324979	0,486879599	0,894934128
A_33_P3334108	-0,428829682	8,956877581	-0,717510155	0,487363313	0,895287994
A_23_P257834	0,627410882	7,751157288	0,717213262	0,487539635	0,895378574
A_23_P153853	-0,609643977	11,44022207	-0,717282395	0,487498574	0,895378574
A_24_P382401	0,408099232	7,863950394	0,716822298	0,487771883	0,895401344
A_33_P3829391	0,360393188	6,796759999	0,716761717	0,487807877	0,895401344
A_23_P118174	0,491481807	9,798275055	0,716727843	0,487828004	0,895401344
A_33_P3246007	0,408101878	12,84843166	0,716702144	0,487843273	0,895401344
A_24_P228667	-0,547003209	10,44901399	-0,716551005	0,487933082	0,895401344
A_24_P383850	-0,486380652	10,68061046	-0,716551026	0,48793307	0,895401344
A_24_P162244	0,360159874	7,131750995	0,715668177	0,488457873	0,895779356
A_23_P50000	0,388750534	9,53847176	0,715567082	0,488517991	0,895779356
A_33_P3289745	-0,357675919	7,367444769	-0,715563228	0,488520283	0,895779356
A_23_P125042	-0,402282327	7,780681885	-0,715600243	0,488498271	0,895779356
A_24_P125283	-0,471601586	10,41182057	-0,715671299	0,488456017	0,895779356
A_21_P0000426	-0,369286141	6,875615007	-0,715733099	0,48841927	0,895779356
A_33_P3308553	0,398554523	7,61236037	0,715448383	0,488588582	0,895788092
A_24_P914495	0,503973944	9,690107497	0,715176168	0,488750495	0,895857859
A_33_P3300212	0,393700425	7,993827291	0,71516307	0,488758286	0,895857859
A_24_P119259	-0,359155571	7,770504217	-0,71506394	0,488817257	0,895857859
A_21_P0010403	0,348369834	7,099817029	0,714773219	0,488990228	0,895978973
A_23_P12082	0,373083119	6,80510753	0,71438054	0,48922392	0,895978973
A_33_P3399875	0,368970864	7,422270342	0,71428388	0,489281455	0,895978973

A_24_P941643	0,383559963	7,196606138	0,713806566	0,489565627	0,895978973
A_33_P3361393	0,362694055	12,95908113	0,713719915	0,489617226	0,895978973
A_24_P163405	0,389802366	10,19906333	0,713639612	0,489665048	0,895978973
A_33_P3226395	0,500524662	11,17568271	0,713592199	0,489693285	0,895978973
A_24_P195794	0,386790649	15,00958824	0,713552398	0,489716989	0,895978973
A_19_P00801576	0,424156863	11,85956932	0,713542503	0,489722883	0,895978973
A_24_P161581	0,380043047	7,569110087	0,713422624	0,489794283	0,895978973
A_33_P3424364	0,39231385	7,261566333	0,71256391	0,490305925	0,895978973
A_23_P14165	0,382718181	6,812608589	0,712452541	0,490372304	0,895978973
A_23_P145114	0,353239463	11,90349816	0,71166825	0,490839926	0,895978973
A_21_P0002180	0,357136704	6,694264086	0,711636973	0,49085858	0,895978973
A_24_P242132	0,397889094	7,368153554	0,711474697	0,490955371	0,895978973
A_21_P0008856	0,560757833	9,485289367	0,711451464	0,49096923	0,895978973
A_33_P3263193	0,356888256	11,8661492	0,71140266	0,490998342	0,895978973
A_33_P3411315	0,534713963	11,71589538	0,711122075	0,491165735	0,895978973
A_21_P0011123	0,401977739	8,325302126	0,71100101	0,491237972	0,895978973
A_23_P40347	0,350325188	12,67408614	0,710552717	0,491505514	0,895978973
A_33_P3821660	0,421559228	8,756944046	0,710489696	0,491543133	0,895978973
A_33_P3374903	0,531043309	8,594251712	0,710308629	0,491651224	0,895978973
A_24_P404245	0,373414509	10,33245054	0,710028092	0,491818724	0,895978973
A_33_P3376273	0,445661348	7,926427478	0,709892404	0,491899752	0,895978973
A_21_P0014329	0,349998403	11,69466794	0,709792252	0,491959564	0,895978973
A_23_P6708	0,345200706	14,07062407	0,709594579	0,49207763	0,895978973
A_33_P3419733	0,663866505	10,44559573	0,709448224	0,492165057	0,895978973
A_33_P3269803	0,356564321	12,88695669	0,709370265	0,49221163	0,895978973
A_23_P139600	0,552031773	9,467045977	0,709111029	0,492366518	0,895978973
A_21_P0011336	0,516530576	7,998608926	0,708946479	0,492464849	0,895978973
A_23_P69637	0,360586023	7,085071903	0,708678035	0,49262529	0,895978973
A_23_P93046	0,459485984	10,93166321	0,70863841	0,492648975	0,895978973
A_23_P128408	0,375073121	10,21795964	0,708536468	0,492709913	0,895978973
A_23_P434890	0,396157486	7,838642818	0,708524159	0,492717271	0,895978973
A_21_P0000166	0,343245821	6,566262059	0,708433381	0,49277154	0,895978973
A_21_P0009323	0,375810204	7,859398078	0,708416312	0,492781744	0,895978973
A_23_P24535	0,382160951	8,555162787	0,707912877	0,493082776	0,895978973
A_33_P3363933	0,393638404	7,423843699	0,707506865	0,493325634	0,895978973
A_21_P0000157	0,372752794	10,55141026	0,707362794	0,493411829	0,895978973
A_24_P38572	0,412209539	8,805808316	0,707003904	0,493626584	0,895978973
A_23_P383009	0,491057494	7,447515641	0,706851436	0,493717836	0,895978973
A_21_P0008046	0,510060477	9,219548077	0,706729368	0,493790901	0,895978973
A_32_P108254	0,379192994	7,18653401	0,706629399	0,493850744	0,895978973
A_33_P3234864	0,741513353	10,07220321	0,706451864	0,493957028	0,895978973
A_33_P3239569	0,374032913	7,658113068	0,706434756	0,493967271	0,895978973
A_33_P3362567	-0,354012502	8,686479497	-0,706461276	0,493951393	0,895978973
A_24_P7584	-0,43858916	8,511391705	-0,706515088	0,493919177	0,895978973

A_23_P103905	-0,432739754	12,06446904	-0,706641554	0,493843467	0,895978973
A_23_P419624	-0,423803253	9,804602978	-0,706796458	0,493750743	0,895978973
A_19_P00317560	-0,396596559	7,132039939	-0,706976613	0,493642916	0,895978973
A_23_P126735	-0,378932997	7,566096151	-0,707010694	0,49362252	0,895978973
A_23_P157795	-0,456245476	11,79061045	-0,707151319	0,493538366	0,895978973
A_33_P3210875	-0,40174173	9,968688235	-0,707295173	0,493452287	0,895978973
A_23_P500282	-0,353297035	11,0897736	-0,707641737	0,493244952	0,895978973
A_24_P943781	-0,36624587	6,693245707	-0,708050126	0,493000696	0,895978973
A_23_P211680	-0,352606352	15,19471643	-0,708282256	0,492861893	0,895978973
A_33_P3283900	-0,383352237	8,966716125	-0,708711968	0,492605007	0,895978973
A_21_P0009041	-0,350733345	6,602796867	-0,708874206	0,492508041	0,895978973
A_33_P3374049	-0,512325153	9,477732476	-0,709245756	0,492286018	0,895978973
A_21_P0008363	-0,374417336	6,828143584	-0,709559201	0,492098763	0,895978973
A_24_P889720	-0,362789642	17,10554576	-0,71017792	0,491729262	0,895978973
A_21_P0006030	-0,358747932	6,859436148	-0,710312682	0,491648804	0,895978973
A_24_P280897	-0,530619574	12,82784535	-0,710405077	0,491593645	0,895978973
A_21_P0012967	-0,412604047	7,946014587	-0,710453249	0,491564889	0,895978973
A_24_P295601	-0,459193017	9,427205063	-0,710848512	0,491328973	0,895978973
A_19_P00321030	-0,347980743	6,793714513	-0,711141228	0,490992603	0,895978973
A_33_P3233774	-0,358950911	8,51609579	-0,711521682	0,490927345	0,895978973
A_33_P3212982	-0,385641587	10,39952501	-0,711530344	0,490922179	0,895978973
A_33_P3254634	-0,405765556	9,641508124	-0,712113644	0,490574333	0,895978973
A_33_P3323722	-0,434960121	14,59449415	-0,712177901	0,490536024	0,895978973
A_23_P116829	-0,514661875	9,265540122	-0,712388132	0,490410697	0,895978973
A_21_P0001549	-0,429460471	9,47344815	-0,712483651	0,490353761	0,895978973
A_21_P0012984	-0,36482178	6,782281842	-0,712900142	0,490105551	0,895978973
A_33_P3307013	-0,547518399	8,304085502	-0,712986967	0,490053817	0,895978973
A_33_P3246010	-0,44608023	10,34790859	-0,713083884	0,489996073	0,895978973
A_23_P39542	-0,430126055	9,866907123	-0,713241533	0,489902154	0,895978973
A_23_P348183	-0,559357748	8,965910938	-0,713427859	0,489791165	0,895978973
A_33_P3215864	-0,458466469	9,297230372	-0,713854121	0,489537311	0,895978973
A_33_P3415221	-0,587127479	10,63398585	-0,714124372	0,489376408	0,895978973
A_33_P3376762	-0,389735304	9,052654085	-0,714661603	0,489056646	0,895978973
A_23_P145089	0,515251142	12,97372899	0,706116438	0,494157876	0,896059673
A_21_P0005606	0,363477627	7,238084184	0,706014431	0,494218966	0,896059673
A_24_P336718	0,359861405	7,206246118	0,705832032	0,494328213	0,896059673
A_23_P29046	0,57978172	10,61781467	0,705829822	0,494329537	0,896059673
A_23_P109133	-0,434562679	8,914082679	-0,706013623	0,49421945	0,896059673
A_21_P0005729	-0,368503958	6,82388499	-0,705675212	0,494422151	0,896112341
A_24_P377144	-0,396582609	9,868019	-0,705471155	0,494544401	0,896218703
A_24_P277657	-0,692434476	12,17956223	-0,704992203	0,494831411	0,896623579
A_33_P3236272	0,391788901	7,419609027	0,704843506	0,494920538	0,896669837
A_24_P4661	0,450086488	10,36937492	0,70460059	0,49506616	0,896679521
A_23_P146146	-0,360792875	6,938634784	-0,704516325	0,49511668	0,896679521

A_23_P135730	-0,627507216	9,749808858	-0,704677376	0,495020126	0,896679521
A_21_P0014522	0,381199187	7,929064875	0,704009838	0,495420407	0,897099666
A_21_P0012570	0,430722852	8,363828715	0,703813217	0,495538346	0,897099666
A_24_P182620	0,371289663	6,853848258	0,703796301	0,495548494	0,897099666
A_24_P384397	-0,423360012	12,12252069	-0,703705134	0,495603184	0,897099666
A_23_P208373	0,429049905	7,608471024	0,703502885	0,495724526	0,897109052
A_33_P3594654	0,35720542	10,2887292	0,703378341	0,495799257	0,897109052
A_23_P59410	-0,382761112	7,586491918	-0,703456821	0,495752166	0,897109052
A_23_P130020	0,352247489	11,21189825	0,703145241	0,495939144	0,897237561
A_23_P154050	0,652645853	9,037383836	0,702710249	0,496200253	0,897237561
A_21_P0013352	0,415513776	7,468426699	0,702372425	0,496403093	0,897237561
A_23_P12392	0,442691777	9,350180954	0,702224994	0,496491631	0,897237561
A_21_P0010170	0,342771154	6,696650831	0,702211294	0,496499859	0,897237561
A_24_P163920	0,558806752	9,716194254	0,701732513	0,496787453	0,897237561
A_23_P74914	0,52220398	9,084717767	0,70172639	0,496791132	0,897237561
A_23_P122624	0,359317565	11,1811912	0,701663373	0,496828993	0,897237561
A_23_P128734	0,352255785	14,02143706	0,701348921	0,497017943	0,897237561
A_23_P117797	0,440372608	10,23417067	0,700918477	0,497276661	0,897237561
A_21_P0004513	0,359280936	7,406183992	0,700781903	0,497358765	0,897237561
A_21_P0000250	0,379798803	9,949297897	0,700509075	0,497522807	0,897237561
A_33_P3262118	0,36090515	7,391498484	0,700322654	0,497634915	0,897237561
A_21_P0009602	0,434695542	7,295458454	0,700224758	0,497693791	0,897237561
A_23_P137209	0,367438651	12,66346955	0,700071993	0,497785677	0,897237561
A_33_P3248325	0,366086897	7,004075	0,700045892	0,497801378	0,897237561
A_32_P396186	0,401449369	8,712077212	0,699983305	0,497839026	0,897237561
A_24_P296508	-0,346872365	10,5209932	-0,699976583	0,49784307	0,897237561
A_24_P627984	-0,503828055	8,82659227	-0,70008001	0,497780855	0,897237561
A_32_P149492	-0,350385161	10,36596095	-0,700435098	0,497567292	0,897237561
A_23_P79842	-0,416125467	13,79813411	-0,700906542	0,497283835	0,897237561
A_33_P3289162	-0,384139024	7,938519204	-0,701025381	0,497212399	0,897237561
A_23_P36018	-0,386733844	7,255905415	-0,701198153	0,497108552	0,897237561
A_33_P3780123	-0,381524913	7,372615614	-0,701282973	0,497057575	0,897237561
A_24_P346126	-0,574937885	10,24995085	-0,701343304	0,497021318	0,897237561
A_21_P0009600	-0,384210877	6,80901038	-0,701573707	0,496882867	0,897237561
A_33_P3243118	-0,416884451	7,032117602	-0,701852913	0,496715122	0,897237561
A_23_P116743	-0,391309171	13,21693048	-0,70237404	0,496402123	0,897237561
A_33_P3216232	-0,383122292	9,796246414	-0,702380794	0,496398067	0,897237561
A_24_P9883	-0,379391592	9,367464593	-0,702436847	0,496364408	0,897237561
A_33_P3399755	-0,528866508	10,61132051	-0,702964382	0,496047697	0,897237561
A_32_P132477	0,359947501	8,530551896	0,699088649	0,498377386	0,898083992
A_33_P3413795	0,456936051	8,243334802	0,698930531	0,498472571	0,898083992
A_21_P0000510	0,417006587	8,615377984	0,698537928	0,498708958	0,898083992
A_24_P320171	0,365076174	7,462178715	0,698527196	0,498715421	0,898083992
A_33_P3377364	0,36039907	7,610313494	0,698455476	0,498758611	0,898083992

A_24_P173124	-0,43082369	8,135156687	-0,698620446	0,498659268	0,898083992
A_23_P100730	-0,481421037	11,45347053	-0,698726417	0,49859546	0,898083992
A_23_P325080	0,411506181	9,014906133	0,698034021	0,499012461	0,898426343
A_33_P3252048	0,515174248	9,855843392	0,697593914	0,499277628	0,89867134
A_23_P88134	0,342877184	9,155644204	0,697576133	0,499288344	0,89867134
A_33_P3408722	-0,342019826	7,347924339	-0,697490812	0,49933976	0,89867134
A_32_P96719	0,372082326	10,62088642	0,697222592	0,499501418	0,898847543
A_24_P136758	0,426765354	7,604012153	0,697051607	0,499604489	0,898918286
A_21_P0013894	0,578564144	10,45554236	0,696816508	0,499746228	0,89894999
A_23_P356646	0,375680879	7,553181769	0,696810867	0,499749629	0,89894999
A_23_P7066	0,358444594	16,61962852	0,696160377	0,500141932	0,899082124
A_33_P3339109	-0,350265497	8,359335862	-0,696201796	0,500116947	0,899082124
A_21_P0014023	-0,403794798	12,99013908	-0,696355227	0,500024401	0,899082124
A_24_P322908	-0,35282474	8,242248418	-0,696385199	0,500006324	0,899082124
A_33_P3317073	-0,512509062	10,00785304	-0,696450104	0,499967178	0,899082124
A_33_P3418611	0,372739077	12,70844995	0,69565327	0,500447891	0,899438569
A_33_P3402773	0,472839206	9,326740261	0,695620272	0,500467804	0,899438569
A_21_P0006970	0,371936223	7,880477224	0,695075757	0,500796466	0,899799844
A_33_P3374893	-0,407239467	7,185887309	-0,69508672	0,500789848	0,899799844
A_24_P380022	-0,346635705	8,925087662	-0,69491926	0,50089095	0,899854932
A_23_P393531	0,383628954	8,098332354	0,694457307	0,501169912	0,899967116
A_21_P0013759	0,483339363	9,971107809	0,694399048	0,5012051	0,899967116
A_33_P3345501	-0,501498238	11,73633599	-0,694393048	0,501208724	0,899967116
A_24_P304071	-0,365033077	8,070259436	-0,694505222	0,501140973	0,899967116
A_33_P3311979	-0,407788026	12,16353269	-0,694206237	0,501321566	0,900055108
A_33_P3316522	-0,415364737	7,615360595	-0,693824179	0,501552394	0,900354877
A_33_P3313401	-0,548872349	11,92397555	-0,693701083	0,501626779	0,900373769
A_24_P244699	0,457507273	7,652262432	0,693554405	0,501715422	0,900418245
A_19_P00316344	0,338002436	8,729414148	0,693331949	0,501849879	0,900544921
A_23_P204052	0,354171149	11,18374493	0,692990897	0,50205606	0,900586053
A_23_P102832	0,34031684	9,890994307	0,692943586	0,502084665	0,900586053
A_23_P376591	0,377164734	7,879636136	0,692850838	0,502140746	0,900586053
A_23_P120364	0,35093969	14,96921449	0,692828157	0,502154461	0,900586053
A_23_P428382	-0,358758448	12,59907185	-0,69276578	0,50219218	0,900586053
A_23_P50897	0,373367877	11,06905047	0,692608383	0,502287367	0,900642195
A_33_P3246623	0,364620289	7,03263648	0,692383911	0,502423135	0,900656552
A_23_P381714	-0,597631055	8,854123172	-0,692453578	0,502380996	0,900656552
A_33_P3214501	0,406034252	7,693981013	0,692034393	0,502634579	0,900799285
A_33_P3399373	0,340185381	12,87750902	0,691830233	0,502758112	0,900799285
A_33_P3278410	-0,460958708	7,653527265	-0,691724309	0,502822212	0,900799285
A_23_P382045	-0,405222558	9,238475625	-0,6917708	0,502794078	0,900799285
A_23_P203173	-0,392164007	13,85727484	-0,691885936	0,502724406	0,900799285
A_23_P74950	0,352127021	13,89613655	0,691483132	0,502968178	0,900829218
A_33_P3233105	0,59363341	7,963004673	0,691241597	0,503114387	0,900829218

A_33_P3318946	0,601018223	14,28523097	0,691031001	0,503241887	0,900829218
A_19_P00810748	0,403656911	7,688852898	0,691029229	0,503242961	0,900829218
A_21_P0009120	0,37974588	8,144075954	0,690995074	0,50326364	0,900829218
A_23_P318604	0,384375986	10,89714107	0,690957861	0,503286173	0,900829218
A_21_P0004684	-0,341163911	7,786886539	-0,691352903	0,503047006	0,900829218
A_23_P107644	0,414082862	15,18806144	0,690545655	0,503535803	0,900873997
A_32_P207243	0,537097478	10,29670346	0,690429423	0,503606207	0,900873997
A_21_P0005036	0,403554159	8,02400805	0,690314519	0,503675811	0,900873997
A_23_P213959	0,418277752	8,405897132	0,690258517	0,503709737	0,900873997
A_23_P170213	0,331795347	6,645299216	0,689825087	0,503972354	0,900873997
A_33_P3234859	0,610054123	9,551279152	0,689398559	0,50423087	0,900873997
A_33_P3235184	0,401029081	9,117103054	0,68933682	0,504268297	0,900873997
A_19_P00320804	-0,349998553	6,7008609	-0,689334612	0,504269635	0,900873997
A_23_P137715	-0,539241961	10,82102075	-0,68940315	0,504228088	0,900873997
A_33_P3345186	-0,382856485	7,905063597	-0,689623928	0,504094266	0,900873997
A_33_P3407049	-0,379689848	7,560693859	-0,689802005	0,503986343	0,900873997
A_21_P0000936	-0,359755361	7,455347256	-0,689844417	0,503960641	0,900873997
A_33_P3311611	-0,348486171	6,855949305	-0,690130478	0,503787308	0,900873997
A_33_P3701139	-0,474409257	10,27385987	-0,690435492	0,50360253	0,900873997
A_24_P27977	-0,397766085	9,867199933	-0,690693941	0,503445993	0,900873997
A_24_P203056	0,428866521	9,948920025	0,689205553	0,504347876	0,900899621
A_23_P369328	0,56556153	8,208762047	0,689051084	0,504441531	0,900909005
A_24_P247536	0,46025564	9,007428776	0,688986113	0,504480927	0,900909005
A_23_P24485	0,372476663	7,111406532	0,688864492	0,504554677	0,900926594
A_33_P3312638	0,403990491	7,933402539	0,688487587	0,504783271	0,901068764
A_23_P40072	0,340680168	10,88339445	0,688349076	0,504867294	0,901068764
A_21_P0007218	0,430627988	8,573109321	0,688071206	0,505035879	0,901068764
A_23_P154086	0,402571265	11,52611252	0,688063652	0,505040462	0,901068764
A_24_P124662	0,351274602	10,6147168	0,687995743	0,505081668	0,901068764
A_33_P3413840	-0,419317399	9,319812117	-0,688137411	0,504995709	0,901068764
A_33_P3422133	-0,384212243	12,22453173	-0,688408979	0,504830954	0,901068764
A_33_P3216337	0,340001208	13,02568162	0,687637534	0,505299057	0,90112374
A_23_P309292	0,552062475	10,53346451	0,687600914	0,505321283	0,90112374
A_33_P3231277	0,460352473	8,394541586	0,687425051	0,505428034	0,90112374
A_33_P3249259	-0,374817023	7,567912394	-0,687418427	0,505432055	0,90112374
A_24_P314179	-0,620254334	10,99459797	-0,687760302	0,505224545	0,90112374
A_33_P3407826	0,495415973	12,04272919	0,686558533	0,505954214	0,901590161
A_23_P257423	0,396295283	9,084899536	0,685726887	0,506459527	0,901590161
A_33_P3391803	-0,455286792	8,205517702	-0,685724413	0,506461031	0,901590161
A_23_P2097	-0,500149114	9,538419855	-0,685917267	0,506343824	0,901590161
A_33_P3216955	-0,357000522	9,169991176	-0,685971361	0,506310952	0,901590161
A_23_P143885	-0,54102193	10,29335026	-0,686015776	0,506283962	0,901590161
A_23_P357104	-0,352277221	11,29606759	-0,686112101	0,506225432	0,901590161
A_21_P0009777	-0,396801421	7,345322411	-0,686248347	0,50614265	0,901590161

A_33_P3311267	-0,54450964	9,515117139	-0,68630835	0,506106196	0,901590161
A_33_P3398437	-0,469151836	9,293056138	-0,686376315	0,506064906	0,901590161
A_24_P313262	-0,472575892	10,41172253	-0,686555508	0,505956052	0,901590161
A_23_P65466	-0,361736062	9,856957687	-0,686802852	0,505805822	0,901590161
A_24_P8454	0,516589284	9,353938633	0,685303018	0,506717188	0,90170728
A_33_P3384133	0,506706522	9,388316706	0,685273482	0,506735145	0,90170728
A_33_P3385912	0,389684901	6,97172782	0,685030474	0,506882903	0,90170728
A_33_P3305105	0,368731115	9,490272953	0,684985003	0,506910554	0,90170728
A_21_P0010934	-0,344297986	6,624946423	-0,685032518	0,50688166	0,90170728
A_21_P0002689	-0,399707094	7,71408782	-0,685245626	0,506752082	0,90170728
A_33_P3225522	0,559327278	7,906597801	0,68481256	0,507015424	0,901713142
A_23_P390097	-0,568548666	9,488237385	-0,684769257	0,507041761	0,901713142
A_33_P3245987	0,396488269	7,356659815	0,684615868	0,507135058	0,901765314
A_23_P84782	0,39250845	11,65927169	0,684153847	0,507416137	0,902119691
A_23_P65455	0,387751282	10,23233822	0,683730698	0,50767365	0,902119691
A_23_P383132	0,36509865	11,47679733	0,683542172	0,507788405	0,902119691
A_33_P3256267	0,340529093	6,832909763	0,683445788	0,50784708	0,902119691
A_21_P0007694	0,334973882	7,377435903	0,683303709	0,507933579	0,902119691
A_21_P0007916	-0,383930834	9,372047896	-0,68313191	0,508038183	0,902119691
A_19_P00323413	-0,339020883	6,589117946	-0,683183374	0,508006847	0,902119691
A_23_P381261	-0,418186136	10,62773558	-0,683212783	0,50798894	0,902119691
A_33_P3374117	-0,354763513	6,912697559	-0,683515923	0,507804384	0,902119691
A_33_P3368452	-0,373330953	9,860945283	-0,683662181	0,507715355	0,902119691
A_23_P201386	-0,436437247	9,435565844	-0,684002459	0,507508258	0,902119691
A_33_P3298617	0,352501828	7,825495691	0,682980784	0,508130211	0,902169481
A_33_P3249214	0,339117022	11,02923214	0,682723282	0,508287039	0,902334294
A_23_P140668	0,332057743	8,820446618	0,682590726	0,508367782	0,90234225
A_33_P3247629	0,441048285	8,29742717	0,682505792	0,508419521	0,90234225
A_33_P3349259	0,363528011	8,021513647	0,681996477	0,508729845	0,902384433
A_21_P0007061	0,337687274	6,541724672	0,68197669	0,508741904	0,902384433
A_23_P64343	0,412359261	12,65866021	0,681787356	0,508857295	0,902384433
A_21_P0013893	0,371786942	7,557833528	0,681655213	0,50893784	0,902384433
A_32_P68942	0,357517438	6,953591871	0,681416562	0,509083324	0,902384433
A_33_P3356886	-0,375247467	6,706198913	-0,681494392	0,509035875	0,902384433
A_33_P3592015	-0,344405919	9,547446395	-0,681592794	0,508975888	0,902384433
A_23_P408095	-0,343194976	14,48042745	-0,681684373	0,508920065	0,902384433
A_24_P321626	-0,39092179	10,02473846	-0,681725116	0,508895231	0,902384433
A_23_P252541	-0,400884483	10,69268361	-0,682213027	0,508597888	0,902384433
A_19_P00321977	0,413027405	8,540452028	0,681189743	0,509221617	0,9025161
A_33_P3211666	0,712657087	11,18320007	0,680905955	0,509394677	0,902631023
A_24_P412976	0,363897174	11,4842129	0,680622505	0,509567565	0,902631023
A_33_P3404651	0,525331953	10,36893282	0,680558574	0,509606564	0,902631023
A_24_P354715	-0,354284217	6,880629342	-0,680604069	0,509578811	0,902631023
A_23_P77833	-0,427661981	8,690355919	-0,68080385	0,509456951	0,902631023

A_23_P125265	0,352673035	15,3794171	0,680221791	0,509812037	0,902875773
A_33_P3304528	-0,387080191	10,54358152	-0,680122177	0,509872821	0,902875773
A_23_P107735	0,493720553	12,39503631	0,679461437	0,510276113	0,902909503
A_33_P3270599	-0,518632343	10,97784424	-0,679544068	0,510225668	0,902909503
A_33_P3315223	-0,485360449	10,46651022	-0,67954802	0,510223255	0,902909503
A_21_P0011065	-0,362756325	13,13919196	-0,679707379	0,510125977	0,902909503
A_23_P204423	-0,623810348	11,44096108	-0,679713807	0,510122054	0,902909503
A_23_P392126	-0,385932223	11,61248127	-0,679720972	0,51011768	0,902909503
A_23_P107963	-0,397923179	10,48759173	-0,679177667	0,510449375	0,90310274
A_32_P150391	0,352249348	7,504327768	0,678636992	0,510779591	0,903149675
A_33_P3283167	0,367691479	11,27434991	0,678301778	0,510984385	0,903149675
A_23_P117515	0,417003328	8,266034499	0,678287352	0,5109932	0,903149675
A_33_P3400152	0,354778323	8,509720051	0,678179315	0,511059215	0,903149675
A_33_P3287735	0,419767064	11,97689776	0,678177354	0,511060413	0,903149675
A_23_P124417	0,346850767	11,66830777	0,678067118	0,511127777	0,903149675
A_24_P256552	0,345330361	9,814556893	0,678051107	0,511137562	0,903149675
A_21_P0001100	-0,414638067	8,505557896	-0,677980785	0,511180538	0,903149675
A_33_P3245415	-0,375922309	9,194020879	-0,678481632	0,5108745	0,903149675
A_33_P3417452	-0,499611372	12,12679173	-0,6788612	0,510642641	0,903149675
A_21_P0014572	-0,427538876	7,286453757	-0,678898409	0,510619915	0,903149675
A_33_P3330079	0,348759753	7,201876885	0,677735694	0,511330338	0,903301145
A_24_P453544	0,623431235	9,454526545	0,677617159	0,511402796	0,903315964
A_24_P766208	0,395046807	17,23737135	0,677184392	0,51166739	0,903490959
A_24_P867342	0,346740394	6,663937676	0,677137525	0,51169605	0,903490959
A_32_P74120	-0,331395167	14,58957654	-0,677035902	0,511758196	0,903490959
A_21_P0014667	-0,443407689	7,21493607	-0,677257486	0,511622695	0,903490959
A_23_P11652	0,391643189	11,93577439	0,676882431	0,511852057	0,903543528
A_33_P3311863	0,402375839	7,862272377	0,676710127	0,511957449	0,903616434
A_33_P3365676	0,404200355	13,5939189	0,676235344	0,512247923	0,904015954
A_33_P3240078	0,40384012	8,515486305	0,676082005	0,512341756	0,90402179
A_21_P0007309	0,363024793	7,476043517	0,675929315	0,512435203	0,90402179
A_23_P58443	0,34520104	10,33266183	0,675915615	0,512443588	0,90402179
A_23_P100486	0,352504518	13,3068738	0,675460722	0,512722047	0,904399868
A_23_P361405	0,35597063	13,12910678	0,675242673	0,512855555	0,904483918
A_21_P0007895	0,420583848	7,978606236	0,675173356	0,512898001	0,904483918
A_24_P136211	0,369430012	15,89225208	0,674803926	0,513124257	0,904741174
A_23_P206733	0,446059409	8,232103941	0,674547369	0,513281418	0,904741174
A_33_P3231750	0,404631152	9,121449898	0,674543765	0,513283626	0,904741174
A_23_P208482	0,375278442	8,217093136	0,674482198	0,513321345	0,904741174
A_23_P128554	0,426164052	12,97176011	0,674116347	0,513545517	0,904741174
A_23_P73540	0,341449455	9,281675243	0,674043216	0,513590334	0,904741174
A_33_P3244828	-0,39429616	7,896543437	-0,673992499	0,513621417	0,904741174
A_33_P3317942	-0,4145404	7,165496814	-0,674258569	0,513458365	0,904741174
A_24_P246692	-0,464157749	15,15184651	-0,674388288	0,513378882	0,904741174

A_23_P112846	-0,402867027	7,567881164	-0,673825436	0,513723812	0,904808498
A_33_P3417141	0,399222999	11,15874909	0,673507709	0,513918583	0,904949075
A_24_P403734	0,350369909	11,45667387	0,673485828	0,513931998	0,904949075
A_23_P503200	0,374021253	10,55130671	0,673240355	0,514082508	0,90510106
A_24_P228228	0,338165034	6,703575161	0,673054971	0,514196193	0,90510399
A_23_P84565	0,392486618	8,102096103	0,672907895	0,514286397	0,90510399
A_33_P3398917	0,370921564	8,05152505	0,672847922	0,514323181	0,90510399
A_23_P337753	0,50919635	8,113286185	0,672818941	0,514340958	0,90510399
A_24_P302695	0,352577799	12,76915183	0,672547289	0,5145076	0,905284244
A_21_P0011811	0,355834663	7,008842969	0,672359037	0,514623099	0,905374479
A_21_P0011355	0,443971279	7,876924803	0,671759318	0,514991152	0,905647043
A_24_P942068	0,479116418	8,375008748	0,671158123	0,515360266	0,905647043
A_33_P3277890	0,546394313	8,4182462	0,670914064	0,515510155	0,905647043
A_33_P3228295	0,359419233	7,019830628	0,670485951	0,515773143	0,905647043
A_33_P3275235	0,332352359	12,36240716	0,67009203	0,516015196	0,905647043
A_21_P0010870	0,466931777	9,277802895	0,669902802	0,516131495	0,905647043
A_21_P0000099	0,385713754	8,197922812	0,669862946	0,516155992	0,905647043
A_23_P214658	0,390246833	10,15879476	0,669755901	0,51622179	0,905647043
A_33_P3340309	0,342188828	12,0145164	0,669667264	0,516276278	0,905647043
A_21_P0011873	0,373726895	7,860984513	0,669651992	0,516285666	0,905647043
A_19_P00322111	0,388835315	7,746834661	0,669635047	0,516296083	0,905647043
A_21_P0001800	0,364993201	7,529392557	0,669323712	0,516487498	0,905647043
A_23_P64567	0,390269108	7,354248196	0,66921529	0,516554168	0,905647043
A_33_P3420254	0,432501652	8,551434492	0,669168489	0,516582948	0,905647043
A_33_P3412317	0,398094495	8,036627012	0,669053134	0,516653889	0,905647043
A_21_P0011604	0,344714354	7,224190141	0,66899966	0,516686776	0,905647043
A_24_P187921	0,366654398	7,44694733	0,668712151	0,51686362	0,905647043
A_21_P0013866	0,515399682	8,941417248	0,668533013	0,516973824	0,905647043
A_21_P0003214	0,529551423	9,934241954	0,668473195	0,517010626	0,905647043
A_23_P28625	0,46643487	10,58662367	0,668377951	0,517069227	0,905647043
A_21_P0000054	0,366041814	11,95286568	0,668325699	0,517101378	0,905647043
A_21_P0014591	0,354777553	7,356286604	0,668266967	0,517137518	0,905647043
A_33_P3711318	0,38131576	9,34104301	0,668000039	0,517301785	0,905647043
A_21_P0014622	0,329604905	6,924223169	0,667961036	0,51732579	0,905647043
A_33_P3334895	0,333974566	7,313325436	0,667931404	0,517344028	0,905647043
A_23_P402670	0,366814725	6,758880397	0,667813229	0,517416766	0,905647043
A_33_P3308167	0,334886762	6,81033171	0,66766819	0,517506047	0,905647043
A_23_P135486	0,77604885	8,671804613	0,667612834	0,517540125	0,905647043
A_33_P3246763	-0,355995127	7,359211931	-0,667646987	0,5175191	0,905647043
A_33_P3304293	-0,350190929	9,947921136	-0,66813026	0,517221643	0,905647043
A_23_P14716	-0,368001397	11,81476827	-0,668478622	0,517007287	0,905647043
A_23_P59528	-0,575151171	10,72106739	-0,669149066	0,516594892	0,905647043
A_23_P6151	-0,42622831	10,79759117	-0,669318084	0,516490959	0,905647043
A_19_P00321782	-0,330591012	7,033446371	-0,669367592	0,516460517	0,905647043

A_19_P00326732	-0,384983343	10,89326872	-0,669701234	0,516255395	0,905647043
A_33_P3353471	-0,334981642	6,982145626	-0,669851181	0,516163224	0,905647043
A_21_P0006009	-0,404615003	7,057542317	-0,669954411	0,516099775	0,905647043
A_23_P17855	-0,329980696	9,704862457	-0,670044863	0,516044183	0,905647043
A_23_P353742	-0,339676374	12,18714031	-0,67021191	0,515941526	0,905647043
A_33_P3294459	-0,344857504	7,092257821	-0,670837834	0,515556977	0,905647043
A_19_P00316625	-0,405181826	8,151604903	-0,670932109	0,515499072	0,905647043
A_33_P3322150	-0,388533091	7,566865887	-0,671264279	0,515295079	0,905647043
A_32_P224666	-0,412482083	7,612704309	-0,671498426	0,515151313	0,905647043
A_23_P23850	0,349954865	7,985868177	0,667135029	0,517834322	0,905804018
A_33_P3417865	0,651194827	12,56257715	0,667056809	0,517882494	0,905804018
A_23_P121602	-0,526927639	11,2348177	-0,667049794	0,517886814	0,905804018
A_24_P759477	-0,42858017	8,341052614	-0,667188413	0,517801448	0,905804018
A_33_P3266744	0,344392521	13,35989257	0,666922489	0,517965221	0,905828783
A_33_P3283201	0,5626834	8,976169655	0,666697985	0,518103508	0,905958248
A_23_P218190	0,437632747	8,455704165	0,666541883	0,518199675	0,90601404
A_33_P3246829	-0,407814853	7,979148863	-0,666354892	0,518314884	0,906103107
A_33_P3325011	-0,391187015	15,67181218	-0,666186193	0,518418837	0,906172474
A_33_P3714477	-0,345065702	6,83614687	-0,666065423	0,518493263	0,906190221
A_23_P144369	-0,377361534	8,748945232	-0,66583199	0,518637137	0,906329324
A_24_P164731	-0,510959102	9,633312228	-0,665723493	0,518704015	0,906333859
A_23_P6535	-0,448214029	11,57507581	-0,665199889	0,519026842	0,906673206
A_23_P23266	-0,333917083	10,29925417	-0,665218367	0,519015448	0,906673206
A_23_P252536	0,45186466	12,20712677	0,664211394	0,519636618	0,907485432
A_23_P65089	0,381541531	13,16021859	0,664081628	0,519716698	0,907485432
A_23_P40611	0,332878765	6,948954431	0,663978581	0,519780295	0,907485432
A_21_P0014274	0,393340281	10,22122322	0,663921434	0,519815566	0,907485432
A_21_P0000076	0,35139733	7,587013528	0,663725061	0,519936777	0,907485432
A_33_P3328621	-0,329899531	6,681644332	-0,663716019	0,519942359	0,907485432
A_32_P99019	-0,329391583	6,962830447	-0,664030391	0,519748319	0,907485432
A_23_P141405	0,341853758	16,81587381	0,663482857	0,520086301	0,907624304
A_33_P3252491	0,330393103	7,681430177	0,662956361	0,520411418	0,907878874
A_23_P146849	0,410648433	7,171941483	0,662835051	0,520486345	0,907878874
A_23_P132277	0,473418183	13,29349172	0,662773225	0,520524534	0,907878874
A_24_P191312	-0,392087112	8,907902369	-0,662725296	0,52055414	0,907878874
A_21_P0000620	-0,451751978	10,14084681	-0,662974589	0,520400159	0,907878874
A_24_P782308	0,353699804	6,869044603	0,662511403	0,520686276	0,907884715
A_23_P87827	-0,462857159	11,4073755	-0,662538243	0,520669694	0,907884715
A_33_P3311285	-0,466407772	14,2209228	-0,662378652	0,520768295	0,907915444
A_23_P125705	-0,380270178	6,768534284	-0,662101797	0,520939372	0,90810141
A_23_P89199	0,331303041	14,06705656	0,661885078	0,521073312	0,908196941
A_33_P3376116	0,341496498	8,148629881	0,661721233	0,521174587	0,908196941
A_23_P44244	0,336514762	6,950581746	0,661677859	0,5212014	0,908196941
A_23_P377882	0,391645346	11,3053672	0,661296682	0,521437063	0,908196941

A_19_P00315528	0,374540014	9,21595708	0,661270326	0,52145336	0,908196941
A_23_P319423	0,366829796	13,56500186	0,661263572	0,521457537	0,908196941
A_23_P146497	-0,389712308	10,05826342	-0,661179539	0,5215095	0,908196941
A_19_P00807615	-0,457381644	15,13042111	-0,661219951	0,52148451	0,908196941
A_21_P0010888	-0,422912149	9,332260923	-0,660915566	0,521672752	0,908369041
A_21_P0012368	0,351440621	7,432299969	0,660638831	0,521843928	0,908508056
A_23_P375524	-0,394752868	15,84451316	-0,66036985	0,522010339	0,908508056
A_23_P62647	-0,476924605	10,01618083	-0,660444748	0,521963998	0,908508056
A_23_P405282	-0,365979748	10,64408816	-0,660557828	0,521894038	0,908508056
A_33_P3345414	0,327938635	7,41838657	0,659577141	0,522500946	0,908558359
A_33_P3280930	0,338209579	14,35806445	0,659386113	0,522619214	0,908558359
A_23_P433676	-0,50053828	9,516341911	-0,659486548	0,522557031	0,908558359
A_21_P0002763	-0,384403804	6,764909372	-0,659665207	0,522446429	0,908558359
A_23_P328145	-0,340482424	6,886052101	-0,659729003	0,522406938	0,908558359
A_33_P3227944	-0,397007296	8,316731958	-0,659829013	0,522345034	0,908558359
A_33_P3382887	-0,567753711	10,35289548	-0,659829214	0,522344909	0,908558359
A_33_P3349466	-0,324757682	8,216492747	-0,659837925	0,522339518	0,908558359
A_24_P296698	-0,324015863	13,57309327	-0,660037541	0,522215973	0,908558359
A_24_P408603	0,362750345	8,06927188	0,658410288	0,523223601	0,909071814
A_23_P19004	0,336380465	10,3734924	0,658388741	0,523236951	0,909071814
A_32_P112623	-0,33150945	8,636388494	-0,658500836	0,523167502	0,909071814
A_23_P78595	-0,409801752	7,137130836	-0,658517231	0,523157345	0,909071814
A_33_P3380331	-0,424172546	9,342779138	-0,658574742	0,523121716	0,909071814
A_33_P3314525	0,345097813	6,651378419	0,65817326	0,523370468	0,909191748
A_23_P70509	0,338418982	6,889983805	0,657888764	0,523546779	0,909202236
A_33_P3366484	0,327713793	7,948421792	0,657864896	0,523561572	0,909202236
A_23_P168229	0,40719775	11,92176285	0,657824096	0,523586861	0,909202236
A_23_P312718	-0,359143987	11,38592955	-0,657747313	0,523634453	0,909202236
A_23_P92025	-0,416573793	8,076285941	-0,657133375	0,524015084	0,909751099
A_32_P183918	0,323751869	6,875800712	0,65682218	0,524208081	0,909779211
A_21_P0000474	0,404469334	7,11405894	0,656609002	0,524340314	0,909779211
A_33_P3224595	0,385632706	10,25581722	0,656392871	0,524474398	0,909779211
A_33_P3387621	0,319978072	6,92509703	0,656003927	0,524715743	0,909779211
A_33_P3383912	-0,457570239	13,44226641	-0,655963094	0,524741084	0,909779211
A_33_P3387561	-0,343959262	9,975967137	-0,655970008	0,524736793	0,909779211
A_23_P52806	-0,365579545	10,09245726	-0,655984069	0,524728066	0,909779211
A_23_P20101	-0,364152257	6,900717317	-0,656015765	0,524708396	0,909779211
A_23_P109026	-0,383432455	10,03634735	-0,656517423	0,524397126	0,909779211
A_32_P47870	-0,415159975	7,103468399	-0,656549868	0,524376998	0,909779211
A_21_P0011013	-0,35217474	9,067841751	-0,656950916	0,524128236	0,909779211
A_32_P133090	0,39159569	8,541900018	0,655465072	0,525050216	0,910000436
A_23_P354705	0,3529335	6,956875637	0,655141981	0,525250821	0,910000436
A_24_P219156	0,368351918	6,871227352	0,655133732	0,525255944	0,910000436
A_23_P320553	-0,406605219	7,287802587	-0,655234118	0,52519361	0,910000436

A_33_P3278684	-0,325030996	7,550571113	-0,655265979	0,525173826	0,910000436
A_33_P3334635	-0,585146636	10,83889249	-0,655326218	0,525136424	0,910000436
A_33_P3289995	0,324177839	7,104467402	0,654761548	0,525487087	0,910025274
A_33_P3209522	0,458450843	13,86210302	0,654404284	0,52570902	0,910025274
A_33_P3237359	0,337022028	10,03774235	0,654333548	0,525752968	0,910025274
A_33_P3357530	0,417048688	14,73731657	0,654088419	0,525905281	0,910025274
A_23_P416191	0,359794052	7,76314377	0,654085921	0,525906834	0,910025274
A_21_P0011338	-0,321323986	6,56439837	-0,654071598	0,525915734	0,910025274
A_33_P3695899	-0,410646221	7,204595854	-0,654092244	0,525902904	0,910025274
A_21_P0006604	-0,369267721	6,722513256	-0,654212822	0,525827979	0,910025274
A_21_P0010935	-0,330766136	6,349230927	-0,654576595	0,525601973	0,910025274
A_21_P0009779	-0,376414117	7,438892709	-0,654816049	0,525453235	0,910025274
A_23_P34460	0,35645484	7,614947259	0,653741663	0,526120785	0,910176767
A_33_P3554053	0,382381874	7,899146233	0,653619126	0,526196952	0,910176767
A_23_P218002	-0,37177312	17,36521068	-0,653710472	0,526140173	0,910176767
A_33_P3236661	-0,410691276	8,388245329	-0,653488188	0,526278349	0,910205893
A_23_P73837	-0,382672343	7,446170946	-0,653357119	0,526359834	0,910235164
A_24_P24790	0,391076348	15,85675348	0,653110046	0,526513458	0,910263534
A_23_P214487	0,32568557	17,82110483	0,653018586	0,526570332	0,910263534
A_24_P127075	0,362685096	7,376635417	0,652866421	0,526664964	0,910263534
A_24_P11965	0,345005624	11,91670493	0,652811614	0,52669905	0,910263534
A_24_P252364	-0,329447238	6,777494802	-0,652887556	0,526651819	0,910263534
A_23_P75402	0,333306834	13,59658844	0,65268201	0,526779662	0,910291268
A_23_P113237	0,396324064	7,487575809	0,652268614	0,527036835	0,910601581
A_23_P162807	0,332293719	12,24464487	0,652104938	0,527138678	0,910601581
A_33_P3348494	0,358520981	12,54371489	0,65199629	0,527206287	0,910601581
A_23_P36939	0,348633277	7,087200421	0,65168414	0,52740056	0,910601581
A_33_P3345504	0,476327458	10,37736854	0,651380968	0,527589285	0,910601581
A_23_P251095	0,340048729	14,16930248	0,651006856	0,527822223	0,910601581
A_33_P3327762	0,425075633	9,832341316	0,650634731	0,528053983	0,910601581
A_23_P161458	0,354441727	6,807852353	0,650602134	0,528074287	0,910601581
A_23_P160742	0,351628517	9,066130586	0,650571396	0,528093434	0,910601581
A_33_P3417695	0,661041428	10,49584638	0,650479334	0,528150783	0,910601581
A_33_P3230290	0,410335746	12,0609202	0,650469193	0,5281571	0,910601581
A_23_P63847	0,358643892	9,229490015	0,650087283	0,528395042	0,910601581
A_24_P333421	0,338684665	9,629402946	0,649876241	0,528526555	0,910601581
A_23_P423457	0,316621575	8,438729815	0,649857958	0,528537949	0,910601581
A_33_P3231858	0,341047182	7,0379455	0,649846911	0,528544833	0,910601581
A_33_P3290573	0,423147626	12,32159168	0,649796002	0,528576561	0,910601581
A_23_P57137	-0,339281509	10,73675997	-0,649696654	0,528638481	0,910601581
A_33_P3277373	-0,388727778	8,62478142	-0,649804036	0,528571555	0,910601581
A_24_P310256	-0,380087157	7,34408726	-0,64987201	0,528529191	0,910601581
A_33_P3291796	-0,324780566	6,690961464	-0,650141371	0,52836134	0,910601581
A_23_P43412	-0,468225569	10,84054353	-0,650288949	0,52826939	0,910601581

A_21_P0000636	-0,395592586	8,681485454	-0,650423661	0,528185464	0,910601581
A_23_P64828	-0,372324929	7,191481875	-0,650588187	0,528082975	0,910601581
A_21_P0006477	-0,365023415	7,838423382	-0,650649693	0,528044664	0,910601581
A_24_P156113	-0,392384592	9,765376673	-0,650893251	0,52789297	0,910601581
A_21_P0010370	-0,33778982	7,337773656	-0,651012337	0,52781881	0,910601581
A_21_P0011136	-0,318605966	6,765254731	-0,649539218	0,528736613	0,910659358
A_33_P3395743	0,4907826	10,10746445	0,649136861	0,528987455	0,910757617
A_33_P3240702	-0,437633637	10,70512009	-0,649223981	0,528933136	0,910757617
A_24_P164894	-0,332861811	8,411152624	-0,649338251	0,528861894	0,910757617
A_33_P3302957	0,343306032	8,666052588	0,648603304	0,529320198	0,911108397
A_33_P3354429	0,43357686	7,09648879	0,648602916	0,529320439	0,911108397
A_21_P0008492	0,341199074	6,626214609	0,648100585	0,529633819	0,911413747
A_33_P3348204	0,338317892	6,942250687	0,648007714	0,529691768	0,911413747
A_23_P422766	-0,376006085	7,837649686	-0,648023945	0,52968164	0,911413747
A_24_P32085	0,361098539	9,134625583	0,647748519	0,529853519	0,911457084
A_32_P186226	0,353241908	9,332105224	0,647615242	0,529936702	0,911457084
A_33_P3273298	0,399464751	8,896940734	0,647534799	0,529986913	0,911457084
A_24_P16214	0,376781682	8,331991884	0,64724234	0,530169483	0,911457084
A_23_P157809	-0,432670396	8,667750882	-0,647337091	0,53011033	0,911457084
A_21_P0011468	-0,510130543	12,4863305	-0,647373491	0,530087606	0,911457084
A_33_P3367396	-0,517824475	8,41657969	-0,647384161	0,530080945	0,911457084
A_23_P105436	0,398767032	10,51654988	0,646907819	0,530378355	0,911705003
A_33_P3273604	-0,330232393	7,14386305	-0,646577992	0,530584343	0,911836745
A_24_P277807	-0,366623414	13,72218881	-0,646592548	0,530575252	0,911836745
A_23_P390032	0,328715948	7,16655628	0,646393087	0,530699842	0,91192408
A_23_P17490	-0,433056944	11,73924455	-0,646275678	0,530773188	0,911938969
A_23_P111797	0,344757352	10,87028789	0,645855788	0,531035543	0,912048446
A_32_P49350	0,446482258	14,81115093	0,645840816	0,5310449	0,912048446
A_23_P104372	0,374860792	13,56674171	0,645728777	0,531114917	0,912048446
A_33_P3259861	0,32138421	7,649030155	0,64564886	0,531164864	0,912048446
A_33_P3313476	0,316443125	6,809825584	0,645322727	0,531368718	0,912048446
A_33_P3405957	0,499502419	8,921020993	0,645199728	0,531445612	0,912048446
A_24_P466374	0,374866732	9,866598512	0,64519173	0,531450612	0,912048446
A_33_P3278144	0,349689357	15,11807662	0,645022468	0,531556439	0,912048446
A_23_P34433	0,329584876	10,58888852	0,644740972	0,531732464	0,912048446
A_21_P0000808	0,319504293	9,834672495	0,644649605	0,531789605	0,912048446
A_23_P43317	0,317982915	6,672821812	0,644490411	0,531889173	0,912048446
A_23_P391443	0,386999637	7,737249818	0,644476186	0,531898071	0,912048446
A_21_P0000807	0,32907475	6,803455358	0,644307397	0,532003653	0,912048446
A_23_P304991	0,353317855	10,06080142	0,644187523	0,532078645	0,912048446
A_33_P3232702	0,312444944	6,229504386	0,644019594	0,532183709	0,912048446
A_23_P1956	0,344191297	12,07717941	0,644003041	0,532194067	0,912048446
A_33_P3296352	0,44832005	11,71424599	0,643728838	0,532365649	0,912048446
A_33_P3359683	0,417490921	7,962518897	0,64327504	0,532649683	0,912048446

A_33_P3236441	0,592449864	12,37894792	0,643206772	0,53269242	0,912048446
A_24_P28977	0,386693317	7,415141683	0,643030974	0,532802481	0,912048446
A_24_P59247	0,32665809	13,57678343	0,642864125	0,532906951	0,912048446
A_23_P200216	-0,466422267	11,53548333	-0,642916719	0,532874018	0,912048446
A_24_P48408	-0,3828891	8,01868159	-0,64300861	0,532816483	0,912048446
A_33_P3365387	-0,319003582	6,376340665	-0,643017419	0,532810967	0,912048446
A_23_P501339	-0,501393589	10,17071969	-0,643034143	0,532800496	0,912048446
A_23_P108437	-0,358780482	7,727874488	-0,643162342	0,532720234	0,912048446
A_21_P0011759	-0,327395086	7,189383554	-0,643813541	0,532312643	0,912048446
A_21_P0011851	-0,32875652	9,453010756	-0,643933945	0,5322373	0,912048446
A_21_P0014085	-0,325308208	6,90719506	-0,643934251	0,532237109	0,912048446
A_33_P3413325	-0,384898636	7,04515003	-0,64419356	0,532074868	0,912048446
A_23_P217114	-0,427988165	9,467180161	-0,644587811	0,531828253	0,912048446
A_23_P144458	-0,395835073	7,939904066	-0,645272168	0,531400324	0,912048446
A_23_P108823	0,406761878	9,408584095	0,642557686	0,533098855	0,912199761
A_23_P35916	0,393182375	8,234451858	0,64251632	0,533124763	0,912199761
A_21_P0011252	-0,412755154	9,5177943	-0,642376716	0,533212203	0,912238667
A_23_P47247	0,347461122	9,816542514	0,641735601	0,533613871	0,912704352
A_24_P41570	-0,547986584	14,61910182	-0,641788094	0,533580977	0,912704352
A_33_P3233666	0,362315273	9,11925028	0,641589379	0,533705506	0,912750355
A_33_P3373203	0,323798085	9,226426755	0,641167843	0,533969724	0,912980735
A_33_P3415551	-0,341824147	9,357728626	-0,641211834	0,533942147	0,912980735
A_23_P363968	0,374328839	10,31107392	0,641055956	0,534039868	0,912989948
A_33_P3383856	0,320886917	6,795785387	0,6406953	0,534266003	0,913063565
A_24_P272061	0,332474886	16,53189398	0,640574159	0,534341973	0,913063565
A_23_P132248	-0,526221684	9,825106531	-0,640577701	0,534339751	0,913063565
A_33_P3364836	-0,315165788	6,621601033	-0,640655872	0,534290728	0,913063565
A_23_P356965	0,402157819	8,658571262	0,640348242	0,534483665	0,913195006
A_23_P125668	0,323380735	10,23453104	0,639899055	0,534765453	0,913479641
A_33_P3238455	0,432337683	10,00457657	0,639876126	0,53477984	0,913479641
A_33_P3218584	0,365186758	13,49251189	0,639642477	0,53492645	0,913483457
A_21_P0007996	0,321662328	6,740226911	0,639562809	0,534976445	0,913483457
A_33_P3447304	-0,412712671	8,6915917	-0,639623691	0,534938239	0,913483457
A_24_P303199	-0,389399333	8,735959493	-0,639403568	0,535076385	0,913543467
A_23_P58466	0,33645513	12,32681594	0,639081863	0,535278319	0,913749623
A_23_P104692	0,361600517	8,894530849	0,638970888	0,535347989	0,913749623
A_32_P9543	-0,402342009	7,252120791	-0,638901485	0,535391562	0,913749623
A_21_P0005075	0,322258931	7,855337257	0,638389197	0,535713254	0,914142708
A_33_P3318852	-0,325096892	6,847947457	-0,638328213	0,535751556	0,914142708
A_23_P23356	0,470804933	9,974687085	0,638078961	0,535908121	0,91428923
A_21_P0013922	0,326786695	7,441275957	0,637983832	0,535967882	0,91428923
A_23_P338519	0,318204623	7,045703756	0,637875145	0,536036165	0,91428923
A_24_P287941	0,407028662	9,845802755	0,637723543	0,536131418	0,91428923
A_21_P0012751	0,320363534	7,009119564	0,637545356	0,536243386	0,91428923

A_32_P163169	0,331282721	8,543761649	0,637451112	0,536302613	0,91428923
A_32_P98348	0,325392602	15,1017317	0,636903386	0,536646897	0,91428923
A_33_P3305521	0,323145938	7,990327584	0,636752352	0,536741854	0,91428923
A_24_P214231	0,320628281	8,0320331	0,636742337	0,536748151	0,91428923
A_23_P96777	0,332204164	12,08599492	0,636482598	0,536911477	0,91428923
A_33_P3278916	0,368450279	7,399518541	0,636330119	0,53700737	0,91428923
A_33_P3385561	0,478282054	12,23266416	0,636155345	0,537117297	0,91428923
A_21_P0013699	0,3200177	6,520052098	0,635841392	0,537314793	0,91428923
A_24_P942112	0,352718239	6,943689172	0,635658247	0,537430022	0,91428923
A_23_P208240	0,324237827	6,862532346	0,635303644	0,537653167	0,91428923
A_32_P69465	-0,442963304	9,516551188	-0,635402485	0,537590963	0,91428923
A_33_P3213982	-0,310400027	6,422836242	-0,635406833	0,537588227	0,91428923
A_33_P3388771	-0,64997173	7,760112394	-0,635583745	0,5374769	0,91428923
A_23_P66260	-0,365917346	11,29775994	-0,635588019	0,537474211	0,91428923
A_23_P134058	-0,495320605	9,234336823	-0,635589446	0,537473314	0,91428923
A_24_P260440	-0,417429728	9,269562366	-0,635622395	0,537452581	0,91428923
A_33_P3383606	-0,376982756	10,46045375	-0,636072899	0,537169156	0,91428923
A_33_P3298552	-0,347676275	9,631912815	-0,636508723	0,536895048	0,91428923
A_33_P3380383	-0,551978813	10,83044508	-0,636588952	0,536844597	0,91428923
A_19_P00320579	-0,424454539	8,020774336	-0,636685653	0,536783792	0,91428923
A_33_P3321682	-0,358891345	13,53038195	-0,636736751	0,536751663	0,91428923
A_19_P00320866	-0,33370147	7,986086565	-0,637249839	0,536429112	0,91428923
A_24_P75456	-0,54468189	11,54612484	-0,637621941	0,53619526	0,91428923
A_19_P00315529	0,349149423	8,578781416	0,634911884	0,537899757	0,914487963
A_23_P216501	-0,473784973	11,49189178	-0,634941435	0,537881154	0,914487963
A_32_P227605	0,413981781	8,159617177	0,634582352	0,538107227	0,914730383
A_33_P3341224	-0,344750245	8,174632154	-0,634468753	0,538178758	0,914741689
A_33_P3413905	0,38613698	7,664459726	0,634183662	0,5383583	0,914936556
A_24_P188878	0,326485865	15,3183974	0,633930438	0,5385178	0,915009497
A_23_P68942	0,406761643	17,55561358	0,633909457	0,538531017	0,915009497
A_23_P81973	0,386761366	10,06858965	0,633648575	0,538695372	0,915178461
A_23_P157527	0,369894826	8,739215171	0,63323922	0,538953321	0,915427512
A_23_P140050	0,42900034	10,33588818	0,632798743	0,539230961	0,915427512
A_33_P3362046	0,340804813	7,683677903	0,63269558	0,539295998	0,915427512
A_33_P3646051	0,3317021	6,854526529	0,632500616	0,539418921	0,915427512
A_33_P3342563	0,325890143	6,686541487	0,632347942	0,539515191	0,915427512
A_33_P3403773	0,327121198	10,1584256	0,632108681	0,539666081	0,915427512
A_21_P0008347	0,36939707	7,144099943	0,632093626	0,539675576	0,915427512
A_33_P3227793	0,528892421	7,565702317	0,632089203	0,539678365	0,915427512
A_33_P3324137	-0,337020357	9,304934693	-0,632077035	0,53968604	0,915427512
A_33_P3219303	-0,354648006	9,908729423	-0,632244543	0,539580397	0,915427512
A_19_P00321441	-0,342430116	6,909255889	-0,632514142	0,539410392	0,915427512
A_33_P3209831	-0,37542035	9,1250462	-0,632594033	0,53936002	0,915427512
A_23_P107412	-0,364434903	14,87334241	-0,633136198	0,53901825	0,915427512

A_23_P500614	0,487111213	9,180480687	0,631621481	0,539973405	0,915453403
A_23_P88909	0,351308778	7,731033922	0,631589436	0,539993623	0,915453403
A_23_P100127	0,338207195	11,54350349	0,631554024	0,540015965	0,915453403
A_23_P353717	0,346648955	13,36380981	0,631311741	0,540168841	0,915453403
A_23_P164000	0,355621187	10,53870047	0,631126816	0,540285541	0,915453403
A_21_P0013303	-0,350384675	11,9793155	-0,6311266	0,540285677	0,915453403
A_23_P252145	-0,317782576	10,27909032	-0,631367046	0,540133942	0,915453403
A_21_P0003179	-0,318307854	6,518304096	-0,631471944	0,540067753	0,915453403
A_21_P0006608	-0,315213894	6,940915467	-0,631499651	0,540050271	0,915453403
A_23_P97221	0,336324076	9,223103651	0,630980169	0,540378096	0,915496452
A_33_P3326225	0,411203707	6,953467676	0,630880586	0,540440951	0,915496452
A_23_P59045	0,35581261	13,44897219	0,630629502	0,540599451	0,915654933
A_33_P3278801	0,317724094	6,765381357	0,630411087	0,54073735	0,915737136
A_24_P324405	0,477662698	11,43124279	0,630244033	0,540842835	0,915737136
A_33_P3381762	-0,358235639	9,435166636	-0,630302545	0,540805887	0,915737136
A_23_P26810	0,371605789	7,493305735	0,630070952	0,540952138	0,915812222
A_24_P237927	0,486878461	9,581869561	0,629513809	0,541304066	0,915832246
A_24_P307289	0,465508477	11,00323924	0,629389727	0,541382462	0,915832246
A_33_P3375527	0,390090517	8,565410533	0,629356907	0,541403199	0,915832246
A_33_P3224157	0,323828123	7,323754727	0,629350717	0,54140711	0,915832246
A_23_P87532	0,341879391	9,907625539	0,628830013	0,541736173	0,915832246
A_23_P313512	0,341933833	10,76304536	0,628715733	0,541808409	0,915832246
A_33_P3416707	-0,319727594	7,655495377	-0,628777	0,541769682	0,915832246
A_24_P278747	-0,417926926	11,5394388	-0,628792087	0,541760146	0,915832246
A_23_P23346	-0,37127727	12,72501244	-0,628804388	0,54175237	0,915832246
A_33_P3337259	-0,322893307	8,021999074	-0,628821885	0,541741311	0,915832246
A_32_P225355	-0,337719895	7,018982637	-0,62897738	0,541643032	0,915832246
A_33_P3413815	-0,316890603	10,04896447	-0,629575347	0,541265188	0,915832246
A_33_P3258946	-0,36588244	8,645806672	-0,629915932	0,541050046	0,915832246
A_33_P3401267	0,360371498	8,06414626	0,628231403	0,54211461	0,915848697
A_23_P73721	0,316993776	7,208877973	0,628046769	0,542231365	0,915848697
A_33_P3319463	-0,342577464	12,12595473	-0,627981169	0,542272851	0,915848697
A_33_P3317948	-0,334432919	8,047124981	-0,628176661	0,542149225	0,915848697
A_24_P124973	-0,352436294	8,029685641	-0,628184787	0,542144087	0,915848697
A_21_P0005248	-0,355281379	7,138806136	-0,628343133	0,542043964	0,915848697
A_24_P916141	-0,468903902	12,28379155	-0,628455803	0,541972729	0,915848697
A_23_P502641	-0,437048774	9,843046828	-0,62781291	0,542379267	0,915918707
A_33_P3257428	0,306245458	6,474530876	0,62766366	0,542473671	0,915968418
A_23_P403745	-0,438622814	8,013518128	-0,627285552	0,542712876	0,916262583
A_23_P201596	-0,392804108	11,1110472	-0,62712168	0,542816565	0,916327915
A_32_P135348	0,396982045	9,371299803	0,626929104	0,542938431	0,916363007
A_21_P0003088	0,388837752	7,235984052	0,626361273	0,543297856	0,916363007
A_21_P0010660	0,373489082	11,23580707	0,626360204	0,543298533	0,916363007
A_21_P0012995	0,33190656	11,76217819	0,626276047	0,543351814	0,916363007

A_24_P927716	0,383533349	7,441311216	0,626267364	0,543357312	0,916363007
A_21_P0005005	-0,346527305	6,676182838	-0,626374495	0,543289486	0,916363007
A_23_P147383	-0,520807547	10,6477492	-0,62671361	0,543074818	0,916363007
A_24_P49190	-0,418989204	8,801638248	-0,626801351	0,543019284	0,916363007
A_23_P71855	0,350939048	8,372388919	0,626031979	0,543506354	0,916504734
A_23_P384635	0,322039714	6,686360532	0,625637831	0,543755974	0,916816011
A_33_P3247933	0,400013218	11,29122021	0,62535494	0,543935174	0,916898855
A_33_P3241646	-0,30890958	9,705116628	-0,625389337	0,543913383	0,916898855
A_33_P3421759	0,432086194	10,21300196	0,624971417	0,544178173	0,917062968
A_33_P3395783	0,305028193	6,517317235	0,624909277	0,54421755	0,917062968
A_19_P00803019	0,382961406	8,519065176	0,624802581	0,544285167	0,917062968
A_32_P155364	0,33260612	16,35812794	0,624790678	0,54429271	0,917062968
A_33_P3419696	-0,339769883	6,700498568	-0,624442699	0,544513267	0,917324956
A_23_P13073	0,352505713	10,86195842	0,624037701	0,544770029	0,917405822
A_24_P390833	0,364200005	7,720624866	0,623956456	0,544821544	0,917405822
A_33_P3502311	-0,412798205	8,386237588	-0,623975894	0,544809219	0,917405822
A_21_P0011291	-0,394211927	8,900760014	-0,624222095	0,544653118	0,917405822
A_23_P333951	0,369190426	9,277304049	0,623620444	0,545034633	0,917655038
A_21_P0010023	0,3598185	7,743746053	0,622840603	0,545529364	0,917949692
A_21_P0000947	0,348635238	7,643388681	0,622618105	0,545670564	0,917949692
A_21_P0005503	0,311517596	7,558983802	0,622565566	0,545703909	0,917949692
A_23_P368195	0,311452308	7,607672724	0,62221367	0,545927274	0,917949692
A_33_P3242231	0,306062382	6,96100884	0,622193574	0,545940032	0,917949692
A_21_P0012564	0,326594557	16,77553264	0,621830688	0,546170431	0,917949692
A_24_P155791	0,310946192	8,736023847	0,62180094	0,546189321	0,917949692
A_23_P90612	0,393333819	13,39063879	0,621755887	0,546217929	0,917949692
A_33_P3297621	0,33435375	9,125830365	0,621548659	0,546349531	0,917949692
A_33_P3236316	0,351440145	8,98444174	0,620871967	0,546779392	0,917949692
A_23_P65983	0,431126286	8,748994572	0,620636849	0,546928793	0,917949692
A_23_P125643	0,361893908	7,75537595	0,620624712	0,546936506	0,917949692
A_23_P155147	0,314071679	10,08340422	0,620369156	0,547098921	0,917949692
A_21_P0001821	0,376938315	7,072716646	0,620345192	0,547114153	0,917949692
A_23_P328323	0,320395148	8,298202758	0,62023225	0,547185941	0,917949692
A_23_P107661	0,332953059	11,33238581	0,619959907	0,54735907	0,917949692
A_33_P3283626	0,359912801	8,609321391	0,619912959	0,547388918	0,917949692
A_33_P3210885	0,521818259	11,77874429	0,619858892	0,547423293	0,917949692
A_33_P3364661	-0,30391694	7,925812912	-0,61999804	0,547334827	0,917949692
A_33_P3424861	-0,482728213	11,63354848	-0,62006524	0,547292106	0,917949692
A_24_P295590	-0,440557142	9,960712771	-0,620545163	0,546987059	0,917949692
A_33_P3349552	-0,345344883	13,83942981	-0,620811922	0,546817545	0,917949692
A_33_P3227703	-0,361424854	8,266485327	-0,621089251	0,546641344	0,917949692
A_23_P385034	-0,309502087	12,79676606	-0,621225957	0,5465545	0,917949692
A_24_P118938	-0,378931657	8,366880879	-0,621375642	0,54645942	0,917949692
A_23_P37702	-0,356982551	12,75111938	-0,621420995	0,546430613	0,917949692

A_21_P0013373	-0,34051536	8,440723566	-0,621424556	0,546428352	0,917949692
A_33_P3258702	-0,416691208	10,45551053	-0,621507132	0,546375905	0,917949692
A_21_P0012161	-0,315500542	6,93804898	-0,6216559	0,546281424	0,917949692
A_33_P3221613	-0,338280135	7,612579388	-0,62201711	0,546052063	0,917949692
A_33_P3294237	-0,342864057	10,86726203	-0,622229657	0,545917126	0,917949692
A_23_P15727	-0,316246028	7,823873602	-0,622332981	0,545851536	0,917949692
A_21_P0000558	-0,310070394	6,83059822	-0,62267153	0,545636658	0,917949692
A_21_P0004484	-0,340724099	9,00025855	-0,62278194	0,545566591	0,917949692
A_33_P3249401	0,496033682	7,880330405	0,619512451	0,547643585	0,918144526
A_23_P635	0,344112222	11,44842016	0,619333028	0,547757695	0,918144526
A_23_P116280	0,405853852	8,081918484	0,619313882	0,547769872	0,918144526
A_33_P3399768	0,360749395	7,844299682	0,618915866	0,548023054	0,918144526
A_33_P3324333	0,38729598	8,694981438	0,618261608	0,548439376	0,918144526
A_23_P30913	0,364052882	14,58660224	0,618208905	0,54847292	0,918144526
A_21_P0007161	0,334748587	6,422456911	0,617885766	0,548678614	0,918144526
A_23_P152804	0,435208671	14,04706309	0,617857623	0,54869653	0,918144526
A_33_P3244122	0,345951065	10,8693646	0,617838682	0,548708589	0,918144526
A_23_P150009	0,311473624	10,82772646	0,617768161	0,548753486	0,918144526
A_23_P5679	-0,303121228	6,407367896	-0,617731563	0,548776787	0,918144526
A_24_P555473	-0,360371456	7,420740027	-0,617851805	0,548700234	0,918144526
A_33_P3320127	-0,313099402	14,28908143	-0,618034956	0,548583641	0,918144526
A_32_P216548	-0,437481563	9,785545434	-0,618088495	0,548549562	0,918144526
A_24_P280497	-0,375821447	13,03936394	-0,618282696	0,548425953	0,918144526
A_23_P200325	-0,372854748	12,04676745	-0,618388475	0,548358633	0,918144526
A_23_P312752	-0,344112522	7,231870899	-0,618410679	0,548344502	0,918144526
A_23_P14473	-0,440104924	12,83351901	-0,618761951	0,548120978	0,918144526
A_21_P0014037	-0,308789981	7,047196821	-0,618789935	0,548103173	0,918144526
A_23_P32320	0,314748438	8,640937701	0,617452177	0,548954683	0,918333184
A_33_P3222653	-0,331529143	7,22997122	-0,617106339	0,549174936	0,918374739
A_32_P191895	-0,377448076	9,167917743	-0,617141157	0,549152759	0,918374739
A_33_P3399181	-0,404043097	10,24376644	-0,617151609	0,549146102	0,918374739
A_23_P30736	0,382953091	7,662342012	0,616774088	0,549386583	0,91843061
A_23_P215265	-0,448492559	10,25201233	-0,616747109	0,549403771	0,91843061
A_21_P0012333	-0,321667772	9,381603937	-0,616806016	0,549366242	0,91843061
A_19_P00808086	0,385678013	8,019220299	0,61581229	0,549999514	0,918755183
A_23_P123424	0,303667748	6,655233428	0,615698939	0,550071775	0,918755183
A_23_P53015	0,357058879	8,738655829	0,615630726	0,550115263	0,918755183
A_23_P153571	0,359543756	7,537314788	0,615547663	0,550168222	0,918755183
A_33_P3278813	0,494298768	7,507854865	0,615508672	0,550193082	0,918755183
A_23_P86182	0,31707299	13,82401858	0,615474851	0,550214646	0,918755183
A_23_P321466	0,314463898	7,176365223	0,615462697	0,550222396	0,918755183
A_21_P0006406	0,319516932	6,770630723	0,615415073	0,550252762	0,918755183
A_33_P3286372	0,320937072	7,873972094	0,614869931	0,550600427	0,918755183
A_33_P3384543	0,331384163	12,35340103	0,614832972	0,550624002	0,918755183

A_33_P3364741	0,408334618	13,07510009	0,61472927	0,550690154	0,918755183
A_33_P3856949	0,348412139	10,10213045	0,614723379	0,550693912	0,918755183
A_32_P103633	0,433173589	12,96289265	0,614704857	0,550705728	0,918755183
A_23_P149470	-0,483373411	11,46556111	-0,614752463	0,550675358	0,918755183
A_19_P00321333	-0,45165211	13,98827307	-0,61505065	0,55048516	0,918755183
A_33_P3296707	-0,417919259	7,610296718	-0,615609757	0,550128632	0,918755183
A_21_P0014749	-0,376045344	10,05316691	-0,616040426	0,549854094	0,918755183
A_33_P3485760	0,302844394	6,826609264	0,614398846	0,550900961	0,918837046
A_21_P0013410	0,320716255	7,732585798	0,614192746	0,551032474	0,918837046
A_21_P0003213	0,343742216	10,07711967	0,613953658	0,551185058	0,918837046
A_33_P3292915	0,34770162	7,838772443	0,61390196	0,551218054	0,918837046
A_23_P117363	0,327984059	7,340352363	0,613449888	0,551506637	0,918837046
A_33_P3346688	0,309774046	7,090372905	0,613410459	0,551531811	0,918837046
A_33_P3212839	0,324907825	11,04092372	0,613409007	0,551532738	0,918837046
A_23_P161615	0,400329821	9,793240475	0,613300511	0,551602011	0,918837046
A_21_P0000011	-0,321409247	9,606993327	-0,613308424	0,551596959	0,918837046
A_32_P223189	-0,360834558	8,686581499	-0,613577023	0,551425472	0,918837046
A_24_P158946	-0,414843095	11,34955222	-0,613817347	0,551272061	0,918837046
A_23_P216023	-0,514316022	11,33017784	-0,613840863	0,551257051	0,918837046
A_24_P2648	-0,321923581	7,429498445	-0,613874769	0,55123541	0,918837046
A_32_P134209	0,316162013	8,416549182	0,61304808	0,551763204	0,91891074
A_33_P3250148	-0,332201277	8,67745343	-0,6130271	0,551776603	0,91891074
A_24_P922631	0,471466277	9,613829131	0,612879375	0,551870948	0,918932703
A_33_P3842770	0,617652934	9,471095443	0,612738811	0,551960728	0,918932703
A_33_P3383551	0,437996017	7,497809453	0,612426784	0,552160053	0,918932703
A_19_P00322569	0,383535924	8,361884875	0,612305972	0,55223724	0,918932703
A_23_P151368	0,305164176	10,44768303	0,612292212	0,552246031	0,918932703
A_33_P3393370	-0,313427793	7,929620181	-0,612360937	0,552202122	0,918932703
A_33_P3325634	-0,338563521	9,595865393	-0,612674913	0,552001544	0,918932703
A_23_P6263	0,698285038	9,928781931	0,612084375	0,552378833	0,918936775
A_33_P3412438	-0,349971712	12,67215358	-0,612088081	0,552376465	0,918936775
A_33_P3240674	0,54916355	11,16600513	0,611857842	0,552523601	0,9189472
A_21_P0001011	0,328021844	7,471211029	0,611677051	0,552639152	0,9189472
A_23_P137403	0,354215464	8,982772235	0,611583784	0,552698768	0,9189472
A_32_P69930	0,314226484	8,821526201	0,611485912	0,552761332	0,9189472
A_32_P197561	-0,312612299	6,732383784	-0,610851077	0,553167238	0,9189472
A_23_P307502	-0,327918512	7,249249992	-0,610920895	0,553122589	0,9189472
A_19_P00323022	-0,421589066	8,121372422	-0,610970667	0,553090761	0,9189472
A_24_P636318	-0,375314327	9,946074551	-0,611011939	0,553064369	0,9189472
A_33_P3280597	-0,312937071	7,121526217	-0,611211675	0,552936655	0,9189472
A_24_P225878	-0,307253902	7,298055874	-0,61128291	0,552891111	0,9189472
A_23_P312132	-0,433791844	10,99485981	-0,611436015	0,552793229	0,9189472
A_24_P306443	-0,370962555	7,447456787	-0,61187776	0,552510871	0,9189472
A_33_P3422897	0,469863326	6,966524098	0,610354871	0,553484622	0,919257826

A_33_P3351087	-0,301564126	6,403788092	-0,610433553	0,553434289	0,919257826
A_33_P3307486	0,42056524	8,678883004	0,610139371	0,553622492	0,919378506
A_33_P3235975	0,341477113	7,793739925	0,609761979	0,553863981	0,919562915
A_33_P3799692	-0,414494173	7,806729861	-0,609771149	0,553858113	0,919562915
A_23_P71146	0,50589386	10,04014553	0,609590885	0,553973482	0,91963642
A_23_P403521	0,354510182	9,196278728	0,609073859	0,554304453	0,919776269
A_21_P0008852	0,31514266	6,582927931	0,60906503	0,554310106	0,919776269
A_24_P417526	0,322045735	11,74310169	0,608831978	0,554459329	0,919776269
A_33_P3210585	0,298244232	13,43221929	0,608510133	0,554665443	0,919776269
A_23_P34757	0,316941592	9,383148685	0,608425739	0,554719498	0,919776269
A_33_P3867584	0,3906275	8,843310812	0,608300326	0,55479983	0,919776269
A_24_P40551	0,34303742	10,69618383	0,608286199	0,554808879	0,919776269
A_33_P3277614	0,324245641	13,23488995	0,608236731	0,554840568	0,919776269
A_24_P66001	-0,425945275	10,11225392	-0,608348236	0,554769141	0,919776269
A_23_P130553	-0,494481568	11,0892618	-0,608628825	0,554589427	0,919776269
A_24_P252945	-0,302161274	7,020725738	-0,60870285	0,55454202	0,919776269
A_21_P0001128	-0,318090082	6,786059911	-0,609160851	0,554248758	0,919776269
A_24_P68819	0,328836282	9,673883273	0,6079689	0,555012153	0,91978746
A_32_P751535	0,409425276	14,0040955	0,607925299	0,555040089	0,91978746
A_23_P40240	0,36450667	11,79310141	0,607640848	0,555222359	0,91978746
A_23_P30069	0,409662497	10,04229983	0,607109273	0,555563071	0,91978746
A_23_P216655	0,34931718	10,20067516	0,607082942	0,55557995	0,91978746
A_33_P3399870	0,332121454	10,08850166	0,606739712	0,555800008	0,91978746
A_33_P3318069	0,33612923	6,760952931	0,606443944	0,555989674	0,91978746
A_33_P3263867	0,366179768	9,314587551	0,606316099	0,556071668	0,91978746
A_32_P205637	0,356818126	6,896420708	0,605933829	0,556316879	0,91978746
A_24_P92367	0,32560786	11,75111581	0,605852061	0,556369337	0,91978746
A_23_P56567	0,362787583	12,14024024	0,60555079	0,556562643	0,91978746
A_23_P367071	0,354008933	7,431478673	0,605505786	0,556591522	0,91978746
A_21_P0006645	0,325461139	7,141472416	0,605432999	0,556638232	0,91978746
A_24_P296457	0,338692898	8,128989001	0,6054257	0,556642916	0,91978746
A_24_P288685	0,354528299	7,648553638	0,60510154	0,556850965	0,91978746
A_21_P0001704	0,329732895	9,213990431	0,604990267	0,556922391	0,91978746
A_24_P284893	-0,357327267	12,72835572	-0,604970738	0,556934928	0,91978746
A_23_P78152	-0,438206523	10,70288973	-0,605077338	0,5568665	0,91978746
A_24_P100277	-0,364421377	10,11877367	-0,605187366	0,556795877	0,91978746
A_23_P397019	-0,346028997	7,753397688	-0,605227288	0,556770254	0,91978746
A_24_P229389	-0,398885248	7,352341745	-0,60526563	0,556745645	0,91978746
A_33_P3342992	-0,326077947	7,175922011	-0,605342312	0,556696431	0,91978746
A_23_P33072	-0,506573835	10,54132902	-0,605405513	0,556655871	0,91978746
A_33_P3221999	-0,342388293	11,5656346	-0,6059024	0,556337042	0,91978746
A_23_P31903	-0,29920488	15,74621813	-0,606017893	0,55626295	0,91978746
A_33_P3797403	-0,302261663	6,958640831	-0,606385741	0,556027002	0,91978746
A_23_P320159	-0,304224829	9,896099268	-0,606565894	0,555911468	0,91978746

A_33_P3295009	-0,405241053	7,973432497	-0,606706539	0,555821279	0,91978746
A_33_P3355831	-0,357452579	8,232986045	-0,606872382	0,555714943	0,91978746
A_33_P3261173	-0,375276995	8,372241687	-0,607017566	0,555621861	0,91978746
A_23_P11980	-0,32048507	6,286394975	-0,607507786	0,555307634	0,91978746
A_23_P216920	-0,391037732	12,59700616	-0,607731061	0,555164549	0,91978746
A_24_P303974	-0,459913754	11,74422328	-0,604820705	0,557031243	0,91983878
A_23_P66158	0,531039695	10,35062678	0,604576837	0,557187817	0,919881853
A_33_P3277679	-0,343871008	7,208648606	-0,604641035	0,557146597	0,919881853
A_23_P146637	0,361856751	12,87847268	0,604267741	0,557386304	0,920082025
A_33_P3402269	0,310692345	6,90681475	0,603905292	0,557619103	0,920082025
A_24_P109351	0,307465649	7,827222334	0,603688009	0,557758688	0,920082025
A_33_P3264746	0,365081653	10,76100074	0,60357525	0,557831133	0,920082025
A_33_P3394769	-0,354051247	13,73426211	-0,603579022	0,55782871	0,920082025
A_21_P0012078	-0,343686512	11,66465263	-0,60377354	0,55770374	0,920082025
A_23_P51679	-0,342577164	10,20953744	-0,603784531	0,557696679	0,920082025
A_21_P0013143	-0,298876349	7,242408471	-0,604024367	0,557542616	0,920082025
A_24_P171873	0,309272099	8,694770584	0,603393859	0,557947685	0,920166617
A_33_P3413845	0,324363165	8,252348856	0,603050173	0,558168553	0,920315568
A_23_P120902	-0,514933621	11,24470943	-0,603096247	0,558138941	0,920315568
A_21_P0000367	0,311588282	10,72135355	0,602706408	0,55838952	0,920562229
A_33_P3263157	0,30053597	10,16165211	0,602512739	0,55851403	0,920562229
A_24_P315500	-0,380742033	10,73117478	-0,602554993	0,558486863	0,920562229
A_24_P19228	0,368355573	10,27070881	0,60186735	0,558929058	0,921138608
A_23_P79622	0,360496532	9,496028183	0,601708884	0,559030988	0,921198914
A_23_P60259	-0,422446802	8,957570826	-0,601529631	0,559146302	0,921281257
A_23_P408675	0,630521132	10,53355789	0,601188653	0,559365689	0,921463292
A_33_P3359223	-0,315070081	8,983866116	-0,601154764	0,559387496	0,921463292
A_33_P3386459	0,436303181	8,806211178	0,60076176	0,559640422	0,921641219
A_33_P3251776	0,405966734	12,07753765	0,60070278	0,559678385	0,921641219
A_23_P51126	0,501670822	10,76374907	0,600429064	0,559854584	0,921641219
A_21_P0005637	0,302026696	6,561641775	0,600119402	0,56005396	0,921641219
A_33_P3325102	0,345442953	7,851929222	0,600097066	0,560068342	0,921641219
A_23_P410859	0,470520581	9,770692193	0,600028075	0,560112768	0,921641219
A_23_P330578	0,309426135	6,961918973	0,599701942	0,560322803	0,921641219
A_24_P350245	0,442921945	9,505103838	0,599427407	0,560499641	0,921641219
A_23_P203406	0,300053817	13,26772418	0,599410678	0,560510418	0,921641219
A_23_P148546	0,311515682	11,5004491	0,599386	0,560526315	0,921641219
A_24_P191656	0,339484748	10,2763813	0,59935431	0,560546731	0,921641219
A_21_P0010296	0,355248837	8,13857263	0,598895066	0,560842629	0,921641219
A_23_P16022	0,291806775	10,04648407	0,598878704	0,560853173	0,921641219
A_33_P3233170	0,343159028	11,83025707	0,598831442	0,56088363	0,921641219
A_33_P3423401	-0,349803465	7,764465084	-0,598753851	0,560933634	0,921641219
A_21_P0011594	-0,302661547	6,888604482	-0,5989713	0,560793504	0,921641219
A_33_P3380462	-0,326761628	7,996443113	-0,599007855	0,56076995	0,921641219

A_21_P0002920	-0,297436416	7,097482996	-0,599025203	0,560758771	0,921641219
A_33_P3315314	-0,313273655	9,956702318	-0,599969072	0,560150764	0,921641219
A_33_P3383283	-0,313670174	12,2477117	-0,600146879	0,560036267	0,921641219
A_23_P92954	-0,32323742	13,05193613	-0,600475889	0,55982444	0,921641219
A_24_P361006	-0,46458151	10,75717124	-0,600558585	0,559771204	0,921641219
A_23_P359854	0,339141503	8,961617699	0,598162582	0,561314758	0,921647016
A_23_P163408	0,322041727	7,636299119	0,598116198	0,561344663	0,921647016
A_21_P0010912	0,362349845	16,03932899	0,598032246	0,56139879	0,921647016
A_23_P384532	0,305081677	7,302196344	0,597798984	0,5615492	0,921647016
A_24_P204043	0,344776536	7,792352511	0,597772947	0,56156599	0,921647016
A_19_P00319372	0,35118067	8,976584214	0,597529212	0,561723178	0,921647016
A_24_P272917	0,317852264	7,563167526	0,597113728	0,561991186	0,921647016
A_23_P217564	0,406562807	10,89983272	0,596852797	0,562159535	0,921647016
A_24_P244442	0,380032615	9,030257142	0,596564239	0,562345741	0,921647016
A_33_P3317623	0,529729048	11,36274531	0,596345313	0,562487037	0,921647016
A_23_P58280	0,407893933	13,48133959	0,59622466	0,562564915	0,921647016
A_33_P3315906	0,337853028	10,46762077	0,596101333	0,562644525	0,921647016
A_32_P918263	-0,305839951	10,65729936	-0,59601208	0,562702143	0,921647016
A_33_P3310226	-0,298571095	7,319577575	-0,596102762	0,562643602	0,921647016
A_33_P3251582	-0,342757614	7,316836459	-0,596128083	0,562627256	0,921647016
A_33_P3359791	-0,304083794	7,030158124	-0,596457531	0,562414609	0,921647016
A_21_P0004970	-0,315372721	6,865686907	-0,596482043	0,562398788	0,921647016
A_33_P3331451	-0,352519031	9,466348239	-0,596688099	0,562265811	0,921647016
A_33_P3260362	-0,293353695	6,600754453	-0,596902809	0,562127266	0,921647016
A_32_P139738	-0,324038308	9,755698401	-0,596958581	0,562091282	0,921647016
A_33_P3250383	-0,305175034	8,751612256	-0,59704287	0,5620369	0,921647016
A_21_P0005251	-0,304837598	6,902567644	-0,597102602	0,561998364	0,921647016
A_33_P3409210	-0,324488622	9,691149495	-0,597200704	0,561935076	0,921647016
A_23_P155931	-0,295711486	6,702136358	-0,59746212	0,561766451	0,921647016
A_33_P3334828	-0,402766872	10,22846461	-0,597977743	0,561433932	0,921647016
A_23_P57547	-0,350416065	11,57066671	-0,598166803	0,561312037	0,921647016
A_33_P3304516	-0,305257494	7,590711981	-0,598403688	0,561159327	0,921647016
A_24_P854913	0,363286984	10,97217176	0,595436174	0,563074005	0,921761074
A_33_P3221971	0,335101132	7,769024714	0,595414436	0,563088044	0,921761074
A_33_P3411637	0,316951196	6,428925609	0,595362185	0,563121789	0,921761074
A_33_P3371785	0,368008896	8,103314895	0,595308212	0,563156647	0,921761074
A_24_P15754	0,427051388	9,36167259	0,59523434	0,56320436	0,921761074
A_23_P97906	0,358423331	12,00745997	0,595166612	0,563248106	0,921761074
A_23_P27734	0,345117356	7,354260183	0,595098831	0,563291888	0,921761074
A_23_P89710	0,33133012	10,77391306	0,595094321	0,563294802	0,921761074
A_24_P56363	-0,463975173	9,657817196	-0,594659268	0,563575864	0,922113973
A_33_P3252206	0,352648681	10,21469541	0,594506976	0,563674269	0,922167965
A_21_P0000004	0,299596882	9,598580098	0,594286269	0,563816898	0,922191996
A_33_P3385387	0,334742195	9,495662794	0,594281818	0,563819775	0,922191996

A_21_P0014624	0,302020811	7,797181289	0,593806566	0,564126967	0,922320968
A_33_P3340040	0,382355308	11,85953046	0,593580691	0,564273	0,922320968
A_23_P209731	0,316651461	8,033516669	0,593494626	0,564328648	0,922320968
A_24_P56240	0,323199395	8,231461054	0,592737654	0,564818224	0,922320968
A_23_P80503	0,372814743	7,182000693	0,592706592	0,564838318	0,922320968
A_21_P0005228	0,434139497	12,53543144	0,59266388	0,564865949	0,922320968
A_33_P3228023	0,363603491	8,134495038	0,592655176	0,56487158	0,922320968
A_24_P384200	0,295755986	6,574399214	0,592352087	0,565067679	0,922320968
A_33_P3406245	0,301246639	7,357476666	0,592327009	0,565083907	0,922320968
A_23_P110941	0,347045522	7,83697241	0,592229661	0,5651469	0,922320968
A_23_P16225	-0,361465074	7,364600646	-0,592136826	0,565206976	0,922320968
A_33_P3370424	-0,32379355	9,830138402	-0,592221192	0,56515238	0,922320968
A_33_P3324454	-0,35762671	12,43401783	-0,592298594	0,565102294	0,922320968
A_23_P211806	-0,3410432	12,49118051	-0,592373508	0,565053819	0,922320968
A_23_P14559	-0,300083585	9,287085446	-0,592728203	0,564824337	0,922320968
A_24_P242688	-0,506544223	11,59833465	-0,593196221	0,564521616	0,922320968
A_21_P0012528	-0,332969411	8,474710263	-0,593219262	0,564506714	0,922320968
A_23_P30050	-0,385575673	8,690001239	-0,593419964	0,564376926	0,922320968
A_23_P150053	-0,388241149	8,873208375	-0,593617915	0,564248933	0,922320968
A_33_P3303464	-0,309230616	7,908414187	-0,593797043	0,564133124	0,922320968
A_23_P410017	-0,343025567	9,863129684	-0,592032177	0,565274702	0,922324734
A_33_P3336592	-0,298875918	7,637067519	-0,591701129	0,565488976	0,922460844
A_19_P00318741	-0,338605611	8,524270016	-0,591780304	0,565437725	0,922460844
A_23_P156390	0,305282108	10,46802561	0,591548876	0,565587538	0,92251172
A_33_P3260021	0,319617721	7,602197012	0,591127691	0,565860244	0,92251172
A_21_P0014551	0,299522635	6,707126439	0,591051029	0,565909889	0,92251172
A_33_P3273969	0,481515214	13,03406941	0,591037536	0,565918626	0,92251172
A_23_P88222	0,341015269	8,643355089	0,591000269	0,565942761	0,92251172
A_33_P3259705	0,322847372	7,556339049	0,590896336	0,566010071	0,92251172
A_23_P41143	-0,501181475	11,66471452	-0,590844547	0,566043612	0,92251172
A_23_P159663	-0,360309634	14,42093185	-0,591200035	0,565813398	0,92251172
A_19_P00315967	0,332900491	7,580755053	0,590666402	0,566158999	0,922593125
A_33_P3296479	-0,460956314	9,308378911	-0,590517848	0,566255228	0,922643298
A_23_P334282	0,320616712	10,47772334	0,590187992	0,566468932	0,922671612
A_33_P3225230	-0,352846265	14,62023474	-0,590251695	0,566427657	0,922671612
A_23_P29655	-0,495136586	9,254945742	-0,590313682	0,566387496	0,922671612
A_33_P3348797	0,309662371	9,604283711	0,589855173	0,5666846	0,922708658
A_21_P0010891	-0,378032925	11,0270217	-0,589849909	0,566688011	0,922708658
A_23_P34930	-0,408856089	11,96000995	-0,589854335	0,566685143	0,922708658
A_33_P3230526	0,299436361	7,746803039	0,589041181	0,567212259	0,922719772
A_33_P3331511	0,347906773	9,173638441	0,58902661	0,567221707	0,922719772
A_23_P75453	0,346438244	10,1710293	0,588989634	0,567245682	0,922719772
A_23_P161563	0,387355118	10,50499762	0,58886316	0,567327694	0,922719772
A_23_P37914	0,321119982	7,019124194	0,588524423	0,567547379	0,922719772

A_19_P00332068	0,325090607	8,439697438	0,588449397	0,567596042	0,922719772
A_33_P3287195	0,300454497	8,159044177	0,588286338	0,567701814	0,922719772
A_23_P158997	0,348612405	11,99843894	0,588049286	0,567855602	0,922719772
A_33_P3278118	0,563511305	10,63769816	0,58798981	0,56789419	0,922719772
A_33_P3242039	0,327051021	7,7461447	0,587973095	0,567905035	0,922719772
A_24_P827491	0,292786907	8,68268824	0,587918617	0,567940383	0,922719772
A_33_P3405068	0,397657186	8,378996002	0,58772423	0,568066519	0,922719772
A_33_P3346292	0,292165865	7,005693976	0,587536841	0,568188128	0,922719772
A_23_P205007	0,384885369	9,945186185	0,58741569	0,568266759	0,922719772
A_19_P00320396	0,323800056	8,884053247	0,587276267	0,568357256	0,922719772
A_23_P301846	0,387266248	7,116943152	0,587208717	0,568401104	0,922719772
A_33_P3402763	0,328183415	11,20729738	0,587003953	0,568534032	0,922719772
A_33_P3270295	0,297450511	6,36530625	0,586908798	0,568595811	0,922719772
A_33_P3271241	0,469752269	12,31318434	0,58669124	0,568737072	0,922719772
A_33_P3209866	0,362621171	8,481885788	0,586600662	0,56879589	0,922719772
A_33_P3323934	0,28679574	6,528650571	0,586527827	0,568843188	0,922719772
A_23_P155477	0,305156628	10,20459677	0,586030683	0,569166089	0,922719772
A_21_P0001773	0,370675492	8,605435042	0,585560187	0,569471773	0,922719772
A_33_P3416301	0,358638846	8,673993369	0,585540826	0,569484354	0,922719772
A_33_P3297277	0,304350507	16,5337728	0,585454738	0,569540296	0,922719772
A_33_P3367062	-0,336250425	7,870651188	-0,58520078	0,569705342	0,922719772
A_23_P216766	-0,633437663	9,537350271	-0,585241486	0,569678885	0,922719772
A_23_P38011	-0,344710667	10,21667183	-0,585253865	0,569670839	0,922719772
A_33_P3216890	-0,316718679	11,18974745	-0,585775911	0,569331605	0,922719772
A_33_P3315060	-0,309689777	10,36843087	-0,58584914	0,569284028	0,922719772
A_24_P260443	-0,372925065	9,568563338	-0,585962661	0,569210278	0,922719772
A_23_P171359	-0,357418764	10,02677046	-0,586084602	0,569131063	0,922719772
A_23_P259071	-0,325012694	7,567639305	-0,586110344	0,569114341	0,922719772
A_21_P0010486	-0,286373071	6,640661811	-0,586114872	0,569111401	0,922719772
A_23_P501985	-0,32284414	9,307929214	-0,586443249	0,568898116	0,922719772
A_24_P358146	-0,360315069	7,968708224	-0,586670912	0,568750272	0,922719772
A_23_P147199	-0,303326826	11,69185219	-0,586689345	0,568738302	0,922719772
A_33_P3332382	-0,311369173	8,419597831	-0,586992332	0,568541577	0,922719772
A_21_P0010672	-0,306485826	6,764754545	-0,587042361	0,568509098	0,922719772
A_23_P102517	-0,40896333	9,925252203	-0,587379845	0,568290024	0,922719772
A_23_P122233	-0,366858546	12,33709537	-0,587638077	0,568122427	0,922719772
A_24_P343271	-0,337149149	8,370937183	-0,588119451	0,56781008	0,922719772
A_33_P3685216	-0,333773084	11,37203023	-0,588700339	0,567433284	0,922719772
A_33_P3260747	-0,309546485	7,4952699	-0,58871595	0,56742316	0,922719772
A_33_P3345304	-0,287800748	6,533369568	-0,588753895	0,567398552	0,922719772
A_23_P209954	-0,457523481	8,486928768	-0,589706788	0,566780769	0,922719772
A_33_P3716128	0,345986622	11,85311444	0,585094343	0,569774522	0,922725819
A_24_P385585	0,376164737	7,956128129	0,584938737	0,569875668	0,922783628
A_32_P144920	-0,415148363	7,928938054	-0,584456936	0,57018891	0,923184823

A_23_P255126	-0,369086004	10,87218644	-0,584300219	0,570290818	0,923243799
A_23_P149946	-0,673492344	9,720063851	-0,584198248	0,570357133	0,923245145
A_33_P3394465	0,300108533	6,936380559	0,582471078	0,57148099	0,924468877
A_24_P98555	0,32128823	10,21636465	0,582454129	0,571492024	0,924468877
A_33_P3209005	0,290277609	6,79063168	0,582248762	0,571625736	0,924468877
A_21_P0004987	0,311978094	7,515169059	0,582224302	0,571641663	0,924468877
A_23_P118300	0,287566397	8,659116766	0,582103775	0,571720145	0,924468877
A_24_P321752	0,324862969	8,066178088	0,582019124	0,57177527	0,924468877
A_24_P84880	-0,313432782	8,725601641	-0,581928343	0,571834391	0,924468877
A_33_P3283122	-0,353143458	8,003521278	-0,582199746	0,571657652	0,924468877
A_24_P20032	-0,368318636	11,17890233	-0,582426874	0,571509769	0,924468877
A_23_P139388	-0,322431123	9,295434134	-0,582657263	0,571359783	0,924468877
A_33_P3374293	-0,297377684	9,748372822	-0,582814922	0,571257158	0,924468877
A_23_P101319	0,324407076	7,153628999	0,581718586	0,571971005	0,924581289
A_33_P3248967	-0,303035521	11,2240117	-0,581620215	0,57203508	0,924581289
A_33_P3344951	-0,416256229	9,127618294	-0,581262377	0,572268194	0,924852047
A_21_P0008871	0,348015591	9,048220613	0,581040517	0,57241275	0,924873638
A_21_P0011848	-0,320164476	9,626126666	-0,581080535	0,572386674	0,924873638
A_33_P3319161	0,481944097	10,74053842	0,580689787	0,572641314	0,925073075
A_23_P106720	0,406753923	8,289696658	0,580443945	0,572801554	0,925073075
A_33_P3251876	0,643121588	9,657047945	0,580012383	0,573082904	0,925073075
A_23_P75071	0,386387639	8,068161415	0,579911673	0,573148572	0,925073075
A_21_P0000264	0,314703554	7,858502947	0,579879446	0,573169586	0,925073075
A_21_P0013814	0,325946819	7,627454769	0,579622868	0,573336907	0,925073075
A_33_P3270102	0,373254271	9,901007313	0,579336492	0,573523692	0,925073075
A_21_P0014600	0,336008345	7,664144432	0,579195885	0,573615412	0,925073075
A_33_P3375133	0,317404072	7,348854521	0,579079657	0,573691236	0,925073075
A_33_P3329240	0,306084742	7,301170859	0,578986176	0,573752224	0,925073075
A_33_P3342096	0,327937202	8,802932404	0,578972494	0,57376115	0,925073075
A_24_P391586	0,36546809	8,019154081	0,578785768	0,573882985	0,925073075
A_23_P44139	0,312087052	11,28610575	0,578678931	0,573952699	0,925073075
A_19_P00322487	0,316843282	8,448775952	0,578630965	0,573984	0,925073075
A_23_P58102	0,404623087	11,11463826	0,578584186	0,574014527	0,925073075
A_33_P3234593	0,35492669	7,261160729	0,578557192	0,574032143	0,925073075
A_23_P10081	0,295978121	7,10311394	0,578418038	0,57412296	0,925073075
A_24_P374962	0,303939242	10,35593677	0,578260375	0,574225864	0,925073075
A_33_P3253702	0,281695004	6,689267771	0,578221934	0,574250956	0,925073075
A_33_P3278407	-0,417489744	9,757370028	-0,578134964	0,574307726	0,925073075
A_33_P3382634	-0,319316902	6,763829263	-0,578225286	0,574248768	0,925073075
A_33_P3226755	-0,295300707	7,006464997	-0,578241775	0,574238005	0,925073075
A_23_P13524	-0,409559094	12,56549908	-0,578455072	0,574098789	0,925073075
A_23_P54488	-0,399381081	9,329383415	-0,579183061	0,573623778	0,925073075
A_24_P333733	-0,340718382	15,2102082	-0,580006328	0,573086853	0,925073075
A_24_P280926	-0,440432983	13,69517357	-0,580474776	0,572781457	0,925073075

A_24_P305938	-0,409667635	8,592613045	-0,58063121	0,572679493	0,925073075
A_21_P0013581	0,288496421	11,51079117	0,577889015	0,574468286	0,925156988
A_23_P96590	0,287917704	6,827105235	0,577753632	0,574556677	0,925156988
A_23_P26759	-0,446523168	9,034433461	-0,577820957	0,57451272	0,925156988
A_21_P0009480	-0,302157204	6,483984325	-0,577500488	0,574721974	0,925317472
A_23_P88234	0,35946375	11,26239687	0,577335759	0,574829551	0,925385001
A_32_P122402	0,405044153	10,64845332	0,577170247	0,57493765	0,925453355
A_19_P00805291	0,387943038	13,61841031	0,576979039	0,575062546	0,925531223
A_21_P0001419	0,285357743	6,282242308	0,576895196	0,575117316	0,925531223
A_21_P0013145	0,379439085	8,496754597	0,576348038	0,575474815	0,925837395
A_33_P3238479	0,369203081	6,82053685	0,576313101	0,575497646	0,925837395
A_33_P3250553	0,279561002	6,372423375	0,576302506	0,57550457	0,925837395
A_24_P393864	-0,314590385	9,54823517	-0,576114409	0,575627498	0,925929504
A_33_P3409934	0,342665639	9,25531727	0,575701411	0,575897457	0,925943489
A_33_P3381899	0,330202861	7,984074982	0,575699219	0,575898891	0,925943489
A_33_P3278571	-0,286099316	6,818157111	-0,575780403	0,575845819	0,925943489
A_23_P63908	-0,337535098	9,375773098	-0,575916593	0,575756793	0,925943489
A_23_P322	0,290634867	9,057136535	0,575413941	0,576085405	0,926032165
A_32_P56249	-0,354314772	8,327018764	-0,57549217	0,576034255	0,926032165
A_24_P145122	0,287886782	8,297584031	0,574910458	0,576414659	0,926346075
A_23_P35970	0,309288777	10,58609215	0,574837225	0,576462559	0,926346075
A_33_P3243343	0,294679226	12,54456023	0,574797575	0,576488493	0,926346075
A_21_P0000885	0,310137733	8,404218364	0,574713481	0,5765435	0,926346075
A_21_P0000739	0,304537886	10,86938103	0,574548021	0,576651738	0,92641441
A_33_P3412149	0,296242034	10,51112965	0,574307316	0,576809219	0,926561829
A_24_P178444	-0,299791003	6,941571473	-0,573946027	0,577045634	0,926835998
A_21_P0006692	0,310327212	8,203563032	0,573585535	0,577281579	0,926847519
A_23_P153941	0,287847939	6,762660088	0,573533316	0,577315761	0,926847519
A_23_P162300	-0,297525764	10,53813175	-0,573539246	0,577311879	0,926847519
A_23_P120467	-0,338096764	7,78040713	-0,573770081	0,577160785	0,926847519
A_21_P0006827	0,286706706	6,803287551	0,573229257	0,577514816	0,927061528
A_21_P0014503	-0,301954355	10,92482443	-0,573128236	0,577580959	0,927062152
A_33_P3346801	-0,298891909	7,723497366	-0,572595907	0,577929564	0,927516098
A_23_P432545	0,328293796	11,40264738	0,572241554	0,57816168	0,92778301
A_23_P126103	0,363158102	9,037137557	0,571769221	0,578471156	0,92804525
A_33_P3337272	0,36666511	9,835372665	0,571741748	0,578489159	0,92804525
A_23_P397341	0,314973347	8,799999321	0,571568099	0,578602959	0,92804525
A_33_P3370132	0,311071125	11,01508473	0,571193447	0,578848526	0,92804525
A_24_P375322	-0,29791599	7,298191822	-0,571188625	0,578851687	0,92804525
A_33_P3329255	-0,303658799	10,47555638	-0,571320547	0,578765211	0,92804525
A_23_P390704	-0,337481698	9,082293054	-0,571394707	0,578716602	0,92804525
A_21_P0007547	-0,347416992	8,217918038	-0,571643489	0,578553551	0,92804525
A_24_P329635	0,299073816	10,81820931	0,570605504	0,579234007	0,9281384
A_23_P6344	0,302896017	15,95333844	0,570597985	0,579238938	0,9281384

A_23_P85693	-0,421692487	9,025841376	-0,570655562	0,579201182	0,9281384
A_24_P414999	-0,686648391	11,2735543	-0,570726437	0,579154707	0,9281384
A_33_P3685572	-0,337909108	8,211632402	-0,570902404	0,579039329	0,9281384
A_33_P3332006	0,326982926	10,25048197	0,570173436	0,579517377	0,928159313
A_33_P3222105	0,281344361	13,29024609	0,570163915	0,579523623	0,928159313
A_21_P0013385	0,298075764	6,857193633	0,569989907	0,579637766	0,928159313
A_33_P3386532	0,30859771	7,338392447	0,56959263	0,579898413	0,928159313
A_23_P64232	0,322070574	11,73237604	0,569578924	0,579907406	0,928159313
A_23_P315933	0,317924472	12,24127258	0,569519709	0,579946262	0,928159313
A_24_P67142	0,4172183	10,37943039	0,56920492	0,580152842	0,928159313
A_24_P97836	0,290914117	7,833341376	0,569030931	0,58026704	0,928159313
A_23_P349127	0,281689056	8,314428875	0,569010079	0,580280726	0,928159313
A_23_P87769	0,300173387	10,96704102	0,568946182	0,580322669	0,928159313
A_23_P82913	0,281611514	10,3807224	0,568898874	0,580353723	0,928159313
A_24_P104512	0,424074537	10,06778865	0,568872309	0,580371162	0,928159313
A_21_P0000784	0,325468964	7,059830035	0,568795712	0,580421444	0,928159313
A_33_P3383422	0,292418277	9,860439215	0,568540353	0,580589094	0,928159313
A_33_P3475737	0,369251703	8,858807656	0,568332245	0,580725741	0,928159313
A_23_P57868	0,327018086	11,47399176	0,567699995	0,581140992	0,928159313
A_24_P31003	0,298555343	8,795124766	0,567318771	0,58139145	0,928159313
A_23_P136058	0,309559985	10,68155075	0,567147624	0,581503909	0,928159313
A_21_P0013690	0,322594108	6,892417162	0,566882724	0,581677996	0,928159313
A_32_P25437	0,296551756	9,084676259	0,566705889	0,581794223	0,928159313
A_21_P0000405	0,290495399	6,588226484	0,56658062	0,581876566	0,928159313
A_21_P0013057	0,328354586	7,04866836	0,566437249	0,581970814	0,928159313
A_24_P39724	0,316307279	8,562342819	0,566296175	0,582063561	0,928159313
A_33_P3372257	0,307357793	7,592747874	0,566198503	0,582127779	0,928159313
A_23_P155556	0,349087775	12,82069886	0,565620208	0,582508073	0,928159313
A_21_P0010811	0,287730714	6,549737942	0,565572119	0,582539703	0,928159313
A_23_P80902	0,366310265	11,38433227	0,565386498	0,582661801	0,928159313
A_19_P00804072	0,495941242	8,844261855	0,565349761	0,582685968	0,928159313
A_23_P70409	0,383553342	9,439532995	0,565188546	0,582792025	0,928159313
A_21_P0010601	0,292589751	7,594855982	0,565159062	0,582811423	0,928159313
A_33_P3213155	0,332895137	8,142454036	0,565086703	0,582859029	0,928159313
A_33_P3312365	0,345229003	9,710301208	0,564902432	0,582980275	0,928159313
A_33_P3364308	0,321034851	7,314078844	0,564190005	0,583449158	0,928159313
A_23_P162336	0,296324324	12,9462652	0,564158106	0,583470157	0,928159313
A_21_P0006667	0,294833138	6,641278362	0,564138649	0,583482966	0,928159313
A_23_P251916	0,294196371	11,99636775	0,564065621	0,583531041	0,928159313
A_21_P0007136	-0,295740207	6,685887517	-0,564135324	0,583485154	0,928159313
A_21_P0012583	-0,322740211	12,91800204	-0,564389159	0,583318065	0,928159313
A_33_P3329834	-0,319927898	10,32826766	-0,564441874	0,583283368	0,928159313
A_23_P346376	-0,396251292	7,664527149	-0,56447323	0,58326273	0,928159313
A_23_P19243	-0,322211566	8,821275582	-0,564521751	0,583230795	0,928159313

A_21_P0005069	-0,32501867	7,222572699	-0,564726365	0,583096135	0,928159313
A_33_P3215412	-0,306877266	8,776299263	-0,564874179	0,582998865	0,928159313
A_21_P0000651	-0,304202396	9,64404103	-0,56517582	0,582800398	0,928159313
A_21_P0010782	-0,346944125	8,963367719	-0,565239214	0,582758692	0,928159313
A_33_P3544887	-0,386058238	9,483045001	-0,565326458	0,582701297	0,928159313
A_23_P433791	-0,306792129	7,910283651	-0,565330453	0,582698669	0,928159313
A_33_P3226810	-0,381509189	12,03096369	-0,565417301	0,582641538	0,928159313
A_33_P3251492	-0,302339138	6,750008878	-0,565651434	0,582487535	0,928159313
A_21_P0010981	-0,33634759	17,35506443	-0,565782991	0,582401011	0,928159313
A_23_P328836	-0,332065196	7,862976757	-0,565852516	0,582355288	0,928159313
A_33_P3286709	-0,286408523	6,566245985	-0,565924616	0,582307874	0,928159313
A_23_P329198	-0,341167436	12,43466574	-0,566823656	0,581716818	0,928159313
A_33_P3441576	-0,305030738	8,914648189	-0,566911817	0,581658875	0,928159313
A_33_P3331916	-0,282833215	6,896220942	-0,567198508	0,581470473	0,928159313
A_23_P327519	-0,284529577	10,97683713	-0,5673187	0,581391497	0,928159313
A_21_P0002595	-0,30021831	6,842156198	-0,567615006	0,581196824	0,928159313
A_33_P3333712	-0,34372003	7,879569347	-0,56783501	0,581052304	0,928159313
A_23_P101642	-0,282420895	6,742316207	-0,568030628	0,580923819	0,928159313
A_21_P0010271	-0,30276324	6,801780794	-0,568501067	0,580614889	0,928159313
A_23_P35205	-0,296452103	10,04244071	-0,568691108	0,580490116	0,928159313
A_33_P3374085	-0,300192442	10,52110083	-0,569408915	0,580018966	0,928159313
A_33_P3250845	-0,322712287	12,75533705	-0,569463208	0,579983338	0,928159313
A_32_P95223	-0,386927319	12,65291548	-0,569800435	0,579762068	0,928159313
A_33_P3277943	-0,295231484	9,70650913	-0,569802837	0,579760492	0,928159313
A_33_P3464900	-0,310958521	7,175342088	-0,563916023	0,583629532	0,928211255
A_23_P61447	-0,324685681	11,47508476	-0,563764061	0,583729588	0,928265674
A_23_P203305	-0,346511723	10,5746965	-0,563457855	0,58393123	0,928376907
A_21_P0011429	-0,373179327	10,91796179	-0,563523056	0,583888291	0,928376907
A_23_P416034	0,297188804	7,650663998	0,562992586	0,584237687	0,928759404
A_23_P11859	0,294337879	10,18385452	0,562445144	0,584598378	0,92922802
A_23_P215669	-0,412278252	10,1058853	-0,561991697	0,584897229	0,929283978
A_33_P3211473	-0,284442294	14,54672831	-0,561998812	0,584892539	0,929283978
A_24_P82135	-0,369221536	8,325654202	-0,562121014	0,584811992	0,929283978
A_33_P3405459	-0,385976908	9,205495082	-0,562186632	0,584768744	0,929283978
A_24_P941166	-0,288680869	8,659024353	-0,561626856	0,58513774	0,929351921
A_23_P571	-0,352081009	10,93742433	-0,561665838	0,58511204	0,929351921
A_23_P23438	-0,33409313	9,543389968	-0,561745202	0,585059718	0,929351921
A_24_P136094	0,338026273	7,94254051	0,561005428	0,58554752	0,929898005
A_23_P18196	0,362846494	12,51141114	0,560700532	0,585748629	0,930112616
A_33_P3360917	0,288208667	8,868433714	0,560370482	0,58596637	0,930141597
A_33_P3473108	0,276831877	6,903791875	0,560262194	0,586037819	0,930141597
A_33_P3294966	0,290614654	6,924750458	0,560072922	0,586162713	0,930141597
A_23_P73142	-0,38810553	9,259677859	-0,560171862	0,586097424	0,930141597
A_23_P47879	-0,304284607	13,18244569	-0,56046825	0,585901865	0,930141597

A_24_P684186	-0,373497101	11,70936126	-0,560511315	0,585873454	0,930141597
A_33_P3793702	-0,297186876	7,344649789	-0,559703504	0,586406519	0,930423758
A_33_P3379017	0,29577985	8,538375111	0,559284048	0,586683415	0,930595628
A_33_P3313411	-0,315658531	13,33784294	-0,559239456	0,586712855	0,930595628
A_33_P3230583	-0,287228951	8,086638626	-0,559328621	0,586653987	0,930595628
A_33_P3388466	0,364652028	7,839234689	0,558462451	0,587225974	0,931304725
A_24_P627306	0,309920234	11,47265037	0,55814053	0,587438633	0,931457166
A_23_P411851	0,285211804	8,306955218	0,557975685	0,587547545	0,931457166
A_23_P252306	0,426958185	10,21061964	0,557796148	0,587666175	0,931457166
A_24_P67308	0,290854546	16,32732997	0,557617012	0,587784553	0,931457166
A_33_P3416037	-0,436011086	12,96409949	-0,557710014	0,587723093	0,931457166
A_21_P0010503	-0,281690331	6,613748344	-0,557808419	0,587658066	0,931457166
A_24_P70002	-0,315973529	9,144712947	-0,558078859	0,587479377	0,931457166
A_33_P3246995	0,304285868	13,54847614	0,557499677	0,587862097	0,931475355
A_33_P3392245	0,305046173	7,577567595	0,557114171	0,58811691	0,931519862
A_33_P3413523	0,28305751	10,44825016	0,557105071	0,588122926	0,931519862
A_24_P123119	0,278418761	6,607961104	0,556967616	0,588213796	0,931519862
A_23_P23616	-0,367130696	7,380324607	-0,556957421	0,588220536	0,931519862
A_21_P0003050	-0,293849715	6,620759184	-0,557297574	0,587995677	0,931519862
A_23_P78410	0,309475286	10,8242556	0,556576866	0,588472156	0,931709032
A_33_P3404779	-0,292000067	7,022535235	-0,556591137	0,588462719	0,931709032
A_33_P3369239	0,53007249	11,54983329	0,555893717	0,588923991	0,931862165
A_23_P104151	0,314177663	11,05987836	0,555855441	0,588949312	0,931862165
A_19_P00801735	0,397242879	13,04392019	0,555708312	0,589046649	0,931862165
A_23_P15073	0,273714842	9,874323838	0,555658953	0,589079306	0,931862165
A_24_P100673	-0,308921886	13,00796728	-0,555531366	0,589163724	0,931862165
A_33_P3289218	-0,281285098	10,37156318	-0,555543094	0,589155964	0,931862165
A_23_P214882	-0,352572397	9,4634656	-0,555622029	0,589103736	0,931862165
A_23_P383435	-0,401150694	13,41459012	-0,555910235	0,588913064	0,931862165
A_21_P0009346	-0,277127725	6,622894138	-0,55611177	0,588779751	0,931862165
A_32_P806841	-0,288258181	8,192065624	-0,555424753	0,589234269	0,931869205
A_23_P133227	0,291934532	11,91902293	0,555158559	0,589410428	0,93204325
A_21_P0011411	0,416902978	10,65956175	0,55497163	0,589534148	0,932047599
A_33_P3416448	0,362055944	8,493644094	0,554870442	0,589601125	0,932047599
A_23_P68610	0,373473202	11,91150088	0,554728148	0,589695318	0,932047599
A_21_P0003579	0,404812093	10,4647637	0,554698947	0,589714649	0,932047599
A_23_P53288	0,277629973	15,17136502	0,554145246	0,590081257	0,932047599
A_23_P104146	0,284422293	10,77766369	0,554123354	0,590095754	0,932047599
A_23_P68910	0,419294961	11,12191555	0,554108143	0,590105827	0,932047599
A_32_P227317	0,308298455	7,561733728	0,553932658	0,590222045	0,932047599
A_23_P19510	0,311591876	8,878681172	0,553911625	0,590235975	0,932047599
A_23_P106906	0,282679323	6,931114241	0,553663547	0,59040029	0,932047599
A_24_P295806	0,354142992	10,0218887	0,553515618	0,590498282	0,932047599
A_24_P303420	0,354481892	7,583454103	0,55334962	0,590608254	0,932047599

A_23_P200143	0,318805175	8,349647717	0,553159519	0,590734207	0,932047599
A_33_P3399101	-0,274003803	8,227350218	-0,553157832	0,590735325	0,932047599
A_33_P3417222	-0,340382035	13,49035459	-0,553367445	0,590596445	0,932047599
A_33_P3314031	-0,360167875	8,780051304	-0,553405787	0,590571043	0,932047599
A_23_P214876	-0,286355519	13,59836871	-0,553521597	0,590494321	0,932047599
A_23_P501007	-0,26945296	6,524423044	-0,553592022	0,590447669	0,932047599
A_23_P45338	-0,325924266	7,511807539	-0,553812811	0,590301422	0,932047599
A_23_P203665	-0,392979575	8,549224165	-0,553980989	0,590190036	0,932047599
A_21_P0005776	-0,345156775	7,760984373	-0,552895119	0,590909411	0,932113648
A_21_P0011393	-0,296248113	7,335330141	-0,552927763	0,590887778	0,932113648
A_24_P709377	0,371452945	8,155731104	0,552401662	0,591236471	0,932525227
A_21_P0010326	0,286483629	8,473921794	0,552032623	0,59148113	0,932702433
A_32_P202859	-0,311652538	7,862656448	-0,552132326	0,591415025	0,932702433
A_23_P502350	-0,366972662	10,52523142	-0,551788558	0,591642965	0,932853295
A_33_P3394213	0,321799602	7,303363928	0,551398981	0,591901334	0,933156312
A_33_P3364631	-0,275565585	6,972075155	-0,55119472	0,592036823	0,93326556
A_21_P0004543	0,33971196	7,519798221	0,550384232	0,592574594	0,93371884
A_23_P255876	0,271021869	6,718322546	0,550316327	0,592619661	0,93371884
A_21_P0012239	0,47794321	11,05876173	0,550002121	0,592828218	0,93371884
A_24_P186944	0,290458789	16,10881618	0,549823169	0,592947015	0,93371884
A_24_P941376	0,343938863	7,649725427	0,549638467	0,593069644	0,93371884
A_21_P0006048	0,310513243	7,016611122	0,549528943	0,593142365	0,93371884
A_23_P335428	0,303730507	9,405194973	0,549233479	0,593338571	0,93371884
A_23_P438	0,310630925	10,91690892	0,54898925	0,593500779	0,93371884
A_23_P148969	0,281589486	10,57734134	0,548926598	0,593542394	0,93371884
A_23_P315206	0,320312362	8,899062927	0,548772272	0,593644907	0,93371884
A_33_P3239839	0,289155322	11,70604195	0,548675461	0,59370922	0,93371884
A_23_P56170	-0,295084163	10,68164543	-0,548566903	0,593781341	0,93371884
A_21_P0013348	-0,270055247	7,536852924	-0,54865527	0,593722633	0,93371884
A_33_P3393582	-0,366506845	7,810717581	-0,548782696	0,593637982	0,93371884
A_24_P261005	-0,350374607	10,80808877	-0,549182645	0,593372331	0,93371884
A_33_P3228739	-0,280738692	7,719257628	-0,549213654	0,593351737	0,93371884
A_23_P20363	-0,333229878	10,3832741	-0,549354902	0,593257935	0,93371884
A_23_P62932	-0,315390392	12,1994573	-0,549426305	0,593210519	0,93371884
A_24_P228717	-0,395528396	12,8472913	-0,54981497	0,592952459	0,93371884
A_33_P3419180	-0,300944935	9,516031869	-0,550202818	0,592694999	0,93371884
A_23_P158725	-0,298247208	16,42988232	-0,550247857	0,592665105	0,93371884
A_32_P198990	-0,278003859	7,872611754	-0,550266023	0,592653048	0,93371884
A_24_P917866	-0,310172565	9,042401528	-0,548445729	0,593861848	0,933741296
A_19_P00322573	0,331864896	8,724853578	0,548171906	0,594043796	0,933770819
A_23_P39263	0,282053856	7,969010917	0,548084497	0,594101883	0,933770819
A_23_P84929	0,38661774	10,32390898	0,547997611	0,594159625	0,933770819
A_33_P3365010	0,395048549	10,89160865	0,547674788	0,594374192	0,933770819
A_23_P117037	0,287367811	11,63217953	0,547605522	0,594420235	0,933770819

A_33_P3691916	0,276967377	7,542801328	0,547305286	0,594619832	0,933770819
A_33_P3317048	0,310827843	7,037856246	0,547172286	0,594708262	0,933770819
A_23_P130352	0,275287952	7,203714269	0,54676914	0,59497635	0,933770819
A_21_P0013278	0,284493213	8,356194881	0,546761423	0,594981482	0,933770819
A_33_P3319281	0,271090767	7,062092294	0,546718268	0,595010183	0,933770819
A_33_P3287922	0,286180923	12,90826461	0,546576178	0,595104689	0,933770819
A_32_P234827	0,269016527	10,90090573	0,546511494	0,595147714	0,933770819
A_23_P61960	0,352415951	7,843484859	0,546117818	0,595409604	0,933770819
A_33_P3234984	0,293741037	7,359970981	0,546103081	0,595419408	0,933770819
A_24_P114339	0,293520615	7,183097631	0,546046504	0,595457051	0,933770819
A_23_P56356	0,28335933	9,116916416	0,545669154	0,595708147	0,933770819
A_32_P92505	0,336573053	10,5340728	0,545664346	0,595711346	0,933770819
A_23_P335388	0,282252249	6,316454146	0,545495701	0,595823584	0,933770819
A_21_P0000582	0,353624051	7,803891938	0,545269681	0,595974022	0,933770819
A_23_P363406	0,339402517	8,226585905	0,545109725	0,596080501	0,933770819
A_33_P3334343	0,439186702	10,5393187	0,545061373	0,596112689	0,933770819
A_21_P0013499	0,283290644	6,55944467	0,544782119	0,596298611	0,933770819
A_33_P3303940	0,298170133	11,25280334	0,544569049	0,596440488	0,933770819
A_33_P3214635	0,287521251	11,12837994	0,544428643	0,59653399	0,933770819
A_23_P210726	0,303405991	11,70193455	0,544225503	0,596669282	0,933770819
A_23_P33613	0,416870394	13,37000817	0,544223007	0,596670945	0,933770819
A_23_P87603	0,274663977	10,45695387	0,543935961	0,596862146	0,933770819
A_23_P363174	0,312830755	11,82468989	0,543709289	0,597013155	0,933770819
A_23_P1998	0,271555873	7,318072809	0,543667382	0,597041076	0,933770819
A_23_P44569	0,288016664	7,371883439	0,543636876	0,597061401	0,933770819
A_33_P3350488	0,282345669	13,41699403	0,54360457	0,597082925	0,933770819
A_32_P203528	0,280994519	8,749567788	0,54347961	0,597166187	0,933770819
A_23_P16078	0,368185259	11,30962987	0,543181875	0,597364595	0,933770819
A_23_P146576	0,33394155	9,038542994	0,543033434	0,597463527	0,933770819
A_33_P3404701	0,301730587	9,8735841	0,542871516	0,59757145	0,933770819
A_33_P3590279	0,293135534	10,17462555	0,54270572	0,59768197	0,933770819
A_24_P308229	-0,283900901	7,146240949	-0,542645761	0,597721941	0,933770819
A_21_P0007247	-0,287536841	11,05275122	-0,542672918	0,597703836	0,933770819
A_23_P127475	-0,277522627	11,59175732	-0,542854288	0,597582934	0,933770819
A_32_P90080	-0,372066073	9,930686989	-0,543067999	0,597440489	0,933770819
A_24_P383523	-0,323760203	7,367250334	-0,543144887	0,597389245	0,933770819
A_21_P0012359	-0,321836604	6,727361521	-0,543413989	0,597209913	0,933770819
A_23_P211007	-0,405862213	11,7108911	-0,54396489	0,596842875	0,933770819
A_21_P0011467	-0,394156928	12,26282266	-0,544092942	0,596757577	0,933770819
A_23_P161507	-0,299872159	9,304973441	-0,544115402	0,596742617	0,933770819
A_33_P3253672	-0,301066889	10,70475846	-0,544442283	0,596524906	0,933770819
A_24_P64039	-0,334182119	9,299972136	-0,544699062	0,596353914	0,933770819
A_23_P69362	-0,359265136	10,49344161	-0,544733329	0,596331097	0,933770819
A_21_P0003308	-0,313813398	8,758755608	-0,545218496	0,596008094	0,933770819

A_33_P3396459	-0,27262243	9,262981006	-0,545441376	0,59585974	0,933770819
A_21_P0013035	-0,306716119	8,543350219	-0,54595475	0,595518101	0,933770819
A_33_P3310976	-0,295418666	9,110372664	-0,545965809	0,595510742	0,933770819
A_33_P3304170	-0,348955547	11,64218756	-0,546445795	0,595191416	0,933770819
A_21_P0006590	-0,283263776	6,673790044	-0,546458545	0,595182934	0,933770819
A_33_P3334185	-0,323979332	9,702753743	-0,546585087	0,595098763	0,933770819
A_23_P107036	-0,347406783	12,80758232	-0,546605295	0,595085323	0,933770819
A_23_P162087	-0,277861884	13,96447746	-0,546615182	0,595078746	0,933770819
A_33_P3283611	-0,321801087	9,923062852	-0,547874135	0,594241689	0,933770819
A_24_P88565	-0,301787057	10,81418036	-0,542281879	0,597964548	0,934046329
A_33_P3359984	0,32930904	12,48312226	0,542124438	0,598069533	0,934106829
A_33_P3275510	0,273507362	10,16218193	0,541870694	0,598238755	0,934154413
A_33_P3687604	0,266416779	6,696529547	0,541754464	0,598316277	0,934154413
A_23_P6398	-0,37598827	9,258857666	-0,541681377	0,598365026	0,934154413
A_23_P319895	-0,341443187	8,51298569	-0,541869654	0,598239449	0,934154413
A_21_P0013921	-0,407626586	11,85101763	-0,541447054	0,598521335	0,934294984
A_32_P122793	0,287769436	9,262791251	0,541285335	0,598629224	0,934308923
A_24_P166613	-0,420908142	12,87160901	-0,541135691	0,598729067	0,934308923
A_23_P205389	-0,425882165	10,29150596	-0,541152395	0,598717922	0,934308923
A_24_P343233	0,294508089	14,24700441	0,54074338	0,598990858	0,934614001
A_21_P0006511	0,347697761	8,689221495	0,540637013	0,599061847	0,934621333
A_23_P73345	-0,310856394	8,309197269	-0,540384404	0,599230456	0,934780947
A_23_P62731	-0,322198933	12,14895858	-0,540180319	0,599366694	0,934890035
A_23_P14184	0,275168224	10,68989663	0,53961383	0,599744941	0,935192248
A_33_P3368083	-0,310270275	6,571398565	-0,539592122	0,599759437	0,935192248
A_21_P0001804	-0,27686362	6,589769956	-0,539777085	0,599635922	0,935192248
A_24_P119131	0,325725356	8,833587072	0,539254873	0,599984681	0,93524398
A_33_P3299314	0,315832697	12,05847966	0,539219248	0,600008477	0,93524398
A_33_P3315986	-0,301494433	7,349869866	-0,539145183	0,60005795	0,93524398
A_23_P369701	-0,295282698	7,383702317	-0,539403618	0,599885331	0,93524398
A_24_P386334	0,309249613	9,166605316	0,539015938	0,600144288	0,935275153
A_33_P3316379	0,273207118	12,96948034	0,538804167	0,600285768	0,935392246
A_21_P0011356	0,274023404	7,065132849	0,538524125	0,600472885	0,935397931
A_33_P3218768	0,362676663	10,9242091	0,538473645	0,600506617	0,935397931
A_21_P0001229	0,278696801	6,865839976	0,538357952	0,600583932	0,935397931
A_33_P3402783	0,296456038	9,13494591	0,538186429	0,600698565	0,935397931
A_24_P238543	0,351278097	8,030291057	0,538166222	0,60071207	0,935397931
A_24_P260134	0,481159291	9,614938626	0,538095756	0,600759168	0,935397931
A_23_P42116	0,314387859	11,29884252	0,537921746	0,60087548	0,935397931
A_21_P0000108	0,38431299	13,97436701	0,537645904	0,601059883	0,935397931
A_23_P121326	-0,268890351	11,8839024	-0,537508274	0,601151901	0,935397931
A_21_P0012253	-0,357467079	9,351847559	-0,537605633	0,601086807	0,935397931
A_23_P154022	-0,358896564	9,420993195	-0,537625423	0,601073576	0,935397931
A_23_P412409	-0,314625095	11,33747568	-0,537885742	0,600899548	0,935397931

A_23_P95790	-0,320796429	7,357642878	-0,53813676	0,600731761	0,935397931
A_24_P294982	-0,301802546	9,849977815	-0,53733779	0,601265894	0,935472064
A_23_P130689	-0,424219997	11,16425009	-0,537212509	0,60134967	0,935499173
A_33_P3389113	0,266015982	7,528008713	0,536970114	0,601511778	0,935502046
A_24_P257579	0,337861853	7,610236627	0,536910066	0,60155194	0,935502046
A_33_P3290174	0,309147273	8,563976271	0,536906282	0,601554471	0,935502046
A_24_P354337	0,267738265	6,989009385	0,536560588	0,601785709	0,935502046
A_23_P138480	0,286987702	7,066575944	0,536230604	0,602006481	0,935502046
A_23_P94338	0,354610916	9,735567198	0,536201286	0,602026098	0,935502046
A_33_P3379341	0,264759856	7,88253264	0,53598936	0,602167909	0,935502046
A_23_P360626	0,282069651	9,751599578	0,535916938	0,602216374	0,935502046
A_24_P187119	0,266600833	8,145777277	0,535771346	0,602313811	0,935502046
A_33_P3220643	0,273899397	10,94381467	0,535226313	0,602678645	0,935502046
A_24_P46725	0,348268335	8,503642235	0,535127326	0,602744917	0,935502046
A_23_P50241	-0,347638364	9,975876061	-0,535171221	0,602715529	0,935502046
A_23_P109488	-0,34847599	7,789480197	-0,535336274	0,60260503	0,935502046
A_33_P3363305	-0,363350845	10,56269962	-0,535470213	0,602515369	0,935502046
A_33_P3286988	-0,302100913	8,775537949	-0,535547321	0,602463755	0,935502046
A_21_P0011615	-0,264816801	7,0246946	-0,535615306	0,602418249	0,935502046
A_33_P3354322	-0,293655445	18,3178093	-0,535755708	0,602324277	0,935502046
A_33_P3385148	-0,271570741	11,39479219	-0,53620305	0,602024917	0,935502046
A_21_P0006241	-0,266536496	6,304378831	-0,536469023	0,601846965	0,935502046
A_23_P53363	-0,295670814	12,33864165	-0,536537887	0,601800896	0,935502046
A_23_P414519	-0,284111459	7,063083169	-0,536603924	0,601756718	0,935502046
A_23_P353014	0,272157026	9,336521147	0,534909415	0,602890822	0,935562874
A_32_P3572	0,307426154	7,275566756	0,534776055	0,602980124	0,935562874
A_23_P15174	0,382668258	9,987622714	0,534655214	0,603061048	0,935562874
A_33_P3372859	0,277354799	10,08755054	0,534644217	0,603068413	0,935562874
A_23_P123974	0,356118704	14,74476108	0,534573322	0,603115892	0,935562874
A_23_P366394	0,337578807	9,320040458	0,534427973	0,603213241	0,935610944
A_33_P3318971	0,276963589	6,556429989	0,534220071	0,603352499	0,935698961
A_33_P3255354	0,422404649	10,88174373	0,534133521	0,603410478	0,935698961
A_33_P3253070	0,301372014	8,183442231	0,53403501	0,603476472	0,935698961
A_24_P15765	0,297734286	15,17444826	0,533761392	0,603659793	0,935698961
A_21_P0014472	0,34449327	9,838025815	0,533550639	0,603801013	0,935698961
A_23_P11262	0,278925688	13,93321496	0,53351432	0,603825352	0,935698961
A_23_P352799	0,287534021	8,06884651	0,533253084	0,604000427	0,935698961
A_23_P155989	0,305427698	9,42462302	0,532505194	0,604501794	0,935698961
A_32_P149432	0,278105338	14,26777519	0,532165602	0,604729517	0,935698961
A_21_P0001617	0,263579342	6,779653208	0,532145855	0,60474276	0,935698961
A_23_P67725	0,310030909	11,29963872	0,532065398	0,60479672	0,935698961
A_33_P3252099	0,360525556	7,926370998	0,531966904	0,60486278	0,935698961
A_21_P0000709	-0,266916552	9,235693433	-0,531975503	0,604857012	0,935698961
A_33_P3745164	-0,273551567	6,559204269	-0,532048147	0,60480829	0,935698961

A_23_P164228	-0,430758909	12,37002289	-0,532136117	0,604749291	0,935698961
A_21_P0008079	-0,264740421	6,536416646	-0,532241157	0,604678847	0,935698961
A_23_P122387	-0,413862604	10,83293407	-0,532301899	0,604638113	0,935698961
A_23_P142070	-0,313660541	7,766176045	-0,532309231	0,604633197	0,935698961
A_32_P108156	-0,289681663	7,68660085	-0,532503918	0,604502649	0,935698961
A_23_P7896	-0,366079567	8,498792977	-0,532530389	0,604484899	0,935698961
A_24_P929388	-0,300774047	6,93121996	-0,532675004	0,604387938	0,935698961
A_33_P3216192	-0,360147027	8,397555334	-0,533227933	0,604017284	0,935698961
A_23_P83073	-0,309251399	10,3874872	-0,533381683	0,603914239	0,935698961
A_24_P649624	-0,298062315	8,72589629	-0,533424879	0,603885291	0,935698961
A_21_P0010094	0,295307251	7,337750968	0,531212854	0,605368643	0,935913502
A_21_P0011189	0,275675268	14,50866415	0,531205752	0,605373409	0,935913502
A_21_P0007354	0,264903837	6,914118411	0,53116421	0,605401284	0,935913502
A_23_P309779	0,286876387	10,35204115	0,531162519	0,605402419	0,935913502
A_33_P3308219	0,298647985	7,607437884	0,531082658	0,605456009	0,935913502
A_23_P51397	-0,260221245	6,400539478	-0,530770829	0,605665281	0,935913502
A_33_P3248749	-0,291535562	10,49492539	-0,530855723	0,605608304	0,935913502
A_33_P3242418	-0,304943548	10,04588322	-0,530907074	0,605573841	0,935913502
A_24_P81841	-0,264239531	11,46346051	-0,530983155	0,605522782	0,935913502
A_24_P370472	-0,315890347	12,36291946	-0,531234404	0,605354183	0,935913502
A_24_P109214	0,425578771	11,02997549	0,530569045	0,60580072	0,935936443
A_23_P64404	-0,389047893	8,524217357	-0,530550911	0,605812893	0,935936443
A_23_P49009	0,273928864	7,52569693	0,530331496	0,605960185	0,935956398
A_19_P00804755	0,343425084	8,886422032	0,530216867	0,606037142	0,935956398
A_33_P3344618	0,443697353	10,46006196	0,530136132	0,606091348	0,935956398
A_33_P3213962	-0,261685404	6,993017103	-0,530349205	0,605948296	0,935956398
A_33_P3422822	0,263761764	7,558270287	0,529391339	0,606591515	0,936439354
A_33_P3256480	0,259882808	6,631980144	0,52937372	0,606603349	0,936439354
A_23_P207742	-0,334925234	11,95381554	-0,529378957	0,606599832	0,936439354
A_33_P3401841	0,303631088	8,121579626	0,528595345	0,607126297	0,936521102
A_24_P21447	0,280263714	9,057984044	0,528585715	0,607132769	0,936521102
A_32_P176911	0,258959583	6,861072273	0,528493585	0,607194681	0,936521102
A_23_P301877	0,289490847	8,974539239	0,528425427	0,607240486	0,936521102
A_24_P919899	0,278316542	6,859216732	0,528327334	0,607306412	0,936521102
A_21_P0010655	-0,339115682	13,16812989	-0,528306298	0,60732055	0,936521102
A_21_P0006537	-0,309554169	8,604118677	-0,528679138	0,60706999	0,936521102
A_23_P30900	-0,421859039	9,328560572	-0,528841339	0,606961002	0,936521102
A_33_P3749627	-0,289546184	7,327888109	-0,528878462	0,60693606	0,936521102
A_19_P00322859	-0,295374515	7,156407791	-0,529189693	0,606726966	0,936521102
A_33_P3260455	0,282586593	10,11792904	0,527879865	0,607607191	0,936541472
A_33_P3409447	0,392378621	9,230913459	0,527857976	0,607621907	0,936541472
A_23_P167227	0,337634798	13,62299643	0,527763768	0,607685241	0,936541472
A_33_P3288294	0,267508101	8,030184088	0,527752613	0,607692741	0,936541472
A_24_P322847	0,308093146	12,1984925	0,527693749	0,607732316	0,936541472

A_21_P0006564	-0,290195122	7,060764026	-0,528161614	0,607417797	0,936541472
A_21_P0011395	0,435566917	10,18775103	0,52732409	0,607980876	0,93676234
A_24_P88921	0,26951503	8,778755852	0,527282976	0,608008524	0,93676234
A_24_P98914	-0,312277937	12,27701633	-0,526844176	0,608303648	0,937114634
A_21_P0006139	0,263740844	6,684438968	0,525676861	0,609089101	0,937985323
A_23_P111804	-0,299090249	10,50166119	-0,525608748	0,609134947	0,937985323
A_33_P3341970	-0,305597493	8,61104722	-0,525611014	0,609133422	0,937985323
A_21_P0003835	-0,264138392	6,66066839	-0,525876678	0,608954613	0,937985323
A_19_P00801627	0,260948869	12,48493063	0,525129041	0,609457889	0,938079913
A_23_P259393	0,270985783	9,915241574	0,52512217	0,609462516	0,938079913
A_24_P71153	-0,281908316	9,310385159	-0,525223495	0,609394296	0,938079913
A_21_P0013882	-0,264835111	7,15210042	-0,525380663	0,609288484	0,938079913
A_33_P3220475	0,297953324	7,765857092	0,524688604	0,60975447	0,938168391
A_24_P116669	0,346199378	8,673371553	0,524656135	0,609776337	0,938168391
A_23_P65278	0,261859006	7,449235541	0,524641543	0,609786164	0,938168391
A_23_P357185	-0,28494754	7,674560548	-0,524765251	0,609702852	0,938168391
A_21_P0014252	0,257958794	6,556062971	0,524499049	0,609882135	0,938213663
A_23_P90369	0,288120453	15,24718982	0,524098834	0,610151722	0,938377783
A_23_P318300	0,315329043	10,43153976	0,523433262	0,61060019	0,938377783
A_23_P17769	0,27128287	13,80771201	0,523096239	0,610827342	0,938377783
A_21_P0005447	0,262457653	8,508630845	0,523026866	0,610874104	0,938377783
A_23_P166526	0,32418687	8,907877707	0,522877308	0,610974923	0,938377783
A_19_P00321143	0,264493968	11,26102558	0,522815135	0,611016837	0,938377783
A_23_P10743	0,317203748	8,091755111	0,522762784	0,611052131	0,938377783
A_23_P134454	0,41141689	8,006805504	0,522760424	0,611053722	0,938377783
A_33_P3421984	-0,376233064	11,69649145	-0,522965528	0,610915452	0,938377783
A_33_P3274134	-0,338939661	9,384149763	-0,523081861	0,610837034	0,938377783
A_24_P284584	-0,288117494	8,192416324	-0,523112912	0,610816103	0,938377783
A_21_P0008058	-0,258740455	6,44661989	-0,523582209	0,610499814	0,938377783
A_23_P39955	-0,26939894	6,961305964	-0,523662563	0,610445667	0,938377783
A_21_P0008228	-0,304456138	7,204194822	-0,52378285	0,610364614	0,938377783
A_21_P0000917	-0,267250994	8,027845826	-0,523959612	0,610245518	0,938377783
A_21_P0013601	-0,282288912	7,076880576	-0,524217635	0,610071692	0,938377783
A_24_P194000	0,271557352	14,30149897	0,521874193	0,611651351	0,938534082
A_19_P00805212	0,289612581	9,153080033	0,521639329	0,611809781	0,938534082
A_32_P35512	0,279016802	13,61249953	0,521524126	0,6118875	0,938534082
A_33_P3217356	0,255039587	6,631417195	0,521194513	0,612109892	0,938534082
A_21_P0013091	0,377096854	7,355462364	0,521129129	0,612154012	0,938534082
A_19_P00322662	-0,264595865	6,395136902	-0,521304795	0,61203548	0,938534082
A_33_P3364864	-0,314770584	10,60695836	-0,521367911	0,611992895	0,938534082
A_24_P416159	-0,255333779	10,80987164	-0,521399622	0,611971499	0,938534082
A_23_P137689	-0,285155066	8,061700353	-0,521725696	0,611751519	0,938534082
A_23_P94795	-0,328323761	7,948293533	-0,521743709	0,611739368	0,938534082
A_24_P380536	-0,277457605	12,27736748	-0,521907846	0,611628652	0,938534082

A_21_P0001644	-0,30647009	7,748154927	-0,522169378	0,611452261	0,938534082
A_23_P44724	-0,321132791	9,122326797	-0,522307476	0,611359131	0,938534082
A_33_P3354464	-0,260659529	7,003583742	-0,522319723	0,611350872	0,938534082
A_33_P3377229	-0,277596685	12,11901639	-0,522334105	0,611341173	0,938534082
A_23_P363896	0,291200486	16,13135481	0,520674758	0,612460657	0,938734874
A_33_P3312509	0,26436355	6,88870276	0,520572483	0,612529691	0,938734874
A_23_P125639	0,321718335	8,563393254	0,520227774	0,612762392	0,938734874
A_21_P0009212	0,292062129	7,837653831	0,520203892	0,612778516	0,938734874
A_23_P61371	0,296440799	14,15004421	0,519298033	0,613390249	0,938734874
A_33_P3399443	0,259764879	6,781369525	0,518992405	0,613596712	0,938734874
A_23_P216455	0,299064877	7,056254957	0,518793143	0,613731339	0,938734874
A_33_P3334342	0,500089578	9,839766936	0,518769847	0,613747079	0,938734874
A_23_P135239	0,332797435	11,50896067	0,518685044	0,61380438	0,938734874
A_33_P3411985	0,306860075	7,529181185	0,518653761	0,613825518	0,938734874
A_21_P0000203	0,259867412	10,47375554	0,518326473	0,614046692	0,938734874
A_21_P0011945	0,305212149	15,98385254	0,518292047	0,614069958	0,938734874
A_33_P3332396	0,281148576	8,666859633	0,518228314	0,614113033	0,938734874
A_33_P3211054	0,296571087	8,383121776	0,5180814	0,614212332	0,938734874
A_33_P3282556	-0,355179694	7,722395492	-0,517879205	0,614349009	0,938734874
A_19_P00320757	-0,273323264	9,24113701	-0,517932839	0,614312753	0,938734874
A_23_P148273	-0,268686072	11,79226844	-0,518020893	0,614253232	0,938734874
A_23_P113634	-0,354312896	11,72481006	-0,518141076	0,614171996	0,938734874
A_23_P40718	-0,29744035	10,33959628	-0,51842053	0,613983126	0,938734874
A_32_P59486	-0,314790887	9,530330263	-0,518659987	0,613821311	0,938734874
A_33_P3340199	-0,306203998	8,000176588	-0,518822689	0,613711375	0,938734874
A_33_P3378284	-0,397756484	13,4103137	-0,518927229	0,613640744	0,938734874
A_21_P0004584	-0,267166269	6,872710517	-0,519095205	0,613527263	0,938734874
A_21_P0011552	-0,260444793	7,549994169	-0,519746727	0,613087205	0,938734874
A_23_P147641	-0,297191991	8,613142519	-0,51984771	0,613019012	0,938734874
A_23_P140848	-0,373930462	9,643975881	-0,519888491	0,612991474	0,938734874
A_33_P3255434	-0,535079538	13,6787414	-0,519927571	0,612965085	0,938734874
A_23_P210690	-0,25514378	12,49558678	-0,520012087	0,612908018	0,938734874
A_23_P45871	-0,549785447	8,053555764	-0,520082961	0,612860164	0,938734874
A_23_P31536	-0,383456063	13,58276848	-0,52033019	0,612693251	0,938734874
A_32_P526255	-0,302830643	7,811534212	-0,520359851	0,612673227	0,938734874
A_21_P0014480	0,290591441	7,440049373	0,517519975	0,614591875	0,93896975
A_21_P0007249	-0,274487364	8,379232832	-0,517454835	0,614635919	0,93896975
A_23_P30950	-0,284195007	7,163832418	-0,517037192	0,614918346	0,939299432
A_24_P83615	0,273688125	7,467713074	0,516641321	0,615186109	0,939432123
A_23_P79725	0,273620793	7,715372262	0,51618504	0,615494806	0,939432123
A_23_P418234	0,344566383	8,513165613	0,516013108	0,615611146	0,939432123
A_24_P196704	0,330599817	12,96567973	0,515918706	0,61567503	0,939432123
A_23_P325040	0,26480802	8,504181224	0,515863372	0,615712477	0,939432123
A_24_P100234	0,284242137	8,646431326	0,515861488	0,615713752	0,939432123

A_23_P110253	0,289921817	12,7589594	0,515458004	0,615986841	0,939432123
A_33_P3228190	0,33508623	10,16570101	0,515278432	0,6161084	0,939432123
A_33_P3781394	0,270636002	12,15732913	0,515200339	0,616161268	0,939432123
A_33_P3305840	0,338717333	13,38980209	0,515080475	0,616242418	0,939432123
A_24_P66932	0,265173847	7,033963787	0,514886484	0,616373766	0,939432123
A_23_P164451	0,266998846	7,063699891	0,514841144	0,616404466	0,939432123
A_23_P58983	-0,310259845	9,085646326	-0,514911161	0,616357057	0,939432123
A_21_P0011675	-0,339545709	13,57921522	-0,515028507	0,616277604	0,939432123
A_33_P3335461	-0,291230691	8,789717469	-0,515544278	0,615928444	0,939432123
A_23_P143147	-0,313628107	9,02465051	-0,51566485	0,615846834	0,939432123
A_33_P3251108	-0,25224921	9,240685772	-0,515734139	0,615799939	0,939432123
A_33_P3211098	-0,284613993	6,942330059	-0,515957372	0,615648863	0,939432123
A_24_P118527	-0,319897389	7,747329938	-0,516139796	0,61552542	0,939432123
A_23_P165090	-0,317097181	12,56219522	-0,51628378	0,615427997	0,939432123
A_23_P204503	-0,361543736	10,0743192	-0,516460378	0,615308517	0,939432123
A_33_P3380502	0,300156744	7,246122191	0,514402025	0,616701843	0,939783754
A_21_P0010052	0,249866709	6,248275243	0,513926735	0,617023797	0,940172757
A_24_P113131	0,256979182	9,701011147	0,513692504	0,617182491	0,94026951
A_33_P3393341	0,299834533	9,129153308	0,513576321	0,617261215	0,94026951
A_24_P185036	0,268833354	10,17799232	0,513537726	0,617287367	0,94026951
A_24_P14367	-0,415823914	9,831937417	-0,513377893	0,617395677	0,940332899
A_23_P171077	0,250843835	15,96490183	0,5127895	0,617794479	0,940582167
A_24_P391431	0,300944059	9,375321592	0,512757499	0,617816173	0,940582167
A_21_P0008215	0,254413715	10,36620893	0,512624411	0,617906397	0,940582167
A_33_P3735158	0,280687786	7,362169921	0,512596288	0,617925463	0,940582167
A_33_P3666884	0,446923482	12,70931421	0,51258981	0,617929855	0,940582167
A_33_P3395403	-0,265326842	8,068785077	-0,512545913	0,617959615	0,940582167
A_21_P0004992	0,26522273	9,691288005	0,511978765	0,618344191	0,940667645
A_24_P135921	0,344559516	8,679322567	0,511969726	0,618350321	0,940667645
A_21_P0000876	0,307703264	7,095945487	0,511872757	0,618416086	0,940667645
A_23_P24244	-0,285053773	7,940103062	-0,511883757	0,618408626	0,940667645
A_23_P110791	-0,348231961	13,79578217	-0,512063886	0,618286464	0,940667645
A_33_P3362178	-0,260236753	7,090181085	-0,512080948	0,618274893	0,940667645
A_33_P3347928	0,366543012	11,95185367	0,511677219	0,618548712	0,940736185
A_24_P329229	0,288757648	7,585345498	0,511609579	0,618594594	0,940736185
A_33_P3378915	0,274655695	8,014720592	0,510932343	0,619054066	0,940801401
A_23_P88731	0,365873088	11,59864503	0,510930725	0,619055163	0,940801401
A_24_P233078	0,371840631	11,01424346	0,510795262	0,619147089	0,940801401
A_23_P9061	0,257013377	16,13187182	0,510653087	0,619243576	0,940801401
A_21_P0001951	-0,258856018	7,370453671	-0,510562938	0,61930476	0,940801401
A_21_P0011353	-0,251537981	6,771087578	-0,510574928	0,619296622	0,940801401
A_23_P132159	-0,348004465	9,988052549	-0,510648907	0,619246413	0,940801401
A_24_P6903	-0,306687922	10,41734465	-0,510928449	0,619056708	0,940801401
A_33_P3230324	-0,356829557	8,065232342	-0,511202773	0,618870572	0,940801401

A_33_P3369158	-0,313598731	7,452182716	-0,51125746	0,618833468	0,940801401
A_23_P33809	0,271035718	13,04390243	0,510425361	0,619398139	0,94082512
A_19_P00813554	0,280745483	7,130450345	0,51034331	0,619453833	0,94082512
A_33_P3225512	0,379135271	7,540691892	0,509862946	0,619779943	0,941042465
A_21_P0009655	0,268389876	7,23156167	0,509619822	0,619945028	0,941042465
A_33_P3306068	0,385468625	8,97223595	0,509415143	0,620084025	0,941042465
A_32_P165116	0,268886207	9,599950264	0,509346124	0,620130899	0,941042465
A_33_P3335596	-0,329124447	9,501599032	-0,509467106	0,620048736	0,941042465
A_23_P90911	-0,29224912	11,11148349	-0,509550533	0,61999208	0,941042465
A_24_P89457	-0,354129822	8,636113457	-0,509646984	0,619926584	0,941042465
A_33_P3288023	-0,307750324	8,4493083	-0,509710384	0,619883533	0,941042465
A_24_P85158	0,252896161	11,45271252	0,509102763	0,620296191	0,941191992
A_21_P0014617	0,252009235	6,29645631	0,508757118	0,620530992	0,941206492
A_21_P0009651	0,279266732	6,640595944	0,50816214	0,620935271	0,941206492
A_23_P153084	0,386594024	12,13501311	0,507911487	0,621105625	0,941206492
A_23_P161098	0,388533379	10,18551551	0,507847252	0,621149285	0,941206492
A_21_P0000669	0,274445081	7,66668528	0,507763874	0,621205959	0,941206492
A_21_P0014940	0,41356161	9,616540729	0,507559762	0,621344711	0,941206492
A_23_P57007	0,277683338	6,93221209	0,507239654	0,621562343	0,941206492
A_21_P0012053	0,354114423	8,425219713	0,50703936	0,621698538	0,941206492
A_24_P147540	0,310539139	15,85848879	0,506991335	0,621731196	0,941206492
A_33_P3283300	0,275357057	7,813708992	0,506696595	0,621931642	0,941206492
A_24_P364087	0,268286903	11,48984244	0,506278997	0,622215695	0,941206492
A_33_P3255766	0,307573337	10,38083406	0,506166325	0,622292347	0,941206492
A_23_P157607	-0,337650154	12,66499507	-0,506142647	0,622308456	0,941206492
A_21_P0013554	-0,249293968	6,155876056	-0,506207501	0,622264334	0,941206492
A_23_P255535	-0,292333619	7,628604886	-0,506323697	0,622185287	0,941206492
A_33_P3277575	-0,304845994	7,140922538	-0,506367098	0,622155763	0,941206492
A_33_P3650224	-0,263858067	7,217927438	-0,506598705	0,621998222	0,941206492
A_32_P208350	-0,341599956	10,57037354	-0,506719213	0,621916258	0,941206492
A_23_P149099	-0,302489622	13,50810452	-0,506842059	0,621832711	0,941206492
A_33_P3258602	-0,253627275	6,436389137	-0,507045325	0,621694481	0,941206492
A_33_P3221868	-0,384408158	10,62291266	-0,507080937	0,621670266	0,941206492
A_24_P339071	-0,30035494	9,141479612	-0,50751455	0,621375446	0,941206492
A_21_P0006228	-0,258246685	7,415730111	-0,507604337	0,621314408	0,941206492
A_21_P0006351	-0,28905819	7,096099931	-0,507795731	0,621184305	0,941206492
A_23_P152727	-0,266232476	13,53631951	-0,507874883	0,621130505	0,941206492
A_23_P410408	-0,322761404	6,828844102	-0,507882285	0,621125473	0,941206492
A_24_P542375	-0,270828125	15,8008473	-0,508384454	0,620784196	0,941206492
A_33_P3282963	-0,297728159	7,60365535	-0,508551074	0,620670981	0,941206492
A_33_P3308706	-0,303746619	8,886979772	-0,508883974	0,620444812	0,941206492
A_23_P20852	-0,284976183	9,520034612	-0,508925259	0,620416766	0,941206492
A_23_P33914	0,281281233	8,057286365	0,505812129	0,622533339	0,941220766
A_32_P230547	0,285888395	10,30438141	0,505595599	0,622680687	0,941220766

A_24_P23522	0,276380834	9,184932161	0,50550906	0,622739581	0,941220766
A_33_P3406939	0,288626465	9,672370731	0,50532741	0,622863212	0,941220766
A_23_P163087	0,364218616	8,15855878	0,505309285	0,622875549	0,941220766
A_24_P108863	-0,30810849	7,869087814	-0,505245865	0,622918716	0,941220766
A_33_P3221119	-0,249589231	12,03749143	-0,505432257	0,622791852	0,941220766
A_23_P153022	-0,332936727	12,70833174	-0,505633271	0,62265505	0,941220766
A_33_P3299977	-0,316989796	10,57847283	-0,506005933	0,622401471	0,941220766
A_33_P3379681	0,248877594	6,31047476	0,504972487	0,623104808	0,941232594
A_23_P130169	0,275067966	8,763749585	0,504940726	0,623126429	0,941232594
A_23_P69988	0,259854423	13,98409956	0,504940153	0,62312682	0,941232594
A_33_P3331080	0,258733349	7,586832174	0,504672965	0,623308728	0,941390805
A_33_P3214597	0,314192513	8,789948009	0,504465301	0,623450128	0,941390805
A_33_P3399765	0,271499317	7,84998498	0,504278144	0,623577579	0,941390805
A_24_P126651	0,31968287	10,08583017	0,504272243	0,623581598	0,941390805
A_33_P3702364	0,279122489	10,8832901	0,503941625	0,623806774	0,941390805
A_21_P0013628	0,301531749	7,575563379	0,503723568	0,62395531	0,941390805
A_21_P0011373	0,294602571	10,32797265	0,503616499	0,62402825	0,941390805
A_24_P662366	0,282314939	8,81621893	0,503609819	0,624032801	0,941390805
A_19_P00318715	-0,38241145	9,797836979	-0,503681846	0,623983733	0,941390805
A_24_P256692	-0,304373696	7,428710649	-0,503747699	0,623938872	0,941390805
A_21_P0000542	-0,294545841	8,315254784	-0,504069164	0,623719906	0,941390805
A_23_P206759	-0,360254309	8,960003676	-0,50430215	0,62356123	0,941390805
A_23_P116414	0,279354947	7,86256963	0,503433231	0,624153109	0,941471562
A_23_P66432	0,289640265	7,166992157	0,50294597	0,624485136	0,941770878
A_19_P00316187	-0,258415529	7,750770047	-0,503041427	0,624420083	0,941770878
A_23_P19455	0,246510269	11,92573865	0,502583616	0,624732105	0,941887224
A_23_P205216	0,287174929	8,239278352	0,502413915	0,624847784	0,941887224
A_32_P130577	0,266552871	8,562765732	0,502325919	0,624907772	0,941887224
A_24_P935986	0,349030333	11,88648226	0,502301528	0,6249244	0,941887224
A_33_P3268338	0,26352404	10,35764386	0,502273003	0,624943847	0,941887224
A_24_P401787	-0,258337326	6,648651097	-0,502244739	0,624963117	0,941887224
A_33_P3272231	0,284201657	10,56929897	0,502049016	0,625096559	0,941987643
A_23_P215060	0,319581302	7,797946257	0,501721794	0,625319688	0,942030129
A_33_P3361257	0,351694607	12,13094804	0,50147484	0,625488109	0,942030129
A_33_P3290577	0,397428993	7,12309774	0,501395815	0,625542009	0,942030129
A_21_P0013911	0,271849302	7,006791947	0,501200717	0,625675085	0,942030129
A_19_P00317054	0,27148586	7,782717806	0,500584643	0,626095402	0,942030129
A_23_P216693	0,363721317	9,371456605	0,500450536	0,626186915	0,942030129
A_24_P127312	0,294257979	10,73100494	0,500277772	0,626304817	0,942030129
A_21_P0010545	0,260081225	8,291789	0,500257806	0,626318443	0,942030129
A_23_P158662	0,281851346	11,46703415	0,500251789	0,62632255	0,942030129
A_23_P58521	0,260228333	7,966128961	0,500068506	0,626447643	0,942030129
A_24_P383076	0,25092581	8,064458352	0,500048849	0,626461061	0,942030129
A_23_P75811	-0,302607938	11,56044623	-0,5001219	0,6264112	0,942030129

A_23_P315122	-0,2962435	9,324913083	-0,500208217	0,626352287	0,942030129
A_33_P3411145	-0,249730056	7,032344479	-0,50066715	0,626039104	0,942030129
A_32_P167791	-0,315398877	11,44350505	-0,500689665	0,626023742	0,942030129
A_32_P175301	-0,287377064	14,44074858	-0,500789542	0,625955595	0,942030129
A_23_P349083	-0,286226659	8,308500994	-0,500854415	0,625911333	0,942030129
A_21_P0011714	-0,248462666	7,554878602	-0,500870688	0,625900231	0,942030129
A_21_P0012303	-0,289727623	7,193655147	-0,500902711	0,625878383	0,942030129
A_33_P3772996	-0,254949837	12,85785428	-0,501902368	0,625196552	0,942030129
A_23_P127279	0,259083632	10,49189989	0,499853235	0,626594585	0,942130432
A_23_P422540	-0,360811756	11,72656668	-0,499652237	0,626731799	0,942135796
A_33_P3212027	-0,269139846	8,747357278	-0,499730663	0,626678259	0,942135796
A_33_P3362981	0,281453903	7,494043407	0,499427856	0,626884993	0,942265621
A_21_P0008978	0,247868899	6,498713699	0,499045327	0,627146204	0,942557759
A_19_P00325336	0,337134004	8,269296204	0,498580668	0,627463569	0,942592688
A_33_P3396181	0,245329357	6,623489705	0,498533644	0,62749569	0,942592688
A_24_P271323	0,276492195	10,48510477	0,498479409	0,62753274	0,942592688
A_21_P0000900	0,254310213	6,487239573	0,498140051	0,627764585	0,942592688
A_33_P3389178	0,274765418	7,843417405	0,497825614	0,627979441	0,942592688
A_33_P3313215	0,260407553	6,485478818	0,497657171	0,628094554	0,942592688
A_24_P810697	0,256148098	7,072590583	0,497648979	0,628100153	0,942592688
A_21_P0006587	0,306826218	8,14937135	0,497399237	0,628270845	0,942592688
A_21_P0014623	-0,366338293	9,651749064	-0,497250021	0,62837284	0,942592688
A_33_P3233055	-0,270971158	7,631407621	-0,497292591	0,628343741	0,942592688
A_33_P3364607	-0,267895424	7,07128437	-0,497303594	0,62833622	0,942592688
A_33_P3396239	-0,324407411	12,2401845	-0,497442339	0,628241384	0,942592688
A_24_P16913	-0,313055412	10,95660101	-0,497469101	0,628223092	0,942592688
A_19_P00316401	-0,351372256	10,81173237	-0,49776622	0,62802003	0,942592688
A_24_P315862	-0,284581726	7,941539888	-0,497910303	0,627921569	0,942592688
A_23_P308032	-0,287211934	11,58936352	-0,49791127	0,627920908	0,942592688
A_33_P3351097	-0,258650312	7,784757691	-0,498143062	0,627762527	0,942592688
A_33_P3333050	-0,268801993	8,419120798	-0,498621063	0,627435975	0,942592688
A_24_P235049	0,341153377	8,648294148	0,496927128	0,628593579	0,942597717
A_23_P258964	0,353214173	12,28331249	0,496665791	0,628772265	0,942597717
A_23_P166698	0,244583356	13,47523469	0,496592328	0,628822498	0,942597717
A_21_P0012174	-0,352237698	14,00391131	-0,496560618	0,628844182	0,942597717
A_24_P235429	-0,333548967	7,370004517	-0,496578646	0,628831854	0,942597717
A_23_P35256	-0,310564813	10,27376056	-0,496637608	0,628791536	0,942597717
A_24_P154573	-0,265547792	7,261735532	-0,496931641	0,628590494	0,942597717
A_23_P7636	0,262632787	15,41821906	0,496167812	0,629112819	0,942869488
A_32_P834166	0,278129141	7,316897639	0,495685237	0,629442924	0,942869488
A_33_P3265504	0,285655289	7,677200355	0,495354681	0,629669089	0,942869488
A_23_P89931	0,254464065	10,39741068	0,495309897	0,629699734	0,942869488
A_33_P3220437	0,322345461	13,07043847	0,495054873	0,62987425	0,942869488
A_33_P3352873	0,278423101	8,816984346	0,494939783	0,629953016	0,942869488

A_32_P131640	0,296569154	9,871762556	0,494865092	0,630004136	0,942869488
A_23_P25873	0,312633875	10,6726017	0,49486481	0,630004329	0,942869488
A_33_P3285260	0,262900627	9,91659751	0,494860049	0,630007588	0,942869488
A_23_P7083	0,274325802	10,44677682	0,494843079	0,630019203	0,942869488
A_24_P153568	0,37865776	11,42691548	0,494835136	0,630024639	0,942869488
A_24_P168510	0,299822555	10,43195539	0,494448942	0,630288994	0,942869488
A_19_P00322948	0,25937963	14,04442617	0,494242176	0,63043055	0,942869488
A_33_P3279660	0,2441361	6,882698582	0,49413061	0,630506937	0,942869488
A_33_P3232627	0,289220627	7,260051427	0,494124851	0,63051088	0,942869488
A_23_P117599	0,307157996	11,79083074	0,493827867	0,630714241	0,942869488
A_33_P3275801	-0,329370064	10,24773212	-0,493754857	0,630764239	0,942869488
A_33_P3345255	-0,349850754	8,482241116	-0,493755583	0,630763742	0,942869488
A_33_P3323347	-0,307064213	8,167324481	-0,493917843	0,630652626	0,942869488
A_33_P3311907	-0,300237015	9,271276704	-0,493993045	0,630601131	0,942869488
A_23_P165574	-0,288437884	9,049208378	-0,494061459	0,630554285	0,942869488
A_19_P00315869	-0,300351598	7,883999532	-0,494290009	0,630397801	0,942869488
A_23_P152791	-0,258370412	7,761714155	-0,494346619	0,630359045	0,942869488
A_33_P3253440	-0,302498733	8,375342662	-0,495120796	0,629829136	0,942869488
A_21_P0006497	-0,298195116	7,386196658	-0,495247226	0,629742618	0,942869488
A_33_P3565787	-0,268585457	9,561407193	-0,495922438	0,629280657	0,942869488
A_33_P3365732	0,272037242	6,982121731	0,492935047	0,631325792	0,943498018
A_33_P3232532	0,314929037	8,358257442	0,492907798	0,631344462	0,943498018
A_23_P309967	0,266987281	9,070753597	0,492791217	0,631424338	0,943498018
A_33_P3290955	-0,386139739	12,53926954	-0,492750271	0,631452394	0,943498018
A_24_P363408	0,241355418	6,428363662	0,492222897	0,631813797	0,943522053
A_19_P00807336	0,356469702	11,20197111	0,492064253	0,631922533	0,943522053
A_23_P2573	0,25573992	8,63489235	0,491981673	0,631979138	0,943522053
A_23_P136573	0,339921932	10,26255068	0,491864394	0,632059531	0,943522053
A_21_P0000487	0,255199847	7,243011865	0,491687326	0,63218092	0,943522053
A_33_P3228285	0,316474748	13,66055371	0,491652767	0,632204613	0,943522053
A_23_P111240	-0,279145828	10,04494772	-0,491717141	0,632160479	0,943522053
A_33_P3236082	-0,286799263	13,65963718	-0,491794407	0,632107509	0,943522053
A_24_P181055	-0,340030817	11,90678536	-0,491819948	0,63209	0,943522053
A_33_P3281741	-0,284932455	10,1588236	-0,491834729	0,632079868	0,943522053
A_33_P3495962	-0,284290462	9,057547588	-0,492077812	0,631913239	0,943522053
A_23_P135995	-0,322785005	11,45058957	-0,491384402	0,632388613	0,943596895
A_32_P71447	-0,332202872	11,76641599	-0,49144095	0,632349839	0,943596895
A_23_P211814	0,262484777	10,42344625	0,490550264	0,632960693	0,943597512
A_24_P77364	0,258172539	13,91293529	0,490275916	0,633148904	0,943597512
A_33_P3392952	0,251863885	11,24824754	0,490234883	0,633177056	0,943597512
A_33_P3326020	0,401455795	8,408400957	0,490049916	0,633303968	0,943597512
A_33_P3398526	0,376561409	11,72274238	0,490020346	0,633324258	0,943597512
A_33_P3398946	0,287653461	7,812497287	0,489994219	0,633342185	0,943597512
A_33_P3250767	0,272269769	8,273643218	0,489878881	0,633421331	0,943597512

A_21_P0014541	0,27033765	7,72753615	0,489853276	0,633438902	0,943597512
A_23_P254733	0,288592976	13,02913031	0,48914187	0,633927182	0,943597512
A_21_P0013421	0,3069762	9,034119846	0,488912502	0,63408465	0,943597512
A_21_P0008421	0,268858708	7,101522066	0,488640002	0,634271753	0,943597512
A_24_P941353	0,28960189	8,568492852	0,48848734	0,634376585	0,943597512
A_24_P100517	0,307916552	10,68992482	0,488485338	0,63437796	0,943597512
A_23_P132316	0,323611697	8,555525717	0,488480676	0,634381161	0,943597512
A_23_P210515	0,258848168	8,163242524	0,488370489	0,634456831	0,943597512
A_24_P36944	0,326518328	7,910394088	0,487755378	0,634879334	0,943597512
A_21_P0006626	0,24112484	6,689956497	0,487666611	0,634940317	0,943597512
A_19_P00811178	0,245156753	7,368984522	0,487404601	0,635120334	0,943597512
A_33_P3262020	0,365980292	9,15668536	0,487297393	0,635193999	0,943597512
A_33_P3393796	0,284392235	10,84026079	0,487040233	0,635370717	0,943597512
A_32_P107029	0,279706946	7,635459329	0,487032401	0,6353761	0,943597512
A_21_P0012475	0,236885194	7,173541849	0,486822738	0,635520197	0,943597512
A_21_P0014880	0,256146845	7,461600266	0,486632035	0,635651276	0,943597512
A_33_P3287731	0,294894801	7,270559236	0,486494574	0,635745767	0,943597512
A_24_P231494	0,313707829	8,234702445	0,48604828	0,636052599	0,943597512
A_24_P876408	0,29535862	8,547756923	0,485778776	0,636237921	0,943597512
A_21_P0000603	0,244351825	6,622898967	0,485761259	0,636249967	0,943597512
A_21_P0014803	0,243271765	7,461776406	0,485698632	0,636293036	0,943597512
A_24_P153511	0,330737672	9,023866491	0,485612563	0,636352228	0,943597512
A_24_P151	0,359484901	11,45870659	0,485355957	0,636528719	0,943597512
A_24_P351304	0,256728154	9,415352783	0,485341776	0,636538473	0,943597512
A_23_P266	-0,365624092	9,603780773	-0,485465976	0,636453047	0,943597512
A_23_P338495	-0,247963814	8,097043418	-0,485538616	0,636403086	0,943597512
A_33_P3295203	-0,25758759	7,562016751	-0,486042135	0,636056825	0,943597512
A_24_P406830	-0,270545234	10,13665565	-0,486153204	0,635980457	0,943597512
A_23_P71419	-0,302683788	13,26314286	-0,486216539	0,635936911	0,943597512
A_23_P160992	-0,251137193	8,13721487	-0,486233561	0,635925208	0,943597512
A_23_P41166	-0,251398057	8,504577035	-0,486326735	0,63586115	0,943597512
A_24_P232790	-0,354124538	9,667540287	-0,486485614	0,635751927	0,943597512
A_32_P104478	-0,254478544	7,419662343	-0,486533332	0,635719124	0,943597512
A_21_P0003332	-0,263290208	8,014308303	-0,486640505	0,635645453	0,943597512
A_33_P3402526	-0,316606288	10,585587	-0,487164858	0,635285073	0,943597512
A_21_P0001619	-0,249294607	7,088413084	-0,487266879	0,635214967	0,943597512
A_33_P3388810	-0,249225104	6,824397919	-0,487420871	0,635109154	0,943597512
A_23_P95823	-0,40266064	11,25513941	-0,487443965	0,635093286	0,943597512
A_23_P21057	-0,269589592	9,279613036	-0,487695443	0,634920509	0,943597512
A_21_P0000185	-0,245228054	6,835085304	-0,487870208	0,63480045	0,943597512
A_33_P3350452	-0,341406549	8,95898424	-0,487887565	0,634788527	0,943597512
A_23_P136916	-0,253527026	11,20590763	-0,488413385	0,634427372	0,943597512
A_24_P340128	-0,252863233	13,66993306	-0,488586333	0,634308606	0,943597512
A_33_P3394615	-0,329231476	11,03963909	-0,489103072	0,633953816	0,943597512

A_32_P124245	-0,263388998	6,847270985	-0,489217803	0,633875056	0,943597512
A_21_P0014168	-0,313138418	7,950600676	-0,489324899	0,633801541	0,943597512
A_21_P0009509	-0,251153722	7,055117706	-0,489355147	0,633780778	0,943597512
A_21_P0000436	-0,259553736	7,037393139	-0,489583263	0,633624207	0,943597512
A_33_P3278392	-0,265179208	7,550350658	-0,489617757	0,633600532	0,943597512
A_23_P129458	-0,268022792	6,944346661	-0,489694928	0,63354757	0,943597512
A_24_P263956	-0,333723952	10,8025507	-0,489773995	0,633493308	0,943597512
A_21_P0009665	-0,257176106	8,311220133	-0,489850153	0,633441044	0,943597512
A_23_P430201	-0,37375348	9,314869248	-0,489993322	0,633342801	0,943597512
A_33_P3278159	-0,325455601	9,710199007	-0,490794546	0,632793131	0,943597512
A_23_P322704	-0,332845965	11,8023394	-0,490954263	0,632683586	0,943597512
A_33_P3359413	0,246981167	11,35570304	0,485092245	0,636710122	0,943653529
A_33_P3319640	-0,323950501	9,371004669	-0,485097522	0,636706492	0,943653529
A_23_P41390	0,328058183	8,292143821	0,484935062	0,636818258	0,943688949
A_23_P117068	0,308897356	13,76003725	0,484719408	0,636966633	0,943688949
A_23_P69791	0,252062238	7,869467997	0,484571093	0,637068687	0,943688949
A_32_P40463	-0,280470027	8,028576173	-0,484627703	0,637029733	0,943688949
A_33_P3411392	-0,261151119	7,062782269	-0,484831755	0,636889334	0,943688949
A_19_P00326532	-0,269925496	9,026375838	-0,484305714	0,637251311	0,943761159
A_23_P41470	-0,284299215	8,409540545	-0,484334591	0,637231438	0,943761159
A_33_P3268318	0,274128131	7,906934079	0,483682049	0,637680593	0,944297729
A_23_P46725	0,259943904	11,62996452	0,483370045	0,637895403	0,944352685
A_21_P0011581	0,266892156	6,797771761	0,483095463	0,638084478	0,944352685
A_33_P3383009	0,402237322	8,431270814	0,482988674	0,638158019	0,944352685
A_23_P91930	0,296868953	10,13835161	0,482772627	0,638306814	0,944352685
A_23_P77714	0,273245142	9,825156295	0,482649544	0,63839159	0,944352685
A_23_P116207	0,281509161	8,90154514	0,482404405	0,638560452	0,944352685
A_32_P131031	0,316035333	8,032186534	0,48213237	0,638747866	0,944352685
A_23_P152047	0,295812525	8,17388555	0,481951752	0,638872314	0,944352685
A_23_P374695	0,289073842	7,800854115	0,481926941	0,63888941	0,944352685
A_23_P398372	0,257680441	9,885663245	0,481671044	0,639065748	0,944352685
A_23_P92552	0,305234413	9,75384592	0,48164042	0,639086853	0,944352685
A_33_P3305855	0,253983784	7,302617596	0,481545471	0,639152288	0,944352685
A_23_P78685	0,303947674	11,96147666	0,481251774	0,639354716	0,944352685
A_23_P383977	0,261445367	9,672278527	0,481108101	0,639453753	0,944352685
A_24_P218074	0,288059443	15,41065559	0,481100217	0,639459187	0,944352685
A_33_P3345031	-0,290438141	7,755879865	-0,481281606	0,639334153	0,944352685
A_21_P0011504	-0,270019854	7,973220979	-0,48131305	0,63931248	0,944352685
A_23_P167828	-0,322362763	12,14301592	-0,481679905	0,639059642	0,944352685
A_23_P258246	-0,325481394	13,71312721	-0,481848686	0,638943333	0,944352685
A_23_P71053	-0,288860968	7,84846814	-0,481852176	0,638940928	0,944352685
A_23_P339480	-0,339704629	12,4920685	-0,482076488	0,638786368	0,944352685
A_23_P53668	-0,279837011	9,962151202	-0,482394586	0,638567216	0,944352685
A_23_P1387	-0,332777189	9,345865434	-0,482535889	0,638469878	0,944352685

A_33_P3254291	-0,257949163	7,17037212	-0,483061166	0,638108096	0,944352685
A_33_P3235491	-0,250862643	7,284329198	-0,483072061	0,638100593	0,944352685
A_24_P77082	-0,328439437	8,786607151	-0,483200916	0,63801186	0,944352685
A_33_P3212659	-0,263247104	6,820689084	-0,480827662	0,639647085	0,944531237
A_21_P0014071	-0,251353365	8,902458914	-0,480298306	0,640012094	0,944971256
A_32_P528311	0,270985037	7,500449	0,479972183	0,640237016	0,945087834
A_21_P0011052	0,267721847	12,44202114	0,479970314	0,640238306	0,945087834
A_24_P53353	0,380609896	9,334198374	0,479771583	0,640375386	0,945087834
A_23_P424900	0,249121281	7,22053506	0,479727318	0,640405921	0,945087834
A_33_P3377714	0,245991259	6,701022878	0,479491364	0,6405687	0,945087834
A_23_P204087	0,399116278	7,415438839	0,479166006	0,640793187	0,945087834
A_24_P261470	0,292035095	8,531587076	0,479040798	0,640879586	0,945087834
A_33_P3367575	0,309782581	9,174297893	0,479024788	0,640890634	0,945087834
A_21_P0005846	0,309274469	7,688958767	0,47879019	0,641052535	0,945087834
A_33_P3338417	0,257540568	9,755913093	0,478680047	0,641128554	0,945087834
A_33_P3365878	0,331721218	13,68996613	0,478534581	0,641228958	0,945087834
A_21_P0013230	0,27435843	6,90717043	0,478344324	0,641360289	0,945087834
A_23_P330616	-0,374879828	11,55188823	-0,478337987	0,641364664	0,945087834
A_33_P3403867	-0,247497664	7,536709475	-0,478442374	0,641292605	0,945087834
A_24_P282578	-0,317174817	13,07779078	-0,478567306	0,641206369	0,945087834
A_24_P371399	-0,302073441	8,963040776	-0,478791061	0,641051934	0,945087834
A_23_P321855	-0,29395504	10,9703507	-0,478828814	0,641025879	0,945087834
A_24_P252973	-0,375532182	9,057191609	-0,478941617	0,64094803	0,945087834
A_33_P3274009	-0,300356754	10,70734662	-0,479427493	0,640612766	0,945087834
A_33_P3255304	-0,309968035	12,82538916	-0,477902273	0,641665479	0,94543229
A_23_P50535	0,323185949	9,632109675	0,477792952	0,641740964	0,945444707
A_23_P60296	-0,261879013	13,74251861	-0,4776446	0,641843406	0,945496833
A_23_P18317	0,243876584	12,57343341	0,477093373	0,642224117	0,945608585
A_21_P0009088	-0,237000704	6,860199006	-0,477049223	0,642254614	0,945608585
A_23_P164927	-0,277995029	9,200705794	-0,477092473	0,642224739	0,945608585
A_21_P0000068	-0,256199783	13,26490706	-0,477148789	0,642185839	0,945608585
A_33_P3243957	-0,245543731	8,162652455	-0,477342148	0,642052285	0,945608585
A_24_P321411	-0,264006692	10,6093075	-0,476919966	0,642343905	0,945641298
A_23_P81912	0,333587929	12,97006319	0,476550239	0,642599343	0,945698862
A_23_P157416	0,313100528	12,7136924	0,476380819	0,642716408	0,945698862
A_33_P3276376	0,258732227	7,989472927	0,476377959	0,642718384	0,945698862
A_21_P0003760	-0,273824022	7,300510519	-0,47638753	0,64271177	0,945698862
A_23_P1199	-0,327052276	12,73958606	-0,47645897	0,642662406	0,945698862
A_21_P0013728	0,259914667	12,48065998	0,476106648	0,642905875	0,94577733
A_21_P0011390	-0,294918564	10,42961737	-0,476136786	0,642885046	0,94577733
A_24_P280762	0,243081697	7,245938981	0,475909214	0,643042329	0,945784175
A_23_P25030	0,253270489	6,807704211	0,475773667	0,643136019	0,945784175
A_23_P104362	0,27455929	12,55111373	0,475711697	0,643178854	0,945784175
A_23_P324813	-0,235375977	7,371569709	-0,475829975	0,643097098	0,945784175

A_33_P3373985	0,32442891	10,78323421	0,475506066	0,643321002	0,945894547
A_24_P193435	-0,267787757	6,885780834	-0,475402004	0,643392944	0,94590168
A_33_P3215557	0,251322779	8,767507411	0,475276786	0,643479516	0,945930319
A_24_P103025	-0,277420759	14,9888396	-0,474729487	0,643857967	0,946289324
A_24_P333106	-0,338117907	15,4750053	-0,474757984	0,64383826	0,946289324
A_33_P3229722	0,270253277	10,37607534	0,474554071	0,643979288	0,946334314
A_33_P3241651	0,268670452	7,158648388	0,47430147	0,64415401	0,946334314
A_21_P0008580	0,253443327	8,229822341	0,473921236	0,644417057	0,946334314
A_33_P3367201	0,258797315	10,18302946	0,473422913	0,644761874	0,946334314
A_33_P3382331	0,258021875	7,593816373	0,473265932	0,644870516	0,946334314
A_19_P00811460	0,230212601	6,79598616	0,473251091	0,644880787	0,946334314
A_23_P99604	0,238999666	9,461625471	0,473090669	0,64499182	0,946334314
A_33_P3313065	0,232408093	6,937614275	0,47308456	0,644996048	0,946334314
A_24_P573533	0,26276373	7,18146635	0,472967868	0,645076821	0,946334314
A_33_P3320277	0,25721246	7,220290451	0,472775634	0,645209892	0,946334314
A_21_P0010808	0,236800381	6,495531013	0,472745154	0,645230992	0,946334314
A_23_P148737	-0,286947789	7,493136411	-0,472904226	0,645120875	0,946334314
A_23_P162486	-0,232849824	12,73158205	-0,473101141	0,644984572	0,946334314
A_21_P0014192	-0,249856803	7,975510522	-0,473156217	0,644946451	0,946334314
A_33_P3264121	-0,290035028	15,02068556	-0,473427587	0,64475864	0,946334314
A_33_P3326730	-0,258632833	7,098067549	-0,473488177	0,644716709	0,946334314
A_24_P922357	-0,29693204	10,10131931	-0,473513802	0,644698977	0,946334314
A_33_P3371325	-0,234736995	6,40761855	-0,473860703	0,644458938	0,946334314
A_24_P85775	-0,259505672	10,48805761	-0,474233971	0,644200702	0,946334314
A_33_P3235721	-0,246630636	6,567219628	-0,474447032	0,644053324	0,946334314
A_33_P3339036	0,325022339	11,58964589	0,472039382	0,64571967	0,946849377
A_32_P203430	0,277187367	7,547736534	0,471484926	0,646103698	0,946849377
A_32_P232192	0,26736874	7,675747893	0,471103072	0,646368241	0,946849377
A_32_P339640	0,259882528	7,906773279	0,471035259	0,646415226	0,946849377
A_33_P3332885	0,439497091	10,07106216	0,470977543	0,646455217	0,946849377
A_33_P3212645	-0,237650064	13,49871672	-0,471035757	0,646414882	0,946849377
A_33_P3273020	-0,244549044	15,20547696	-0,471127015	0,646351652	0,946849377
A_33_P3347622	-0,362078654	11,64666673	-0,471299171	0,646232381	0,946849377
A_19_P00805367	-0,257980989	9,399537377	-0,471393968	0,646166708	0,946849377
A_23_P156620	-0,324068621	8,796586086	-0,471561069	0,646050954	0,946849377
A_33_P3319026	-0,324874344	9,255405027	-0,471644087	0,645993449	0,946849377
A_23_P39465	-0,249826582	12,51926342	-0,471672632	0,645973677	0,946849377
A_33_P3223678	-0,26899368	10,99749056	-0,471694797	0,645958325	0,946849377
A_23_P38346	0,360652237	11,41546367	0,470230879	0,646972674	0,947508853
A_33_P3234855	0,27691158	8,140981325	0,47004952	0,647098389	0,947531676
A_33_P3406706	0,256594003	9,703751706	0,470014496	0,647122669	0,947531676
A_23_P114826	0,294489293	11,95012617	0,469537678	0,647453253	0,9478124
A_33_P3325068	0,257082321	8,022529329	0,469146048	0,647724834	0,9478124
A_33_P3296240	0,252153982	8,532637299	0,468884611	0,647906161	0,9478124

A_21_P0013289	0,243767502	7,649456458	0,468715317	0,648023591	0,9478124
A_23_P144627	0,290313473	8,337528079	0,468700926	0,648033574	0,9478124
A_23_P129717	0,260656825	7,031018788	0,468639649	0,648076082	0,9478124
A_24_P416660	0,241225518	11,20241133	0,468306729	0,64830705	0,9478124
A_21_P0011688	0,232796543	7,246732094	0,468085994	0,64846021	0,9478124
A_23_P27917	0,256445502	6,993201529	0,468009481	0,648513303	0,9478124
A_33_P3277714	0,238696862	6,850676884	0,46782914	0,648638452	0,9478124
A_23_P405873	0,296307963	7,808177057	0,46768054	0,648741582	0,9478124
A_24_P923381	0,23366618	6,752641198	0,467605949	0,648793352	0,9478124
A_23_P305198	-0,31299057	9,135260178	-0,467638268	0,648770921	0,9478124
A_24_P14731	-0,296184333	11,39142968	-0,467795981	0,648661464	0,9478124
A_23_P18739	-0,308076578	8,347082161	-0,468104668	0,648447252	0,9478124
A_21_P0011296	-0,26941967	7,594790359	-0,468225907	0,648363128	0,9478124
A_33_P3236563	-0,236394082	7,727810474	-0,468417464	0,648230222	0,9478124
A_33_P3368453	-0,250734465	12,36813681	-0,468482342	0,648185212	0,9478124
A_23_P319050	-0,277570585	7,524901455	-0,468518687	0,648159997	0,9478124
A_21_P0007251	-0,268656124	8,471191184	-0,468531979	0,648150776	0,9478124
A_23_P128375	-0,269146161	8,121886049	-0,468905348	0,647891777	0,9478124
A_21_P0009166	-0,241133025	8,175033567	-0,469097304	0,64775864	0,9478124
A_21_P0007890	0,337679931	9,888853333	0,466960631	0,649241317	0,948368559
A_23_P141992	0,234253908	8,00553193	0,466298147	0,649701348	0,948476495
A_23_P379550	0,256096363	10,244427	0,466198956	0,64977024	0,948476495
A_23_P122796	0,267377556	7,910464155	0,466176096	0,649786117	0,948476495
A_33_P3400107	-0,237302223	6,414283496	-0,466199949	0,64976955	0,948476495
A_24_P37409	-0,2858038	7,934206164	-0,466238269	0,649742935	0,948476495
A_24_P131222	-0,309419394	10,13498355	-0,466467939	0,649583429	0,948476495
A_33_P3665553	-0,3526643	7,521971715	-0,466701264	0,649421404	0,948476495
A_24_P291978	0,254653658	7,064808932	0,465849985	0,650012639	0,948659408
A_33_P3231140	0,251597245	7,44874108	0,465705108	0,650113285	0,948659408
A_21_P0010475	-0,239460138	7,243512632	-0,465760425	0,650074855	0,948659408
A_21_P0003688	0,235381937	6,243542985	0,46558142	0,650199216	0,948686614
A_33_P3489737	-0,307904614	8,668197364	-0,465317618	0,650382508	0,948855855
A_24_P152983	0,271820897	14,75260341	0,465103674	0,650531177	0,948974554
A_24_P175783	-0,250836502	7,392674071	-0,464758119	0,650771334	0,94903031
A_23_P142560	-0,25027234	11,79353401	-0,464770531	0,650762707	0,94903031
A_33_P3261167	-0,232328231	14,34557398	-0,464851219	0,650706626	0,94903031
A_33_P3263989	0,287635848	11,31812886	0,464322713	0,651073995	0,949291231
A_23_P40192	-0,260260887	11,40750143	-0,464307006	0,651084914	0,949291231
A_24_P928604	0,340221061	14,36973789	0,464136182	0,651203677	0,949366212
A_21_P0009701	0,242283084	6,598692645	0,46382844	0,651417655	0,949388624
A_23_P94911	0,234586649	9,641009896	0,463595369	0,651579735	0,949388624
A_33_P3358977	0,249303454	11,95964233	0,463494502	0,651649884	0,949388624
A_33_P3214456	0,235550345	9,369565232	0,463179769	0,651868793	0,949388624
A_33_P3267463	0,233595562	6,838433237	0,463120498	0,651910022	0,949388624

A_33_P3257617	0,276589654	8,031469235	0,463048997	0,65195976	0,949388624
A_23_P135061	-0,264437316	10,72268304	-0,463103777	0,651921653	0,949388624
A_23_P154874	-0,228040214	9,665597245	-0,463186226	0,651864301	0,949388624
A_21_P0011589	-0,246852431	9,8402119	-0,463189665	0,651861909	0,949388624
A_23_P14515	-0,271363315	9,347154342	-0,463595143	0,651579892	0,949388624
A_23_P428999	-0,251943921	6,879212638	-0,463606647	0,651571891	0,949388624
A_23_P218751	0,242049962	11,1059274	0,46267768	0,652218085	0,949666713
A_23_P137848	0,270578617	11,62057115	0,462424925	0,652393954	0,949786661
A_33_P3417740	0,237647052	6,587084985	0,462340285	0,652452852	0,949786661
A_24_P183292	0,281891699	9,640473957	0,462268854	0,652502561	0,949786661
A_23_P4714	-0,238361388	7,702840938	-0,461937434	0,652733216	0,950024323
A_21_P0011913	0,227299194	6,32956421	0,461675364	0,652915634	0,950026691
A_21_P0014673	0,236844126	6,744497464	0,461555063	0,652999379	0,950026691
A_24_P941625	0,239782971	9,631018791	0,461547888	0,653004373	0,950026691
A_23_P130642	-0,347381965	13,14033049	-0,461595877	0,652970966	0,950026691
A_23_P375354	0,251893939	6,779875956	0,461422695	0,65309153	0,950055456
A_23_P429092	0,264761882	7,477048482	0,461164764	0,653271111	0,950201921
A_33_P3318092	0,229958334	6,55313376	0,460769551	0,653546319	0,950201921
A_21_P0012488	0,237193489	6,511713392	0,460697527	0,653596479	0,950201921
A_21_P0007229	0,36174415	8,782318864	0,46043845	0,653776923	0,950201921
A_33_P3346533	0,261383864	8,937084731	0,460109737	0,654005901	0,950201921
A_33_P3289422	0,233402916	11,21888354	0,459945507	0,654120314	0,950201921
A_33_P3339103	0,339276315	11,53081538	0,459576149	0,65437767	0,950201921
A_33_P3332145	0,267767198	14,6819497	0,459566307	0,654384528	0,950201921
A_33_P3351351	0,236276362	7,079115979	0,459446364	0,654468111	0,950201921
A_33_P3266010	0,349692644	11,13849331	0,459439752	0,654472718	0,950201921
A_23_P157404	-0,241596304	9,081709456	-0,459471946	0,654450284	0,950201921
A_21_P0007215	-0,239084052	6,746450827	-0,459587418	0,654369818	0,950201921
A_33_P3272429	-0,237385946	7,586081517	-0,459720983	0,654276749	0,950201921
A_33_P3398912	-0,287522917	14,27533132	-0,45974558	0,654259611	0,950201921
A_33_P3220025	-0,259905592	8,095117632	-0,459757778	0,654251112	0,950201921
A_23_P105900	-0,393251304	13,49300528	-0,460242972	0,653913086	0,950201921
A_21_P0007219	-0,233328774	6,704549664	-0,460482745	0,65374607	0,950201921
A_21_P0007370	-0,257888863	7,334060224	-0,460619966	0,653650496	0,950201921
A_21_P0000928	-0,28656436	8,045455064	-0,461015621	0,653374961	0,950201921
A_23_P72651	-0,263753888	7,116756128	-0,459292319	0,654575465	0,950253241
A_33_P3334102	0,343954846	10,46681857	0,459010656	0,654771776	0,950440366
A_23_P101623	0,245713212	7,69672675	0,458798052	0,654919973	0,950557618
A_23_P140960	-0,292460819	13,65878455	-0,458685258	0,654998603	0,950573887
A_23_P51906	0,254518049	12,8400301	0,458399074	0,655198125	0,950617495
A_33_P3228460	0,300325932	7,874108175	0,458332457	0,655244573	0,950617495
A_19_P00805651	-0,281355294	11,65417036	-0,458255332	0,65529835	0,950617495
A_23_P358221	-0,28209622	8,702419574	-0,458263598	0,655292586	0,950617495
A_21_P0014930	0,266691044	7,115463912	0,458008788	0,65547027	0,950769067

A_23_P25204	0,271105274	16,65916811	0,45735628	0,655925377	0,950883001
A_33_P3414017	-0,253794846	10,55683339	-0,457315999	0,655953476	0,950883001
A_23_P333592	-0,234465487	7,570231944	-0,457393231	0,655899601	0,950883001
A_23_P139998	-0,310871755	11,04843591	-0,457482144	0,655837579	0,950883001
A_33_P3413759	-0,242203849	7,123754918	-0,457489578	0,655832393	0,950883001
A_23_P256663	-0,263571102	14,25799659	-0,457652981	0,655718418	0,950883001
A_33_P3268334	0,311590057	10,93347255	0,456723252	0,656367036	0,951184701
A_33_P3294446	0,2371495	7,987136942	0,456368116	0,656614871	0,951184701
A_33_P3369550	0,433111924	12,53766944	0,456203322	0,656729889	0,951184701
A_24_P737939	-0,257094586	6,702856163	-0,4561476	0,656768782	0,951184701
A_33_P3244610	-0,283138573	7,567589042	-0,456294036	0,656666574	0,951184701
A_24_P101629	-0,276840732	9,541297846	-0,456375772	0,656609528	0,951184701
A_23_P144999	-0,274529882	8,686569112	-0,456597671	0,656454669	0,951184701
A_21_P0006198	-0,26918218	6,677153902	-0,45678815	0,656321751	0,951184701
A_23_P206293	-0,245675968	8,897453043	-0,456869715	0,656264837	0,951184701
A_33_P3418668	0,251494461	9,520563498	0,455866679	0,656964877	0,951240825
A_33_P3245115	-0,224312003	6,383021244	-0,455802128	0,65700994	0,951240825
A_33_P3360326	-0,254826274	9,636152885	-0,455959252	0,656900255	0,951240825
A_23_P3302	0,326808541	8,457736455	0,455529401	0,657200347	0,951321119
A_33_P3388588	-0,268211198	13,09744771	-0,45556226	0,657177406	0,951321119
A_23_P35131	0,30583013	7,789020531	0,455239032	0,657403099	0,951516918
A_33_P3298942	-0,261686913	8,933491065	-0,45512375	0,657483603	0,951535755
A_23_P74547	0,248620767	13,85903174	0,454925699	0,657621917	0,951562586
A_24_P212443	0,27460467	7,807174304	0,454882202	0,657652297	0,951562586
A_33_P3292794	0,243005761	8,437015493	0,454807291	0,657704617	0,951562586
A_33_P3407289	0,233555098	6,832410569	0,454583541	0,657860904	0,951640294
A_33_P3290089	0,259143787	7,664651733	0,45443282	0,657966191	0,951640294
A_24_P200000	0,241961497	8,320177219	0,454103242	0,658196445	0,951640294
A_24_P897062	0,261051893	9,223468802	0,453884351	0,65834939	0,951640294
A_33_P3301221	0,236241095	6,871999591	0,453860866	0,658365801	0,951640294
A_33_P3362143	-0,269583199	8,980015154	-0,454022669	0,658252742	0,951640294
A_33_P3371493	-0,246032753	10,45622869	-0,454062931	0,65822461	0,951640294
A_23_P87257	-0,27516378	11,00091755	-0,454210322	0,658121632	0,951640294
A_23_P29318	-0,351108832	12,14512656	-0,454414238	0,657979172	0,951640294
A_33_P3399864	0,334711696	8,852716745	0,453540713	0,658589532	0,951768533
A_33_P3405966	-0,247400191	7,246319376	-0,453615105	0,658537542	0,951768533
A_33_P3386508	0,277001075	8,581520844	0,453077987	0,658912958	0,952138341
A_33_P3509233	0,406474351	7,551518335	0,4529628	0,658993481	0,95215711
A_23_P307860	0,282733907	11,60801693	0,452735114	0,659152659	0,952159035
A_33_P3402943	-0,271063928	7,264763754	-0,452574513	0,659264948	0,952159035
A_23_P353316	-0,244305104	7,516872466	-0,452645816	0,659215093	0,952159035
A_21_P0010069	-0,254182045	8,339489484	-0,452851578	0,659071235	0,952159035
A_24_P178654	0,35128583	13,52160479	0,452131807	0,659574524	0,952429437
A_33_P3312271	-0,232732837	7,005948167	-0,452016982	0,65965483	0,952429437

A_23_P11507	-0,306788758	9,462877525	-0,452039603	0,659639009	0,952429437
A_23_P210948	0,244305584	8,623068479	0,451445564	0,660054532	0,95268967
A_33_P3305749	0,224870737	6,890285886	0,451252681	0,660189477	0,95268967
A_23_P112341	0,247573072	11,72015885	0,451083188	0,660308068	0,95268967
A_33_P3408665	-0,289597717	13,34883512	-0,451095584	0,660299395	0,95268967
A_33_P3332744	-0,28668908	9,396545941	-0,451174878	0,660243913	0,95268967
A_33_P3381292	-0,262838931	9,399884295	-0,451371034	0,660106673	0,95268967
A_23_P127533	-0,32231735	12,059538	-0,451537201	0,659990425	0,95268967
A_33_P3271810	0,263598575	7,497903119	0,450948504	0,660402311	0,952695646
A_33_P3401013	0,22685925	6,567283226	0,450853903	0,66046851	0,952695646
A_33_P3394198	0,272513202	10,14697858	0,4502944	0,660860096	0,952695646
A_33_P3354796	0,29118344	8,6472162	0,450278551	0,66087119	0,952695646
A_33_P3314471	0,224440678	9,178019175	0,450164918	0,660950733	0,952695646
A_24_P50908	0,255560035	10,50415184	0,45001036	0,661058931	0,952695646
A_33_P3278435	0,268221665	12,10305185	0,449892777	0,66114125	0,952695646
A_33_P3233608	0,246993996	6,584966542	0,449473138	0,661435073	0,952695646
A_23_P157038	0,240818776	8,256430032	0,449099423	0,661696791	0,952695646
A_21_P0000857	0,22448531	6,984573971	0,449025262	0,661748733	0,952695646
A_33_P3346806	0,270708771	6,882697353	0,449009453	0,661759806	0,952695646
A_21_P0013122	0,293138654	8,445446697	0,448979197	0,661780997	0,952695646
A_24_P50972	-0,292865082	9,287277713	-0,448953793	0,661798791	0,952695646
A_21_P0007377	-0,274799196	6,789622203	-0,449218149	0,661613641	0,952695646
A_33_P3372667	-0,290633288	8,428884779	-0,449307312	0,661551198	0,952695646
A_23_P56578	-0,224360627	6,412981749	-0,449429087	0,66146592	0,952695646
A_23_P139527	-0,250807827	7,017883057	-0,449566711	0,66136955	0,952695646
A_33_P3228325	-0,297233901	10,6228131	-0,449675919	0,661293083	0,952695646
A_33_P3393135	-0,290809776	8,800647433	-0,449769984	0,661227221	0,952695646
A_21_P0011950	-0,257720133	9,767702557	-0,449839577	0,661178496	0,952695646
A_33_P3256987	-0,226212975	6,519289427	-0,449849652	0,661171442	0,952695646
A_23_P346982	-0,267411395	8,283354166	-0,450089074	0,661003827	0,952695646
A_23_P423331	-0,365231372	12,26349722	-0,448848208	0,661872748	0,952704836
A_33_P3416588	0,240139435	7,253562814	0,448708241	0,661970793	0,952748694
A_33_P3370076	-0,242189361	9,664118311	-0,448470566	0,662137296	0,952891062
A_24_P112377	0,232247243	6,981792421	0,447941349	0,662508106	0,952922351
A_33_P3223093	0,269509164	7,6122757	0,447740421	0,662648917	0,952922351
A_23_P326296	0,245534483	9,335315471	0,447395584	0,66289061	0,952922351
A_21_P0000754	0,25505804	8,832907524	0,447123824	0,663081112	0,952922351
A_23_P432360	0,227132365	10,61117784	0,446808808	0,663301968	0,952922351
A_24_P348925	0,303512447	11,57539318	0,446510207	0,663511345	0,952922351
A_23_P57293	0,306141338	8,142250354	0,446246395	0,663696354	0,952922351
A_33_P3358799	0,250916776	11,75676986	0,446189068	0,66373656	0,952922351
A_32_P19806	0,308711689	8,583116453	0,445997989	0,66387058	0,952922351
A_23_P42829	0,22168946	14,76571813	0,445953751	0,66390161	0,952922351
A_33_P3329793	0,233075317	7,274537159	0,445897262	0,663941233	0,952922351

A_33_P3411888	0,233042294	7,21340653	0,44583642	0,663983912	0,952922351
A_24_P12281	-0,277132094	8,354355616	-0,445948691	0,663905159	0,952922351
A_21_P0005649	-0,268526842	8,348775815	-0,446049515	0,66383444	0,952922351
A_21_P0001262	-0,218377494	6,314799046	-0,446066008	0,663822871	0,952922351
A_33_P3410599	-0,258659324	12,60515495	-0,446131998	0,663776587	0,952922351
A_33_P3269723	-0,310777891	12,56642801	-0,446387335	0,663597511	0,952922351
A_24_P912366	-0,246081982	6,631943251	-0,446488037	0,663526892	0,952922351
A_23_P3574	-0,296097269	9,408880511	-0,447052333	0,663131231	0,952922351
A_21_P0002945	-0,281644657	6,98837744	-0,447076508	0,663114283	0,952922351
A_21_P0004570	-0,223030496	6,490365932	-0,447087824	0,66310635	0,952922351
A_24_P203953	-0,305371846	14,48741603	-0,447360154	0,662915445	0,952922351
A_33_P3308468	-0,224882891	6,579123081	-0,447597892	0,662748809	0,952922351
A_33_P3351388	-0,251246284	7,491987494	-0,447613209	0,662738074	0,952922351
A_21_P0008111	-0,244145237	7,082491747	-0,448078875	0,662411736	0,952922351
A_23_P160240	-0,221443172	7,524205264	-0,448137669	0,662370538	0,952922351
A_23_P203013	-0,268875724	8,312150961	-0,448261104	0,66228405	0,952922351
A_23_P24784	0,288996127	9,679869893	0,445468484	0,664242031	0,953017807
A_24_P914513	0,240639369	7,550352425	0,445316566	0,66434862	0,953017807
A_33_P3348362	0,273244071	8,010334275	0,445227873	0,664410852	0,953017807
A_23_P200874	0,253344204	9,313421464	0,445067212	0,664523588	0,953017807
A_23_P41908	-0,291636299	8,719796415	-0,445078948	0,664515352	0,953017807
A_21_P0014281	-0,225602398	6,791973254	-0,445204164	0,664427488	0,953017807
A_23_P201918	-0,253149525	11,10018931	-0,445307702	0,664354839	0,953017807
A_33_P3315504	0,239878223	10,45704021	0,44472201	0,664765846	0,953268273
A_33_P3239267	0,239341236	14,50112406	0,444265654	0,66508617	0,953349367
A_23_P50399	0,229064965	8,894559179	0,444256111	0,66509287	0,953349367
A_23_P12620	-0,233781363	9,118646485	-0,444360213	0,665019792	0,953349367
A_21_P0008910	-0,219683821	6,461092606	-0,444422664	0,664975954	0,953349367
A_24_P119577	0,418421573	10,87457318	0,443952024	0,665306354	0,953370862
A_24_P59607	0,296125811	7,469935065	0,443802878	0,665411073	0,953370862
A_24_P943113	0,230712092	7,218966706	0,443559903	0,665581688	0,953370862
A_23_P251680	0,24212057	12,40485039	0,443326853	0,665745351	0,953370862
A_24_P29686	0,320031318	11,86631405	0,443312967	0,665755103	0,953370862
A_33_P3330175	0,316169116	8,497321356	0,443264641	0,665789044	0,953370862
A_23_P151746	-0,251470514	13,13102636	-0,442886649	0,666054542	0,953370862
A_33_P3415663	-0,303278283	8,862196847	-0,442966216	0,665998651	0,953370862
A_23_P331748	-0,253926611	12,49701494	-0,443034826	0,665950458	0,953370862
A_23_P19619	-0,231781188	9,22490658	-0,443046261	0,665942426	0,953370862
A_33_P3299285	-0,231340398	7,410113456	-0,443227275	0,665815287	0,953370862
A_21_P0001876	-0,240280586	7,178364041	-0,443430086	0,665672852	0,953370862
A_33_P3362088	-0,238938898	13,93235036	-0,443646625	0,66552079	0,953370862
A_33_P3336384	-0,222381888	7,151468471	-0,443923349	0,665326487	0,953370862
A_32_P148672	0,280256117	13,18504013	0,442660028	0,666213742	0,953496035
A_33_P3311076	0,241645597	10,8809566	0,442289182	0,666474295	0,953496035

A_33_P3302210	0,228254505	8,215587726	0,441998479	0,666678572	0,953496035
A_24_P475814	0,24392793	12,28085783	0,44195059	0,666712226	0,953496035
A_23_P19313	0,233393188	9,781259705	0,441945281	0,666715958	0,953496035
A_24_P221968	0,39365546	8,553563483	0,44186042	0,666775596	0,953496035
A_33_P3372368	0,249942464	8,396135104	0,4418525	0,666781163	0,953496035
A_23_P144497	0,225623351	16,66055541	0,441799689	0,666818278	0,953496035
A_33_P3312877	-0,268831024	13,13741353	-0,441923589	0,666731202	0,953496035
A_23_P167444	-0,283963869	12,62512029	-0,44234511	0,666434997	0,953496035
A_33_P3286724	0,358020176	10,0727415	0,441365129	0,667123725	0,95353626
A_33_P3375950	0,238444837	15,17114677	0,441228837	0,667219536	0,95353626
A_24_P367421	0,352493755	8,704239524	0,441124381	0,667292971	0,95353626
A_23_P53557	0,256109043	10,83763812	0,441039026	0,66735298	0,95353626
A_32_P6221	0,26726385	7,713281901	0,440966682	0,667403843	0,95353626
A_33_P3361925	0,333312729	9,35699321	0,440912967	0,66744161	0,95353626
A_19_P00321332	-0,297626299	15,48379236	-0,440893792	0,667455092	0,95353626
A_23_P137057	-0,29893563	15,26141378	-0,440932872	0,667427615	0,95353626
A_23_P376060	-0,221694767	7,093890709	-0,441232159	0,6672172	0,95353626
A_33_P3257279	0,251121701	8,592439866	0,440501081	0,667731239	0,953688488
A_21_P0008750	0,229419083	6,880240964	0,44045429	0,667764145	0,953688488
A_24_P77676	-0,253579304	11,33589915	-0,440453678	0,667764576	0,953688488
A_24_P404033	0,291400726	7,658771112	0,440029524	0,668062897	0,953952318
A_33_P3882659	0,284844235	10,98691382	0,439998628	0,668084629	0,953952318
A_33_P3224858	0,33694797	9,480075341	0,439896641	0,66815637	0,953958142
A_24_P187023	0,25262141	15,17626848	0,439706897	0,66828985	0,954052106
A_33_P3518572	0,355573892	10,33616327	0,439525692	0,668417335	0,954107273
A_23_P3502	0,228656435	9,772345406	0,439407334	0,66850061	0,954107273
A_33_P3322192	0,24285923	7,803382867	0,43912432	0,668699755	0,954107273
A_21_P0010393	0,230574782	6,687039163	0,439004012	0,668784418	0,954107273
A_23_P145289	0,220978394	9,892232463	0,438945152	0,668825841	0,954107273
A_19_P00316012	0,223037353	6,626218648	0,438464942	0,669163831	0,954107273
A_19_P00322938	0,308196987	11,00503252	0,438372595	0,669228837	0,954107273
A_33_P3406998	0,291932018	10,25803938	0,438052915	0,669453893	0,954107273
A_32_P2738	0,244598167	13,13063137	0,438044226	0,66946001	0,954107273
A_33_P3255229	0,222273662	7,208182451	0,438022349	0,669475413	0,954107273
A_33_P3247848	0,246036812	9,09520494	0,437919632	0,669547734	0,954107273
A_33_P3412160	0,218254779	9,25388284	0,437668374	0,669724655	0,954107273
A_21_P0007755	0,244682351	7,076749671	0,437546023	0,669810815	0,954107273
A_23_P107795	0,280046317	12,95771898	0,437310142	0,669976937	0,954107273
A_33_P3325195	0,246539738	7,976382828	0,436973718	0,670213899	0,954107273
A_23_P415827	0,264411304	8,001382183	0,436909802	0,670258922	0,954107273
A_33_P3304769	0,220040278	6,616262646	0,436895757	0,670268816	0,954107273
A_23_P340922	0,27061623	7,864701215	0,436822498	0,670320423	0,954107273
A_33_P3789382	0,224539884	6,94735366	0,436674792	0,670424479	0,954107273
A_33_P3301876	0,238685514	7,322218167	0,436308555	0,670682519	0,954107273

A_24_P100551	0,255064834	9,103896218	0,435894235	0,670974489	0,954107273
A_23_P156993	0,239772213	8,241472209	0,435880112	0,670984442	0,954107273
A_33_P3353941	0,33683394	8,847598703	0,435562201	0,671208513	0,954107273
A_32_P234184	0,214323852	8,019324548	0,435390768	0,671329356	0,954107273
A_33_P3278303	0,252700307	9,121661506	0,435343064	0,671362985	0,954107273
A_33_P3376873	0,22777753	8,470908567	0,435340507	0,671364787	0,954107273
A_24_P24724	0,232500016	10,330668	0,435312203	0,67138474	0,954107273
A_23_P420417	0,256318103	8,075495663	0,435165467	0,671488186	0,954107273
A_24_P272873	0,234829764	16,51077866	0,435092913	0,671539338	0,954107273
A_33_P3321275	0,28725835	9,863036742	0,434899632	0,671675613	0,954107273
A_33_P3359368	0,256472157	8,533084704	0,434682177	0,671828946	0,954107273
A_24_P222911	0,276209659	9,772952738	0,434655956	0,671847436	0,954107273
A_23_P403588	-0,242956012	9,603629355	-0,434783549	0,671757464	0,954107273
A_23_P253602	-0,247580152	7,655216491	-0,434841352	0,671716706	0,954107273
A_24_P221883	-0,29776927	10,6903851	-0,435135842	0,671509072	0,954107273
A_33_P3292829	-0,280517573	11,32662285	-0,435139836	0,671506257	0,954107273
A_23_P388812	-0,301278699	10,00237022	-0,435329228	0,671372739	0,954107273
A_33_P3357879	-0,217793583	7,406526423	-0,435521403	0,671237271	0,954107273
A_24_P242299	-0,305240672	12,69866282	-0,43556345	0,671207632	0,954107273
A_23_P128613	-0,314756381	9,333382546	-0,435654907	0,671143168	0,954107273
A_33_P3351894	-0,332013781	10,84110903	-0,435755979	0,67107193	0,954107273
A_32_P112279	-0,296660123	11,22131637	-0,435850683	0,671005183	0,954107273
A_23_P166686	-0,236735362	7,040234797	-0,436283987	0,67069983	0,954107273
A_33_P3387756	-0,327283298	13,22080979	-0,436576823	0,670493501	0,954107273
A_32_P141612	-0,239520704	8,599487088	-0,436650607	0,670441518	0,954107273
A_33_P3301331	-0,223897632	6,859043116	-0,437373845	0,669932071	0,954107273
A_23_P105028	-0,239733193	10,2773607	-0,437480829	0,669856726	0,954107273
A_23_P140450	-0,302560657	10,48385964	-0,437839759	0,669603974	0,954107273
A_33_P3309414	-0,222308314	6,747828779	-0,438172675	0,669369578	0,954107273
A_23_P93105	-0,219724547	6,536972145	-0,43847904	0,669153907	0,954107273
A_33_P3254946	-0,242205465	8,812320959	-0,438637104	0,669042648	0,954107273
A_33_P3404336	-0,239515607	8,000054735	-0,43892918	0,668837081	0,954107273
A_24_P398130	0,28384644	8,113861011	0,434559919	0,671915161	0,954107347
A_24_P47467	-0,267549031	13,28464913	-0,434444774	0,671996363	0,954126558
A_32_P54475	0,268519118	9,234201599	0,434225672	0,67215089	0,954155045
A_21_P0011623	0,29030369	8,624507862	0,43420209	0,672167523	0,954155045
A_19_P00326178	0,215844267	8,523360919	0,434044001	0,672279031	0,954155045
A_21_P0005573	0,290763138	8,560418878	0,434032522	0,672287128	0,954155045
A_32_P75902	0,224752504	6,982941199	0,433693212	0,672526488	0,9542901
A_24_P182764	0,229828346	12,47925919	0,433272739	0,672823155	0,9542901
A_21_P0014355	0,306585648	8,151336892	0,433185261	0,672884882	0,9542901
A_24_P898945	0,227729444	8,778658939	0,433026079	0,672997214	0,9542901
A_23_P25945	0,240593713	7,76974863	0,432919341	0,673072541	0,9542901
A_33_P3258612	0,295487035	13,14154721	0,432791075	0,673163066	0,9542901

A_33_P3282252	0,264756703	8,536401477	0,432764938	0,673181514	0,9542901
A_23_P129005	0,321831366	8,526546012	0,432590902	0,673304351	0,9542901
A_33_P3886707	-0,284136383	13,13826261	-0,432554742	0,673329875	0,9542901
A_23_P24129	-0,26846154	7,639684279	-0,432713585	0,673217759	0,9542901
A_33_P3373707	-0,227195317	10,32626405	-0,432814584	0,673146474	0,9542901
A_33_P3228868	-0,214922756	6,914990981	-0,432935376	0,673061224	0,9542901
A_24_P12435	-0,281228832	11,80977985	-0,433193634	0,672878974	0,9542901
A_33_P3533001	-0,27905755	7,954041399	-0,433320359	0,672789553	0,9542901
A_24_P323545	0,244145649	7,696235049	0,432212581	0,673571412	0,954357917
A_21_P0003243	0,240084354	8,79114662	0,432090864	0,673657342	0,954357917
A_23_P47077	0,214113809	8,095857703	0,432015305	0,673710688	0,954357917
A_32_P19431	0,266376573	15,92614503	0,431978414	0,673736735	0,954357917
A_21_P0010152	0,313977465	7,222866999	0,431707199	0,673928238	0,954357917
A_33_P3214129	0,240400004	9,373547307	0,431684509	0,67394426	0,954357917
A_33_P3258146	0,217639163	7,023628567	0,431646059	0,673971412	0,954357917
A_33_P3286208	0,211636295	8,380852018	0,431560237	0,674032016	0,954357917
A_21_P0010157	0,259474821	7,434733232	0,431489862	0,674081715	0,954357917
A_19_P00318507	0,262764528	8,108619102	0,43133653	0,674190003	0,954357917
A_33_P3224135	-0,215494755	7,102820806	-0,431413685	0,674135513	0,954357917
A_24_P73943	-0,293885241	8,330241462	-0,431451467	0,67410883	0,954357917
A_21_P0000503	0,385727386	15,71073169	0,430919676	0,674484437	0,954678855
A_33_P3262694	0,296434928	11,39275604	0,430786018	0,674578855	0,954682139
A_23_P56734	0,214629577	7,163207612	0,430724685	0,674622183	0,954682139
A_33_P3358069	-0,317681381	11,69303468	-0,43043161	0,674829241	0,954879313
A_33_P3305974	-0,28259445	9,828634218	-0,430313214	0,674912896	0,954901849
A_33_P3367017	0,228894272	9,47399129	0,429946899	0,675171752	0,955172239
A_24_P378019	0,335957724	13,65764378	0,4298094	0,675268927	0,955190972
A_33_P3222380	0,235934638	6,850561642	0,429736442	0,675320491	0,955190972
A_24_P257359	-0,280442878	17,08522198	-0,429570479	0,675437795	0,955261056
A_33_P3760125	0,302512644	14,78209281	0,429037054	0,675814882	0,95551361
A_33_P3211679	0,228951171	7,831435206	0,428881114	0,675925136	0,95551361
A_23_P119141	0,228653518	11,82486009	0,42883561	0,675957311	0,95551361
A_23_P147845	0,356159764	13,21328117	0,42864995	0,67608859	0,95551361
A_23_P134085	0,222171183	10,63874489	0,428574382	0,676142028	0,95551361
A_23_P69431	0,235505988	16,69392045	0,427959041	0,67657723	0,95551361
A_33_P3213089	0,254374612	7,439654355	0,427956237	0,676579213	0,95551361
A_33_P3249135	0,234739896	7,380072483	0,42768058	0,676774212	0,95551361
A_23_P368484	0,238572362	9,965256898	0,42737116	0,676993125	0,95551361
A_24_P161018	0,354134479	11,0706621	0,427243832	0,677083218	0,95551361
A_33_P3272593	0,218651303	10,88748022	0,427175576	0,677131515	0,95551361
A_24_P289188	0,257229767	13,7746112	0,427043941	0,677224664	0,95551361
A_24_P296568	0,278178605	12,1878765	0,42698616	0,677265553	0,95551361
A_24_P849801	0,361985879	10,33098927	0,426941493	0,677297163	0,95551361
A_33_P3337896	0,345989345	8,55547978	0,426872514	0,67734598	0,95551361

A_33_P3387090	0,214645159	7,155212221	0,42676295	0,67742352	0,95551361
A_33_P3279162	0,239459975	6,920431628	0,426344691	0,677719567	0,95551361
A_23_P115407	0,245406766	9,458742942	0,426255296	0,677782849	0,95551361
A_23_P78771	0,258032887	11,13714394	0,426252167	0,677785064	0,95551361
A_33_P3564394	-0,21489456	7,636015429	-0,42630341	0,677748789	0,95551361
A_33_P3311668	-0,225254228	6,862803789	-0,426306937	0,677746293	0,95551361
A_23_P209944	-0,258372004	7,99231536	-0,426367687	0,677703289	0,95551361
A_21_P0006285	-0,228865215	6,794426334	-0,426418317	0,67766745	0,95551361
A_32_P14894	-0,309097973	15,73489372	-0,426457674	0,677639592	0,95551361
A_23_P108501	-0,274075293	8,295223532	-0,426826398	0,677378616	0,95551361
A_23_P73801	-0,21590624	10,55976167	-0,42707004	0,677206195	0,95551361
A_33_P3344477	-0,231573408	8,115518899	-0,42718975	0,677121486	0,95551361
A_23_P46378	-0,27395022	9,166491687	-0,427306046	0,677039197	0,95551361
A_33_P3422113	-0,221395867	9,832069514	-0,427536907	0,676875856	0,95551361
A_19_P00315753	-0,249521171	9,528438905	-0,427711834	0,676752103	0,95551361
A_33_P3229027	-0,282960266	11,23749555	-0,427911926	0,676610557	0,95551361
A_23_P330461	-0,304786211	7,913595185	-0,428993289	0,675845824	0,95551361
A_33_P3325275	0,322828665	9,315637512	0,425791761	0,678111022	0,955877555
A_23_P80136	0,277102231	8,352158756	0,42522659	0,678511245	0,956051772
A_33_P3223874	0,22112063	16,38361756	0,425156675	0,678560762	0,956051772
A_21_P0013060	0,246565551	10,88200899	0,425138459	0,678573664	0,956051772
A_23_P48669	-0,317866644	11,49326782	-0,425224922	0,678512426	0,956051772
A_33_P3404601	-0,227480398	6,923209996	-0,425239767	0,678501913	0,956051772
A_32_P201773	0,249972602	9,534826668	0,424663674	0,678909974	0,956143414
A_24_P128713	-0,223558882	6,777722129	-0,424696962	0,678886392	0,956143414
A_23_P258190	-0,334075926	11,96325589	-0,424698784	0,678885101	0,956143414
A_33_P3337959	-0,213885732	6,997140461	-0,424761165	0,67884091	0,956143414
A_33_P3211633	0,218627446	8,693942403	0,424427247	0,679077472	0,956155495
A_23_P47704	0,238220762	12,19396674	0,424364393	0,679122004	0,956155495
A_24_P2361	-0,21135349	7,060072458	-0,424391138	0,679103055	0,956155495
A_33_P3360867	0,231385247	8,840383494	0,424223539	0,679221804	0,95620052
A_23_P64990	0,21580017	9,673062246	0,423981432	0,67939336	0,956306143
A_23_P126803	-0,302837343	15,35406622	-0,423830507	0,679500315	0,956306143
A_21_P0009867	-0,214103381	6,973576901	-0,423869923	0,679472382	0,956306143
A_33_P3832857	0,268848593	9,329299451	0,423638877	0,679636126	0,956401811
A_33_P3403494	0,221892815	7,506400359	0,423173927	0,679965693	0,95677009
A_23_P99260	0,248710825	14,21129428	0,422984886	0,680099709	0,956863167
A_21_P0011354	0,286282756	12,07769127	0,422791176	0,680237047	0,956960899
A_23_P215175	0,300000306	10,29653091	0,422291778	0,68059117	0,957363554
A_24_P356130	0,236340956	8,675338628	0,422050414	0,680762349	0,957411327
A_23_P254415	0,235153449	16,41777969	0,422010091	0,680790949	0,957411327
A_33_P3239759	0,225520812	8,520017775	0,421956655	0,680828851	0,957411327
A_23_P345678	0,213765153	7,418343266	0,421816289	0,680928413	0,957455839
A_24_P371758	-0,340569242	11,54065956	-0,421444526	0,681192138	0,957731149

A_23_P157022	0,225632812	9,816496694	0,420910773	0,681570856	0,957889233
A_33_P3256344	0,389501891	12,48428453	0,420839412	0,681621496	0,957889233
A_24_P929441	0,282269192	7,146865506	0,420757151	0,681679873	0,957889233
A_21_P0010333	0,218044384	7,55710397	0,420472168	0,681882129	0,957889233
A_21_P0002529	0,209216117	6,63595129	0,42013182	0,682123714	0,957889233
A_23_P116249	0,223037807	6,387828084	0,419889469	0,682295761	0,957889233
A_23_P47208	0,232426887	11,18222384	0,419754035	0,682391916	0,957889233
A_23_P372638	0,23530112	12,2834198	0,419147063	0,682822918	0,957889233
A_23_P137705	0,24201394	9,155270003	0,418990796	0,682933901	0,957889233
A_23_P373031	0,235152675	9,424989769	0,418981296	0,682940648	0,957889233
A_23_P59836	0,217245632	10,83087521	0,418566572	0,683235228	0,957889233
A_24_P267664	0,296150487	9,562611547	0,418512402	0,683273709	0,957889233
A_23_P216080	0,248607478	11,3636882	0,417986641	0,683647246	0,957889233
A_24_P379820	0,299718387	10,16735044	0,417679646	0,683865398	0,957889233
A_24_P65941	0,221890693	10,10005139	0,417544173	0,683961675	0,957889233
A_24_P816384	0,320352885	10,90051524	0,41724123	0,68417699	0,957889233
A_32_P186027	0,223200898	11,03267897	0,417228915	0,684185743	0,957889233
A_32_P52153	0,235756616	6,581312707	0,41720116	0,684205471	0,957889233
A_24_P24972	0,226193795	8,35067776	0,417175921	0,684223411	0,957889233
A_33_P3385488	0,274142008	16,23763788	0,416739688	0,684533521	0,957889233
A_23_P45726	0,225522903	12,65586212	0,416340807	0,68481713	0,957889233
A_33_P3323188	0,254774185	9,002229837	0,416278825	0,684861204	0,957889233
A_23_P416434	0,213579011	7,153502651	0,416102763	0,684986407	0,957889233
A_21_P0002065	0,205425364	6,604777009	0,416078034	0,685003993	0,957889233
A_33_P3264815	0,248641074	9,261014515	0,415915519	0,685119571	0,957889233
A_24_P941759	0,253685204	7,549151283	0,415828471	0,685181481	0,957889233
A_23_P1594	0,202253534	13,83007964	0,415766091	0,68522585	0,957889233
A_21_P0008845	0,225906294	7,671517657	0,415264582	0,685582592	0,957889233
A_23_P57760	0,213465962	6,894914129	0,415192495	0,685633876	0,957889233
A_23_P29953	0,261203544	7,970551998	0,415156634	0,68565939	0,957889233
A_24_P227831	0,231725296	10,85156837	0,415102947	0,685697586	0,957889233
A_24_P386323	0,25045237	11,42368452	0,415014624	0,685760426	0,957889233
A_23_P369479	0,236169224	9,973853142	0,414934231	0,685817626	0,957889233
A_33_P3270509	0,223673954	10,48386714	0,414923402	0,685825332	0,957889233
A_33_P3308740	0,20704076	7,921169618	0,414868841	0,685864153	0,957889233
A_23_P155857	0,234928109	9,162749208	0,414750996	0,685948007	0,957889233
A_24_P419309	0,205538102	10,14037728	0,414542049	0,686096696	0,957889233
A_32_P37592	0,325135491	14,17064678	0,41419385	0,68634451	0,957889233
A_33_P3285354	0,270434319	9,695697195	0,414131969	0,686388555	0,957889233
A_21_P0007135	0,217956755	7,170484765	0,414010472	0,686475036	0,957889233
A_23_P145175	0,207604474	9,483359174	0,413690322	0,686702938	0,957889233
A_21_P0013931	0,217869196	6,732420506	0,413598234	0,686768499	0,957889233
A_33_P3383524	0,271620703	8,792232974	0,41334361	0,686949787	0,957889233
A_33_P3409294	0,204487349	7,837959474	0,413216747	0,687040119	0,957889233

A_24_P186342	0,229394053	7,463412221	0,413190372	0,6870589	0,957889233
A_32_P175539	0,226368487	11,363989	0,413076225	0,687140183	0,957889233
A_33_P3671729	0,208505751	6,768512197	0,412854346	0,687298192	0,957889233
A_33_P3254412	0,210961117	7,93561858	0,412761112	0,687364593	0,957889233
A_21_P0010493	0,283798086	7,887211431	0,412755965	0,687368258	0,957889233
A_23_P501961	0,25563079	10,21669412	0,4127457	0,687375569	0,957889233
A_23_P61127	0,244464741	11,62124754	0,412589056	0,687487137	0,957889233
A_24_P41042	-0,247846479	9,850439376	-0,412648989	0,687444449	0,957889233
A_21_P0007829	-0,227107724	7,752919941	-0,41274403	0,687376758	0,957889233
A_24_P108738	-0,286686923	12,05271996	-0,412747595	0,68737422	0,957889233
A_33_P3377005	-0,262041166	11,1837516	-0,412764292	0,687362328	0,957889233
A_23_P333129	-0,236014892	15,73309228	-0,412857331	0,687296066	0,957889233
A_33_P3314401	-0,251707123	7,135874281	-0,413342933	0,686950269	0,957889233
A_23_P200780	-0,238051305	8,173263706	-0,413423561	0,686892861	0,957889233
A_24_P193582	-0,237117884	10,31370857	-0,413664913	0,686721028	0,957889233
A_23_P48056	-0,273846566	13,45519395	-0,413789799	0,686632121	0,957889233
A_24_P272088	-0,221447879	7,919612096	-0,413907665	0,686548217	0,957889233
A_33_P3539345	-0,222086504	7,697928053	-0,414894858	0,685845641	0,957889233
A_33_P3396646	-0,235427558	7,385916281	-0,414901148	0,685841165	0,957889233
A_23_P99942	-0,213245327	8,193792965	-0,41500019	0,685770695	0,957889233
A_23_P142424	-0,276580288	14,80414079	-0,415013817	0,685761	0,957889233
A_33_P3346193	-0,218003192	8,752064124	-0,415027552	0,685751228	0,957889233
A_21_P0002398	-0,211791788	8,218632686	-0,41533015	0,685535946	0,957889233
A_33_P3310751	-0,225808924	7,56333496	-0,416065003	0,68501326	0,957889233
A_23_P28279	-0,295153261	10,59953633	-0,416147822	0,684954363	0,957889233
A_33_P3238148	-0,206590285	6,60019536	-0,416228018	0,684897334	0,957889233
A_23_P125348	-0,240351484	11,32747348	-0,416850938	0,684454429	0,957889233
A_21_P0006397	-0,215463143	9,957566551	-0,416930916	0,684397573	0,957889233
A_32_P194115	-0,240090547	9,807439257	-0,417716549	0,683839173	0,957889233
A_23_P38190	-0,223673958	8,858259735	-0,417817997	0,683767082	0,957889233
A_23_P151405	-0,265269496	11,27310284	-0,418024734	0,683620179	0,957889233
A_23_P121806	-0,293850826	10,10041717	-0,41804579	0,683605218	0,957889233
A_23_P131202	-0,274179919	8,378562425	-0,418050647	0,683601767	0,957889233
A_23_P77066	-0,277394615	10,936995	-0,418128583	0,683546392	0,957889233
A_23_P64785	-0,225120066	8,816330644	-0,418222116	0,683479937	0,957889233
A_33_P3278540	-0,250850952	11,67037313	-0,4187895	0,683076875	0,957889233
A_23_P433798	-0,218014395	7,24619677	-0,418863868	0,683024052	0,957889233
A_24_P915806	-0,210267841	7,373166636	-0,419104444	0,682853186	0,957889233
A_24_P306469	-0,248771377	8,306314121	-0,419489028	0,682580079	0,957889233
A_23_P153586	-0,246130496	14,56502487	-0,419602157	0,682499751	0,957889233
A_24_P179044	-0,238022889	7,683452921	-0,419719848	0,682416188	0,957889233
A_24_P84508	-0,25239114	16,46157576	-0,420092593	0,68215156	0,957889233
A_23_P207517	-0,229600658	10,93601083	-0,4202162	0,682063816	0,957889233
A_21_P0003432	-0,223577091	8,302454137	-0,420263536	0,682030215	0,957889233

A_33_P3224020	-0,240037409	13,98542256	-0,420604177	0,681788438	0,957889233
A_23_P316741	-0,211427794	11,31169615	-0,420635818	0,681765981	0,957889233
A_33_P3340154	-0,236029829	8,505219072	-0,420692636	0,681725657	0,957889233
A_23_P218608	0,222297715	10,72912576	0,412395257	0,687625178	0,957903358
A_33_P3265104	0,221404464	8,751407292	0,412384055	0,687633157	0,957903358
A_32_P148476	0,239899844	7,915258245	0,411991645	0,687912706	0,958053939
A_33_P3248108	0,215917806	7,110954515	0,411983301	0,687918651	0,958053939
A_19_P00315941	0,23492431	7,853081322	0,411946165	0,687945108	0,958053939
A_33_P3300132	0,205536719	6,662924524	0,411606776	0,688186929	0,958180859
A_33_P3219870	-0,221697849	12,42517902	-0,411532119	0,688240128	0,958180859
A_23_P44974	-0,265454135	12,87143615	-0,411715195	0,688109674	0,958180859
A_33_P3373298	0,224801403	10,33309422	0,411359054	0,688363457	0,958257937
A_23_P111753	0,212632036	13,53073417	0,410977976	0,688635055	0,958352151
A_24_P227415	-0,232327083	7,359476789	-0,410985298	0,688629836	0,958352151
A_23_P118516	-0,220203306	10,99146256	-0,411074871	0,688565993	0,958352151
A_24_P382026	-0,26927855	9,487924457	-0,410850193	0,688726137	0,958384308
A_23_P20022	0,301883674	10,93817823	0,410660375	0,688861447	0,958477996
A_24_P170095	0,219373366	8,042828158	0,410039916	0,689303811	0,958688576
A_32_P151875	0,213509021	11,2592741	0,409854635	0,689435934	0,958688576
A_24_P69095	0,214858908	6,819742421	0,40926407	0,689857132	0,958688576
A_24_P117954	0,232300431	9,611647098	0,409208527	0,689896751	0,958688576
A_33_P3327200	-0,213688464	9,013373954	-0,409273202	0,689850618	0,958688576
A_23_P70384	-0,240242553	10,01230444	-0,409388284	0,689768532	0,958688576
A_21_P0012868	-0,207059305	9,532442323	-0,409419949	0,689745946	0,958688576
A_33_P3271711	-0,263972233	9,917413935	-0,409435591	0,68973479	0,958688576
A_21_P0000309	-0,259952469	8,151012827	-0,409514434	0,689678556	0,958688576
A_33_P3691860	-0,200855373	8,87335578	-0,409575642	0,689634901	0,958688576
A_23_P422724	-0,257480904	7,449513599	-0,409702175	0,689544659	0,958688576
A_33_P3329088	-0,216597993	7,611281774	-0,410011667	0,689323955	0,958688576
A_21_P0002334	-0,250783413	8,983716579	-0,410298612	0,689119356	0,958688576
A_19_P00322259	0,215553459	7,335776659	0,408761548	0,690215622	0,95876375
A_21_P0006395	0,31146943	11,67101961	0,408714228	0,690249384	0,95876375
A_23_P54556	0,234674456	10,17654195	0,408711176	0,690251562	0,95876375
A_33_P3365985	0,215732269	10,50741633	0,408656097	0,690290859	0,95876375
A_23_P162211	-0,220665231	7,35268714	-0,409028805	0,690024956	0,95876375
A_23_P81441	0,43213403	11,9818874	0,408345507	0,690512479	0,958977092
A_33_P3290082	0,246049615	7,592041464	0,407727528	0,690953523	0,959490999
A_21_P0010388	0,231642578	8,072739006	0,407636321	0,691018626	0,959490999
A_33_P3314857	0,214077455	7,053939582	0,40731222	0,69124999	0,959514628
A_24_P13311	-0,230985067	9,188442304	-0,4069452	0,691512032	0,959514628
A_33_P3421178	-0,220176995	8,173012639	-0,40697784	0,691488726	0,959514628
A_24_P156388	-0,279725672	9,656349529	-0,406985721	0,691483099	0,959514628
A_23_P7074	-0,278849351	12,26868342	-0,406991124	0,691479241	0,959514628
A_24_P148235	-0,234541796	18,54285666	-0,407283437	0,691270539	0,959514628

A_19_P00805006	-0,243667368	12,60488424	-0,407458582	0,691145503	0,959514628
A_33_P3220152	0,231164211	11,65298587	0,406793909	0,691620061	0,959570089
A_23_P37910	-0,262097432	9,143966307	-0,406579583	0,691773114	0,959687998
A_23_P141194	0,224319279	13,44187965	0,405834402	0,692305364	0,960048523
A_23_P316531	-0,208070235	7,661467057	-0,405905986	0,692254227	0,960048523
A_33_P3231242	-0,262036446	12,78709087	-0,405966311	0,692211135	0,960048523
A_33_P3365034	-0,217984988	7,022143903	-0,406073921	0,692134268	0,960048523
A_24_P226755	0,244459907	8,889368943	0,40531251	0,692678233	0,960139532
A_21_P0011384	0,30391565	9,892251276	0,405199324	0,69275911	0,960139532
A_24_P286465	0,250358167	12,43725463	0,405153014	0,692792202	0,960139532
A_33_P3273324	0,207364594	9,760021527	0,404977561	0,692917583	0,960139532
A_23_P144816	0,240797635	13,89154556	0,404852421	0,693007016	0,960139532
A_21_P0004468	0,229442836	10,44928934	0,404671982	0,693135976	0,960139532
A_23_P129075	0,262617624	7,997002553	0,404597905	0,693188923	0,960139532
A_23_P43157	0,202820922	7,417795536	0,404475309	0,693276551	0,960139532
A_21_P0013830	0,26677211	9,317151664	0,404417152	0,693318122	0,960139532
A_21_P0012070	0,22128676	7,719619413	0,404155307	0,693505303	0,960139532
A_23_P141549	0,20337501	17,24307056	0,404093124	0,693549758	0,960139532
A_21_P0011519	0,241088171	7,286485842	0,404086554	0,693554455	0,960139532
A_33_P3641714	-0,238789951	10,45941828	-0,403932087	0,69366489	0,960139532
A_33_P3350703	-0,213825104	7,669600604	-0,404004371	0,69361321	0,960139532
A_21_P0011499	-0,231479438	8,535609944	-0,404041329	0,693586787	0,960139532
A_33_P3385101	-0,211534938	13,75667683	-0,404132421	0,693521664	0,960139532
A_33_P3232945	-0,233076751	7,74826322	-0,404263432	0,693428007	0,960139532
A_24_P941322	-0,240487604	7,391054789	-0,404431986	0,693307519	0,960139532
A_21_P0014132	-0,252719057	8,310278152	-0,405145249	0,692797751	0,960139532
A_23_P155417	-0,260247351	10,51897675	-0,403708745	0,693824578	0,960266293
A_24_P109633	0,208630572	6,948142159	0,403583706	0,693913988	0,960295771
A_21_P0011694	0,230975081	8,307788917	0,403251341	0,694151669	0,960436152
A_33_P3308045	-0,206180599	6,811501194	-0,403261324	0,69414453	0,960436152
A_24_P398691	-0,209090835	6,756260425	-0,403156087	0,694219794	0,960436157
A_23_P117582	-0,242557394	12,1612404	-0,402966188	0,694355616	0,96052981
A_24_P940776	0,213619339	8,482707177	0,40240512	0,694756975	0,960932813
A_23_P101208	0,216243383	10,98325059	0,402275564	0,694849667	0,960932813
A_33_P3272849	-0,197989023	6,969209282	-0,402082616	0,694987722	0,960932813
A_24_P80532	-0,281555127	10,06801258	-0,402136693	0,694949029	0,960932813
A_23_P132526	-0,226603706	8,839746625	-0,402192648	0,694908992	0,960932813
A_23_P14072	0,300005405	9,676727483	0,401916371	0,69510668	0,961003048
A_33_P3238623	0,197592261	6,847620246	0,401779073	0,695204932	0,961004771
A_21_P0000289	0,210241623	8,371716656	0,401724133	0,695244249	0,961004771
A_23_P153640	0,231945532	11,10532989	0,401596739	0,69533542	0,961036574
A_24_P106953	0,231690918	9,428321758	0,401124332	0,695673549	0,961409662
A_33_P3247210	0,210932312	7,259155395	0,400907103	0,695829055	0,96141998
A_21_P0003951	0,254540863	7,928182844	0,400828137	0,695885588	0,96141998

A_23_P250122	-0,256669446	9,110251356	-0,400902418	0,69583241	0,96141998
A_33_P3423240	0,24820127	7,45304925	0,400100574	0,696406547	0,9614588
A_33_P3303519	0,238844222	8,532141283	0,400014444	0,69646823	0,9614588
A_33_P3317412	0,216888073	6,965516283	0,399904244	0,696547154	0,9614588
A_23_P96853	0,2017818	11,83879878	0,399836575	0,696595619	0,9614588
A_23_P218126	-0,220467671	8,643087362	-0,399865315	0,696575035	0,9614588
A_33_P3382944	-0,268413918	10,61774325	-0,400174497	0,696353608	0,9614588
A_21_P0012584	-0,199144153	8,780620748	-0,400175673	0,696352766	0,9614588
A_33_P3288649	-0,250638593	11,11090635	-0,400189886	0,696342588	0,9614588
A_24_P278460	-0,212813568	9,564024382	-0,400537086	0,696093971	0,9614588
A_33_P3272539	-0,214811536	10,487006	-0,400567776	0,696071996	0,9614588
A_23_P380881	0,224169443	7,184850761	0,39931996	0,696965673	0,961828836
A_33_P3290443	0,251679445	14,70238568	0,39912045	0,697108605	0,961828836
A_33_P3230037	0,219355077	13,19950609	0,399063581	0,697149349	0,961828836
A_33_P3242099	0,27466145	7,817128312	0,398749809	0,69737417	0,961828836
A_33_P3374563	0,216621362	8,639426322	0,398619821	0,697467317	0,961828836
A_23_P109677	0,212264522	14,41567256	0,39818589	0,6977783	0,961828836
A_33_P3324949	0,2222029	7,494854412	0,398030348	0,697889786	0,961828836
A_33_P3321050	0,292297549	11,56866216	0,398017414	0,697899056	0,961828836
A_23_P315571	0,213892548	13,10121963	0,397839343	0,6980267	0,961828836
A_33_P3360886	0,197577953	7,319817668	0,397797439	0,698056738	0,961828836
A_23_P203658	-0,222315176	10,26222039	-0,397748708	0,698091671	0,961828836
A_23_P167276	-0,305279498	9,669974793	-0,398107925	0,697834181	0,961828836
A_23_P202458	-0,287009557	12,12980307	-0,398222766	0,69775187	0,961828836
A_23_P44581	-0,297937217	11,31429679	-0,398259481	0,697725556	0,961828836
A_23_P155441	-0,265511573	10,08991649	-0,398474435	0,697571503	0,961828836
A_24_P343621	-0,19991615	7,977428538	-0,398755289	0,697370243	0,961828836
A_33_P3297444	-0,23037725	13,24795508	-0,398759128	0,697367493	0,961828836
A_33_P3248329	-0,200835977	9,608470099	-0,398877064	0,697282987	0,961828836
A_19_P00320792	0,206224569	8,276826805	0,39729562	0,698416506	0,96200311
A_33_P3265415	0,283845178	11,73912397	0,397286765	0,698422855	0,96200311
A_33_P3418158	-0,226600416	7,828824368	-0,397450623	0,698305372	0,96200311
A_24_P49214	0,220677879	8,818463265	0,397114862	0,698546115	0,962034012
A_21_P0008647	0,221910533	8,211719151	0,397006467	0,698623842	0,962034012
A_21_P0013239	0,218280981	9,136120707	0,39655461	0,698947897	0,962034012
A_21_P0000149	0,209776323	8,053820101	0,396515188	0,698976172	0,962034012
A_32_P185481	0,198993086	7,100204553	0,396466816	0,699010866	0,962034012
A_19_P00810205	0,250795025	10,47406125	0,396289905	0,699137762	0,962034012
A_21_P0008329	0,219293964	7,43226323	0,396208903	0,699195866	0,962034012
A_24_P915007	-0,202620184	12,86371158	-0,396344259	0,699098774	0,962034012
A_21_P0011564	-0,199590029	6,497389932	-0,396393353	0,699063559	0,962034012
A_33_P3381338	-0,26871726	8,444953226	-0,396632417	0,698892092	0,962034012
A_21_P0001112	-0,199291687	7,290981375	-0,396656478	0,698874836	0,962034012
A_23_P34546	-0,202396508	9,240271334	-0,395987619	0,699354608	0,962158531

A_21_P0004055	0,273705734	7,974724081	0,395480561	0,699718413	0,962565119
A_21_P0011024	-0,406763226	11,57287359	-0,395231425	0,699897191	0,962717122
A_33_P3282840	-0,233714258	11,04044647	-0,395063719	0,700017547	0,962788742
A_24_P116535	0,213007121	8,428723137	0,394622993	0,700333878	0,962873517
A_21_P0014077	0,255406903	8,853348058	0,394518678	0,700408759	0,962873517
A_23_P45799	0,25309958	9,148522793	0,394502109	0,700420653	0,962873517
A_33_P3887081	-0,206682289	7,59414254	-0,394610571	0,700342795	0,962873517
A_21_P0014898	-0,228976423	9,196808157	-0,394877392	0,700151276	0,962873517
A_33_P3272140	-0,306111813	10,08694391	-0,394391312	0,700500192	0,962888974
A_33_P3350621	0,229784191	7,444921324	0,393996249	0,700783826	0,963152229
A_19_P00325810	0,19455336	7,909659202	0,393912829	0,700843724	0,963152229
A_33_P3412658	-0,198282625	7,679716357	-0,393839119	0,70089665	0,963152229
A_23_P148798	0,2015089	11,31243546	0,393676853	0,701013171	0,963218467
A_23_P5731	0,216377982	9,615766327	0,39304408	0,701467629	0,963550101
A_23_P68884	0,234198582	12,43550328	0,392970111	0,701520761	0,963550101
A_33_P3226995	0,220485236	7,327370897	0,392895539	0,701574328	0,963550101
A_23_P136405	0,208322836	7,297034444	0,392848375	0,701608208	0,963550101
A_24_P134356	0,251955085	8,522711578	0,39281918	0,701629181	0,963550101
A_33_P3251470	0,201078675	7,553351054	0,392696006	0,701717668	0,963550101
A_32_P87531	0,205960261	8,404365663	0,39256991	0,701808257	0,963550101
A_23_P118306	0,285130689	11,84958001	0,392213045	0,702064663	0,963550101
A_24_P230721	0,205018245	8,810736414	0,392206187	0,702069591	0,963550101
A_23_P421811	0,220445929	8,484424917	0,392189408	0,702081647	0,963550101
A_24_P219378	0,220700484	10,71459294	0,391821353	0,702346136	0,963550101
A_33_P3406623	0,207769581	7,263794913	0,391818765	0,702347996	0,963550101
A_24_P8768	-0,232383233	13,76802953	-0,391853736	0,702322863	0,963550101
A_32_P2103	-0,200017223	10,69244986	-0,392053227	0,702179504	0,963550101
A_33_P3212456	-0,210798046	7,047032721	-0,39230197	0,702000767	0,963550101
A_33_P3341676	-0,20587536	12,12535487	-0,392621803	0,701770976	0,963550101
A_24_P68019	0,206330247	9,21413097	0,391360664	0,702677249	0,963814738
A_33_P3248900	0,209354027	12,33294142	0,391173461	0,702811817	0,963814738
A_23_P254702	0,227277168	12,46629481	0,390903337	0,70300601	0,963814738
A_21_P0013898	0,261990347	7,591256949	0,390699279	0,703152723	0,963814738
A_33_P3274478	0,217793854	7,467113943	0,390602182	0,703222537	0,963814738
A_21_P0012845	0,21656429	9,48037407	0,390545899	0,703263007	0,963814738
A_23_P339117	0,189555117	6,142135975	0,39040139	0,703366919	0,963814738
A_19_P00315764	0,198916097	8,107881609	0,390393556	0,703372553	0,963814738
A_33_P3257528	0,251512119	11,123374	0,390213914	0,703501738	0,963814738
A_32_P85676	0,202811378	6,85812529	0,390115769	0,703572321	0,963814738
A_33_P3257553	0,210805325	7,879406366	0,390093182	0,703588565	0,963814738
A_24_P674924	0,268065239	8,77642697	0,390028925	0,703634778	0,963814738
A_21_P0000659	0,214089282	8,910003921	0,389751165	0,703834557	0,963814738
A_33_P3362249	0,207459832	9,096246825	0,38963861	0,703915518	0,963814738
A_24_P217904	-0,217129806	9,137054806	-0,389553885	0,703976464	0,963814738

A_24_P279797	-0,213340771	9,709570194	-0,389659069	0,703900802	0,963814738
A_33_P3636080	-0,200875852	8,666745784	-0,389683186	0,703883454	0,963814738
A_23_P145874	-0,241853006	11,66493341	-0,390156943	0,703542709	0,963814738
A_32_P799227	-0,211207223	7,762176654	-0,390191429	0,703517908	0,963814738
A_24_P299685	-0,196595092	6,319926032	-0,390388077	0,703376493	0,963814738
A_23_P139558	-0,200916171	11,54004263	-0,390898531	0,703009465	0,963814738
A_33_P3245248	0,226659413	9,240597766	0,389320775	0,70414416	0,963857136
A_33_P3276068	-0,207533057	10,54052352	-0,389349246	0,704123677	0,963857136
A_23_P44781	-0,24540403	9,3649275	-0,389171148	0,704251808	0,963910906
A_33_P3234490	-0,221792248	9,926288889	-0,389061711	0,704330546	0,963925098
A_23_P250102	0,235254671	8,423057754	0,388707457	0,704585449	0,964102735
A_23_P251695	0,209108084	12,61933869	0,388660128	0,704619508	0,964102735
A_24_P72750	0,203761855	10,65965634	0,388596237	0,704665486	0,964102735
A_23_P218706	0,198533783	8,817535176	0,388245883	0,704917632	0,964354132
A_33_P3242543	0,281846772	9,969948136	0,387976762	0,70511134	0,964516338
A_23_P65918	0,216218087	9,323676272	0,387871513	0,705187103	0,964516338
A_33_P3335902	-0,275350539	9,215423129	-0,387796043	0,705241431	0,964516338
A_23_P347432	0,220151348	7,666663153	0,387681409	0,705323956	0,96453564
A_23_P78526	0,228668698	9,266114855	0,387335622	0,705572909	0,964771229
A_33_P3380982	-0,200129303	12,19884541	-0,387157011	0,705701516	0,964771229
A_23_P85140	-0,189833003	7,140381983	-0,387170289	0,705691956	0,964771229
A_24_P388703	0,219369256	7,390670568	0,386988767	0,705822668	0,9648433
A_21_P0007339	0,212264649	7,202274761	0,386706978	0,706025602	0,965015355
A_23_P130653	0,206341754	7,935860494	0,386555764	0,70613451	0,965015355
A_23_P122531	0,202932555	14,89328491	0,386528884	0,70615387	0,965015355
A_33_P3357669	0,282774938	13,29659999	0,386305631	0,706314677	0,965054667
A_21_P0013994	0,188633967	7,101809272	0,386298888	0,706319534	0,965054667
A_33_P3229241	0,272148254	8,361845876	0,385554579	0,706855761	0,965383221
A_23_P6624	0,281958239	12,66356674	0,385302436	0,707037451	0,965383221
A_32_P180971	0,278720454	13,2548077	0,384662589	0,7074986	0,965383221
A_23_P214474	0,205445866	14,17685733	0,384433132	0,707664003	0,965383221
A_23_P8558	0,196729932	9,0594186	0,384422747	0,707671489	0,965383221
A_21_P0011572	0,261605399	10,02054271	0,384402926	0,707685778	0,965383221
A_32_P165113	0,192635402	10,84792973	0,384335748	0,707734207	0,965383221
A_24_P270033	0,201806221	11,99140155	0,384088985	0,70791211	0,965383221
A_32_P81357	0,250700604	11,0835249	0,383916458	0,708036503	0,965383221
A_33_P3324980	0,192961617	6,794563234	0,383805922	0,708116206	0,965383221
A_21_P0000781	0,209911856	11,35215474	0,383755926	0,708152256	0,965383221
A_24_P244410	0,196748404	10,23168224	0,383467166	0,708360489	0,965383221
A_32_P30710	0,189027355	16,76082225	0,383424269	0,708391424	0,965383221
A_24_P176714	0,249785886	7,886128307	0,383373758	0,708427853	0,965383221
A_33_P3358601	0,206270897	7,665795899	0,383271631	0,708501507	0,965383221
A_19_P00316726	0,226412361	13,30466996	0,382996192	0,708700173	0,965383221
A_23_P212595	0,21512592	7,530495247	0,382605377	0,708982093	0,965383221

A_33_P3266863	0,1931832	6,742638382	0,382394368	0,709134326	0,965383221
A_33_P3416574	0,203335273	10,05750259	0,382332738	0,709178792	0,965383221
A_24_P261383	0,193772939	11,34768752	0,38230292	0,709200306	0,965383221
A_24_P126262	0,286306817	8,208766804	0,382127066	0,709327192	0,965383221
A_33_P3305531	0,213046344	7,922608276	0,382080315	0,709360926	0,965383221
A_33_P3379268	0,241380992	7,090068735	0,381872795	0,709510674	0,965383221
A_23_P121345	0,218464592	8,375676328	0,38181544	0,709552064	0,965383221
A_19_P00323375	-0,245781407	8,772384895	-0,381786764	0,709572759	0,965383221
A_23_P148473	-0,244880072	10,27893252	-0,38201474	0,709408244	0,965383221
A_23_P148372	-0,235960835	11,16448713	-0,38209261	0,709352054	0,965383221
A_23_P38167	-0,237259168	11,48383569	-0,382494295	0,709062232	0,965383221
A_23_P108922	-0,250508564	11,86463814	-0,38289838	0,708770726	0,965383221
A_23_P118493	-0,302109889	8,597178381	-0,382984328	0,70870873	0,965383221
A_23_P166400	-0,218071851	8,657033527	-0,383041322	0,70866762	0,965383221
A_24_P883629	-0,230160729	7,73386152	-0,38306174	0,708652893	0,965383221
A_23_P116890	-0,225505667	8,622237327	-0,383254555	0,708513823	0,965383221
A_33_P3216621	-0,247063858	7,528298167	-0,383614455	0,708254272	0,965383221
A_23_P102235	-0,248052223	14,41737703	-0,383635981	0,708238748	0,965383221
A_19_P00318803	-0,19596365	7,427954078	-0,383927753	0,708028359	0,965383221
A_23_P68892	-0,247194738	12,818667	-0,384290734	0,707766658	0,965383221
A_23_P388900	-0,203394018	10,99328557	-0,384495322	0,707619172	0,965383221
A_23_P135742	-0,20298592	7,247274289	-0,384866482	0,707351638	0,965383221
A_32_P61857	-0,196178908	9,441293348	-0,384898442	0,707328602	0,965383221
A_23_P52499	-0,255614224	12,57965802	-0,385106324	0,70717878	0,965383221
A_21_P0011573	-0,224947637	9,232085183	-0,385251754	0,707073974	0,965383221
A_33_P3233273	-0,23721721	8,633369723	-0,385338904	0,707011171	0,965383221
A_33_P3406408	-0,22969187	9,833141182	-0,385556373	0,706854468	0,965383221
A_23_P218423	0,213193307	12,41148256	0,381507257	0,70977448	0,965564492
A_19_P00321279	0,214238979	6,995142224	0,381370148	0,709873442	0,965605948
A_21_P0004392	-0,192449134	6,416049199	-0,381249432	0,709960575	0,965631309
A_21_P0013653	-0,249836106	8,127599884	-0,381113762	0,710058508	0,965671352
A_33_P3574055	0,206484936	12,02913125	0,380692068	0,71036294	0,965805892
A_33_P3210228	-0,222512621	7,032519114	-0,380716339	0,710345417	0,965805892
A_33_P3320010	-0,270518142	8,632589218	-0,380734336	0,710332423	0,965805892
A_33_P3249002	-0,213811754	13,41888069	-0,380568844	0,710451909	0,965833716
A_21_P0011314	-0,364207725	13,73210596	-0,380445864	0,710540706	0,965861301
A_33_P3305790	0,202173967	7,404899133	0,379348731	0,71133308	0,966499613
A_23_P133995	0,207142088	13,20725245	0,379297505	0,711370085	0,966499613
A_21_P0006396	0,288405475	11,22698347	0,379238447	0,71141275	0,966499613
A_23_P94860	0,223972518	10,60879034	0,379186097	0,711450568	0,966499613
A_33_P3423445	0,203263857	8,19714815	0,379131323	0,71149014	0,966499613
A_33_P3381107	-0,191472495	6,628100399	-0,379346961	0,711334359	0,966499613
A_23_P250485	-0,193885296	7,074801435	-0,379617921	0,711138632	0,966499613
A_23_P214681	0,309887435	8,43973847	0,378959865	0,711614013	0,966574757

A_23_P325690	0,225369459	12,19134469	0,378639844	0,711845243	0,966666818
A_19_P00322276	-0,192102909	6,914408649	-0,378581394	0,711887479	0,966666818
A_21_P0012722	-0,210996456	12,72120112	-0,378712999	0,711792383	0,966666818
A_23_P257278	0,220695834	8,891009728	0,378311539	0,71208249	0,966676487
A_33_P3399748	0,192557755	7,226130749	0,378252282	0,712125315	0,966676487
A_33_P3277323	0,198781963	15,08029405	0,378158026	0,712193436	0,966676487
A_33_P3360665	-0,263966891	7,632377916	-0,378097172	0,712237417	0,966676487
A_23_P11705	-0,200279008	13,33450651	-0,37823173	0,712140168	0,966676487
A_23_P103433	0,195503958	7,938367602	0,377785716	0,712462537	0,966728198
A_24_P213715	0,188678507	6,663285895	0,377759871	0,712481219	0,966728198
A_32_P130630	-0,212971784	8,128018942	-0,377877018	0,712396542	0,966728198
A_23_P110062	0,221188078	10,37150467	0,377552605	0,712631048	0,966759872
A_24_P55250	0,267512224	10,63312233	0,377537868	0,712641701	0,966759872
A_21_P0009377	-0,247057283	11,52688053	-0,37715047	0,71292178	0,967046775
A_21_P0005982	-0,209943704	6,879303332	-0,376891375	0,713109123	0,967207843
A_23_P102017	0,217066965	7,46882377	0,376221161	0,713593824	0,967227801
A_23_P378288	0,206266189	10,05402087	0,37603879	0,713725739	0,967227801
A_23_P154806	0,264265252	7,470988986	0,376015928	0,713742276	0,967227801
A_33_P3249748	0,297950513	11,34034038	0,37593514	0,713800715	0,967227801
A_21_P0011070	0,213377018	7,040175218	0,375926324	0,713807093	0,967227801
A_33_P3220047	0,279264513	8,46145126	0,375745988	0,713937551	0,967227801
A_33_P3313622	0,24663634	8,689167003	0,375448364	0,714152877	0,967227801
A_33_P3290829	-0,222884365	7,376715834	-0,375508316	0,714109501	0,967227801
A_33_P3349252	-0,243200582	10,08002393	-0,375548132	0,714080693	0,967227801
A_19_P00803558	-0,206880947	7,417395221	-0,375681972	0,713983863	0,967227801
A_21_P0014853	-0,209786721	9,59168397	-0,375794794	0,713902243	0,967227801
A_24_P925040	-0,199593825	6,607674297	-0,37600652	0,713749081	0,967227801
A_19_P00321658	-0,187348967	8,562079873	-0,376162818	0,713636025	0,967227801
A_32_P206698	-0,298845112	10,96035608	-0,376247919	0,71357447	0,967227801
A_23_P9875	-0,191823659	8,104903918	-0,376741076	0,713217809	0,967227801
A_33_P3312212	-0,204219799	8,992616854	-0,375338176	0,714232602	0,967242864
A_21_P0010470	0,193997721	8,440143905	0,37504519	0,714444608	0,967437046
A_33_P3423721	0,190172252	15,53343719	0,374936767	0,714523069	0,967448175
A_23_P91552	0,203059974	6,918458449	0,374844195	0,714590063	0,967448175
A_33_P3218694	0,205304845	8,381286731	0,374680595	0,714708465	0,96747627
A_23_P151093	0,252480882	10,06223821	0,374625893	0,714748055	0,96747627
A_23_P161076	0,23475309	9,910768419	0,374386717	0,714921172	0,96752926
A_33_P3397147	0,207095227	8,044862475	0,374287382	0,714993075	0,96752926
A_23_P323761	-0,195552223	13,06659377	-0,374350065	0,714947701	0,96752926
A_23_P251927	-0,283220676	10,6462783	-0,374104852	0,715125207	0,967615191
A_21_P0000039	0,216008938	8,773629455	0,373965184	0,715226318	0,967659137
A_33_P3414422	0,221197926	9,324236771	0,373534525	0,715538125	0,967772277
A_23_P29204	0,241214906	11,17713063	0,373504905	0,715559572	0,967772277
A_23_P139418	0,185374637	6,612624064	0,373202787	0,715778347	0,967772277

A_23_P252740	0,238686281	8,996700642	0,372849893	0,716033924	0,967772277
A_33_P3368328	0,242560163	13,82637053	0,372291926	0,716438095	0,967772277
A_24_P763243	0,206408722	18,16412983	0,372251622	0,716467293	0,967772277
A_21_P0014897	0,252821035	6,902939039	0,371689964	0,716874236	0,967772277
A_23_P501795	0,194426159	9,850765214	0,371426795	0,717064943	0,967772277
A_23_P135914	0,233486323	12,41806214	0,371412356	0,717075406	0,967772277
A_32_P86763	0,18922061	6,688834868	0,370890927	0,717453325	0,967772277
A_33_P3439765	0,206691292	11,91160169	0,37075508	0,717551796	0,967772277
A_33_P3290403	0,271250644	8,238231413	0,370748102	0,717556854	0,967772277
A_33_P3234899	0,186838283	13,99380498	0,370627356	0,717644384	0,967772277
A_23_P363399	0,213057678	11,17084132	0,37060433	0,717661076	0,967772277
A_24_P500891	0,241616572	12,34009465	0,370551089	0,717699673	0,967772277
A_33_P3374623	0,299040186	12,45322743	0,370017807	0,718086316	0,967772277
A_23_P360245	0,203055796	12,33982313	0,370005979	0,718094892	0,967772277
A_23_P142146	0,209545085	16,28115748	0,369995423	0,718102547	0,967772277
A_23_P84334	0,222758079	10,08357418	0,369298444	0,718608002	0,967772277
A_23_P108157	0,191016664	6,993083303	0,369034645	0,718799347	0,967772277
A_23_P413303	0,195814477	6,909833429	0,368933126	0,718872989	0,967772277
A_32_P58280	0,220940628	9,695099068	0,368782709	0,718982107	0,967772277
A_33_P3259960	0,187285673	7,056108978	0,368650715	0,719077865	0,967772277
A_23_P311232	0,193525028	10,04736045	0,368412279	0,719250858	0,967772277
A_21_P0006425	0,225256666	7,788611878	0,36807973	0,719492159	0,967772277
A_23_P26629	0,192719141	13,8543288	0,367995147	0,719553538	0,967772277
A_33_P3277288	0,210943643	6,360870204	0,367870397	0,719644069	0,967772277
A_21_P0009319	0,20009176	8,319636972	0,367848122	0,719660235	0,967772277
A_23_P6762	0,184385365	13,34632803	0,367634783	0,719815067	0,967772277
A_33_P3358898	0,208743525	7,413620891	0,367493225	0,719917811	0,967772277
A_23_P21162	0,227054583	10,40512079	0,367273367	0,720077397	0,967772277
A_33_P3345614	0,253773482	10,31488045	0,36714627	0,720169657	0,967772277
A_32_P15799	0,19161062	17,01599202	0,366985104	0,720286656	0,967772277
A_33_P3231120	0,205164223	8,256893127	0,3668908	0,720355119	0,967772277
A_24_P128308	0,19245509	6,826913863	0,366798097	0,720422423	0,967772277
A_33_P3381235	0,192065905	7,836673528	0,366699451	0,720494043	0,967772277
A_23_P139486	-0,246487578	14,52033211	-0,366654508	0,720526675	0,967772277
A_24_P366415	-0,245632861	14,27648264	-0,366848786	0,720385621	0,967772277
A_33_P3222253	-0,228212354	15,29584217	-0,366882923	0,720360838	0,967772277
A_33_P3333820	-0,190951848	11,60617755	-0,367242766	0,72009961	0,967772277
A_23_P201287	-0,222948592	10,01016361	-0,367242923	0,720099495	0,967772277
A_23_P84910	-0,193700828	8,363044756	-0,367249534	0,720094697	0,967772277
A_33_P3237644	-0,196282173	7,273263752	-0,367262431	0,720085335	0,967772277
A_33_P3456233	-0,220372794	9,097520995	-0,367518885	0,719899186	0,967772277
A_33_P3230658	-0,199853919	12,91930937	-0,367576287	0,719857523	0,967772277
A_33_P3331601	-0,248449307	7,989088909	-0,367597689	0,71984199	0,967772277
A_33_P3357573	-0,264988926	9,217728509	-0,367801268	0,719694238	0,967772277

A_23_P202392	-0,298563387	10,16722592	-0,367838666	0,719667097	0,967772277
A_23_P133974	-0,197682336	12,58536325	-0,367994835	0,719553764	0,967772277
A_33_P3351120	-0,214025091	10,19280906	-0,368354995	0,719292421	0,967772277
A_33_P3326235	-0,398093437	9,839232975	-0,368763018	0,718996392	0,967772277
A_33_P3336387	-0,209277996	7,482223675	-0,368878243	0,718912803	0,967772277
A_33_P3418516	-0,192065025	8,883852	-0,36936552	0,718559351	0,967772277
A_23_P161634	-0,198651528	12,59096879	-0,369404578	0,718531023	0,967772277
A_21_P0000760	-0,227488802	11,38474255	-0,369458292	0,718492066	0,967772277
A_33_P3282740	-0,201982462	8,583625718	-0,369739777	0,718287927	0,967772277
A_23_P435002	-0,289777816	9,803618022	-0,37021529	0,717943126	0,967772277
A_23_P140876	-0,205592794	8,01832049	-0,370389423	0,717816876	0,967772277
A_19_P00321628	-0,239845028	12,00736176	-0,370854416	0,71747979	0,967772277
A_21_P0012454	-0,214494742	11,86500222	-0,370916774	0,71743459	0,967772277
A_24_P29401	-0,185177571	11,85624949	-0,370950587	0,717410081	0,967772277
A_23_P20107	-0,21535269	10,37388321	-0,371026112	0,717355339	0,967772277
A_33_P3315320	-0,194744891	8,197502798	-0,371083881	0,717313467	0,967772277
A_33_P3262635	-0,20370004	13,42204216	-0,371223237	0,717212466	0,967772277
A_33_P3235117	-0,194676212	7,552926978	-0,371255469	0,717189106	0,967772277
A_33_P3333960	-0,211847683	8,84762228	-0,371330386	0,717134811	0,967772277
A_33_P3246613	-0,240880181	11,39322366	-0,371935657	0,71669621	0,967772277
A_23_P134167	-0,245924837	9,04312575	-0,372028195	0,716629164	0,967772277
A_32_P197621	-0,236736026	7,497692932	-0,372105405	0,716573224	0,967772277
A_24_P219114	-0,190575388	6,971354774	-0,372499329	0,716287849	0,967772277
A_23_P202520	-0,33232544	13,65940688	-0,372684979	0,716153372	0,967772277
A_24_P910688	-0,185538429	6,462043147	-0,372776582	0,716087023	0,967772277
A_24_P212129	-0,210692011	11,34643545	-0,373173681	0,715799425	0,967772277
A_24_P913115	-0,246440737	10,08347915	-0,373312339	0,715699013	0,967772277
A_24_P398323	-0,219543655	7,57024924	-0,373374093	0,715654294	0,967772277
A_33_P3335042	-0,233089742	12,07141914	-0,373438988	0,715607303	0,967772277
A_33_P3385461	0,20833432	9,548359087	0,366478581	0,720654414	0,96783468
A_21_P0014349	0,184282405	6,607634308	0,366341117	0,720754232	0,96783468
A_21_P0012365	0,204212583	7,371358847	0,365821658	0,721131479	0,96783468
A_33_P3213006	-0,201979112	11,58133541	-0,365739783	0,721190946	0,96783468
A_23_P103276	-0,206042569	8,269060734	-0,365798817	0,721148069	0,96783468
A_19_P00322530	-0,192251726	7,957026981	-0,365904829	0,721071072	0,96783468
A_33_P3309429	-0,259228357	9,554168245	-0,365928572	0,721053828	0,96783468
A_23_P77630	-0,211130134	10,32129524	-0,366068408	0,720952272	0,96783468
A_24_P202717	-0,262822943	11,40675846	-0,36607503	0,720947463	0,96783468
A_23_P106859	0,19255143	12,74981556	0,365410503	0,721430127	0,967875857
A_21_P0011128	0,241755178	10,52278131	0,36529336	0,721515225	0,967875857
A_21_P0011279	-0,204039642	7,102893432	-0,365225019	0,721564872	0,967875857
A_23_P121064	-0,192407462	10,92418173	-0,365311128	0,721502316	0,967875857
A_32_P42197	-0,235873172	16,57916753	-0,365443388	0,721406239	0,967875857
A_23_P363778	0,2072188	6,545774377	0,365041437	0,721698244	0,967962666

A_23_P323227	-0,253539075	13,11042297	-0,364829703	0,721852081	0,968076904
A_33_P3412095	0,18486969	7,331721178	0,364588528	0,722027325	0,968114633
A_33_P3263359	0,197024301	7,514634223	0,364507493	0,72208621	0,968114633
A_33_P3333642	-0,199860035	10,19187447	-0,364687815	0,721955178	0,968114633
A_23_P55073	0,224163137	10,43518865	0,364343098	0,722205676	0,968124759
A_23_P110802	0,2692077	9,745372915	0,364308121	0,722231095	0,968124759
A_33_P3243405	0,284950018	7,700782111	0,364156771	0,72234109	0,968180153
A_33_P3295870	0,232926342	9,990400124	0,363890662	0,722534503	0,968347334
A_21_P0010397	-0,200490306	7,418614623	-0,363649897	0,722709512	0,968489821
A_33_P3292130	-0,241913213	12,28879801	-0,363456424	0,722850157	0,968586235
A_23_P398854	0,222164759	7,727468046	0,363319739	0,722949527	0,968618426
A_33_P3411325	0,194298666	7,14353363	0,363157261	0,723067655	0,968618426
A_24_P375599	0,183665192	16,73507213	0,363052355	0,72314393	0,968618426
A_33_P3246418	0,219796449	8,138934845	0,362953072	0,723216119	0,968618426
A_33_P3236902	-0,182473596	8,232734973	-0,362950917	0,723217687	0,968618426
A_21_P0006027	0,196192735	7,079689133	0,362248223	0,7237287	0,969210766
A_21_P0009193	-0,202289357	7,548669478	-0,362097179	0,723838561	0,969265826
A_21_P0009889	0,178929019	6,409034619	0,361705233	0,72412367	0,969371404
A_33_P3411097	-0,214144534	7,818393702	-0,361746006	0,724094009	0,969371404
A_23_P251647	-0,195689661	9,554727601	-0,361829313	0,724033408	0,969371404
A_33_P3324890	0,295925068	10,70125465	0,361601873	0,724198864	0,969380022
A_21_P0013132	0,186406675	6,8724281	0,361430057	0,724323865	0,969455304
A_24_P347704	0,19089883	10,26028179	0,361225071	0,724473008	0,969513596
A_23_P94230	-0,24021096	10,95900359	-0,361181177	0,724504947	0,969513596
A_32_P85591	0,176926976	7,657609067	0,360973808	0,724655839	0,969623486
A_19_P00331618	0,265508246	10,04651236	0,360707195	0,724849858	0,969755575
A_21_P0009180	0,252549052	8,277019927	0,360649124	0,724892121	0,969755575
A_24_P56894	0,25795991	10,71104034	0,360501846	0,724999309	0,96980695
A_23_P338505	0,189989137	6,882491551	0,360377049	0,72509014	0,969836437
A_24_P30206	0,204333458	9,408749061	0,360274154	0,725165033	0,969844603
A_33_P3384432	0,208699703	12,53653162	0,360099611	0,725292084	0,969922516
A_23_P50081	0,203485698	13,08871563	0,359380001	0,725815981	0,970198778
A_33_P3422747	0,198713605	7,501815213	0,359240599	0,725917487	0,970198778
A_23_P403955	0,190630422	8,926869787	0,359154255	0,725980361	0,970198778
A_23_P46351	-0,209914785	7,866370782	-0,3592591	0,725904014	0,970198778
A_23_P120899	-0,313048427	12,53528626	-0,35935418	0,725834782	0,970198778
A_21_P0005052	-0,233168625	8,153686665	-0,359508268	0,725722588	0,970198778
A_33_P3292812	-0,203792521	9,821740601	-0,359675768	0,725600637	0,970198778
A_32_P84605	0,194556302	16,52829811	0,358734729	0,726285882	0,970335012
A_33_P3298775	0,189582002	17,47517887	0,358644663	0,726351479	0,970335012
A_33_P3372840	0,228666025	7,442404442	0,358643992	0,726351968	0,970335012
A_33_P3296067	0,181280338	7,760327129	0,358567042	0,726408014	0,970335012
A_24_P88079	0,228404306	8,431477775	0,358369397	0,726551976	0,970335012
A_23_P165707	0,218845637	8,894517353	0,358328853	0,726581509	0,970335012

A_23_P124760	0,207103198	10,06268522	0,358303981	0,726599627	0,970335012
A_23_P25935	0,218570981	11,06839164	0,358258323	0,726632886	0,970335012
A_23_P112596	0,203197727	10,53129592	0,358098087	0,726749612	0,970398976
A_23_P384329	0,231331547	8,285599806	0,357373785	0,727277333	0,9704791
A_19_P00321202	0,268885344	9,908490198	0,357336232	0,727304698	0,9704791
A_23_P5551	0,227554896	14,76559818	0,357259951	0,727360285	0,9704791
A_21_P0013557	-0,236078675	9,441254668	-0,357293491	0,727335844	0,9704791
A_23_P131723	-0,235243275	14,39033053	-0,357319816	0,72731666	0,9704791
A_21_P0005346	-0,181789203	6,603201761	-0,357526741	0,727165878	0,9704791
A_32_P44512	-0,246411767	11,787302	-0,357625766	0,727093725	0,9704791
A_33_P3372466	-0,264656829	11,47753259	-0,357714809	0,727028847	0,9704791
A_32_P148710	0,174585686	14,32419212	0,356789609	0,727703066	0,970502869
A_21_P0004247	0,17642067	6,561455864	0,356756419	0,727727257	0,970502869
A_32_P212095	0,195901365	7,141787582	0,35668762	0,727777403	0,970502869
A_21_P0009632	0,213965908	7,186414114	0,356653394	0,727802349	0,970502869
A_33_P3221960	0,196261112	11,31335023	0,356628823	0,727820259	0,970502869
A_23_P92441	0,239451072	10,80241861	0,356313408	0,72805018	0,970502869
A_23_P431971	0,185305529	6,746704495	0,356294648	0,728063856	0,970502869
A_23_P159191	0,183078763	7,214947696	0,355789503	0,72843214	0,970502869
A_24_P281801	0,196217937	11,6373475	0,35563608	0,728544009	0,970502869
A_24_P290373	0,179456798	8,175850493	0,355493131	0,728648248	0,970502869
A_33_P3237899	0,266171824	10,36139553	0,355344939	0,728756315	0,970502869
A_32_P135243	0,225574824	8,397545178	0,355212741	0,728852724	0,970502869
A_23_P79628	-0,197736212	10,93356592	-0,355158248	0,728892466	0,970502869
A_33_P3275835	-0,204207981	11,37378324	-0,355281317	0,728802712	0,970502869
A_33_P3217347	-0,196449573	10,80504896	-0,355292263	0,72879473	0,970502869
A_33_P3380932	-0,177402649	8,741728894	-0,355330496	0,728766847	0,970502869
A_24_P57898	-0,245800952	12,82316515	-0,355648967	0,728534613	0,970502869
A_21_P0012052	-0,215631131	10,18779858	-0,355745989	0,728463868	0,970502869
A_21_P0007206	-0,180291825	6,985823192	-0,355932599	0,728327806	0,970502869
A_21_P0013764	-0,190009448	6,862327168	-0,356050767	0,728241652	0,970502869
A_32_P115558	-0,271711493	9,894073873	-0,356211114	0,728124753	0,970502869
A_33_P3264072	-0,189110327	7,054228848	-0,357052883	0,727511186	0,970502869
A_33_P3296567	0,189831973	8,966922372	0,354933544	0,729056352	0,970537769
A_32_P52330	-0,207772506	9,187832539	-0,354994102	0,729012183	0,970537769
A_23_P27606	-0,198955743	11,21779955	-0,354688652	0,729234979	0,970592274
A_23_P8380	-0,181596465	12,30451327	-0,354688787	0,72923488	0,970592274
A_23_P168306	0,326802261	12,24601722	0,354456191	0,729404553	0,970706556
A_23_P95302	0,209389645	12,23076281	0,354382187	0,72945854	0,970706556
A_21_P0012542	0,184541023	6,488616445	0,353901089	0,729809547	0,97083173
A_23_P93464	0,180824559	10,12855358	0,353719831	0,729941809	0,97083173
A_33_P3332860	0,266262486	10,27103511	0,353709436	0,729949394	0,97083173
A_23_P135084	0,187941923	17,46764613	0,353328887	0,730227106	0,97083173
A_33_P3325131	0,209090084	12,81328127	0,353213894	0,730311032	0,97083173

A_33_P3251856	0,181033043	6,81144809	0,353076078	0,73041162	0,97083173
A_33_P3294583	0,176799847	7,047692921	0,353026562	0,730447762	0,97083173
A_24_P340976	-0,342484219	13,91811297	-0,353128303	0,730373502	0,97083173
A_24_P115199	-0,211865115	8,782084896	-0,353396366	0,730177859	0,97083173
A_24_P751074	-0,185163764	8,035962954	-0,353421629	0,730159422	0,97083173
A_24_P106839	-0,18786351	8,745969019	-0,353463851	0,730128609	0,97083173
A_33_P3306159	-0,196841751	7,631631439	-0,353597246	0,730031262	0,97083173
A_24_P379104	-0,192309032	13,44087009	-0,353931306	0,729787499	0,97083173
A_23_P160828	0,184911553	8,337945337	0,352479762	0,730846915	0,970979331
A_33_P3308223	0,238894245	7,47062592	0,352410934	0,730897163	0,970979331
A_23_P114095	0,189058958	8,153793918	0,352297421	0,730980038	0,970979331
A_33_P3319581	0,193943456	8,405834869	0,352212931	0,731041726	0,970979331
A_19_P00319007	0,212603033	8,47606408	0,352122982	0,731107401	0,970979331
A_33_P3329477	-0,209012567	11,99506002	-0,352025425	0,731178634	0,970979331
A_33_P3267280	-0,175651497	9,517738135	-0,352039295	0,731168507	0,970979331
A_33_P3234641	-0,217926141	16,74540652	-0,352356421	0,730936963	0,970979331
A_24_P411561	-0,195156226	8,034308548	-0,352561583	0,730787181	0,970979331
A_23_P316381	0,177568861	9,043052465	0,351862084	0,731297906	0,97098125
A_24_P195724	0,241964535	11,76890705	0,351499441	0,731562736	0,97098125
A_21_P0007382	0,26498997	10,64721382	0,351338439	0,731680323	0,97098125
A_23_P165521	0,201510555	7,467072254	0,351325628	0,73168968	0,97098125
A_23_P48835	0,210200772	12,21739781	0,350781027	0,732087484	0,97098125
A_24_P332862	0,185570689	11,69732754	0,350444373	0,732333433	0,97098125
A_21_P0008387	0,188957099	6,636428274	0,350351842	0,73240104	0,97098125
A_32_P29615	0,187651743	8,306237084	0,350316422	0,732426919	0,97098125
A_24_P267997	0,248473187	10,67496314	0,350129867	0,73256323	0,97098125
A_23_P163711	0,239971568	11,16784289	0,349619079	0,732936501	0,97098125
A_21_P0012673	0,239101542	8,441529398	0,349591725	0,732956493	0,97098125
A_21_P0014114	0,184347566	10,87530629	0,349430964	0,733073989	0,97098125
A_19_P00325660	0,191896119	8,764254857	0,3492128	0,73323345	0,97098125
A_23_P36928	0,228654309	11,93870289	0,348732222	0,733584763	0,97098125
A_33_P3411388	0,219951223	15,49019033	0,348195412	0,733977258	0,97098125
A_32_P13151	0,172774455	7,029712754	0,348114301	0,734036571	0,97098125
A_33_P3336992	0,23161445	9,487042029	0,348036952	0,734093133	0,97098125
A_21_P0011695	0,204108083	8,405704478	0,348034678	0,734094796	0,97098125
A_33_P3265965	0,185577393	8,628286823	0,347937087	0,734166163	0,97098125
A_32_P356316	0,327163692	11,58364786	0,347815167	0,734255326	0,97098125
A_24_P184555	0,207315454	12,89385627	0,347542084	0,734455053	0,97098125
A_32_P58407	0,180473192	8,436565044	0,347485132	0,734496709	0,97098125
A_21_P0003311	0,179318693	6,792729006	0,346797348	0,734999839	0,97098125
A_23_P15516	0,191057672	9,947633357	0,346790197	0,73500507	0,97098125
A_24_P194934	0,196455378	15,6278085	0,346743154	0,735039488	0,97098125
A_32_P137035	0,193686666	12,46366325	0,346286375	0,735373711	0,97098125
A_23_P65618	0,18372815	7,650363168	0,345915859	0,735644857	0,97098125

A_33_P3337252	0,170318257	6,484395672	0,345791104	0,735736162	0,97098125
A_32_P212802	0,187288297	8,023509376	0,345618577	0,735862437	0,97098125
A_33_P3398448	0,253871004	13,38009552	0,345424278	0,736004657	0,97098125
A_23_P48713	0,179256951	7,709252507	0,345006195	0,736310713	0,97098125
A_21_P0000919	0,194810754	8,410838058	0,344566865	0,736632375	0,97098125
A_21_P0012568	0,232879362	13,73990458	0,344444417	0,736722037	0,97098125
A_19_P00803775	0,178207555	7,192821101	0,344190607	0,7369079	0,97098125
A_23_P301328	0,170884213	6,770009857	0,343659098	0,737297176	0,97098125
A_24_P923757	0,257237031	11,46899361	0,343587008	0,737349981	0,97098125
A_23_P163027	0,202123757	11,95129153	0,343387219	0,737496329	0,97098125
A_33_P3303394	0,208543169	13,59739294	0,343330357	0,737537983	0,97098125
A_24_P724153	0,257231776	9,539437565	0,343220673	0,737618335	0,97098125
A_24_P145316	0,185691628	9,884332738	0,342764045	0,737952884	0,97098125
A_23_P141715	0,187058584	12,62803243	0,342683247	0,738012087	0,97098125
A_23_P21134	0,190052225	9,828243187	0,342661908	0,738027722	0,97098125
A_23_P375549	0,178628364	11,305851	0,34242036	0,738204722	0,97098125
A_23_P18292	0,169875373	17,66047638	0,342392974	0,73822479	0,97098125
A_33_P3336780	0,186456927	9,412938227	0,342279538	0,73830792	0,97098125
A_33_P3365750	0,172385149	6,46412717	0,342198129	0,738367581	0,97098125
A_23_P47924	0,191147174	6,67494211	0,34211215	0,738430593	0,97098125
A_21_P0012304	0,197021587	7,38532561	0,341980791	0,738526867	0,97098125
A_23_P137423	0,186571031	8,4412859	0,341749473	0,738696412	0,97098125
A_33_P3242080	0,191864786	11,50491268	0,341739997	0,738703358	0,97098125
A_33_P3226775	0,171757786	6,880881445	0,341720785	0,73871744	0,97098125
A_19_P00318517	0,169026411	6,899337179	0,341545136	0,738846194	0,97098125
A_32_P930685	0,16795531	7,326081333	0,341447397	0,738917842	0,97098125
A_21_P0004261	0,204514949	8,153272289	0,341372749	0,738972564	0,97098125
A_23_P206059	0,208822538	13,41873388	0,34095581	0,739278241	0,97098125
A_23_P149200	0,246302948	10,50620153	0,340868636	0,739342158	0,97098125
A_23_P88848	0,175014329	8,583507481	0,34084089	0,739362502	0,97098125
A_21_P0013688	0,236051643	7,868754072	0,340732283	0,739442137	0,97098125
A_32_P18493	0,205254283	15,0431704	0,340706446	0,739461083	0,97098125
A_33_P3279456	0,228944941	14,40663175	0,340635367	0,739513204	0,97098125
A_24_P403303	-0,189077948	7,861348288	-0,340646168	0,739505283	0,97098125
A_23_P218375	-0,248913249	10,55116642	-0,341141151	0,739142353	0,97098125
A_32_P92789	-0,172037957	6,889757112	-0,341593902	0,738810447	0,97098125
A_23_P65870	-0,229582712	10,15947119	-0,341709612	0,73872563	0,97098125
A_23_P91910	-0,193986661	7,198136413	-0,341712436	0,73872356	0,97098125
A_24_P135483	-0,184619653	8,092322581	-0,341717636	0,738719748	0,97098125
A_33_P3308744	-0,167084509	6,398713268	-0,341845394	0,738626105	0,97098125
A_33_P3315779	-0,198043532	7,692793418	-0,342178267	0,738382137	0,97098125
A_21_P0012985	-0,202671092	8,250064499	-0,342358716	0,738249896	0,97098125
A_33_P3287760	-0,194952461	7,193653493	-0,342410544	0,738211915	0,97098125
A_24_P244356	-0,1701097	12,54147014	-0,342740588	0,737970071	0,97098125

A_32_P94660	-0,175917926	9,578302945	-0,343051671	0,737742148	0,97098125
A_21_P0011396	-0,233326968	10,40402719	-0,343064009	0,737733109	0,97098125
A_32_P122940	-0,193075705	8,357325012	-0,34338547	0,73749761	0,97098125
A_33_P3410484	-0,200363123	6,999856609	-0,343646436	0,73730645	0,97098125
A_19_P00809624	-0,174445961	6,998588163	-0,34367307	0,737286942	0,97098125
A_32_P128209	-0,171349634	7,103466984	-0,344006689	0,737042592	0,97098125
A_23_P203841	-0,192246704	9,663182548	-0,344034499	0,737022225	0,97098125
A_23_P38864	-0,190326399	15,2114258	-0,344054354	0,737007684	0,97098125
A_33_P3334590	-0,248798519	9,207001185	-0,344352368	0,736789441	0,97098125
A_33_P3382324	-0,229068618	12,17397395	-0,344379238	0,736769765	0,97098125
A_24_P16036	-0,190991784	12,27406513	-0,344695999	0,736537822	0,97098125
A_24_P931443	-0,224270428	11,60394401	-0,344778651	0,736477306	0,97098125
A_24_P342807	-0,184330183	7,240789279	-0,345010047	0,736307894	0,97098125
A_19_P00318568	-0,200789215	10,0942269	-0,345062867	0,736269224	0,97098125
A_19_P00809372	-0,19086619	7,62490893	-0,345321618	0,736079804	0,97098125
A_23_P250644	-0,230197051	9,618212366	-0,345454547	0,7359825	0,97098125
A_33_P3376214	-0,193132006	10,09707437	-0,345527257	0,735929278	0,97098125
A_33_P3389342	-0,205995746	9,520399513	-0,345953947	0,735616982	0,97098125
A_33_P3306442	-0,188729447	7,336618356	-0,346004758	0,735579797	0,97098125
A_19_P00322207	-0,210323698	8,492827526	-0,346128825	0,735489002	0,97098125
A_23_P373649	-0,265357849	11,6358025	-0,346211618	0,735428415	0,97098125
A_32_P50223	-0,171734666	6,328942366	-0,346378157	0,73530655	0,97098125
A_23_P6869	-0,193203253	8,535161306	-0,346470517	0,735238968	0,97098125
A_33_P3414207	-0,18576809	6,910494325	-0,346549403	0,735181248	0,97098125
A_33_P3399468	-0,199282286	12,80457869	-0,346581728	0,735157596	0,97098125
A_24_P330971	-0,217580834	14,38001178	-0,346705758	0,735066849	0,97098125
A_21_P0013271	-0,208157581	8,623648361	-0,346919661	0,734910354	0,97098125
A_23_P69738	-0,176410902	7,001645469	-0,346931035	0,734902034	0,97098125
A_23_P156708	-0,300399964	9,357635778	-0,346998757	0,73485249	0,97098125
A_23_P38505	-0,200437016	8,151781933	-0,347056841	0,734809998	0,97098125
A_33_P3381836	-0,171257199	6,327622873	-0,34714331	0,734746743	0,97098125
A_21_P0001428	-0,181307351	7,285495046	-0,347708035	0,734333678	0,97098125
A_23_P131139	-0,195375812	9,257398997	-0,347940515	0,734163657	0,97098125
A_23_P160481	-0,178348625	9,578563761	-0,348079494	0,734062023	0,97098125
A_33_P3350549	-0,18929361	9,652025855	-0,348098952	0,734047794	0,97098125
A_33_P3386067	-0,182399556	6,573813237	-0,348329992	0,733878851	0,97098125
A_23_P133582	-0,242055931	11,51164702	-0,348382194	0,733840682	0,97098125
A_23_P391396	-0,300073071	7,569475478	-0,348612116	0,733672574	0,97098125
A_33_P3546161	-0,173463616	6,887657456	-0,349287524	0,733178831	0,97098125
A_23_P433152	-0,210311586	10,70789603	-0,349544225	0,732991209	0,97098125
A_33_P3416291	-0,183306617	6,297601783	-0,349692846	0,73288259	0,97098125
A_33_P3231677	-0,188084526	7,900496973	-0,349785962	0,73281454	0,97098125
A_33_P3292864	-0,209636753	8,628370335	-0,349929255	0,732709824	0,97098125
A_24_P224998	-0,225407515	8,451044953	-0,349983809	0,732669959	0,97098125

A_23_P401014	-0,175910472	9,759478179	-0,35057673	0,732236734	0,97098125
A_33_P3222139	-0,188415576	8,621870111	-0,350799099	0,732074282	0,97098125
A_23_P149813	-0,20037681	7,229521192	-0,350852107	0,732035559	0,97098125
A_33_P3264528	-0,190175814	6,813389306	-0,351106518	0,73184972	0,97098125
A_23_P55064	-0,188308852	7,62392126	-0,35111393	0,731844306	0,97098125
A_24_P391260	-0,266425021	12,22168222	-0,351629486	0,731467763	0,97098125
A_33_P3301559	0,201442411	9,154981382	0,340457637	0,739643535	0,971006372
A_24_P83586	0,227729604	8,285939713	0,340389178	0,739693738	0,971006372
A_23_P209337	-0,233809426	11,01421693	-0,340327529	0,739738949	0,971006372
A_33_P3272614	0,188805841	7,815200645	0,340128475	0,739884935	0,971017192
A_21_P0010982	-0,254624497	14,00516765	-0,340190693	0,739839303	0,971017192
A_23_P18465	0,209307301	10,33992046	0,340008816	0,739972697	0,971041982
A_21_P0014195	0,222863009	9,234485602	0,339377239	0,740435983	0,971142503
A_23_P145606	0,172401728	6,623957526	0,339211235	0,740557772	0,971142503
A_33_P3283064	0,20225787	8,150049362	0,339059114	0,740669381	0,971142503
A_23_P415015	0,170551598	6,670769821	0,33900123	0,740711852	0,971142503
A_24_P601972	0,201730048	8,937084745	0,338281299	0,741240152	0,971142503
A_23_P329890	0,215441196	10,42745517	0,337951057	0,741482536	0,971142503
A_24_P80776	0,173705084	6,696771221	0,337877697	0,741536383	0,971142503
A_33_P3415092	0,212316116	9,076528313	0,337330903	0,741937784	0,971142503
A_33_P3577120	0,191029096	8,315844919	0,337172095	0,742054379	0,971142503
A_24_P126691	0,208316514	16,51140015	0,337116847	0,742094943	0,971142503
A_19_P00319854	0,174637282	8,14142898	0,336097806	0,742843289	0,971142503
A_33_P3226129	0,177143656	7,971807402	0,336085121	0,742852607	0,971142503
A_33_P3385453	0,186231086	6,84985218	0,335825852	0,743043049	0,971142503
A_23_P143713	0,178448246	10,84577711	0,335631972	0,743185473	0,971142503
A_33_P3282836	0,172626947	18,49245101	0,33553866	0,743254023	0,971142503
A_23_P307955	0,175832198	7,293203356	0,335036086	0,743623271	0,971142503
A_23_P132784	0,169053729	13,67070175	0,33495985	0,743679289	0,971142503
A_23_P163820	0,172013322	10,24275563	0,3349546	0,743683146	0,971142503
A_23_P102351	0,19150202	7,727236817	0,334818191	0,743783382	0,971142503
A_24_P227091	0,195200275	12,31805788	0,333991644	0,744390851	0,971142503
A_21_P0001525	0,209430526	8,057878187	0,33370396	0,744602326	0,971142503
A_24_P67408	0,222776303	9,282168413	0,333575385	0,744696848	0,971142503
A_33_P3396891	0,177551402	8,364887069	0,333565211	0,744704327	0,971142503
A_24_P822692	0,178671451	7,22447445	0,333290647	0,744906188	0,971142503
A_24_P506977	0,187516628	12,1638772	0,333274742	0,744917882	0,971142503
A_21_P0000668	0,180460044	9,644988411	0,333214964	0,744961834	0,971142503
A_33_P3422289	0,268127498	11,94096965	0,333206616	0,744967972	0,971142503
A_21_P0010748	0,240828662	9,248881764	0,333181375	0,744986531	0,971142503
A_23_P100344	0,240383807	9,764696012	0,332984849	0,745131035	0,971142503
A_24_P252846	0,216623926	9,590210357	0,332790306	0,745274093	0,971142503
A_32_P14744	0,190542499	16,73724511	0,332761906	0,745294977	0,971142503
A_24_P66027	0,26494892	9,824356378	0,332723356	0,745323326	0,971142503

A_33_P3277784	0,169900706	7,012435419	0,332657333	0,74537188	0,971142503
A_32_P84369	0,168569703	6,788055509	0,332487091	0,745497081	0,971142503
A_19_P00805679	0,182019307	7,807302596	0,332448823	0,745525225	0,971142503
A_24_P7594	0,168790937	8,083434729	0,332283621	0,745646729	0,971142503
A_33_P3409984	0,164172495	6,330168533	0,332117451	0,745768952	0,971142503
A_33_P3766959	0,208809351	12,28630098	0,331871231	0,745950067	0,971142503
A_33_P3254306	0,192210693	7,712043924	0,331807455	0,745996982	0,971142503
A_32_P64096	0,171606712	9,9242674	0,331721786	0,746060004	0,971142503
A_33_P3422429	0,268469703	9,441274331	0,331591515	0,746155841	0,971142503
A_21_P0005219	0,218238578	7,323267941	0,331582189	0,746162702	0,971142503
A_23_P80773	0,193412052	11,933472	0,331440593	0,746266875	0,971142503
A_24_P349151	0,180586019	8,17663734	0,331369892	0,746318893	0,971142503
A_33_P3287584	0,230827049	8,049685418	0,331130547	0,746494998	0,971142503
A_33_P3369520	0,176377602	8,192408774	0,330345025	0,747073074	0,971142503
A_23_P122775	0,183714204	10,65676977	0,330288514	0,747114667	0,971142503
A_21_P0008224	0,177896123	9,67795464	0,33017773	0,747196209	0,971142503
A_33_P3235690	0,206973525	11,18329349	0,330034708	0,747301484	0,971142503
A_23_P354827	0,181996274	9,617841445	0,329913249	0,747390892	0,971142503
A_23_P394166	0,18564977	11,48771623	0,32977661	0,747491478	0,971142503
A_24_P110365	0,165744528	6,701866202	0,329654407	0,747581441	0,971142503
A_33_P3228128	0,17356796	12,30142924	0,32961948	0,747607155	0,971142503
A_33_P3308456	0,187724043	8,836771382	0,329492661	0,747700522	0,971142503
A_32_P8156	0,180864606	7,079547221	0,329374517	0,747787506	0,971142503
A_33_P3289848	0,168670751	8,008783381	0,329246328	0,74788189	0,971142503
A_33_P3348011	0,17063832	7,993385119	0,329136162	0,747963007	0,971142503
A_33_P3367112	0,164950858	7,86336303	0,329051431	0,748025398	0,971142503
A_33_P3312754	0,218494359	9,561452682	0,3287392	0,748255323	0,971142503
A_23_P106544	0,17509219	13,02453305	0,328684022	0,748295958	0,971142503
A_33_P3251462	0,223147967	12,17693232	0,328286404	0,748588805	0,971142503
A_23_P305938	0,173548778	8,875410642	0,328093182	0,748731128	0,971142503
A_21_P0010304	0,162871139	6,908485352	0,32804399	0,748767363	0,971142503
A_23_P104798	0,184394425	9,368008213	0,327941602	0,748842785	0,971142503
A_23_P65609	0,2063185	11,51239611	0,327791977	0,748953008	0,971142503
A_32_P231617	0,169983354	6,624907076	0,327715912	0,749009045	0,971142503
A_21_P0003850	0,163103275	6,669643862	0,327684827	0,749031945	0,971142503
A_23_P206454	0,162252274	10,88223628	0,327614675	0,749083627	0,971142503
A_33_P3390739	0,167923153	10,96815175	0,327262211	0,749343314	0,971142503
A_33_P3384871	0,207993806	10,97041159	0,32693432	0,749584924	0,971142503
A_23_P135787	0,171408114	7,704987378	0,326896222	0,749612999	0,971142503
A_33_P3288871	0,174680672	7,053193017	0,326864295	0,749636526	0,971142503
A_23_P77813	0,1720213	13,10144963	0,326855127	0,749643283	0,971142503
A_23_P143569	0,169572731	10,17868402	0,326425	0,749960278	0,971142503
A_21_P0010440	0,203039226	8,426721535	0,326282142	0,750065573	0,971142503
A_33_P3424267	0,179824642	7,711478874	0,326065221	0,750225465	0,971142503

A_21_P0013885	0,261785317	10,54319045	0,325910399	0,750339592	0,971142503
A_32_P93852	0,192544235	9,662277042	0,325604365	0,750565204	0,971142503
A_23_P33045	0,170959351	16,91484402	0,325472768	0,750662225	0,971142503
A_33_P3405334	-0,216319495	15,10048644	-0,325106378	0,750932376	0,971142503
A_33_P3338116	-0,250224106	10,33285714	-0,32512924	0,750915518	0,971142503
A_24_P775249	-0,195335701	7,550423215	-0,325183115	0,750875792	0,971142503
A_24_P226069	-0,173924782	6,966484821	-0,325295337	0,750793047	0,971142503
A_23_P67952	-0,170585039	9,214295325	-0,325386254	0,750726012	0,971142503
A_23_P251342	-0,168828692	11,96026336	-0,325471803	0,750662937	0,971142503
A_23_P213102	-0,262156328	10,08958341	-0,325538332	0,750613887	0,971142503
A_32_P22257	-0,174656966	13,34872995	-0,325565712	0,7505937	0,971142503
A_21_P0007546	-0,202896521	7,984539876	-0,325722672	0,750477984	0,971142503
A_21_P0001240	-0,170113283	8,482154806	-0,32576586	0,750446145	0,971142503
A_33_P3356092	-0,186374393	7,413686559	-0,325969509	0,750296019	0,971142503
A_23_P398637	-0,184215546	9,045725842	-0,326078955	0,750215342	0,971142503
A_33_P3375636	-0,182517369	6,834144803	-0,32624001	0,750096627	0,971142503
A_21_P0000033	-0,183676054	10,68086159	-0,326381741	0,749992162	0,971142503
A_23_P414964	-0,204709922	8,821901093	-0,326596957	0,749833544	0,971142503
A_21_P0004121	-0,211510934	10,9867367	-0,326603441	0,749828765	0,971142503
A_23_P98261	-0,209715823	11,66271906	-0,326640247	0,749801639	0,971142503
A_21_P0010843	-0,176345678	7,11515621	-0,326668159	0,749781068	0,971142503
A_24_P336853	-0,25863934	8,464072253	-0,326692681	0,749762997	0,971142503
A_33_P3209581	-0,1999954	9,045308405	-0,327029706	0,749514635	0,971142503
A_32_P162187	-0,178360844	7,398641766	-0,327095891	0,749465865	0,971142503
A_23_P318581	-0,247656648	11,5281237	-0,327180371	0,749403616	0,971142503
A_23_P132669	-0,161322814	12,4569924	-0,327540383	0,749138361	0,971142503
A_23_P101950	-0,205891779	14,49755853	-0,327740206	0,748991147	0,971142503
A_33_P3409625	-0,18000746	13,76544707	-0,327768023	0,748970655	0,971142503
A_24_P148836	-0,283452389	9,491888378	-0,327901177	0,748872565	0,971142503
A_33_P3287348	-0,167258466	11,80685863	-0,328343163	0,748546999	0,971142503
A_21_P0009189	-0,186470859	7,459958845	-0,328367863	0,748528807	0,971142503
A_33_P3257866	-0,175133715	7,101579858	-0,328441733	0,7484744	0,971142503
A_32_P447001	-0,171827108	7,060820772	-0,328444169	0,748472606	0,971142503
A_33_P3321136	-0,202550942	9,192135402	-0,329247702	0,747880878	0,971142503
A_23_P36753	-0,168179075	11,02766916	-0,329402808	0,747766676	0,971142503
A_23_P18939	-0,188095273	11,11503389	-0,329904348	0,747397444	0,971142503
A_33_P3356517	-0,167953964	8,966093018	-0,330182494	0,747192703	0,971142503
A_33_P3353906	-0,205088013	9,068453741	-0,330843009	0,746706582	0,971142503
A_21_P0005571	-0,205515677	10,63501126	-0,330883411	0,746676851	0,971142503
A_24_P245358	-0,243151072	15,01160352	-0,330940516	0,746634829	0,971142503
A_23_P134827	-0,192673003	12,45418126	-0,331286574	0,746380195	0,971142503
A_24_P341535	-0,169178837	7,848618624	-0,331312997	0,746360754	0,971142503
A_23_P15369	-0,167146779	7,522613864	-0,3315095	0,746216179	0,971142503
A_33_P3382560	-0,189004653	15,51513771	-0,331635478	0,746123498	0,971142503

A_33_P3364821	-0,185102948	15,03451675	-0,331718859	0,746062157	0,971142503
A_33_P3382538	-0,18972398	7,36603975	-0,331888888	0,745937078	0,971142503
A_33_P3417487	-0,169172177	6,873335866	-0,332090948	0,745788447	0,971142503
A_33_P3270852	-0,214103259	16,3126152	-0,332263608	0,745661448	0,971142503
A_24_P206328	-0,17099672	7,129768791	-0,332617162	0,745401422	0,971142503
A_33_P3360718	-0,182114797	9,570154149	-0,333033723	0,745095098	0,971142503
A_23_P70398	-0,297533074	11,55821792	-0,333434858	0,744800161	0,971142503
A_33_P3238521	-0,18313975	11,99263553	-0,333882732	0,744470909	0,971142503
A_23_P214354	-0,219417423	8,122980685	-0,333968014	0,74440822	0,971142503
A_33_P3264444	-0,231568774	10,68273076	-0,334111938	0,744302429	0,971142503
A_23_P39050	-0,199892228	8,955371816	-0,334319563	0,744149826	0,971142503
A_33_P3256685	-0,243341169	12,05130007	-0,33437417	0,744109691	0,971142503
A_21_P0003575	-0,180644367	6,332518694	-0,334437929	0,744062832	0,971142503
A_23_P395585	-0,170212355	7,440889755	-0,33445668	0,744049051	0,971142503
A_21_P0012279	-0,166698259	7,012486057	-0,334886669	0,743733062	0,971142503
A_23_P153930	-0,1834398	7,345461367	-0,334957742	0,743680837	0,971142503
A_23_P1043	-0,202350381	7,542660802	-0,334989593	0,743657433	0,971142503
A_33_P3309919	-0,189834768	12,45126521	-0,335205009	0,743499153	0,971142503
A_33_P3258330	-0,169027367	7,650272027	-0,335818249	0,743048634	0,971142503
A_23_P2129	-0,245605682	11,5868792	-0,336061779	0,742869751	0,971142503
A_23_P430381	-0,169777931	8,67051813	-0,33627358	0,742714188	0,971142503
A_21_P0007713	-0,225429226	12,60529309	-0,336311632	0,742686241	0,971142503
A_21_P0009177	-0,186050723	7,135450239	-0,336591652	0,742480593	0,971142503
A_23_P160460	-0,227846785	8,796270315	-0,336689802	0,742408516	0,971142503
A_32_P25050	-0,189574048	8,50761269	-0,337017346	0,742168001	0,971142503
A_23_P323751	-0,231072424	10,40082967	-0,33704289	0,742149245	0,971142503
A_24_P917833	-0,187704675	12,5782963	-0,337101961	0,742105873	0,971142503
A_24_P27412	-0,244243487	9,207351509	-0,33771536	0,741655546	0,971142503
A_23_P427703	-0,199740132	10,84761491	-0,337810528	0,741585688	0,971142503
A_23_P145984	-0,168066504	6,341798901	-0,337982627	0,741459364	0,971142503
A_24_P291231	-0,21682273	7,691457994	-0,338153265	0,74133412	0,971142503
A_21_P0014363	-0,171966204	7,051239107	-0,338192703	0,741305174	0,971142503
A_23_P356554	-0,279059194	9,829489614	-0,338435389	0,741127066	0,971142503
A_21_P0002976	-0,19030442	8,583163005	-0,338641791	0,740975598	0,971142503
A_23_P205697	-0,196886955	11,26243372	-0,338741892	0,740902143	0,971142503
A_32_P67259	-0,211230495	12,24714939	-0,339306846	0,740487626	0,971142503
A_33_P3291708	-0,170474325	7,397101815	-0,339569706	0,74029479	0,971142503
A_32_P64038	-0,208056953	12,13175468	-0,339682662	0,740211931	0,971142503
A_23_P105747	-0,21621653	8,077450011	-0,324890791	0,751091351	0,971259007
A_21_P0002619	-0,197802849	10,11850632	-0,32460634	0,751301125	0,971441174
A_23_P21033	0,180299426	12,93710652	0,324332687	0,751502956	0,97144272
A_23_P2397	0,174956487	7,592770038	0,323984141	0,751760051	0,97144272
A_23_P217659	0,163718991	11,86841162	0,323975301	0,751766572	0,97144272
A_21_P0013853	0,173084046	7,282497848	0,323907477	0,751816604	0,97144272

A_33_P3390177	0,184046749	8,269131957	0,323901691	0,751820872	0,97144272
A_33_P3299982	-0,167636901	16,17615876	-0,323857417	0,751853533	0,97144272
A_33_P3319860	-0,164852851	7,14775433	-0,324037407	0,751720759	0,97144272
A_24_P754803	-0,209914096	17,21004409	-0,324453397	0,751413925	0,97144272
A_33_P3224723	0,177236955	7,533213415	0,323647487	0,752008404	0,971523721
A_23_P105465	0,214391303	7,806772729	0,323585631	0,752054039	0,971523721
A_23_P87560	0,183452194	12,24666443	0,32336317	0,752218171	0,971609263
A_24_P7202	-0,185196491	9,331569831	-0,323215678	0,752326997	0,971609263
A_33_P3415859	-0,190438381	12,60160989	-0,323281811	0,7522782	0,971609263
A_33_P3289456	-0,180651217	7,712569554	-0,323088284	0,752420998	0,971641661
A_21_P0000775	0,190682509	7,532662965	0,322306036	0,752998295	0,971710701
A_32_P71113	0,218222538	9,730767606	0,322128756	0,753129149	0,971710701
A_24_P179244	0,180349592	7,220738648	0,322112612	0,753141066	0,971710701
A_33_P3375809	0,174681246	6,902035972	0,321992608	0,753229649	0,971710701
A_24_P305570	-0,232549673	8,398257764	-0,321988627	0,753232587	0,971710701
A_21_P0013083	-0,243358606	11,29134228	-0,322178578	0,753092374	0,971710701
A_23_P84651	-0,188301684	13,75497672	-0,322328299	0,752981863	0,971710701
A_23_P143446	-0,258395105	11,64485946	-0,322431784	0,752905483	0,971710701
A_21_P0008252	-0,184788179	8,521179593	-0,322481628	0,752868695	0,971710701
A_33_P3277043	-0,198732491	7,293394647	-0,322762292	0,75266156	0,971710701
A_33_P3283400	-0,195687537	10,08905	-0,322886485	0,75256991	0,971710701
A_21_P0008917	0,205329632	9,483012508	0,321760342	0,753401109	0,97183918
A_24_P364042	0,190345645	7,591844557	0,321498549	0,753594383	0,971901243
A_33_P3252322	0,258861241	8,201439674	0,321217775	0,753801691	0,971901243
A_19_P00321201	0,248405424	9,902086444	0,321197671	0,753816534	0,971901243
A_33_P3892710	0,161032557	6,908199037	0,321112732	0,753879253	0,971901243
A_23_P255968	0,177625521	8,031851736	0,320957006	0,753994245	0,971901243
A_21_P0000410	-0,174238019	7,195504925	-0,320948271	0,754000695	0,971901243
A_23_P8095	-0,190263925	12,75160063	-0,321196042	0,753817738	0,971901243
A_19_P00800195	-0,204863617	8,085777953	-0,321197002	0,753817029	0,971901243
A_33_P3362371	-0,173230488	9,508478013	-0,320793796	0,754114769	0,971959423
A_23_P200792	0,201711547	13,11018274	0,320684777	0,75419528	0,971974337
A_23_P257538	0,162826464	8,538617508	0,320285786	0,75448996	0,972161377
A_33_P3264672	0,17615398	6,550778844	0,32003235	0,754677159	0,972161377
A_33_P3292478	0,181440302	8,975933995	0,319928156	0,754754127	0,972161377
A_33_P3333146	-0,158258359	6,924715405	-0,319957012	0,754732811	0,972161377
A_24_P16340	-0,189493853	14,66202561	-0,320004187	0,754697963	0,972161377
A_33_P3216517	-0,193500701	8,452848081	-0,320103627	0,754624509	0,972161377
A_23_P325924	0,182498577	8,284138209	0,319524285	0,755052489	0,972368017
A_33_P3366028	-0,227043797	9,620935279	-0,319530279	0,75504806	0,972368017
A_33_P3243832	0,237482088	11,99440795	0,319285977	0,75522856	0,972505934
A_21_P0004341	0,183573836	7,791071874	0,318368908	0,755906261	0,972571314
A_23_P17512	0,232986842	13,64920084	0,31832002	0,755942394	0,972571314
A_23_P31921	0,170931952	7,449444016	0,31823139	0,756007903	0,972571314

A_33_P3220470	0,391116078	10,04782251	0,318116706	0,756092672	0,972571314
A_21_P0014815	0,179582847	8,931967436	0,318080445	0,756119475	0,972571314
A_33_P3300747	0,1672292	7,875190212	0,317446223	0,756588326	0,972571314
A_19_P00800522	0,189845815	8,226383405	0,317331628	0,756673052	0,972571314
A_19_P00320708	0,2268894	10,78988877	0,317230204	0,756748043	0,972571314
A_24_P804667	0,177663077	9,107799354	0,317143132	0,756812424	0,972571314
A_23_P206280	0,262601578	13,43815582	0,317122592	0,756827611	0,972571314
A_21_P0013793	0,185413269	7,037444115	0,316325984	0,757416717	0,972571314
A_33_P3268124	0,190069293	9,296201937	0,31608491	0,757595027	0,972571314
A_23_P345830	0,186293674	10,77565157	0,315541192	0,757997241	0,972571314
A_33_P3344332	0,170261291	14,12445291	0,315163466	0,758276706	0,972571314
A_23_P417200	0,165049885	8,923037073	0,315117047	0,758311052	0,972571314
A_21_P0012390	0,166479417	7,350495772	0,315013532	0,758387647	0,972571314
A_32_P197524	0,174636938	6,963085586	0,314849866	0,758508755	0,972571314
A_33_P3229397	0,185038871	14,22330562	0,314712427	0,75861046	0,972571314
A_23_P218793	0,177661509	7,707123484	0,314672697	0,758639861	0,972571314
A_19_P00318284	0,161816767	8,237295062	0,314164855	0,759015714	0,972571314
A_33_P3306153	0,251837305	9,563965775	0,313798244	0,759287082	0,972571314
A_23_P8108	0,17319729	11,64589602	0,313648037	0,759398276	0,972571314
A_33_P3258593	0,182742881	8,848345385	0,313572694	0,759454053	0,972571314
A_23_P16058	0,158700566	7,599053341	0,313481494	0,75952157	0,972571314
A_23_P337689	0,171558333	10,27974125	0,313408943	0,759575282	0,972571314
A_32_P12327	0,171159967	7,484731148	0,31322407	0,759712158	0,972571314
A_23_P130585	0,17785527	8,32460887	0,313220787	0,759714588	0,972571314
A_33_P3315258	0,184445887	9,784841979	0,313070579	0,759825805	0,972571314
A_23_P166716	0,191613224	12,49856909	0,312934041	0,759926905	0,972571314
A_23_P13364	0,166295724	14,19184761	0,312691739	0,760106329	0,972571314
A_24_P171983	0,216540553	10,27980451	0,312531893	0,760224703	0,972571314
A_33_P3377719	0,160104621	6,911402393	0,311923004	0,760675674	0,972571314
A_33_P3225091	0,157869896	8,638833264	0,311598434	0,760916103	0,972571314
A_33_P3414799	0,208627477	8,979764015	0,311242969	0,761179447	0,972571314
A_24_P943358	0,160108932	6,464653988	0,310905968	0,761429142	0,972571314
A_23_P345674	0,15599623	8,694188836	0,310736503	0,761554715	0,972571314
A_21_P0005115	0,163369351	9,050830053	0,310723262	0,761564527	0,972571314
A_23_P259901	0,184142387	8,166340637	0,310497819	0,76173159	0,972571314
A_33_P3816688	0,201590352	8,284552538	0,310307623	0,761872545	0,972571314
A_24_P406245	0,175824438	9,194887003	0,310215248	0,761941007	0,972571314
A_23_P435833	0,177658511	7,845902209	0,310014088	0,7620901	0,972571314
A_24_P208567	0,270442689	11,89356086	0,309718183	0,762309435	0,972571314
A_32_P93996	0,22392094	8,656243829	0,30946962	0,762493695	0,972571314
A_23_P119907	0,163185799	9,052645393	0,309355638	0,762578194	0,972571314
A_33_P3282261	0,157796543	7,53666261	0,309092617	0,762773196	0,972571314
A_24_P131580	0,180230594	9,346945691	0,309014776	0,762830909	0,972571314
A_23_P33465	0,15874654	14,12471196	0,308891075	0,762922629	0,972571314

A_33_P3231367	0,161863275	9,99742629	0,308766742	0,76301482	0,972571314
A_19_P00317550	0,178543222	11,81857111	0,308668648	0,763087558	0,972571314
A_23_P161918	0,16353899	13,4866811	0,30866607	0,76308947	0,972571314
A_21_P0000247	0,184080869	7,977890416	0,308662123	0,763092397	0,972571314
A_32_P225604	0,171446407	17,07911032	0,308537227	0,763185013	0,972571314
A_33_P3237760	0,160334396	7,520841046	0,308524631	0,763194353	0,972571314
A_19_P00316911	0,152560677	6,687973739	0,308496348	0,763215327	0,972571314
A_21_P0010051	0,16674526	7,108197587	0,308471432	0,763233804	0,972571314
A_24_P84898	0,244680855	10,35294342	0,308379827	0,763301737	0,972571314
A_33_P3253460	0,167830187	9,599183529	0,308314509	0,763350178	0,972571314
A_33_P3386150	-0,176905851	8,344172643	-0,30840605	0,76328229	0,972571314
A_23_P38181	-0,158315299	11,17845182	-0,308445272	0,763253204	0,972571314
A_23_P45059	-0,220479613	8,273825447	-0,308445895	0,763252742	0,972571314
A_24_P48162	-0,191078994	12,52329707	-0,308497526	0,763214453	0,972571314
A_23_P36464	-0,199499098	10,51813011	-0,308500824	0,763212008	0,972571314
A_21_P0000142	-0,161850364	8,670332062	-0,308569632	0,763160982	0,972571314
A_21_P0000125	-0,164270685	7,789818999	-0,308891537	0,762922286	0,972571314
A_23_P215566	-0,183775895	11,1356003	-0,308936263	0,762889123	0,972571314
A_23_P110879	-0,170446426	9,034561895	-0,309205895	0,762689211	0,972571314
A_21_P0008298	-0,15317499	6,490604578	-0,309237527	0,762665759	0,972571314
A_33_P3272399	-0,154619339	7,461285036	-0,309276616	0,762636779	0,972571314
A_23_P19517	-0,164132907	8,93473311	-0,309302792	0,762617372	0,972571314
A_21_P0014098	-0,171553002	9,338139689	-0,309536079	0,762444427	0,972571314
A_21_P0010011	-0,156522685	6,670542693	-0,309914107	0,762164207	0,972571314
A_23_P397937	-0,158897858	6,642314931	-0,310094628	0,762030406	0,972571314
A_33_P3304252	-0,196377691	11,80610064	-0,310117745	0,762013272	0,972571314
A_21_P0002395	-0,174763581	7,480910712	-0,310127341	0,76200616	0,972571314
A_33_P3295148	-0,194942058	12,59912571	-0,310209533	0,761945243	0,972571314
A_23_P37127	-0,166018409	6,37394892	-0,310214966	0,761941216	0,972571314
A_23_P34066	-0,204688275	11,86736611	-0,310414381	0,761793426	0,972571314
A_33_P3311473	-0,190334117	8,082527151	-0,310633216	0,761631253	0,972571314
A_24_P368575	-0,180772317	8,063591247	-0,310774566	0,76152651	0,972571314
A_33_P3223121	-0,246530381	10,45110482	-0,310815642	0,761496073	0,972571314
A_33_P3335966	-0,213245762	11,93861568	-0,310895827	0,761436657	0,972571314
A_33_P3338853	-0,157716474	8,092542817	-0,310936406	0,761406589	0,972571314
A_24_P390060	-0,176344973	8,96772685	-0,311168465	0,761234647	0,972571314
A_23_P64204	-0,238270874	10,14217929	-0,311294298	0,761141418	0,972571314
A_23_P2492	-0,174950567	8,107622578	-0,311486879	0,760998744	0,972571314
A_24_P402690	-0,174834884	14,13747237	-0,311495869	0,760992084	0,972571314
A_24_P465772	-0,25747519	13,86744548	-0,311792469	0,760772366	0,972571314
A_21_P0000856	-0,190723526	9,705015781	-0,311797736	0,760768464	0,972571314
A_23_P501933	-0,162581347	6,952263351	-0,312268894	0,76041948	0,972571314
A_33_P3407601	-0,188934787	12,53003215	-0,312620361	0,760159187	0,972571314
A_23_P26468	-0,178051742	11,28645345	-0,312896756	0,759954513	0,972571314

A_23_P98744	-0,162267335	6,860738239	-0,312981606	0,759891684	0,972571314
A_33_P3320272	-0,184980847	8,128802073	-0,313093599	0,75980876	0,972571314
A_33_P3231888	-0,167625132	10,50281723	-0,313114887	0,759792998	0,972571314
A_33_P3307267	-0,234313684	7,490944465	-0,313202308	0,75972827	0,972571314
A_23_P48099	-0,225008277	11,16039945	-0,31362474	0,759415523	0,972571314
A_24_P16856	-0,172441042	7,073979953	-0,313734216	0,759334479	0,972571314
A_23_P52738	-0,187541076	11,38156059	-0,313906083	0,759207256	0,972571314
A_33_P3312466	-0,157356814	6,508333335	-0,314076254	0,759081294	0,972571314
A_33_P3338121	-0,185139812	8,87325654	-0,314471573	0,758788705	0,972571314
A_33_P3254666	-0,178948461	8,569763308	-0,314584339	0,75870525	0,972571314
A_33_P3411741	-0,157895584	8,10966398	-0,314951625	0,758433455	0,972571314
A_32_P326819	-0,171141064	8,322407017	-0,315689328	0,75788765	0,972571314
A_24_P396753	-0,161519337	8,681914589	-0,315712247	0,757870695	0,972571314
A_23_P106562	-0,174723958	8,775732636	-0,31582244	0,757789179	0,972571314
A_21_P0007409	-0,180174566	7,282810595	-0,315832884	0,757781453	0,972571314
A_33_P3538279	-0,176108383	9,063009646	-0,31610332	0,75758141	0,972571314
A_33_P3436646	-0,239450025	9,509363616	-0,316349838	0,757399074	0,972571314
A_33_P3322654	-0,168975139	15,31991695	-0,316418563	0,757348245	0,972571314
A_33_P3777165	-0,168217813	6,792039681	-0,316536515	0,75726101	0,972571314
A_24_P115971	-0,213873522	10,49225777	-0,316598385	0,757215253	0,972571314
A_23_P353005	-0,167620069	9,086689511	-0,316833872	0,757041106	0,972571314
A_23_P124122	-0,313552831	11,58157701	-0,318112296	0,756095931	0,972571314
A_21_P0014590	-0,169820566	7,602226272	-0,318463796	0,75583613	0,972571314
A_33_P3247255	-0,193604354	8,1952346	-0,318473506	0,755828954	0,972571314
A_21_P0012085	-0,175234234	7,390570463	-0,31862641	0,755715949	0,972571314
A_23_P105044	-0,191614348	12,12338436	-0,319018386	0,755426284	0,972571314
A_21_P0000288	0,1558253	8,396818591	0,307860533	0,763686878	0,972702656
A_33_P3271171	0,172290598	8,159764324	0,307210679	0,764168945	0,972702656
A_32_P193646	0,189223803	11,32133075	0,30714305	0,764219118	0,972702656
A_23_P389141	0,159255715	7,078270104	0,307074342	0,764270093	0,972702656
A_21_P0001726	0,161773888	7,220591151	0,307029381	0,764303451	0,972702656
A_33_P3226643	0,180229063	7,945049789	0,306799194	0,764474241	0,972702656
A_23_P130531	0,161017993	12,05186115	0,306548226	0,764660464	0,972702656
A_21_P0001216	0,181282785	7,44550293	0,306336088	0,764817886	0,972702656
A_23_P254498	0,163208266	13,19631144	0,306220022	0,764904021	0,972702656
A_32_P14762	0,149707368	6,606326123	0,306209741	0,76491165	0,972702656
A_33_P3365524	0,154841296	9,896635291	0,306146279	0,764958748	0,972702656
A_33_P3337491	0,174140562	11,95338878	0,306102984	0,764990879	0,972702656
A_33_P3293381	0,178703727	7,46554639	0,305894306	0,765145757	0,972702656
A_21_P0006506	0,166342769	7,056754381	0,305876044	0,765159311	0,972702656
A_23_P212617	0,265872309	13,19438042	0,305387079	0,765522257	0,972702656
A_24_P282043	0,156348419	7,266165595	0,305301908	0,765585484	0,972702656
A_23_P89550	0,169353466	8,051698921	0,305180261	0,765675791	0,972702656
A_33_P3402489	0,168908676	7,089032637	0,304884237	0,765895564	0,972702656

A_24_P135753	0,152487204	9,812629539	0,304671533	0,766053494	0,972702656
A_24_P235305	0,158280063	7,596582903	0,304233587	0,766378696	0,972702656
A_32_P205553	0,153648841	13,05618581	0,304134331	0,766452405	0,972702656
A_21_P0007505	0,161529725	6,80670194	0,303895249	0,766629964	0,972702656
A_24_P785293	0,219233457	13,74228411	0,303841099	0,766670182	0,972702656
A_23_P312344	0,207598135	9,188708906	0,30368461	0,766786411	0,972702656
A_33_P3220565	0,154429444	8,248398907	0,30353514	0,766897432	0,972702656
A_19_P00328886	0,155520339	8,747984876	0,30345251	0,766958809	0,972702656
A_33_P3251322	0,188847365	9,394040534	0,303288616	0,767080554	0,972702656
A_24_P134319	0,156196069	11,95002536	0,303204936	0,767142716	0,972702656
A_21_P0000491	0,278467515	8,616199989	0,302998997	0,767295706	0,972702656
A_33_P3349325	0,192034688	8,300817099	0,302759906	0,767473337	0,972702656
A_19_P00812587	0,227431118	14,48433472	0,30266687	0,767542462	0,972702656
A_23_P70991	0,238766535	12,23898964	0,302525395	0,767647579	0,972702656
A_33_P3281358	0,157454995	8,01945247	0,301961942	0,76806628	0,972702656
A_19_P00316105	0,153797348	9,473094028	0,30181641	0,768174438	0,972702656
A_23_P169409	0,158456243	13,7152252	0,301776873	0,768203822	0,972702656
A_33_P3280003	0,238740405	10,37123636	0,301616494	0,76832302	0,972702656
A_23_P20035	0,175203265	8,485349059	0,301554244	0,768369288	0,972702656
A_23_P106844	0,155506567	14,015109	0,301279638	0,768573403	0,972702656
A_23_P99063	0,26038639	9,143608791	0,300800009	0,768929953	0,972702656
A_23_P8055	0,180056448	10,62635249	0,300552443	0,769114013	0,972702656
A_21_P0009727	0,19984251	8,516439313	0,300284831	0,769312993	0,972702656
A_33_P3333507	0,214589593	8,835603978	0,300123116	0,769433243	0,972702656
A_23_P356616	0,173986034	8,655292919	0,299900096	0,769599089	0,972702656
A_21_P0006943	0,148528547	6,313246604	0,299538804	0,769867785	0,972702656
A_33_P3253628	0,161701269	7,242853374	0,299319639	0,770030794	0,972702656
A_33_P3353190	0,149775984	6,405877021	0,29912333	0,770176815	0,972702656
A_24_P201381	0,197199415	7,924995337	0,299009222	0,770261695	0,972702656
A_23_P34644	0,160071161	11,27425088	0,298934673	0,770317151	0,972702656
A_23_P256855	0,179066089	9,97116106	0,298648586	0,77052998	0,972702656
A_23_P115149	0,192303235	10,36374509	0,298486632	0,770650471	0,972702656
A_33_P3407985	0,147183734	6,970649647	0,29817899	0,770879369	0,972702656
A_23_P208493	0,213751927	11,68053385	0,298131911	0,7709144	0,972702656
A_21_P0006157	0,188126998	7,292120528	0,298098116	0,770939546	0,972702656
A_23_P154675	0,18597831	12,64704459	0,297779883	0,771176355	0,972702656
A_19_P00802201	0,185931363	12,30269664	0,297718144	0,771222299	0,972702656
A_23_P427114	0,159264883	7,752206586	0,297702172	0,771234186	0,972702656
A_33_P3375910	0,165930685	7,646477178	0,297391229	0,771465598	0,972702656
A_21_P0007761	0,157570264	9,599696787	0,297364671	0,771485364	0,972702656
A_23_P328206	0,172107993	8,414809714	0,296882676	0,771844127	0,972702656
A_23_P152284	0,199331165	12,8100751	0,296816386	0,771893473	0,972702656
A_32_P193288	0,196423322	16,02467035	0,296709186	0,771973274	0,972702656
A_23_P404536	0,175710493	11,29512328	0,296661431	0,772008825	0,972702656

A_21_P0009450	0,228033273	8,864944412	0,296649167	0,772017955	0,972702656
A_33_P3297155	0,158025326	7,615091043	0,296641857	0,772023397	0,972702656
A_33_P3384548	0,148419924	7,691362902	0,296581242	0,772068521	0,972702656
A_23_P165668	0,155999406	7,640083031	0,296539814	0,772099363	0,972702656
A_23_P213908	0,148955066	11,51561962	0,296449985	0,772166239	0,972702656
A_23_P309515	0,156876622	8,399200855	0,296401247	0,772202524	0,972702656
A_33_P3267230	0,20209793	11,0999943	0,296321685	0,772261759	0,972702656
A_21_P0005034	0,210664096	8,878557994	0,2962706	0,772299793	0,972702656
A_32_P75425	0,155105105	12,15833659	0,296246821	0,772317497	0,972702656
A_33_P3287815	0,191962374	11,87432191	0,296219098	0,772338139	0,972702656
A_24_P48495	0,148622108	6,560113884	0,296208213	0,772346243	0,972702656
A_23_P7853	0,151140186	6,582949838	0,296201096	0,772351541	0,972702656
A_33_P3280666	0,169732247	8,606553188	0,296200944	0,772351655	0,972702656
A_33_P3393986	0,150369244	7,033449361	0,296068277	0,772450434	0,972702656
A_23_P46182	0,158511791	18,20520559	0,296055545	0,772459914	0,972702656
A_33_P3415255	0,153376984	6,809226471	0,29589723	0,772577796	0,972702656
A_33_P3378051	0,160317897	6,991709717	0,295603713	0,772796365	0,972702656
A_24_P221366	0,164035147	16,66253773	0,295535537	0,772847136	0,972702656
A_33_P3359781	0,160031353	7,158363583	0,295517425	0,772860624	0,972702656
A_21_P0006005	0,176935632	7,89045962	0,295511752	0,772864848	0,972702656
A_33_P3329597	0,158905013	12,05563847	0,295388639	0,772956534	0,972702656
A_19_P00322299	0,197835765	9,508740339	0,295036546	0,773218767	0,972702656
A_33_P3398634	0,180400044	11,95325164	0,295004967	0,773242288	0,972702656
A_33_P3355185	0,157488809	11,23398024	0,294841391	0,773364128	0,972702656
A_21_P0011707	0,156980891	7,678853871	0,294719053	0,773455256	0,972702656
A_23_P324340	0,161042117	8,232090704	0,294710915	0,773461318	0,972702656
A_33_P3362153	-0,178385995	12,9092826	-0,294624169	0,773525936	0,972702656
A_19_P00319140	-0,14906594	6,724897491	-0,294920024	0,773305557	0,972702656
A_33_P3729002	-0,157592015	6,665993442	-0,294931689	0,773296868	0,972702656
A_33_P3262890	-0,215935076	15,76917352	-0,294992368	0,773251672	0,972702656
A_33_P3323068	-0,160739517	7,114437486	-0,295414144	0,77293754	0,972702656
A_23_P315964	-0,149574499	6,380662209	-0,295545454	0,77283975	0,972702656
A_24_P297537	-0,158070112	7,7985296	-0,295586113	0,772809471	0,972702656
A_33_P3309607	-0,150936981	6,946675087	-0,295672236	0,772745337	0,972702656
A_23_P390148	-0,176151826	7,327806897	-0,296009203	0,77249442	0,972702656
A_21_P0010348	-0,169638765	10,39526725	-0,296240082	0,772322515	0,972702656
A_21_P0008545	-0,145742414	6,877153675	-0,296679458	0,771995405	0,972702656
A_33_P3308626	-0,169757659	11,25136534	-0,296690305	0,77198733	0,972702656
A_33_P3354137	-0,169344289	16,99700899	-0,296703209	0,771977724	0,972702656
A_33_P3365611	-0,172940215	7,778262933	-0,296715982	0,771968215	0,972702656
A_23_P431346	-0,151937337	7,812020219	-0,297614696	0,771299285	0,972702656
A_23_P209700	-0,149900356	7,129500319	-0,29783099	0,771138322	0,972702656
A_24_P148026	-0,150559013	7,180606501	-0,297903554	0,771084324	0,972702656
A_21_P0007554	-0,161928463	6,952744545	-0,298105277	0,770934218	0,972702656

A_21_P0004067	-0,149763942	6,595308672	-0,298259863	0,770819194	0,972702656
A_23_P144453	-0,223330222	13,38374945	-0,298599366	0,770566598	0,972702656
A_33_P3271490	-0,151217328	10,53035831	-0,298819792	0,770402612	0,972702656
A_23_P318646	-0,209158701	15,56897338	-0,298891806	0,77034904	0,972702656
A_21_P0013322	-0,158993542	7,515425927	-0,298900059	0,770342901	0,972702656
A_23_P121222	-0,158454685	9,513788314	-0,298946128	0,77030863	0,972702656
A_23_P78782	-0,174940653	7,819329673	-0,299033084	0,770243945	0,972702656
A_33_P3373358	-0,151935252	6,910415381	-0,299302112	0,770043831	0,972702656
A_33_P3321130	-0,189452454	12,3231594	-0,299600258	0,769822079	0,972702656
A_33_P3297415	-0,15130076	6,927976983	-0,299797566	0,769675338	0,972702656
A_33_P3247205	-0,176158996	9,992089426	-0,300182994	0,769388717	0,972702656
A_23_P259692	-0,201068366	10,28385532	-0,300473074	0,769173025	0,972702656
A_21_P0014061	-0,170121173	8,389923157	-0,300857834	0,768886964	0,972702656
A_23_P252681	-0,183913194	10,78126521	-0,300874727	0,768874406	0,972702656
A_23_P207842	-0,166782069	8,302385162	-0,301003673	0,768778545	0,972702656
A_24_P358164	-0,234919802	15,3790528	-0,301437341	0,76845618	0,972702656
A_33_P3245449	-0,190615234	6,959389292	-0,301623588	0,768317748	0,972702656
A_21_P0009181	-0,210884505	8,068355067	-0,301814416	0,76817592	0,972702656
A_24_P274270	-0,225810793	11,04629658	-0,301853955	0,768146534	0,972702656
A_23_P82099	-0,148284627	6,57548927	-0,302163239	0,767916688	0,972702656
A_23_P359636	-0,173212712	9,516285472	-0,302206086	0,767884848	0,972702656
A_23_P144311	-0,205989228	11,70535441	-0,303444725	0,766964592	0,972702656
A_21_P0003267	-0,150859253	6,580242105	-0,303584729	0,766860598	0,972702656
A_23_P56680	-0,201237042	16,20274886	-0,303840553	0,766670588	0,972702656
A_24_P678418	-0,171121771	9,121558572	-0,304419712	0,76624048	0,972702656
A_33_P3395876	-0,170813321	8,110636697	-0,30460066	0,766106118	0,972702656
A_23_P39453	-0,205352071	10,98145541	-0,305044324	0,76577671	0,972702656
A_33_P3303857	-0,179681166	7,505122911	-0,30556356	0,765391253	0,972702656
A_24_P344295	-0,170135295	9,043453816	-0,305625765	0,76534508	0,972702656
A_33_P3257817	-0,178291228	14,66946924	-0,305659487	0,765320049	0,972702656
A_23_P45496	-0,19762276	13,2578379	-0,305811558	0,765207174	0,972702656
A_23_P209538	-0,183217104	8,768568259	-0,306035414	0,765041028	0,972702656
A_33_P3266479	-0,168105001	6,52624632	-0,306382504	0,764783441	0,972702656
A_33_P3400547	-0,164980471	10,81952319	-0,306702521	0,764545972	0,972702656
A_23_P413760	-0,168864091	7,28892426	-0,306718046	0,764534452	0,972702656
A_33_P3806721	-0,171176868	9,63224837	-0,306789588	0,764481368	0,972702656
A_23_P399897	-0,151326387	6,754464572	-0,306790097	0,76448099	0,972702656
A_23_P139547	-0,233586861	13,62157533	-0,306966569	0,764350054	0,972702656
A_33_P3358307	-0,171027505	8,084744774	-0,307030233	0,764302819	0,972702656
A_33_P3318960	-0,202311339	12,43180152	-0,308010846	0,76357539	0,972702656
A_23_P200386	0,157959524	13,53904898	0,294268188	0,773791129	0,972862594
A_33_P3260134	-0,158003748	7,606171302	-0,29431714	0,77375466	0,972862594
A_33_P3282634	-0,155503991	7,126716867	-0,294147872	0,773880768	0,972888537
A_24_P262407	0,15792765	8,48623242	0,294021904	0,77397462	0,972919772

A_33_P3410806	-0,172216971	7,065344076	-0,293705237	0,77421057	0,973129609
A_23_P16562	0,153415491	11,28262958	0,29361009	0,774281469	0,973131969
A_21_P0001026	0,143108975	6,358678691	0,292925974	0,774791302	0,973415483
A_21_P0000744	0,167649276	13,24097827	0,292542768	0,775076931	0,973415483
A_32_P203013	0,178445609	14,57070491	0,292270757	0,775279701	0,973415483
A_24_P655268	0,147467847	10,39178411	0,291584847	0,775791087	0,973415483
A_33_P3396326	0,145937723	6,641011009	0,291096426	0,776155301	0,973415483
A_21_P0002616	0,183599275	7,251183659	0,291057799	0,776184108	0,973415483
A_33_P3385266	0,16068747	7,175023919	0,290607934	0,776519624	0,973415483
A_23_P99397	0,151389084	10,2941234	0,290489085	0,776608271	0,973415483
A_33_P3390753	0,148184238	6,38591974	0,290475604	0,776618327	0,973415483
A_23_P121686	0,146678394	12,63691531	0,290448348	0,776638657	0,973415483
A_21_P0004402	0,15955884	8,106041611	0,290206726	0,776818891	0,973415483
A_33_P3366132	0,181484752	7,483248973	0,289998853	0,776973962	0,973415483
A_24_P172481	0,180996941	10,52100439	0,289906105	0,777043153	0,973415483
A_33_P3320301	0,151267195	14,66986338	0,289852516	0,777083132	0,973415483
A_23_P56922	0,205255118	15,38499921	0,289714219	0,777186311	0,973415483
A_33_P3242548	0,158122969	7,168393848	0,289698819	0,7771978	0,973415483
A_23_P37514	0,157275368	13,50371332	0,289680971	0,777211117	0,973415483
A_19_P00315780	0,160756345	7,637776057	0,289568943	0,7772947	0,973415483
A_23_P502654	0,203708603	9,531157422	0,289251148	0,777531822	0,973415483
A_21_P0012221	0,169182397	6,914617203	0,289238254	0,777541443	0,973415483
A_24_P142269	0,189388496	8,559985186	0,289002032	0,777717716	0,973415483
A_23_P319719	0,163189807	8,133654671	0,288941306	0,777763032	0,973415483
A_24_P237389	0,159572474	10,41061366	0,288630859	0,777994718	0,973415483
A_33_P3238182	0,145898349	6,471924409	0,288606897	0,778012601	0,973415483
A_24_P142473	0,152765665	10,20944671	0,288570625	0,778039672	0,973415483
A_33_P3240328	0,147443195	6,605302641	0,288233326	0,778291426	0,973415483
A_21_P0005035	0,217881118	8,978206023	0,288150464	0,778353276	0,973415483
A_23_P406227	0,225740111	10,72338163	0,287598507	0,778765315	0,973415483
A_19_P00810227	0,17612913	7,250829968	0,287290879	0,778994992	0,973415483
A_19_P00321306	0,209788756	8,463853025	0,287090535	0,779144581	0,973415483
A_21_P0005590	0,148584874	6,7483746	0,287083581	0,779149774	0,973415483
A_33_P3263603	0,146145141	8,090083593	0,287060343	0,779167125	0,973415483
A_33_P3231814	0,153482526	7,634295399	0,286960845	0,779241421	0,973415483
A_23_P435610	0,159060636	8,670657693	0,286947202	0,779251608	0,973415483
A_33_P3405168	0,148497105	7,769254406	0,28656514	0,779536919	0,973415483
A_23_P255569	0,163928485	11,45317725	0,286547645	0,779549983	0,973415483
A_23_P77493	0,208456938	10,50132952	0,286501097	0,779584746	0,973415483
A_23_P90542	0,146474619	6,533776696	0,286452355	0,779621148	0,973415483
A_24_P405190	0,170785828	13,1359685	0,286236181	0,7797826	0,973415483
A_23_P99927	0,189641435	13,50776344	0,285897487	0,780035578	0,973415483
A_24_P107291	0,145432648	8,69883793	0,285884526	0,78004526	0,973415483
A_32_P233938	0,178418009	8,737651145	0,285851948	0,780069594	0,973415483

A_33_P3329916	0,142913513	17,26839851	0,285748611	0,780146785	0,973415483
A_24_P341019	0,182163419	10,40875443	0,285478214	0,780348779	0,973415483
A_23_P55127	0,154841302	10,24677055	0,285172151	0,780577437	0,973415483
A_21_P0014534	0,146407297	7,714134693	0,28508864	0,780639832	0,973415483
A_23_P109470	0,191674148	9,937460958	0,284988768	0,780714451	0,973415483
A_24_P172990	0,15968856	10,40011759	0,284332537	0,781204818	0,973415483
A_33_P3420078	0,141609772	6,933994334	0,284281956	0,781242618	0,973415483
A_33_P3334743	0,229047457	11,05885612	0,284148771	0,781342154	0,973415483
A_24_P807031	-0,14711096	8,115244648	-0,28416336	0,781331251	0,973415483
A_24_P280029	-0,211765655	10,32247799	-0,284360368	0,781184019	0,973415483
A_21_P0010980	-0,237569697	13,13829656	-0,28445104	0,78111626	0,973415483
A_21_P0004621	-0,206511419	9,008269268	-0,284526173	0,781060113	0,973415483
A_32_P94	-0,143429732	6,951474329	-0,284550312	0,781042075	0,973415483
A_23_P168490	-0,153000479	9,824736215	-0,284562724	0,7810328	0,973415483
A_23_P90497	-0,155086003	7,978558948	-0,284565912	0,781030418	0,973415483
A_23_P62588	-0,146881832	7,234884783	-0,284609446	0,780997886	0,973415483
A_24_P49371	-0,198169205	9,74221496	-0,284793472	0,780860375	0,973415483
A_23_P49975	-0,168253753	13,95489741	-0,284914442	0,780769987	0,973415483
A_24_P117410	-0,213300767	10,98043857	-0,285047064	0,780670895	0,973415483
A_23_P256455	-0,189676546	13,8661055	-0,285135121	0,780605103	0,973415483
A_33_P3316310	-0,148161003	9,746347667	-0,285173842	0,780576174	0,973415483
A_23_P25674	-0,193915578	10,43910818	-0,285302928	0,780479732	0,973415483
A_23_P9255	-0,156193051	13,33803947	-0,285333617	0,780456804	0,973415483
A_33_P3363665	-0,183290687	9,683903367	-0,285639455	0,780228326	0,973415483
A_32_P86150	-0,154943919	10,06079647	-0,285926197	0,780014133	0,973415483
A_21_P0014651	-0,150696556	8,192674557	-0,285981961	0,77997248	0,973415483
A_33_P3368830	-0,155914674	8,869637727	-0,286258471	0,779765952	0,973415483
A_33_P3385988	-0,194795252	11,25899901	-0,286314803	0,779723879	0,973415483
A_24_P144881	-0,156771	7,848481644	-0,286447807	0,779624545	0,973415483
A_21_P0002359	-0,16081447	6,766105811	-0,286451456	0,77962182	0,973415483
A_32_P70158	-0,246632814	11,9739484	-0,286464838	0,779611826	0,973415483
A_24_P58529	-0,233958235	13,96939823	-0,28648981	0,779593176	0,973415483
A_33_P3220376	-0,151775456	7,828200927	-0,286556403	0,779543443	0,973415483
A_23_P420256	-0,195321148	10,14835532	-0,286671195	0,779457717	0,973415483
A_33_P3325120	-0,147248599	7,35138611	-0,286839715	0,779331872	0,973415483
A_21_P0001080	-0,160962448	8,286223573	-0,287421778	0,778897259	0,973415483
A_23_P4536	-0,166298943	8,955831967	-0,287535034	0,778812703	0,973415483
A_33_P3686706	-0,154095463	6,933407229	-0,287629499	0,778742178	0,973415483
A_33_P3404014	-0,149330169	7,16144651	-0,287695556	0,778692863	0,973415483
A_33_P3316088	-0,140838112	6,932952968	-0,287742065	0,778658141	0,973415483
A_33_P3382303	-0,157275168	9,79373009	-0,288200923	0,778315613	0,973415483
A_23_P63751	-0,245343662	11,83410732	-0,288249698	0,778279206	0,973415483
A_33_P3288589	-0,183614493	8,166133327	-0,288293487	0,778246521	0,973415483
A_19_P00320288	-0,161780419	7,210309392	-0,288660372	0,777972691	0,973415483

A_23_P326080	-0,241384133	8,602102586	-0,289112998	0,77763491	0,973415483
A_33_P3338440	-0,156401766	7,424791094	-0,289202178	0,777568363	0,973415483
A_33_P3217213	-0,162201877	10,09523208	-0,289677487	0,777213716	0,973415483
A_23_P418373	-0,152405977	11,51008217	-0,289840324	0,777092228	0,973415483
A_33_P3256033	-0,171322252	9,933917539	-0,290271775	0,776770368	0,973415483
A_23_P127915	-0,149211394	6,781009753	-0,290649333	0,776488746	0,973415483
A_23_P104607	-0,260215745	11,57797661	-0,29086952	0,776324523	0,973415483
A_24_P388940	-0,195821857	8,617571946	-0,290914805	0,77629075	0,973415483
A_24_P152356	-0,167531798	12,63391518	-0,291428432	0,775907719	0,973415483
A_24_P15640	-0,176371979	10,32404791	-0,291437167	0,775901206	0,973415483
A_33_P3210379	-0,168679051	12,85018332	-0,291674488	0,775724248	0,973415483
A_33_P3219279	-0,179065566	9,739222079	-0,292229824	0,775310216	0,973415483
A_33_P3209433	-0,181674745	8,979193044	-0,29245765	0,77514038	0,973415483
A_23_P27005	-0,162924593	9,604657076	-0,283786835	0,781612667	0,973494434
A_24_P89426	-0,159015163	8,810651551	-0,283848424	0,781566633	0,973494434
A_33_P3405995	-0,166130046	7,940169264	-0,283875973	0,781546042	0,973494434
A_21_P0012719	-0,144292832	6,630961474	-0,283547541	0,781791533	0,973545206
A_23_P408996	-0,146515139	12,16116076	-0,283586524	0,781762393	0,973545206
A_33_P3372647	0,140937382	7,125966143	0,283316234	0,781964441	0,973616086
A_21_P0003276	0,204716504	9,088465885	0,283248825	0,782014833	0,973616086
A_33_P3412687	0,15687	8,759318872	0,283034147	0,782175325	0,973616086
A_23_P69683	0,142792609	9,361272415	0,282581134	0,78251403	0,973616086
A_23_P16817	0,176742893	11,78616229	0,282580525	0,782514486	0,973616086
A_33_P3278152	-0,147175608	8,260124454	-0,282547727	0,782539009	0,973616086
A_33_P3312519	-0,142121134	6,730880911	-0,282723471	0,782407604	0,973616086
A_21_P0001673	-0,16286646	10,7397149	-0,282797673	0,782352125	0,973616086
A_33_P3279545	-0,140000946	8,843571952	-0,282813977	0,782339935	0,973616086
A_19_P00800244	-0,141153028	8,31287479	-0,283067885	0,782150102	0,973616086
A_33_P3404032	0,149470816	6,969147618	0,282261705	0,782752885	0,973647096
A_21_P0010834	0,176495927	7,07000483	0,281832113	0,783074154	0,973647096
A_24_P268993	0,14234864	9,157912594	0,281756811	0,783130472	0,973647096
A_23_P148057	0,153030746	10,71599398	0,281571821	0,783268831	0,973647096
A_21_P0011041	0,165649372	17,18855171	0,281552935	0,783282957	0,973647096
A_23_P341325	-0,191990468	14,11744795	-0,281498638	0,78332357	0,973647096
A_23_P11461	-0,153471514	12,64203675	-0,281585091	0,783258906	0,973647096
A_24_P306964	-0,163309312	9,57430405	-0,28164647	0,783212999	0,973647096
A_33_P3858476	-0,161817862	7,273540999	-0,28184126	0,783067312	0,973647096
A_23_P381017	-0,150445909	7,318181736	-0,281954913	0,782982314	0,973647096
A_23_P146444	-0,176766579	11,09488063	-0,282332279	0,782700112	0,973647096
A_33_P3353372	0,138369968	6,478405637	0,281213931	0,783536531	0,973803272
A_23_P130040	0,212531577	10,85812864	0,281123711	0,783604019	0,973803272
A_33_P3211968	0,144252451	6,557837788	0,281046057	0,783662109	0,973803272
A_21_P0014709	0,212587498	10,08037945	0,2809113	0,783762919	0,973803272
A_21_P0000941	-0,161024111	7,756862616	-0,280869002	0,783794562	0,973803272

A_33_P3287388	0,224318012	11,72657133	0,280613856	0,783985447	0,973868795
A_33_P3387170	-0,152835628	8,554643383	-0,280623623	0,78397814	0,973868795
A_33_P3317211	0,163398606	8,465650607	0,280513227	0,784060736	0,973876515
A_33_P3382730	0,154890383	9,702410958	0,280070997	0,784391631	0,974058392
A_21_P0011960	0,145204725	7,00791969	0,279475879	0,784836994	0,974058392
A_24_P179183	0,149026921	10,81120749	0,279349506	0,784931576	0,974058392
A_32_P18159	0,16891244	7,694361981	0,279283822	0,784980738	0,974058392
A_33_P3369213	0,158197702	7,452771536	0,279140865	0,78508774	0,974058392
A_23_P127385	0,176801182	8,981786493	0,278652513	0,785453299	0,974058392
A_21_P0002325	0,151387954	7,213231258	0,278528229	0,785546342	0,974058392
A_23_P17481	0,289337089	7,92400968	0,278445896	0,78560798	0,974058392
A_21_P0011304	0,141154196	7,024820997	0,278422776	0,785625289	0,974058392
A_33_P3214096	0,147163451	7,553761778	0,278356491	0,785674915	0,974058392
A_23_P309246	0,144252807	8,021408802	0,278231459	0,785768526	0,974058392
A_23_P122896	0,237238154	9,330157706	0,278206203	0,785787435	0,974058392
A_33_P3238920	0,141562393	8,373724359	0,278121927	0,785850534	0,974058392
A_33_P3211608	0,185161894	8,680799491	0,277903916	0,786013771	0,974058392
A_33_P3433873	0,158186983	9,827035622	0,277749834	0,786129147	0,974058392
A_33_P3333805	0,140572651	7,857000059	0,277666213	0,786191765	0,974058392
A_33_P3367795	0,161071303	8,938372121	0,277144232	0,786582673	0,974058392
A_24_P67534	0,14668082	9,302512077	0,27713608	0,786588778	0,974058392
A_33_P3284029	0,184945165	11,90348931	0,277125916	0,786596391	0,974058392
A_21_P0012395	0,204921588	7,41559818	0,276831754	0,786816714	0,974058392
A_23_P215214	0,151496177	7,621446938	0,27674244	0,786883614	0,974058392
A_32_P182662	0,149621608	7,924149653	0,276718482	0,786901559	0,974058392
A_23_P382794	-0,140175672	6,697710643	-0,276921861	0,786749223	0,974058392
A_33_P3429242	-0,138385037	7,020293014	-0,276964214	0,786717501	0,974058392
A_24_P67806	-0,181515469	8,265333084	-0,276977541	0,78670752	0,974058392
A_32_P150300	-0,140205281	7,333066375	-0,277064306	0,786642534	0,974058392
A_33_P3401826	-0,153964702	12,69104631	-0,277117272	0,786602864	0,974058392
A_21_P0008341	-0,149841139	6,37940351	-0,277184684	0,786552376	0,974058392
A_24_P377269	-0,150669777	13,95004066	-0,277200307	0,786540676	0,974058392
A_33_P3272352	-0,231881869	11,80773309	-0,277513586	0,78630606	0,974058392
A_33_P3323453	-0,191100863	10,16004165	-0,278354269	0,785676578	0,974058392
A_23_P404162	-0,156227184	7,129613103	-0,278560081	0,785522496	0,974058392
A_33_P3269110	-0,233045286	9,876953371	-0,278874057	0,785287454	0,974058392
A_21_P0012185	-0,173649542	7,795307454	-0,279100217	0,785118165	0,974058392
A_23_P353035	-0,20740914	13,37194481	-0,279699535	0,784669609	0,974058392
A_21_P0013129	-0,276820292	9,061164035	-0,279776185	0,784612247	0,974058392
A_33_P3319810	-0,140316789	6,652506478	-0,279803881	0,78459152	0,974058392
A_23_P149892	-0,164801277	10,75199174	-0,280000916	0,784444073	0,974058392
A_33_P3287661	-0,169978598	13,28168758	-0,280050164	0,784407221	0,974058392
A_23_P215491	-0,153873158	10,66008917	-0,276467619	0,787089475	0,974205469
A_33_P3223082	0,148811221	8,910742888	0,276348442	0,787178752	0,974230444

A_33_P3297921	0,184741186	11,92294188	0,276127671	0,787344143	0,974265016
A_33_P3386453	-0,142144609	6,870900962	-0,276126675	0,787344889	0,974265016
A_32_P158355	0,163358259	9,259453315	0,275930029	0,787492216	0,974276304
A_33_P3253804	-0,170745	14,18323048	-0,275969836	0,787462393	0,974276304
A_33_P3213997	0,164505164	13,30776372	0,275580507	0,7877541	0,974343807
A_24_P188377	-0,173737156	12,9984226	-0,275610797	0,787731404	0,974343807
A_23_P129476	-0,181117845	11,07029493	-0,275704946	0,78766086	0,974343807
A_24_P287974	-0,143352203	7,786566309	-0,275177938	0,788055764	0,974545936
A_21_P0011049	-0,17474561	8,030233534	-0,275189037	0,788047446	0,974545936
A_33_P3630129	0,162600332	7,811523775	0,274914187	0,788253424	0,974655019
A_24_P330112	0,140583881	7,01459992	0,274875748	0,788282232	0,974655019
A_33_P3255741	-0,141206334	8,672393222	-0,274688221	0,78842278	0,974743316
A_23_P500130	-0,25908604	10,59740217	-0,274395244	0,788642375	0,974929316
A_21_P0010602	0,147098704	7,359671728	0,274262056	0,78874221	0,974967247
A_23_P210719	0,137974727	10,12508669	0,274054412	0,788897864	0,975074163
A_23_P130113	-0,281037091	11,5704063	-0,273656054	0,789196506	0,975272289
A_23_P126689	-0,162350472	8,469488067	-0,27372387	0,789145663	0,975272289
A_23_P251259	0,161897735	8,52021822	0,273525228	0,789294593	0,975301245
A_33_P3378880	0,18732514	9,421961222	0,273303599	0,789460766	0,975301245
A_32_P183609	0,139449831	9,311521738	0,273222723	0,789521408	0,975301245
A_24_P349466	0,178793758	10,4614486	0,272802429	0,789836574	0,975301245
A_24_P256155	0,158507371	9,041343748	0,272729542	0,789891234	0,975301245
A_33_P3420167	0,148745964	14,06983809	0,272688625	0,789921919	0,975301245
A_24_P309415	0,146005404	13,7350317	0,272529094	0,790041561	0,975301245
A_33_P3348061	0,20616926	7,793637281	0,2724634	0,79009083	0,975301245
A_33_P3411991	0,192388441	9,268510547	0,272462081	0,790091819	0,975301245
A_23_P160618	0,151106095	11,29314227	0,272425553	0,790119216	0,975301245
A_21_P0004871	-0,139266715	10,00211022	-0,272610887	0,789980219	0,975301245
A_24_P393461	-0,198470243	11,87894209	-0,272861256	0,789792459	0,975301245
A_33_P3210223	-0,143208972	7,02417399	-0,273261275	0,789492501	0,975301245
A_23_P140675	0,199393181	9,213023384	0,272172318	0,790309149	0,975344699
A_24_P188941	0,153420114	16,51619429	0,272046757	0,790403328	0,975344699
A_33_P3292844	0,138221147	8,577398891	0,272009309	0,790431418	0,975344699
A_19_P00317242	0,176829512	9,780333176	0,271771884	0,790609515	0,975344699
A_23_P65768	0,159902857	12,1409574	0,271642021	0,790706933	0,975344699
A_23_P29994	0,154261711	12,84692045	0,271562942	0,790766256	0,975344699
A_23_P216756	0,200834955	7,249966761	0,270336067	0,791686812	0,975344699
A_33_P3330991	0,155039471	7,751589406	0,270107214	0,791858563	0,975344699
A_21_P0001018	0,137832409	6,689966098	0,270014909	0,79192784	0,975344699
A_32_P21579	0,134945457	6,607187806	0,269958082	0,79197049	0,975344699
A_21_P0011290	0,134087296	6,373709404	0,269954794	0,791972958	0,975344699
A_33_P3867534	0,171005424	9,973515412	0,269767499	0,792113535	0,975344699
A_33_P3606465	0,148581835	7,415564919	0,269751325	0,792125675	0,975344699
A_24_P47547	0,255454731	13,28597755	0,26950493	0,792310623	0,975344699

A_23_P133694	0,13550928	12,86050981	0,269424648	0,792370887	0,975344699
A_24_P106794	0,158381411	7,567364202	0,269349489	0,792427306	0,975344699
A_33_P3351197	0,14791891	8,702690991	0,269301828	0,792463084	0,975344699
A_21_P0001178	0,147378031	8,176053126	0,269083399	0,792627061	0,975344699
A_21_P0003594	0,155711409	6,899719395	0,269031778	0,792665815	0,975344699
A_23_P379649	0,162147337	10,42177073	0,268958315	0,792720967	0,975344699
A_33_P3381647	0,153730391	10,18622841	0,268602085	0,792988425	0,975344699
A_21_P0005167	0,141371976	7,12992203	0,268530656	0,793042057	0,975344699
A_33_P3352382	0,146364225	7,05202484	0,268436859	0,793112486	0,975344699
A_19_P00315551	0,2034939	8,611088145	0,268081755	0,793379138	0,975344699
A_24_P120346	0,137070631	12,87196752	0,267848208	0,793554527	0,975344699
A_19_P00803575	0,153142021	6,920774367	0,267780303	0,793605524	0,975344699
A_24_P375849	0,165572186	14,79051407	0,267771427	0,79361219	0,975344699
A_24_P288448	0,160648842	8,285767979	0,267744333	0,793632538	0,975344699
A_23_P389391	0,134548491	8,034635516	0,267656221	0,793698714	0,975344699
A_21_P0011430	-0,180339686	9,607535306	-0,267493578	0,793820869	0,975344699
A_19_P00320478	-0,149366665	7,02316376	-0,267542677	0,793783991	0,975344699
A_33_P3361398	-0,147778942	7,841602585	-0,267681233	0,793679929	0,975344699
A_19_P00813087	-0,158052522	7,309413303	-0,267944393	0,793482293	0,975344699
A_23_P14493	-0,17500616	9,545860794	-0,268001239	0,793439602	0,975344699
A_24_P159648	-0,144209635	8,014953471	-0,268006635	0,79343555	0,975344699
A_23_P202170	-0,13790322	14,69089316	-0,268130464	0,79334256	0,975344699
A_33_P3263284	-0,145325515	9,336672143	-0,268240913	0,793259621	0,975344699
A_19_P00806193	-0,134730701	6,568030141	-0,268275962	0,793233302	0,975344699
A_19_P00812715	-0,141227696	6,961877642	-0,268556215	0,793022866	0,975344699
A_23_P387031	-0,149837144	7,989537637	-0,268577724	0,793006716	0,975344699
A_21_P0006695	-0,139260571	7,331330466	-0,26865961	0,792945233	0,975344699
A_21_P0013065	-0,196771778	10,22945194	-0,2689112	0,79275634	0,975344699
A_23_P144005	-0,145973144	7,158484378	-0,269063197	0,792642228	0,975344699
A_24_P49199	-0,133606469	6,456039457	-0,26955831	0,792270554	0,975344699
A_33_P3242458	-0,16132262	8,875666268	-0,270282465	0,791727039	0,975344699
A_23_P428849	-0,263055208	11,22551536	-0,270474672	0,791582796	0,975344699
A_33_P3366903	-0,190527123	11,27492949	-0,270476316	0,791581563	0,975344699
A_23_P158570	-0,13475736	8,023068542	-0,270760818	0,791368073	0,975344699
A_24_P13032	-0,15296127	10,4812642	-0,271230973	0,791015308	0,975344699
A_23_P23611	-0,142465222	8,892141702	-0,271344823	0,790929892	0,975344699
A_23_P254179	-0,159857289	11,97887499	-0,271501809	0,790812118	0,975344699
A_23_P211561	-0,151236805	12,00951761	-0,271907265	0,790507962	0,975344699
A_23_P88602	-0,142407082	7,555239139	-0,272035479	0,790411788	0,975344699
A_33_P3354061	0,155013508	7,643466974	0,267196475	0,794044027	0,975533873
A_23_P255663	0,158009081	9,056360683	0,267045334	0,794157557	0,975539111
A_23_P431305	-0,172428463	12,25640834	-0,267006573	0,794186674	0,975539111
A_23_P74668	-0,151382874	9,079767417	-0,266845921	0,794307357	0,975602354
A_23_P44684	0,135609589	8,467097175	0,266401425	0,794641292	0,975755435

A_33_P3419165	0,138548242	8,230187946	0,26639883	0,794643242	0,975755435
A_23_P163647	0,154676157	13,7093545	0,2663835	0,79465476	0,975755435
A_23_P67569	-0,14491641	8,540959122	-0,266311547	0,79470882	0,975755435
A_33_P3280412	0,132361022	6,662346094	0,265856661	0,795050615	0,975958666
A_33_P3315027	-0,14502921	17,73020569	-0,265814882	0,795082009	0,975958666
A_23_P146811	-0,131667498	9,849574491	-0,265901633	0,795016821	0,975958666
A_23_P54540	0,147845697	11,35040213	0,265027487	0,795673758	0,976055516
A_23_P77286	0,148984911	7,28168864	0,264940875	0,795738857	0,976055516
A_33_P3377239	0,147837996	7,80902013	0,264801617	0,79584353	0,976055516
A_33_P3295313	0,156855004	11,46678704	0,264590092	0,79600253	0,976055516
A_23_P368225	0,137962014	9,674462172	0,264442731	0,796113305	0,976055516
A_23_P23102	0,132868314	9,083334958	0,264393738	0,796150135	0,976055516
A_33_P3356413	0,161626323	7,419613369	0,264194293	0,796300072	0,976055516
A_21_P0011035	0,14047719	7,606349996	0,264038685	0,796417059	0,976055516
A_23_P60016	0,149396703	8,408049038	0,264033913	0,796420647	0,976055516
A_33_P3277753	0,144904906	8,853060474	0,263701765	0,796670376	0,976055516
A_24_P286898	0,146062712	7,649899723	0,263620564	0,796731432	0,976055516
A_32_P137266	0,156987369	8,792901019	0,263574691	0,796765925	0,976055516
A_24_P250922	0,140596341	7,400237949	0,263397547	0,796899127	0,976055516
A_21_P0010580	0,134056352	6,656767253	0,263243667	0,797014842	0,976055516
A_24_P280833	0,1316425	8,444017659	0,262792572	0,797354085	0,976055516
A_33_P3307402	0,137846477	6,887135097	0,26229185	0,7977307	0,976055516
A_33_P3229276	0,131790952	7,699267432	0,261933411	0,798000331	0,976055516
A_24_P335305	0,227850787	8,504215988	0,261913867	0,798015034	0,976055516
A_33_P3215198	0,139714792	7,055766994	0,261606777	0,798246061	0,976055516
A_33_P3256660	0,15181006	10,01339941	0,261605979	0,798246662	0,976055516
A_33_P3233165	0,12971231	6,875896312	0,261524542	0,798307931	0,976055516
A_33_P3297468	0,169381003	8,417727913	0,261351796	0,798437902	0,976055516
A_23_P48237	0,149080288	10,4676566	0,261213174	0,798542203	0,976055516
A_33_P3257708	0,153224422	12,22794711	0,261198671	0,798553115	0,976055516
A_24_P780052	-0,245452268	15,24685733	-0,261411475	0,798393	0,976055516
A_33_P3268403	-0,134346625	7,374883149	-0,261542727	0,79829425	0,976055516
A_33_P3329419	-0,149202641	16,21965831	-0,261680163	0,79819085	0,976055516
A_23_P124570	-0,138594369	8,875249285	-0,261839167	0,79807123	0,976055516
A_33_P3317988	-0,212989534	10,93168703	-0,261950281	0,79798764	0,976055516
A_32_P68504	-0,135542487	7,938718042	-0,261959179	0,797980947	0,976055516
A_23_P106682	-0,14130644	7,988045846	-0,261998783	0,797951154	0,976055516
A_19_P00318883	-0,144099141	9,791518234	-0,262154389	0,7978341	0,976055516
A_33_P3258824	-0,154539513	11,27020525	-0,262204747	0,79779622	0,976055516
A_21_P0013500	-0,135619255	7,057691451	-0,262364209	0,797676273	0,976055516
A_32_P456537	-0,199716914	10,14765305	-0,262651791	0,797459967	0,976055516
A_21_P0012460	-0,13739514	9,069592991	-0,262737884	0,797395215	0,976055516
A_23_P49021	-0,227043346	10,87048541	-0,262830516	0,797325548	0,976055516
A_24_P122050	-0,184902044	10,43892236	-0,263165897	0,797073325	0,976055516

A_33_P3499102	-0,177780805	9,288600526	-0,263267995	0,796996547	0,976055516
A_33_P3393456	-0,183671454	7,154159952	-0,263953285	0,796481266	0,976055516
A_24_P12065	-0,154554322	7,405774303	-0,26402038	0,796430822	0,976055516
A_23_P28042	-0,136822495	9,653446549	-0,264214298	0,796285032	0,976055516
A_33_P3374338	-0,134982588	7,015446772	-0,264234815	0,796269608	0,976055516
A_21_P0009597	-0,148335384	7,635066364	-0,264599712	0,795995299	0,976055516
A_24_P53976	-0,142356793	13,1810125	-0,264724683	0,795901359	0,976055516
A_24_P365807	-0,222505576	12,19144659	-0,264750604	0,795881875	0,976055516
A_33_P3211628	-0,151924853	8,961329175	-0,265063442	0,795646734	0,976055516
A_21_P0014146	-0,135010195	7,227690224	-0,265193532	0,795548959	0,976055516
A_21_P0008701	-0,178159266	9,017545838	-0,265494337	0,795322891	0,976055516
A_32_P145051	0,140926961	7,369461209	0,260931113	0,798754442	0,976129493
A_33_P3312030	0,165906117	12,07113021	0,260498719	0,799079833	0,976129493
A_21_P0006019	0,17334038	7,951046039	0,260474211	0,799098277	0,976129493
A_33_P3312504	-0,136570327	10,283456	-0,260624438	0,798985221	0,976129493
A_23_P65532	-0,143707817	11,30231904	-0,260669457	0,798951342	0,976129493
A_21_P0013293	-0,133414712	7,848386781	-0,260695136	0,798932018	0,976129493
A_33_P3275826	-0,1409406	17,2649503	-0,260982056	0,798716108	0,976129493
A_24_P19828	0,145198686	10,02744212	0,259687759	0,799690215	0,976583533
A_19_P00321388	0,153300147	8,672187666	0,259552826	0,799791787	0,976583533
A_23_P319583	0,143319249	8,732819605	0,259377113	0,799924064	0,976583533
A_24_P256337	0,137150312	8,459144209	0,259311676	0,799973327	0,976583533
A_21_P0008722	0,177152524	8,344000112	0,259222852	0,800040197	0,976583533
A_33_P3370634	0,138219407	8,264154102	0,25915921	0,80008811	0,976583533
A_32_P193080	0,147851322	7,368875885	0,259099405	0,800133135	0,976583533
A_24_P366535	0,171635059	10,53164825	0,258916771	0,800270639	0,976583533
A_23_P97736	0,146996728	8,788106958	0,25886762	0,800307646	0,976583533
A_23_P76841	0,15576313	12,46839642	0,258692239	0,800439698	0,976583533
A_24_P9285	-0,150216311	13,17022087	-0,25877519	0,80037724	0,976583533
A_33_P3378737	-0,137176449	7,337369083	-0,258839226	0,800329025	0,976583533
A_23_P413641	-0,134932685	13,54514964	-0,259197129	0,800059563	0,976583533
A_23_P354387	-0,150359682	7,906635147	-0,259403442	0,799904243	0,976583533
A_33_P3422931	0,143797919	12,18930666	0,258518401	0,800570595	0,976658719
A_23_P93823	0,170325119	10,59591131	0,258256944	0,800767478	0,976715153
A_32_P82475	-0,145010556	9,126068075	-0,258180985	0,80082468	0,976715153
A_24_P290354	-0,162249066	12,06767986	-0,258274819	0,800754018	0,976715153
A_21_P0010577	-0,140280022	8,647126282	-0,257967466	0,800985479	0,976742283
A_33_P3267356	-0,134196055	10,54693559	-0,258054618	0,800919844	0,976742283
A_23_P62377	0,127046556	6,493577948	0,257695183	0,801190547	0,976767412
A_33_P3382919	0,154981557	7,426592906	0,257655969	0,801220082	0,976767412
A_33_P3240532	-0,213437244	10,07648234	-0,257388207	0,801421762	0,976767412
A_23_P253221	-0,132396287	6,613827205	-0,257432873	0,801388119	0,976767412
A_23_P251412	-0,134749503	6,74680688	-0,257449091	0,801375903	0,976767412
A_21_P0013756	-0,161105129	12,02525719	-0,25758592	0,801272842	0,976767412

A_23_P110882	0,131372336	10,96876466	0,257194661	0,801567552	0,976827166
A_23_P77965	0,147992357	10,31531339	0,256685571	0,801951064	0,976827166
A_23_P91278	0,196035321	7,882544202	0,255622103	0,80275238	0,976827166
A_19_P00807328	0,136173871	7,276825413	0,255558388	0,802800396	0,976827166
A_23_P103476	0,138104154	9,813138323	0,2555534	0,802804155	0,976827166
A_23_P348524	0,129881115	7,427358753	0,25546926	0,802867565	0,976827166
A_23_P164196	0,136865799	7,651194271	0,255046814	0,803185954	0,976827166
A_24_P282343	-0,139551303	8,584390459	-0,255024365	0,803202875	0,976827166
A_33_P3351027	-0,126243607	7,390351491	-0,255113899	0,803135391	0,976827166
A_24_P281636	-0,148733872	7,052526756	-0,255165464	0,803096527	0,976827166
A_23_P88069	-0,285496335	10,52760948	-0,255170933	0,803092405	0,976827166
A_23_P92082	-0,136989419	15,97419251	-0,255228452	0,803049053	0,976827166
A_24_P339153	-0,173339221	11,48384243	-0,255363247	0,802947462	0,976827166
A_32_P50417	-0,148177272	8,140239983	-0,255432945	0,802894934	0,976827166
A_24_P277747	-0,153560959	10,31599865	-0,255510538	0,802836457	0,976827166
A_23_P30338	-0,148706847	12,43698818	-0,255644555	0,80273546	0,976827166
A_23_P80278	-0,153310945	12,20690974	-0,255729631	0,802671348	0,976827166
A_33_P3308105	-0,158874396	13,22117956	-0,25596807	0,80249167	0,976827166
A_21_P0012698	-0,139321708	6,965592963	-0,256111771	0,802383389	0,976827166
A_23_P93524	-0,138774302	6,858640589	-0,256250821	0,802278617	0,976827166
A_21_P0011952	-0,127871936	6,861737351	-0,25641621	0,802154003	0,976827166
A_24_P388810	-0,13205129	11,2210009	-0,256572595	0,802036179	0,976827166
A_33_P3258324	-0,199186538	14,90640833	-0,256932768	0,801764837	0,976827166
A_23_P156842	-0,226372921	10,69931553	-0,257015412	0,801702579	0,976827166
A_23_P10870	-0,176316572	9,729105488	-0,257081939	0,801652464	0,976827166
A_24_P354689	-0,17235431	7,226086711	-0,254775967	0,803390106	0,976970597
A_23_P9894	-0,165018204	8,574368969	-0,254628729	0,803501093	0,977021294
A_21_P0004541	-0,146873672	9,135523831	-0,254466446	0,803623426	0,977085778
A_23_P157465	0,147422016	9,828550414	0,254295117	0,803752585	0,977158549
A_33_P3332492	0,13805063	7,145245797	0,254104574	0,803896235	0,977164671
A_33_P3383034	-0,152039622	12,19040987	-0,254151265	0,803861034	0,977164671
A_23_P28878	0,192613217	9,556036437	0,253337656	0,80447449	0,977598215
A_21_P0008664	0,130348901	8,145197506	0,253104867	0,804650036	0,977598215
A_33_P3349597	0,13370444	9,861944	0,253037104	0,804701138	0,977598215
A_23_P15348	0,131691717	11,25545252	0,252821027	0,804864095	0,977598215
A_33_P3705884	0,134224316	8,330388964	0,252820996	0,804864119	0,977598215
A_24_P278172	-0,175128734	10,75762372	-0,252803986	0,804876948	0,977598215
A_21_P0009322	-0,125228719	6,253814453	-0,252834859	0,804853663	0,977598215
A_23_P401904	-0,159148317	13,04488952	-0,25301228	0,804719859	0,977598215
A_33_P3369262	-0,158670359	9,454800741	-0,253142984	0,804621291	0,977598215
A_33_P3258977	0,18940641	9,772264656	0,252510606	0,80509822	0,977646014
A_33_P3331095	0,128879161	9,272468633	0,252397982	0,805183167	0,977646014
A_21_P0014492	-0,190453569	10,94556549	-0,252384062	0,805193667	0,977646014
A_33_P3386686	-0,146464181	8,668036683	-0,25257139	0,805052374	0,977646014

A_23_P200073	-0,196745719	8,470020539	-0,252004922	0,805479657	0,97790904
A_32_P206293	0,127461054	11,33590344	0,251768577	0,80565795	0,977957944
A_23_P164559	0,146147371	10,26806658	0,251651095	0,80574658	0,977957944
A_21_P0002768	0,143879674	10,75327969	0,251583744	0,805797392	0,977957944
A_23_P43946	-0,17256624	13,96670352	-0,251648596	0,805748466	0,977957944
A_23_P125082	-0,139571861	7,016989584	-0,251394965	0,805939818	0,978046608
A_33_P3309984	-0,132415904	7,649712177	-0,251301511	0,806010327	0,978047991
A_21_P0005940	-0,124010951	6,966190928	-0,251198675	0,806087918	0,978057966
A_32_P211045	0,147406107	11,0102187	0,250853084	0,806348684	0,978290173
A_24_P3973	-0,17267681	14,42996235	-0,250562136	0,806568239	0,978472346
A_23_P120931	-0,16643811	11,19767622	-0,250366706	0,806715724	0,978567065
A_23_P19712	0,168140882	12,45767238	0,25016721	0,806866285	0,978612432
A_24_P115990	0,178522025	8,620487411	0,25006488	0,806943518	0,978612432
A_33_P3276329	0,139485005	8,41428113	0,249857325	0,807100174	0,978612432
A_23_P259663	-0,135975746	8,192655714	-0,249871418	0,807089537	0,978612432
A_21_P0012144	-0,128232435	7,054271449	-0,250010826	0,806984315	0,978612432
A_21_P0012305	-0,14109871	8,582275328	-0,249746612	0,807183741	0,978629595
A_32_P154223	0,126082401	6,692035681	0,24948942	0,80737788	0,978649637
A_24_P419300	0,162077056	9,460058222	0,249341315	0,807489682	0,978649637
A_24_P227069	0,169760238	8,47607183	0,249332691	0,807496191	0,978649637
A_33_P3277407	0,192349993	9,981719369	0,249289084	0,80752911	0,978649637
A_33_P3323074	0,133848555	7,848736899	0,24911443	0,807660961	0,978649637
A_23_P39185	0,156629681	8,560253425	0,248441038	0,80816938	0,978649637
A_23_P331928	0,160717624	10,79526688	0,24838709	0,808210115	0,978649637
A_24_P76018	0,139806064	7,689053329	0,248234729	0,808325163	0,978649637
A_21_P0010909	0,129553532	6,603073936	0,247951247	0,808539235	0,978649637
A_33_P3403643	0,140362195	8,421652342	0,247913768	0,808567539	0,978649637
A_33_P3268224	0,130568316	7,614447856	0,247876537	0,808595655	0,978649637
A_24_P187651	0,158113333	10,14536004	0,247663798	0,808756319	0,978649637
A_23_P28772	0,129406211	10,66404504	0,247539209	0,808850415	0,978649637
A_33_P3289128	0,140040909	8,806450766	0,247510137	0,808872371	0,978649637
A_23_P56529	0,150313042	10,96740222	0,247335807	0,809004041	0,978649637
A_24_P285768	0,150091847	9,605953302	0,247220018	0,809091498	0,978649637
A_33_P3358148	0,154857486	7,160914466	0,246966951	0,809282652	0,978649637
A_21_P0013587	-0,165100083	7,411365117	-0,2470125	0,809248246	0,978649637
A_21_P0011739	-0,128278945	7,449566706	-0,247086984	0,809191983	0,978649637
A_21_P0012874	-0,136394973	8,403311585	-0,247106095	0,809177548	0,978649637
A_24_P141736	-0,180671475	8,672188716	-0,247128038	0,809160973	0,978649637
A_33_P3289576	-0,158157695	10,51779654	-0,247156907	0,809139168	0,978649637
A_23_P100963	-0,155578119	12,22813161	-0,24716827	0,809130585	0,978649637
A_33_P3413741	-0,136412384	8,176578453	-0,247233427	0,809081369	0,978649637
A_23_P357881	-0,138396503	7,226259434	-0,247350056	0,808993279	0,978649637
A_33_P3419865	-0,134012973	7,552336391	-0,247521278	0,808863958	0,978649637
A_23_P435444	-0,136417505	8,209482487	-0,248085522	0,808437835	0,978649637

A_33_P3326733	-0,197610423	11,21101011	-0,248644776	0,808015545	0,978649637
A_33_P3391120	-0,136509428	7,052792096	-0,24879246	0,807904041	0,978649637
A_23_P160567	-0,132239739	7,90433194	-0,248946944	0,807787406	0,978649637
A_33_P3405285	0,141235397	14,72637722	0,246841602	0,80937734	0,978680199
A_23_P312863	-0,179024588	12,90515335	-0,246367949	0,809735162	0,979028904
A_23_P12911	0,128516658	13,45466105	0,246144411	0,809904049	0,979032655
A_23_P427299	0,124299085	7,605639235	0,246065523	0,809963653	0,979032655
A_24_P65910	0,126968735	10,73908075	0,245949485	0,810051328	0,979032655
A_33_P3402823	-0,127592251	7,068380259	-0,245904307	0,810085463	0,979032655
A_23_P63870	-0,133627868	7,289684057	-0,246073875	0,809957342	0,979032655
A_21_P0007777	0,145004201	6,704380738	0,245714192	0,810229116	0,979034707
A_21_P0005333	-0,131740724	8,115194843	-0,245626365	0,810295482	0,979034707
A_23_P211504	-0,137668737	7,95410957	-0,245752453	0,810200206	0,979034707
A_21_P0007440	0,12708957	6,820304986	0,245418874	0,810452276	0,979140244
A_33_P3390546	0,134953012	8,244871815	0,245057668	0,810725249	0,979386109
A_33_P3329187	-0,151045075	12,68433642	-0,244935446	0,810817621	0,97941378
A_33_P3316026	0,181022187	10,21175447	0,244787767	0,810929237	0,979428909
A_21_P0010267	0,182607972	11,52329946	0,24465771	0,811027538	0,979428909
A_33_P3231572	0,125491141	8,261583329	0,244335047	0,81127143	0,979428909
A_32_P103837	0,130890397	11,55372154	0,24412206	0,811432433	0,979428909
A_23_P254254	0,194971399	9,609131347	0,244038775	0,811495393	0,979428909
A_23_P144384	0,153834757	10,74742116	0,244024393	0,811506265	0,979428909
A_33_P3220911	0,184269824	13,95353753	0,243805468	0,81167177	0,979428909
A_21_P0003162	0,129239201	7,502739776	0,243690841	0,811758431	0,979428909
A_33_P3416563	-0,132078187	10,3329083	-0,24363229	0,811802697	0,979428909
A_21_P0011605	-0,134367869	9,738512248	-0,243722193	0,811734728	0,979428909
A_33_P3345743	-0,14667398	9,086938928	-0,243916278	0,811587997	0,979428909
A_33_P3255782	-0,169693642	15,1607261	-0,244058518	0,811480467	0,979428909
A_21_P0001725	-0,128247257	7,107351848	-0,244244001	0,811340253	0,979428909
A_33_P3251901	-0,133375474	8,543177495	-0,244344433	0,811264335	0,979428909
A_23_P319640	0,136536695	8,754158574	0,243466141	0,811928317	0,979436027
A_33_P3333752	0,122724244	6,631359873	0,243095267	0,812208741	0,979436027
A_23_P48977	0,124900392	12,50876357	0,243073224	0,812225408	0,979436027
A_23_P359588	-0,119482441	6,280115287	-0,243212778	0,812119885	0,979436027
A_24_P187970	-0,144331451	7,619972712	-0,243309704	0,812046598	0,979436027
A_23_P80362	-0,142420741	13,88670913	-0,243329398	0,812031707	0,979436027
A_33_P3241269	0,255552558	9,859024961	0,242976477	0,812298565	0,979440475
A_24_P97342	0,179522376	8,976239228	0,242693166	0,812512806	0,979467592
A_21_P0012887	0,132005211	8,946090024	0,242162196	0,812914371	0,979467592
A_33_P3263747	0,133661942	8,588292947	0,241669206	0,813287263	0,979467592
A_24_P212565	0,150916579	8,163477436	0,241590715	0,813346636	0,979467592
A_23_P15272	0,139606081	8,102549629	0,241393728	0,813495651	0,979467592
A_23_P155711	0,132486279	7,523131241	0,241336714	0,813538782	0,979467592
A_33_P3272390	0,13427968	9,547848306	0,24122003	0,813627055	0,979467592

A_24_P263543	0,144584558	12,98975532	0,241048669	0,813756696	0,979467592
A_21_P0014602	0,125599159	7,847995262	0,240515229	0,814160303	0,979467592
A_21_P0009150	0,166533045	8,174383513	0,240483824	0,814184066	0,979467592
A_24_P389038	0,145577864	8,413922517	0,240245034	0,814364757	0,979467592
A_33_P3243093	0,123111988	7,069248916	0,240037608	0,814521724	0,979467592
A_23_P391275	-0,16154258	9,715055123	-0,239916217	0,814613588	0,979467592
A_21_P0000657	-0,137013382	9,029585579	-0,239932454	0,814601301	0,979467592
A_33_P3239143	-0,16730752	10,97831513	-0,239944125	0,814592468	0,979467592
A_33_P3223488	-0,183069849	10,25775533	-0,240139604	0,814444538	0,979467592
A_23_P396777	-0,12042628	7,40357791	-0,240183425	0,814411378	0,979467592
A_24_P19175	-0,143345691	8,518955826	-0,240318751	0,814308975	0,979467592
A_21_P0014902	-0,140766905	8,292918236	-0,240535047	0,814145308	0,979467592
A_33_P3304312	-0,126807614	10,28436361	-0,240697513	0,814022379	0,979467592
A_33_P3410206	-0,143792488	15,99458711	-0,240708532	0,814014041	0,979467592
A_24_P196592	-0,121154944	7,750807322	-0,240725654	0,814001086	0,979467592
A_21_P0001340	-0,136655544	7,323772639	-0,240962135	0,813822165	0,979467592
A_23_P50368	-0,17212084	11,28875962	-0,241309408	0,813559439	0,979467592
A_33_P3300273	-0,12353317	8,25463673	-0,241437659	0,813462418	0,979467592
A_23_P356122	-0,13574274	8,623542592	-0,241550328	0,813377188	0,979467592
A_23_P41437	-0,13692721	9,59503331	-0,241626796	0,813319343	0,979467592
A_19_P00802417	-0,127565333	7,584966544	-0,241715898	0,813251943	0,979467592
A_33_P3369761	-0,122940406	11,03498816	-0,241812277	0,813179041	0,979467592
A_23_P88893	-0,142079787	11,8525947	-0,241991713	0,813043317	0,979467592
A_24_P518369	-0,128546698	7,612102037	-0,242003737	0,813034222	0,979467592
A_23_P88767	-0,121354029	6,80988548	-0,242450308	0,81269647	0,979467592
A_33_P3365352	-0,138515902	7,73047626	-0,242669692	0,812530558	0,979467592
A_33_P3397599	0,12650833	8,5610416	0,239563153	0,814880793	0,979579805
A_33_P3888485	0,140822302	7,62742859	0,239391812	0,815010475	0,979579805
A_23_P138025	-0,122482476	10,69021713	-0,2393339	0,815054308	0,979579805
A_23_P82162	-0,15299048	8,314996889	-0,239485832	0,814939314	0,979579805
A_24_P418619	-0,177498308	14,56896609	-0,239538645	0,814899342	0,979579805
A_21_P0006474	-0,128009632	7,326506999	-0,239166243	0,81518121	0,979648813
A_23_P24529	0,132545652	9,046625569	0,238608542	0,815603379	0,97971279
A_19_P00319108	0,142239704	9,22384166	0,238552407	0,815645877	0,97971279
A_23_P253752	-0,182280592	10,04151636	-0,238545145	0,815651374	0,97971279
A_33_P3213392	-0,118545109	7,606994654	-0,238784594	0,815470105	0,97971279
A_33_P3289705	-0,160140457	12,55095022	-0,238838894	0,815429	0,97971279
A_33_P3296940	-0,134939936	9,771745859	-0,238860103	0,815412945	0,97971279
A_33_P3221680	0,119809978	17,87855646	0,238130063	0,815965628	0,979715519
A_33_P3342295	0,1532702	16,0240808	0,238113762	0,81597797	0,979715519
A_23_P412321	0,145361077	10,89231805	0,237917162	0,816126827	0,979715519
A_23_P207911	-0,122697964	14,2779322	-0,237899678	0,816140065	0,979715519
A_23_P116037	-0,173975091	11,03181459	-0,237906789	0,816134681	0,979715519
A_23_P59798	-0,128063023	14,78550366	-0,238134489	0,815962278	0,979715519

A_23_P211522	-0,163286987	10,45274064	-0,238261203	0,81586634	0,979715519
A_24_P73389	0,128994601	8,772740592	0,237785396	0,816226598	0,979735978
A_33_P3667484	0,150540942	12,6473543	0,237300367	0,816593884	0,979846148
A_24_P309594	0,123823208	12,77796571	0,23703714	0,81679323	0,979846148
A_21_P0005491	0,121399542	6,561766049	0,236905085	0,816893243	0,979846148
A_24_P391574	0,130449766	6,769202885	0,236391913	0,817281928	0,979846148
A_33_P3218951	0,123616607	7,975620197	0,236250848	0,817388783	0,979846148
A_21_P0006359	0,120163654	6,601748119	0,236018608	0,817564709	0,979846148
A_21_P0003278	0,125958023	8,242774976	0,235683693	0,817818431	0,979846148
A_33_P3259775	0,163968119	9,477358386	0,23562728	0,81786117	0,979846148
A_23_P116091	0,131258337	11,33100921	0,235295263	0,818112722	0,979846148
A_24_P144773	0,127571504	8,009136285	0,235115744	0,818248743	0,979846148
A_23_P53324	0,132160507	9,40620032	0,234504206	0,818712151	0,979846148
A_21_P0000399	0,123830014	7,125942368	0,23440426	0,818787894	0,979846148
A_32_P8015	0,14440234	15,9708728	0,234361509	0,818820293	0,979846148
A_33_P3365710	-0,118523477	7,332831536	-0,234564282	0,818666624	0,979846148
A_24_P292470	-0,153416156	11,79271854	-0,234576381	0,818657455	0,979846148
A_24_P850428	-0,222661452	13,9369977	-0,234612469	0,818630107	0,979846148
A_33_P3235987	-0,122717968	12,42011535	-0,2348772	0,818429497	0,979846148
A_23_P252201	-0,136097239	11,93930382	-0,234909311	0,818405165	0,979846148
A_23_P43107	-0,135406878	7,154689627	-0,234975465	0,818355037	0,979846148
A_24_P212819	-0,152071469	14,23951174	-0,235040596	0,818305685	0,979846148
A_23_P117163	-0,162012147	9,660318735	-0,235248607	0,818148073	0,979846148
A_23_P66694	-0,164912433	12,1298177	-0,235314503	0,818098144	0,979846148
A_21_P0007318	-0,131743825	7,883273311	-0,235359063	0,818064383	0,979846148
A_21_P0008336	-0,124477886	6,773092697	-0,235360468	0,818063318	0,979846148
A_23_P408376	-0,14333307	7,511968082	-0,235682326	0,817819467	0,979846148
A_33_P3245454	-0,157335216	7,126523682	-0,235688012	0,817815159	0,979846148
A_23_P426809	-0,117668119	7,582795428	-0,235938334	0,81762552	0,979846148
A_24_P225635	-0,135229813	8,335433855	-0,236006199	0,817574109	0,979846148
A_24_P85200	-0,131528726	11,74745143	-0,236019576	0,817563976	0,979846148
A_33_P3400263	-0,123726752	10,36061257	-0,236072849	0,817523619	0,979846148
A_33_P3347522	-0,140566327	15,90341551	-0,236205585	0,81742307	0,979846148
A_33_P3355266	-0,157181724	13,31645286	-0,236510464	0,817192131	0,979846148
A_23_P91140	-0,120704646	8,311471048	-0,236808757	0,8169662	0,979846148
A_23_P83436	-0,126795788	13,70742002	-0,237028008	0,816800146	0,979846148
A_33_P3213910	-0,128350368	9,931898404	-0,23729289	0,816599545	0,979846148
A_23_P104413	-0,14258958	16,14800523	-0,237376779	0,816536018	0,979846148
A_24_P337334	-0,171354936	9,756775125	-0,234255617	0,818900545	0,979859016
A_32_P192823	0,152069101	8,546645307	0,233840701	0,819215018	0,980055081
A_33_P3215487	0,135906976	14,10051968	0,233764284	0,81927294	0,980055081
A_23_P214079	-0,143358776	7,759856352	-0,233814118	0,819235168	0,980055081
A_33_P3719214	-0,131677781	7,373660196	-0,233449848	0,819511284	0,980173871
A_21_P0013556	-0,167084525	11,3773601	-0,233497144	0,819475432	0,980173871

A_24_P276490	-0,147177663	8,661647358	-0,233120421	0,819761012	0,980306235
A_24_P333663	-0,128993392	8,340460324	-0,233124441	0,819757964	0,980306235
A_23_P358470	0,128116172	8,786858162	0,232981348	0,819866445	0,980349165
A_23_P85560	0,133039234	13,57702312	0,232823543	0,819986083	0,980402544
A_23_P347048	-0,15325875	9,48735873	-0,232647311	0,820119696	0,980402544
A_21_P0007718	-0,121362902	6,556973641	-0,23267545	0,820098362	0,980402544
A_23_P15414	0,177752197	10,44444583	0,23254213	0,820199444	0,980414749
A_23_P52336	0,153773221	8,429820952	0,232319312	0,820368392	0,980422029
A_24_P12904	0,124743395	7,396397446	0,232142605	0,820502383	0,980422029
A_23_P77401	0,124391933	11,2229992	0,232024413	0,820592007	0,980422029
A_23_P75647	0,129647721	8,189579026	0,23189957	0,820686678	0,980422029
A_23_P153026	0,149099399	13,40279643	0,231894427	0,820690578	0,980422029
A_24_P82957	-0,143035715	9,972739703	-0,231892152	0,820692304	0,980422029
A_33_P3390580	-0,168131233	9,988773052	-0,232160861	0,82048854	0,980422029
A_23_P218068	0,13907999	7,884562481	0,231284289	0,821153301	0,980806539
A_21_P0010552	-0,1212554	7,212736247	-0,231345764	0,821106676	0,980806539
A_21_P0012306	-0,125674886	8,382516037	-0,231073877	0,821312891	0,980914058
A_23_P60324	0,126410189	12,13092218	0,230645247	0,821638019	0,980929202
A_23_P112548	0,131488778	7,399188004	0,230421016	0,821808118	0,980929202
A_33_P3309365	0,153580244	9,420304417	0,230367046	0,821849061	0,980929202
A_33_P3288159	0,132604694	10,47419908	0,230248403	0,821939067	0,980929202
A_19_P00801917	0,127481849	11,0499523	0,230143868	0,822018373	0,980929202
A_33_P3284019	0,136741075	16,63356372	0,230097175	0,822053798	0,980929202
A_19_P00324582	0,140195816	8,867169649	0,229967086	0,822152495	0,980929202
A_21_P0014847	-0,12631912	8,878890664	-0,229956582	0,822160464	0,980929202
A_21_P0000427	-0,117292012	7,009005269	-0,230399528	0,82182442	0,980929202
A_24_P89512	-0,128365024	12,87622368	-0,230586302	0,821682734	0,980929202
A_23_P308954	-0,120122569	7,06884505	-0,230803731	0,8215178	0,980929202
A_33_P3263512	-0,187345036	14,22567703	-0,230927242	0,821424114	0,980929202
A_23_P313389	-0,120138862	9,701980879	-0,229697192	0,822357269	0,981080989
A_23_P407142	0,14009212	7,539181538	0,229374141	0,822602393	0,981128292
A_33_P3223497	-0,120664389	8,107131641	-0,229369804	0,822605684	0,981128292
A_23_P123071	-0,16976121	7,721140017	-0,22948058	0,822521627	0,981128292
A_19_P00812553	0,194957329	12,11907969	0,229257147	0,82269117	0,981147252
A_33_P3215933	0,12543881	8,51977452	0,2291067	0,822805336	0,981200409
A_33_P3231432	0,137213928	14,89533168	0,228808157	0,823031897	0,981299332
A_21_P0012703	0,114273347	7,35618647	0,228780581	0,823052825	0,981299332
A_23_P379794	0,147103583	8,115120218	0,228472074	0,823286966	0,981299332
A_23_P412427	0,126933876	7,931327247	0,22837843	0,82335804	0,981299332
A_21_P0003009	0,120175937	6,318290614	0,22831561	0,82340572	0,981299332
A_33_P3292874	0,128550401	7,186321528	0,228232144	0,823469072	0,981299332
A_23_P113789	0,133362272	8,649599946	0,228080342	0,823584296	0,981299332
A_24_P923251	-0,147792057	7,593766873	-0,228137869	0,82354063	0,981299332
A_33_P3335999	-0,147085599	9,819477765	-0,228286576	0,823427758	0,981299332

A_33_P3213204	-0,168254137	9,032322521	-0,228683961	0,823126152	0,981299332
A_23_P142750	0,156074878	12,29651884	0,227157306	0,824285008	0,981765545
A_33_P3389852	0,121680407	7,394866255	0,227082695	0,824341654	0,981765545
A_21_P0005593	0,118459215	6,619820128	0,226930651	0,824457094	0,981765545
A_23_P151179	0,144286143	8,259817697	0,226836431	0,824528633	0,981765545
A_21_P0013868	0,111191451	6,868310559	0,226753281	0,824591768	0,981765545
A_24_P207139	0,12375652	8,782620588	0,226593664	0,824712968	0,981765545
A_21_P0000087	0,113763226	9,438357374	0,226575335	0,824726886	0,981765545
A_21_P0013927	0,116186191	7,638333928	0,226055201	0,825121866	0,981765545
A_24_P414332	0,122650901	8,787854444	0,225816836	0,825302892	0,981765545
A_21_P0013527	0,142945561	9,93434962	0,22562961	0,825445089	0,981765545
A_33_P3317253	0,145827106	8,613244718	0,225317969	0,825681792	0,981765545
A_23_P107432	0,120850846	8,862394852	0,22525063	0,825732941	0,981765545
A_23_P118834	0,186799007	10,86138235	0,225184339	0,825783294	0,981765545
A_33_P3330413	0,142676168	11,50264202	0,225071832	0,825868754	0,981765545
A_21_P0007747	0,11941764	7,036358297	0,225069035	0,825870879	0,981765545
A_19_P00317815	0,111493924	6,284288897	0,224645459	0,826192649	0,981765545
A_33_P3276519	0,181182567	9,039841109	0,224545929	0,826268262	0,981765545
A_23_P161352	0,218772281	11,64163741	0,224534228	0,826277151	0,981765545
A_23_P380526	0,138653665	9,558704544	0,224277323	0,826472331	0,981765545
A_21_P0011359	0,139366318	11,44309942	0,224168473	0,826555032	0,981765545
A_24_P191664	0,121995332	10,89759938	0,224140846	0,826576022	0,981765545
A_19_P00317789	0,118027403	11,11348791	0,22403622	0,826655516	0,981765545
A_23_P58877	0,110486195	11,05848403	0,223930458	0,826735875	0,981765545
A_33_P3350758	0,154076676	9,020147922	0,223825811	0,82681539	0,981765545
A_24_P261724	0,136034873	13,26821652	0,223518451	0,827048943	0,981765545
A_32_P80597	0,128229266	7,658729845	0,22283153	0,827570977	0,981765545
A_33_P3367102	0,1456689	13,19127323	0,222644303	0,827713277	0,981765545
A_21_P0008267	0,118312238	10,22599911	0,222496735	0,827825439	0,981765545
A_23_P149084	0,111873601	6,747843579	0,222471854	0,827844351	0,981765545
A_33_P3235642	0,134227496	8,515408289	0,222333335	0,82794964	0,981765545
A_24_P118591	0,112395664	15,10482535	0,222048712	0,828165993	0,981765545
A_33_P3381191	0,117529741	7,225920403	0,221996125	0,828205969	0,981765545
A_23_P95764	0,145164663	13,35830893	0,221757509	0,828387364	0,981765545
A_33_P3346680	0,128950775	9,042304513	0,221726292	0,828411096	0,981765545
A_19_P00315524	0,130831931	7,688524609	0,221209134	0,828804277	0,981765545
A_21_P0001454	0,119869108	7,082421257	0,220996764	0,828965751	0,981765545
A_23_P41204	0,116322933	7,961940376	0,220916777	0,82902657	0,981765545
A_33_P3213029	0,126450403	7,174953918	0,220900641	0,82903884	0,981765545
A_23_P17663	0,346441066	10,74554968	0,220712548	0,829181864	0,981765545
A_23_P210554	0,128251961	7,014012661	0,220659264	0,829222383	0,981765545
A_23_P208850	0,124467407	16,57086003	0,220294116	0,82950006	0,981765545
A_33_P3313825	0,145428847	9,102251723	0,220267275	0,829520472	0,981765545
A_23_P98565	0,182223101	7,712402647	0,220208974	0,82956481	0,981765545

A_33_P3864411	0,125136461	8,223578127	0,220180126	0,829586749	0,981765545
A_23_P214666	0,143117597	17,29364164	0,22014331	0,829614748	0,981765545
A_33_P3420259	0,129530477	17,11573464	0,2201265	0,829627533	0,981765545
A_21_P0006336	0,135418691	8,633523297	0,219836074	0,829848414	0,981765545
A_24_P913339	0,113390483	8,967303765	0,219658732	0,829983299	0,981765545
A_33_P3364293	0,118556484	8,773777401	0,219578708	0,830044165	0,981765545
A_33_P3413667	0,111331311	6,928712505	0,219342459	0,830223865	0,981765545
A_23_P10858	0,113454139	9,517959618	0,219279871	0,830271473	0,981765545
A_32_P182439	0,110684085	11,64799938	0,219138714	0,830378849	0,981765545
A_33_P3368109	0,111252568	7,584260088	0,219011167	0,830475875	0,981765545
A_24_P253215	0,176250461	11,56220295	0,21881827	0,830622619	0,981765545
A_33_P3721983	0,108702239	16,03587921	0,21866738	0,830737411	0,981765545
A_23_P424269	0,111149076	9,219673727	0,217956571	0,831278226	0,981765545
A_23_P53541	0,128811919	12,27697176	0,217790348	0,831404709	0,981765545
A_23_P207445	0,11653773	8,232005734	0,217608334	0,831543214	0,981765545
A_19_P00811284	0,183851317	10,26330271	0,217573682	0,831569583	0,981765545
A_33_P3715177	0,109438344	10,8672362	0,216970919	0,832028304	0,981765545
A_23_P82334	0,118726816	9,878035754	0,21679653	0,832161032	0,981765545
A_23_P145817	0,14771717	11,72314689	0,21677763	0,832175417	0,981765545
A_23_P330537	0,120062947	7,590412696	0,216741539	0,832202886	0,981765545
A_33_P3269218	0,117992685	8,258133876	0,216690495	0,832241738	0,981765545
A_33_P3322864	0,107940591	7,896011388	0,2165083	0,832380416	0,981765545
A_19_P00320846	0,112930532	8,081910998	0,216442589	0,832430433	0,981765545
A_32_P144596	0,115513546	8,465211323	0,216226279	0,832595088	0,981765545
A_23_P55123	0,152227534	7,824029079	0,216187081	0,832624926	0,981765545
A_33_P3327971	0,110066099	7,096446329	0,216179508	0,832630691	0,981765545
A_21_P0013477	0,133826033	11,87768383	0,216098438	0,832692404	0,981765545
A_19_P00806930	0,121850475	7,270522251	0,215848092	0,832882983	0,981765545
A_33_P3257558	0,115644655	7,380292871	0,215735174	0,832968948	0,981765545
A_24_P251221	0,127221389	10,56306849	0,215112151	0,833443293	0,981765545
A_21_P0007601	0,10922255	6,502368713	0,215054131	0,83348747	0,981765545
A_24_P184799	0,156598048	9,790186101	0,21502733	0,833507877	0,981765545
A_33_P3248424	0,111314836	8,685189902	0,214959476	0,833559544	0,981765545
A_33_P3366179	0,119641429	6,85336513	0,214889734	0,833612649	0,981765545
A_19_P00316398	0,164242942	8,501463622	0,214836472	0,833653205	0,981765545
A_33_P3213419	0,136008268	9,845539632	0,214781638	0,83369496	0,981765545
A_21_P0006242	0,119493836	7,382801557	0,214776577	0,833698814	0,981765545
A_33_P3519223	0,162802275	8,095171003	0,214753221	0,833716599	0,981765545
A_23_P86900	0,127544636	7,854916055	0,214743111	0,833724298	0,981765545
A_23_P250212	-0,123706435	12,35530037	-0,214745503	0,833722476	0,981765545
A_21_P0011898	-0,139948174	10,67807183	-0,214797287	0,833683044	0,981765545
A_23_P136671	-0,120263315	6,754820583	-0,215288411	0,833309088	0,981765545
A_24_P878388	-0,143774647	15,02294708	-0,215335863	0,833272959	0,981765545
A_32_P23624	-0,117392068	8,124347001	-0,216841143	0,832127076	0,981765545

A_21_P0006467	-0,112047332	6,538564161	-0,216973064	0,832026672	0,981765545
A_23_P110661	-0,134316548	12,28398023	-0,217102948	0,83192782	0,981765545
A_23_P20980	-0,185713541	12,00403991	-0,217220362	0,831838463	0,981765545
A_33_P3412375	-0,112338219	6,450246866	-0,21748585	0,831636422	0,981765545
A_24_P382001	-0,147589892	12,20753797	-0,217497222	0,831627767	0,981765545
A_23_P373799	-0,13708164	10,92183503	-0,217993329	0,831250257	0,981765545
A_33_P3345479	-0,108956543	7,310979309	-0,218144487	0,831135242	0,981765545
A_33_P3293511	-0,116666651	6,985575133	-0,21825409	0,831051849	0,981765545
A_23_P15734	-0,110416796	7,209819425	-0,218368864	0,830964524	0,981765545
A_23_P307536	-0,119325108	7,214165569	-0,218395946	0,83094392	0,981765545
A_23_P50799	-0,142088697	10,91606633	-0,218439319	0,83091092	0,981765545
A_24_P66679	-0,110964047	7,136094646	-0,218759132	0,830667609	0,981765545
A_33_P3391656	-0,134328754	12,5768665	-0,218777726	0,830653463	0,981765545
A_23_P25638	-0,142112257	11,13716385	-0,218920111	0,830545144	0,981765545
A_23_P111961	-0,157155492	10,51945013	-0,219388695	0,830188695	0,981765545
A_21_P0002374	-0,113581694	7,275799264	-0,219464607	0,830130954	0,981765545
A_24_P323997	-0,110270885	7,183959901	-0,219564748	0,830054784	0,981765545
A_24_P98263	-0,116563409	11,28330321	-0,219980763	0,82973837	0,981765545
A_32_P108826	-0,11377117	7,535937489	-0,220063334	0,829675572	0,981765545
A_21_P0006091	-0,138708989	8,027689266	-0,220212317	0,829562268	0,981765545
A_21_P0010055	-0,130782222	7,890732207	-0,220388213	0,829428502	0,981765545
A_23_P111288	-0,112171456	13,04827563	-0,220648121	0,829230855	0,981765545
A_33_P3287529	-0,127886679	10,08897596	-0,220674196	0,829211028	0,981765545
A_33_P3245620	-0,163000621	10,11292856	-0,22083807	0,829086418	0,981765545
A_23_P89460	-0,134407188	12,00833563	-0,221016113	0,828951039	0,981765545
A_21_P0002853	-0,114556614	7,160892097	-0,221092841	0,828892698	0,981765545
A_33_P3271990	-0,121819876	10,32582277	-0,221487003	0,828593015	0,981765545
A_23_P76823	-0,1394665	8,653867739	-0,222360039	0,827929341	0,981765545
A_21_P0011311	-0,123720005	12,23628827	-0,222524089	0,827804648	0,981765545
A_21_P0000430	-0,112049072	6,722089787	-0,22278488	0,827606432	0,981765545
A_33_P3353345	-0,142490732	7,75970366	-0,223000096	0,827442865	0,981765545
A_24_P141786	-0,136273786	10,56973484	-0,223109576	0,827359662	0,981765545
A_24_P132624	-0,12620687	7,410638187	-0,223238278	0,827261853	0,981765545
A_32_P117170	-0,137681037	9,58065	-0,22324039	0,827260248	0,981765545
A_32_P20691	-0,119542901	11,57344936	-0,223289808	0,827222694	0,981765545
A_24_P93633	-0,116746126	6,976474969	-0,223413871	0,827128414	0,981765545
A_21_P0003197	-0,116212194	6,483646557	-0,223712615	0,826901402	0,981765545
A_24_P303589	-0,119555715	10,3312111	-0,223937965	0,826730171	0,981765545
A_21_P0002932	-0,125687257	9,802802965	-0,22405295	0,826642805	0,981765545
A_33_P3213695	-0,121845634	8,943650566	-0,224190606	0,826538216	0,981765545
A_33_P3233891	-0,122475545	10,69574243	-0,224225153	0,826511968	0,981765545
A_21_P0013919	-0,115099021	7,230275815	-0,224305796	0,826450698	0,981765545
A_23_P344392	-0,149942778	8,803502693	-0,224315511	0,826443318	0,981765545
A_24_P385611	-0,127377562	10,57776745	-0,224905845	0,825994843	0,981765545

A_23_P47527	-0,118271595	14,40965786	-0,224974984	0,825942322	0,981765545
A_21_P0014717	-0,117088217	7,446261514	-0,225141965	0,825815481	0,981765545
A_21_P0001023	-0,124041157	7,647788372	-0,225592012	0,825473645	0,981765545
A_21_P0014802	-0,112663183	6,870811356	-0,225838989	0,825286067	0,981765545
A_23_P28652	-0,16381413	10,02397954	-0,225913862	0,825229204	0,981765545
A_24_P36097	-0,136354696	11,05759771	-0,225982788	0,825176859	0,981765545
A_23_P157117	-0,117213813	6,977100951	-0,226708956	0,824625424	0,981765545
A_33_P3577142	-0,142275642	9,027171705	-0,226875564	0,824498921	0,981765545
A_23_P154875	-0,154046723	13,79576877	-0,226919811	0,824465325	0,981765545
A_21_P0000090	0,146788372	9,470437205	0,214507846	0,833903452	0,981883845
A_21_P0014839	0,114295345	9,321267621	0,214256566	0,834094814	0,981883845
A_21_P0000182	0,105169852	6,507445139	0,214241839	0,834106029	0,981883845
A_33_P3474175	0,129079145	16,66735149	0,214198012	0,834139406	0,981883845
A_23_P373119	0,125806553	11,3403171	0,214101937	0,834212576	0,981883845
A_23_P343398	0,170020896	10,58914258	0,214033655	0,83426458	0,981883845
A_23_P34527	0,122642172	9,94087088	0,213742441	0,834486378	0,981883845
A_24_P379727	0,129666507	10,28338412	0,213675222	0,834537576	0,981883845
A_23_P23728	0,113082443	9,054258161	0,213386346	0,834757611	0,981883845
A_21_P0009315	-0,116808852	8,312743449	-0,213239603	0,834869391	0,981883845
A_23_P154771	-0,116929312	9,73020114	-0,21325652	0,834856504	0,981883845
A_32_P114746	-0,114755102	6,867179417	-0,213337696	0,834794669	0,981883845
A_23_P17134	-0,107885844	6,925759689	-0,213439628	0,834717025	0,981883845
A_24_P119545	-0,118741666	7,152003394	-0,213769729	0,834465593	0,981883845
A_23_P62605	-0,131444779	17,55885362	-0,213813372	0,834432353	0,981883845
A_23_P84666	0,119974623	7,5277903	0,213124757	0,834956875	0,981904828
A_23_P54840	-0,111796206	11,40497063	-0,212812899	0,835194447	0,982102294
A_23_P407096	0,116595409	6,967214765	0,212699287	0,835281	0,98212216
A_33_P3783235	0,13271215	9,212508567	0,212535587	0,835405716	0,98218689
A_23_P27947	0,151593911	10,04564943	0,212049742	0,835775887	0,982203908
A_32_P103291	0,110117817	12,24154927	0,21199891	0,835814619	0,982203908
A_24_P349616	0,122866137	8,784987888	0,211809335	0,835959071	0,982203908
A_23_P429977	0,117644472	11,31193501	0,211566259	0,8361443	0,982203908
A_24_P188447	0,106933379	6,591929487	0,211516156	0,836182481	0,982203908
A_24_P188800	0,109848213	7,407497976	0,211499849	0,836194907	0,982203908
A_33_P3335386	0,115885949	10,69234305	0,211142025	0,836467599	0,982203908
A_24_P862886	0,107045715	6,82482676	0,210878642	0,836668333	0,982203908
A_21_P0002850	0,145232118	11,12392169	0,210871827	0,836673527	0,982203908
A_23_P161338	0,172666553	12,30315952	0,21075441	0,836763018	0,982203908
A_24_P203000	0,127714438	8,867064547	0,210594543	0,836884869	0,982203908
A_24_P245322	0,142327809	9,732094982	0,210562454	0,836909327	0,982203908
A_21_P0003708	0,10398149	6,86174159	0,210530597	0,836933609	0,982203908
A_24_P97770	0,109267762	8,159715038	0,210452197	0,836993367	0,982203908
A_33_P3370515	-0,110727125	17,70155698	-0,210414003	0,837022481	0,982203908
A_21_P0001666	-0,114875544	9,215657	-0,210475094	0,836975915	0,982203908

A_23_P162846	-0,107844178	16,03442247	-0,210595942	0,836883802	0,982203908
A_33_P3210702	-0,149531091	13,45688579	-0,211120333	0,836484131	0,982203908
A_32_P104746	-0,121497037	8,962478412	-0,211377067	0,836288475	0,982203908
A_33_P3415345	-0,127925678	10,57060888	-0,211396155	0,836273928	0,982203908
A_33_P3371984	-0,110763131	9,061535203	-0,211513948	0,836184163	0,982203908
A_21_P0007137	-0,118051645	9,011080096	-0,211516633	0,836182117	0,982203908
A_23_P94174	-0,146468166	12,03894277	-0,211735883	0,836015042	0,982203908
A_23_P390621	0,110367379	6,682342291	0,210275629	0,837127956	0,982216103
A_33_P3308101	0,109082846	8,802009966	0,210217581	0,837172205	0,982216103
A_23_P75790	0,126567009	9,521416294	0,210008414	0,837331651	0,98232143
A_24_P373286	0,115356654	10,37754344	0,209703839	0,83756384	0,982454373
A_33_P3398196	0,11284897	7,316002918	0,20964976	0,837605068	0,982454373
A_21_P0008797	0,103370174	6,417816272	0,209464982	0,837745941	0,982454373
A_21_P0000030	0,104425661	6,681529694	0,209082463	0,838037587	0,982454373
A_24_P920521	0,109640399	7,089359245	0,208943122	0,838143833	0,982454373
A_24_P26554	0,144035106	7,974048374	0,208902418	0,838174869	0,982454373
A_23_P141738	0,104224247	10,40557123	0,208854405	0,83821148	0,982454373
A_23_P115022	-0,110179344	6,988358414	-0,209066768	0,838049555	0,982454373
A_23_P104109	-0,109943174	10,48092256	-0,20918857	0,837956685	0,982454373
A_21_P0000572	-0,150746171	11,40426821	-0,209206609	0,837942932	0,982454373
A_33_P3354181	-0,117741578	8,144806022	-0,209215432	0,837936204	0,982454373
A_24_P37519	0,113081398	7,840413406	0,208483144	0,838494582	0,982561192
A_23_P63390	-0,191107041	11,96974299	-0,208460715	0,838511686	0,982561192
A_23_P88522	-0,115863034	12,46978776	-0,208587042	0,838415353	0,982561192
A_23_P119042	0,118428518	14,54936855	0,207870362	0,838961906	0,982849082
A_32_P86118	0,111050552	9,639633023	0,207448836	0,83928341	0,982849082
A_23_P66715	0,128894968	8,979974519	0,207436401	0,839292895	0,982849082
A_19_P00805833	0,147783772	10,60916713	0,207301201	0,839396021	0,982849082
A_23_P56256	0,124358787	12,44833026	0,207297299	0,839398997	0,982849082
A_33_P3226800	0,109708531	6,736668496	0,207142793	0,839516854	0,982849082
A_33_P3346936	0,106663001	7,078259662	0,207137058	0,839521228	0,982849082
A_33_P3257944	-0,136654117	9,960724342	-0,207133181	0,839524185	0,982849082
A_33_P3371769	-0,109166979	12,0816142	-0,207495834	0,839247563	0,982849082
A_21_P0007654	-0,10656257	7,43190214	-0,207565241	0,839194623	0,982849082
A_33_P3355717	-0,135310726	12,14050787	-0,208003291	0,838860525	0,982849082
A_23_P348146	0,12780039	8,172329393	0,207019522	0,839610886	0,982868971
A_21_P0011742	0,119752492	9,357529682	0,206475153	0,84002617	0,982961398
A_21_P0000865	0,116172544	8,279881978	0,206165926	0,840262093	0,982961398
A_23_P99292	0,128602607	8,790083932	0,20578546	0,84055239	0,982961398
A_23_P17330	0,134409401	8,594847146	0,20577098	0,840563438	0,982961398
A_24_P40001	0,117417848	7,24262122	0,205726385	0,840597467	0,982961398
A_23_P83266	0,123590696	10,67495597	0,205671929	0,840639019	0,982961398
A_33_P3333342	0,103994469	6,838600151	0,205609054	0,840686996	0,982961398
A_33_P3326025	0,106424416	8,724185387	0,205508824	0,84076348	0,982961398

A_24_P921327	0,102925123	6,544421191	0,205427338	0,84082566	0,982961398
A_33_P3242483	0,115294833	7,702954379	0,205160693	0,841029143	0,982961398
A_23_P63825	0,111086396	10,96348272	0,204997837	0,841153427	0,982961398
A_24_P113686	0,121462	10,41836524	0,20491339	0,841217875	0,982961398
A_23_P136238	0,109889351	11,89897797	0,204837768	0,841275589	0,982961398
A_21_P0013514	0,112328062	7,965484044	0,204833436	0,841278895	0,982961398
A_23_P104734	0,108520787	10,96356755	0,204710919	0,841372401	0,982961398
A_23_P89570	0,153987007	8,423354971	0,204608042	0,841450919	0,982961398
A_23_P127995	0,148930332	13,32193578	0,204577638	0,841474125	0,982961398
A_21_P0009133	0,107085601	6,998720169	0,204442656	0,84157715	0,982961398
A_23_P46690	0,102739224	6,849418502	0,204292003	0,84169214	0,982961398
A_33_P3320197	0,213825948	8,576361323	0,204058512	0,841870366	0,982961398
A_33_P3407638	0,107950666	11,07796446	0,204043683	0,841881685	0,982961398
A_23_P250404	0,113921656	10,01515672	0,203979836	0,841930422	0,982961398
A_21_P0011293	-0,129268932	7,81369794	-0,203809733	0,842060271	0,982961398
A_21_P0003971	-0,104974666	7,179207725	-0,203827255	0,842046896	0,982961398
A_24_P161813	-0,109112555	10,60671008	-0,204031878	0,841890697	0,982961398
A_23_P233	-0,135831886	8,041595794	-0,204054194	0,841873662	0,982961398
A_21_P0008851	-0,113127809	8,358516665	-0,20410287	0,841836506	0,982961398
A_23_P3514	-0,124958788	11,60110316	-0,204329336	0,841663644	0,982961398
A_23_P10442	-0,115686094	9,605588513	-0,204781817	0,841318291	0,982961398
A_23_P57856	-0,155901297	9,895359016	-0,205104201	0,841072254	0,982961398
A_21_P0007374	-0,1200597	7,448346747	-0,20533227	0,840898208	0,982961398
A_23_P417148	-0,146461975	11,26620793	-0,206081065	0,84032684	0,982961398
A_21_P0012280	-0,114720229	7,072243876	-0,206189646	0,840243996	0,982961398
A_23_P79302	-0,116400445	7,091577838	-0,206443595	0,840050247	0,982961398
A_24_P83437	0,117138517	7,574776292	0,2036352	0,842193507	0,983035538
A_23_P71727	0,117425273	14,61213432	0,203163093	0,842553932	0,983051872
A_21_P0011599	0,105195606	7,717168177	0,203085579	0,842613113	0,983051872
A_33_P3282614	0,104808802	8,017042038	0,202397366	0,843138598	0,983051872
A_23_P114221	0,109331942	14,22221427	0,202239081	0,843259468	0,983051872
A_33_P3642648	0,108867892	7,944113481	0,202152784	0,843325367	0,983051872
A_21_P0000468	0,100079515	6,688048779	0,201777928	0,843611637	0,983051872
A_21_P0004568	0,115770123	7,793765932	0,201728742	0,843649201	0,983051872
A_33_P3287113	0,11022758	8,050713783	0,201557182	0,843780228	0,983051872
A_24_P390583	0,116134583	7,164157538	0,201507802	0,843817941	0,983051872
A_21_P0013975	0,115910765	8,258780454	0,20139745	0,843902224	0,983051872
A_21_P0007359	0,12069139	8,551555502	0,201347807	0,843940141	0,983051872
A_23_P71537	0,112739815	7,974612051	0,201332826	0,843951583	0,983051872
A_24_P261734	0,109385107	11,32590249	0,201178825	0,844069208	0,983051872
A_33_P3307735	-0,135994785	8,243237613	-0,20096894	0,844229524	0,983051872
A_23_P26294	-0,112867882	16,25562792	-0,201012019	0,844196619	0,983051872
A_23_P53588	-0,137459049	8,28241799	-0,201073841	0,844149397	0,983051872
A_32_P171328	-0,11521137	14,05827461	-0,20131505	0,84396516	0,983051872

A_23_P77228	-0,1283492	9,811003152	-0,201399371	0,843900757	0,983051872
A_33_P3360675	-0,127495493	9,140166514	-0,201486836	0,843833954	0,983051872
A_21_P0006413	-0,102781064	6,544095505	-0,201500307	0,843823665	0,983051872
A_33_P3307307	-0,100123892	8,606957333	-0,201545988	0,843788777	0,983051872
A_33_P3211818	-0,106996833	9,230488263	-0,201636929	0,843719321	0,983051872
A_33_P3349843	-0,11270352	7,190064904	-0,201858038	0,843550456	0,983051872
A_24_P69538	-0,142729966	9,709914077	-0,202128475	0,843343931	0,983051872
A_21_P0001893	-0,135310113	8,623267534	-0,20217207	0,84331064	0,983051872
A_24_P134266	-0,121593641	12,48573066	-0,202696252	0,842910374	0,983051872
A_24_P603890	-0,176182597	13,19563003	-0,203234809	0,842499179	0,983051872
A_24_P5550	-0,111836933	9,348718745	-0,203342694	0,842416813	0,983051872
A_21_P0013169	-0,108413422	8,519689549	-0,203477615	0,84231381	0,983051872
A_32_P141262	0,103772755	11,09649721	0,200735541	0,84440781	0,983106541
A_23_P43175	0,113172948	7,005267764	0,20072491	0,844415931	0,983106541
A_23_P317056	0,131561885	9,251397071	0,200338023	0,844711481	0,983337133
A_23_P32913	0,132880925	11,66350655	0,199897281	0,845048202	0,983337133
A_24_P161914	0,136156026	8,880496367	0,199827805	0,845101284	0,983337133
A_24_P58727	0,109533037	15,29252332	0,199826594	0,845102209	0,983337133
A_33_P3328123	-0,109605525	8,171098961	-0,19986805	0,845070535	0,983337133
A_24_P778836	-0,128952548	10,3100547	-0,199927413	0,84502518	0,983337133
A_32_P100258	-0,106816583	11,70345724	-0,200261751	0,844769749	0,983337133
A_33_P3392517	0,104892823	7,049205743	0,199675336	0,845217777	0,983338387
A_23_P251505	0,103020383	12,87058644	0,199642617	0,845242777	0,983338387
A_24_P196372	0,118784402	8,244249818	0,19940106	0,845427347	0,983390254
A_23_P3775	0,11428787	11,46453281	0,199248612	0,845543834	0,983390254
A_21_P0004846	0,116640102	6,68688494	0,199243785	0,845547523	0,983390254
A_19_P00809417	0,133520318	10,98976493	0,199219139	0,845566356	0,983390254
A_24_P75917	0,128027584	8,873224265	0,198650095	0,846001209	0,98352427
A_23_P24135	0,099766853	7,262436842	0,198613213	0,846029396	0,98352427
A_23_P1775	0,117663202	10,0698005	0,198225433	0,846325764	0,98352427
A_33_P3226154	0,101918276	7,477322199	0,198107997	0,846415521	0,98352427
A_33_P3269854	0,112390441	7,103410077	0,198008817	0,846491326	0,98352427
A_21_P0005467	0,101595876	7,214899496	0,197631611	0,846779649	0,98352427
A_33_P3724155	0,101110404	12,22603625	0,197598592	0,84680489	0,98352427
A_23_P60227	0,099678995	7,544316545	0,197583051	0,846816769	0,98352427
A_33_P3318444	0,160453496	13,26078833	0,19751026	0,846872411	0,98352427
A_32_P32739	0,112213072	7,906859261	0,197262984	0,847061438	0,98352427
A_21_P0001995	0,103995495	8,144529834	0,197091764	0,847192331	0,98352427
A_23_P56938	0,108639976	9,74874036	0,196953191	0,847298269	0,98352427
A_23_P56736	0,114474574	8,696094411	0,196590506	0,847575555	0,98352427
A_21_P0000089	0,121794651	8,062047884	0,196300386	0,847797377	0,98352427
A_23_P37892	0,128409099	9,042903248	0,196158669	0,847905738	0,98352427
A_23_P385246	0,10319284	9,111617365	0,195951145	0,848064422	0,98352427
A_23_P8119	0,113084923	7,671819743	0,19580327	0,848177499	0,98352427

A_32_P140898	0,137666342	13,96844482	0,195798481	0,848181161	0,98352427
A_32_P83784	0,104313161	8,347571833	0,195723374	0,848238595	0,98352427
A_21_P0008219	0,102376425	7,127846046	0,195463258	0,848437513	0,98352427
A_21_P0011149	0,110372025	9,241434685	0,195075908	0,848733751	0,98352427
A_33_P3223522	0,108645347	7,400908558	0,194748656	0,848984046	0,98352427
A_19_P00806882	0,150677097	12,50737655	0,194668023	0,84904572	0,98352427
A_23_P148297	0,101786167	13,78940928	0,194615263	0,849086075	0,98352427
A_33_P3322553	0,119789826	10,07501757	0,194328212	0,849305643	0,98352427
A_24_P307175	0,126184375	9,700609001	0,194325116	0,849308011	0,98352427
A_23_P79587	0,116758622	8,630806516	0,194197006	0,849406008	0,98352427
A_23_P100632	0,096951542	15,82379276	0,194135948	0,849452715	0,98352427
A_24_P135501	0,134335523	14,02134661	0,193917031	0,849620182	0,98352427
A_21_P0007110	0,107651282	7,311430062	0,193784942	0,849721231	0,98352427
A_23_P70007	0,115286412	12,56929446	0,193746073	0,849750967	0,98352427
A_33_P3326099	0,112597393	8,572803458	0,19358359	0,849875273	0,98352427
A_23_P43141	0,122901845	14,39389975	0,193490863	0,849946215	0,98352427
A_19_P00809335	0,101691266	6,969405647	0,193197124	0,850170951	0,98352427
A_24_P314477	0,133545881	7,047872242	0,19270357	0,850548597	0,98352427
A_23_P355455	0,104195061	9,176046194	0,192655283	0,850585545	0,98352427
A_21_P0000021	0,102433371	7,475443602	0,192505394	0,850700242	0,98352427
A_23_P425502	0,103190657	9,504374494	0,192211256	0,850925331	0,98352427
A_23_P253932	0,118300865	11,29374425	0,191499803	0,851469826	0,98352427
A_23_P120973	0,119670076	9,047391597	0,191417592	0,851532749	0,98352427
A_24_P374652	0,102068294	11,40233396	0,1913422	0,851590455	0,98352427
A_33_P3348164	0,118869973	9,640965693	0,190917279	0,851915707	0,98352427
A_33_P3362791	0,102292945	6,471694706	0,190520866	0,852219165	0,98352427
A_24_P74160	0,109946925	13,65410971	0,190512316	0,852225711	0,98352427
A_23_P55342	0,132137224	11,7098222	0,190419206	0,85229699	0,98352427
A_24_P247273	0,097273318	7,815102333	0,190415458	0,85229986	0,98352427
A_21_P0013118	0,094303374	6,436161427	0,190184837	0,852476417	0,98352427
A_23_P336644	0,11657336	9,247224255	0,190077118	0,852558888	0,98352427
A_33_P3329644	0,101307419	8,892172547	0,189998214	0,852619297	0,98352427
A_21_P0002658	0,099635745	9,173305113	0,189972388	0,85263907	0,98352427
A_33_P3289113	0,111785904	9,260737234	0,189960505	0,852648168	0,98352427
A_21_P0014558	0,107920958	8,679348314	0,189901994	0,852692967	0,98352427
A_21_P0014222	0,117541683	9,457082345	0,18974653	0,852811998	0,98352427
A_33_P3543133	0,097844477	6,97184067	0,189401265	0,853076363	0,98352427
A_23_P171132	0,097743957	6,783639028	0,189171852	0,853252033	0,98352427
A_23_P76882	0,11488713	12,07119456	0,189057011	0,853339973	0,98352427
A_19_P00321810	0,099260075	7,887668275	0,188884229	0,853472287	0,98352427
A_21_P0000287	0,136189782	9,575139247	0,188645112	0,853655406	0,98352427
A_23_P206724	0,129720719	9,396580263	0,188591044	0,853696814	0,98352427
A_33_P3362239	0,10642609	9,57016213	0,18855163	0,853726999	0,98352427
A_21_P0008290	0,095569254	6,976185279	0,188527354	0,853745591	0,98352427

A_23_P306507	0,106499208	8,1034857	0,188521235	0,853750277	0,98352427
A_33_P3605969	0,097940171	7,664513842	0,188236746	0,85396816	0,98352427
A_33_P3357651	0,098120165	8,744654121	0,188172689	0,854017222	0,98352427
A_23_P333228	0,136107532	7,431651837	0,188131762	0,854048568	0,98352427
A_23_P90099	0,09906307	14,10925831	0,188084516	0,854084755	0,98352427
A_23_P148475	0,128135522	10,68813953	0,188007758	0,854143546	0,98352427
A_24_P350307	0,135422889	12,99765196	0,187968237	0,854173816	0,98352427
A_24_P161355	0,103072714	14,93239771	0,187925944	0,854206211	0,98352427
A_23_P39375	0,107606527	7,700634168	0,187871555	0,85424787	0,98352427
A_33_P3305208	0,09423667	13,79796425	0,187649014	0,85441833	0,98352427
A_23_P51508	0,10330424	12,26147522	0,187515531	0,854520578	0,98352427
A_23_P163567	0,105297165	9,689957214	0,187501489	0,854531335	0,98352427
A_23_P251593	0,103145718	17,36369957	0,187338857	0,854655915	0,98352427
A_23_P40453	0,107287699	7,09624041	0,187299839	0,854685804	0,98352427
A_33_P3408247	0,096846099	6,49218019	0,187215795	0,854750187	0,98352427
A_23_P144697	-0,112045716	9,901021995	-0,187469985	0,854555467	0,98352427
A_24_P407323	-0,132572099	10,40412983	-0,187579746	0,85447139	0,98352427
A_23_P21230	-0,120601077	9,741079508	-0,187914052	0,854215319	0,98352427
A_24_P366082	-0,09809621	9,2702964	-0,188036721	0,854121363	0,98352427
A_33_P3397318	-0,093166518	6,44077752	-0,188372733	0,853864009	0,98352427
A_33_P3542911	-0,097467628	7,40823237	-0,188617093	0,853676865	0,98352427
A_24_P100830	-0,096783176	6,85100404	-0,188738322	0,853584024	0,98352427
A_23_P98092	-0,146551965	10,95114751	-0,189149523	0,85326913	0,98352427
A_23_P123164	-0,101766833	7,330984111	-0,189159779	0,853261277	0,98352427
A_33_P3372285	-0,129272058	8,593087314	-0,189172462	0,853251566	0,98352427
A_24_P181944	-0,099439397	9,203044699	-0,189185594	0,853241509	0,98352427
A_33_P3333900	-0,096136152	6,79744995	-0,189598589	0,852925272	0,98352427
A_33_P3282181	-0,103812981	14,98027287	-0,189664365	0,852874908	0,98352427
A_33_P3340666	-0,103290711	7,695567536	-0,18983383	0,852745155	0,98352427
A_23_P152818	-0,127109606	9,454299855	-0,189894101	0,852699009	0,98352427
A_24_P358205	-0,127175799	10,23883088	-0,189996907	0,852620298	0,98352427
A_33_P3305625	-0,104403944	7,333074029	-0,190293492	0,852393233	0,98352427
A_23_P101111	-0,098758134	10,44757137	-0,190296516	0,852390918	0,98352427
A_19_P00322002	-0,102590532	7,269344594	-0,190317243	0,85237505	0,98352427
A_33_P3289536	-0,114111283	8,216168244	-0,190700228	0,852081859	0,98352427
A_24_P547010	-0,114803589	15,92053251	-0,190817969	0,851991728	0,98352427
A_21_P0006903	-0,108367523	7,943871669	-0,191126741	0,851755373	0,98352427
A_23_P117852	-0,150036237	13,7235698	-0,191148165	0,851738974	0,98352427
A_24_P126417	-0,110409463	9,992410544	-0,191452914	0,851505714	0,98352427
A_23_P2616	-0,101746266	6,930457771	-0,191587786	0,851402486	0,98352427
A_21_P0003137	-0,116421889	16,94821902	-0,191622939	0,85137558	0,98352427
A_33_P3410849	-0,104929211	10,56501107	-0,191659371	0,851347697	0,98352427
A_23_P121141	-0,108549446	8,723839445	-0,191728703	0,851294633	0,98352427
A_32_P198810	-0,108466913	7,15950659	-0,192305883	0,850852916	0,98352427

A_23_P89799	-0,123699015	11,86703031	-0,192896299	0,850401124	0,98352427
A_33_P3408943	-0,104280166	12,86921382	-0,193050148	0,850283406	0,98352427
A_33_P3350853	-0,101253582	7,949174003	-0,193319956	0,850076972	0,98352427
A_21_P0007907	-0,107083591	7,38632081	-0,193343257	0,850059145	0,98352427
A_21_P0011414	-0,104454029	7,374810918	-0,193357984	0,850047877	0,98352427
A_33_P3408203	-0,099756694	8,849789816	-0,1935987	0,849863713	0,98352427
A_21_P0007302	-0,100759266	6,614081814	-0,193713957	0,849775537	0,98352427
A_21_P0000092	-0,101301365	9,992080218	-0,193899452	0,84963363	0,98352427
A_23_P148204	-0,105517847	11,72357964	-0,194072301	0,849501403	0,98352427
A_33_P3347291	-0,105384818	7,019282329	-0,194429735	0,849227985	0,98352427
A_24_P98047	-0,100030535	7,073474495	-0,195144442	0,848681336	0,98352427
A_33_P3243649	-0,109614577	7,835623556	-0,195507578	0,84840362	0,98352427
A_24_P187859	-0,099849277	6,453031386	-0,195893071	0,84810883	0,98352427
A_33_P3320152	-0,145053803	12,17121282	-0,196067636	0,847975345	0,98352427
A_24_P349743	-0,122346145	13,56020649	-0,196267003	0,847822903	0,98352427
A_33_P3311717	-0,110675161	8,128532478	-0,196308913	0,847790858	0,98352427
A_33_P3269678	-0,116727692	13,59738759	-0,197074012	0,847205902	0,98352427
A_23_P145068	-0,108012885	10,69050482	-0,197341344	0,847001535	0,98352427
A_33_P3356210	-0,106513293	9,049635923	-0,197799584	0,846651254	0,98352427
A_33_P3213149	-0,116455831	8,528453962	-0,198114332	0,846410679	0,98352427
A_19_P00812257	-0,105948178	7,510787474	-0,198121117	0,846405493	0,98352427
A_33_P3365142	-0,114345205	7,45826884	-0,198301203	0,846267853	0,98352427
A_24_P150486	-0,120789615	10,28652886	-0,198388829	0,846200882	0,98352427
A_21_P0000841	-0,107702439	9,397603528	-0,198542887	0,846083142	0,98352427
A_23_P374689	-0,113683842	7,24835598	-0,198847342	0,845850471	0,98352427
A_33_P3281151	-0,105247435	11,79625199	-0,186860754	0,855022178	0,983596417
A_24_P48057	-0,099003955	7,140556508	-0,186946898	0,854956183	0,983596417
A_23_P39525	-0,105067169	9,26161262	-0,186983316	0,854928283	0,983596417
A_33_P3241582	0,097085958	15,76828802	0,18634076	0,855420573	0,983644272
A_23_P114282	0,100163832	13,30543338	0,186140392	0,855574097	0,983644272
A_21_P0009382	0,120539085	10,9488514	0,186076253	0,855623242	0,983644272
A_23_P53724	0,103703571	8,527940161	0,18600755	0,855675885	0,983644272
A_24_P11131	0,097663251	11,78767202	0,185667588	0,855936388	0,983644272
A_21_P0014157	0,097809242	10,25454003	0,185387805	0,856150791	0,983644272
A_33_P3369885	0,111152168	7,564827899	0,185248331	0,856257677	0,983644272
A_33_P3216758	0,098483463	6,959707741	0,184849881	0,856563046	0,983644272
A_33_P3249654	0,091572468	6,573807584	0,184646939	0,856718588	0,983644272
A_23_P157299	0,126853872	10,38647797	0,184343786	0,856950949	0,983644272
A_21_P0011814	0,22609084	9,722504641	0,183968111	0,857238915	0,983644272
A_24_P791040	0,093293795	6,416821761	0,183771875	0,857389344	0,983644272
A_33_P3213432	0,117904928	11,3956212	0,183440624	0,857643285	0,983644272
A_33_P3366039	0,115865329	12,439876	0,183271454	0,85777298	0,983644272
A_23_P118289	0,111094459	9,447355034	0,183187138	0,857837622	0,983644272
A_33_P3386506	0,111237032	16,29084588	0,183065189	0,85793112	0,983644272

A_33_P3360426	0,098698035	11,37467824	0,182689674	0,858219035	0,983644272
A_23_P94301	0,104700678	10,2969686	0,182523665	0,858346326	0,983644272
A_33_P3326713	0,095323165	6,8667066	0,182477691	0,858381578	0,983644272
A_23_P86002	0,107018607	11,0891362	0,182349205	0,8584801	0,983644272
A_33_P3299599	0,104733353	16,117226	0,181726581	0,858957561	0,983644272
A_33_P3348614	0,117769584	10,96355624	0,181687027	0,858987894	0,983644272
A_23_P169887	0,100170429	13,09934898	0,181275983	0,859303139	0,983644272
A_23_P138253	0,091874655	12,4062945	0,18126088	0,859314722	0,983644272
A_33_P3383431	0,107476405	11,46918405	0,181217149	0,859348262	0,983644272
A_21_P0012022	0,093738517	6,896770856	0,180936785	0,859563301	0,983644272
A_21_P0013750	0,100158036	7,101481057	0,18052828	0,859876644	0,983644272
A_33_P3293202	0,09249149	7,012252337	0,180092666	0,860210809	0,983644272
A_23_P116512	0,112069885	7,444678439	0,179670873	0,860534398	0,983644272
A_33_P3224206	0,091354788	6,696682573	0,179487839	0,860674826	0,983644272
A_33_P3319937	0,11574921	15,75350372	0,179310734	0,860810709	0,983644272
A_21_P0012379	0,099945138	9,169923907	0,178978745	0,86106544	0,983644272
A_33_P3245066	0,094519024	11,92045138	0,178927913	0,861104444	0,983644272
A_33_P3237413	0,094808066	11,7815426	0,178517468	0,861419398	0,983644272
A_23_P143650	0,130387848	8,520158422	0,178297486	0,861588212	0,983644272
A_21_P0000110	0,124360118	8,616534135	0,178265294	0,861612916	0,983644272
A_23_P42768	0,121151225	8,12307541	0,177709145	0,862039737	0,983644272
A_24_P372562	0,097165404	13,0990109	0,177435442	0,86224981	0,983644272
A_23_P92629	0,098992869	11,20181644	0,177287127	0,862363649	0,983644272
A_23_P213518	0,097266726	10,7730067	0,177275791	0,86237235	0,983644272
A_23_P302094	0,119996762	11,82571885	0,176926162	0,862640722	0,983644272
A_33_P3245480	0,10346074	9,347751931	0,176859374	0,862691989	0,983644272
A_21_P0006038	0,101806047	7,289800041	0,176732219	0,862789597	0,983644272
A_21_P0004387	0,098103265	6,93924049	0,17668671	0,862824532	0,983644272
A_23_P406350	0,104237446	9,263407964	0,176544426	0,862933758	0,983644272
A_23_P130149	0,108467532	11,2784734	0,176258244	0,863153458	0,983644272
A_23_P385911	0,093623974	7,625783449	0,17625553	0,863155541	0,983644272
A_21_P0011471	0,126686175	8,260472534	0,176248339	0,863161062	0,983644272
A_24_P324314	0,092822207	7,679210458	0,176051561	0,863312134	0,983644272
A_21_P0000082	0,091458908	11,72660021	0,175955561	0,863385838	0,983644272
A_33_P3326892	0,089625126	6,602497523	0,175640812	0,863627496	0,983644272
A_23_P9523	0,093580031	9,363095189	0,175355877	0,863846276	0,983644272
A_21_P0003114	0,108348389	11,17918051	0,175287766	0,863898575	0,983644272
A_33_P3391476	0,097857772	7,603739459	0,174682374	0,864363455	0,983644272
A_23_P207981	0,087984675	6,787929787	0,17448282	0,864516704	0,983644272
A_23_P167856	0,120660149	10,22652069	0,174470526	0,864526145	0,983644272
A_24_P350008	0,134925924	14,1547684	0,174465712	0,864529842	0,983644272
A_33_P3235132	0,095553956	8,181063225	0,174435898	0,864552738	0,983644272
A_24_P338145	0,130857544	10,85419061	0,174183923	0,864746254	0,983644272
A_33_P3358641	0,092740723	10,22080933	0,174073784	0,864830844	0,983644272

A_33_P3759592	0,090093493	17,28131639	0,174046263	0,864851981	0,983644272
A_33_P3405004	0,09528281	9,590550141	0,173945382	0,864929462	0,983644272
A_23_P68121	0,088738385	10,90108809	0,173721144	0,865101691	0,983644272
A_24_P943566	0,098276237	9,246721499	0,173699612	0,86511823	0,983644272
A_21_P0011559	0,115518153	6,927635445	0,173575607	0,865213478	0,983644272
A_23_P313476	0,088882393	9,399110749	0,173529229	0,865249101	0,983644272
A_33_P3380797	0,094263313	7,931097672	0,173419585	0,86533332	0,983644272
A_23_P364444	0,086632441	6,487097668	0,173139938	0,86554813	0,983644272
A_32_P44568	0,125924606	11,84047865	0,173074253	0,865598587	0,983644272
A_23_P347468	-0,104682012	7,757460938	-0,173219376	0,865487109	0,983644272
A_23_P210538	-0,105320296	8,276241025	-0,173219941	0,865486675	0,983644272
A_21_P0011281	-0,134047924	8,314055864	-0,173236083	0,865474275	0,983644272
A_24_P323635	-0,129658068	9,8056797	-0,173488942	0,865280046	0,983644272
A_21_P0004063	-0,089526235	6,943506068	-0,173514105	0,865260718	0,983644272
A_23_P2645	-0,092606743	7,217438491	-0,173746828	0,865081964	0,983644272
A_21_P0013161	-0,102986509	8,002951898	-0,173782009	0,865054943	0,983644272
A_23_P209933	-0,090443371	12,21286345	-0,173798133	0,865042558	0,983644272
A_32_P210572	-0,106744767	8,961502344	-0,173811493	0,865032297	0,983644272
A_33_P3258747	-0,104679125	7,666650291	-0,174253784	0,864692601	0,983644272
A_33_P3234202	-0,087504213	6,936417214	-0,174316652	0,864644318	0,983644272
A_21_P0013703	-0,092536354	7,599044338	-0,174687245	0,864359714	0,983644272
A_24_P136551	-0,091050697	10,26803408	-0,175206756	0,863960779	0,983644272
A_33_P3341616	-0,122283392	7,972043111	-0,175575833	0,863677388	0,983644272
A_23_P100074	-0,101633401	11,12837766	-0,175739773	0,863551514	0,983644272
A_33_P3290124	-0,100614026	9,032294837	-0,175823705	0,863487073	0,983644272
A_33_P3288074	-0,09879734	8,44039534	-0,175903207	0,863426034	0,983644272
A_21_P0002566	-0,101295636	7,778276315	-0,176296776	0,863123876	0,983644272
A_23_P352717	-0,092621639	6,596507321	-0,17635661	0,863077942	0,983644272
A_33_P3409886	-0,089330638	9,747131271	-0,176387898	0,863053922	0,983644272
A_23_P104689	-0,098563491	10,20482395	-0,176602475	0,862889196	0,983644272
A_33_P3214339	-0,090421695	7,34564635	-0,176692078	0,862820411	0,983644272
A_33_P3240652	-0,097248402	7,784061938	-0,176785235	0,8627489	0,983644272
A_23_P132147	-0,088463956	6,447899909	-0,177311557	0,862344897	0,983644272
A_23_P254688	-0,097769629	7,91962187	-0,177557124	0,862156415	0,983644272
A_33_P3370812	-0,096720716	8,244448831	-0,177711358	0,862038039	0,983644272
A_24_P242820	-0,107905485	10,36446503	-0,177886304	0,86190377	0,983644272
A_24_P216313	-0,131080496	11,73954466	-0,178036057	0,861788841	0,983644272
A_33_P3362321	-0,11469699	11,28276254	-0,1781129	0,861729867	0,983644272
A_32_P210202	-0,092426463	11,59516762	-0,178212772	0,861653223	0,983644272
A_33_P3546363	-0,112395608	14,69032232	-0,178322865	0,861568736	0,983644272
A_33_P3344574	-0,107422561	10,67347734	-0,178486656	0,861443043	0,983644272
A_23_P98963	-0,092513757	10,106406	-0,178511219	0,861424194	0,983644272
A_33_P3227506	-0,094819902	8,151112882	-0,178664116	0,861306865	0,983644272
A_23_P118150	-0,101621542	10,37914417	-0,178697949	0,861280903	0,983644272

A_19_P00810361	-0,160977011	10,39320793	-0,178779755	0,86121813	0,983644272
A_33_P3268910	-0,101851578	9,53808149	-0,178809589	0,861195237	0,983644272
A_23_P29096	-0,1043638	6,90023786	-0,178826186	0,861182502	0,983644272
A_32_P141768	-0,09811473	9,707273033	-0,179070061	0,860995372	0,983644272
A_33_P3269578	-0,094357315	10,50017016	-0,179438253	0,86071287	0,983644272
A_23_P51646	-0,108591339	11,93204038	-0,179589135	0,860597109	0,983644272
A_23_P253068	-0,091796503	7,527273745	-0,179639869	0,860558185	0,983644272
A_33_P3352827	-0,091514751	7,805072161	-0,179672705	0,860532993	0,983644272
A_19_P00319721	-0,090915495	6,756278693	-0,179753298	0,860471162	0,983644272
A_33_P3389008	-0,09820692	7,246874325	-0,179788764	0,860443952	0,983644272
A_33_P3380211	-0,113479293	11,55024581	-0,179857254	0,860391408	0,983644272
A_24_P85317	-0,098195863	7,778800644	-0,179873273	0,860379119	0,983644272
A_24_P371281	-0,098427905	6,989553662	-0,179903387	0,860356016	0,983644272
A_21_P0004859	-0,093229491	7,762600717	-0,180869464	0,859614938	0,983644272
A_23_P326760	-0,097619604	8,527839154	-0,181108989	0,859431219	0,983644272
A_33_P3416420	-0,107877123	9,052697297	-0,181448975	0,859170462	0,983644272
A_33_P3340718	-0,104929403	9,795959158	-0,181489835	0,859139125	0,983644272
A_24_P910733	-0,0972832	9,96275474	-0,181698088	0,858979412	0,983644272
A_23_P101829	-0,102010558	8,56623845	-0,181758812	0,858932843	0,983644272
A_24_P1054	-0,093039338	7,924991457	-0,181911432	0,858815801	0,983644272
A_23_P332399	-0,099290208	6,715291056	-0,182184489	0,858606407	0,983644272
A_32_P711043	-0,096750444	7,369693872	-0,18220292	0,858592274	0,983644272
A_23_P65584	-0,106140843	8,806254981	-0,182541268	0,858332828	0,983644272
A_33_P3389658	-0,108278206	8,382795482	-0,182799896	0,858134523	0,983644272
A_33_P3294377	-0,097330974	7,651006277	-0,182828845	0,858112327	0,983644272
A_24_P381029	-0,103278408	12,2136614	-0,18293366	0,858031963	0,983644272
A_21_P0004348	-0,129997342	6,788589185	-0,18295948	0,858012167	0,983644272
A_21_P0013355	-0,111882443	8,456034807	-0,182996213	0,857984004	0,983644272
A_23_P141146	-0,109648523	8,237615239	-0,183379141	0,857690421	0,983644272
A_33_P3250343	-0,107206345	16,45336359	-0,183547187	0,857561591	0,983644272
A_33_P3342967	-0,094528113	7,267303116	-0,183658604	0,857476177	0,983644272
A_23_P87049	-0,106244328	13,06500126	-0,183876001	0,857309523	0,983644272
A_21_P0007502	-0,1089613	8,235830313	-0,183885436	0,85730229	0,983644272
A_23_P152548	-0,114696737	10,65623047	-0,18411349	0,857127475	0,983644272
A_23_P416774	-0,093338228	6,564015272	-0,184150355	0,857099217	0,983644272
A_33_P3361707	-0,100113374	9,664878962	-0,184208492	0,857054653	0,983644272
A_23_P152218	-0,128993801	9,560655696	-0,184208617	0,857054557	0,983644272
A_21_P0013771	-0,097730471	9,415760112	-0,1844615	0,856860722	0,983644272
A_24_P100742	-0,098191093	9,41860572	-0,184760239	0,856631751	0,983644272
A_33_P3372074	-0,102769388	12,71807121	-0,18486864	0,856548669	0,983644272
A_23_P168669	-0,110303528	8,219120434	-0,185143707	0,856337858	0,983644272
A_23_P24104	-0,109642952	12,38747184	-0,185375895	0,856159918	0,983644272
A_24_P101047	-0,096770243	7,410805196	-0,185647142	0,855952056	0,983644272
A_21_P0005819	-0,093504839	7,141293962	-0,185653829	0,855946931	0,983644272

A_33_P3286973	-0,115499109	10,47471784	-0,185726831	0,855890991	0,983644272
A_33_P3243069	-0,13244303	9,781104693	-0,185807161	0,855829435	0,983644272
A_24_P557479	-0,193101843	9,878866291	-0,185963282	0,855709805	0,983644272
A_33_P3234989	-0,122085581	9,218869953	-0,172975571	0,865674393	0,983651134
A_23_P120435	-0,092393224	8,114769866	-0,172873519	0,865752789	0,983660938
A_33_P3328659	0,104785721	16,55388295	0,172697928	0,865887682	0,983734925
A_23_P258493	0,097896006	12,00317327	0,172526894	0,866019077	0,983747952
A_33_P3362696	0,09001453	8,448720168	0,172484397	0,866051726	0,983747952
A_21_P0009295	-0,103881562	8,524895322	-0,172410535	0,866108471	0,983747952
A_24_P801079	0,089629554	10,63079172	0,17227979	0,86620892	0,98378279
A_21_P0014423	-0,136127625	9,856409715	-0,172179464	0,866286	0,983791084
A_23_P89621	0,089579714	8,186897473	0,171716676	0,866641578	0,983896023
A_23_P45345	-0,105553297	13,55377346	-0,171695897	0,866657543	0,983896023
A_23_P166491	-0,098116849	10,65993744	-0,171747647	0,86661778	0,983896023
A_33_P3322430	-0,1187852	13,59685634	-0,171780997	0,866592155	0,983896023
A_33_P3227920	0,089837916	7,079586507	0,171555502	0,86676542	0,983912492
A_23_P142714	-0,100631994	10,67801142	-0,171404555	0,866881409	0,983912492
A_23_P128817	-0,110080821	9,023166133	-0,171431974	0,86686034	0,983912492
A_33_P3227666	-0,089004815	10,65329426	-0,171311511	0,866952906	0,983914435
A_33_P3260209	0,110879618	9,649552668	0,17089216	0,86727516	0,983995346
A_21_P0010214	0,098550434	9,546623016	0,170692271	0,867428775	0,983995346
A_23_P301476	0,085438894	7,56511732	0,170678251	0,86743955	0,983995346
A_23_P59888	-0,091472069	9,258605691	-0,170310585	0,867722117	0,983995346
A_23_P121702	-0,098294798	13,25321358	-0,170320527	0,867714476	0,983995346
A_33_P3261433	-0,098094319	9,801843025	-0,17042048	0,867637656	0,983995346
A_33_P3283601	-0,087404895	8,68962378	-0,170440628	0,867622171	0,983995346
A_33_P3240972	-0,0937649	7,38528002	-0,170618997	0,867485087	0,983995346
A_21_P0009781	-0,092488937	7,068336005	-0,170843619	0,867312463	0,983995346
A_33_P3291329	-0,103106649	8,382704306	-0,17105545	0,867149675	0,983995346
A_23_P341349	0,089324568	11,04426251	0,170107997	0,867877824	0,984007828
A_23_P140967	0,093077762	7,711987554	0,169847445	0,868078089	0,984007828
A_21_P0011283	-0,094311173	6,846499784	-0,169842241	0,868082089	0,984007828
A_23_P390518	-0,103949228	7,669320548	-0,169856342	0,86807125	0,984007828
A_21_P0004995	-0,096848963	7,48245876	-0,169863699	0,868065595	0,984007828
A_33_P3262475	0,09856425	7,86893752	0,169554831	0,868303008	0,984146198
A_33_P3214432	0,104777162	11,94159553	0,168949099	0,868768647	0,984146198
A_23_P160466	0,094807111	9,470206152	0,168754611	0,868918165	0,984146198
A_23_P51699	0,087878486	10,07889873	0,168437247	0,869162159	0,984146198
A_23_P416142	0,116529716	9,009670819	0,168366342	0,869216674	0,984146198
A_33_P3363898	0,09139397	13,97911831	0,168329424	0,869245057	0,984146198
A_24_P561341	0,161557233	8,198483687	0,168273892	0,869287753	0,984146198
A_24_P194881	0,110428032	9,495747894	0,168127657	0,869400189	0,984146198
A_19_P00320723	0,089515985	7,203469647	0,168102113	0,86941983	0,984146198
A_33_P3336632	0,105738042	17,38878758	0,168049084	0,869460603	0,984146198

A_33_P3460460	-0,087881004	7,527994094	-0,168106204	0,869416684	0,984146198
A_23_P2474	-0,095649315	10,81805562	-0,168359234	0,869222138	0,984146198
A_23_P39931	-0,098525308	7,374748615	-0,168730763	0,868936499	0,984146198
A_32_P204019	-0,113192625	15,59191987	-0,168756077	0,868917038	0,984146198
A_23_P74330	-0,084209842	7,643331498	-0,168902566	0,868804421	0,984146198
A_21_P0002150	-0,083763065	6,453390542	-0,169067105	0,868677929	0,984146198
A_23_P16189	-0,086240379	6,749167989	-0,169164413	0,868603125	0,984146198
A_33_P3417305	-0,091504662	8,528578381	-0,169470825	0,868367582	0,984146198
A_23_P355623	-0,089349985	7,858229832	-0,167947143	0,869538985	0,984155909
A_23_P51085	0,104225933	11,10300765	0,16772734	0,869707995	0,984235742
A_33_P3268174	0,100165204	9,639243755	0,167566454	0,869831708	0,984235742
A_23_P148984	0,103410281	9,156781691	0,167265009	0,870063513	0,984235742
A_23_P2223	0,08708208	12,96760716	0,167242037	0,870081178	0,984235742
A_33_P3298139	0,096502919	7,503810871	0,167120811	0,870174403	0,984235742
A_23_P57521	0,105885284	13,17828267	0,167094462	0,870194665	0,984235742
A_33_P3352822	0,085956106	7,925955545	0,166997904	0,870268922	0,984235742
A_24_P231104	0,11703807	7,617126787	0,16678398	0,87043344	0,984235742
A_33_P3256088	0,085484537	8,93546182	0,166765982	0,870447282	0,984235742
A_24_P734720	0,083321473	7,046602229	0,166494929	0,870655746	0,984235742
A_33_P3275435	0,090743407	8,469596755	0,166378878	0,870745002	0,984235742
A_21_P0013475	0,092670858	8,420637165	0,166312217	0,870796273	0,984235742
A_23_P414713	-0,089191159	7,711690988	-0,166356712	0,87076205	0,984235742
A_23_P429950	-0,100418659	7,011312378	-0,166367843	0,870753489	0,984235742
A_33_P3220149	-0,097615794	17,07938932	-0,166708113	0,870491787	0,984235742
A_21_P0004028	-0,082746393	6,417783279	-0,166964639	0,870294504	0,984235742
A_23_P113825	-0,087103982	11,32205258	-0,167381732	0,869973754	0,984235742
A_21_P0010462	0,082531053	7,698690308	0,165791902	0,871196483	0,984451327
A_21_P0005105	-0,085226983	6,52818039	-0,165843787	0,871156573	0,984451327
A_24_P159094	-0,096386287	12,3813264	-0,165910806	0,871105022	0,984451327
A_33_P3330125	-0,099854394	16,29302627	-0,165696691	0,87126972	0,984455183
A_23_P18422	0,117577485	11,58743337	0,165376995	0,871515643	0,984595112
A_33_P3211513	0,119377365	10,10600089	0,165263353	0,871603064	0,984595112
A_33_P3360684	-0,087931384	9,235139139	-0,165292908	0,871580328	0,984595112
A_33_P3609431	0,100560581	12,33382747	0,164998924	0,871806487	0,984608166
A_32_P92399	0,089876886	11,82594503	0,164905881	0,871878068	0,984608166
A_33_P3358521	0,093542138	9,535908488	0,164790115	0,87196713	0,984608166
A_24_P98161	0,084763034	6,787224141	0,164767742	0,871984343	0,984608166
A_21_P0012884	0,091525475	8,357455613	0,164676417	0,872054604	0,984608166
A_21_P0013201	-0,085396888	8,771717718	-0,164612906	0,872103467	0,984608166
A_24_P940803	-0,104322545	9,985326435	-0,164652961	0,87207265	0,984608166
A_33_P3350227	0,102269847	8,624956186	0,164403409	0,87226465	0,98471129
A_33_P3303542	0,088957314	7,332353235	0,164176731	0,872439058	0,984829326
A_23_P214037	0,116809499	14,1874005	0,164015725	0,872562942	0,984890315
A_23_P35309	-0,08464842	9,544206953	-0,163825346	0,872709431	0,984976807

A_33_P3299560	-0,107149784	7,610640494	-0,163582388	0,872896385	0,985030106
A_33_P3291160	-0,082602129	7,374345641	-0,163603064	0,872880475	0,985030106
A_24_P116351	-0,101234289	14,09212438	-0,163447349	0,8730003	0,985068526
A_23_P259166	0,086463874	13,1646605	0,163243132	0,873157453	0,985090394
A_23_P88817	0,098246171	8,411908359	0,163149785	0,873229289	0,985090394
A_23_P53018	-0,08492965	8,731410668	-0,163233398	0,873164944	0,985090394
A_23_P60387	-0,093686165	8,220243271	-0,162801627	0,873497229	0,985234994
A_33_P3370310	-0,092804002	7,949555119	-0,162872827	0,873442432	0,985234994
A_24_P303874	0,103758998	14,8999089	0,162659746	0,873606424	0,985279335
A_24_P213643	0,084276086	7,635860649	0,162286918	0,873893374	0,985317599
A_23_P129389	0,082619096	11,77457189	0,162065548	0,874063761	0,985317599
A_21_P0011562	0,115407788	10,96812583	0,161846349	0,874232486	0,985317599
A_32_P184727	0,086492102	14,99529466	0,161682121	0,874358901	0,985317599
A_23_P76851	0,154148201	11,54440716	0,161579888	0,874437597	0,985317599
A_21_P0009551	0,093325488	8,78935343	0,161378466	0,87459265	0,985317599
A_21_P0002024	0,088833808	7,394678916	0,161337289	0,874624349	0,985317599
A_23_P371145	0,083126383	6,588306091	0,16102557	0,87486432	0,985317599
A_23_P111452	0,090991147	12,9325122	0,160963069	0,874912437	0,985317599
A_33_P3258346	0,134608235	8,506748984	0,160634337	0,875165522	0,985317599
A_33_P3272948	0,096031378	7,651645488	0,160598652	0,875192997	0,985317599
A_21_P0013152	0,091438286	7,031530216	0,160235094	0,875472913	0,985317599
A_33_P3390441	0,089559435	14,2407386	0,160083116	0,875589931	0,985317599
A_19_P00320966	0,091801086	9,76803574	0,159464654	0,87606616	0,985317599
A_21_P0007407	0,089560406	9,459239341	0,159397191	0,876118112	0,985317599
A_23_P87013	0,081533927	7,294360373	0,159136761	0,876318666	0,985317599
A_24_P289636	-0,095101215	7,541757857	-0,159075439	0,876365891	0,985317599
A_33_P3340060	-0,123850047	16,39238912	-0,159104468	0,876343535	0,985317599
A_21_P0010750	-0,07975349	9,327685357	-0,159283211	0,876205886	0,985317599
A_21_P0011764	-0,081537833	6,963481829	-0,159346378	0,876157242	0,985317599
A_23_P55649	-0,094590185	8,763180311	-0,159524303	0,876020227	0,985317599
A_21_P0014791	-0,09189923	11,13588745	-0,159579054	0,875978066	0,985317599
A_32_P206839	-0,083139402	9,082471576	-0,159632549	0,875936873	0,985317599
A_32_P204381	-0,118629419	10,25090659	-0,159814329	0,875796897	0,985317599
A_19_P00322225	-0,079231657	7,728454208	-0,159818864	0,875793405	0,985317599
A_33_P3290065	-0,081483626	6,515283124	-0,159949415	0,87569288	0,985317599
A_21_P0012336	-0,111458914	10,77387915	-0,160019635	0,875638811	0,985317599
A_32_P194821	-0,088829803	14,48640875	-0,160066137	0,875603005	0,985317599
A_23_P361381	-0,091948734	8,061904342	-0,160254343	0,875458092	0,985317599
A_33_P3350056	-0,084526179	10,56352237	-0,16038198	0,875359818	0,985317599
A_33_P3575854	-0,080975617	12,73748434	-0,160705106	0,875111037	0,985317599
A_24_P174503	-0,084786002	8,384945795	-0,160922903	0,874943359	0,985317599
A_23_P398836	-0,102005998	7,928581571	-0,161111778	0,874797953	0,985317599
A_24_P50157	-0,096427339	15,5779481	-0,161156579	0,874763463	0,985317599
A_33_P3265749	-0,107724976	11,77554826	-0,161260588	0,874683394	0,985317599

A_33_P3213617	-0,083462462	6,838644529	-0,161550473	0,87446024	0,985317599
A_32_P1381	-0,106093311	14,02540062	-0,161705369	0,874341005	0,985317599
A_33_P3392213	-0,120494791	11,19239091	-0,161878667	0,874207609	0,985317599
A_33_P3393537	-0,107024767	10,3493944	-0,16211851	0,874022996	0,985317599
A_32_P14457	-0,093283596	6,945071337	-0,158900775	0,876500404	0,985390256
A_23_P79518	0,118719577	12,97078634	0,158415954	0,876873798	0,985583192
A_33_P3619171	0,085077685	11,14724709	0,158358853	0,876917778	0,985583192
A_24_P40907	-0,082782953	9,902621355	-0,158314891	0,876951638	0,985583192
A_33_P3343210	-0,090694469	11,65380904	-0,158351879	0,876923149	0,985583192
A_24_P278299	0,091916946	10,85651499	0,157998832	0,877195078	0,985710892
A_24_P152094	0,100048378	13,38904015	0,157910297	0,877263274	0,985710892
A_33_P3225298	0,089369208	8,506606136	0,157720074	0,877409798	0,985710892
A_23_P57199	-0,112069873	9,611953047	-0,157713542	0,87741483	0,985710892
A_33_P3253361	-0,08190694	6,84865913	-0,157735996	0,877397534	0,985710892
A_23_P46604	-0,094777142	8,678036296	-0,157585354	0,877513574	0,985743277
A_24_P569294	-0,09904681	11,34183118	-0,157121378	0,877870994	0,986066216
A_23_P256773	-0,085650806	12,86883993	-0,157001956	0,877962994	0,986090995
A_21_P0009329	0,094330676	7,797975331	0,156835781	0,878091015	0,986099538
A_33_P3247678	0,082309073	7,36709629	0,1566806	0,87821057	0,986099538
A_32_P162192	0,085031848	6,593623936	0,156589966	0,878280397	0,986099538
A_23_P74252	0,079140835	9,427790746	0,156407831	0,878420725	0,986099538
A_33_P3322999	0,085754487	7,342759057	0,156317793	0,878490096	0,986099538
A_33_P3323559	0,083732491	7,627146084	0,156204135	0,878577668	0,986099538
A_33_P3259736	0,082199654	7,346377119	0,156147002	0,878621689	0,986099538
A_23_P380815	0,078393886	10,09554855	0,156058119	0,878690174	0,986099538
A_33_P3234667	0,078966424	10,76104642	0,155993514	0,878739953	0,986099538
A_23_P348121	-0,141150218	9,534787995	-0,156217206	0,878567597	0,986099538
A_23_P20122	-0,081298623	9,44850822	-0,156264327	0,878531291	0,986099538
A_23_P104876	0,078632484	8,964244663	0,155566508	0,879068981	0,986163614
A_21_P0009158	0,089247791	7,797100111	0,15544405	0,879163345	0,986163614
A_33_P3214239	0,09080461	7,49542739	0,155439138	0,87916713	0,986163614
A_33_P3313532	0,08016487	7,341100055	0,155268262	0,879298808	0,986163614
A_33_P3299705	0,088288222	14,35432705	0,155193245	0,879356618	0,986163614
A_33_P3409249	-0,080119342	7,639350341	-0,155353037	0,87923348	0,986163614
A_32_P86180	-0,089370388	8,864423435	-0,155386741	0,879207508	0,986163614
A_23_P66766	-0,090704856	12,08537616	-0,155784543	0,878900972	0,986163614
A_23_P71379	0,081276174	6,925992038	0,155087757	0,87943791	0,986176337
A_21_P0003245	0,091663792	8,406393617	0,154792826	0,879665201	0,986352765
A_23_P203445	-0,088446419	8,846512061	-0,154210279	0,880114178	0,986777717
A_33_P3235521	0,083651977	8,070595603	0,153825345	0,880410876	0,987031881
A_23_P55998	-0,101674599	10,37556756	-0,153564619	0,880611848	0,98710021
A_19_P00319682	-0,085302534	6,997928352	-0,153624695	0,880565539	0,98710021
A_33_P3677298	0,084832709	6,663696903	0,153327432	0,880794683	0,987171202
A_24_P276888	0,100799269	10,3804822	0,153253752	0,880851481	0,987171202

A_23_P132956	0,133130496	9,665942698	0,153121947	0,880953087	0,987171202
A_21_P0013528	0,092629524	10,38584455	0,152816337	0,881188685	0,987171202
A_23_P68155	0,122157982	10,60013864	0,15279073	0,881208427	0,987171202
A_33_P3303066	0,102762306	10,32850166	0,152422559	0,881492271	0,987171202
A_21_P0012412	0,078571159	6,465060101	0,152291004	0,881593698	0,987171202
A_32_P47554	0,080667358	16,96846515	0,152056144	0,881774778	0,987171202
A_23_P42045	0,083645217	10,67434642	0,151451032	0,882241358	0,987171202
A_33_P3362652	0,0862241	6,567318295	0,151299825	0,882357957	0,987171202
A_21_P0010430	0,084916442	8,244639495	0,151227079	0,882414053	0,987171202
A_24_P158385	0,106264712	9,092903777	0,151083572	0,882524717	0,987171202
A_23_P213832	0,080238146	8,943936904	0,150838436	0,882713757	0,987171202
A_23_P351734	0,081703797	9,28176653	0,150654433	0,882855659	0,987171202
A_24_P226108	0,079580345	6,965705726	0,150597147	0,882899839	0,987171202
A_21_P0005594	0,086849944	11,58956032	0,150539849	0,882944028	0,987171202
A_33_P3219010	0,084875891	13,31921517	0,150406919	0,883046547	0,987171202
A_24_P115774	-0,088281805	11,56779796	-0,150394971	0,883055762	0,987171202
A_19_P00316415	-0,093829971	7,4755268	-0,150573112	0,882918375	0,987171202
A_23_P3856	-0,09595553	8,342806982	-0,150652926	0,882856821	0,987171202
A_23_P2998	-0,099841237	11,75124426	-0,150653811	0,882856139	0,987171202
A_21_P0007221	-0,079423227	7,475375336	-0,150683147	0,882833515	0,987171202
A_23_P214533	-0,092730759	7,786503936	-0,150815436	0,882731495	0,987171202
A_24_P346886	-0,078632068	15,07903506	-0,150854298	0,882701525	0,987171202
A_33_P3325306	-0,118788403	13,6431578	-0,150888029	0,882675512	0,987171202
A_21_P0014663	-0,076346108	7,196993892	-0,15097765	0,8826064	0,987171202
A_23_P259012	-0,116434407	10,13626116	-0,15119885	0,882435822	0,987171202
A_33_P3351101	-0,089643979	7,109319675	-0,151517705	0,882189947	0,987171202
A_23_P31372	-0,101538585	13,74859888	-0,151823373	0,881954254	0,987171202
A_23_P209778	-0,089775835	11,41275909	-0,152330398	0,881563325	0,987171202
A_33_P3263696	-0,086354508	9,152955159	-0,152444585	0,881475289	0,987171202
A_23_P336198	-0,077178495	10,31222573	-0,152539588	0,881402044	0,987171202
A_33_P3336223	-0,117843933	9,345865028	-0,152688491	0,881287247	0,987171202
A_33_P3333038	-0,080260729	16,30714296	-0,152891811	0,8811305	0,987171202
A_23_P49082	0,086467446	10,34814387	0,150159535	0,883237343	0,987231536
A_33_P3647427	-0,076524911	9,317381618	-0,150143414	0,883249776	0,987231536
A_24_P206604	0,092509531	8,028565879	0,149838685	0,88348481	0,98741596
A_23_P304543	0,080602411	11,01185609	0,149669112	0,883615605	0,987431483
A_33_P3416767	0,204409047	11,62604699	0,149056647	0,884088039	0,987431483
A_19_P00806593	0,081773875	7,54224392	0,1488742	0,884228782	0,987431483
A_33_P3318841	0,088683828	7,523088063	0,148751869	0,884323153	0,987431483
A_33_P3389842	0,07479546	6,831038609	0,148614719	0,884428957	0,987431483
A_33_P3338740	0,07918301	6,667411108	0,148367261	0,884619865	0,987431483
A_33_P3362812	0,089806583	12,97044443	0,148366651	0,884620336	0,987431483
A_33_P3325933	0,093379357	9,712027549	0,148362905	0,884623226	0,987431483
A_33_P3311653	0,075179551	9,227321101	0,148226462	0,884728491	0,987431483

A_33_P3316671	0,120990629	11,04247677	0,147569567	0,885235318	0,987431483
A_23_P416813	0,080285067	8,087164758	0,147460473	0,885319495	0,987431483
A_21_P0004594	-0,076462558	8,245773112	-0,147460306	0,885319623	0,987431483
A_33_P3411080	-0,089013862	7,329929374	-0,14746673	0,885314667	0,987431483
A_33_P3421571	-0,082895078	9,678754383	-0,147541789	0,885256751	0,987431483
A_33_P3369505	-0,077003055	7,989774544	-0,147566409	0,885237755	0,987431483
A_33_P3415913	-0,078273339	7,876190313	-0,14759293	0,885217291	0,987431483
A_21_P0008072	-0,081629003	7,071960858	-0,147694042	0,885139275	0,987431483
A_33_P3320283	-0,075848711	7,316110325	-0,147818572	0,885043192	0,987431483
A_24_P943393	-0,081831827	14,782322	-0,147866594	0,88500614	0,987431483
A_23_P123330	-0,087655082	16,1252818	-0,147969569	0,884926691	0,987431483
A_23_P5415	-0,089853854	12,35308103	-0,1481757	0,884767655	0,987431483
A_33_P3366048	-0,078870814	7,621740811	-0,148305217	0,884667732	0,987431483
A_33_P3240936	-0,084337774	7,185226082	-0,148617727	0,884426637	0,987431483
A_33_P3286302	-0,090613872	8,744763716	-0,148733526	0,884337303	0,987431483
A_24_P365954	-0,094816371	8,773814689	-0,149434931	0,883796239	0,987431483
A_33_P3332474	-0,084070635	7,264528811	-0,14963823	0,883639425	0,987431483
A_23_P40782	0,091910873	8,323433129	0,147071564	0,885619587	0,987459764
A_21_P0008550	0,074309841	7,580873304	0,147030942	0,885650933	0,987459764
A_23_P10518	0,074364576	6,951727218	0,146959619	0,88570597	0,987459764
A_23_P141730	0,075575295	6,955342785	0,146651906	0,885943427	0,987459764
A_33_P3388527	0,085860677	8,76391254	0,146080962	0,886384046	0,987459764
A_21_P0014909	0,076017831	8,319272849	0,145828771	0,886578684	0,987459764
A_21_P0011094	0,07673242	14,88388963	0,14577704	0,886618611	0,987459764
A_21_P0013621	0,081654726	6,983198417	0,145154108	0,887099419	0,987459764
A_33_P3274164	0,072132525	8,204896628	0,144886452	0,887306023	0,987459764
A_33_P3219055	0,096991034	11,92015669	0,144874143	0,887315525	0,987459764
A_23_P154688	0,094880575	8,25099009	0,144702702	0,887447865	0,987459764
A_24_P274795	0,089987903	12,02437339	0,143955005	0,888025077	0,987459764
A_33_P3209915	0,073177609	7,965901438	0,143791256	0,888151497	0,987459764
A_23_P23074	0,197312836	9,567834522	0,143664196	0,888249595	0,987459764
A_33_P3277988	0,075303548	11,10050945	0,143613901	0,888288426	0,987459764
A_23_P99204	0,08640496	9,599554825	0,143558568	0,888331147	0,987459764
A_33_P3262555	0,100597386	13,60272645	0,143512037	0,888367073	0,987459764
A_19_P00322418	0,077660282	7,126444047	0,143256106	0,888564677	0,987459764
A_23_P41716	0,097336281	15,32718613	0,143215892	0,888595728	0,987459764
A_32_P351277	0,077193092	7,166801559	0,143064523	0,888712604	0,987459764
A_32_P183218	0,076082446	6,858016533	0,143030735	0,888738692	0,987459764
A_23_P11372	0,076607309	12,74618878	0,143008892	0,888755558	0,987459764
A_33_P3266165	0,070668398	17,88952826	0,14294969	0,888801271	0,987459764
A_23_P91221	0,133561107	9,781971186	0,142824354	0,888898051	0,987459764
A_23_P142289	0,103981153	9,412261921	0,142689163	0,889002441	0,987459764
A_21_P0000338	0,076563092	7,475903979	0,142537716	0,889119388	0,987459764
A_33_P3299047	0,073377759	7,595366707	0,142265633	0,889329495	0,987459764

A_23_P54963	0,103815962	9,811153744	0,142219974	0,889364755	0,987459764
A_21_P0011751	0,086152293	6,69200343	0,142204841	0,88937644	0,987459764
A_24_P256037	0,085331301	15,10182843	0,142081798	0,88947146	0,987459764
A_21_P0012487	0,078201066	7,441767212	0,142074369	0,889477197	0,987459764
A_23_P74391	-0,078112277	9,963256852	-0,142276006	0,889321484	0,987459764
A_24_P25234	-0,090325866	8,069925941	-0,142466885	0,889174084	0,987459764
A_33_P3404470	-0,08390331	10,03238167	-0,142685089	0,889005588	0,987459764
A_24_P54485	-0,083944124	8,900227386	-0,142771341	0,888938985	0,987459764
A_33_P3398897	-0,083068079	10,68246614	-0,143019395	0,888747449	0,987459764
A_23_P81492	-0,081465557	17,10684819	-0,143507784	0,888370356	0,987459764
A_24_P317450	-0,074964716	8,134686567	-0,143660328	0,888252581	0,987459764
A_33_P3286929	-0,09778552	9,467283255	-0,143784097	0,888157025	0,987459764
A_23_P102242	-0,073794601	10,06907986	-0,143837014	0,88811617	0,987459764
A_21_P0013999	-0,095434288	7,297809733	-0,143890758	0,888074678	0,987459764
A_21_P0010239	-0,075352328	6,626674175	-0,144021316	0,887973883	0,987459764
A_33_P3296348	-0,074304001	6,616763224	-0,144049482	0,887952138	0,987459764
A_21_P0010770	-0,081417017	7,730492051	-0,144411327	0,887672794	0,987459764
A_33_P3263851	-0,075892824	7,538113205	-0,144582903	0,887540344	0,987459764
A_24_P302802	-0,120814125	10,21750884	-0,144586201	0,887537798	0,987459764
A_23_P41246	-0,073923177	10,92844085	-0,144606897	0,887521822	0,987459764
A_24_P8371	-0,083510937	10,21810609	-0,145003843	0,887215408	0,987459764
A_21_P0010604	-0,078798363	7,507614847	-0,145044999	0,887183639	0,987459764
A_33_P3313680	-0,072180437	6,592534024	-0,14516099	0,887094107	0,987459764
A_33_P3259722	-0,098522661	8,63951323	-0,145194472	0,887068263	0,987459764
A_33_P3229288	-0,076872312	8,197832057	-0,145278495	0,887003407	0,987459764
A_23_P342108	-0,072109082	7,218420762	-0,145500603	0,886831972	0,987459764
A_23_P157051	-0,088136414	8,564310903	-0,145559546	0,886786477	0,987459764
A_24_P87763	-0,117526357	14,39980158	-0,145804328	0,886597549	0,987459764
A_33_P3342235	-0,078067538	15,41781259	-0,146071166	0,886391606	0,987459764
A_19_P00318588	-0,075579125	6,832155611	-0,14621185	0,886283032	0,987459764
A_24_P81965	-0,085409245	8,915768608	-0,146222199	0,886275045	0,987459764
A_23_P113283	-0,076537112	7,596071203	-0,146799666	0,885829402	0,987459764
A_21_P0007311	0,099254886	10,33327592	0,141860409	0,889642432	0,987465553
A_21_P0007910	0,070129883	6,583404966	0,141730231	0,889742967	0,987465553
A_33_P3292699	-0,070802332	7,132343174	-0,141704857	0,889762563	0,987465553
A_21_P0001910	-0,076491464	6,831548313	-0,141744494	0,889731951	0,987465553
A_24_P149713	-0,077984597	9,75345576	-0,141464547	0,889948158	0,987593789
A_33_P3422712	0,098744049	8,44574491	0,140852795	0,890420654	0,987802791
A_21_P0000026	0,075601716	11,29006298	0,14070808	0,890532433	0,987802791
A_21_P0008662	0,071953349	7,139188458	0,14058469	0,890627742	0,987802791
A_23_P11279	-0,071205781	10,42235542	-0,14049504	0,890696991	0,987802791
A_33_P3285893	-0,077537024	6,803167885	-0,140590294	0,890623414	0,987802791
A_33_P3562810	-0,07181144	6,874952166	-0,140923266	0,890366222	0,987802791
A_23_P51187	-0,111216325	11,22271951	-0,140947794	0,890347277	0,987802791

A_33_P3302777	-0,070356234	6,684497729	-0,141042387	0,890274215	0,987802791
A_33_P3420655	0,076533475	11,4736533	0,140317346	0,890834252	0,98787731
A_23_P255257	0,078312794	10,37178107	0,140063083	0,891030665	0,987904322
A_33_P3223631	0,079146156	7,854760282	0,140013694	0,891068818	0,987904322
A_24_P76358	-0,086761928	12,98992235	-0,140084749	0,891013928	0,987904322
A_21_P0008758	0,073054841	7,369751934	0,13970821	0,891304809	0,987965896
A_23_P352291	0,081315694	10,4471152	0,139555665	0,891422657	0,987965896
A_33_P3265290	0,074525911	15,89059396	0,139555006	0,891423166	0,987965896
A_33_P3216714	-0,118304792	12,08421075	-0,139488269	0,891474724	0,987965896
A_33_P3302280	-0,072723833	7,877692449	-0,139611894	0,891379217	0,987965896
A_23_P143662	-0,089424245	9,751648292	-0,139280981	0,89163487	0,98806571
A_33_P3263538	0,111502975	10,35833357	0,138670619	0,892106448	0,988306876
A_23_P208400	0,072892166	8,362152257	0,138655271	0,892118306	0,988306876
A_33_P3252594	0,069652159	7,942860868	0,138496039	0,89224134	0,988306876
A_24_P109644	0,082325602	7,483470493	0,138235473	0,892442677	0,988306876
A_23_P207811	0,099693202	10,46960425	0,13814715	0,892510926	0,988306876
A_19_P00800006	0,093825798	15,54309805	0,138087624	0,892556922	0,988306876
A_19_P00808514	0,081457769	7,983998897	0,137443348	0,893054794	0,988306876
A_23_P71480	0,080620432	7,32538076	0,137342135	0,893133012	0,988306876
A_23_P165788	0,094240299	10,01330621	0,137304008	0,893162476	0,988306876
A_32_P155826	0,070273221	6,468869159	0,136934749	0,893447853	0,988306876
A_23_P78750	0,07237902	7,775341435	0,1368601	0,893505546	0,988306876
A_33_P3318053	0,071873319	6,614736837	0,136726592	0,893608731	0,988306876
A_23_P100355	0,074779107	11,60819054	0,136435684	0,893833574	0,988306876
A_33_P3223397	0,072617047	7,184045033	0,136183006	0,894028875	0,988306876
A_33_P3372924	0,067167382	7,130276566	0,136165293	0,894042567	0,988306876
A_33_P3227686	0,084837454	8,818656594	0,136141117	0,894061254	0,988306876
A_33_P3322230	0,067005864	6,625278907	0,136041229	0,894138462	0,988306876
A_24_P54131	0,072887528	9,240050978	0,135453602	0,894592693	0,988306876
A_23_P347528	0,072396348	10,65443906	0,135047162	0,894906892	0,988306876
A_23_P121945	0,083830773	8,586931298	0,134991391	0,894950007	0,988306876
A_32_P506600	0,083010473	16,08580916	0,13493211	0,894995836	0,988306876
A_23_P104116	0,068720683	15,20483757	0,134478619	0,895346435	0,988306876
A_24_P290927	0,081509386	9,514225335	0,134218788	0,895547324	0,988306876
A_21_P0000013	0,080377454	11,51062817	0,134178497	0,895578475	0,988306876
A_33_P3330841	0,068418209	7,141022185	0,134169183	0,895585677	0,988306876
A_33_P3310047	0,066971334	8,917338778	0,134037106	0,895687796	0,988306876
A_23_P93082	0,088664198	10,68485217	0,133961524	0,895746235	0,988306876
A_33_P3215768	0,077500922	10,99791639	0,133790844	0,895878205	0,988306876
A_24_P103469	0,071476035	14,01337587	0,133623025	0,896007967	0,988306876
A_19_P00315798	0,06629399	7,187766224	0,133451959	0,896140242	0,988306876
A_21_P0013422	0,102803887	12,49022689	0,13341336	0,896170089	0,988306876
A_32_P57057	0,080661425	13,4907064	0,133404831	0,896176684	0,988306876
A_24_P297539	0,069034604	14,87569356	0,133329278	0,896235107	0,988306876

A_33_P3409996	0,073303025	7,952595057	0,133122699	0,89639485	0,988306876
A_32_P158966	0,067111561	6,75497132	0,132769104	0,896668287	0,988306876
A_24_P126305	0,071901126	10,41115251	0,13273035	0,896698257	0,988306876
A_23_P395426	0,066028763	9,043602214	0,132696815	0,896724191	0,988306876
A_32_P20367	0,076642677	16,22429314	0,132645821	0,896763627	0,988306876
A_33_P3362636	0,072533052	14,16427754	0,132087985	0,897195042	0,988306876
A_33_P3300495	0,075178493	9,588405301	0,131490945	0,897656814	0,988306876
A_33_P3272442	0,071256806	8,266618377	0,131232225	0,89785693	0,988306876
A_33_P3396389	0,104240124	9,250474089	0,131211443	0,897873006	0,988306876
A_21_P0010986	0,074831049	12,52530915	0,130830467	0,898167699	0,988306876
A_24_P418637	0,088943405	11,37335132	0,130673239	0,898289323	0,988306876
A_33_P3499692	0,075286875	12,65227407	0,130452741	0,898459893	0,988306876
A_21_P0002588	0,065749601	6,484577993	0,130359911	0,898531706	0,988306876
A_33_P3217480	0,085203391	13,6605242	0,130333543	0,898552104	0,988306876
A_23_P41194	0,080850441	9,035131478	0,130264716	0,898605349	0,988306876
A_24_P314351	0,071304323	9,652578337	0,130135686	0,898705168	0,988306876
A_23_P77731	0,118259392	10,80005535	0,130110101	0,898724961	0,988306876
A_32_P190049	0,085848695	8,236309115	0,12970274	0,899040113	0,988306876
A_23_P398172	0,07035913	7,411666767	0,129662151	0,899071516	0,988306876
A_33_P3236310	0,064178916	8,183171745	0,129632181	0,899094702	0,988306876
A_23_P170534	0,073425272	8,679207836	0,129617808	0,899105823	0,988306876
A_24_P161463	0,068350387	14,43191064	0,12949409	0,899201541	0,988306876
A_33_P3313596	0,07356483	11,20951386	0,129375236	0,899293498	0,988306876
A_23_P94141	0,070960552	7,737589895	0,129218503	0,899414763	0,988306876
A_24_P283928	0,095962046	9,363167564	0,129217888	0,89941524	0,988306876
A_33_P3352148	0,075017487	9,577593315	0,128811428	0,899729734	0,988306876
A_32_P59302	0,090508333	9,200413363	0,12876878	0,899762734	0,988306876
A_23_P48826	0,074131201	7,686940296	0,128685516	0,899827161	0,988306876
A_23_P4754	0,071562995	14,21128801	0,128625332	0,899873731	0,988306876
A_21_P0004816	0,072056331	7,840003115	0,128495802	0,899973959	0,988306876
A_21_P0006532	0,076603967	8,477903952	0,127625844	0,90064717	0,988306876
A_21_P0014166	0,072737265	7,970046881	0,127309347	0,90089211	0,988306876
A_24_P416346	0,062792747	6,693273856	0,127089728	0,901062081	0,988306876
A_23_P144264	0,076723097	8,208330525	0,127069565	0,901077687	0,988306876
A_33_P3231187	0,069786244	8,500589768	0,12703377	0,90110539	0,988306876
A_33_P3365601	-0,069864462	7,45500863	-0,127062945	0,90108281	0,988306876
A_23_P7056	-0,0711862	7,638152948	-0,127211747	0,900967646	0,988306876
A_24_P100190	-0,068099327	7,98869219	-0,12722199	0,900959718	0,988306876
A_21_P0014458	-0,06792213	8,110711769	-0,127332188	0,900874433	0,988306876
A_24_P280378	-0,081057399	9,010984196	-0,127488562	0,900753413	0,988306876
A_23_P154507	-0,083534336	12,72635604	-0,127652079	0,900626868	0,988306876
A_33_P3414312	-0,078725985	11,03934776	-0,127654992	0,900624613	0,988306876
A_23_P202720	-0,069916457	10,58997333	-0,127727274	0,900568675	0,988306876
A_23_P150281	-0,079607369	8,634188625	-0,127755557	0,900546788	0,988306876

A_23_P141917	-0,090600897	9,401782877	-0,127797982	0,900513956	0,988306876
A_33_P3213169	-0,092328494	8,666560447	-0,128088484	0,900289149	0,988306876
A_33_P3300395	-0,098417967	11,35882684	-0,128123389	0,900262139	0,988306876
A_23_P13873	-0,07389082	12,37145401	-0,128277041	0,900143238	0,988306876
A_23_P203586	-0,076390298	11,34574695	-0,128399267	0,900048658	0,988306876
A_23_P501877	-0,086083342	10,62659711	-0,128736816	0,899787466	0,988306876
A_33_P3366456	-0,06559598	8,239147397	-0,128844	0,899704531	0,988306876
A_21_P0004288	-0,074618043	6,6951835	-0,129773681	0,898985228	0,988306876
A_24_P363896	-0,072766422	8,291213439	-0,129899358	0,898887999	0,988306876
A_33_P3337742	-0,085653557	9,80187328	-0,129942288	0,898854786	0,988306876
A_33_P3344127	-0,065862795	12,12416783	-0,130046987	0,898773788	0,988306876
A_33_P3620246	-0,076650379	8,419782561	-0,130389034	0,898509176	0,988306876
A_23_P47116	-0,072353136	8,55220976	-0,130589089	0,898354418	0,988306876
A_23_P150583	-0,075820033	8,1739974	-0,130623193	0,898328036	0,988306876
A_33_P3354296	-0,093781457	11,77773634	-0,130634124	0,89831958	0,988306876
A_24_P350437	-0,067196823	6,80920791	-0,130675703	0,898287416	0,988306876
A_32_P49844	-0,093891086	13,02310317	-0,13079976	0,898191452	0,988306876
A_23_P107322	-0,072647779	8,797919467	-0,130838681	0,898161345	0,988306876
A_23_P28582	-0,080936449	8,840499119	-0,130853826	0,898149629	0,988306876
A_32_P211248	-0,075044419	7,834931162	-0,130901064	0,898113089	0,988306876
A_23_P16275	-0,075014812	7,540338536	-0,1309555	0,898070981	0,988306876
A_24_P28722	-0,081192586	11,7461161	-0,131099029	0,897959959	0,988306876
A_23_P250035	-0,075731411	10,68460544	-0,131107798	0,897953175	0,988306876
A_23_P97853	-0,075772297	8,770351976	-0,131234536	0,897855143	0,988306876
A_23_P374322	-0,079148394	8,338575705	-0,131317874	0,897790681	0,988306876
A_24_P414719	-0,078354425	9,112077462	-0,131447247	0,897690614	0,988306876
A_24_P361816	-0,069422153	8,585922943	-0,13165798	0,89752762	0,988306876
A_33_P3327818	-0,111815324	10,75375915	-0,132119505	0,897170664	0,988306876
A_33_P3356811	-0,06737914	7,573531731	-0,13221905	0,897093677	0,988306876
A_23_P150648	-0,0654557	6,974373688	-0,132270784	0,897053666	0,988306876
A_21_P0005884	-0,06881636	6,504202745	-0,132306174	0,897026297	0,988306876
A_21_P0001010	-0,08738028	7,892978651	-0,132413547	0,896943257	0,988306876
A_23_P258978	-0,072248326	8,733164475	-0,132637271	0,896770239	0,988306876
A_21_P0007140	-0,075321391	7,216273999	-0,132641183	0,896767213	0,988306876
A_33_P3340862	-0,079313627	16,57094583	-0,132816544	0,896631601	0,988306876
A_24_P402898	-0,0775947	8,513765121	-0,132895833	0,896570286	0,988306876
A_23_P160787	-0,070738845	13,37901677	-0,132961425	0,896519562	0,988306876
A_23_P4798	-0,102946084	9,565993647	-0,133156309	0,89636886	0,988306876
A_33_P3369317	-0,06828327	7,655283314	-0,133236122	0,896307141	0,988306876
A_32_P129540	-0,084126965	8,287335914	-0,133392091	0,896186536	0,988306876
A_23_P432034	-0,072288912	10,27249109	-0,133404039	0,896177297	0,988306876
A_21_P0003294	-0,07525003	8,650497351	-0,133432347	0,896155408	0,988306876
A_23_P88331	-0,095119973	10,98166933	-0,133560692	0,896056165	0,988306876
A_33_P3311845	-0,073161538	8,113195926	-0,133731178	0,89592434	0,988306876

A_33_P3327192	-0,06964832	7,275368493	-0,133826392	0,895850719	0,988306876
A_19_P00812215	-0,101416308	10,12820158	-0,134231703	0,895537338	0,988306876
A_23_P150857	-0,076632988	8,731980855	-0,134375529	0,895426138	0,988306876
A_21_P0000949	-0,067170026	7,885981898	-0,134431045	0,895383216	0,988306876
A_24_P304723	-0,071010952	13,25534645	-0,134832408	0,895072914	0,988306876
A_23_P11005	-0,079468215	15,97396891	-0,134877962	0,895037697	0,988306876
A_21_P0014392	-0,071784856	7,356069511	-0,135642856	0,894446397	0,988306876
A_33_P3245674	-0,094309199	10,67738659	-0,136593601	0,893711519	0,988306876
A_24_P192727	-0,086250309	8,09831924	-0,137509089	0,893003989	0,988306876
A_21_P0012891	-0,092509108	7,573578904	-0,138518661	0,89222386	0,988306876
A_24_P355493	-0,088866074	8,646461363	-0,138824972	0,891987187	0,988306876
A_24_P341187	-0,068616564	8,845523214	-0,126702039	0,90136214	0,988511575
A_24_P37939	0,073810487	9,094584988	0,126102898	0,901825888	0,988653428
A_21_P0005136	0,07279781	6,785694008	0,125915847	0,901970677	0,988653428
A_33_P3327076	0,06619498	7,283909583	0,125774411	0,90208016	0,988653428
A_23_P165180	0,067862663	13,97631417	0,125513726	0,902281956	0,988653428
A_21_P0010593	0,0653741	7,655264518	0,125470741	0,902315232	0,988653428
A_23_P404667	0,071849407	8,998382059	0,125056365	0,902636017	0,988653428
A_21_P0014874	0,09817801	9,802780304	0,124627188	0,90296828	0,988653428
A_19_P00317653	0,071702095	9,83076488	0,124529393	0,903043994	0,988653428
A_23_P359457	0,0662213	6,823107657	0,124368672	0,903168429	0,988653428
A_33_P3311145	0,068197727	6,890164431	0,124282362	0,903235253	0,988653428
A_23_P307328	0,09088097	10,60726307	0,123976946	0,903471725	0,988653428
A_21_P0008517	0,084072838	7,893788717	0,123965277	0,90348076	0,988653428
A_24_P348083	0,071205162	15,9850357	0,123858061	0,903563775	0,988653428
A_33_P3676746	0,067933015	10,54684649	0,123583405	0,903776442	0,988653428
A_33_P3396473	0,065879615	12,17537756	0,123544637	0,903806461	0,988653428
A_21_P0009236	0,068354386	7,326204881	0,123294889	0,90399985	0,988653428
A_23_P48964	0,063483549	9,635616913	0,123292412	0,904001767	0,988653428
A_21_P0007222	0,067016944	7,401497794	0,123256702	0,904029419	0,988653428
A_23_P120660	0,065059054	17,47020818	0,122961829	0,904257759	0,988653428
A_24_P142743	0,12949239	13,97628301	0,122942567	0,904272675	0,988653428
A_23_P314642	0,066189422	8,453066113	0,122938919	0,9042755	0,988653428
A_24_P362969	0,061162943	6,253716129	0,122842031	0,904350529	0,988653428
A_24_P194962	0,089734891	15,92096359	0,122758071	0,904415548	0,988653428
A_24_P84808	0,070856935	15,61946902	0,122624412	0,904519054	0,988653428
A_33_P3311439	0,062224911	8,102246818	0,122497161	0,9046176	0,988653428
A_32_P99902	0,066041262	10,77284594	0,122211676	0,904838693	0,988653428
A_21_P0009412	0,063692672	6,671198124	0,122144006	0,904891101	0,988653428
A_23_P2725	0,062608186	16,44519567	0,122094537	0,904929413	0,988653428
A_21_P0011201	0,065399802	6,923924856	0,122091177	0,904932015	0,988653428
A_33_P3257533	0,06243298	6,781994369	0,122003222	0,905000134	0,988653428
A_24_P238499	0,080774689	9,244910086	0,121753677	0,905193405	0,988653428
A_21_P0000512	0,064597822	6,609488897	0,12168591	0,905245891	0,988653428

A_33_P3214625	0,071345392	10,18383706	0,121678482	0,905251644	0,988653428
A_33_P3277447	0,063865715	11,85656004	0,121392283	0,905473313	0,988653428
A_33_P3339388	0,068204455	7,410579938	0,121375791	0,905486087	0,988653428
A_33_P3389802	0,065112707	8,166476602	0,121009938	0,905769463	0,988653428
A_24_P941912	0,073789259	10,49774577	0,120920887	0,905838441	0,988653428
A_33_P3278078	0,062115652	7,674625592	0,120829553	0,905909188	0,988653428
A_33_P3257910	-0,079818825	7,665310752	-0,120850759	0,905892761	0,988653428
A_23_P62764	-0,06637862	10,87295678	-0,120880021	0,905870096	0,988653428
A_33_P3288219	-0,067565632	10,09945767	-0,121039749	0,905746373	0,988653428
A_19_P00319591	-0,0712011	10,82407607	-0,121263865	0,90557278	0,988653428
A_21_P0008386	-0,062825312	6,452197618	-0,121401349	0,905466292	0,988653428
A_33_P3259203	-0,104066038	10,74430697	-0,121629756	0,905289383	0,988653428
A_23_P357760	-0,067766765	7,73457211	-0,121701153	0,905234085	0,988653428
A_21_P0011403	-0,061768311	10,29387846	-0,121966862	0,905028294	0,988653428
A_23_P8240	-0,090551149	9,27546044	-0,121971263	0,905024886	0,988653428
A_33_P3881812	-0,063689274	8,583143987	-0,122019459	0,904987559	0,988653428
A_21_P0006144	-0,062982393	6,493129481	-0,122966874	0,904253853	0,988653428
A_33_P3388651	-0,096074892	10,4990803	-0,122981192	0,904242765	0,988653428
A_24_P160401	-0,063886152	6,870081664	-0,123488823	0,903849679	0,988653428
A_32_P509677	-0,061635266	6,74222323	-0,123571654	0,903785542	0,988653428
A_33_P3398932	-0,065101409	7,50631554	-0,124133168	0,903350767	0,988653428
A_19_P00805523	-0,064588147	7,029305127	-0,124615487	0,902977339	0,988653428
A_23_P257609	-0,0991371	14,33980155	-0,124628461	0,902967294	0,988653428
A_21_P0002259	-0,067184352	7,730060949	-0,124720439	0,902896085	0,988653428
A_23_P259451	-0,072149809	12,15950986	-0,124750414	0,902872879	0,988653428
A_21_P0009830	-0,069230722	8,791819966	-0,124770957	0,902856974	0,988653428
A_23_P24903	-0,077043908	12,25902226	-0,12486962	0,902780591	0,988653428
A_21_P0003244	-0,085524868	10,0680723	-0,125088326	0,902611274	0,988653428
A_32_P114574	-0,072869716	12,34704097	-0,125455473	0,902327051	0,988653428
A_33_P3397655	-0,066978125	7,71120394	-0,125515243	0,902280782	0,988653428
A_33_P3290085	-0,075298119	11,67572493	-0,125538699	0,902262624	0,988653428
A_24_P280113	-0,072043293	10,90057532	-0,120656481	0,906043251	0,988723204
A_23_P134714	0,075297024	10,45937352	0,120206443	0,906391869	0,98872759
A_24_P181672	0,069378045	10,10665571	0,119967645	0,90657686	0,98872759
A_33_P3343573	0,061911691	7,485598335	0,119159646	0,907202839	0,98872759
A_24_P791669	0,062252794	8,144709756	0,119124016	0,907230444	0,98872759
A_23_P300905	0,06617835	10,98714725	0,118967718	0,90735154	0,98872759
A_21_P0010844	0,06362052	8,547920021	0,118696955	0,907561328	0,98872759
A_23_P66543	0,063117285	8,193219962	0,118681808	0,907573064	0,98872759
A_19_P00320989	0,064058158	7,762750255	0,118676404	0,907577251	0,98872759
A_23_P131024	0,087109051	9,966125327	0,118101049	0,908023062	0,98872759
A_23_P132910	0,086290123	9,013555142	0,118095126	0,908027652	0,98872759
A_33_P3247022	0,066145389	10,27495607	0,118094924	0,908027809	0,98872759
A_24_P7085	0,079727527	12,51944977	0,117897217	0,908181008	0,98872759

A_33_P3506553	0,058148783	6,522976896	0,117847634	0,90821943	0,98872759
A_23_P152651	0,063974884	11,47973818	0,117703883	0,908330823	0,98872759
A_33_P3257627	0,065317894	7,678570212	0,117372508	0,908587616	0,98872759
A_21_P0012155	0,066152956	8,064172486	0,117283119	0,908656889	0,98872759
A_24_P289139	0,084597993	12,15795322	0,117173814	0,908741595	0,98872759
A_33_P3445679	0,059817437	7,198283154	0,116975921	0,908894958	0,98872759
A_33_P3607359	0,060100953	7,43396535	0,116937844	0,908924467	0,98872759
A_21_P0012616	0,068858075	8,036878378	0,116843574	0,908997525	0,98872759
A_19_P00806947	0,077941566	13,71823987	0,116810093	0,909023473	0,98872759
A_33_P3362806	0,068523994	8,012922862	0,116711605	0,909099802	0,98872759
A_24_P902052	0,09987054	10,71003774	0,116639935	0,909155347	0,98872759
A_24_P383330	0,088188212	14,13959135	0,116320895	0,909402614	0,98872759
A_24_P3461	0,06051551	7,674587884	0,116222782	0,909478657	0,98872759
A_24_P84048	0,080303501	13,54776382	0,116216957	0,909483172	0,98872759
A_23_P117082	-0,060191712	12,44637078	-0,11621651	0,909483518	0,98872759
A_33_P3261937	-0,064101465	8,306239826	-0,116221646	0,909479538	0,98872759
A_33_P3262665	-0,071333479	8,919119616	-0,116363635	0,909369489	0,98872759
A_21_P0011666	-0,062539061	6,521192604	-0,116597392	0,909188319	0,98872759
A_33_P3365596	-0,061682731	10,92021008	-0,117192151	0,908727384	0,98872759
A_23_P108280	-0,066353366	6,400455187	-0,117375065	0,908585635	0,98872759
A_23_P37983	-0,067273258	10,04878337	-0,117376471	0,908584545	0,98872759
A_33_P3335124	-0,089834306	15,74011824	-0,117869666	0,908202358	0,98872759
A_23_P65217	-0,061591002	9,123265635	-0,117906822	0,908173565	0,98872759
A_32_P32391	-0,060259299	10,36670898	-0,117953595	0,908137321	0,98872759
A_23_P143274	-0,067655642	7,773060935	-0,11801065	0,908093111	0,98872759
A_23_P102988	-0,067169623	7,485814857	-0,118077858	0,908041033	0,98872759
A_33_P3288844	-0,092094364	9,649504705	-0,118433735	0,907765278	0,98872759
A_33_P3211520	-0,082108419	8,312738651	-0,118493539	0,907718939	0,98872759
A_21_P0011292	-0,073931625	7,742981008	-0,118960575	0,907357074	0,98872759
A_21_P0010776	-0,059710739	9,365910106	-0,119166465	0,907197556	0,98872759
A_23_P55174	-0,075993981	8,7849855	-0,119211042	0,907163019	0,98872759
A_21_P0003626	-0,062947144	6,68535229	-0,119255473	0,907128595	0,98872759
A_33_P3384617	-0,068499162	7,172009194	-0,119282897	0,907107348	0,98872759
A_23_P361419	-0,074702443	9,258763561	-0,119508664	0,906932437	0,98872759
A_33_P3327663	-0,068420614	10,80743922	-0,119964391	0,90657938	0,98872759
A_33_P3320748	-0,060139641	10,74073035	-0,120135989	0,906446447	0,98872759
A_19_P00322109	-0,072640822	10,04434486	-0,120220576	0,90638092	0,98872759
A_21_P0012741	0,059017854	6,406163769	0,115861859	0,9097584	0,988751601
A_33_P3211384	0,059433721	7,019381399	0,115383534	0,910129158	0,988751601
A_24_P368943	0,06965607	10,55519257	0,115162251	0,910300686	0,988751601
A_24_P372012	0,061953554	9,16367588	0,114742501	0,910626069	0,988751601
A_24_P305662	0,070606944	9,392243735	0,114560966	0,910766797	0,988751601
A_32_P224850	0,065969398	9,879660689	0,113872202	0,911300764	0,988751601
A_23_P20392	0,061897797	6,963468502	0,113788388	0,911365744	0,988751601

A_33_P3232527	0,060031755	9,841107644	0,113775262	0,91137592	0,988751601
A_33_P3215134	0,061460341	8,447317335	0,113404361	0,911663485	0,988751601
A_23_P106024	0,062346136	7,856738951	0,113394775	0,911670918	0,988751601
A_24_P50554	0,065649853	16,17030851	0,113383565	0,91167961	0,988751601
A_33_P3261818	-0,059682124	14,00254561	-0,113457549	0,911622247	0,988751601
A_23_P259506	-0,065337297	10,60449409	-0,113672714	0,911455426	0,988751601
A_21_P0004569	-0,05717663	6,923292602	-0,113688778	0,911442972	0,988751601
A_32_P20523	-0,071898952	9,627415246	-0,113756763	0,911390263	0,988751601
A_24_P156267	-0,059656571	6,817637856	-0,113892338	0,911285153	0,988751601
A_21_P0005322	-0,083748323	7,452274564	-0,114173158	0,911067441	0,988751601
A_23_P413585	-0,061366502	7,148983584	-0,11436431	0,910919251	0,988751601
A_21_P0003167	-0,060085973	7,794243443	-0,114438403	0,910861811	0,988751601
A_21_P0000158	-0,068402317	10,442444887	-0,114532221	0,910789081	0,988751601
A_23_P126908	-0,069995956	14,37444985	-0,11458922	0,910744894	0,988751601
A_24_P152468	-0,069677255	10,02629161	-0,114652187	0,910696081	0,988751601
A_21_P0003661	-0,05717253	6,733178362	-0,11466155	0,910688823	0,988751601
A_24_P830667	-0,062835461	14,23289551	-0,114985549	0,91043766	0,988751601
A_32_P58074	-0,069042326	15,46400857	-0,115221085	0,91025508	0,988751601
A_32_P76720	-0,067563478	7,143811814	-0,115354973	0,910151297	0,988751601
A_23_P210675	-0,061004906	7,205316951	-0,11547166	0,910060849	0,988751601
A_23_P203957	-0,058682553	6,358261636	-0,115620892	0,909945175	0,988751601
A_23_P300150	-0,059456473	11,72863397	-0,11582149	0,90978969	0,988751601
A_33_P3372069	-0,061921813	6,538057154	-0,115932622	0,909703552	0,988751601
A_23_P323094	-0,060553228	7,67933168	-0,115984976	0,909662973	0,988751601
A_23_P104996	-0,057847459	7,482238708	-0,113283365	0,911757298	0,988759799
A_23_P337424	0,061424128	8,220341975	0,112925602	0,912034693	0,988876651
A_21_P0000707	0,064344655	10,79374626	0,112922864	0,912036816	0,988876651
A_21_P0011724	-0,091336603	14,72089397	-0,112873021	0,912075464	0,988876651
A_23_P137139	0,06880758	12,81582075	0,112598993	0,912287943	0,988888952
A_23_P88781	0,066147164	11,83770179	0,112439616	0,912411527	0,988888952
A_24_P95822	0,101588893	11,2163122	0,112341566	0,912487558	0,988888952
A_21_P0004072	0,060013502	7,653722345	0,112331572	0,912495307	0,988888952
A_24_P408704	0,069304446	10,22065404	0,112315663	0,912507644	0,988888952
A_33_P3359157	-0,065019703	8,120970881	-0,112322546	0,912502307	0,988888952
A_21_P0013689	0,056473748	7,120201594	0,112203329	0,912594752	0,988896754
A_33_P3344504	0,071892718	8,441521152	0,112055268	0,912709567	0,988896754
A_24_P242036	0,056702937	9,704679216	0,11194458	0,912795401	0,988896754
A_33_P3264424	-0,062220121	9,137016936	-0,112027515	0,912731088	0,988896754
A_23_P3819	0,062831477	8,401824537	0,111700378	0,912984775	0,988962283
A_33_P3211965	0,058494093	8,724711665	0,111685678	0,912996175	0,988962283
A_23_P59153	0,077875198	12,03370514	0,111555272	0,913097305	0,988995844
A_33_P3390217	0,055451572	6,828133409	0,111144646	0,913415756	0,989036844
A_24_P58242	-0,070210916	8,221301946	-0,111192963	0,913378284	0,989036844
A_23_P152344	-0,063848314	7,99191762	-0,111196207	0,913375768	0,989036844

A_24_P781757	-0,068016247	9,285201156	-0,111231777	0,913348182	0,989036844
A_24_P170439	0,058526549	7,235310952	0,110979959	0,913543479	0,989051453
A_23_P145761	0,057462867	9,780286736	0,110723921	0,913742055	0,989051453
A_23_P376239	-0,060840599	11,52470803	-0,110674997	0,91378	0,989051453
A_32_P55840	-0,065049055	7,109017274	-0,110735752	0,913732879	0,989051453
A_23_P80321	-0,077295635	13,10265421	-0,110883648	0,913618175	0,989051453
A_23_P252403	0,055733597	10,84889715	0,110447282	0,913956616	0,989166679
A_33_P3331491	0,064094423	10,70170579	0,110134589	0,914199148	0,989174013
A_23_P48455	0,060044641	8,617475198	0,110076727	0,914244029	0,989174013
A_33_P3292028	-0,059701494	11,49009508	-0,110129496	0,914203098	0,989174013
A_33_P3402474	-0,06284615	11,24390711	-0,110182376	0,914162083	0,989174013
A_24_P213354	0,068156224	14,1119583	0,109972617	0,914324781	0,989185473
A_33_P3331326	0,061714927	9,491775803	0,109779728	0,914474398	0,989226355
A_23_P45396	0,064864764	13,31363136	0,10974299	0,914502895	0,989226355
A_23_P12746	0,061550758	10,23631237	0,109290702	0,914853733	0,989258817
A_24_P500422	0,063587804	7,356157439	0,109208271	0,914917676	0,989258817
A_23_P34568	0,068609753	9,249183095	0,109189292	0,914932399	0,989258817
A_23_P145718	0,054833477	8,469566325	0,108481607	0,915481392	0,989258817
A_24_P229531	0,096948539	10,99902268	0,108421918	0,915527699	0,989258817
A_33_P3387524	0,055747776	6,547691152	0,108114709	0,915766035	0,989258817
A_33_P3421108	0,074665581	12,6385716	0,107780291	0,916025489	0,989258817
A_21_P0000184	0,057182997	6,896631934	0,10758791	0,916174751	0,989258817
A_24_P67699	0,063658471	17,12253944	0,107394046	0,916325166	0,989258817
A_33_P3224345	0,064837449	8,158330268	0,10706724	0,916578737	0,989258817
A_33_P3383436	0,054062931	12,15327273	0,106999374	0,916631396	0,989258817
A_21_P0013119	0,056349153	7,137793518	0,10699429	0,916635341	0,989258817
A_33_P3264089	0,057003764	7,6887707	0,10689817	0,916709922	0,989258817
A_19_P00319236	0,058803251	8,161848584	0,106651834	0,916901067	0,989258817
A_23_P252764	0,077928869	11,65558352	0,106338567	0,917144153	0,989258817
A_33_P3235340	0,058690164	12,11562715	0,106157039	0,917285017	0,989258817
A_24_P33982	0,086193059	11,52758705	0,105531146	0,917770729	0,989258817
A_33_P3377763	0,056520258	7,6531831	0,105310858	0,917941687	0,989258817
A_33_P3335746	0,054656248	7,534179917	0,105198483	0,918028899	0,989258817
A_23_P41487	0,074437253	8,013495283	0,105127906	0,918083673	0,989258817
A_33_P3385686	0,053618338	6,893832475	0,105119254	0,918090388	0,989258817
A_24_P256243	0,054831676	7,568373797	0,104892567	0,918266321	0,989258817
A_33_P3209321	0,056652045	7,451635895	0,104682282	0,918429527	0,989258817
A_33_P3368560	0,058399404	8,919176124	0,104638506	0,918463504	0,989258817
A_32_P95914	0,06687	9,269525986	0,104555277	0,918528101	0,989258817
A_23_P393777	0,057477504	7,023348917	0,104389562	0,918656721	0,989258817
A_33_P3358914	0,055812901	7,206163131	0,104326137	0,918705949	0,989258817
A_21_P0002837	0,063448424	8,468377973	0,104267207	0,918751688	0,989258817
A_23_P130429	0,074815381	10,84034948	0,104219393	0,918788801	0,989258817
A_24_P205589	0,085599176	10,85007379	0,104113447	0,918871033	0,989258817

A_33_P3238685	0,094897005	11,35356887	0,103999381	0,91895957	0,989258817
A_33_P3242614	0,07141983	9,997223987	0,103922796	0,919019015	0,989258817
A_33_P3308132	0,060722216	7,869154485	0,103630898	0,91924559	0,989258817
A_21_P0009208	0,054494863	6,920081877	0,103599529	0,919269939	0,989258817
A_24_P63380	0,056684881	6,54555683	0,103480509	0,919362326	0,989258817
A_24_P142151	0,055954082	8,015040055	0,103366559	0,919450779	0,989258817
A_21_P0010858	0,055178271	7,348721811	0,103045025	0,919700373	0,989258817
A_23_P67339	0,052519408	8,304453729	0,10286667	0,919838827	0,989258817
A_24_P216765	0,053003439	13,18463556	0,102809834	0,919882949	0,989258817
A_24_P316074	0,067172913	14,9303139	0,102673371	0,919988886	0,989258817
A_23_P163216	0,052198646	11,46344796	0,102644131	0,920011585	0,989258817
A_21_P0014408	0,051611617	6,651562467	0,102564023	0,920073774	0,989258817
A_19_P00805950	0,056593724	10,15186161	0,102560278	0,920076681	0,989258817
A_21_P0010817	0,057203173	7,246071585	0,102431947	0,920176308	0,989258817
A_33_P3404954	0,063442404	11,57694834	0,102245662	0,920320928	0,989258817
A_33_P3236993	0,054520489	6,776950919	0,102210885	0,920347926	0,989258817
A_24_P481824	0,054951479	7,322790859	0,102205315	0,920352251	0,989258817
A_21_P0002242	0,054160696	8,598211579	0,102184892	0,920368106	0,989258817
A_23_P315286	0,072251144	12,88185438	0,102110319	0,920426001	0,989258817
A_23_P151544	0,072537214	9,005015857	0,102089414	0,920442231	0,989258817
A_23_P41734	0,051174525	14,6626482	0,102073764	0,920454381	0,989258817
A_24_P215475	0,063762081	8,719301236	0,102009238	0,920504477	0,989258817
A_23_P9362	-0,056670823	14,05836218	-0,101928563	0,92056711	0,989258817
A_21_P0014246	-0,053469217	7,295925739	-0,102009795	0,920504045	0,989258817
A_32_P21384	-0,064991252	15,76287983	-0,1022132	0,920346129	0,989258817
A_23_P149690	-0,060541131	8,310954994	-0,102404097	0,920197929	0,989258817
A_33_P3417820	-0,05485735	12,87516839	-0,103106313	0,919652797	0,989258817
A_23_P114952	-0,055469985	10,87612664	-0,103239056	0,919549754	0,989258817
A_33_P3261982	-0,066125853	7,871070547	-0,10327888	0,91951884	0,989258817
A_19_P00318152	-0,068616062	13,75117837	-0,103515317	0,919335307	0,989258817
A_21_P0007239	-0,054189718	8,623515499	-0,103634426	0,919242851	0,989258817
A_23_P370786	-0,054965416	6,575947233	-0,103806638	0,919109177	0,989258817
A_33_P3294002	-0,072214474	12,62866016	-0,103841845	0,919081849	0,989258817
A_33_P3330811	-0,053052613	7,836650051	-0,103900471	0,919036343	0,989258817
A_21_P0013979	-0,0517202	8,548619351	-0,104015767	0,918946851	0,989258817
A_24_P93309	-0,052441205	6,738106539	-0,10423761	0,918774661	0,989258817
A_23_P41327	-0,053777978	10,88182222	-0,104358118	0,918681126	0,989258817
A_33_P3373185	-0,058693891	10,17469569	-0,104362846	0,918677457	0,989258817
A_21_P0008345	-0,054542339	6,459450679	-0,104373556	0,918669144	0,989258817
A_23_P433785	-0,082766128	8,112731496	-0,104381181	0,918663226	0,989258817
A_24_P920125	-0,07321422	9,72703576	-0,1051005	0,918104943	0,989258817
A_21_P0004794	-0,053979992	8,381301485	-0,105307195	0,91794453	0,989258817
A_23_P362637	-0,054417301	11,34396347	-0,105468159	0,91781961	0,989258817
A_33_P3594214	-0,053172642	9,283165517	-0,105986235	0,917417562	0,989258817

A_24_P343255	-0,068193247	9,598264199	-0,106461635	0,917048654	0,989258817
A_33_P3230788	-0,054886112	8,013537515	-0,106730476	0,916840044	0,989258817
A_33_P3274105	-0,060130409	9,780016006	-0,10712632	0,916532895	0,989258817
A_33_P3508541	-0,057677172	6,788260532	-0,10712669	0,916532609	0,989258817
A_21_P0011366	-0,066979301	7,535666524	-0,108072393	0,915798865	0,989258817
A_33_P3215078	-0,054494541	15,32139974	-0,108140321	0,915746164	0,989258817
A_23_P24633	-0,062817822	11,98480617	-0,108197269	0,915701983	0,989258817
A_24_P67585	-0,069401697	9,261360904	-0,108645139	0,915354526	0,989258817
A_23_P60210	-0,059257911	6,856543284	-0,10871346	0,915301525	0,989258817
A_21_P0003746	-0,055872429	6,719082528	-0,108947501	0,915119965	0,989258817
A_23_P16110	-0,054973924	9,166731042	-0,109061366	0,915031635	0,989258817
A_19_P00803333	-0,063780001	9,223399623	-0,109436229	0,914740846	0,989258817
A_19_P00810806	-0,054173942	7,53292593	-0,101794498	0,920671196	0,989295266
A_23_P329112	0,079205301	9,270055271	0,101434036	0,920951058	0,989314833
A_23_P210445	0,064039719	7,792196979	0,101424334	0,92095859	0,989314833
A_33_P3423845	0,060336292	9,268082548	0,101409534	0,920970082	0,989314833
A_33_P3265606	-0,053977305	11,57790923	-0,101670241	0,920767667	0,989314833
A_24_P149036	0,0551992	7,855277946	0,1012263	0,921112349	0,989362824
A_24_P110062	0,053540807	9,931047611	0,100969188	0,921311982	0,989362824
A_23_P259594	0,066174032	8,843331838	0,100853143	0,921402086	0,989362824
A_24_P231057	0,064324983	9,965174538	0,100809733	0,921435793	0,989362824
A_32_P466514	-0,054505043	7,920048249	-0,100862324	0,921394958	0,989362824
A_33_P3333708	-0,064233214	10,59416488	-0,101092205	0,921216466	0,989362824
A_33_P3255046	-0,053453166	11,29549829	-0,100609976	0,921590899	0,989378671
A_23_P77776	-0,067092853	14,53565815	-0,10066465	0,921548446	0,989378671
A_33_P3358856	0,053847036	12,21566284	0,1002334	0,921883311	0,989450549
A_33_P3320443	0,054795608	8,028582696	0,099391242	0,92253729	0,989450549
A_21_P0008057	0,049755845	6,468105812	0,099297573	0,922610033	0,989450549
A_24_P754817	0,053434486	7,791868401	0,09928534	0,922619533	0,989450549
A_23_P57370	0,059273077	9,905282346	0,099227845	0,922664184	0,989450549
A_23_P31414	0,051548547	10,74852004	0,098935073	0,922891554	0,989450549
A_33_P3402611	0,052420031	6,98923044	0,098477406	0,923246999	0,989450549
A_33_P3242355	0,069771255	10,05493856	0,098193405	0,923467576	0,989450549
A_24_P363745	0,071241996	10,7943891	0,097807039	0,923767668	0,989450549
A_33_P3314192	0,052868829	10,61122688	0,097725813	0,923830757	0,989450549
A_23_P430902	0,056264211	7,333785161	0,097656702	0,923884438	0,989450549
A_23_P377376	0,056602914	13,45429263	0,097563448	0,923956872	0,989450549
A_24_P91140	0,070585834	12,23682329	0,097149092	0,924278726	0,989450549
A_23_P217666	0,053647505	15,98657783	0,096845757	0,924514352	0,989450549
A_33_P3315704	0,050098719	7,27427653	0,096835615	0,924522231	0,989450549
A_33_P3333224	0,047953978	6,825766738	0,09678992	0,924557726	0,989450549
A_23_P59418	0,049285516	7,52128352	0,096496301	0,924785814	0,989450549
A_33_P3388482	0,050000059	7,508628147	0,096073519	0,92511425	0,989450549
A_23_P165891	0,054210166	9,650008136	0,09603844	0,925141501	0,989450549

A_23_P61466	0,054486732	7,413873982	0,095972429	0,925192783	0,989450549
A_21_P0002492	0,054386455	10,81024872	0,095939963	0,925218005	0,989450549
A_23_P381203	0,05616193	7,652936493	0,095770782	0,925349438	0,989450549
A_32_P234738	0,050270776	14,99400615	0,095734883	0,925377327	0,989450549
A_21_P0007011	-0,048276301	6,917823759	-0,095834701	0,92529978	0,989450549
A_33_P3248072	-0,055726166	9,486598802	-0,09597564	0,925190289	0,989450549
A_21_P0012153	-0,049543313	6,902007296	-0,096105901	0,925089093	0,989450549
A_23_P255916	-0,06712469	10,35759434	-0,096169881	0,92503939	0,989450549
A_23_P156327	-0,074175905	13,38331829	-0,096370682	0,924883399	0,989450549
A_21_P0004739	-0,051294196	6,532603075	-0,096370934	0,924883203	0,989450549
A_33_P3419594	-0,051422782	8,495339635	-0,09637967	0,924876417	0,989450549
A_33_P3308232	-0,058441753	7,310159703	-0,096383378	0,924873536	0,989450549
A_23_P48358	-0,051900157	10,78529443	-0,096416251	0,924847999	0,989450549
A_23_P110606	-0,054687971	9,40830161	-0,096650099	0,92466634	0,989450549
A_33_P3324860	-0,055035222	7,535361192	-0,096779971	0,924565455	0,989450549
A_19_P00320101	-0,052725645	7,970164347	-0,097020742	0,924378425	0,989450549
A_21_P0004682	-0,066313051	7,425134367	-0,097246643	0,924202951	0,989450549
A_23_P94819	-0,051444595	8,213044331	-0,097277476	0,924179001	0,989450549
A_33_P3376071	-0,051236471	16,30015058	-0,097409124	0,924076742	0,989450549
A_23_P501887	-0,068247482	10,67507956	-0,097452667	0,924042921	0,989450549
A_23_P379614	-0,096187617	11,37703639	-0,097561311	0,923958532	0,989450549
A_24_P606663	-0,051492673	14,65023472	-0,097649025	0,923890401	0,989450549
A_21_P0007316	-0,069195909	9,480858098	-0,097664231	0,923878591	0,989450549
A_21_P0009591	-0,054298921	8,107999947	-0,098010749	0,923609444	0,989450549
A_33_P3259148	-0,067225914	10,54646157	-0,098380406	0,923322336	0,989450549
A_21_P0000422	-0,050887601	7,812292665	-0,098590418	0,923159227	0,989450549
A_23_P145681	-0,062372059	8,344414955	-0,098834279	0,922969834	0,989450549
A_23_P136909	-0,061864563	9,346745452	-0,098950805	0,922879337	0,989450549
A_23_P154234	-0,066428273	11,76650907	-0,099072611	0,922784739	0,989450549
A_23_P14543	-0,05682687	8,062548357	-0,099171698	0,922707788	0,989450549
A_33_P3412125	-0,059088517	15,24130733	-0,099669682	0,92232106	0,989450549
A_23_P300090	-0,050344575	7,765394691	-0,099865015	0,922169373	0,989450549
A_23_P323272	-0,051213566	6,429704515	-0,099868901	0,922166356	0,989450549
A_24_P126628	-0,068964216	10,03308781	-0,100121247	0,9219704	0,989450549
A_23_P503233	-0,062101006	12,74097912	-0,09564075	0,925450458	0,989453705
A_33_P3410296	0,066284501	10,61585374	0,095456331	0,925593735	0,989531852
A_21_P0002541	0,056559205	6,877050254	0,09534726	0,925678473	0,989545008
A_33_P3318292	-0,054095281	13,99282424	-0,095259814	0,925746412	0,989545008
A_23_P23171	0,051440655	10,23236127	0,094965006	0,92597546	0,9896141
A_23_P29747	0,059245157	18,00448774	0,094905594	0,92602162	0,9896141
A_33_P3241884	-0,04934872	6,815170891	-0,095007318	0,925942586	0,9896141
A_24_P6428	0,0523919	7,117669211	0,094630488	0,926235369	0,989664982
A_23_P343826	0,048830372	7,196171546	0,09435945	0,926445962	0,989664982
A_23_P501372	0,049180263	10,04248171	0,094285007	0,926503804	0,989664982

A_21_P0010084	0,0516962	7,839122878	0,094247902	0,926532635	0,989664982
A_24_P373126	0,049513607	7,949049357	0,094119059	0,926632748	0,989664982
A_23_P152181	0,065328898	10,27095286	0,093855863	0,926837259	0,989664982
A_24_P251381	-0,051880783	7,869336407	-0,093850577	0,926841366	0,989664982
A_21_P0000785	-0,047773623	7,65799798	-0,093908237	0,926796562	0,989664982
A_21_P0003211	-0,057372087	9,709439613	-0,094202824	0,926567661	0,989664982
A_33_P3872301	-0,048281744	7,041808082	-0,094309671	0,92648464	0,989664982
A_19_P00316396	-0,074748083	8,61834498	-0,094367125	0,926439998	0,989664982
A_32_P190488	0,046823261	17,97242435	0,093496845	0,927116235	0,98973606
A_24_P129588	0,053991253	7,827240053	0,093403553	0,927188729	0,98973606
A_32_P216602	-0,060266693	11,35060174	-0,093417989	0,927177511	0,98973606
A_33_P3420635	-0,04780933	6,945202373	-0,093664281	0,926986126	0,98973606
A_23_P396666	0,051943618	12,1188019	0,093297806	0,927270903	0,989748843
A_24_P82749	0,046292507	12,65935097	0,093207348	0,927341196	0,989748942
A_23_P134237	0,051803303	7,202960294	0,092936388	0,927551759	0,98989874
A_23_P65370	0,054408933	14,13941678	0,092825785	0,927637711	0,989915538
A_24_P383609	0,064039583	8,021802953	0,092607955	0,927806993	0,989984658
A_33_P3265945	0,047895115	9,27978429	0,092301275	0,928045329	0,989984658
A_24_P407930	0,070189785	10,69405521	0,092290676	0,928053566	0,989984658
A_23_P351	-0,054094522	7,379847233	-0,092438244	0,927938883	0,989984658
A_21_P0011990	-0,047669732	7,713433877	-0,092465304	0,927917853	0,989984658
A_32_P37360	0,046641603	9,33433327	0,09219955	0,928124386	0,989985301
A_21_P0011272	0,045974659	6,586056291	0,092065596	0,928228491	0,990021446
A_23_P431933	-0,073580832	8,96318716	-0,091945902	0,928321516	0,990045768
A_21_P0012051	0,064901827	9,278654313	0,09168587	0,928523613	0,990082427
A_23_P145146	0,056367855	12,46946825	0,091506625	0,928662925	0,990082427
A_23_P115036	0,047899667	8,761773674	0,091459116	0,92869985	0,990082427
A_33_P3334308	0,048672351	10,17026382	0,091385645	0,928756953	0,990082427
A_23_P389588	0,058803114	7,725147189	0,091272302	0,928845048	0,990082427
A_33_P3232038	0,052200757	10,06111685	0,091198808	0,92890217	0,990082427
A_23_P55136	0,054538536	11,54282503	0,091067289	0,929004393	0,990082427
A_23_P142322	0,056869747	12,68940454	0,090754697	0,929247362	0,990082427
A_24_P66528	0,051488325	11,56746582	0,090727121	0,929268796	0,990082427
A_23_P127088	-0,052531023	11,7271062	-0,090814114	0,929201178	0,990082427
A_24_P125561	-0,047623173	7,307145217	-0,090820593	0,929196142	0,990082427
A_24_P159948	-0,054981629	8,751432826	-0,090925013	0,929114979	0,990082427
A_23_P169197	-0,046449745	9,943584	-0,091025498	0,929036876	0,990082427
A_32_P86245	0,046506177	6,512457933	0,09043185	0,929498308	0,990091648
A_24_P243396	0,050348696	8,596161462	0,089725808	0,930047137	0,990091648
A_23_P102471	0,067481123	11,73720352	0,089645074	0,930109897	0,990091648
A_32_P190303	0,049132548	6,751755444	0,08947473	0,930242317	0,990091648
A_21_P0000107	0,067444961	10,54902528	0,089309039	0,930371123	0,990091648
A_33_P3402725	0,046497844	9,443029552	0,089048233	0,930573874	0,990091648
A_33_P3315410	0,04489661	11,71296612	0,088903679	0,930686253	0,990091648

A_23_P206077	0,067855883	8,384110413	0,088897486	0,930691067	0,990091648
A_23_P69826	0,061518232	13,19123197	0,088790153	0,93077451	0,990091648
A_33_P3393331	0,064487699	8,985776086	0,08865957	0,93087603	0,990091648
A_23_P97457	-0,049931422	7,985570054	-0,088638246	0,930892608	0,990091648
A_33_P3252809	-0,056377846	7,742795328	-0,088843327	0,930733171	0,990091648
A_21_P0012186	-0,045830781	6,81812848	-0,089133347	0,930507706	0,990091648
A_23_P215956	-0,072254766	12,55553667	-0,089143691	0,930499664	0,990091648
A_33_P3238690	-0,059622411	9,232529082	-0,089566976	0,930170608	0,990091648
A_23_P100022	-0,051641073	6,933221184	-0,089615912	0,930132567	0,990091648
A_21_P0005720	-0,049538675	7,292238429	-0,089869267	0,929935619	0,990091648
A_21_P0011602	-0,052122105	9,15658779	-0,08990253	0,929909762	0,990091648
A_21_P0002339	-0,045028074	6,596313606	-0,090020625	0,929817962	0,990091648
A_33_P3369128	-0,048523957	9,118948832	-0,090027706	0,929812458	0,990091648
A_33_P3343155	-0,054888614	10,88989556	-0,090061575	0,92978613	0,990091648
A_21_P0013704	-0,046000042	8,40462906	-0,09013109	0,929732094	0,990091648
A_24_P743869	-0,048989848	7,03039548	-0,090261481	0,929630738	0,990091648
A_33_P3409277	0,051028793	7,423167742	0,088373099	0,931098747	0,990236195
A_23_P19210	0,058964003	10,83237659	0,087946734	0,931430236	0,990265373
A_23_P334845	0,048766355	8,758309784	0,087268386	0,931957663	0,990265373
A_23_P116840	0,04842754	11,05104668	0,086832161	0,932296854	0,990265373
A_21_P0010998	0,044980295	7,099267083	0,086817629	0,932308154	0,990265373
A_21_P0000195	0,044738954	10,23317368	0,08651283	0,932545161	0,990265373
A_21_P0013671	0,048817237	9,38047787	0,085955766	0,932978344	0,990265373
A_21_P0009448	0,042721208	6,518232548	0,085819547	0,933084274	0,990265373
A_24_P272313	0,043850945	7,16958905	0,085813319	0,933089117	0,990265373
A_23_P206228	0,047773637	11,17097887	0,085665588	0,933204001	0,990265373
A_21_P0014279	0,044243011	11,76323662	0,08555063	0,933293399	0,990265373
A_32_P70135	0,048489804	11,41572454	0,085544744	0,933297977	0,990265373
A_32_P832001	0,042640454	6,692216282	0,085200989	0,933565309	0,990265373
A_23_P31055	0,048755266	13,46237514	0,08507574	0,933662714	0,990265373
A_23_P49842	0,043973293	9,893568311	0,084912437	0,933789716	0,990265373
A_33_P3261620	0,046766799	7,161127798	0,084773173	0,933898025	0,990265373
A_23_P145153	0,056231201	10,4292419	0,084314986	0,934254375	0,990265373
A_21_P0000799	0,050401778	7,796166222	0,084272013	0,934287798	0,990265373
A_24_P58122	0,045375029	11,49011189	0,084253834	0,934301936	0,990265373
A_33_P3297297	0,042768515	6,673035439	0,083781045	0,934669662	0,990265373
A_23_P50096	0,05235626	15,52626836	0,083742352	0,934699757	0,990265373
A_33_P3237835	0,050995133	8,538266023	0,083628288	0,934788476	0,990265373
A_23_P141126	0,048811014	9,52113346	0,082973959	0,935297431	0,990265373
A_23_P105794	0,071391124	8,439072179	0,082907843	0,93534886	0,990265373
A_23_P94422	0,05819589	10,50527766	0,082827182	0,935411603	0,990265373
A_23_P155351	0,046146727	7,379298827	0,082729341	0,935487709	0,990265373
A_23_P401568	0,054581279	12,53462983	0,08237722	0,935761618	0,990265373
A_33_P3398809	0,047571014	11,15152347	0,081671814	0,936310366	0,990265373

A_23_P14062	0,048139886	12,13096194	0,08155915	0,936398012	0,990265373
A_23_P59426	0,045100219	11,42565287	0,081433893	0,936495456	0,990265373
A_23_P52147	0,047173425	12,15919672	0,081330117	0,93657619	0,990265373
A_33_P3331125	0,044248415	6,759300228	0,081224347	0,936658476	0,990265373
A_21_P0000800	0,042181956	8,023954268	0,080936848	0,936882145	0,990265373
A_23_P99996	0,041575215	6,719514259	0,080807491	0,936982784	0,990265373
A_21_P0005910	0,052542964	8,190809716	0,080724817	0,937047105	0,990265373
A_21_P0014928	0,039803117	6,270199527	0,080708191	0,93706004	0,990265373
A_23_P363831	0,043580397	7,936964829	0,080661596	0,937096291	0,990265373
A_23_P46039	-0,04535221	7,187202169	-0,080775045	0,937008027	0,990265373
A_23_P67271	-0,056697325	9,597521276	-0,080878567	0,936927488	0,990265373
A_33_P3825869	-0,04226156	6,900456292	-0,080916836	0,936897714	0,990265373
A_33_P3234347	-0,042509678	11,62970846	-0,081024702	0,936813795	0,990265373
A_24_P115511	-0,041332692	8,679670627	-0,081203941	0,936674351	0,990265373
A_23_P122197	-0,067313277	12,58191836	-0,081281538	0,936613983	0,990265373
A_21_P0014811	-0,04642794	7,369469836	-0,081459864	0,936475252	0,990265373
A_33_P3384452	-0,046097071	12,02013045	-0,081602219	0,936364506	0,990265373
A_24_P410463	-0,045856671	6,889289154	-0,081610103	0,936358373	0,990265373
A_33_P3329098	-0,046877236	10,6093776	-0,081679762	0,936304183	0,990265373
A_21_P0009798	-0,051855111	10,59233751	-0,081879427	0,936148856	0,990265373
A_24_P381975	-0,040603871	6,726094256	-0,081922499	0,93611535	0,990265373
A_23_P30630	-0,047161085	7,221400811	-0,081980967	0,936069866	0,990265373
A_24_P468810	-0,04744845	10,68453399	-0,082096081	0,935980317	0,990265373
A_21_P0010646	-0,047238186	7,699559754	-0,082360306	0,935774775	0,990265373
A_24_P383999	-0,052088327	14,87205645	-0,082523339	0,935647954	0,990265373
A_33_P3377294	-0,042244681	8,050773303	-0,082546676	0,9356298	0,990265373
A_24_P8318	-0,04272617	9,562483179	-0,082567569	0,935613548	0,990265373
A_33_P3331687	-0,044429981	10,05909124	-0,082580836	0,935603228	0,990265373
A_24_P357518	-0,044656483	13,84187833	-0,082770914	0,935455372	0,990265373
A_24_P408457	-0,046078372	9,053688982	-0,083149262	0,935161073	0,990265373
A_23_P106998	-0,057578264	10,35428006	-0,08322499	0,935102169	0,990265373
A_33_P3422439	-0,04243751	7,240012269	-0,083291486	0,935050446	0,990265373
A_23_P22119	-0,047699474	8,63821629	-0,083333683	0,935017624	0,990265373
A_33_P3234377	-0,043223986	9,907748769	-0,083383418	0,934978939	0,990265373
A_24_P376229	-0,052847096	10,90159743	-0,083590166	0,934818127	0,990265373
A_23_P140698	-0,046405099	8,667632833	-0,083640521	0,934778961	0,990265373
A_23_P137865	-0,053048696	10,81935353	-0,083929511	0,934554186	0,990265373
A_33_P3407266	-0,041705081	8,155718852	-0,084181971	0,934357829	0,990265373
A_33_P3314579	-0,059940886	11,01539208	-0,084460767	0,934140994	0,990265373
A_23_P368711	-0,044384484	9,019498868	-0,084524732	0,934091245	0,990265373
A_33_P3329063	-0,045549324	6,697740617	-0,084557643	0,934065649	0,990265373
A_23_P134433	-0,047657721	13,58477653	-0,084583963	0,934045179	0,990265373
A_23_P112634	-0,046841547	10,30314335	-0,085072649	0,933665118	0,990265373
A_33_P3232504	-0,045249404	7,743534135	-0,08534203	0,933455622	0,990265373

A_23_P431853	-0,042940385	16,04748102	-0,085367804	0,933435578	0,990265373
A_24_P49687	-0,048814567	17,2229169	-0,085558622	0,933287184	0,990265373
A_33_P3375673	-0,050079789	16,18802516	-0,085608167	0,933248655	0,990265373
A_33_P3328061	-0,045313651	7,361779201	-0,085784916	0,933111205	0,990265373
A_33_P3258191	-0,04904251	12,42376262	-0,085943794	0,932987654	0,990265373
A_19_P00810523	-0,070549393	10,09718175	-0,086583988	0,932489829	0,990265373
A_23_P74467	-0,05138922	10,13214416	-0,086591382	0,932484079	0,990265373
A_21_P0014700	-0,063198258	10,09540207	-0,086804057	0,932318707	0,990265373
A_21_P0004310	-0,04816067	6,645015007	-0,087048943	0,932128291	0,990265373
A_33_P3286041	-0,06624473	10,86885153	-0,087178781	0,932027335	0,990265373
A_21_P0008578	-0,05665986	7,656853367	-0,087651662	0,931659655	0,990265373
A_33_P3327500	-0,044225702	8,190640669	-0,087759866	0,931575525	0,990265373
A_21_P0001847	-0,052355657	10,21862368	-0,087788754	0,931553065	0,990265373
A_21_P0010329	-0,04556855	7,243774202	-0,087954835	0,931423937	0,990265373
A_33_P3393088	0,042257956	6,789939747	0,080478345	0,937238864	0,990277602
A_33_P3331366	-0,041339782	13,49799994	-0,080466168	0,937248338	0,990277602
A_33_P3319580	-0,042297489	6,845325148	-0,080344446	0,937343041	0,99030345
A_33_P3363153	0,04300834	12,04315655	0,080004899	0,937607224	0,990433705
A_23_P16252	-0,042009375	7,176542797	-0,079824835	0,937747325	0,990433705
A_33_P3232798	-0,051251566	9,9601124	-0,079876232	0,937707335	0,990433705
A_21_P0000015	-0,050317953	10,06470867	-0,08009455	0,937537471	0,990433705
A_21_P0010415	0,044952891	7,711180454	0,079564762	0,937949681	0,990538798
A_23_P392962	0,042346518	7,477609348	0,079253265	0,938192056	0,990538798
A_23_P36513	0,048562001	9,487330534	0,079119061	0,938296481	0,990538798
A_23_P91081	0,057854924	7,43948282	0,079078921	0,938327716	0,990538798
A_33_P3361417	-0,051234787	9,516303863	-0,079064908	0,938338619	0,990538798
A_33_P3371115	-0,043412126	7,517731449	-0,079134898	0,938284159	0,990538798
A_23_P251268	-0,041545007	6,822209195	-0,079210148	0,938225606	0,990538798
A_23_P90679	0,0481247	10,46864862	0,078767043	0,938570396	0,990647704
A_21_P0000567	0,039452705	6,801423647	0,078603533	0,938697631	0,990647704
A_24_P349636	0,045517376	15,92776767	0,078275908	0,938952576	0,990647704
A_33_P3399045	0,039322812	7,209506537	0,077880079	0,939260603	0,990647704
A_21_P0014380	0,045211056	7,45229647	0,077607161	0,93947299	0,990647704
A_33_P3375185	0,044127153	7,39937027	0,077327117	0,939690927	0,990647704
A_23_P96965	0,049959647	8,649818843	0,077308785	0,939705194	0,990647704
A_33_P3316953	0,040651308	7,221282669	0,077153809	0,939825803	0,990647704
A_23_P82588	0,04113178	11,3285813	0,077144294	0,939833208	0,990647704
A_33_P3332970	0,057256426	9,832324781	0,077060577	0,93989836	0,990647704
A_21_P0011137	0,045355198	7,077655235	0,076962236	0,939974895	0,990647704
A_23_P64932	0,03997046	6,968732753	0,076806486	0,940096109	0,990647704
A_32_P90483	0,042459764	7,621999535	0,076637744	0,940227436	0,990647704
A_23_P11995	0,055135644	13,76763581	0,076584801	0,940268641	0,990647704
A_33_P3236921	-0,062675976	10,46056276	-0,07660145	0,940255683	0,990647704
A_23_P152462	-0,045870079	7,53599262	-0,076619045	0,940241989	0,990647704

A_24_P367645	-0,038797679	6,941612278	-0,076629611	0,940233766	0,990647704
A_24_P225616	-0,059298059	9,842958797	-0,07666111	0,940209251	0,990647704
A_24_P810290	-0,042476462	7,626847135	-0,07679129	0,940107936	0,990647704
A_33_P3268652	-0,040126396	7,125057452	-0,076794003	0,940105824	0,990647704
A_33_P3227252	-0,042044888	10,88826854	-0,076846425	0,940065026	0,990647704
A_24_P101561	-0,040828893	10,15633263	-0,077029481	0,939922561	0,990647704
A_23_P107513	-0,044724167	8,783133704	-0,077302493	0,939710091	0,990647704
A_32_P94087	-0,04138721	15,22685258	-0,077642087	0,939445811	0,990647704
A_23_P18372	-0,042771769	10,11152071	-0,078098441	0,939090677	0,990647704
A_23_P205567	-0,047387049	8,381489558	-0,07845544	0,93881287	0,990647704
A_33_P3391517	0,046436165	8,415217945	0,076236674	0,940539586	0,990859121
A_33_P3318646	-0,046229126	15,87020312	-0,076010542	0,940715587	0,990970492
A_24_P296907	0,039748265	9,098292511	0,075826211	0,940859057	0,991011278
A_24_P32520	-0,039148871	9,522150263	-0,075780181	0,940894883	0,991011278
A_32_P435367	0,038448467	15,16032419	0,075599942	0,94103517	0,991064962
A_32_P1533	0,037416018	7,82847475	0,075468457	0,941137512	0,991064962
A_21_P0011310	0,04022712	7,649536823	0,07529355	0,941273652	0,991064962
A_33_P3364493	-0,04046388	7,528437287	-0,075263144	0,941297319	0,991064962
A_33_P3277805	-0,050759978	13,29561184	-0,075406226	0,941185949	0,991064962
A_23_P90273	0,073146073	8,371607212	0,074857418	0,941613128	0,991137929
A_33_P3265494	0,03810576	6,859588608	0,074632232	0,941788413	0,991137929
A_24_P186986	-0,049219392	11,44548278	-0,074639912	0,941782434	0,991137929
A_33_P3343981	-0,042300004	9,851565297	-0,074743971	0,941701434	0,991137929
A_23_P251051	-0,043506	13,71348932	-0,074835638	0,941630082	0,991137929
A_23_P96087	-0,050589455	10,83842833	-0,074967939	0,9415271	0,991137929
A_23_P36226	0,038597981	10,75727368	0,074417174	0,941955817	0,991240115
A_23_P50052	0,040707224	8,816100542	0,074277446	0,942064585	0,991252522
A_23_P83579	0,045833221	7,413375952	0,074188316	0,942133966	0,991252522
A_23_P33196	0,037453992	6,583989739	0,074029274	0,942257771	0,991252522
A_33_P3285868	0,047169189	12,37475262	0,073844498	0,94240161	0,991252522
A_23_P30200	0,037936621	6,444200372	0,073440409	0,942716181	0,991252522
A_33_P3213493	0,044273057	9,139097796	0,073436821	0,942718974	0,991252522
A_21_P0004678	0,037757105	7,442039547	0,07316947	0,942927104	0,991252522
A_33_P3243449	0,060038256	8,346291144	0,073150035	0,942942234	0,991252522
A_24_P392713	0,050714365	14,54857309	0,073092851	0,942986752	0,991252522
A_23_P148821	0,045524817	9,404099687	0,073080197	0,942996603	0,991252522
A_21_P0009301	0,036527027	6,556026021	0,073075102	0,943000569	0,991252522
A_23_P163209	0,038533226	7,554278482	0,073049743	0,943020312	0,991252522
A_23_P49768	-0,037450055	12,95168149	-0,072957001	0,943092512	0,991252522
A_24_P285032	-0,03804499	8,27415925	-0,073023348	0,94304086	0,991252522
A_33_P3284404	-0,047430081	10,7978497	-0,07316826	0,942928046	0,991252522
A_33_P3781228	-0,040914657	7,456309972	-0,074087222	0,942212662	0,991252522
A_23_P396867	-0,038485175	8,94656146	-0,072860886	0,943167339	0,991257273
A_21_P0010989	0,039615362	7,850916513	0,07247291	0,94346939	0,991310342

A_23_P105392	0,050286988	15,0742548	0,072434778	0,943499077	0,991310342
A_24_P13831	-0,043033143	10,52698654	-0,072436604	0,943497656	0,991310342
A_23_P57364	-0,037349057	6,922146778	-0,072687477	0,943302342	0,991310342
A_33_P3441583	-0,048634609	15,31225408	-0,07223356	0,943655735	0,991401059
A_33_P3403549	-0,037373549	7,595393577	-0,072041966	0,943804903	0,991483893
A_32_P162004	-0,046418983	16,05876836	-0,071826158	0,943972925	0,99158652
A_23_P162228	0,039224269	15,66561368	0,071572253	0,944170613	0,991587024
A_33_P3265359	0,039164449	13,48607863	0,071471928	0,944248726	0,991587024
A_23_P108554	0,0439397	13,78941452	0,07141445	0,944293479	0,991587024
A_23_P12336	0,048783866	10,5100571	0,071377433	0,944322301	0,991587024
A_33_P3613000	0,03749438	7,064760283	0,071091957	0,944544577	0,991587024
A_21_P0005915	0,036593865	7,520445171	0,070957822	0,944649018	0,991587024
A_23_P129209	0,053525947	13,04156506	0,070883206	0,944707117	0,991587024
A_33_P3265309	0,038841036	7,290134591	0,069996901	0,94539725	0,991587024
A_24_P79755	0,049660102	11,16812357	0,069813922	0,945539736	0,991587024
A_33_P3365134	0,039616565	8,658210296	0,06980664	0,945545406	0,991587024
A_24_P50437	0,045825059	13,42150803	0,069717155	0,945615089	0,991587024
A_24_P59667	0,054355998	15,01892706	0,06965777	0,945661333	0,991587024
A_32_P158746	-0,042921189	15,23843997	-0,069719782	0,945613043	0,991587024
A_33_P3226610	-0,05538874	9,848090663	-0,069764422	0,945578281	0,991587024
A_24_P281580	-0,039780893	8,365418676	-0,069916035	0,94546022	0,991587024
A_32_P10100	-0,044932596	14,16677847	-0,070026859	0,945373923	0,991587024
A_32_P18440	-0,043262296	10,70663628	-0,070161234	0,945269287	0,991587024
A_23_P52082	-0,043917667	9,336780744	-0,070164109	0,945267048	0,991587024
A_33_P3474319	-0,047900951	8,743702319	-0,07018572	0,94525022	0,991587024
A_33_P3306843	-0,03537063	6,901316911	-0,070247031	0,945202479	0,991587024
A_33_P3266993	-0,036156596	6,618820076	-0,070410133	0,945075476	0,991587024
A_23_P500799	-0,036478944	12,17832456	-0,07059342	0,944932758	0,991587024
A_33_P3358312	-0,041719865	9,509500578	-0,070700157	0,944849647	0,991587024
A_33_P3364808	-0,040528107	9,50492695	-0,071326085	0,944362281	0,991587024
A_23_P305245	-0,075165212	9,343355361	-0,069520065	0,945768566	0,991625716
A_21_P0007762	0,040397487	9,450776846	0,068930897	0,946227372	0,991849668
A_23_P13907	-0,0344026	7,203214088	-0,068884431	0,946263557	0,991849668
A_33_P3393091	-0,036325567	7,3395884	-0,069033116	0,946147768	0,991849668
A_23_P395172	-0,055126024	9,208707311	-0,069058045	0,946128355	0,991849668
A_23_P65741	0,039357834	11,47318265	0,068660811	0,946437704	0,991912799
A_23_P373568	0,03585675	10,37433036	0,068626412	0,946464493	0,991912799
A_24_P65864	-0,039195633	10,18588075	-0,068444357	0,946606273	0,99198765
A_21_P0013511	-0,045924182	17,88541375	-0,068304015	0,946715569	0,992028451
A_33_P3304527	-0,043105127	8,226023312	-0,067858739	0,947062351	0,99231808
A_23_P142724	0,033756293	17,59106216	0,067525468	0,947321911	0,992440802
A_33_P3587611	0,034283463	6,822032027	0,067437211	0,947390649	0,992440802
A_21_P0014285	-0,035321231	8,107191897	-0,067598457	0,947265065	0,992440802
A_23_P14464	-0,044758263	10,00701951	-0,067301535	0,947496319	0,992477756

A_21_P0009743	-0,04087586	7,479167116	-0,067199846	0,947575519	0,992486981
A_33_P3343073	0,04193903	9,260303122	0,066964571	0,947758765	0,992605173
A_23_P96369	0,034406907	7,203513278	0,06626816	0,94830119	0,992997134
A_23_P409541	0,037867242	10,4709487	0,066196601	0,948356928	0,992997134
A_21_P0014205	0,033877506	6,997414188	0,066031959	0,94848517	0,992997134
A_23_P82286	-0,036964374	7,346908697	-0,066036694	0,948481482	0,992997134
A_21_P0002306	-0,034414375	6,995485258	-0,066171457	0,948376513	0,992997134
A_33_P3812815	0,049197275	12,21232397	0,065823601	0,948647466	0,993093304
A_21_P0008669	0,034670359	6,785432248	0,065417117	0,948964093	0,993180432
A_33_P3310864	0,032923383	7,312022245	0,065374183	0,948997536	0,993180432
A_23_P365844	0,033568299	11,36523156	0,065345682	0,949019737	0,993180432
A_33_P3352349	0,034258394	9,109625785	0,065210673	0,949124904	0,993180432
A_23_P162982	0,035613327	10,20347712	0,064973372	0,949309754	0,993180432
A_33_P3306948	0,037810413	9,367309236	0,064721998	0,949505571	0,993180432
A_21_P0000514	-0,03546804	6,560881913	-0,064777539	0,949462305	0,993180432
A_33_P3419720	-0,039869929	14,27121223	-0,064900068	0,949366856	0,993180432
A_21_P0007151	-0,038966111	9,579528561	-0,064918838	0,949352236	0,993180432
A_23_P68240	-0,035172799	9,426252897	-0,065047485	0,949252022	0,993180432
A_21_P0009075	-0,032913086	7,688000231	-0,065390515	0,948984814	0,993180432
A_33_P3298159	0,050357544	13,18296251	0,064297703	0,949836098	0,993351019
A_21_P0001674	0,038935394	9,264735241	0,064241318	0,949880023	0,993351019
A_33_P3229467	-0,035808185	7,549816659	-0,064256759	0,949867993	0,993351019
A_23_P312536	0,033062516	6,603306835	0,064059266	0,950021845	0,993351973
A_24_P255654	-0,042691241	12,23797453	-0,064067481	0,950015445	0,993351973
A_33_P3278347	0,033121979	9,38801839	0,06395849	0,950100353	0,993360391
A_24_P24142	0,047743202	13,02962464	0,063742322	0,950268755	0,993441894
A_33_P3234540	0,038233613	11,58986247	0,06349933	0,950458059	0,993441894
A_21_P0010940	0,033916455	6,850771402	0,06348501	0,950469215	0,993441894
A_33_P3370364	0,036992346	8,252253278	0,062808235	0,950996474	0,993441894
A_24_P259922	0,045179526	8,94066124	0,062556576	0,951192542	0,993441894
A_23_P102262	0,039785335	11,56195207	0,062288392	0,951401489	0,993441894
A_23_P76159	-0,037121684	9,22408303	-0,062140029	0,951517082	0,993441894
A_19_P00811843	-0,038234748	8,04137959	-0,062215405	0,951458355	0,993441894
A_24_P91472	-0,031282845	12,05135338	-0,062402178	0,951312835	0,993441894
A_24_P122137	-0,041435521	12,24335363	-0,06241843	0,951300173	0,993441894
A_23_P166884	-0,031591984	6,578082786	-0,062548249	0,95119903	0,993441894
A_33_P3232319	-0,03171065	6,557629002	-0,062634159	0,951132097	0,993441894
A_21_P0014747	-0,036182549	8,878402088	-0,06266241	0,951110087	0,993441894
A_33_P3420816	-0,031931547	6,956602301	-0,062714894	0,951069196	0,993441894
A_33_P3395074	-0,03849956	7,95605448	-0,062751676	0,95104054	0,993441894
A_23_P97632	-0,04322774	12,71402256	-0,062975389	0,950866246	0,993441894
A_21_P0011577	-0,033082689	12,24174154	-0,063178261	0,950708193	0,993441894
A_24_P193498	-0,032442857	8,626529603	-0,063180863	0,950706166	0,993441894
A_24_P26792	-0,038146919	7,063655332	-0,063649468	0,950341093	0,993441894

A_24_P239731	0,034201081	11,88505906	0,061716856	0,951846793	0,993539149
A_33_P3312564	0,034818411	10,83546308	0,061554106	0,951973601	0,993539149
A_24_P336705	0,030981531	10,72093974	0,061476796	0,952033838	0,993539149
A_23_P257956	0,036990577	13,67658367	0,061115895	0,952315043	0,993539149
A_21_P0001665	0,036959088	7,976912835	0,060907988	0,952477042	0,993539149
A_21_P0004622	0,030879255	7,086585606	0,060879485	0,952499251	0,993539149
A_24_P323598	0,039484669	8,794321512	0,060800262	0,952560981	0,993539149
A_32_P90210	0,034560064	12,9576401	0,059668561	0,953442835	0,993539149
A_23_P214798	0,037286967	12,50856562	0,059659711	0,953449731	0,993539149
A_19_P00315804	0,030350779	6,82027376	0,059614768	0,953484754	0,993539149
A_33_P3312802	0,037915903	9,727379416	0,059179222	0,953824162	0,993539149
A_33_P3228322	0,05507047	9,275186169	0,05894337	0,954007958	0,993539149
A_33_P3246838	0,033736982	10,85227884	0,058460415	0,954384327	0,993539149
A_19_P00322096	0,030453994	8,225816164	0,058193322	0,95459248	0,993539149
A_32_P216734	0,031459532	7,298780607	0,058109261	0,954657991	0,993539149
A_21_P0000371	0,033086282	7,692662549	0,057897798	0,954822793	0,993539149
A_23_P119254	0,037843826	11,94340698	0,057700195	0,954976795	0,993539149
A_24_P109069	0,036169153	7,858211874	0,057640997	0,955022931	0,993539149
A_23_P51317	0,036123364	8,739223888	0,057380247	0,955226151	0,993539149
A_23_P163955	0,055132644	9,966343236	0,057321371	0,955272037	0,993539149
A_33_P3399061	0,04189296	8,614919606	0,057253957	0,955324578	0,993539149
A_33_P3242703	0,029702143	7,978514782	0,057163356	0,95539519	0,993539149
A_24_P99046	0,028792344	7,159857577	0,057080142	0,955460045	0,993539149
A_33_P3370060	0,033324843	7,439030244	0,057071247	0,955466978	0,993539149
A_21_P0006090	0,033393258	7,386034435	0,05705749	0,9554777	0,993539149
A_32_P107746	0,037681253	12,23489176	0,056543207	0,955878532	0,993539149
A_24_P127021	0,030489493	11,59434079	0,056388833	0,955998853	0,993539149
A_33_P3289976	0,033938662	16,48003531	0,056105127	0,956219981	0,993539149
A_33_P3269899	0,028366978	7,17794775	0,056102321	0,956222168	0,993539149
A_32_P21246	0,028552006	7,584090077	0,055933957	0,956353397	0,993539149
A_21_P0014925	0,031823209	7,020380602	0,05562923	0,956590915	0,993539149
A_23_P46844	0,029356964	12,24963864	0,055517944	0,956677658	0,993539149
A_33_P3292596	0,029713873	7,626674152	0,055505822	0,956687106	0,993539149
A_21_P0010595	0,028338442	9,044392592	0,055407585	0,956763678	0,993539149
A_23_P338952	0,03008874	12,04979174	0,055358115	0,956802239	0,993539149
A_33_P3741678	0,027746117	6,931680779	0,054844047	0,957202944	0,993539149
A_33_P3326210	0,03248935	9,536844911	0,054683133	0,957328375	0,993539149
A_23_P215449	0,034954072	10,51138643	0,054306729	0,957621785	0,993539149
A_23_P33791	0,031363762	11,90097429	0,054197825	0,957706678	0,993539149
A_33_P3278951	0,036670924	7,779560016	0,054149856	0,957744071	0,993539149
A_24_P413669	0,027952175	6,71948813	0,054080463	0,957798164	0,993539149
A_23_P362228	0,032202681	8,863625169	0,054026201	0,957840463	0,993539149
A_21_P0009037	0,029314665	7,394643913	0,053936834	0,957910128	0,993539149
A_33_P3361746	0,028964294	9,654154723	0,053882578	0,957952422	0,993539149

A_24_P346855	-0,040825964	9,782708648	-0,054116388	0,95777016	0,993539149
A_23_P34396	-0,028290527	12,98302606	-0,054289043	0,957635572	0,993539149
A_23_P22915	-0,027288682	10,24803872	-0,054317105	0,957613697	0,993539149
A_23_P88249	-0,035057347	10,57582976	-0,054489748	0,95747912	0,993539149
A_21_P0011496	-0,030629895	7,145418494	-0,054634141	0,957366565	0,993539149
A_33_P3379482	-0,028449171	7,086679333	-0,054665213	0,957342344	0,993539149
A_23_P146512	-0,040067678	8,503579204	-0,055011631	0,957072314	0,993539149
A_33_P3401846	-0,029232473	6,770528465	-0,055263184	0,956876234	0,993539149
A_23_P82206	-0,028203736	11,11924225	-0,055458893	0,956723686	0,993539149
A_24_P237661	-0,032683079	8,828999714	-0,055588415	0,956622729	0,993539149
A_23_P216894	-0,037298762	7,75598687	-0,055597976	0,956615277	0,993539149
A_33_P3369914	-0,030490634	8,84557006	-0,055620697	0,956597566	0,993539149
A_21_P0011959	-0,028318628	7,915668891	-0,055650319	0,956574477	0,993539149
A_33_P3454968	-0,02976045	12,09851026	-0,055707659	0,956529784	0,993539149
A_23_P45917	-0,037184831	14,63545238	-0,055732971	0,956510054	0,993539149
A_23_P149368	-0,034108962	8,178653519	-0,05574204	0,956502985	0,993539149
A_23_P73530	-0,030349598	9,780119995	-0,056222859	0,956128217	0,993539149
A_24_P153324	-0,043801748	10,23901732	-0,057055118	0,955479549	0,993539149
A_33_P3368375	-0,029483617	8,576887476	-0,057069946	0,955467993	0,993539149
A_23_P59192	-0,036033657	14,27770843	-0,057262413	0,955317987	0,993539149
A_33_P3312682	-0,029971779	14,78171647	-0,057364881	0,955238126	0,993539149
A_21_P0002167	-0,030134903	7,157704133	-0,057399177	0,955211397	0,993539149
A_19_P00321809	-0,032346964	9,030944564	-0,057538913	0,955102491	0,993539149
A_23_P31218	-0,033191886	7,463687584	-0,057682815	0,95499034	0,993539149
A_24_P134074	-0,029482893	17,25244627	-0,05769169	0,954983423	0,993539149
A_23_P313	-0,032034477	11,12299158	-0,057807086	0,954893489	0,993539149
A_21_P0013364	-0,034465094	7,55509357	-0,058052053	0,954702575	0,993539149
A_33_P3304282	-0,031460753	16,09052888	-0,05843708	0,954402513	0,993539149
A_23_P160154	-0,032986331	8,733833537	-0,058787626	0,954129329	0,993539149
A_24_P250499	-0,030884171	11,39665313	-0,059048331	0,953926163	0,993539149
A_24_P255218	-0,039769397	10,92518859	-0,059123948	0,953867235	0,993539149
A_21_P0002158	-0,030204752	6,61103677	-0,059140241	0,953854539	0,993539149
A_33_P3304865	-0,030810057	7,113543024	-0,059158298	0,953840467	0,993539149
A_23_P125423	-0,031732762	7,041179867	-0,059368951	0,953676311	0,993539149
A_23_P122228	-0,031571327	13,79197131	-0,059400963	0,953651364	0,993539149
A_33_P3210258	-0,031399629	6,887975877	-0,059404996	0,953648221	0,993539149
A_24_P153043	-0,030550283	14,92024874	-0,059496477	0,953576933	0,993539149
A_33_P3302881	-0,036391026	6,974150355	-0,059789722	0,95334842	0,993539149
A_33_P3376026	-0,03023308	7,617397971	-0,059986175	0,953195334	0,993539149
A_21_P0000706	-0,031850367	6,899300684	-0,060184022	0,953041165	0,993539149
A_33_P3417176	-0,035115868	17,1019185	-0,060489838	0,952802866	0,993539149
A_23_P128991	-0,040294686	14,33578808	-0,060729616	0,952616028	0,993539149
A_33_P3221568	-0,030711563	9,116910674	-0,061128012	0,952305602	0,993539149
A_23_P215744	-0,039877505	11,60746939	-0,061500633	0,952015265	0,993539149

A_23_P26687	-0,034927604	10,0054769	-0,061510841	0,952007312	0,993539149
A_23_P112482	-0,058435947	9,623823266	-0,061647459	0,951900864	0,993539149
A_33_P3292198	-0,027846377	7,484247902	-0,053700568	0,958094306	0,993540131
A_23_P53217	-0,029953863	12,75275343	-0,053763206	0,958045477	0,993540131
A_33_P3379581	0,02685985	6,467688411	0,053530566	0,958226831	0,99356631
A_23_P35148	0,033262788	10,60177133	0,053420818	0,958312385	0,99356631
A_23_P47614	0,029895042	10,68368651	0,05313953	0,958531666	0,99356631
A_23_P126291	-0,039076348	13,8207536	-0,052945001	0,958683316	0,99356631
A_23_P321377	-0,03482604	8,551506505	-0,052960611	0,958671147	0,99356631
A_21_P0010144	-0,02668222	6,642312516	-0,05307193	0,958584365	0,99356631
A_23_P209619	-0,026780382	11,73630726	-0,053117521	0,958548824	0,99356631
A_23_P75516	-0,034359996	7,981705002	-0,053135766	0,958534601	0,99356631
A_23_P5064	0,028695634	6,876233613	0,052640895	0,958920393	0,993665928
A_21_P0007531	-0,026590408	6,918084806	-0,052660669	0,958904977	0,993665928
A_21_P0011931	-0,033783628	11,41536312	-0,052549829	0,958991387	0,993666464
A_23_P423389	-0,02849418	10,51514468	-0,052385118	0,959119795	0,993726484
A_33_P3619819	-0,026091212	15,58199728	-0,052273759	0,959206612	0,993743407
A_33_P3267814	-0,025893665	7,034609766	-0,051982733	0,959433499	0,99390543
A_23_P141505	0,050815262	10,77693542	0,051747816	0,959616647	0,993949097
A_19_P00316629	-0,027433201	14,46152086	-0,0517863	0,959586644	0,993949097
A_23_P385500	0,029248662	9,07011903	0,051193974	0,960048446	0,994132889
A_24_P384636	0,027235216	11,37517588	0,05115846	0,960076135	0,994132889
A_23_P374082	-0,030605886	9,393225778	-0,051160463	0,960074573	0,994132889
A_33_P3332284	-0,026515037	6,676833829	-0,051196805	0,960046239	0,994132889
A_23_P109881	0,043015427	10,54060541	0,051038234	0,96016987	0,994156936
A_33_P3413053	-0,02776741	12,63894831	-0,050816214	0,960342972	0,994190143
A_23_P133284	-0,029025936	10,47896056	-0,050886739	0,960287985	0,994190143
A_33_P3296852	-0,025623538	18,24154709	-0,050719822	0,960418126	0,994194946
A_32_P76811	0,029844572	14,15902986	0,050451056	0,960627677	0,994244466
A_21_P0013775	0,029093931	7,390942504	0,050400565	0,960667045	0,994244466
A_23_P133770	0,029923863	11,39803919	0,050274511	0,960765328	0,994244466
A_21_P0011470	0,048159722	11,07003692	0,050038136	0,96094963	0,994244466
A_24_P109176	0,024808256	6,926004528	0,049845731	0,96109965	0,994244466
A_23_P91019	0,02632973	11,32158504	0,049776152	0,961153901	0,994244466
A_24_P53215	0,026331117	12,16711453	0,049723508	0,961194949	0,994244466
A_23_P202837	0,025960042	7,017767233	0,049559556	0,961322786	0,994244466
A_33_P3400699	0,026359256	7,786704164	0,049319864	0,96150968	0,994244466
A_21_P0014885	0,037217787	9,767222581	0,049301826	0,961523746	0,994244466
A_33_P3454679	-0,029531114	7,889866331	-0,049347388	0,961488219	0,994244466
A_24_P136182	-0,039906833	15,34909796	-0,049378053	0,961464309	0,994244466
A_24_P341731	-0,028724139	8,382938769	-0,049788305	0,961144426	0,994244466
A_23_P209449	-0,028582669	7,770539625	-0,050074381	0,960921369	0,994244466
A_23_P930	-0,031416515	8,671219366	-0,050291623	0,960751986	0,994244466
A_21_P0002671	0,024838573	6,862595463	0,049101016	0,961680325	0,994316107

A_33_P3253239	0,027280733	7,619857046	0,048855439	0,961871814	0,994316107
A_24_P453921	0,02479934	9,207283464	0,048646392	0,96203482	0,994316107
A_24_P928217	0,025492771	10,27003627	0,0486123	0,962061403	0,994316107
A_33_P3290622	0,026206952	9,075639366	0,048299984	0,962304938	0,994316107
A_24_P941148	0,0337777	10,35704128	0,04810437	0,962457474	0,994316107
A_24_P135902	0,036316675	16,82557062	0,047553301	0,962887196	0,994316107
A_23_P63158	0,029454955	11,1880175	0,047346996	0,963048074	0,994316107
A_33_P3289144	0,026293851	9,145222155	0,047266396	0,963110928	0,994316107
A_19_P00321789	0,033009032	8,311954895	0,047227956	0,963140905	0,994316107
A_21_P0011412	0,029998064	7,543972943	0,046932447	0,96337135	0,994316107
A_24_P701776	0,042893105	8,196791297	0,04667825	0,963569582	0,994316107
A_33_P3354479	0,026470929	17,10012302	0,046522268	0,963691224	0,994316107
A_23_P107724	0,029623161	7,923438787	0,046451872	0,963746122	0,994316107
A_23_P406385	0,024331404	6,707751516	0,046392688	0,963792277	0,994316107
A_19_P00317318	0,032334271	10,49930836	0,046121984	0,964003388	0,994316107
A_32_P149435	0,024271695	6,479425411	0,046100129	0,964020432	0,994316107
A_24_P229669	0,023630929	9,784190445	0,0459257	0,964156464	0,994316107
A_24_P12059	0,023077526	6,525102701	0,045908709	0,964169715	0,994316107
A_21_P0007376	0,02395853	6,868439075	0,045808638	0,964247757	0,994316107
A_21_P0006513	0,022986002	6,771613503	0,045747513	0,964295428	0,994316107
A_23_P154058	0,027646092	10,30527092	0,045507476	0,964482628	0,994316107
A_33_P3294603	0,02649013	10,22986824	0,045424063	0,964547681	0,994316107
A_33_P3232557	0,025965035	8,042212753	0,045414637	0,964555032	0,994316107
A_33_P3255949	-0,02483983	17,00376738	-0,045553281	0,964446905	0,994316107
A_23_P74526	-0,030001398	10,28023589	-0,045633998	0,964383956	0,994316107
A_33_P3350094	-0,03015423	8,604991526	-0,045719034	0,964317638	0,994316107
A_21_P0007769	-0,02812227	6,850843883	-0,04613137	0,963996068	0,994316107
A_24_P237586	-0,024471652	8,713040277	-0,046212439	0,963932846	0,994316107
A_33_P3325914	-0,029474711	11,06156033	-0,046317108	0,963851219	0,994316107
A_23_P8981	-0,029975532	13,74730574	-0,046478673	0,963725222	0,994316107
A_24_P250815	-0,023993214	6,4928871	-0,046689176	0,963561062	0,994316107
A_23_P124427	-0,02489879	7,548244199	-0,046754519	0,963510105	0,994316107
A_32_P76060	-0,02418378	9,872054159	-0,047024636	0,963299458	0,994316107
A_21_P0002435	-0,024464224	8,219686856	-0,047489118	0,962937247	0,994316107
A_33_P3318534	-0,024699471	7,625333229	-0,04750141	0,962927661	0,994316107
A_23_P259207	-0,024946681	7,136451839	-0,047537989	0,962899136	0,994316107
A_23_P132057	-0,025278909	6,919599564	-0,047595963	0,962853927	0,994316107
A_23_P23748	-0,028890731	7,872219174	-0,04778522	0,962706345	0,994316107
A_33_P3272823	-0,02520681	7,750000339	-0,047910668	0,962608521	0,994316107
A_21_P0004895	-0,026138012	7,997837103	-0,048230883	0,962358822	0,994316107
A_32_P141923	-0,028398781	15,156571	-0,04869331	0,961998235	0,994316107
A_23_P204472	0,032448553	16,80179876	0,045189944	0,964730269	0,994360743
A_33_P3220939	-0,026301149	9,696159125	-0,045087825	0,964809913	0,994360743
A_23_P30805	-0,025200039	12,89826935	-0,045170252	0,964745627	0,994360743

A_33_P3238215	-0,026251296	10,17514572	-0,044893811	0,964961225	0,994443997
A_33_P3632937	0,024261413	11,12871126	0,044533402	0,965242315	0,994451509
A_32_P54242	0,024222063	7,11481282	0,044460793	0,965298945	0,994451509
A_23_P170959	0,022064303	6,736241441	0,044224373	0,965483337	0,994451509
A_33_P3219100	0,027457433	9,543739718	0,044176051	0,965521025	0,994451509
A_23_P211039	-0,022021692	6,618761345	-0,044160974	0,965532783	0,994451509
A_23_P106505	-0,026312996	10,16430652	-0,044237387	0,965473186	0,994451509
A_23_P213228	-0,02270959	6,571533121	-0,044260765	0,965454953	0,994451509
A_33_P3252134	-0,031684618	9,640524653	-0,044641862	0,965157725	0,994451509
A_33_P3409904	0,026157632	10,01744808	0,043713325	0,965881926	0,99449817
A_21_P0008884	-0,023422137	9,614893713	-0,0436507	0,965930771	0,99449817
A_33_P3210622	-0,02384365	7,89586003	-0,043755139	0,965849313	0,99449817
A_23_P147563	-0,025501032	7,223627426	-0,043858158	0,965768964	0,99449817
A_33_P3258846	-0,033992124	10,33199708	-0,044009445	0,965650967	0,99449817
A_33_P3384667	0,023299824	8,231429171	0,043283719	0,966217003	0,994551512
A_23_P168610	-0,030810541	8,554012671	-0,043222512	0,966264743	0,994551512
A_23_P79043	-0,024968521	13,33942971	-0,043248088	0,966244795	0,994551512
A_33_P3326817	-0,031560473	10,86599954	-0,043297326	0,96620639	0,994551512
A_23_P101742	-0,023194796	11,96267415	-0,043131571	0,966335675	0,994551915
A_23_P73511	0,022278543	10,47285606	0,042966772	0,966464215	0,994611603
A_24_P33552	-0,023799902	15,51120635	-0,042603875	0,966747271	0,994685089
A_19_P00319413	-0,025577626	10,56530186	-0,042667899	0,966697333	0,994685089
A_23_P26184	-0,027016619	10,88310368	-0,042708346	0,966665784	0,994685089
A_23_P19987	0,023398495	14,03292023	0,042385391	0,966917688	0,994787835
A_23_P168868	-0,02356776	14,80678436	-0,042270332	0,967007435	0,994807576
A_19_P00322992	0,022090366	9,431896174	0,042113639	0,967129658	0,994860721
A_24_P314597	0,022397939	8,688685742	0,041935412	0,967268678	0,994878082
A_23_P317184	0,028057793	11,58823601	0,041834661	0,967347266	0,994878082
A_33_P3279124	0,029739515	11,84041043	0,04177896	0,967390714	0,994878082
A_33_P3294524	-0,027517605	10,25102254	-0,041730146	0,96742879	0,994878082
A_33_P3216483	-0,021900407	8,075825972	-0,041389392	0,96769459	0,995006273
A_33_P3341722	-0,029291624	12,42934586	-0,041398515	0,967687473	0,995006273
A_23_P259580	0,022074999	8,974623619	0,040817133	0,968140981	0,995116091
A_33_P3404411	0,026828998	9,266867925	0,040734281	0,968205609	0,995116091
A_33_P3221753	0,021135151	6,736403275	0,040508386	0,968381823	0,995116091
A_24_P312189	0,020991683	10,07643383	0,040290972	0,968551422	0,995116091
A_24_P56484	0,028154379	7,613206231	0,040221104	0,968605925	0,995116091
A_23_P39088	0,033954292	12,07377649	0,040013609	0,968767788	0,995116091
A_23_P15357	0,022719179	9,086737054	0,039804794	0,968930683	0,995116091
A_21_P0007477	-0,021261246	7,345262897	-0,039851707	0,968894086	0,995116091
A_33_P3317431	-0,025625961	14,15376567	-0,039965495	0,968805321	0,995116091
A_23_P170574	-0,026040842	8,703152031	-0,039978115	0,968795476	0,995116091
A_21_P0006664	-0,020129453	6,783819411	-0,040118834	0,968685703	0,995116091
A_21_P0008980	-0,02494632	7,151803657	-0,040202935	0,968620097	0,995116091

A_23_P155765	-0,023424613	14,75811038	-0,040498868	0,968389248	0,995116091
A_24_P295010	-0,025509952	11,35869328	-0,040631326	0,968285921	0,995116091
A_33_P3401621	-0,025489135	11,41693041	-0,040949257	0,968037916	0,995116091
A_23_P77328	-0,023654493	11,62117029	-0,041035955	0,967970287	0,995116091
A_23_P19291	-0,024883566	12,07196993	-0,039703863	0,969009418	0,995124466
A_33_P3308387	-0,021711347	9,549606506	-0,03961073	0,969082071	0,995126593
A_33_P3350202	0,024252853	10,2937815	0,039170699	0,969425343	0,995195348
A_33_P3244361	-0,032350197	10,9533667	-0,039162971	0,969431372	0,995195348
A_21_P0011150	-0,026314841	9,287952659	-0,039341923	0,969291769	0,995195348
A_23_P98085	-0,019725285	10,81584214	-0,039360322	0,969277416	0,995195348
A_21_P0008561	0,02099093	6,576699963	0,038837413	0,969685346	0,995322636
A_24_P16730	0,02460805	7,180840114	0,038786042	0,969725423	0,995322636
A_21_P0010925	-0,019636638	8,192884901	-0,038732554	0,96976715	0,995322636
A_33_P3340624	0,020151101	10,27509227	0,038405244	0,970022496	0,995339514
A_23_P107283	0,024262705	12,34383421	0,038298362	0,970105879	0,995339514
A_24_P254551	-0,022250432	8,377663682	-0,038259013	0,970136577	0,995339514
A_23_P120227	-0,019275928	7,337242205	-0,038324945	0,97008514	0,995339514
A_21_P0000034	-0,021059062	11,00488884	-0,038443725	0,969992475	0,995339514
A_24_P769359	0,023504527	11,04174568	0,038042593	0,970305417	0,995367875
A_24_P204214	-0,022796297	13,57084077	-0,038095495	0,970264145	0,995367875
A_33_P3349384	0,018938947	6,967167859	0,037437893	0,970777181	0,995732211
A_21_P0000431	0,019634592	7,14631708	0,037406301	0,970801828	0,995732211
A_33_P3221009	-0,018822069	7,120548189	-0,037206792	0,97095748	0,995819416
A_23_P129413	0,023400819	10,47252437	0,037060064	0,971071955	0,995823994
A_33_P3416622	0,019302603	8,253814298	0,037020009	0,971103205	0,995823994
A_21_P0014247	-0,023801693	7,868199543	-0,036848256	0,971237204	0,995888971
A_33_P3234410	0,032715688	10,70365682	0,036577739	0,971448261	0,995926166
A_21_P0014884	0,020461929	7,287154356	0,036530145	0,971485393	0,995926166
A_21_P0011527	-0,025903627	8,680432307	-0,03663439	0,971404061	0,995926166
A_21_P0013846	0,031481242	11,38666399	0,036365936	0,971613509	0,995985086
A_23_P3042	0,018325367	11,76262482	0,035968608	0,971923509	0,996224556
A_33_P3381305	0,019583091	9,734009961	0,03584644	0,972018827	0,996224556
A_24_P248863	0,021560781	8,341971436	0,035794826	0,972059098	0,996224556
A_24_P268160	0,019465223	10,48731865	0,035608047	0,972204827	0,996229076
A_33_P3263824	-0,024539164	11,5533663	-0,035692159	0,9721392	0,996229076
A_33_P3381245	0,025465155	13,26112192	0,035388299	0,972376282	0,996332355
A_24_P28811	-0,023572513	9,834141266	-0,035265382	0,972472186	0,996358212
A_33_P3254191	0,019710942	9,664791717	0,034282344	0,973239205	0,996637252
A_24_P93452	-0,021899306	10,18060071	-0,034191554	0,973310045	0,996637252
A_33_P3318377	-0,01969922	7,632083323	-0,03420251	0,973301497	0,996637252
A_33_P3299220	-0,017461938	9,087591445	-0,034314369	0,973214217	0,996637252
A_21_P0010048	-0,017580938	7,026603707	-0,034366443	0,973173585	0,996637252
A_32_P222961	-0,024440403	11,60903474	-0,034397306	0,973149503	0,996637252
A_19_P00322904	-0,017961534	7,338421709	-0,034599351	0,972991856	0,996637252

A_33_P3310455	-0,017241784	6,561808279	-0,034603332	0,972988749	0,996637252
A_24_P353794	0,031331008	9,668822418	0,033898628	0,973538608	0,996726514
A_24_P366457	-0,018926092	11,02409512	-0,03395634	0,973493576	0,996726514
A_24_P931201	0,017966179	6,934525964	0,033773039	0,973636602	0,996754462
A_33_P3237704	0,017845014	8,851316251	0,033563892	0,973799797	0,996776777
A_33_P3243683	-0,023488569	10,22147184	-0,033626807	0,973750705	0,996776777
A_33_P3269548	0,016818339	6,768305717	0,033398126	0,973929142	0,996836804
A_24_P677634	0,016889369	13,97032306	0,033122215	0,974144486	0,996984837
A_23_P48561	-0,022185633	8,192850274	-0,032837762	0,974366395	0,996994833
A_23_P422981	-0,018161573	7,123630914	-0,032922123	0,974300567	0,996994833
A_23_P3979	-0,020708241	10,65876779	-0,032996257	0,974242721	0,996994833
A_23_P141636	0,02094317	13,65154094	0,032656096	0,974508151	0,996995169
A_32_P218228	-0,017495807	8,048144106	-0,032677664	0,974491322	0,996995169
A_33_P3389837	-0,018340733	11,45167863	-0,032370826	0,974730752	0,99715055
A_23_P124044	-0,017923318	11,59035386	-0,032136099	0,974913915	0,997265566
A_21_P0014682	0,015942402	6,645167333	0,031925923	0,975077923	0,997269882
A_33_P3320804	0,016959128	15,79535941	0,031858756	0,975130335	0,997269882
A_23_P69058	-0,018563932	14,33402447	-0,031954981	0,975055247	0,997269882
A_23_P212397	0,018293914	10,35879333	0,031622904	0,97531438	0,997316134
A_23_P86493	0,018800716	16,86742729	0,031446509	0,975452029	0,997316134
A_24_P288722	0,016200705	8,028935758	0,031432942	0,975462615	0,997316134
A_23_P131240	0,016033817	9,650864867	0,031349603	0,975527649	0,997316134
A_33_P3248765	0,017995755	9,724576907	0,031318149	0,975552194	0,997316134
A_24_P492083	0,017561794	8,407819278	0,031095269	0,975726119	0,997316134
A_33_P3271126	-0,021336957	13,06369943	-0,031075618	0,975741454	0,997316134
A_32_P233304	-0,017414571	10,48783135	-0,031130681	0,975698485	0,997316134
A_23_P359616	0,017961049	11,78894211	0,030588091	0,976121902	0,9975244
A_33_P3304764	0,015191656	6,874404528	0,030529134	0,97616791	0,9975244
A_24_P366165	0,018420553	14,61919604	0,030458581	0,976222967	0,9975244
A_33_P3306964	0,020509605	9,547985034	0,03025063	0,976385248	0,9975244
A_23_P107166	0,014797671	8,320981071	0,029793786	0,976741761	0,9975244
A_23_P64954	0,022993939	10,49027626	0,029419992	0,977033468	0,9975244
A_24_P272160	0,016678984	7,701579653	0,029384599	0,977061089	0,9975244
A_24_P291826	0,015325448	10,21565504	0,029084327	0,977295422	0,9975244
A_23_P391778	0,016432593	12,96016836	0,028839245	0,977486687	0,9975244
A_32_P176550	0,014649691	8,030176111	0,028616528	0,977660499	0,9975244
A_23_P80062	0,015878029	9,477320689	0,028404818	0,977825721	0,9975244
A_21_P0013535	0,014552918	6,96599964	0,02814543	0,978028155	0,9975244
A_23_P47282	0,014385538	8,489257955	0,027770228	0,978320976	0,9975244
A_19_P00808923	0,016140315	15,0998416	0,027663331	0,978404402	0,9975244
A_33_P3285024	0,019399932	10,33524577	0,027287294	0,978697879	0,9975244
A_24_P31929	0,016113911	7,209659375	0,027162634	0,97879517	0,9975244
A_23_P7679	0,018764469	9,43151246	0,027059466	0,978875687	0,9975244
A_23_P357811	0,018445088	14,36324287	0,026980997	0,978936929	0,9975244

A_33_P3366754	0,017788123	7,968048918	0,026846634	0,979041794	0,9975244
A_21_P0001196	0,014779939	7,504155313	0,026737696	0,979126816	0,9975244
A_33_P3410895	0,016819349	16,03077593	0,026496221	0,979315279	0,9975244
A_21_P0006429	0,016189855	7,339754576	0,026304534	0,979464885	0,9975244
A_33_P3362068	0,014334736	7,59653053	0,026243084	0,979512845	0,9975244
A_21_P0012307	0,013726659	7,134679334	0,026106787	0,979619221	0,9975244
A_33_P3247095	0,01586142	7,880437947	0,026059261	0,979656314	0,9975244
A_24_P39454	-0,015581588	7,891853367	-0,026009643	0,97969504	0,9975244
A_33_P3381851	-0,014226907	8,610579136	-0,026221286	0,979529857	0,9975244
A_24_P330385	-0,027865926	10,11122347	-0,026254778	0,979503718	0,9975244
A_24_P409824	-0,023060547	9,40393797	-0,026259564	0,979499983	0,9975244
A_33_P3771039	-0,017831387	14,43431383	-0,026285569	0,979479686	0,9975244
A_21_P0002020	-0,015968246	7,559839607	-0,0264209	0,979374065	0,9975244
A_23_P372771	-0,017562188	8,761147501	-0,02661305	0,979224098	0,9975244
A_21_P0011380	-0,013743643	7,535497733	-0,026793389	0,97908335	0,9975244
A_23_P71904	-0,016571394	10,76686685	-0,02684212	0,979045317	0,9975244
A_23_P210643	-0,018463872	11,16934103	-0,027127381	0,978822683	0,9975244
A_23_P54223	-0,014304759	8,712543465	-0,027383609	0,978622709	0,9975244
A_33_P3314594	-0,018628709	13,59781748	-0,027415532	0,978597796	0,9975244
A_21_P0010500	-0,015012657	7,191087428	-0,027510701	0,978523521	0,9975244
A_21_P0008390	-0,017119123	8,452700369	-0,027587836	0,978463321	0,9975244
A_23_P112026	-0,014445512	7,136173205	-0,027598144	0,978455277	0,9975244
A_21_P0009590	-0,01752129	9,933214258	-0,027858371	0,978252186	0,9975244
A_33_P3307163	-0,017762279	8,516561173	-0,027905404	0,978215479	0,9975244
A_23_P209430	-0,01575197	9,657322172	-0,027938485	0,978189661	0,9975244
A_19_P00322088	-0,015063704	6,831023854	-0,027958392	0,978174125	0,9975244
A_21_P0011267	-0,016382086	7,452701298	-0,028012962	0,978131537	0,9975244
A_23_P353574	-0,016911885	7,88707605	-0,02822721	0,977964332	0,9975244
A_33_P3403418	-0,019217042	9,24207958	-0,028243284	0,977951786	0,9975244
A_33_P3243429	-0,015190801	8,726932519	-0,028378643	0,977846149	0,9975244
A_23_P96383	-0,01555487	6,416115001	-0,02865095	0,977633635	0,9975244
A_33_P3344991	-0,016487583	9,394792492	-0,028734996	0,977568044	0,9975244
A_23_P148194	-0,015849227	12,51071951	-0,029578908	0,97690945	0,9975244
A_19_P00322149	-0,016295859	6,424385829	-0,029992672	0,976586553	0,9975244
A_33_P3380772	-0,018428055	15,97086867	-0,030420859	0,976252405	0,9975244
A_23_P119130	0,014002453	16,743931	0,025575539	0,980033852	0,997566722
A_24_P276531	0,015444604	7,972088342	0,025524819	0,980073438	0,997566722
A_24_P412512	0,014502622	10,64085791	0,025326534	0,980228198	0,997566722
A_33_P3368706	0,012897169	11,9498129	0,025303508	0,98024617	0,997566722
A_24_P462899	0,019811045	12,70411305	0,025193298	0,980332188	0,997566722
A_33_P3262327	0,013195884	8,015084425	0,024938149	0,980531332	0,997566722
A_23_P356484	-0,012890903	18,24092318	-0,024868543	0,980585659	0,997566722
A_33_P3331882	-0,01266446	8,747541626	-0,024940404	0,980529571	0,997566722
A_33_P3229452	-0,013569997	8,515615174	-0,02498257	0,980496661	0,997566722

A_33_P3294217	-0,014342986	9,949664469	-0,025282641	0,980262456	0,997566722
A_24_P337657	-0,01714068	7,903385082	-0,025412875	0,980160809	0,997566722
A_24_P450596	-0,019197534	8,793206511	-0,02557987	0,980030471	0,997566722
A_21_P0006079	-0,014020876	7,456505182	-0,02476401	0,980667248	0,997577744
A_23_P14892	0,013423433	7,373319189	0,024440104	0,980920059	0,997762926
A_33_P3247540	0,014623484	7,854671657	0,02387236	0,981363194	0,998077338
A_21_P0002876	0,015770933	8,847291855	0,023862685	0,981370745	0,998077338
A_23_P41789	0,012937598	7,171173978	0,023689773	0,981505708	0,998142598
A_33_P3258316	0,012833608	11,75245595	0,0233912	0,981738753	0,998163603
A_33_P3579984	-0,01187843	8,119117292	-0,023424684	0,981712618	0,998163603
A_33_P3305467	-0,012781857	8,33139333	-0,023463529	0,981682299	0,998163603
A_33_P3247077	0,020229679	12,98951094	0,023257316	0,981843255	0,99819364
A_23_P115703	0,014366343	8,900856883	0,02317194	0,981909894	0,99819364
A_23_P73702	0,018733735	9,431144958	0,022969094	0,982068224	0,998210647
A_33_P3382271	-0,013223397	10,03273018	-0,023041253	0,9820119	0,998210647
A_21_P0010990	0,014357735	7,411025427	0,022857383	0,982155419	0,99822731
A_21_P0011364	0,012241682	11,7620384	0,022462115	0,982463944	0,998291526
A_33_P3244322	0,014304059	10,02166366	0,022458838	0,982466502	0,998291526
A_23_P105923	0,012207906	6,786917079	0,022289717	0,98259851	0,998291526
A_33_P3399492	0,011965649	10,81260457	0,022189871	0,982676446	0,998291526
A_33_P3323699	0,01100377	8,110284559	0,022104815	0,982742837	0,998291526
A_23_P154345	0,011308176	11,0746328	0,021945408	0,982867264	0,998291526
A_32_P108474	0,013569162	8,421624138	0,021900086	0,98290264	0,998291526
A_33_P3338968	0,011121408	9,290171859	0,021869315	0,982926659	0,998291526
A_23_P324523	-0,011690785	7,799340851	-0,022033968	0,982798137	0,998291526
A_21_P0011906	-0,014209535	7,26140005	-0,022083802	0,982759238	0,998291526
A_24_P398781	0,011791843	10,40231386	0,021083337	0,98354017	0,998389323
A_23_P214907	0,012144027	8,236934458	0,020606963	0,983912019	0,998389323
A_33_P3255131	0,010695092	9,075389128	0,020384189	0,984085913	0,998389323
A_33_P3390456	0,012613202	9,496401733	0,02037394	0,984093914	0,998389323
A_21_P0005002	0,012505216	10,63119504	0,020316039	0,984139111	0,998389323
A_23_P21734	0,01291338	11,66266521	0,020174459	0,984249627	0,998389323
A_21_P0013685	0,012947239	10,47280844	0,020011955	0,984376477	0,998389323
A_21_P0009168	0,010904381	7,163376305	0,019987527	0,984395546	0,998389323
A_23_P160631	0,014124021	14,17995979	0,019952689	0,984422739	0,998389323
A_33_P3242124	0,012334755	8,23594232	0,019841426	0,984509591	0,998389323
A_24_P391526	0,013938462	11,67536223	0,019663919	0,984648154	0,998389323
A_24_P96474	0,016250056	9,473663743	0,019612267	0,984688473	0,998389323
A_23_P122563	0,011818805	11,36314663	0,019478016	0,98479327	0,998389323
A_24_P133488	-0,012745851	8,49658568	-0,019489962	0,984783945	0,998389323
A_32_P172848	-0,011956311	9,122686661	-0,019686928	0,984630192	0,998389323
A_23_P159125	-0,010612073	12,694186	-0,019703836	0,984616994	0,998389323
A_23_P410587	-0,012386387	9,172828451	-0,020055072	0,98434282	0,998389323
A_33_P3417281	-0,010374414	8,175119173	-0,020078107	0,984324839	0,998389323

A_23_P159476	-0,010706976	11,32768772	-0,020155559	0,984264381	0,998389323
A_24_P48204	-0,01363827	10,79593156	-0,020325501	0,984131725	0,998389323
A_33_P3209025	-0,011353954	7,409249845	-0,020406479	0,984068514	0,998389323
A_32_P113154	-0,010706704	15,55669475	-0,020477046	0,98401343	0,998389323
A_23_P354591	-0,012495388	8,167813606	-0,021040702	0,98357345	0,998389323
A_24_P411863	-0,011046835	9,354080148	-0,021047907	0,983567826	0,998389323
A_24_P912439	-0,011388332	8,481057742	-0,02105196	0,983564662	0,998389323
A_23_P216038	-0,009854663	10,21299811	-0,019182176	0,985024205	0,998479852
A_33_P3376321	-0,012758453	8,536185719	-0,019262363	0,984961611	0,998479852
A_23_P45365	0,009682327	10,14069869	0,018869977	0,985267911	0,998583319
A_33_P3374365	0,01184603	13,67510682	0,018812764	0,985312573	0,998583319
A_23_P428992	0,010330432	11,48625521	0,018779221	0,985338757	0,998583319
A_33_P3353263	0,012121066	8,637536402	0,018491537	0,985563329	0,998583423
A_33_P3325866	0,00965683	8,137543849	0,018416165	0,985622166	0,998583423
A_24_P17722	-0,009257604	13,53362899	-0,018551552	0,98551648	0,998583423
A_33_P3382412	-0,009924058	8,990778412	-0,018658085	0,985433318	0,998583423
A_21_P0011667	0,010808671	8,208714565	0,018170256	0,985814128	0,998706143
A_23_P163278	-0,011544914	8,400900913	-0,017994191	0,985951569	0,998773615
A_23_P311885	0,010336051	7,944790476	0,017735591	0,98615344	0,998809089
A_23_P502747	0,010760452	7,193478823	0,01767708	0,986199116	0,998809089
A_33_P3311046	-0,00929007	7,406385743	-0,017856633	0,986058951	0,998809089
A_33_P3335621	0,009093821	8,150554545	0,017373425	0,98643616	0,998905654
A_23_P411814	-0,009627575	12,70633157	-0,017374684	0,986435177	0,998905654
A_23_P419202	0,008677849	9,075827397	0,017119497	0,986634386	0,998943978
A_33_P3252068	0,012370367	7,814473528	0,017041801	0,98669504	0,998943978
A_24_P284523	-0,010072755	10,62771425	-0,016961899	0,986757414	0,998943978
A_33_P3356216	-0,010189673	11,53143298	-0,017029464	0,98670467	0,998943978
A_24_P11436	0,008681608	6,93470902	0,016748657	0,98692388	0,999040766
A_21_P0014004	0,009286915	8,802179924	0,016397579	0,98719795	0,999090163
A_33_P3327539	0,009478828	7,708956428	0,016260733	0,987304778	0,999090163
A_33_P3390853	0,009065287	14,28405477	0,016235827	0,987324222	0,999090163
A_33_P3212665	0,008466499	7,455583723	0,015862374	0,98761576	0,999090163
A_32_P163089	0,010674894	11,59255226	0,015641655	0,987788067	0,999090163
A_24_P29445	0,008275671	14,13662971	0,015613788	0,987809822	0,999090163
A_33_P3309911	0,008441902	6,972715162	0,015552151	0,98785794	0,999090163
A_23_P72961	0,012236421	9,853861964	0,015548181	0,987861039	0,999090163
A_19_P00316202	0,007553189	7,893770116	0,015286475	0,988065343	0,999090163
A_24_P259276	0,007486715	11,12936444	0,014808305	0,988438636	0,999090163
A_33_P3243618	0,00769608	8,285680589	0,014385887	0,988768408	0,999090163
A_33_P3331120	0,007729031	6,864833478	0,014272201	0,988857161	0,999090163
A_24_P53150	0,007188926	11,52949955	0,014120045	0,988975945	0,999090163
A_33_P3316686	0,009156165	11,17030397	0,014004636	0,989066043	0,999090163
A_33_P3244921	0,008447641	10,52651087	0,014003786	0,989066707	0,999090163
A_32_P135818	0,00883373	14,35677262	0,013891032	0,989154732	0,999090163

A_33_P3281010	0,007463362	6,682435646	0,013730798	0,989279824	0,999090163
A_33_P3400273	0,007455063	12,70201442	0,013300248	0,989615949	0,999090163
A_33_P3404331	0,010579838	10,81548244	0,01307832	0,989789207	0,999090163
A_23_P426472	0,006519359	9,053157602	0,012663321	0,990113195	0,999090163
A_21_P0013577	0,006452041	6,920867679	0,012322368	0,990379377	0,999090163
A_33_P3424384	0,006462907	7,263811592	0,011899888	0,990709209	0,999090163
A_33_P3273399	0,006186738	8,625529876	0,011412244	0,991089917	0,999090163
A_24_P110291	0,005992536	8,561811087	0,011037021	0,991382858	0,999090163
A_33_P3372742	0,005626929	8,787645053	0,010996589	0,991414424	0,999090163
A_24_P193295	0,007728786	11,35032963	0,010996049	0,991414846	0,999090163
A_23_P433111	0,008105237	9,274778528	0,010931229	0,991465452	0,999090163
A_24_P40795	0,00683733	14,904121	0,010731727	0,991621206	0,999090163
A_24_P180680	0,00865507	15,083783	0,010466943	0,991827928	0,999090163
A_33_P3398719	0,005624031	8,13728315	0,010257709	0,991991281	0,999090163
A_23_P417282	0,007120663	11,60227018	0,01012283	0,992096584	0,999090163
A_33_P3377100	0,005441102	6,696603663	0,010104011	0,992111276	0,999090163
A_33_P3401084	0,005960753	9,755193443	0,010090024	0,992122197	0,999090163
A_24_P131066	0,005895319	8,052497223	0,009625821	0,992484611	0,999090163
A_33_P3462960	0,005304454	12,53916722	0,009042818	0,992939779	0,999090163
A_33_P3303031	0,005394807	15,45005733	0,00896648	0,992999378	0,999090163
A_33_P3417123	0,00490227	8,144315907	0,00885206	0,99308871	0,999090163
A_23_P250607	0,005023687	7,031659016	0,008758345	0,993161876	0,999090163
A_23_P25150	0,004302059	6,254741036	0,008540594	0,993331881	0,999090163
A_23_P204696	0,004439116	11,69699849	0,008437975	0,993412	0,999090163
A_33_P3249489	0,004698658	8,256838955	0,008402644	0,993439584	0,999090163
A_23_P256244	0,004488414	7,410245967	0,008175554	0,993616882	0,999090163
A_33_P3279640	0,004310229	14,84652595	0,007820463	0,993894115	0,999090163
A_23_P251293	0,004105493	7,020898793	0,00766493	0,994015546	0,999090163
A_33_P3244279	0,004285938	7,348559458	0,0076606	0,994018927	0,999090163
A_33_P3370226	0,004463133	16,34861688	0,007659789	0,99401956	0,999090163
A_21_P0003216	0,00486733	7,896559191	0,007442276	0,994189381	0,999090163
A_33_P3402615	0,004168426	9,536257394	0,007146212	0,994420532	0,999090163
A_23_P32500	0,004588418	11,49731163	0,006647956	0,994809542	0,999090163
A_21_P0001545	0,003444425	7,431736615	0,006609408	0,994839639	0,999090163
A_33_P3842551	0,005348008	9,736756795	0,006580896	0,9948619	0,999090163
A_23_P415643	0,003102683	10,06986347	0,006099043	0,995238106	0,999090163
A_24_P318593	0,003887646	9,290352343	0,005964019	0,995343526	0,999090163
A_33_P3289093	0,003042704	6,540350416	0,005922209	0,995376169	0,999090163
A_32_P181103	0,002897586	9,008264486	0,005633714	0,995601412	0,999090163
A_21_P0000103	0,003970468	9,390259999	0,005492033	0,99571203	0,999090163
A_23_P58353	0,003133956	14,90613115	0,0052658	0,995888663	0,999090163
A_33_P3511777	0,003022138	11,23046725	0,005223378	0,995921783	0,999090163
A_23_P10506	0,002695002	13,7596649	0,005000106	0,996096104	0,999090163
A_24_P160466	0,002387189	6,994466616	0,004524858	0,996467157	0,999090163

A_23_P159974	0,002489803	7,294714289	0,004250752	0,996681168	0,999090163
A_33_P3291394	0,002925157	10,82046846	0,0041723	0,99674242	0,999090163
A_21_P0013433	0,002423542	8,286335553	0,003940109	0,996923705	0,999090163
A_21_P0003680	0,002563927	7,871677097	0,003911174	0,996946297	0,999090163
A_23_P142447	0,002279516	14,64251083	0,003761223	0,997063372	0,999090163
A_21_P0002549	0,001995766	7,215330122	0,003756353	0,997067174	0,999090163
A_24_P239177	0,001895835	8,214328167	0,003469556	0,997291094	0,999090163
A_33_P3240018	0,001694901	9,944681973	0,003359014	0,997377401	0,999090163
A_33_P3520835	-0,001915975	7,541276391	-0,003252803	0,997460326	0,999090163
A_23_P210747	-0,001744898	9,698702972	-0,003330644	0,997399551	0,999090163
A_33_P3233580	-0,00170621	6,633676255	-0,003347995	0,997386004	0,999090163
A_19_P00800467	-0,002476623	13,02255807	-0,003420697	0,997329241	0,999090163
A_24_P942481	-0,001904501	9,257119587	-0,003470267	0,997290539	0,999090163
A_19_P00318938	-0,001753626	6,771363623	-0,003532303	0,997242104	0,999090163
A_23_P404965	-0,002099612	8,509887563	-0,004105836	0,996794312	0,999090163
A_23_P325631	-0,003322889	10,82993664	-0,004218343	0,996706471	0,999090163
A_32_P202182	-0,002519646	6,936977155	-0,004654615	0,996365848	0,999090163
A_33_P3341424	-0,002517453	7,02286559	-0,004711877	0,996321141	0,999090163
A_23_P118392	-0,002889637	9,909783252	-0,004863754	0,996202562	0,999090163
A_21_P0012925	-0,002806599	7,473035907	-0,005020602	0,996080102	0,999090163
A_32_P83049	-0,002607518	7,14869691	-0,005033273	0,996070209	0,999090163
A_19_P00317856	-0,002658926	7,585809139	-0,005258675	0,995894225	0,999090163
A_21_P0000040	-0,003223837	8,343379999	-0,00538821	0,995793091	0,999090163
A_33_P3235009	-0,003478022	7,279016386	-0,00543044	0,995760119	0,999090163
A_33_P3303015	-0,003165571	16,28904253	-0,005587036	0,995637856	0,999090163
A_24_P942630	-0,003235278	8,013845687	-0,005736941	0,995520817	0,999090163
A_21_P0005979	-0,004145754	9,235073868	-0,005828935	0,995448993	0,999090163
A_32_P449652	-0,003079952	6,517374817	-0,005934817	0,995366325	0,999090163
A_33_P3350566	-0,003171001	7,357983663	-0,006146638	0,995200946	0,999090163
A_21_P0011730	-0,003593123	7,115560227	-0,006466566	0,994951163	0,999090163
A_23_P114903	-0,004438613	9,498356206	-0,006757122	0,994724312	0,999090163
A_33_P3340294	-0,004036958	9,87048932	-0,006910817	0,994604315	0,999090163
A_24_P140204	-0,004052763	12,65644725	-0,007108194	0,994450214	0,999090163
A_33_P3380063	-0,003712915	8,901950728	-0,007154799	0,994413827	0,999090163
A_24_P142442	-0,003969861	12,21329334	-0,007171656	0,994400666	0,999090163
A_33_P3353662	-0,003971003	7,187756321	-0,007176545	0,994396849	0,999090163
A_24_P158065	-0,003852499	11,75554944	-0,007228618	0,994356193	0,999090163
A_23_P150350	-0,004233999	8,801329213	-0,007233963	0,99435202	0,999090163
A_33_P3261737	-0,004120574	7,729328666	-0,007627567	0,994044717	0,999090163
A_23_P203030	-0,005321361	9,441006151	-0,007685792	0,993999258	0,999090163
A_23_P217917	-0,005196753	9,570588019	-0,007717152	0,993974774	0,999090163
A_33_P3309526	-0,00447304	12,56309221	-0,007808426	0,993903513	0,999090163
A_23_P200056	-0,004237976	10,97335769	-0,00781797	0,993896061	0,999090163
A_33_P3273272	-0,004422403	8,726981847	-0,007849057	0,993871791	0,999090163

A_33_P3278313	-0,004797923	10,52003927	-0,008156475	0,993631777	0,999090163
A_21_P0001639	-0,004059609	7,347909184	-0,008166221	0,993624168	0,999090163
A_33_P3231653	-0,004538416	8,389525746	-0,008332366	0,993494453	0,999090163
A_24_P296808	-0,005485635	6,781522017	-0,008708217	0,993201012	0,999090163
A_19_P00809902	-0,006333436	11,26423574	-0,009041957	0,992940451	0,999090163
A_33_P3407374	-0,005379455	17,02724096	-0,009158987	0,992849082	0,999090163
A_33_P3216059	-0,004775198	6,829768065	-0,009273922	0,992759348	0,999090163
A_21_P0011427	-0,005606687	7,185703054	-0,009537722	0,992553393	0,999090163
A_33_P3299739	-0,004944814	8,737505788	-0,009631533	0,992480151	0,999090163
A_33_P3397486	-0,005421645	11,24340095	-0,009698543	0,992427835	0,999090163
A_33_P3236392	-0,005993338	7,221322932	-0,009706598	0,992421546	0,999090163
A_23_P70583	-0,005173115	9,960346835	-0,009732928	0,99240099	0,999090163
A_24_P21266	-0,005773988	7,171441045	-0,009737967	0,992397056	0,999090163
A_23_P203819	-0,005452802	12,25984109	-0,010071268	0,992136839	0,999090163
A_24_P21985	-0,005502499	7,910767619	-0,01057793	0,991741278	0,999090163
A_33_P3234303	-0,005704803	7,185827393	-0,010981569	0,991426151	0,999090163
A_32_P149251	-0,007206333	8,725504489	-0,011066056	0,99136019	0,999090163
A_19_P00326865	-0,005878085	8,287106165	-0,01154649	0,990985109	0,999090163
A_23_P379475	-0,005864726	13,09268027	-0,011572699	0,990964648	0,999090163
A_23_P128201	-0,006073285	10,54882884	-0,011687233	0,99087523	0,999090163
A_23_P146084	-0,007811914	12,52430075	-0,011715869	0,990852874	0,999090163
A_33_P3214481	-0,006120448	10,17298119	-0,011839123	0,990756648	0,999090163
A_32_P15320	-0,009026318	15,15275472	-0,011850263	0,990747951	0,999090163
A_33_P3339397	-0,006147139	7,224035534	-0,012040257	0,990599622	0,999090163
A_33_P3241428	-0,006425654	8,144384972	-0,01223113	0,990450607	0,999090163
A_24_P194730	-0,007718853	7,779493493	-0,0128602	0,989959493	0,999090163
A_33_P3275415	-0,007015978	7,386683012	-0,013157785	0,98972717	0,999090163
A_24_P82493	-0,007583381	8,403833871	-0,013190222	0,989701846	0,999090163
A_19_P00322895	-0,006767145	6,409907195	-0,01357009	0,989405287	0,999090163
A_21_P0014670	-0,007603013	7,735490042	-0,013612147	0,989372454	0,999090163
A_23_P142634	-0,007180313	12,41222058	-0,013695022	0,989307754	0,999090163
A_33_P3276713	-0,007614663	7,177142862	-0,014326535	0,988814743	0,999090163
A_23_P40866	-0,008327318	7,942373321	-0,014515586	0,988667155	0,999090163
A_21_P0001518	-0,008347833	7,988054681	-0,014533199	0,988653405	0,999090163
A_33_P3287314	-0,007811436	8,501548909	-0,014541574	0,988646867	0,999090163
A_24_P641130	-0,010829876	9,893506537	-0,014700973	0,988522428	0,999090163
A_23_P149852	-0,008815456	11,79318106	-0,014742035	0,988490371	0,999090163
A_21_P0000926	-0,007813514	6,933436332	-0,014766043	0,988471629	0,999090163
A_23_P362824	-0,010199179	11,5428958	-0,015042427	0,988255864	0,999090163
A_23_P155288	-0,008306681	10,84784515	-0,01522765	0,988111266	0,999090163
A_23_P310911	-0,011638528	11,31829878	-0,015286629	0,988065223	0,999090163
A_33_P3265355	-0,010495627	13,47806938	-0,015433595	0,987950492	0,999090163
A_33_P3252369	-0,009113124	7,564235767	-0,01597132	0,987530711	0,999090163
A_21_P0010535	-0,009433354	8,248563249	-0,016098657	0,987431304	0,999090163

A_21_P0013300	-0,002443441	12,16088031	-0,003100826	0,997578985	0,999138034
A_33_P3724157	0,001689501	7,186585737	0,002891471	0,997742441	0,999230762
A_33_P3281867	-0,00132762	7,194825188	-0,002412675	0,998116267	0,999534147
A_23_P333640	0,001152807	7,97355484	0,002278267	0,998221208	0,999561169
A_23_P344451	0,001168155	10,07474284	0,001999028	0,998439228	0,999561169
A_24_P349547	0,000892334	11,61109822	0,001646786	0,998714246	0,999561169
A_33_P3408305	0,000856621	9,535237238	0,001498804	0,998829785	0,999561169
A_32_P411592	0,000668152	11,85192695	0,001278389	0,999001878	0,999561169
A_33_P3292218	0,00067712	11,76351326	0,001073054	0,999162196	0,999561169
A_23_P39550	-0,000721385	8,465169687	-0,000834461	0,999348481	0,999561169
A_24_P169073	-0,000540347	10,95875847	-0,000836596	0,999346814	0,999561169
A_33_P3395848	-0,000437949	7,150603843	-0,0008665	0,999323466	0,999561169
A_23_P130444	-0,000490646	7,513735493	-0,00091662	0,999284334	0,999561169
A_24_P224776	-0,000792006	11,92907813	-0,001155419	0,999097888	0,999561169
A_23_P102404	-0,000907452	13,52389235	-0,001228045	0,999041184	0,999561169
A_33_P3322288	-0,000725329	10,15995973	-0,001364175	0,998934898	0,999561169
A_33_P3229390	-0,001394025	10,71467246	-0,001650845	0,998711077	0,999561169
A_21_P0005814	-0,000911166	7,06036375	-0,001682739	0,998686175	0,999561169
A_32_P22078	-0,00109033	14,49748567	-0,001688352	0,998681792	0,999561169
A_23_P102320	-0,001236328	11,06164102	-0,001977214	0,99845626	0,999561169
A_23_P58529	0,000224771	12,17309715	0,000352442	0,999724825	0,99986666
A_33_P3253394	2,51E-05	15,04131543	4,61E-05	0,999963968	0,999963968
A_33_P3321369	-6,85E-05	8,405174296	-0,000127838	0,999900189	0,999963968

B	GeneSymbol
-0,87408587	HOXA6
-0,881333993	HOXA5
-0,917196716	HSD11B1
-0,830059266	CYP27A1
-0,723346157	MMP9
-1,101114413	HOXA7
-1,228469236	ACP5
-1,226516639	CCL13
-1,323407652	PDE4DIP
-1,289428862	PLA2G7
-1,448967652	HOXA6
-1,544277703	C1QB
-1,669618881	HOXA3
-1,677022634	COL5A1
-1,76080193	XLOC_I2_009140
-1,778352045	LOC404266
-1,815424434	ZNF503
-1,814772135	EGR2
-1,803404718	MMP1
-1,76413182	INHBA
-1,726616761	GPNMB
-2,012021502	NPR3
-2,013675926	HOXA9
-2,090047294	ARHGAP22
-2,212201504	ALDH1A1
-2,21779637	CT45A1
-2,301746289	ZNF503-AS2
-2,478082341	RRP7A
-2,552480416	HTR1F
-2,554712843	ALDH1A1
-2,560658672	SRGAP1
-2,65405131	CDH1
-2,733105743	
-2,745242505	XLOC_I2_009140
-2,752136861	FREM1
-2,755849561	LOC284551
-2,755923395	ST6GALNAC1
-2,766531352	SALL4
-2,790543872	HOXC4
-2,800878249	BCL11A

-2,802351694
-2,806857046 NPIP
-2,80965942 CRHBP
-2,811064549 XIST
-2,897236578 CIB2
-2,905103989 VASH2
-2,914907479 CCDC6
-2,941294309 XLOC_I2_001954
-2,944839574 XIST
-2,948765727 SARDH
-2,953099449 MCM7
-2,955272504 XIST
-2,97024681 ITGA8
-2,972038912 XIST
-2,982076532 RAB40B
-2,983243208 ANAPC1
-2,984600987 CPXM1
-2,984694947 NPIP
-2,993616389 MEX3A
-2,99440619 CH25H
-3,046602393 STARD9
-3,054619081 SLC6A13
-3,068047603 BAALC
-3,075941555 HOXC6
-3,08222553 AFMID
-3,088135273 CGNL1
-3,092311311 SCHIP1
-3,096505618 XIST
-3,097398104 PVT1
-3,101912562 HOXB5
-3,105587061 AADAT
-3,12151429 FLJ20444
-3,121677527 LOC284219
-3,125150118 KCNJ18
-3,15016445 AUTS2
-3,150827369 TRAP1
-3,150991042 LOC100289092
-3,154314123 FOXP1-IT1
-3,168202033 GPSM1
-3,173865714
-3,178462405 TTN
-3,179042062
-3,187430186 THOC3
-3,1933966 RAD54L

-3,197835237 XLOC_008015
-3,206122358 ATP8A2
-3,21522118 MSH5
-3,216608832 FAT1
-3,216982036 XIST
-3,220004054 IQGAP3
-3,228406798 C19orf48
-3,230806669 ZFH3
-3,254411407
-3,257345184
-3,25986691 LOC100652766
-3,268032229 ATP8A2
-3,269558937 MPZL2
-3,27269962 XIST
-3,274827214 DEPTOR
-3,278465527 METAP1D
-3,278866258 SMO
-3,279760684 XLOC_I2_003293
-3,283923024 XIST
-3,28697591 IQCJ-SCHIP1
-3,289161706 SLC6A13
-3,291583956 HOXB3
-3,299772943 NKAIN2
-3,30752559 AK4
-3,310738872 STARD9
-3,313841563
-3,318348681 PBX3
-3,333628611 CTSG
-3,339907922 VWCE
-3,35000156 RRN3
-3,357439766 STXBP4
-3,357796587 BCL11A
-3,358566489 GPR20
-3,359793936 TROAP
-3,362440626 MAP4K1
-3,366428418 XLOC_I2_014694
-3,369264815 NPIP
-3,377201499 KCNK10
-3,389258439 HIST1H4D
-3,404566741 WDR90
-3,405875853 BLNK
-3,407143814 TMEM56
-3,409325247 ZBED3
-3,410407597 HOXB9

-3,413060349 IGJ
-3,413194656 TMEM132E
-3,413616026 RPS6KA5
-3,420643456 DBF4B
-3,430066385 OCLN
-3,430240344 LRRC4
-3,43033063 LOC100129846
-3,435245611 KIF4A
-3,438816224 COL5A1
-3,441727654 EBPL
-3,443291592 PTPRS
-3,443743991 SNORD29
-3,444350693 CD8B
-3,447814687 CXCR3
-3,456379729 TPTE2P1
-3,457755919 XLOC_008185
-3,457775774 GPR125
-3,461457489 PTPRD
-3,464214536 XLOC_I2_004640
-3,46597375 BCL11A
-3,466667966 TMIGD2
-3,469555421
-3,470124065 LOC100132247
-3,471357334 HSPG2
-3,471931578 SPIB
-3,474552411 LOC645722
-3,47574638 PKIB
-3,476478971 MAP7
-3,477914268 FAN1
-3,478659042 LOC389906
-3,487948367 LOC645722
-3,490242843 CLEC18B
-3,492439803 PTPLA
-3,4967262 FARSB
-3,499420205 SNORD22
-3,500044733 KAT2A
-3,502138737 XLOC_I2_007834
-3,504243349 HIST1H4E
-3,505869195 XLOC_I2_003909
-3,50791954 TYRO3
-3,51019326 LOC283588
-3,512179817 NKD2
-3,51337035 HELLS
-3,514840481 GUSBP1

-3,517057772 HOXB6
-3,520019426 NPIPL2
-3,522555888 TSIX
-3,526082536 GTPBP6
-3,527978368 C10orf114
-3,528796058 FANCL
-3,530500131 LOC100506897
-3,534234421 SNORA64
-3,537387878 PDXDC2P
-3,538454232 RECQL4
-3,53893655 LOC100505773
-3,541761806
-3,54428776 DNAJC3
-3,545115574 MSH5
-3,548378292 TPTE2P1
-3,55084098 C9orf114
-3,553402994 XLOC_I2_003293
-3,554638925 C6orf26
-3,555597691 AIF1
-3,556479695
-3,559278468 GPR125
-3,560742698 TRMT11
-3,563980958 RHEBL1
-3,566537268 GPR135
-3,566818269 LOC100132495
-3,567120384 DPY19L2P3
-3,568178867 CPNE7
-3,573843306 GREM1
-3,574996517 SARS2
-3,579748705 GPATCH4
-3,583644428 NEIL1
-3,583939125 FARS2
-3,585114036 HELLS
-3,585465139 ATP8A2
-3,587651765 SCARB1
-3,59267718 LRFN4
-3,594705431 ADAMTS10
-3,599312809 LOC149086
-3,600900804 KRBA1
-3,601742045 HIST1H4D
-3,602583577 KLRC4
-3,604247105 SNORD52
-3,605734943 BZW2
-3,606230663 CLECL1

-3,606986104 TRIM45
-3,607791126 PXDN
-3,610844518 XRCC3
-3,613737463 PDPR
-3,615161533 NUDT8
-3,61875504 SLC14A1
-3,61898927 LOC100506948
-3,620773946 ST6GAL2
-3,621420023 GYPE
-3,623988624 CDT1
-3,625192302 LOX
-3,625262421 RYR3
-3,629160922 TTC24
-3,634264486 ERG
-3,634769424
-3,641118174 PRKDC
-3,648453731 FANCA
-3,648645397 IARS
-3,651317159 VAV2
-3,652030453 LOC388152
-3,653541135 HEATR1
-3,655609566 PXDN
-3,656401087 MTAP
-3,65928235 RBPMS
-3,660853936 ME3
-3,66204228 KLF1
-3,66392791 RAC3
-3,664761164 MIS18A
-3,665507496 RNASE6
-3,668500669 CDCA7
-3,671059084 SNORA3
-3,673223786 FBXO41
-3,673823842 LOC389906
-3,6741262 HIST1H4L
-3,677687021 VANG2
-3,678674435 EEF1A1
-3,680673136 FANCL
-3,68085503
-3,680926065 SNORD12
-3,681694063 CTSF
-3,682193127 LOC100506662
-3,683129223 ZNF324B
-3,683743668 LOC100288637
-3,686879653 SNORD108

-3,690928844 XLOC_007911
-3,691532525 ANAPC1
-3,691906416 LOC202181
-3,69291468 C10orf2
-3,69336868 SLC25A36
-3,693966616 POLD1
-3,696867817 LOC100506411
-3,697780312 RYR1
-3,700065645
-3,704069615
-3,704922154
-3,705192959 XLOC_I2_015561
-3,707579824 HLA-DPB1
-3,709220728 AHRR
-3,709581618 CTSL2
-3,712649478 XLOC_011184
-3,712764071 ITGA7
-3,716223624 LRFN4
-3,716380409 TET1
-3,717518009 FAM161A
-3,719999666 ZNF837
-3,723991126 PSMC5
-3,724986059 CENPJ
-3,726547988 IFRD2
-3,726655559 MGC21881
-3,727661597 GUSBP1
-3,729309569 XLOC_I2_001952
-3,732463205 C12orf74
-3,733867845
-3,734164167 FAM7A1
-3,737675624
-3,738647162 LOC728715
-3,741335503 INPP5E
-3,741378963 XLOC_002996
-3,741925599 CDK10
-3,746180133 EIF2B3
-3,750570616 ME3
-3,753037257 SNORA65
-3,755202591 ILF3
-3,755659721 TRIM61
-3,757500227 LOC100506392
-3,757661302 GUSBP1
-3,757981252 PKMYT1
-3,762688945 NPIPL2

-3,763903283 AGSK1
-3,765930098 DPYSL4
-3,766290405 LOC100131234
-3,767514832 COL2A1
-3,767571366 PABPC1L
-3,770793108 HEATR1
-3,771069231
-3,772833508 HIST1H2AB
-3,774670459
-3,77526807 XLOC_012663
-3,778123235 BDH1
-3,778396298 C9orf125
-3,778443966 SACS
-3,781728724 PIDD
-3,784214778 CCNE1
-3,784921392 XLOC_011837
-3,788014179 SPIRE2
-3,788081266 ANKRD36BP2
-3,789600722 AFG3L1P
-3,789659201 JPX
-3,790952288 CHTF18
-3,791462155 ARHGAP11B
-3,792823462 JPX
-3,79401648 HOXA4
-3,7958617 CXCL12
-3,796235671 C9orf142
-3,796818821
-3,797196879 CCDC102B
-3,798057559 SLC25A19
-3,799781447 STAG3
-3,800049345 MDGA2
-3,80063555 DTX2P1-UPK3BP1-PMS2P11
-3,801378401 SNORD76
-3,802896898 XLOC_I2_007271
-3,803530402 C12orf45
-3,803708491 DDX39B
-3,805654839 SNORA67
-3,805755705 SNORD56
-3,8065228 PTRF
-3,806691432 NAT8L
-3,808375591 CSNK1E
-3,809819189 XRR1
-3,809861839 TRAF2
-3,811080019 FAM86FP

-3,814040501 HMGA2
-3,81643476 REN
-3,816757218 LOC100505874
-3,817904795 KCNQ1OT1
-3,818368943 WDR5
-3,818692104 SNORD110
-3,820159199 KCNJ14
-3,823470295 SNORD96A
-3,824761637 ACCN2
-3,826043321 NOC2L
-3,827307871 ACACA
-3,827374459 XLOC_I2_004640
-3,828137184 TFAP4
-3,828267203 IPO5
-3,828892351 XLOC_006925
-3,829712218 IFT140
-3,830819867 HSPG2
-3,832955845 SLC6A2
-3,833193496 SNORD30
-3,833400122 THOP1
-3,834729197 SNORD35A
-3,835269336 LOC100287765
-3,835435986 SLC4A3
-3,8363917 PMS2P4
-3,836954325 LOC100506948
-3,837662321 COLQ
-3,839251822 ZNRF2P1
-3,843538094 BMS1P5
-3,844064229 LOC100133050
-3,844957389 TONSL
-3,845313333
-3,845572842 EVI2A
-3,846349765 FBLN1
-3,847128354 GSTP1
-3,847297614 STARD9
-3,849453976 RHOXF2
-3,849642574 C1QTNF3
-3,8505603 DDX55
-3,850653452 IP6K2
-3,851287958 NR6A1
-3,851748934
-3,853091592 BMS1P1
-3,854809307 XLOC_I2_006404
-3,854935873 USP11

-3,856623158 XLOC_002002
-3,857509362 OTUD3
-3,857766137
-3,85804982 XLOC_I2_006155
-3,858129015 PKD1
-3,860248873
-3,861290435 JPX
-3,862338818 RBM14
-3,864638278 NF1
-3,864690453 HOXA11-AS1
-3,866404429 DCN
-3,867654284 PES1
-3,867747521 ZNF469
-3,868180879 CERS1
-3,868364692 SNORD21
-3,869092354 ZNF502
-3,869758058 AGSK1
-3,870227108 MTA1
-3,870271323 RTEL1
-3,871452942 XLOC_013256
-3,871751522
-3,873654638 PPAT
-3,874331828 KCTD3
-3,874758149
-3,874797457 KIF22
-3,874814751 SNORD80
-3,877510276 STARD5
-3,877658357 HOXB4
-3,878242143 GPC2
-3,881613526 VPRBP
-3,881949852 CD19
-3,885003618 LOC284581
-3,885575662 LOC100506934
-3,885879049 TAF1C
-3,88592894 CXXC5
-3,887548404 MPV17L
-3,888712369 STXBP6
-3,88872382 PHF5A
-3,88902068 GCN1L1
-3,889712216 FAM156A
-3,890083114 SNORD12B
-3,890330649 SNORA75
-3,891153994 LOC652276
-3,891393833 XLOC_008223

-3,892177726 APOLD1
-3,89254457 LAS1L
-3,89314338 HAUS5
-3,893520007 ADAM15
-3,893642496 ISYNA1
-3,894431472 HIP1
-3,894857853 C1orf141
-3,894940626 SNORA10
-3,895729841 PMS2
-3,89643652 GYPB
-3,896943652 LRRC20
-3,898562038 SNORD83B
-3,899303613
-3,899548966 NLRP2
-3,899734766 SPINK2
-3,89976496 ACSM3
-3,900016624 E2F5
-3,90089389 NYNRIN
-3,90123737 MUC1
-3,903068548 SNORD116-19
-3,903115507 CEP78
-3,903350954
-3,903671795 CDKN1C
-3,90375497 SLC43A3
-3,904401622 KIAA0664L3
-3,905228761 IGF2BP1
-3,905696207 C16orf13
-3,907159976 XLOC_I2_001967
-3,907643103 ATAD3A
-3,907863171 ZNF711
-3,909074761 HOXB8
-3,914353947 ZNF485
-3,915626284 SNHG5
-3,915702148 DTL
-3,916779526 LOC100652740
-3,917464198 PACSIN1
-3,917691013 SNORD68
-3,918083518 SNORD48
-3,919759424 SHQ1
-3,920228021 TBC1D4
-3,920699214 XLOC_011074
-3,92174948 TNFRSF25
-3,922625745 ZNF593
-3,923866203 SNORD1B

-3,924219207 SNORD79
-3,925481125 PLAT
-3,925535946 LOC100190986
-3,926457652 ATAD3B
-3,92707481 ACAT1
-3,92767974
-3,93003161 LOC100507303
-3,930584777 SNHG5
-3,931560974 ZNF711
-3,932703315 HLA-DPB1
-3,934211161 METTL21B
-3,934703453 TTI1
-3,934757016 LOC283588
-3,934968404 KLF12
-3,93611849 ALDH1B1
-3,936398314 SMA4
-3,936591229 CCDC109B
-3,936738524 RNU2-2
-3,937267806 DDX56
-3,937711554 ATAD3B
-3,938444223 HOXA2
-3,938597477 XLOC_001148
-3,938665889 ALOX12P2
-3,939352225 CENPM
-3,940440781 LEF1
-3,940771632 SNORD32B
-3,941089603 CENPO
-3,941146579 MZB1
-3,941582328 MINPP1
-3,942220613 LOC100506948
-3,942299322 CLEC2D
-3,942306037 CHEK2
-3,945260721 HNRNPAB
-3,945959885 GEMIN5
-3,946768134 LOC100507520
-3,948225097
-3,949061687 POMT2
-3,951090377 XLOC_003405
-3,952461976 MTPAP
-3,952651524 EXOSC6
-3,953411174 PEBP1
-3,954121023 PCSK4
-3,955428125 C2orf43
-3,955771375 EEF1A1

-3,955820133 LEPREL2
-3,957127581 JPX
-3,95861456 C14orf126
-3,958852512 ATAD3B
-3,959282224 ANKS6
-3,960339485 AGR2
-3,963273976 CHEK2
-3,964924157 CCDC150
-3,967193625 GDF10
-3,967522278 XLOC_I2_011911
-3,969111911 SNORA71C
-3,969531922 XLOC_004107
-3,971037943 EIF4EBP1
-3,971910168 IFT172
-3,974024299 LOC100507520
-3,974465881 CAD
-3,97481583 WDR62
-3,974829912 HIST1H1D
-3,975088364 C4B
-3,975782718 TTC12
-3,976521017 ZNF519
-3,977307397 HOXA9
-3,978870413 KIF22
-3,978887304 CHEK2
-3,979875828 MYBL2
-3,98147693 GMDS
-3,981541109 PMS2
-3,982319593 XLOC_007680
-3,98296505 GUSBP11
-3,983001633 OCLN
-3,983708434
-3,984295391 PMS2L2
-3,984875954 SUPT3H
-3,985389118 SERPING1
-3,985631005 PVT1
-3,985861388 FANCI
-3,985866661 EGFL8
-3,986938753 AGAP7
-3,987096714 WDR34
-3,987927132 XLOC_001733
-3,990228061 CNKSR1
-3,990331564 SNORD87
-3,990775267 BMS1
-3,993214506 LOC100507803

-3,99385699 CLEC11A
-3,994197619 XLOC_I2_000416
-3,994599164 SNHG5
-3,994780711
-3,995992281 HIST1H2BF
-3,998461454 SNORA17
-3,998642748 LEPREL1
-3,998654122 XLOC_006690
-3,998731182 XLOC_I2_004866
-3,999089061 H2AFY
-3,999812633 RNGTT
-4,000418131 MTG1
-4,000463576
-4,002392076 FSD1
-4,002692734 PLK4
-4,003162519 POLE
-4,003613152 NYNRIN
-4,005529315 BCAT2
-4,006241173 ZNF598
-4,006340029 NMRAL1
-4,006384584 YLPM1
-4,007456281 PRPF3
-4,007650974 SCARNA14
-4,007681559 IGSF9
-4,007980028 RPS2
-4,008136068 C16orf59
-4,00849237 PMS2P5
-4,00890281 XLOC_I2_008151
-4,010509372 RCC1
-4,011507577 AFF3
-4,012092841 ZNF578
-4,012577685 XLOC_I2_012081
-4,012592451 FZD2
-4,013280804 BLNK
-4,014187171 PMS2
-4,01549913 SNORD114-20
-4,015584551 CXADR
-4,015833266 WDR27
-4,016458066 SLC39A10
-4,020477117 EHMT2
-4,021267318 C22orf34
-4,023801207
-4,023837019 SLC8A3
-4,024724489 SCN9A

-4,024934249
-4,025665583 LOC100507918
-4,026243832 TAF6L
-4,028166477 LOC100170939
-4,029075928 DTX2P1-UPK3BP1-PMS2P11
-4,029485457 THADA
-4,029807399 DDX55
-4,03123658 SNORD15A
-4,031825607 PLAGL1
-4,033015349 LUC7L
-4,033067153 XIST
-4,033567785 SNHG5
-4,034632708 SNORD86
-4,035071045
-4,035106176 POLQ
-4,035115025 AUTS2
-4,035336004 SNORA24
-4,036013003 UBQLNL
-4,037966591 NCAPH2
-4,038110352 KIF23
-4,038396494 DHODH
-4,039333752 PRR22
-4,039349414 SNORA22
-4,039400599
-4,039765476 SNORA80B
-4,042141284 SNHG5
-4,04336024 NOP56
-4,043642784 LOC100652784
-4,044138924
-4,045388015 AOX2P
-4,045962313 C19orf2
-4,046046036 IGANRP
-4,046133978 RNF220
-4,047457991 HIST1H1B
-4,047494653 NUPL1
-4,047511578 NUPL1
-4,047537119 LOC389831
-4,047564933 FLJ39653
-4,047608168 LINC00340
-4,047966876 ZFP41
-4,048591728 SHD
-4,049087833 UBQLN4
-4,049293297 SNORA58
-4,049507661

-4,049517287 HN1L
-4,050201105 MINPP1
-4,051155664 SNHG5
-4,051649785 DISC1
-4,052141497 NF1
-4,052237511 POMZP3
-4,052861737 SNHG5
-4,053141019 SNORD27
-4,053248376 MICAL1
-4,053339955 ZNF793
-4,053857862 GUSBP2
-4,054264219 FAM86C1
-4,054663712 XLOC_I2_003293
-4,056048404 ADD2
-4,056074694 AURKB
-4,056108301 LOC100129940
-4,057969184 LOC100506930
-4,057998384 KHSRP
-4,058170952
-4,058679117 CRISP2
-4,059074469 TBC1D19
-4,05995998 C1QTNF4
-4,062511024 PBX3
-4,063644595 BAGE
-4,065206644 XLOC_I2_015849
-4,065501542 LOC730101
-4,065608656 LOC100506289
-4,065987519 PKIG
-4,066679889 LOC284385
-4,067450954 TCOF1
-4,067542124
-4,068291277 BPHL
-4,068533173 FOXP1
-4,068845468 XLOC_I2_004605
-4,071520214 TTLL1
-4,071924243 XLOC_000263
-4,072497499 RAB23
-4,072611861
-4,07331897
-4,074103279 ELP2
-4,074730843 HCN4
-4,076303892 AARS2
-4,077013135
-4,077238318 CCDC18

-4,077306084 SUPT3H
-4,077747442 FOXRED1
-4,080055027 TTC19
-4,08076857 SNORD36C
-4,081564419 ING5
-4,081848828 PVT1
-4,082532606 SDSL
-4,082718525 LOC728407
-4,082838265 ZNF195
-4,084388281 HLTF
-4,084738121
-4,08493121
-4,084955579 HIVEP3
-4,085923211 RRP9
-4,085939488 SMC1A
-4,086365857 SLC40A1
-4,086424513 LOC100652950
-4,086712414 NELF
-4,086746285 SNHG5
-4,086835802 PA2G4
-4,087444864 WDR18
-4,087585413 SCARNA12
-4,088500355 LOC100506965
-4,088539328 CDK6
-4,088670201 LINC00174
-4,089207063 SCARNA23
-4,091886032 RNU105A
-4,093044513 CHAF1B
-4,093467541 GPR162
-4,094461782 SNORA57
-4,096285433 LOC100132247
-4,096567861 LOC100272216
-4,097004573 SNORD58A
-4,097482057 SPAG4
-4,097687477 SEC61A2
-4,097980056 SNHG5
-4,098328318 DNA2
-4,098891664 NF1P2
-4,099102796 SNORD15B
-4,099519914 SNORA76
-4,099727095 Q8WNA4
-4,100200795 ISYNA1
-4,100386057 FTSJ3
-4,101231202 SNORD88C

-4,101502082 SFRP1
-4,101505924 TMEM121
-4,102368022 POLR1A
-4,102495596 MARVELD1
-4,10302245 BIRC5
-4,103257964 HOOK1
-4,103489712 AKAP1
-4,10396021 RTKN2
-4,10418934 CCRN4L
-4,104284899 RRP1B
-4,104336925 ZNF692
-4,104630958 GZMH
-4,104964539 LDB1
-4,105063847 ZNF135
-4,105455984 RBM15
-4,105599326 SLC25A29
-4,106720424 CARD14
-4,106737679 SNORD33
-4,107117291 EIF4B
-4,107585827 CTPS2
-4,110578764 ZNF497
-4,110628693 C15orf42
-4,110719571
-4,112212869 CSRP2BP
-4,113013237 FOXRED2
-4,113800266 STAMBPL1
-4,114463832 OBSCN
-4,114691864 WASH1
-4,115212169 ZNF280A
-4,115288703 CENPM
-4,115477375 LMO4
-4,116032687 PDXDC2P
-4,116071663 TMEM63C
-4,116089608 GNL3L
-4,117259152 XLOC_010440
-4,117262214 SLC2A4RG
-4,11735741 CNKSR3
-4,117949666 PIK3R3
-4,118636125 MAT2A
-4,118669975 PPP2R3B
-4,11925347 LOC100506882
-4,119361193 JPX
-4,119687429 KNTC1
-4,120094098 VWDE

-4,120214556 LOC100506966
-4,120706039 PMS2
-4,120706235 SNHG5
-4,121076682 ZNF589
 -4,1211549 FLJ25694
-4,121193205 FAM171A1
-4,121299171 GPATCH4
-4,121447077 PFDN4
-4,121812719 SACS
-4,122234896 LTBP3
-4,122701183 TTC8
-4,123979135 ANKS3
 -4,12411111 AGAP7
-4,124514007 LRRC36
-4,125187418 PHOSPHO2-KLHL23
-4,126319356 DIAPH3
-4,126682283 CXCL12
-4,127553948 PVT1
-4,127786588 LOC100507437
-4,128005842 RWDD3
-4,128176566 SNORA26
-4,129593465 LOC100132815
-4,129776681 RSL1D1
-4,129806246 DDX26B
-4,131457375 AGAP7
-4,131664409 XLOC_I2_004771
-4,132117627 PHF14
-4,132351785 SPC24
-4,132873612 LOC100652741
 -4,13296748 APEX1
-4,133166183 WDFY4
-4,133851896 PDXDC2P
-4,134683582 KIAA0020
-4,136710127 SNORD60
-4,138171666 CNTNAP2
-4,138317819 EXOSC8
-4,138889426 PIEZO1
-4,139107495 XLOC_I2_015536
-4,139699692 PPRC1
-4,139795997 RANBP17
-4,140856311 C6orf10
 -4,14097503 ARHGAP42
-4,141812821 SNORA6
-4,142085193 C1orf138

-4,143095772 RIF1
-4,143104962 MRPL4
-4,143796932 NCAPG
-4,14395281 XLOC_I2_006665
-4,145169857 HEXDC
-4,145594147 XLOC_004839
-4,145607416 SNORD24
-4,146009013 C1orf226
-4,146240032 TMEM177
-4,146411309 XLOC_I2_007834
-4,146505041 PDSS1
-4,146809905 ZNF124
-4,147520345 SNORD32A
-4,148938801 CERS6
-4,14925728 TTLL11
-4,149431106
-4,150271825 ANAPC1
-4,150369025 ZNF599
-4,150884156 AIF1L
-4,151165925 SNORD91B
-4,15117119 LOC100505976
-4,151311312 PVT1
-4,151395825 FLJ45482
-4,15171434 ANKRD36B
-4,152920335 XLOC_I2_009140
-4,153119038 ST18
-4,153952845
-4,155564631 BCAT1
-4,155590809 XLOC_I2_001592
-4,156485844 TMEM201
-4,156843899
-4,157125249 AGAP7
-4,157452165 ABCE1
-4,158258015 SMG1
-4,158459699 TAF1A
-4,158783423 HIST1H3B
-4,160112194 WDR85
-4,16029304 SNORA81
-4,160957109 XLOC_I2_003293
-4,160957601 HSP90AB1
-4,161539906 EIF4A1
-4,162335133 SCRIB
-4,162703144 HYMAI
-4,164341881 LMO4

-4,165341087 FOXP1
-4,166256213 XLOC_I2_014518
-4,166296047 ZRANB3
-4,166955294 XLOC_007598
-4,168484804 CXCL12
-4,170748552 PVT1
-4,171007985 HCG18
-4,171396948 SNORD34
-4,171860557 GTPBP6
-4,171998645 MRM1
 -4,172314
-4,172565135 PCID2
-4,173281318 LOC100652906
-4,173674528 SLC46A1
-4,174108897
-4,174381234 SNORA9
-4,174395756 SNORD46
-4,174605853 SYNGR1
-4,175967595 SLC9A7
-4,176247786 IDH3B
-4,176582117 SPIN1
-4,176854777 SETDB2
 -4,17718837 CDK5RAP3
-4,177283197 PELP1
-4,177359612
-4,177914372
-4,178775948 WHSC1
-4,178785493 LOC92659
-4,178997861 MSTO1
-4,179389829 WWOX
-4,180482974
 -4,18081224 WDFY4
-4,181000359 TARBP1
-4,181265052 HNRNPC
-4,181359344 TCERG1
-4,182241101 ZNRF3
-4,182470969 FZD4
 -4,1826484 OBSCN
-4,182880798 VPS35
-4,183222692 KCNMB1
-4,183083869 WHAMMP2
-4,182710028 RRAGC
-4,182662292 BACH1
-4,182129733 STK17B

-4,181833312 **FAM110A**
-4,181456485 **BBC3**
-4,181390927 **TPM4**
-4,181235822 **EGLN3**
-4,180517922 **DACH1**
-4,179842575 **CD58**
-4,179744747 **FLJ37448**
-4,179136989 **DRAM1**
-4,178503927 **FLJ43663**
-4,177591448 **C12orf39**
-4,176819836 **KIFC3**
-4,176806227 **LOC100128262**
-4,176656664 **MAVS**
-4,176352896 **PTGS1**
-4,176172324 **GPD1**
-4,175972349 **DERA**
-4,175875242 **MAVS**
-4,17520163 **XLOC_003399**
-4,174677493 **GOLGA7**
-4,174521894 **CD44**
-4,174282133 **FLJ43663**
-4,17400429 **ARL6IP5**
-4,173914277 **GPANK1**
-4,173649323 **LAMB1**
-4,173540664 **CD58**
-4,172878008 **PLEKHO2**
-4,172536588 **RAC1**
-4,172195572 **MTHFD2**
-4,170691672 **G3BP2**
-4,170447421 **FPGT**
-4,169342709 **TBXA2R**
-4,168668553 **ATP6V1C1**
-4,168216027 **NAT8B**
-4,168204305 **LINC00486**
-4,167271179 **XLOC_013370**
-4,167176595 **LOC100507286**
-4,166875939 **HLA-G**
-4,166347595 **HLA-DQA2**
-4,166200622
-4,165173587
-4,164266768 **CLMN**
-4,164233858 **XLOC_002344**
-4,163949066 **TK2**
-4,163883754 **RHOF**

-4,163375336 C9orf30
-4,163145585 PDE2A
-4,162963489 ATL1
-4,162891646 HIST3H3
-4,162673312
-4,16235871 DNAJB6
-4,162174745 ITK
-4,162170393 CDC14B
-4,161742964 PTTG1IP
-4,161490863 KSR1
-4,160841726 NDFIP2
-4,160817453 XLOC_001738
-4,160659947 CCDC107
-4,160298615 NFKBIB
-4,159385324 CXCR1
-4,157959049 PRKAA1
-4,157505954 FAM102A
-4,157194447 C4orf3
-4,157029516 MGAT4B
-4,155869131
-4,154998725 TPST2
-4,154982326 GNAI3
-4,154949774 DPEP2
-4,154529638 CD244
-4,154102123 HBQ1
-4,153762607 TNIK
-4,15362987 LPIN2
-4,151354906 PPP1R3D
-4,150985033 RUNX1
-4,15009739 CTBS
-4,149886957 ADRA2A
-4,149542487 CMTM5
-4,149281656 IL6ST
-4,148409264 COPA
-4,14804791 CSRNP1
-4,146870137 CMTM2
-4,146778653 ARAF
-4,145978929 XLOC_006973
-4,145715388 SLC37A1
-4,145613949 PDE3A
-4,144698472 XLOC_012170
-4,144409019 ITPR1
-4,144230776 RGS10
-4,14411018 FTH1

-4,144054378 IER5L
-4,143178506 TMEM41A
-4,142606958 TTC27
-4,141562707 ESAM
-4,141227799 MAPKAPK2
-4,141036795 FFAR3
-4,140702567
-4,140253375 FAM160B1
-4,139834599 TXNL4B
-4,139785333 LGMN
-4,139773403 SLC44A1
-4,139419114 APH1B
-4,138352805 PYGL
-4,137591072 ARF4
-4,137413913 SELK
-4,136973107 TAB2
-4,136353695 SIGLEC12
-4,136341012 HLA-C
-4,136308347 PRTFDC1
-4,136001404 MAF
-4,135238006 EXOC3L2
-4,13516771 TP53INP1
-4,134640386 MEF2D
-4,134243459 YWHAH
-4,133295776 MFSD6
-4,133222144 C17orf72
-4,132698623 KALRN
-4,132657501 LOC339260
-4,130478687 GNA13
-4,130260893 LRRC8B
-4,130240138 ATP9B
-4,130105164 SCYL2
-4,129707202 STK4
-4,129647422 XLOC_I2_005490
-4,129485911 YOD1
-4,127614243 MSC
-4,127570101 GUCY1B3
-4,126298028 SPSB1
-4,124509168 FRMD3
-4,123670116 HCST
-4,123633874 ANKRD5
-4,123254131 OST4
-4,12303225 PBX4
-4,122650471 TCTA

-4,122308541 MFF
-4,121815319 LOC100652948
-4,121731071 GTDC1
-4,121627668 MAP3K5
 -4,1205301 CLIP1
-4,120293861 SLCO3A1
-4,118217282 PLSCR1
-4,117748238 ANXA3
-4,117262941 ADAM10
-4,116843457 FLJ43663
-4,116577922 PNMA1
-4,116296369 ZFY
 -4,1161527 XLOC_I2_013513
-4,115566605 B3GALTL
-4,114277461 EGF
 -4,11404163 CLCN4
-4,113168638 EMR3
-4,113085466 KDELR2
 -4,11303221 SLC24A3
-4,111501443 MDM1
-4,110889417 DNAJB6
 -4,11000965 FAM26E
-4,109459063 LOC285401
-4,108951605 FLNA
-4,108612455 XLOC_I2_008888
-4,108330016 CCL18
-4,107973742 CD14
-4,106917921 LOC100132891
-4,106194606 ANKRD33B
-4,105912294 CMTM6
-4,105417146 ST3GAL6
-4,103578194 XLOC_010840
-4,103047932 ZFPM2
-4,102298982 KLF6
-4,102198788 KRT83
-4,100504286 MOB1B
-4,099414039 XLOC_I2_009469
-4,099338883 FHL3
-4,098092058 HAMP
-4,097891729 RNF141
-4,097780376 TFPI
-4,097442562 ATP6V1A
 -4,09715125 PRSS50
-4,096163207 SH3GLB1

-4,096114555 **F11R**
-4,095839899 **GALM**
-4,094477682 **RNF14**
-4,093219653 **OVOS2**
-4,093057893 **XLOC_I2_015752**
-4,092890168 **PYCR2**
-4,092828427 **RAB1A**
 -4,09259412 **C2orf49**
-4,092197007 **TMBIM1**
-4,092184334 **CGRRF1**
-4,092035331 **TNFRSF12A**
-4,091661443 **CAB39**
-4,090556623 **TLK1**
 -4,09040349 **TMEM140**
-4,089184326 **KAL1**
 -4,0890276 **FOXO3**
-4,088322974 **SH3BGRL3**
-4,087806103 **CLIC4**
 -4,08594618 **XLOC_008221**
-4,085267901 **MMRN1**
-4,084621901 **DNM3**
-4,084215047
-4,083750561
-4,083524881 **HPSE**
 -4,08338599
-4,082286194 **SERPINA1**
-4,080900873 **ACTN1**
-4,080533849 **AKIRIN1**
-4,079804423 **A2M**
 -4,07967244 **CYP11B1**
-4,077844654 **FTH1**
-4,076876254 **XLOC_003501**
-4,076483171 **PTGIR**
-4,076176731 **XLOC_I2_014850**
-4,076131953 **LOC100507025**
 -4,07612028 **PPP1R15A**
-4,075720398 **STOM**
-4,075706585 **PRB3**
-4,075097707 **HRASLS5**
-4,074733061 **OXER1**
-4,073164511 **AKIRIN1**
-4,072889211 **CCR3**
-4,072300159
-4,071652838 **ATP2A2**

-4,071647405 **PLIN2**
-4,071210204 **CD83**
-4,071148116 **CCL3**
-4,069951422 **NRGN**
-4,069286234 **XLOC_I2_015037**
-4,068301814 **TPST1**
-4,068234078 **PECAM1**
-4,067196427 **ALOX15**
-4,066592027 **C5AR1**
-4,065875177 **TRPM6**
-4,065567775 **XLOC_009409**
-4,063332769 **LOC647979**
-4,06315882 **TET2**
-4,063088788 **LOC100506190**
-4,063006976 **NCF1**
-4,058542885 **TEX14**
-4,058517034
-4,057463675 **GABARAPL1**
-4,055963274 **FOXO3**
-4,055663198 **CYB5D2**
-4,054585897 **C18orf32**
-4,053921114 **LTC4S**
-4,053868126 **LOC392288**
-4,053759088 **SKIL**
-4,053459842 **MYZAP**
-4,052202882
-4,051950629 **XLOC_012574**
-4,05086773 **SH3BGRL2**
-4,0500872 **CIDEC**
-4,04949232 **LOC100506190**
-4,049433266 **IL17RA**
-4,048226398 **LOC729178**
-4,047916355 **TNIK**
-4,047168358 **INPP4B**
-4,047109486 **PTGER4**
-4,046969913 **COQ10B**
-4,046052811 **CSTB**
-4,045913751 **IRS2**
-4,045644548 **CTSD**
-4,045241256 **GALM**
-4,044847615 **AQP1**
-4,043996702 **SERP2**
-4,042208726 **LOC100507195**
-4,04216492 **WBP5**

-4,041880191 XLOC_I2_007884
-4,041126461 XLOC_008141
-4,04076113 XLOC_I2_001986
-4,040304949 PAPSS2
-4,039756381 SLC22A12
-4,038633284 TSPAN2
-4,037621736 ARNTL
-4,037061535 F11R
-4,037004998 HK1
-4,036425509 S1PR1
-4,036358525 FUT8
-4,035609703 C3
-4,034661594 IRS1
-4,033274935 RGS9
-4,0326783 C22orf43
-4,031961675 MAGT1
-4,031528755 UBE2Q2P2
-4,031061921 GLO1
-4,028428114 FHOD1
-4,028355384 LGALS3
-4,026041951 LOC148824
-4,025144275 SUSD3
-4,024199353 PDK1
-4,022456048 NR4A2
-4,022431262 ECE1
-4,021975128 YIF1B
-4,021447861 LOC100506007
-4,019926523 BFSP1
-4,019918077 ANK3
-4,019362495 XLOC_I2_002502
-4,018809341 FBXO40
-4,018115098 LOC645431
-4,018089262 TBPL1
-4,017611357 FAM81B
-4,01674844 LOC643486
-4,016431959 RHCE
-4,015934699 AK8
-4,015030827 HBA2
-4,014486783 SPHAR
-4,013972568 HBA2
-4,012622179 LOC729451
-4,012593929 GPR65
-4,012487088 GP5
-4,011641801 CD244

-4,011447176 **SEC14L1**
-4,010680984 **HTATIP2**
-4,010200955 **OSTalpha**
 -4,00998184 **SERINC1**
-4,009865176 **PAM**
-4,009558259
-4,009158735 **LANCL3**
-4,008669992 **FYN**
-4,005750943 **NLRC5**
-4,005245045 **ZNF175**
-4,005125415 **LOC100507360**
-4,004482024 **RGS2**
-4,004045347 **PEAR1**
-4,003878685 **MYADM**
-4,003860525 **F13A1**
-4,003214292 **JSRP1**
-4,002735904 **ASAH1**
-4,001557361 **ALX1**
-4,001132694 **USP53**
-4,000877259
-4,000471624 **CD69**
-3,999132755 **FOSB**
-3,996654174 **RELB**
-3,996519521 **PLEK**
-3,995503252 **GABARAPL1**
-3,994444177 **RHOA**
-3,994262167 **P2RY1**
-3,993686215 **GPR137B**
-3,993483466 **PSEN2**
-3,990927462 **BRI3**
-3,989123789 **AKR1C3**
-3,988960383 **MGAT4A**
 -3,98892793 **TUBAL3**
-3,988879263 **LOXL3**
 -3,98857369 **FAM149B1**
-3,988508114 **SEC14L1**
-3,988305101 **KIAA0247**
-3,986691813 **RASA3**
-3,986015451 **HEXIM2**
-3,985353752 **CALCOCO1**
 -3,98492213 **ZNF683**
-3,984822127 **SLX4**
-3,984681947 **TNFSF4**
-3,984573402 **MGP**

-3,983716641 ICAM5
-3,98317622 ADORA3
-3,98306659 IL16
-3,981546168 XLOC_002534
-3,981249152 RCHY1
-3,981015979
-3,980827402 LRBA
-3,980485421 SMAD1
-3,979909125 CYP1B1
-3,979873033 PTPLAD2
-3,979098105 HBD
-3,978000458 CTDSPL
-3,977686109 TRIM13
-3,977654722 SEPP1
-3,97751476 ILK
-3,977239949 TARP
-3,975942841 HLA-A
-3,97496978 SUCNR1
-3,974245417 PPIF
-3,973643752 XLOC_011052
-3,972088906 LOC728431
-3,971949359 HK3
-3,971814259
-3,97099925 SALL2
-3,969566586 HNRPLL
-3,969140219 FLJ37505
-3,968977217 CXCL2
-3,968682334 AMDHD1
-3,968436348 REM2
-3,968278524 TRIM40
-3,967796649 LOC100287177
-3,967735042 SLC35E1
-3,967588884 TMEM154
-3,967302553
-3,966186345 XLOC_000175
-3,965560792 LOC100507392
-3,96517742 CNST
-3,965141369 FILIP1L
-3,965122368 TMEM104
-3,964976444 SLC2A3
-3,964758951 C9orf89
-3,963667576 CABP5
-3,963183776 PELI1
-3,963093692 P2RY1

-3,962906918 XLOC_002049
-3,962722336 SAV1
-3,961846419 ICAM2
-3,961688475 PSMD1
-3,957935818 EPHX3
-3,957230658 NDUFB3
-3,956491246 MAVS
-3,956053093 FRMD3
-3,955918414 ITGB5
-3,955869385 HVCN1
-3,955497575 SYNM
-3,955284067 PDE4DIP
-3,953999017 TSNAX
-3,953160927 GUCY1B3
-3,952956314 MLLT4
-3,952005364 TNFSF10
-3,949146394 GLA
-3,948112549 NCRNA00185
-3,947472023 IFI27L2
-3,946772138 CTTN
-3,946142845 UBE2H
-3,943458684 ARG2
-3,943291301 XLOC_008992
-3,942359758 FBXL5
-3,940284217 ITGB3
-3,939385413 CD48
-3,938738477 S100A11
-3,937281691 ENKUR
-3,937019246 LOC643733
-3,936260454 RUNX1T1
-3,933332027 C15orf53
-3,93317851 C3orf52
-3,931145699 NHLH2
-3,930991822 NINJ2
-3,930055956 XLOC_006915
-3,929998489 AFAP1
-3,929963446
-3,929942464 XLOC_007554
-3,929484329 PDGFRA
-3,929154055 KCNK6
-3,927995164 S100A12
-3,926947164 WNT2B
-3,926378534 LRRC8B
-3,925450376 NRIP3

-3,925361776 **TLN1**
-3,924572551
-3,924229969 **COL6A2**
-3,923830751 **DLL1**
-3,922669711 **DYNLT3**
-3,921012236 **HLA-C**
-3,920574741 **LRRC71**
-3,919411105 **TRAM2**
-3,918955502 **SLAMF8**
-3,918579466 **MPO**
-3,918541423 **PRDM5**
-3,918453399 **CLCN3**
-3,917599407 **HLA-E**
-3,914624271 **C6orf211**
-3,913708442 **MGAT3**
-3,912567275 **C9orf82**
-3,910549789 **GADD45G**
-3,909701386 **DPYD**
-3,909496911 **XLOC_I2_010908**
-3,909110808 **PELO**
-3,908531498 **DUSP13**
-3,908080902 **TGFBR2**
-3,907305285 **PCP2**
-3,906916763 **SH3PXD2A**
-3,906226563
-3,904181914 **MYZAP**
-3,904164589 **CCDC103**
-3,903750606 **IL4**
-3,903676247 **GRAP2**
-3,901977124 **MYH9**
-3,901969697 **AQP9**
-3,900971455 **C19orf51**
-3,900454497 **COL6A2**
-3,900327127 **BCAR3**
-3,900235366 **WWC1**
-3,90012804 **PCSK6**
-3,898648906 **RNASE3**
-3,898079364 **LRRC32**
-3,897725166 **MAPK13**
-3,896588235 **AATK**
-3,896113505 **TMBIM4**
-3,896054659 **IFNGR1**
-3,895788119 **VIL1**
-3,89569872 **NET1**

-3,895409361 P2RY1
-3,895013297 FAM55A
-3,894783022 MAX
-3,894028142 IL6ST
-3,893068839 PARD3
-3,892918799 C2orf108
-3,892913709 CLEC5A
-3,892751133 TBXAS1
-3,892429833 SMOX
-3,892108327 XAGE2B
-3,891912988 LIN7A
-3,891832336 PDGFA
-3,89176477 XLOC_003657
-3,891643116 C7orf74
-3,89092517 IRX3
-3,890453123 HEXIM1
-3,890217611 TFPI
-3,889161433 LHFPL2
-3,886255753 CARD6
-3,886150125 C8orf83
-3,885719627 XLOC_000175
-3,885447528 GLT25D2
-3,884930309 XLOC_003400
-3,884920168 TNFRSF4
-3,884746699 LOC100506190
-3,884678386 TSC22D3
-3,883298968 ERAP1
-3,88228721 RHOBTB3
-3,881643459 XLOC_005341
-3,879125448 XLOC_005341
-3,877576308 HBBP1
-3,877361738 DACH1
-3,873183475 KAT2B
-3,871925955 CCDC122
-3,871666111 C1orf56
-3,871392533 RYR2
-3,871017671 GYLTL1B
-3,870656224 MYLK
-3,870562844 TSPAN14
-3,870533082 LTBP1
-3,87039814 CD47
-3,869946268 TNRC6C
-3,869249374 FERMT3
-3,868056214 MRAP2

-3,865633587 **DUSP1**
-3,864348606 **IL7R**
-3,864037946 **SAMD14**
-3,862089871 **HBG1**
 -3,86134302 **QPCT**
-3,861016494 **TRPC6**
 -3,86034768 **PPP2R2D**
-3,859511177 **C7orf53**
-3,859445286
-3,858734735 **EMD**
-3,858502048 **CASP4**
 -3,85780042 **JAG1**
-3,856747148 **LOC100652760**
-3,855412878 **PLA2G12A**
-3,855319682
-3,854946371 **CHADL**
-3,854440132 **BIN2**
-3,853888121 **XLOC_005495**
-3,853870428 **LOC100132774**
-3,853693738 **GNA13**
-3,853309117 **TM4SF19**
-3,853133037 **STK17B**
 -3,85295797 **CYLD**
-3,852535125 **XLOC_I2_005692**
-3,852384691 **LOC100505500**
-3,852147605 **XLOC_I2_008221**
-3,852141367 **PTGS1**
-3,851784407 **CCND3**
-3,851667666 **CARD17**
-3,851621876 **SLCO3A1**
-3,851340507 **GNG8**
-3,851188271 **C16orf5**
-3,849756485 **ATF3**
-3,849476475 **CTSA**
-3,849377987 **F2RL3**
-3,847907767 **LIMS1**
-3,845931671 **WIPI1**
 -3,84522131 **XLOC_008323**
-3,845192839 **LOC100291105**
-3,844222538 **BTBD11**
-3,843883871 **FRMD3**
-3,843810732 **FAM65B**
 -3,8428898 **TRAM1**
-3,842019668 **REPS2**

-3,841630705 **LTBP1**
-3,841550023 **PDE4DIP**
-3,841316681 **LOC100134229**
-3,840545334 **ARHGAP6**
-3,839292898 **XLOC_I2_008221**
-3,838722011 **HBG1**
-3,837854599 **SORT1**
-3,837606863 **XLOC_008114**
-3,836477012 **SPSB4**
-3,836345385 **TXNIP**
-3,835877962 **LOC440896**
-3,83533689 **SULF2**
-3,834310647 **ZNF770**
-3,833704401
-3,83257099 **TRIM10**
-3,831502544 **RAB30**
-3,830327199 **TNFSF11**
-3,828550639 **LOC100507319**
-3,828422273 **ATP2C1**
-3,826434006 **LOC100507448**
-3,826193265 **NDST1**
-3,826189082 **LOC100287375**
-3,825369316 **HIF3A**
-3,825357523
-3,825205791 **MAX**
-3,825014442
-3,824608384 **XLOC_I2_012021**
-3,824339006 **C5orf4**
-3,822241806 **FNBP1L**
-3,820696075
-3,81888307 **AKT3**
-3,818801306 **TMEM189**
-3,818689853 **LCN2**
-3,818646807 **ASAP2**
-3,818206843 **GTF2B**
-3,817481853 **CCRL2**
-3,817277592 **PROS1**
-3,816897964 **LINC00346**
-3,816654581 **LINC00152**
-3,815618872 **TUBA4A**
-3,815283931 **PDGFC**
-3,814427926 **PPAP2A**
-3,813227652 **CDS2**
-3,812331714 **KRT81**

-3,812248524 YPEL2
-3,812090808 ARHGAP10
-3,811077518 MAP1B
-3,81095962 GFOD1
-3,810424551 SUSD1
-3,810078278
-3,809296339 LOC100507540
-3,808333218 ALOX5AP
-3,808305877 YPEL5
-3,807249833 CD200R1
-3,806745768 BHLHE41
-3,805571171 SH2B3
-3,805347683 RNF11
-3,802977148 TRIM58
-3,802925103 INF2
-3,798940318 LOC728228
-3,7987943 TMEM111
-3,79842541 NPL
-3,797608327 NPTN
-3,797151198 XLOC_010385
-3,796947816 CALML3
-3,794692766 FOLR3
-3,792814399 SH3PXD2A
-3,792043511 C5orf62
-3,790902365 VSIG8
-3,79071366 DUSP22
-3,790654436 SPP1
-3,790072017 MYL6
-3,78942448 MBP
-3,78777167 IL3RA
-3,787393504 TTC7B
-3,786378934 RAMP1
-3,786026767 MNDA
-3,784940481 RRAS
-3,783203525 WHAMMP3
-3,78260203 SLC6A4
-3,781555768 XYLT2
-3,778823872 HTRA4
-3,778211571 KCNA3
-3,776663942 SGTB
-3,776633261 XPNPEP1
-3,775306236 HIPK2
-3,775234345 TM4SF1
-3,774935688 PKP2

-3,774749305 LOC100506190
-3,774636868 IL17RA
-3,774468343 HCAR3
-3,772745263 KLF10
-3,772297237 S100A11
-3,771611189 NCKAP1
-3,770609137 BNIP2
-3,768904742 LOC255411
-3,767732988 XLOC_004924
-3,767521256 NEXN
-3,766862723 AVPR1A
-3,766584548 INSIG1
-3,765697292 FKBP1B
-3,76221502 XLOC_I2_007731
-3,762099783 UBD
-3,761007441 TMEM63A
-3,76060469
-3,760058935 LOC644246
-3,759130244 FAM196A
-3,758765011
-3,758247414 RIT1
-3,757191069 ZNF185
-3,757102415 HNRPLL
-3,756535576 SLPI
-3,756121498 CYP1B1
-3,755705524 TMTC2
-3,754791819 CCL3L3
-3,753982852 TM4SF19
-3,752004782 PDE4DIP
-3,75120674 CYBB
-3,750230032 XLOC_006210
-3,749989628 CD9
-3,749141614 Q49AT5
-3,748839267 TLR4
-3,747024786 IFITM4P
-3,746305049 PRKCB
-3,74623418 ITM2B
-3,745987099 HPCAL1
-3,745875586 COL6A1
-3,743211594 TANK
-3,742954337 CDC14C
-3,741964372 XLOC_012366
-3,741083894 LPAR5
-3,740923129 GGTA1P

-3,740394328 **TM6SF1**
-3,73974324 **CORO1C**
-3,739469874 **FTHL17**
-3,738787327 **PPAP2B**
-3,738376537 **GAL**
-3,737013619 **LOC728431**
-3,736499591 **SEC14L5**
-3,735991469 **SAT1**
-3,73522629 **IL17RA**
-3,734813173 **SOCS1**
-3,731741757 **IGSF6**
-3,729405532 **XLOC_014226**
-3,729318247 **LOC100505592**
-3,729077011 **SRC**
-3,728286939 **RAB33A**
-3,727845213 **SLC9A9**
-3,727746644 **RNF19A**
-3,727318135 **RNASE1**
-3,726685742 **CD40LG**
-3,724872096 **TSPAN9**
-3,724344974 **BPI**
-3,721816202 **SLMAP**
-3,721246489 **USP9Y**
-3,720456431 **EPHX2**
-3,718370759 **GPR84**
-3,716974619 **CTSA**
-3,716434278 **Mar-02**
-3,716273693 **ROCK2**
-3,714469749 **THBS1**
-3,713729483 **CARD16**
-3,712620872 **PTGER3**
-3,712258671 **LOC100128822**
-3,711962846 **PIP4K2A**
-3,710877115 **INPP5A**
-3,710144475 **CEP44**
-3,708799649 **MFSD1**
-3,708347096 **ZBTB34**
-3,708293259 **ARRDC4**
-3,707801801 **LOC100130232**
-3,70771242 **GSTO1**
-3,705451726 **XLOC_012861**
-3,705236538 **RBM38**
-3,705078306 **SPARC**
-3,703912932 **AP1S2**

-3,703748097 RAB42
-3,703498041 PTPN12
-3,701559472 CXCL3
-3,699319724 VASN
-3,697271386 P39194
-3,694862155 CKLF
-3,693388259 RHOBTB1
-3,693140289 ABP1
-3,692443373 PGLYRP1
-3,691235417 MYLK
-3,691231486 LMBRD1
-3,689549019 DDX43
-3,689392261 BNIP2
-3,688335416 LOC100507195
-3,685725154 SQSTM1
-3,685390965 XLOC_I2_008221
-3,685104468 LYPLAL1
-3,682419084 RLN3
-3,682395618 CHST13
-3,681481974 CXCR2P1
-3,680940004 XLOC_011645
-3,678086352 CXCL2
-3,678010238 SAT1
-3,67737912 ELOVL7
-3,674900636 COLEC12
-3,672114631 CASP14
-3,671629057 RAMP1
-3,671368104 TNFAIP6
-3,671143285 PDZK1IP1
-3,669875915 UPP1
-3,667247253 XLOC_I2_009888
-3,662169345 TXLNG2P
-3,661906419 PRKCA
-3,661364253 LOC100506544
-3,659421646 PLEKHA8
-3,658456718 ALAS1
-3,658162204 DDX11L9
-3,658001274 XLOC_004568
-3,657886847 MYL12A
-3,657043398 TSPAN33
-3,656463081 XLOC_I2_002761
-3,655567503 XLOC_006495
-3,652742857 LAMP3
-3,649037619 DHRS7

-3,647779252 **FLJ43663**
-3,645087456 **DNAJB9**
-3,644544775 **GP9**
-3,643841497 **SIAE**
-3,642112779 **SLC10A3**
-3,641782538 **ITGB1**
-3,639970309 **CASP5**
-3,637588853 **TCHH**
-3,636454749 **FAM174A**
-3,636206709 **WASF3**
-3,63394973 **CXCL5**
-3,632196256 **XLOC_I2_015127**
-3,631938817 **XLOC_001826**
-3,631299632 **TMSB4X**
-3,628608723 **BEX1**
-3,626446805 **PAQR5**
-3,625641214 **TNFSF14**
-3,624404953 **RAB31**
-3,621558454 **CD69**
-3,621462178 **KLF3**
-3,621411689 **CHST7**
-3,620985579 **PDIA5**
-3,619105816 **ST8SIA5**
-3,61888101 **SDPR**
-3,617939379 **PRKCB**
-3,613247453 **C10orf47**
-3,611445484 **ALOX5**
-3,610692986 **DCLRE1A**
-3,610403053 **GABRE**
-3,606562398 **XLOC_001013**
-3,604338907 **NPL**
-3,602188002 **TSPAN14**
-3,600680113 **ITFG1**
-3,598468094 **KAZN**
-3,597667595 **SRXN1**
-3,596680067 **THBS1**
-3,595512901 **ELANE**
-3,595203383 **TTY15**
-3,591915904 **GNG11**
-3,590384032 **RGS18**
-3,588954613 **CMPK1**
-3,587257311 **C10orf47**
-3,58703516 **SLC2A3**
-3,586914671 **ARMCX3**

-3,584906773 ECE1
-3,583482931 CTTN
-3,582636902 TRAT1
-3,581617142 BBS12
-3,579883116 FCN1
-3,578928623 LOC100507800
-3,577916178 MSX2P1
-3,57722203 TMEM104
-3,576903744 DYNLT3
-3,576118892 ARHGAP6
-3,575236045 ABI1
-3,575020571 PDE8B
-3,574351349 NCK2
-3,573958005 PLEKHO1
-3,573468481 AQP2
-3,56822019 PTPRN2
-3,568217444 RETN
-3,567599152 KRT86
-3,566588662 SLA2
-3,565562434 GP6
-3,565378641 LAMC1
-3,56196143 PGM1
-3,560938312 XLOC_I2_002761
-3,558885942 TM6SF1
-3,557457684 ICAM1
-3,557051979 SLA2
-3,556252205 GPR160
-3,554759815 LOC100505906
-3,554419604 LYST
-3,55352656 XLOC_I2_014182
-3,55229672 CAMK1D
-3,551168821 TMSB4X
-3,549961661 XLOC_002865
-3,549891909 SLC2A5
-3,547917662 ADORA2A
-3,547454375 P2RY12
-3,547045234 RAP1B
-3,546211851 LENG8
-3,545212125 ACRBP
-3,544211631 PCSK6
-3,54329021
-3,540927554 LINC00244
-3,540874854 PF4
-3,540167699 PNRC1

-3,538495244 LOC100505906
-3,536954864 TUBA4A
-3,535602726 LOC100506779
-3,531571769 HPSE
-3,52947313 C15orf52
-3,528938595 LOC100506915
-3,5288576 SNAI1
-3,527378212 TRAF1
-3,525805838 CCL8
-3,525679313 XLOC_I2_014566
-3,519889703 ALOX12
-3,518986977 OPTN
-3,518823679 WNT11
-3,518271406 EMR4P
-3,517902718 MMP25
-3,517256853 TUBA4A
-3,516861089 NOTCH3
-3,515323601 CLU
-3,511495964 LDHC
-3,51097103 S100A9
-3,510668806 CSTA
-3,509578414 ITGAV
-3,509281225 GOLGA2
-3,508385684 SLC7A8
-3,506946226 RPS4Y1
-3,506565024 PPBP
-3,504752192 HLA-DQA1
-3,502986991
-3,50293898
-3,502239502 LOC729178
-3,497789048 LOC283050
-3,497235519 LOC100128420
-3,493300602 PDLIM5
-3,492023801 CD226
-3,491944311 FPR1
-3,491613886 CKLF
-3,489639519 XLOC_011608
-3,488470992
-3,482703354 XLOC_014418
-3,482078228 SLC17A5
-3,477470711
-3,474349764 IL8
-3,472022257 GAS2L1
-3,469176408 HLA-DQA1

-3,467370707 PPP1R14C
-3,467127855 XLOC_000745
-3,463299333 ENKUR
-3,462441214 CCR2
-3,461101031 CPEB4
-3,459511105 CCR4
-3,459451363 LOC100509121
-3,458834608 GRHL1
-3,458822145 LOC100507540
-3,45715203 HRH4
-3,453635577
-3,452868994 LOC440934
-3,449933087 TMEM170B
-3,448366436 LOC100653030
-3,447267526 CCR2
-3,447050248 DDX3Y
-3,447003899 CDKN2D
-3,445651727 HIST1H2AC
-3,445441196 LOC100128420
-3,443783337 GOS2
-3,442932376 FYB
-3,442373794 PLEKHF2
-3,440835619 HIST1H2BK
-3,439565124 HLA-J
-3,437345573 IFRD1
-3,436577183 TUBB1
-3,436094984 KALRN
-3,435229072 XLOC_I2_006937
-3,433614664 PPP1R14A
-3,432159283 KIFAP3
-3,431822401 LOC100130938
-3,43043246 TUBAL3
-3,429994448 SNX21
-3,429907222 FPR3
-3,429805803 FST
-3,425520057 DACT3
-3,41823829 C3
-3,416022555 SAT1
-3,413962997 TP53INP1
-3,411820968 LITAF
-3,409651905 TMEM55A
-3,408772089 MITF
-3,405686935 PAM
-3,405242527 LOC100506824

-3,403845827 CTSL1P8
-3,402352704 PDGFB
-3,402127064 RBPMS2
-3,395519342 MAP3K2
-3,393945867 RGS1
-3,39318879 RGL4
-3,390234216 XLOC_008278
-3,387846829 FCER1G
-3,386607326 FAM198B
-3,386474174 LOC100130938
-3,385690439 EBI3
-3,38434115 PDGFA
-3,382584996 SLC2A14
-3,382021218 NUAK2
-3,381649497 CEACAM8
-3,381187465 HSPB3
-3,380487812 RPS4Y2
-3,380292356 APP
-3,378959768 LOC100130938
-3,377587217 FCER1G
-3,377281263 RGS3
-3,377177898 FAM107B
-3,376560931 S100P
-3,376421856 TMCC2
-3,374909345
-3,372992679 MYZAP
-3,371622583 EIF1AY
-3,368909841 ATP8A1
-3,368532506 KLHL35
-3,367131444 HIVEP2
-3,365657394 LILRB4
-3,364477885 LYPD1
-3,362569853 ST6GAL1
-3,358981408 LY6G6D
-3,354009236 MFSD1
-3,353102371 TXLNG2P
-3,352304645 ITGA6
-3,351733347 C19orf33
-3,349735939 MAN2A1
-3,347722524 PDE5A
-3,3458342 SGK1
-3,344579317 UBE2H
-3,344104211 C13orf15
-3,343961756

-3,343845906 FRMD4B
-3,343286681 DUSP5
-3,342029091 RAB32
-3,341145042 RAP1B
-3,340442729 UBASH3B
-3,337000716 SLC7A11
-3,33683876 PRNP
-3,336020659 NID1
-3,330967625 XLOC_I2_009311
-3,330471876 TNF
-3,329943135 XLOC_001257
-3,329865221 TMEM40
-3,326574555 SLC7A7
-3,32489392 XLOC_I2_001986
-3,324343136 CXCL1
-3,323595546 SWI5
-3,320464114 LOC100130938
-3,31958966 LOC728431
-3,315281615 IER3
-3,312137016 HBB
-3,312061903 EMR1
-3,305402269 XLOC_I2_012953
-3,304751102 TRIM13
-3,304445387 PDE4B
-3,303939468 XLOC_002921
-3,303650483 LOC100505573
-3,300824967 CHIT1
-3,299572558 LEFTY1
-3,296823783 C18orf1
-3,286955807 LOC340508
-3,285582786 LOC100129973
-3,285001722 MEST
-3,283501383 ITGA6
-3,279422393 FAM63A
-3,277375435 FLJ44511
-3,275658077 MGAT5B
-3,275361235 RARRES1
-3,268518058 CCDC19
-3,266155559 TNFAIP3
-3,26509077 C1orf116
-3,263961437
-3,262179827 CCNJL
-3,260344342 NFKBIA
-3,259195853 HP

-3,258863746 LOC728975
-3,253599935 SNN
-3,253079011 TNIK
-3,251708126 TUBA8
-3,250733869 SLC31A2
-3,249013988 TUBA3C
-3,244913303 LIPC
-3,243349179 ARHGAP21
-3,240832936 XLOC_004924
-3,239465786 SMPDL3A
-3,239193559 ENKUR
-3,238425553 GPR34
-3,236826662 DGKG
-3,236568051 GNAZ
-3,23494575 QPCT
-3,234192496 LGALS3
-3,231834095 NEURL3
-3,230239422 ADAMDEC1
-3,229741289 XLOC_009994
-3,225920745 DLK1
-3,225437801 KLF9
-3,22402144 XLOC_I2_007656
-3,223714315 XLOC_001257
-3,22323705 CLEC1B
-3,222069288 LOC100507507
-3,221476476 SPOCD1
-3,219773963 IL8
-3,215791681 BANK1
-3,215550622
-3,213384896 LYVE1
-3,2119286 JUN
-3,208049747 TFPI2
-3,20447329 C6orf97
-3,196935503 MAFB
-3,189008632 PLCH1
-3,183231377 MOB3C
-3,182773294 F2RL2
-3,181557491 NINJ1
-3,177645663 PDE4D
-3,174046198 TMEM176B
-3,168229688 CLEC1B
-3,165320858 PHLDA1
-3,164386181 SQRDL
-3,162036562 ID2

-3,157375903 PION
-3,157123076 ADD3
-3,150729232 HBZ
-3,150423071 IER3
-3,148151028 PRICKLE1
-3,146227605 LOC100287049
-3,145965614 TSPAN18
-3,145395105 KLF2
-3,142524141 LIPA
-3,140420703 LOC285954
-3,13800118 EIF1AY
-3,133456151 ITGAM
-3,132225213 TNNC2
-3,131963556 LY6G6F
-3,130705561 USP53
-3,129414622 ITM2B
-3,116506571 CMKLR1
-3,110274197 SLC35D3
-3,099052655 LRP12
-3,09399637 HLA-B
-3,090299626 CCL4
-3,087025735 SMAD7
-3,08694494 SPSB1
-3,084237962 ENHO
-3,078265775 MMD
-3,065661731 PLA2G4C
-3,057215585 GADD45G
-3,056340053 MFAP3L
-3,053186002 GJA4
-3,048680103 PTPRJ
-3,030662603 TLR2
-3,030147818 HBZ
-3,028405674 CCL4
-3,028308719 PARD3
-3,027592577 NAT8B
-3,01755621 TMEM176A
-3,01385075 ABCC3
-3,012221549 FAM107B
-3,012033949 GHRL
-3,005721979 TMEM40
-3,003590508 C14orf34
-3,001788268 BHLHE40
-3,000919488 XLOC_008769
-2,995081017 SLCO2B1

-2,992794852 **NLRP12**
-2,990932582 **EGFL6**
-2,98902767 **PION**
-2,983210548 **CD24**
-2,971929551 **ENTHD1**
-2,968306053 **DENND2C**
-2,959057584 **MGLL**
-2,958824598 **ENDOD1**
-2,94475737 **MRV1**
-2,93818804 **CLDN5**
-2,933768136 **ANO6**
-2,926671858 **HLA-B**
-2,925857039 **IL5RA**
-2,925195267 **MYL9**
-2,924999485 **CD200R1**
-2,914571491 **MGLL**
-2,912204152 **HGD**
-2,909417244 **SLC1A3**
-2,891874377 **MXD1**
-2,885239963 **CST7**
-2,882946856 **IRAK2**
-2,878644124 **BIRC3**
-2,876302142 **HBA2**
-2,874162738 **XLOC_I2_002351**
-2,87269834 **HPR**
-2,872661329 **C19orf59**
-2,871014069 **PANX1**
-2,867941572 **TMEM82**
-2,861350355 **GRK5**
-2,860514005 **FCN1**
-2,846656091 **CLEC1B**
-2,843409391 **SH3BP5**
-2,833959574 **CD96**
-2,833925643 **HLA-F**
-2,821219831 **LOC644246**
-2,820900909 **CCL2**
-2,79967103 **PADI4**
-2,792251222 **ADM**
-2,78105285 **PTCRA**
-2,779153803 **TNFRSF9**
-2,775733514 **MFAP3L**
-2,760917247 **RGS16**
-2,757297492 **C11orf96**
-2,756123596 **CPNE5**

-2,755473572 C1QA
-2,754915738 CA2
-2,754689231 KDM5D
-2,729041099 TMEM158
-2,701535556 KIAA1324
-2,699974183 DDX3Y
-2,664426061 CTS1
-2,659838846 KCNE3
-2,645026893 TREML1
-2,632512998 TREM2
-2,623564199 DAAM1
-2,611527877 LOC644246
-2,611317877 S100A8
-2,611197889 PRG3
-2,565699212 HBE1
-2,556011116 C1orf95
-2,545923957 C15orf48
-2,481401667 VEPH1
-2,451351848 PERP
-2,450414594 SIGLEC15
-2,448842125 OLIG1
-2,416828777 SDC4
-2,397848919 RGS9
-2,374583085 SELE
-2,352927711 LOC100507039
-2,33235458 PF4V1
-2,325750237 BCL2A1
-2,303366557
-2,293534763 NCF2
-2,291548691 CXCL1
-2,280963136 MCTP1
-2,27438467 ABCC3
-2,249100104 CCL5
-2,21671869 BPI
-2,180440463 LGALS12
-2,169956377 LIPH
-2,153117324 LGALS1
-2,126320887 VSTM1
-2,111766034 SLC15A3
-2,110698606 ATF3
-2,088020275 RETN
-2,065562765 CHI3L1
-2,043406563 RGS16
-2,043180211 MMP12

-1,933585828 PVALB
-4,184186065 XLOC_012863
-4,184471374 CIITA
-4,184716698 GNB5
-4,185312993 MDM1
-4,185261722 AKAP12
-4,186641506 ANKRD16
-4,18667503 SMYD5
-4,186341539 IDS
-4,186248734 ARG1
-4,185738772 HELZ
-4,187219031 STON1-GTF2A1L
-4,187469275
-4,188031017 SNORD69
-4,188271393 MSH2
-4,188273581 RNASET2
-4,188821821 LOC100292680
-4,190249933 ZNF76
-4,190515934 CT45A5
-4,190587098 LOC728903
-4,191039599 PKN3
-4,192998071 ABCA8
-4,193398714 DDX10
-4,194154336 XLOC_I2_007832
-4,194306881 LOC100128402
-4,19483367 SLC25A26
-4,194862884 SNORA73A
-4,19487842 CDCA5
-4,19604209 NDUFV1
-4,196289766 XLOC_008152
-4,196482291 DDX11
-4,196483929 XLOC_006513
-4,196755549 KIAA1462
-4,197005861 EBPL
-4,197040351 BOP1
-4,197078522 LOC441204
-4,197409496 REC8
-4,197574643 XLOC_I2_009140
-4,198673979 NOP58
-4,198763471 ZNF337
-4,201973294 SERPING1
-4,202389166 SNORA80
-4,202466629 ZDHHC11
-4,202945682

-4,203038498 ZNF512B
-4,204421418 ZAK
-4,204762843 GOLGA8IP
-4,205575857 ZNF320
-4,206259667 ANAPC1
-4,206351829 DHX37
-4,207309559 SLC5A6
-4,208682295 SNX5
-4,209139127 C10orf58
-4,209814351 GTPBP3
-4,210216383
-4,21045831 LOC100129387
-4,210526213
-4,210653474 SMG1
-4,21095989 DCTN5
-4,212402225 HEY1
-4,212660547 PRKACB
-4,213221641 SLC8A1
-4,213593041 PUS7
-4,214143288 LOC389831
-4,214659131 RPS4X
-4,214805697 CENPA
-4,215431703 MRPS2
-4,216084086 TCL1A
-4,216089853 RNU105A
-4,216800842 MCAT
-4,217230671 C16orf45
-4,217527821
-4,217717568 Q6IHG2
-4,217822392
-4,218721391 FAM203A
-4,219098197 XLOC_003228
-4,219946763 FAM207A
-4,220366009
-4,221180429 MAZ
-4,221332426 XLOC_I2_014720
-4,221809091 GBP5
-4,221814827 METTL1
-4,222729375 FLJ45482
-4,222941897 FBLN2
-4,224013598 SNHG5
-4,22484527 CACYBP
-4,225135781 EIF5A
-4,225245835 IPW

-4,226092359
-4,226195454 SSBP4
-4,228275643 XLOC_I2_005438
-4,228410736 HNRNPA1L2
-4,228667594 XLOC_I2_001971
-4,22871451 PNMA5
-4,230943268 CPT1B
-4,231064554 DPY19L2P3
-4,231334492
-4,231463821 FLJ10661
-4,231485561 ZNF579
-4,23156048 LOC100128881
-4,231675107 ERVMER34-1
-4,23199291 SOS1
-4,233796998 AGK
-4,23412264 STRA13
-4,234297038 SAC3D1
-4,23436593 DST
-4,235114443 ZDHHC14
-4,235501867 SLC6A12
-4,235729725 C17orf79
-4,236902383 MPHOSPH9
-4,236952897 LOC100128563
-4,237018737 PIF1
-4,237400944 IARS
-4,237458864 KCNN4
-4,237770364
-4,238430631 TWISTNB
-4,238513768 SNORA16B
-4,238969258 SNORD59B
-4,240898529 KIAA1522
-4,240936059 LDOC1
-4,241253181 PHF16
-4,241495796 TET1
-4,241837854 NTN1
-4,242011008 SNHG4
-4,243027362 TRMT61A
-4,243499224 LEPREL4
-4,243870649 SSRP1
-4,244042176 FAM86A
-4,24587619 XLOC_008015
-4,246202552 CD8B
-4,246827377 PRRC2B
-4,247012063 ULK3

-4,247108285
-4,247238109 ACOT11
-4,248201982 SAMD10
-4,24853608 LUC7L
-4,24934881 ZNF74
-4,250145649 KHDRBS3
-4,250230124 PCNA-AS1
-4,250273745 CARD9
-4,250365134 ZMAT1
-4,250504809 USP54
-4,250556358 IL4R
-4,251020856 MUTYH
-4,251160145 USPL1
-4,251475812 APOL4
-4,252628895 LOC147646
-4,252924511 TNFRSF21
-4,253167392 BRIX1
-4,25318544 SLC20A1
-4,253335479 SMYD3
-4,253521299 TRANK1
-4,253603841 KRT6B
-4,254134068 ACSF2
-4,254714221 EDA2R
-4,254725606 RFC3
-4,255098826 XLOC_I2_005871
-4,25565093 USP10
-4,25574916 DDX49
-4,255781872 BRCA2
-4,256509101 TRRAP
-4,256535981 ERVMER34-1
-4,256659569 EPB41L4A
-4,257103523 MRPL12
-4,257907154 THOC4
-4,257960063 DIAPH3
-4,258321006 RIMBP3
-4,258700967 CFH
-4,258867715 CNN3
-4,259107538 HNRNPA1L2
-4,260170451 ANKRD36
-4,260284837 RBFOX2
-4,26031228 LOC100507218
-4,260397692 C17orf28
-4,260415089 SNORD49A
-4,260541451 TRIP13

-4,260656348 TFCP2
-4,261123159 CCDC3
-4,261194057 C5orf63
-4,261209457 CPXM1
-4,261996992 DEPDC7
-4,262017313 SNORA45
-4,262678423 KLHDC4
-4,262972069 NDUFA10
-4,263221784 NOLC1
-4,263242196 CRABP1
-4,263244569 RPUSD4
-4,263425051 NUP205
-4,263501724 LOC100509487
-4,264369692 SNORD12C
-4,26440151 RAD51D
-4,264418217 ATR
-4,264551566 SMARCA4
-4,264707879 RPL7
-4,26419164 LOC643406
-4,26418993 GUCY2E
-4,263877164 NTRK1
-4,263384237 TERF2IP
-4,262131246 FBXO15
-4,261738626 ARPC1B
-4,261342543 JAZF1
-4,260719343 LOC100129617
-4,26061881
-4,260501085 TOB1
-4,260031615 PRKAR2B
-4,259659159 LEPROT
-4,25941049 GP1BA
-4,25853038 XLOC_007207
-4,25745873 LOC100506816
-4,256701983 KIAA1804
-4,255999051 TNFSF12
-4,25598821 TGFB1
-4,255896556 SFXN3
-4,254487794 ARID5A
-4,254231614 XLOC_012244
-4,254148666 VEGFA
-4,254015075 ZC3H12A
-4,253348936 TLE4
-4,253087746 CATSPERB
-4,251951088 XLOC_I2_003843

-4,251782128 XLOC_001364
-4,251574394 RADIL
-4,251080297 NIPAL4
-4,250942314 FAM190B
-4,25017855 ZNF25
-4,24913312 EIF1B
-4,249014857 GPR97
-4,247642723 C2CD2L
-4,246485342 XLOC_006915
-4,246448084 XLOC_000063
-4,246130058 XIRP2
-4,245094843 GLIPR2
-4,244995778 GAGE2B
-4,244865688 TMEM191B
-4,244723698 MALAT1
-4,244586411 TNNI3
-4,244239759 RASSF5
-4,244201129 HEATR5A
-4,244109641 SQLE
-4,243826199 XLOC_I2_015892
-4,24052992 RAB20
-4,239323374 UNQ6494
-4,239204445 HIST2H2AA4
-4,239188331 RRAGD
-4,239108714 UBL4A
-4,238627772 S1PR3
-4,237931384 ACTR10
-4,237637334 ERCC6
-4,236892783 CIDECF
-4,236825293 SLC9A1
-4,236773119 XLOC_011722
-4,236289085 ARHGEF10
-4,236159036 XLOC_008950
-4,235156858 PSMC2
-4,234996059 XLOC_007647
-4,23494482 XLOC_006775
-4,234604379 CD52
-4,23440837 DHRS1
-4,234033153 MCPH1
-4,233851634
-4,233467935 PECAM1
-4,23317844 OLFM4
-4,232914596 XLOC_004392
-4,232812118

-4,232702814 STON1
-4,232043752 LOC100128252
-4,231941498 NLRC5
-4,231452313 DHDH
-4,231322596 HEXB
-4,231167747 AGTRAP
-4,230215426 INPP5A
-4,230171442 XLOC_003925
-4,229863927 SLC22A16
-4,229650324 Sep-07
-4,229611391 RHBDD1
-4,228927562 WDR26
-4,228137069 KIAA1908
-4,227856265
-4,227464612 BET1
-4,227385172 LAD1
-4,22737005 RASGEF1B
-4,227288314 GDPD5
-4,226583506 ATP6V1D
-4,225496691 VCL
-4,225267308 Mar-03
-4,224702792 DNASE1L1
-4,22464218 GRINA
-4,224601082 SH3BGRL2
-4,224458547 SCFD2
-4,224357547 CD40
-4,223856376 STX1A
-4,223420272 XLOC_008245
-4,223364824 IFIT5
-4,223229038 SEPX1
-4,223033027 XLOC_005647
-4,222744929 ZC3H12C
-4,222273798 OR10W1
-4,221979439 XLOC_003206
-4,221898622 XLOC_010743
-4,221745363 LOC100130097
-4,221718217 SBDS
-4,219561319 RANBP9
-4,219079486 C5orf56
-4,218933216 RASGRP1
-4,218886637 DLK1
-4,217692681 HS1BP3
-4,217586647
-4,216860078 RNF125

-4,216372032 **TMEM119**
-4,216168043
-4,216120816 **ABCG4**
-4,215440724 **XLOC_005166**
-4,215274237 **LDLR**
-4,215028301 **B3GNT3**
-4,214343396 **PDE4DIP**
-4,213847248 **C6orf211**
-4,213766947 **SLC10A7**
-4,213275219 **XLOC_I2_004180**
-4,212393431 **LOC647979**
-4,211540608 **TAL1**
-4,211444504 **TWSG1**
-4,211329868 **SYNPO2L**
-4,209915223 **RTDR1**
-4,209452505 **F13A1**
-4,208419787 **CLCN4**
-4,206860495 **P2RY14**
-4,206532621 **SELP**
-4,205330972 **IQSEC2**
-4,204773543 **LOC100507525**
-4,204605087 **LPL**
-4,203822511 **COQ10B**
-4,202990082 **C6orf25**
-4,200695244 **FCAR**
-4,200618919 **LOC100506190**
-4,199648761 **RYR2**
-4,198124356 **NEXN**
-4,195401018 **C9orf21**
-4,194622781 **RLBP1**
-4,194481438 **TMEM138**
-4,194098456 **RAB27A**
-4,194035136 **EN1**
-4,193717418 **LOC388588**
-4,192685171 **LOC100128682**
-4,192167065 **SURF4**
-4,19200292 **STAM2**
-4,191577542 **NCF1**
-4,191569895 **GPR155**
-4,19153619 **SEL1L3**
-4,191109125 **SNCA**
-4,1910861 **XLOC_I2_001853**
-4,264973256 **SYTL4**
-4,266125861 **ING5**

-4,266421117 SOLH
-4,266425813 STARD10
-4,266132809 CASS4
-4,267333334 LINC00116
-4,268134963 LOC100506123
-4,268916806
-4,268939028 UHRF1
-4,269184726 TIMM23
-4,269231887 UTY
-4,269038003 LOC100506190
-4,268654384
-4,26831167 THEM5
-4,270249146
-4,270464535 LOC100132356
-4,270718291 CHST10
-4,27086938 KHSRP
-4,271023745
-4,270338281 TMEM129
-4,270082159 XLOC_008440
-4,271280299 NIPSNAP1
-4,272652571 MSX1
-4,272710665 RPS14
-4,272987601 XLOC_I2_002076
-4,273761508 SUN1
-4,273983246 ZNF610
-4,274577184 XLOC_000757
-4,275839405 NOP14
-4,275922336 POMT1
-4,276610389 FAM90A1
-4,276736037 SYTL2
-4,276796788 C2orf40
-4,27772402 TRPC2
-4,277808967 RTKN2
-4,279660489 CDH9
-4,280237776 LOC100508196
-4,28025449 GCAT
-4,280975181 FKBP4
-4,281493595 ZNF850
-4,282063061 SMG1
-4,282690272 LOC100507501
-4,283425514 ALKBH2
-4,283691416 RBM12B
-4,283738131 C2orf56
-4,28398193 XLOC_010591

-4,284533222 PDXDC1
-4,285086585 SLC35F2
-4,286316193 LOC100133299
-4,286373495 KLHL17
-4,287432965 C17orf69
-4,287829402 NT5C3L
-4,28830851 SCARNA23
-4,288335065 DUT
-4,288507465 SNAPC4
-4,288589832 C12orf70
-4,288925097 XLOC_I2_003293
-4,289261508
-4,289452409 DUS3L
-4,289562271 NUP93
-4,289576241 SNORD96B
-4,290208018 RSC1A1
-4,29118296 PRKCSH
-4,291662858 SNORA21
-4,292173335 GNL3
-4,292415115 NPR3
-4,292621892 DCAF16
-4,292670888 IRF5
-4,293097303 LOC100506990
-4,294366711 LOC100505481
-4,294494819 ARHGEF17
-4,294562112 FANCG
-4,295078746 CEP70
-4,29518431 SNORD11B
-4,295343164 XLOC_008402
-4,295835813 LY6G5B
-4,297168023 SNORA71A
-4,298360173 GSTM2
-4,29866477 XLOC_010856
-4,299076779 CLASP2
-4,299429091 RABEP2
-4,300531951 VARS2
-4,301280068 RPAP1
-4,301451687
-4,301593923 FAM92A1
-4,301914865 MKL2
-4,302109003 SNAR-G2
-4,302406064 FAM95B1
-4,302753955 RGS12
-4,302845172 XLOC_I2_011987

-4,30292095 **ACTL6A**
-4,303337792 **LOC400682**
-4,304197147 **FOXK2**
-4,304366796 **SLC12A9**
-4,305678994 **SMAD3**
-4,30628272 **ZNF137P**
-4,306284838 **MFI2-AS1**
-4,307238809 **FLJ42627**
-4,307329841 **AK4**
-4,307387122 **CSPG5**
-4,307885892 **SNORD105B**
-4,308505802 **TMEM237**
-4,310322106 **SLC29A2**
-4,311478444 **SMG1**
-4,311575188 **LCLAT1**
-4,3116182 **SNORD41**
-4,312226151 **XLOC_I2_008381**
-4,312691127 **AGAP1**
-4,31340446 **RBM14**
-4,313501051 **FLJ42393**
-4,313538079 **C17orf69**
-4,313706983 **ZNF532**
-4,313719224 **ANKRD36**
-4,314711557 **FAM185A**
-4,314794922 **DDB2**
-4,314822442 **BCCIP**
-4,314946365 **BEND4**
-4,314980983 **SNORD1C**
-4,31520306 **RTN3**
-4,316351164 **METTL17**
-4,316913557 **NPDC1**
-4,317600351 **MCM3**
-4,317739419 **HIST1H2AG**
-4,318303937 **CNRIP1**
-4,318411172
-4,318763999 **GYG2**
-4,31878544 **LOC100507094**
-4,319264024 **THOC6**
-4,319474733 **XLOC_003878**
-4,319512715 **SNORA26**
-4,320641096 **FKBP4**
-4,320792905 **DCLK2**
-4,32135917 **CBX5**
-4,321799183 **LIG3**

-4,32213189 POLRMT
-4,322718527 VPS54
-4,322781228
-4,322902889 CARHSP1
-4,323090698 CPOX
-4,323260165 PALM
-4,323943258 TIAM1
-4,324743709 PANK1
-4,324748584 XLOC_I2_011987
-4,324795251 TTLL5
-4,324809017 SUV420H2
-4,325455954 UTP20
-4,325491654 SNORA62
-4,326492219 ABCC6
-4,326554547 DIRAS1
-4,327059647 XLOC_008501
-4,327785543 FKBP3
-4,328168945 HOPX
-4,328178627 NARFL
-4,328426586 PDDC1
-4,328582873 MRPL1
-4,328738461 SLMO1
-4,329475508 FBXO18
-4,329750211 TUBB
-4,33002864 SPAG5-AS1
-4,33001498 LOC100131607
-4,330010671 WDR26
-4,329194602 ANKRD9
-4,329125687 RHOB
-4,329031632 MYL12B
-4,328992949 MAD2L1BP
-4,328618324 XLOC_I2_010014
-4,328285965 TRIM47
-4,328255182 LOC100134937
-4,328009387
-4,327530304 SLC2A9
-4,326989264 FLNA
-4,326843443 CEBPE
-4,32680374 XLOC_000554
-4,326404751 FRY
-4,325849041 FTL
-4,325651077 C7orf29
-4,324826083 NT5C3
-4,324311981 KIAA1370

-4,323889163 **LOC400027**
-4,323778993 **XLOC_012338**
-4,32377891 **TMEM189**
-4,323378469 **FGFR1OP2**
-4,323002279 **LY6G6C**
-4,322719974 **PNP**
-4,322662365 **H3F3A**
-4,322599874 **RAB3C**
-4,321932537 **CNST**
-4,321663348 **XLOC_011794**
-4,321210301 **SELT**
-4,321051718 **LOC120824**
-4,32100573 **ARHGAP18**
-4,320910942 **XLOC_010148**
-4,320596015 **CTBS**
-4,320285822 **C9orf95**
-4,318832049 **YWHAZ**
-4,31848112 **PRRT4**
-4,318446081 **CCDC90A**
-4,317889072 **MXD4**
-4,317612974 **C1orf183**
-4,317447467 **XLOC_I2_002433**
-4,316409169 **DENND2C**
-4,315984498 **TMEM17**
-4,315910595 **MPP1**
-4,315904887 **CEBPB**
-4,315458309 **LOC158402**
-4,315355977 **ZYX**
-4,315284799 **SLC22A4**
-4,315147201 **UBE2F**
-4,315063408 **PTPN18**
-4,314892126 **XLOC_000743**
-4,314689346 **METTL7A**
-4,314492079 **LPPR2**
-4,313742111 **CHMP2A**
-4,313082754 **Sep-07**
-4,313031468
-4,313025922 **LOXL3**
-4,311700074 **RAB6C**
-4,31163456 **LINC00324**
-4,311160767 **NAMA**
-4,31113921 **TJP2**
-4,310500828 **CRYL1**
-4,310292595 **PRRT2**

-4,310018941 VAPA
-4,310001811 FAM104A
-4,309519887 NCEH1
-4,309122492 GSG1
-4,308632262 SNTB1
-4,307020692 ARID3B
-4,306964254 C1orf96
-4,306600523 SVIP
-4,306049057 IPP
-4,305691424 OR4K14
-4,30549499 LOC730020
-4,305307138 PTGDR2
-4,30465919
-4,304403255 RSPH1
-4,304059284 HBP1
-4,304018837 PIGK
-4,303611186 XLOC_002803
-4,303295238 DKFZp686O1327
-4,30323964 ING4
-4,303238537 FAM18B2
-4,302972819 ATP6V0D1
-4,302914653 LOC100505729
-4,30253572 RSPH9
-4,301300777
-4,301197404 LOC149837
-4,300858743 SERPIND1
-4,300423785 LAPTMS
-4,300363363 RASGRP2
-4,29957878 CDC42SE1
-4,299540689 DIAPH1
-4,299520169 PDE6H
-4,299206857 YIPF5
-4,299128093 CXCR4
-4,299046145 LRRC8D
-4,298086632 MXI1
-4,298014719 RTP4
-4,297932873 P2RX1
-4,297815685 ELF1
-4,297810381 SLC10A7
-4,296686438 TGFB1I1
-4,296549612 NET1
-4,29618934 TMPRSS13
-4,296122938 SEMA7A
-4,296066397 MAP1B

-4,295152803 **VCPIP1**
-4,29425636 **LINC00299**
-4,293544923 **TET2**
-4,293064949
-4,29237811 **FBXO8**
-4,292296487 **Sep-04**
-4,291772569
-4,291628067 **XLOC_000755**
-4,291100125 **XLOC_I2_002171**
-4,290948665 **PDCD10**
-4,29085894 **RDH11**
-4,290759493 **RHOB**
-4,290617963 **NEXN-AS1**
-4,289925682 **ACVR1**
-4,289386257 **ROPN1L**
-4,289182211 **ZNF365**
-4,288786651 **ZFP36**
-4,288732432 **TXLNG2P**
-4,288056496 **C5orf41**
-4,287261575
-4,287208226 **TCHH**
-4,2867095
-4,285993983
-4,285380889 **SLC35D1**
-4,28327103 **HIST1H3A**
-4,282870181 **RGP1**
-4,282433509
-4,282245249 **ARPC2**
-4,28203449 **STK17B**
-4,28180795 **CXCL6**
-4,281113463 **CD163**
-4,279907341 **AMPD3**
-4,279243751
-4,279205806 **UBXN6**
-4,278618741 **CFD**
-4,278162603 **GM2A**
-4,277561468 **TMEM87B**
-4,277427385
-4,277071742 **KIRREL2**
-4,276984018 **UBASH3A**
-4,276040522 **RAB27B**
-4,275704578 **XLOC_011480**
-4,2755221 **ADCY6**
-4,275466508 **LOC100506190**

-4,275448671 CALD1
-4,275037653 C1orf162
-4,274723116 MFSD11
-4,274615781 PCSK5
-4,274389707 RHOQ
-4,273003259 CALM3
-4,272470399 SERAC1
-4,27241029 PGD
-4,330908807 C19orf77
-4,330952318 CARM1
-4,331236891 ZNF521
-4,331341888 OSBPL1A
-4,331339294 SRSF8
-4,331185526 ZBTB20-AS1
-4,330552469 PLEKHO1
-4,331971537 ZNF334
-4,332190998 NPM1
-4,332293038 PRL
-4,331877441 ITGA2
-4,333285726 TIMP3
-4,334149159 RAB1B
-4,334632988 IPO7
-4,334520609 GIMAP8
-4,33481936 PTOV1
-4,335041807 P2RX6P
-4,335328039 ZNF503-AS1
-4,33541849 ZNF788
-4,335889463 GLTSCR2
-4,335931611 XLOC_008528
-4,336662124 SUZ12P
-4,33713629 TIGD3
-4,337518906 NKAPP1
-4,337551095 NEURL4
-4,337862896
-4,337868448 SNORA61
-4,337910859 RNF126
-4,338735961 PTMA
-4,339604459 MRPL46
-4,339927197 SETDB2
-4,340016974 KLHDC4
-4,340390292 DEAF1
-4,340511491 RABEP2
-4,340683503 DDAH2
-4,341514652 FAM165B

-4,341775123 LHPP
-4,341966701 WHSC2
-4,342460965 LOC100144603
-4,342643034 THBS3
-4,34270887 RIOK1
-4,342839352 MUC22
-4,343067646 LOC650368
-4,343456073 FANCE
-4,344309377 NEURL1B
-4,344340482 NOP14
-4,344772247 TMEM48
-4,344831388 MRTO4
-4,344965187 CCDC41
-4,345029084 ATAD3C
-4,345861569
-4,345934868 NOP56
-4,345773363 ARHGEF7
-4,345459362 FAM200B
-4,34539265 TNP1
-4,345303868 XLOC_006273
-4,344180247 C9orf150
-4,344123753 CLEC4A
-4,344018103 MAP1A
-4,34294533 TBX3
-4,342864912 DENND4C
-4,342544686 TMEM59
-4,342452185 PIM3
-4,342421432 LOC285419
-4,341270347 MTERFD2
-4,340657585 ARPC5
-4,340164835 JAK2
-4,340056909 XLOC_010825
-4,339202119 TNS1
-4,339080182 BCL2L11
-4,33901768 IL16
-4,33879671
-4,338404632 NR3C1
-4,337183056 XLOC_010184
-4,337109128 ROCK2
-4,336956057 XLOC_009363
-4,346617145 MTERFD1
-4,346893683 PABPC4
-4,347230821 REEP6
-4,347053586 STK4

-4,346762731 SOD2
-4,346338838 HIPK2
-4,348406067 XLOC_002997
-4,348794499 SPAG5
-4,348841796 HEATR2
-4,34949034 ZDHHC11
-4,349662364 XLOC_I2_004640
-4,34984931 NCR2
-4,349935951
-4,351418855 PRKDC
-4,351516303 FAM90A7
-4,352154949 LGALS9
-4,352211286 CSNK1G1
-4,352289378 LRRC7
-4,353030847 FAM178B
-4,353148464 C14orf159
-4,353195723 UBL7
-4,353467891 XLOC_006035
-4,353716147 RFXAP
-4,353962724
-4,354549768 ZDHHC14
-4,354903561 ZNF682
-4,355046643 FAM207A
-4,355427054 TIMM9
-4,356664077 NONO
-4,356685442 HSPBP1
-4,357255653 C19orf57
-4,357276643 DPP4
-4,357407422 SPRYD4
-4,357458357 MINA
-4,357480862 KCTD3
-4,3575521 C17orf76-AS1
-4,357706988 UHRF1
-4,358290803 ECM1
-4,35820885 ATG7
-4,35811957 C17orf109
-4,357915531 XLOC_013940
-4,357218415 LZIC
-4,356817344 CBX7
-4,3567065 CD40
-4,356228059 WHAMMP2
-4,355742078 MICU1
-4,355718377 CCDC64B
-4,355616501 SLCO1B1

-4,355443148 YES1
-4,355301322 ALS2
-4,354597994 TWIST1
-4,353945724 TBC1D23
-4,353932048 DNAJC16
-4,353513608 NT5C3
-4,353094377 MAN2B1
-4,352975707 IL6ST
-4,35281223 ACTR3
-4,35242256 RASGRP2
-4,352178458 MXRA7
-4,351343945 YWHAZ
-4,34992017 CLIC5
-4,349516924 CRBN
-4,34948202 TRAF6
-4,348867247 RILP
-4,348707728 TFEC
-4,348127621
-4,347625913 LOC100652757
-4,358742918 ESF1
-4,358927039 ABHD14A
-4,358772162 PLAUR
-4,35928928
-4,359607038 ATP1B2
-4,360019463 OGN
-4,360848909 LOC220729
-4,36105205 C7orf54
-4,361269412 MRPS5
-4,361753263 METTL2A
-4,361632808 XLOC_003125
-4,361618539 XLOC_I2_007884
-4,36151774 DENND4C
-4,361372642 AR
-4,361128119 VDR
-4,360720153 WWC3
-4,360674422 MS4A3
-4,359759328 CALCOCO2
-4,362221975 CD180
-4,362269994 ADIPOR1
-4,362737873 NPR2
-4,362834448 LOC100133311
-4,363084435 SETMAR
-4,363277044 SPG7
-4,363805696 PICK1

-4,364398797 ADORA2A
-4,364980456 WDR4
-4,365142873 HLA-DMA
-4,365241784 LRRC49
-4,365869157 LOC440461
-4,366636294 KDELC2
-4,366797957 KDM5C
-4,366810671 DDX31
-4,366868026 TNFSF9
-4,366795068 TJP2
-4,366504574 RTN2
-4,367050143 GSR
-4,367364712 MAGED4B
-4,368205306 RAPGEF2
-4,368043979 C2orf88
-4,368034927 PHTF1
-4,367739711 PRAMEF12
-4,368432785 SLC19A1
-4,36864996 PEX3
-4,368987567
-4,36909571 GAS2L2
-4,369766037 LOC100505853
-4,369876454 CCL3L3
-4,369584442 XLOC_010323
-4,370152984 LRPPRC
-4,370302324 NAP1L1
-4,371232845 LOC100131826
-4,371394376 SNORA68
-4,3715546 DHFR
-4,371750393 PTC3
-4,37203551 MYH10
-4,372356983 SLC17A9
-4,372652627 RRP12
-4,372792943 CDC45
-4,373322692 VCAN
-4,373889444 TTC3
-4,373935911 ZCCHC8
-4,373987245 C22orf29
-4,374857506 KCTD15
-4,374868928 PPIH
-4,374917935 SNORD26
-4,374639247 MAFG
-4,374282405 SPTB
-4,374145901 LOC541472

-4,374126785 GPX1
-4,373666347 TMEM71
-4,373633538 MEG3
-4,373557948 HS3ST1
-4,372524436 PLCH1
-4,372369636 KIAA1147
-4,372273881 TDP2
-4,3715881 PRUNE2
-4,375250605 SNORD98
-4,375283532 FBLN1
-4,375855207 TAF1
-4,376246013 TRANK1
-4,376573907 CAT
-4,376517899
-4,37614971
-4,376989044 MARCKSL1
-4,377427394 LOC100508196
-4,377633337 SUFU
-4,377750228 SMPD4
-4,377826088 SPRY1
-4,377793768 DAP
-4,377435646 ABLIM3
-4,378128123 PRR3
-4,378406046 CR1L
-4,37915415
-4,379148128 XLOC_010891
-4,379395121 RUSC2
-4,37979064 CCDC14
-4,379863848 CACNA1I
-4,379980321 CYB5R4
-4,38030659 NFATC2
-4,380918693 TFAM
-4,381113614 ITGB2
-4,381960095 STOX1
-4,382263428 PIGR
-4,382380395 SNHG5
-4,382336919 DLEC1
-4,382250692 OR2T33
-4,381885592 PLOD2
-4,381600028 FAM3A
-4,382962296 ITGB3BP
-4,383344279 ITGA4
-4,384728127 LOC100505594
-4,384823557 TMEM56-RWDD3

-4,385211524 GOT2
-4,385557533 AFF3
-4,385676425 RRP15
-4,385704875 SNORA2B
-4,385885875 SMARCD2
-4,385973024 ZNF137P
-4,386074461 CHEK2
-4,386501815 SNORA43
-4,386507049 PACS2
-4,386728325 FANCA
-4,387349505 PRPF31
-4,387651517 XLOC_I2_004640
-4,387664219 TRAIIP
-4,388149775 TCTN2
-4,388222104 AGSK1
-4,388692492 GPR124
-4,388774031 HSF1
-4,388867632 C11orf61
-4,389401574 PKP4
-4,389633138 GART
-4,389542704
-4,389476975 PBX1
-4,389414561 SCGB3A2
-4,389309543 ANXA7
-4,389042303 EHD1
-4,388670228 STIM1
-4,388519227 XLOC_007377
-4,388001212 XLOC_I2_000033
-4,387966892 HIPK2
-4,387220924 XLOC_002859
-4,386641011 CCDC7
-4,385921635 ERAP2
-4,385608278 PPP1R3B
-4,385557474 JMJD6
-4,385121153 XLOC_012170
-4,384962536 CRKL
-4,384404002 C1orf198
-4,383329939 NFIB
-4,389993234 LOC100133089
-4,390146885 PIK3R2
-4,38989342 INF2
-4,390496512 CD74
-4,390493065 XLOC_006034
-4,39095219 DCUN1D2

-4,391090752 SMARCAL1
-4,390954835 LOC100506130
-4,391408436 ZNF788
-4,391914713 PC
-4,392142915 FLJ10661
-4,392254202 RUVBL1
-4,392386923 GZMB
-4,392250851 OR2W3
-4,392235845 GPX4
-4,39295594 TIE1
-4,393365571 MCM7
-4,39370164 ZNF521
-4,393735692 PCSK9
-4,39376658 BSPRY
-4,39375428 C7orf41
-4,392881767 XLOC_001556
-4,39264721
-4,393957647 XLOC_I2_011924
-4,394887138
-4,39536866 RBFOX2
-4,395371245 XLOC_I2_013153
-4,395366274 GTPBP2
-4,395266385 C20orf3
-4,394759308 ETFA
-4,394461104 UBE2W
-4,395811207 TXLNG
-4,396246074 SNORA16A
-4,396450046 KRT18P55
-4,3964618 C1orf21
-4,397124367 KATNAL2
-4,397260119 CAMSAP1
-4,397514465 NSMCE4A
-4,397950722 C19orf44
-4,39865591 ZNF608
-4,398864915 HLA-DMA
-4,398888015 PGAP1
-4,399236799 TNFSF13
-4,400584544 SDCCAG3
-4,400719519 FANCD2
-4,400992899 KLF8
-4,401051762 MDK
-4,401330778 FAM117B
-4,401672894 XLOC_010167
-4,401541896 CCPG1

-4,401392708 **GSTT2B**
-4,401207721 **RAB11A**
-4,401070392 **MRGPRG**
-4,400947833 **HTR2A**
-4,400387194 **ACCSL**
-4,400040434 **FAM101B**
-4,399823998 **SERTAD2**
-4,399751414 **TNFAIP1**
-4,399139555 **TMEM64**
-4,399079675 **WDPCP**
-4,39835589 **PECAM1**
-4,398289414 **PFKFB2**
-4,398198064 **XLOC_013955**
-4,398158686 **ABHD4**
-4,397534722 **FAM189A2**
-4,397411142 **LOC100652867**
-4,396842207 **CECR6**
-4,395992354 **SGPP2**
-4,395929583 **ANXA2**
-4,401960394 **ZNF814**
-4,402082337 **EXTL2**
-4,402253718 **C8orf42**
-4,403009771 **XLOC_I2_013124**
-4,403372469 **FAM200B**
-4,403252489 **ATP2C1**
-4,403213815 **LOC100653033**
-4,403133309 **NFKB2**
-4,403550884 **C21orf33**
-4,403721778 **TTLL12**
-4,404047405 **FOXI2**
-4,403928147 **RUFY1**
-4,404347157 **XLOC_005737**
-4,404644005 **XLOC_006939**
-4,405925844 **MCM4**
-4,406182596 **TADA1**
-4,40647914 **OLA1**
-4,406815221 **ATP5C1**
-4,407596503 **ZNF519**
-4,40804101 **PRPF4**
-4,40901102 **ASPSCR1**
-4,409958939 **RBFOX3**
-4,410171527 **ZNF483**
-4,410949648 **TAMM41**
-4,411008265 **XLOC_I2_009219**

-4,411221232 LCK
-4,411390773 PDCD7
-4,412182321 LOC100128278
-4,413171529 ERMP1
-4,413799876 SNORA84
-4,414075345 HMBS
-4,41424935 XLOC_005473
-4,414434306 ZNF121
-4,414491741 FAM169A
-4,415033271 IL4R
-4,415169357 TRIM6
-4,415172199 WIZ
-4,415400996 DHX30
-4,416288956 OSCP1
-4,416350035 HSP90AB2P
-4,416732235 XLOC_I2_000010
-4,4170298 MECOM
-4,417105362 RFX5
-4,417182429 CEP55
-4,417185779 ST13
-4,417346379 FGL2
-4,41808332 JPH4
-4,418596274 CENPP
-4,41866996 FAM171A1
-4,418753739 LOC286467
-4,419068592 SFRP5
-4,419127231 XLOC_008434
-4,4195337 CHEK2
-4,419648611 SPATA13
-4,419808045 SNORD64
-4,420546124 NME4
-4,421175056 SUV39H1
-4,421211728 WBSCR22
-4,421385785 TMEM97
-4,421555825
-4,422164414 MRPL2
-4,422389668 TOMM40
-4,422702853 MVK
-4,422861299 HAUS7
-4,423272469 ACACA
-4,423654242 LOC100505730
-4,423565424 LIMD2
-4,423557118 LOC100505908
-4,423453326 BDNF

-4,423192531 XLOC_002970
-4,422618664 TAGLN2
-4,422264386 CSGALNACT1
-4,422200474 SPHK1
-4,422107382 GATA3
-4,421986932 MTSS1
-4,421920403 NDUFA4
-4,421799886 ACOX1
-4,421431855 LPCAT2
-4,421011668 PALLD
-4,420955183 Q6UWM8
-4,420687938 XLOC_010379
-4,420648712 XLOC_003787
-4,419830446 MAVS
-4,419710426 YIF1B
-4,41954051 XLOC_I2_009331
-4,418990381 TOM1L2
-4,418946974 RNF103
-4,418617218 KIF3C
-4,417770096 MXI1
-4,417625806 CCL17
-4,417446784 GSTT2
-4,417114542 SELT
-4,417083424 ANXA5
-4,416530323 XLOC_I2_011873
-4,416412292 UPK1A
-4,416323792 XLOC_014399
-4,416215174 GPR108
-4,415861265 DAB2
-4,415396335 GAB3
-4,415263298 IFI30
-4,41484952 XLOC_I2_000033
-4,414768248 XLOC_004629
-4,413938691 PPBPL2
-4,413497165 NPL
-4,413474088 MREG
-4,413350448 CEP135
-4,413312404 NAP1L1
-4,412320956 SCAMP1
-4,411968212 CAPN13
-4,410889618 MGP
-4,410780415 MYL4
-4,410680486 PNKD
-4,410405407 XLOC_010664

-4,409843456 PGRMC1
-4,409719515 PDZD2
-4,409714633 VPS37C
-4,409174718 USP38
-4,409022619 XLOC_002049
-4,408539161 GALNT3
-4,408202491 CD84
-4,408195855 ATP6V1E1
-4,40816671 CHN2
-4,408071761 MALAT1
-4,407440395 CMIP
-4,407072047 CISH
-4,40670606 SENP2
-4,406696847 MAP1LC3B
-4,406309293 PDLIM7
-4,405929583 PROS1
-4,405788683 SELT
-4,405387757 ST8SIA4
-4,405203554 ZG16B
-4,405059568 IFIT2
-4,423839232 TME44
-4,424562055 UNG
-4,424832865 NUP188
-4,426284146 KCNJ12
-4,426479328 HMGA2
-4,426605354 SNAR-A3
-4,427229809 MAPK8
-4,427291486 CHRNA7
-4,428308956 AK2
-4,428430537 TTC25
-4,428438032 WDR74
-4,428476248 UBAP2
-4,428449873 XLOC_012017
-4,428410722 HSPA1A
-4,428066949 TACC1
-4,427966835 DCBLD1
-4,427415839 XLOC_I2_009363
-4,427270575 FCGR2A
-4,427139412
-4,427052516 PLCG2
-4,427018931
-4,426964791 LOC100292409
-4,42643827 BDNF-AS1
-4,4263839 VAMP3

-4,42634983 NUMB
-4,42555261 RASGRP2
-4,425332659 TMEM45A
-4,42527138 CDC37L1
-4,424682387 TNIP1
-4,424412123 SERPINB2
-4,424292422 ITSN1
-4,428926735 DDX51
-4,42894728 XLOC_005126
-4,429442008 PDAP1
-4,429695177 CENPF
-4,429781794 BEND4
-4,430227471 SLC43A1
-4,43041949 NOG
-4,4305198 FAM156B
-4,430746427 LOC729264
-4,431051118 SNORD97
-4,430933497 FABP6
-4,430735099 ANGPTL4
-4,430300454 ORMDL3
-4,430004725 XLOC_010679
-4,42942807 LCP2
-4,431588291 LOC100507246
-4,431983694 TMEM161A
-4,43204972
-4,432205274 CBX2
-4,432387588 ALOX15B
-4,432842584 XLOC_005209
-4,433131544 B3GALNT2
-4,433383453 SNORD101
-4,434330849 RPL22
-4,434601374 UBAP2
-4,43465022 EHMT1
-4,434816841
-4,43596122 ACBD6
-4,436041584 TBRG4
-4,436695138 PKD1
-4,436913361 WWOX
-4,437077032 CX3CR1
-4,437141081 CEP72
-4,43732569 ZRANB3
-4,437724537 LOC645166
-4,437813469 LOC100506930
-4,43781505 SLC27A5

-4,437833598 CDC14B
-4,437485858 SLU7
-4,436893877 NAMPT
-4,43626926
-4,436265675 LOC100287223
-4,43619605 TSPYL1
-4,436169711 XLOC_002617
-4,436054637 CLCN3
-4,435959315 XLOC_I2_006821
-4,435911271 CAP1
-4,435748896
-4,435722047 CKLF
-4,435286294 GGT1
-4,43463649 SIRPB2
-4,434382672 Q5SRJ3
-4,434300643 C16orf86
-4,433687631 DOK2
-4,43813098 HIST1H4B
-4,43855467 RERE
-4,438760245
-4,438830929 VPS13B
-4,4388686 LYZL4
-4,438994257 ZNF607
-4,438263214 SERINC3
-4,439158255 HDHD1
-4,43937536 SETD4
-4,439861626 STON2
-4,440852625 IFITM1
-4,440787292 LMNA
-4,441207623 PTPRF
-4,441103365 LOC100506328
-4,44168259 LOC389332
-4,441789354 IRAK1BP1
-4,441625206 EHD3
-4,44277879 C17orf104
-4,44321232 ATP10A
-4,443243065 BLM
-4,443680249 MZB1
-4,44434024 CISD1
-4,445061241 SNORD73A
-4,445149511 HIST1H3I
-4,44515571 ZWINT
-4,445287913 FANCA
-4,44566339 HSD17B7

-4,445881924 REP15
-4,446095469 SAMD1
-4,446328148 SNORD16
-4,446472293 SMC1A
-4,447424115 LOC100506930
-4,447702253 ZDHHC13
-4,448037645 SERF1B
-4,44815035 PGAP2
-4,447928722 OR10W1
-4,447827297 HLA-F
-4,447816742 XLOC_002283
-4,447550093 TLN1
-4,447331241 ELMO2
-4,447207184 FGFR2
-4,447079186 XLOC_I2_013153
-4,446777904 XLOC_I2_011151
-4,446424703 XLOC_I2_002651
-4,446393138 BRI3
-4,445984121 GATS
-4,44541804 CNN1
-4,445414071 CD274
-4,445194931 DNAJB6
-4,445132197 INF2
-4,444392942 VEPH1
-4,443694541 XLOC_014244
-4,443569167
-4,443372369 NGFRAP1
-4,443047257 PLD3
-4,442919 NQO2
-4,448827607 SBK1
-4,450287844 MRPS25
-4,450610188 FASTKD1
-4,4508388 TUBB6
-4,450995274 NLE1
-4,451089311 XLOC_013853
-4,451212447 SNORD107
-4,451728929 C1orf21
-4,452074015 PRR20B
-4,452227834 CD3EAP
-4,452618217 METTL1
-4,452658151 TSC22D1
-4,452598994 ANGPTL6
-4,452496894 TRIM35
-4,452337148 NDUFAF3

-4,45222105 PJA2
-4,451824237 LAMB4
-4,451678404 NLRP3
-4,451209428 MAP3K5
-4,451191849 SLC7A5
-4,450914627 XLOC_006263
-4,450868564 LOC100505576
-4,450860205 C19orf23
-4,45068772 KRT83
-4,450190248 FGF13
-4,449782298 ZFAND5
-4,449576871 ATE1
-4,449532081 RNF215
-4,449248487 COTL1
-4,448955036 FLJ30901
-4,452992996
-4,452974079 TNS1
-4,453884221 XLOC_006335
-4,454539053 CNDP2
-4,45461679 DNAH14
-4,454699286 ZNF691
-4,454773523 XLOC_005559
-4,454638877 XLOC_008000
-4,454512987 HIPK2
-4,45411841 ABHD16A
-4,453787311
-4,453669342 TRAPPC2
-4,453575864 TMEM38A
-4,45332565 FLJ30403
-4,455017353 TREM1
-4,455327884 PIP4K2B
-4,455416581 DND1
-4,455725731 PYCR1
-4,455900462 EFCAB4B
-4,456115303 HNRNPA1L2
-4,456662698 SNORA63
-4,45687607 FAM72A
-4,45695749 C19orf24
-4,4569698 HSD17B7
-4,457153921 EPB41
-4,457244857 LIMA1
-4,456718071 SLC30A5
-4,456415735 LOC151475
-4,456337478 CYS1

-4,457679076 RABGAP1
-4,457902879 GLYATL2
-4,45820964 FAR2
-4,458178112 MAX
-4,458388151 LOC100506201
-4,458974382 SMARCC1
-4,459427271 QRFP
-4,459404707 RAB37
-4,459319964 PDP2
-4,45907156 XLOC_I2_015892
-4,458761031 XLOC_002043
-4,460254149 DPH2
-4,460472175 XLOC_011686
-4,460712219 INPP5F
-4,461041391 LINC00341
-4,461190418 FLOT2
-4,461376933 XLOC_004697
-4,461626119 PMF1
-4,461744041 LSP1
-4,461817946 GADD45GIP1
-4,462022304 PLXNC1
-4,462377198 XLOC_012003
-4,462547 ZNF808
-4,463070856 HOXA10
-4,463420476 SFMBT2
-4,463427258 HKR1
-4,463794984 ILF3
-4,463821896 LDLRAD2
-4,464092738 XLOC_009725
-4,463955726 BASP1
-4,463929284 LOC541471
-4,463622103
-4,463466829 MAST4-AS1
-4,463401414 PRKD2
-4,463161598 PROS1
-4,463142608 XLOC_004262
-4,462806873 PSMD6
-4,462308177 XLOC_003318
-4,4622611 LOC100506190
-4,462238054 XLOC_001625
-4,461672728 PDE4DIP
-4,464481554 DFFA
-4,464922636 DDB2
-4,464943531 QSER1

-4,465130184 KDM2B
-4,465245336 ZNF695
-4,465354694 LOC100287765
-4,46553189 CALCRL
-4,466004898 KRT19
-4,466532121 WDR19
-4,467034614
-4,467122061
-4,467163706 GAPVD1
-4,467213961 PIGZ
-4,46729107 XLOC_003912
-4,467207353 XLOC_011573
-4,466595829 XLOC_008629
-4,466559142 MUCL1
-4,46642342 XLOC_008823
-4,466255739 XLOC_014399
-4,466195294 ME1
-4,467995991 SNORA27
-4,46895712 ACAN
-4,46897106 VARS
-4,469293702 SNAR-H
-4,469492565 XLOC_I2_012378
-4,469533468 ANKRD20A2
-4,469616827
-4,469742131 ZNF514
-4,470040323 CARD9
-4,470317988 PPOX
-4,470543981 OSBPL6
-4,470685519 MRPL45
-4,470780942 H3F3A
-4,47064967 LOC100506546
-4,47020685 SELP
-4,470184817 LAT
-4,470060161 TDRD10
-4,46978703 CRTAM
-4,469316134 SERPINE1
-4,469271719 PMP22
-4,469246346
-4,468902643 XLOC_I2_010267
-4,470986604 TTC28
-4,47153009 GINS2
-4,471883258 ANKRD36
-4,472067153 TAF2
-4,472229453 NPM2

-4,472307564 TMEM41B
-4,471913784 WIPF1
-4,471910152 OTUD5
-4,472881833 XLOC_I2_007287
-4,472807609 MXD1
-4,472734962 CYTL1
-4,472630278 CERS4
-4,473089009 DNAJC11
-4,473172056 TIMELESS
-4,473553167 BBIP1
-4,473812917 PAR1
 -4,4738499 XLOC_013308
-4,474793183 ALDH5A1
-4,474719763 CCDC92
-4,474546898 XLOC_I2_000942
-4,475106717 FAM72D
-4,475038883 TSC22D4
-4,475748442 PHC2
-4,476683407 IPW
-4,476795717 CTNBL1
-4,477478923
-4,477561161 FONG
-4,477811464 LRFN3
-4,477887358
-4,477947332 GRWD1
-4,478816923 EFHA2
-4,479092275 KIAA0284
-4,479335467 TRANK1
-4,479404642 GCKR
-4,479357172 MYCT1
-4,479199249 AIF1L
-4,479173117
-4,478910275 ANKRD5
-4,478804477 RPA2
-4,478684777 CTSS
-4,478525615 LOC255187
-4,477839472 KCNMA1
-4,477764379 XLOC_003025
 -4,47748016 MAVS
-4,477477345 VSTM4
-4,477361519 FLI1
-4,476960614 BST1
 -4,47679543
-4,476526533 FBXO6

-4,479572663 COX15
-4,47998331 SNAR-B2
-4,48006773 EXOSC10
-4,480243481 RPUSD2
-4,480421178 LOC100507086
-4,481086283 NOL9
-4,481597042 SNORD111
-4,481816574 PHACTR4
-4,482108511 LOC729680
-4,482321462 KIAA0664
-4,482649173 DIS3L2
-4,482956263 PIGY
-4,483113925 MAP3K4
-4,483158403
-4,483092037 XLOC_000939
-4,483026616 WRB
-4,482685473 IER2
-4,48238405 MYEOV2
-4,481900457 XLOC_013894
-4,481883116 PTPN22
-4,481800581 ST3GAL3
-4,481672514 GAPT
-4,481432895 TBXAS1
-4,481314752
-4,480515777
-4,480196847 XLOC_012754
-4,48332916 SARDH
-4,483546097 VTCN1
-4,484464137 GINS1
-4,484629974 LOC100129461
-4,485356197 CDCP1
-4,485627643 LOC100294145
-4,485802379 FOXJ1
-4,486163836 SNORA28
-4,486572391 MOK
-4,486748718 XLOC_I2_015821
-4,486751259 TTC3
-4,487475074
-4,487500948 EIF3C
-4,487761926 NUDT10
-4,48805887 GSTM5
-4,488613138 PKP4
-4,488619897 LSAMP
-4,488791762 CDHR1

-4,489116063 PNMT
-4,489413416 TTC21B
-4,489895283 PER2
-4,490618334 RANBP1
-4,490646691 MCM8
-4,490647644 XLOC_005690
-4,490649267 DNAJA4
-4,490663158 SNAPC3
-4,490666258 XLOC_003775
-4,490739647 ABCD4
-4,490892315 ZNF594
-4,491600411 BAHCC1
-4,491664097 MYH3
-4,491829355 GREM1
-4,491996562 BRD8
-4,492197172 HIST2H3A
-4,492379208 XLOC_009249
-4,492566223 SNRNP70
-4,492746104 FTSJ2
-4,49300516 ACCN4
-4,492973644 RNASET2
-4,492779761 GFPT1
-4,492623347 FRMD8
-4,492586389 ATF7IP
-4,492446316 ACTR3B
-4,492424073 GBP3
-4,49222391 LAMB2
-4,491957067 ZNF24
-4,491760685 UBTD1
-4,490818138 PIK3CB
-4,49062609 SGMS1
-4,490354116 LOC100133445
-4,490147638 LOC285000
-4,489947649 BAIAP2L2
-4,489758875 ITPKB
-4,489722375 TNFRSF13B
-4,489578752 CLCF1
-4,489510517 F2R
-4,489347247 BCL2L1
-4,489322785 MTMR12
-4,48907209 CMAS
-4,487664237
-4,48752163 TSPAN5
-4,486091952 LOC100506870

-4,485759994 ZEB2
-4,485727126 EXOC3L4
-4,4851718 KIAA0232
-4,485103058 ABHD5
-4,484896835 PCDHA13
-4,494052937 SERPIN1
-4,494784714 HIST1H4A
-4,495070244 XLOC_006150
-4,495298125 SEMA4F
-4,495458121
-4,495429021 NTPCR
-4,495410825 TNFAIP8
-4,495125309 SSR4
-4,495096438 GAB2
-4,495075523 SNX21
-4,496139376 MR1
-4,496041294 CETN4P
-4,496595974 TCF3
-4,496711266 MAP3K9
-4,496649559 RARRES3
-4,497079533 SNORD35B
-4,497686625 IMMT
-4,497754014
-4,498218098 GCFC1
-4,498250741 EAF1
-4,498212887 RRAS2
-4,497975865
-4,497919092 CALHM2
-4,497842616 CHMP1B
-4,498677704 LGALS9
-4,498865974 FLJ12334
-4,499342665 XLOC_I2_006718
-4,499647839 LOC100294145
-4,499838746 HRAS
-4,500268 MATK
-4,500939542 ELAC2
-4,500956964 QPRT
-4,501059061 ABHD14A
-4,50110738 TTC39C
-4,50114054 MICAL2
-4,501308904 CSF2RB
-4,501261261 RNF208
-4,501260089 BET1L
-4,500964924 MGST1

-4,500775565 TBX1
-4,500771658 STX3
-4,49991088 PLIN2
-4,49964407 LUZP6
-4,501462415 MATN2
-4,501895739 LOC642826
-4,50206125 EML6
-4,502323838 CBWD5
-4,503128296 SNORD42B
-4,503170322 XLOC_013567
-4,503238218 XLOC_I2_010149
-4,503336357 FKBP5
-4,50342218 ITFG2
-4,503451771 CDH23
-4,503543236 DENND1B
-4,503113912 TRIM16L
-4,503059992 BEND2
-4,502564223 FOXO1
-4,50382125 FAM35A
-4,504678128 RUFY1
-4,504644376 LRRC8B
-4,504607676 MS4A2
-4,504554396 H3F3A
-4,504510854 LOC283270
-4,504485576 SSX2IP
-4,504077912 C10orf10
-4,505135834 LOC728218
-4,505457257 PODXL2
-4,505773533 ERAL1
-4,506676095 WDR52
-4,507009671 SLC22A18AS
-4,507155848 FLJ38717
-4,507368617
-4,507353012 MYBPC1
-4,507236286 XPR1
-4,50714784 XLOC_009255
-4,507111315 CLC
-4,506753509 SLAMF7
-4,506720302 VEGFC
-4,506477795 RHEB
-4,506014732 TARP
-4,507656894 ZNF670
-4,507968261 C1orf55
-4,508403276 ALG13

-4,508824949 ABLIM3
-4,508741811 TMMEM86A
-4,509035153 GGT1
-4,510083818 TSIX
-4,51050269 CHN2
-4,510757325 NAV2
-4,510849991 ERI3
-4,510885187 GTSE1
-4,511177334 NENF
-4,511930333 HEATR3
-4,512676893 CCDC169
-4,512693808 XLOC_000495
-4,513156937 XLOC_I2_007834
-4,513490549 XLOC_014097
-4,513638788 SERPINA13
-4,513823887 SOS1
-4,51394348 SLC3A1
-4,514127734 LOC727803
-4,514179224 SLC12A9
-4,514802178 KCNIP3
-4,515028087 ZNF354B
-4,515101936 HIST1H2AI
-4,515321007 POM121
-4,515688948 GOLGA6L10
-4,515694578 MRPS5
-4,515727622 SLC32A1
-4,51652346 PARG
-4,516557189 FAM178B
-4,517181261 PWP1
-4,517465987 XLOC_I2_009332
-4,517968971 PVT1
-4,518357011 HSPG2
-4,518411142 C15orf50
-4,518901926 LOC100130691
-4,519285139 LARP1B
-4,519355744 GTF2H2D
-4,519692145 XLOC_006814
-4,52005253 PKI55
-4,520118952 RPS6KA4
-4,5202337 EXOSC2
-4,520352867 CEP250
-4,520490452 FPGS
-4,520687255 SPN
-4,520698326 XLOC_000812

-4,520727681 ANKRD26
-4,520962031 COL6A5
-4,520979066 MCM5
-4,521169197 LOC400958
-4,521363458 XLOC_I2_004611
-4,521381863 RNASEH2B
-4,521472633 C17orf81
-4,521959315 KIFC1
-4,522151468 DOK4
-4,522783559 HNRNPH1
-4,522859016 CNTRL
-4,522937058 XLOC_I2_003944
-4,523151028 XLOC_000473
-4,523431008 C6orf108
-4,523689756 CHORDC1
 -4,523877 TOP1MT
-4,524026837 GNL2
-4,524262025
 -4,52447496 XLOC_I2_009136
-4,524609107 TRANK1
-4,524662768 ALDH7A1
-4,524780066 SNORD104
 -4,52480331 SNORA18
-4,524866328 GDF11
-4,525028688 ESPN
-4,525355241 WDR91
 -4,52541635 ENOSF1
-4,525438142 SNAR-F
-4,525366739 BDNF
-4,525302958 XLOC_011157
-4,525042285 PPP1R14A
-4,525025963 FABP3
-4,524842296 CCDC90A
-4,524658223 TYR
-4,524563988 FCGR2A
-4,523837012 TUBB2A
-4,523807992 TBC1D13
-4,523796765 HIGD1A
-4,523344396
 -4,52227674 FAM108A1
-4,521902441 XLOC_002685
-4,521751979 PLP2
-4,521696885 RAB11FIP1
-4,521660333 TRAPPC5

-4,521265695 EYS
-4,521107603 FOXO4
-4,520483079 NR4A2
-4,520131437 LOC728084
-4,519951799 XLOC_009578
-4,519791853 ZIM3
-4,519465902 MAN1A1
-4,518665379 MAVS
-4,518471179 CTR9
-4,517783782 CD84
-4,517678775 KIAA1539
-4,517623247 AKIRIN1
-4,517084974 RELL1
-4,516940382 FAM113B
-4,516771557 GALM
-4,516609531 MBOAT2
-4,516260785 SPINT2
-4,515953887 HMOX1
-4,515109152 C9orf30-TMEFF1
-4,515095932 HECW1
-4,51483605 NUPR1
-4,514587751 XLOC_I2_012621
-4,514491527 GNPDA2
-4,513977692 HPYR1
-4,513788284 RNF14
-4,51283569 RGS6
-4,512748447 VAMP7
-4,512503125 CCL23
-4,512299264 HEATR5A
-4,512119626 H3F3B
-4,511913733 LOC100505490
-4,511557878 C15orf54
-4,511319736 C2orf65
-4,511236206 ASB2
-4,511156895 FOXO3
-4,510742801 DPCD
-4,510614909 CLIP2
-4,510499005 ESYT2
-4,510291808 MKRN1
-4,509963544 LIMS3L
-4,525658587 TEPP
-4,526093545 SCARNA4
-4,526387429 XLOC_000266
-4,526267198 ADAT2

-4,526231379 XLOC_001937
-4,525957706 TAOK3
-4,527197321 PLCXD1
-4,527326758 TIMM50
-4,527555927 SNORD116-26
-4,527591705 CTSB
-4,527368671 PLXNB3
-4,527101203 TTTY15
-4,528254845 C6orf164
-4,52843257 LOC100527964
-4,528443743
-4,528140506 SIGLECP3
-4,52796852 XLOC_013788
-4,527931386 NEXN-AS1
-4,528690259 ZNF501
-4,528960569 XLOC_010945
-4,52909668 PTPRC
-4,529466895 CHEK2
-4,529499617 CTPS
-4,529662 WDR73
-4,529782299 TMX2
-4,529910272 XLOC_000930
-4,530202436
-4,530652301 C17orf70
-4,530750253 STMN1
-4,530957207 MAP4
-4,531013104 MAP3K4
-4,53106267 XLOC_005748
-4,530664856 RAB8B
-4,531968514 FAM185A
-4,532044414 XPO5
-4,532336922 ATXN3
-4,532380949 PHLPP1
-4,532740847 ZNF84
-4,533094676 GNAI1
-4,533140675 LOC100652736
-4,53331993 ADAMTSL5
-4,53355324 TMSB10
-4,533676212 LOC155060
-4,533779421 FAM123B
-4,533854535 ZFP64
-4,53417175 TELO2
-4,53460996 RAI1
-4,534874563 DYNC2H1

-4,535186805 XLOC_I2_008027
-4,53520118
-4,535249643 TSR1
-4,535213561 SCARB2
-4,535147544 KIAA1324
-4,534939845 DOK3
-4,534682011 SNPH
-4,534537395
-4,534120007
-4,534017196 CYB561D1
-4,533597874 LOC100505576
-4,533581143 NRG2
-4,533040224 FOXA1
-4,532704906 ID2
-4,532148244 IFNA10
-4,531886788 MYLPF
-4,531412195 LMNA
-4,531341883 SLC44A1
-4,535394696 ZNF33A
-4,536174501 GOLGA8A
-4,536243128 XLOC_I2_000864
-4,536373531 AP2A2
-4,53649461 XLOC_002323
-4,536611322 EIF4E
-4,536539954 TESC
-4,536533065
-4,536805942 XLOC_I2_015585
-4,537155363 ATP2A3
-4,537615859 FOXM1
-4,537911106 LINC00340
-4,537975841 WFDC1
-4,538612959 ATRIP
-4,53869545 EVI5L
-4,538643806 ANKRD58
-4,538570626 PGM3
-4,539281357 LOC100129534
-4,539544104 MTBP
-4,53986224 BEND5
-4,539958337 HHAT
-4,539969724 ZNF511
-4,540047946 RRN3
-4,540424542 CGN
-4,540526157 GPSM2
-4,540760325 HDAC7

-4,540918619 C4orf43
-4,540943166 TUBGCP5
-4,541097528 CRIP3
-4,541226752 TMEM106A
-4,541631588 GLTSCR2
-4,541634511 DLX2
-4,541985618 NSMCE4A
-4,542031058 XLOC_I2_003627
-4,542052214 ZNF18
-4,542246207
-4,542501107 CBWD7
-4,542527686 FAM83H
-4,542655524 BAIAP2
-4,54288708 MLLT1
-4,543431597 BTBD19
-4,543592726 SNORA12
-4,543495845 CFI
-4,543382558 PRKG1
-4,543336193 C9orf95
-4,543283193 XLOC_I2_000894
-4,543039904 ZNF24
-4,542361398 LXN
-4,541987341 RHOQ
-4,541340764 LOC100506338
-4,541339308 TLE4
-4,541308531 PLA2G12A
-4,540092202 C6orf222
-4,540016908 LOC100506740
-4,539834236 DSE
-4,539572877 KCNK7
-4,543727091 PVT1
-4,544100424 LRRC56
-4,544237923 C22orf40
-4,544320816 XLOC_006153
-4,544510801 TMSB4Y
-4,544686176 PEX5
-4,54488269 SMC2
-4,545010007 AURKA
-4,545065185
-4,545318256 NOP2
-4,545346515 CERCAM
-4,545469755 SNORD65
-4,545589652 CLIC4
-4,545873183 PAK1

-4,545936702 KIF27
-4,546312337 XLOC_010077
-4,546531195 RPL32P3
-4,546788376 AKR7A2
-4,547294692 ZDHHC6
-4,547314325 LCTL
-4,547207211 C7orf41
-4,547162669 LINC00222
-4,547835392 PDDC1
-4,548077535 LRRC37A3
-4,548294183 TUBB8
-4,548223378 MPP1
-4,548524478 CHMP1A
-4,549011014 SNORA54
-4,549140931 KDM2B
-4,549156682 NDUFAF2
-4,549241902 ARL9
-4,549269433 PPP1R8
-4,549592036 C6orf192
-4,549818972 CACNB4
-4,549900382 SLC10A7
-4,549941556 UGT1A6
-4,550373342 AP1S3
-4,550823301 MDGA1
-4,551022154 SNORD10
-4,551347488 LINC00263
-4,55141881 B3GALT6
-4,551420727 ANKRD20A5P
-4,552151875 BZW2
-4,552258132 TPRN
-4,552263797 XLOC_I2_007876
-4,552320672 PTTG2
-4,552488041 EIF4B
-4,552899787 SKP2
-4,55333121 XLOC_014137
-4,553554213 UBXN11
-4,553869614 XLOC_001341
-4,553919541 LOC100505894
-4,554129199 PPP2R3A
-4,554215681 PYCRL
-4,554267518 WDR75
-4,554539749 VNN1
-4,554544289 SNORA2A
-4,55471971 METTL8

-4,554758391 MIAT
-4,554976485 LOC646762
-4,555188055 METTL13
-4,555115214 UBE2J1
-4,555047619 KCNQ2
-4,554722585 XLOC_003273
-4,554389612 FAM190B
-4,554313995 VWF
-4,553662045 KIAA2018
-4,553207943 XLOC_I2_010947
-4,553011868 VLDLR
-4,55283964 MPP7
-4,55276278
-4,552491891 KBTBD11
-4,552461085 LAMTOR1
-4,552011932 MAGIX
-4,551575748 XLOC_000031
-4,55118504 AP1S2
-4,55114379
-4,551073017 IL17RB
-4,551006148 GFI1B
-4,550484085 SLC26A11
-4,549916147 PADI2
-4,549055055 XLOC_I2_014850
-4,555600197 DLEU7
-4,555602176 MAPRE1
-4,555998742 XLOC_012754
-4,556298384 FAT3
-4,556367508 SLC8A1
-4,556601528 B4GALT2
-4,556880696 C1QBP
-4,557201706 MON2
-4,557262412 GPRIN3
-4,557485124 HIST2H2AB
-4,557799907 SNORD84
-4,557844178 CHAF1A
-4,557703665 KIRREL2
-4,557672528 GUCY1A3
-4,557411035 KLF5
-4,55801478 HIP1R
-4,558328576 XLOC_004201
-4,5584796 EEFSEC
-4,558577031 Q29HP5
-4,558884707

-4,558844849 UPB1
-4,55906012 TPK1
-4,559478056 UHRF2
-4,559697515 NAT14
-4,559715054 PROS1
-4,559585265
-4,559258272 XLOC_009723
-4,560377228 STAG2
-4,560961035 PPP1R14B
-4,561155779 ROGDI
-4,561077739 XLOC_010859
-4,561075447 BAMBI
-4,560946797 PGBD3
-4,560586169 DNM1L
-4,560576382 LOC100506274
-4,560352173 GPR183
-4,56148286 SNORD116-6
-4,56170054 LILRA2
-4,561685525
-4,561410001 LOC389602
-4,56201955 SLC25A19
-4,562279261 NASP
-4,562690593 XLOC_009079
-4,562713889
-4,562830487 BCL11A
-4,562579354 MDM1
-4,562479919 AHNAK
-4,562204774
-4,563075834 FUS
-4,563036716 LOC100506757
-4,563281438 KIF6
-4,563958087 ACTA1
-4,564192468 GRIK5
-4,5645115 PHF17
-4,564552424 C6orf204
-4,564794953 BAZ1B
-4,564868542 XLOC_001699
-4,564808281 GSN
-4,564534053
-4,56416526 VASH1
-4,56410617 SIGLEC10
-4,564064386 XLOC_010244
-4,565160296 H2AFB3
-4,565652125 ZNF695

-4,565662476 SENP8
-4,565833037 XLOC_I2_001548
-4,566126891 N6AMT1
-4,566174236 LOC90784
-4,566418213 SKA3
-4,56660718 MED1
-4,566629262 SNORD55
-4,566629559 XLOC_003853
-4,56661841 FRY
-4,566499427 SH3TC2
-4,566212463 C1GALT1
-4,565907482 FLJ30838
-4,566857561 C5orf13
-4,567407207
-4,567484663 TUBG1
-4,567528499 PRDX4
-4,567338399 APOBEC3F
-4,56719258 IRF1
-4,567795905 SLC16A1
-4,567900275 LPGAT1
-4,568068735
-4,56846147 C2orf77
-4,56854426 TMEM5
-4,5684998 LTF
-4,56888314 LSM14B
-4,569220047 XLOC_012628
-4,570067886 CIT
-4,57007432 DUT
-4,570419294 MZT2A
-4,570548262 LOC647946
-4,570759085 TCTN1
-4,570819685
-4,570987261 H2AFY
-4,571855805 SLC25A4
-4,572357889 PVR
-4,572932136 PPP1R14B
-4,57318732 PACRGL
-4,573338891 MUM1
-4,573365302 WHSC1
-4,573484777 AK2
-4,573642493 UQCRC1
-4,573962291 LGR4
-4,574004614 HIST1H2AH
-4,574112648 XLOC_I2_005039

-4,57393493 **CYB5R3**
-4,573757982 **GOLGA5**
-4,573687719 **JKAMP**
-4,573667951 **ZNF454**
-4,573656208 **STX4**
-4,573426882 **SBDSP1**
-4,573388042 **PHTF2**
-4,573168154 **RSPH1**
-4,572874782 **XLOC_002593**
-4,572558039 **LOC400128**
-4,57242795 **ZNF778**
-4,57236033 **ANTXR2**
-4,572331516 **NDEL1**
-4,571947436 **ZER1**
-4,571630914 **VCX2**
-4,571383258 **MID1**
-4,571216605 **Sep-05**
-4,570414268 **LIMS3-LOC440895**
-4,570285048 **FAM200B**
-4,569921018 **CAPG**
-4,569822523 **PER1**
-4,574366624 **CD36**
-4,575376347 **DUS4L**
-4,575465625
-4,575665786 **FLJ45340**
-4,575780324 **CD320**
-4,575805083 **TARDBP**
-4,575477084 **C6orf218**
-4,576484715 **COG7**
-4,576627376 **ZNF165**
-4,576885838 **C21orf58**
-4,577458819 **XLOC_I2_007184**
-4,577466153 **WNK1**
-4,577500241 **ZNF146**
-4,577558661 **CCDC149**
-4,577840835 **XLOC_012227**
-4,577888534 **SLC35F3**
-4,577947024 **HSPA1B**
-4,578065764 **ZCCHC18**
-4,578212525 **WDR62**
-4,578769222 **LOC286467**
-4,579162257 **GAS5**
-4,579213347
-4,579348579 **BCL2L12**

-4,579467116
-4,579518079 SNAR-D
-4,579811341
-4,580045759 NSF
-4,580052928 CPVL
-4,580179069 TSHZ1
-4,580466465 LOC100132352
-4,580998564 BUB1B
-4,58102288 SNORA46
-4,581149715 SGK494
-4,581186218 INO80
-4,580935787 S1PR2
-4,580636441 PKHD1L1
-4,580610602 XLOC_004148
-4,580312804 RSU1
-4,580050657 GYS2
-4,580014629 ANKRD57
-4,579994958 C2orf73
-4,579539682 TMX4
-4,579404911 STARD3NL
-4,579137478 BCL2A1
-4,57882845 SNX3
-4,577865729 TIPARP
-4,577401268
-4,577030978 CMTM4
-4,576952018
-4,576815728 FBRS
-4,576714429 XLOC_012335
-4,581480692 TMC8
-4,581951705 TCF4
-4,582012077 HIST1H4K
-4,582266256 ARHGAP32
-4,582157301 CDC37L1
-4,582129765 C9orf30
-4,583020571 XLOC_007231
-4,582955402 TRAFD1
-4,582907843 FKBP14
-4,583526134 SKA2
-4,583813798
-4,584579722 CBX1
-4,584579854 FAM111B
-4,585008396 CCDC41
-4,585200781 MEX3B
-4,585335152 ZNF180

-4,585425311 PMS1
-4,585427833 SFXN2
-4,585712267 SCO2
-4,585765716 C6orf203
-4,585805426 PIEZO2
-4,585862883 F8A2
-4,585865973 SNORA15
-4,585507729 LOC647979
-4,585161362 LOC100132891
-4,584670892 B3GNT2
-4,584453022 FHL1
-4,58407282
-4,584005102 Q29HP5
-4,583948811 LIMK1
-4,583873076 C17orf49
-4,586132799 SEC22B
-4,586070548 DCTN2
-4,586477059 SNRPA
-4,587083105 TARS2
-4,587069305 LOC100131289
-4,587003345 EPB49
-4,587348865 PCNT
-4,587961008 ZC3H14
-4,588174787 FOS
-4,588084026 XLOC_001258
-4,587949676 RBBP6
-4,587865505 RECK
-4,58786516 ANKS1A
-4,587681357 TMEM167B
-4,588463279 FIGNL1
-4,588514733 XLOC_008559
-4,588774971 ZNF573
-4,588688873 XLOC_003912
-4,588609527 FCER1A
-4,589174401 NR2F6
-4,589366081 PYCRL
-4,589577711
-4,589645743 YBX2
-4,589682512 UBR1
-4,5899366 POLE2
-4,589979805 LINC00347
-4,590165695 HIST1H4H
-4,590410173 GSTCD
-4,590573893 LOC100507468

-4,590664113 XLOC_009898
-4,591026583 TMSB15A
-4,590926437 LOC339442
-4,59142493 DNAJC15
-4,591343662 PPAPDC3
-4,59161137 NAA10
-4,59217939 ZBTB24
-4,59233151 WDFY4
-4,592603145 TRIM66
-4,592628552 HIST1H4I
-4,592767482 FRMD4A
-4,592767846 METTL16
-4,592993552 ZNF813
-4,593115198 ETV5
-4,593634929 ST6GAL2
-4,593667388 MPP2
-4,594091807 SNORA33
-4,594179743 EFTUD1
-4,594444253 PPP5C
-4,594444684 S100A3
-4,594529535 LOC729164
-4,594195044 ERVI-1
-4,59412283 BCL3
-4,594013866 TLR1
-4,593973562 HLA-A
-4,593827704 ARF3
-4,593325022 XLOC_014003
-4,593143681 XLOC_003905
-4,592965273 DCUN1D3
-4,592039813 ZBTB7B
-4,591834952 PRTFDC1
-4,595092505 EEF1A1
-4,595211971 MYEF2
-4,595315709 STAT3
-4,595541445 LOC100129034
-4,595518314 XLOC_009526
-4,596100213 XLOC_011183
-4,596309658 LOC144481
-4,596387247 MGST2
-4,59644039 RPL8
-4,596391134
-4,596178649 GUCY1A3
-4,596171095 XLOC_I2_008221
-4,596909822 LIPE

-4,59708438 PRB1
-4,597131791 ACLY
-4,597164655 HNRNPA1
-4,597517997 SCARNA2
-4,597642894 PWP2
-4,597664102 SDCCAG3
-4,597945601 CHD5
-4,597950962 NANOS3
-4,598156193 XLOC_006752
-4,598283618 C14orf169
-4,598390747 FBXO31
-4,598480045 LOC400680
-4,598716821 GEMIN8
-4,599329194 LOC400756
-4,599370201 GREB1
-4,59942371 COG6
-4,599467522 UBIAD1
-4,599814085 HSPD1
-4,599869182
-4,599899509 HLA-DRB5
-4,600650633 XLOC_I2_008203
-4,60086481 XLOC_002997
-4,600989605 HIST1H4L
-4,601122896 CIRH1A
-4,601151366 RAE1
-4,601195327
-4,600971741 SELE
-4,60065493 SLC44A2
-4,600598676 ZNF792
-4,600460739 LOC100506459
-4,600108656 ORAI2
-4,600084775 REPS2
-4,599982502 HERC2P9
-4,599943296 LOC643723
-4,599669315 NANOGNB
-4,599053691 ADAM8
-4,598989924 XLOC_010754
-4,598602653 XLOC_002909
-4,598499481 ST5
-4,597621497 MCOLN1
-4,597329745 WIPF2
-4,601340527 DDX11
-4,601540057 XLOC_I2_015037
-4,601749745 TSIX

-4,601978269 CFH
-4,602444722 NLE1
-4,602549056 DDI2
-4,602587582 SNED1
-4,602698514 THOC1
-4,602904695 TSPAN32
-4,60283146 DSEL
-4,602671208 NCKIPSD
-4,602502788 C1orf150
-4,602478118 COL24A1
-4,602295046 MEGF9
-4,603091481 DNAJC30
-4,603347049 NONO
-4,603390028 LSM2
-4,603360306 CXCR2
-4,603637113 VANGL1
-4,60392101 NDE1
-4,604609349 CLASRP
-4,604920903 BK250D10.8
-4,605045358 LOC100130992
-4,605412195 PLAU
-4,605516611 AFF1
-4,605470404 CHST11
-4,605225273 SGPL1
-4,605122216 LRRFIP2
-4,605033402 GPR77
-4,604713195 TMEM191B
-4,604612532 CYFIP1
-4,604578341 AIM1
-4,604426591
-4,605818839 XLOC_011183
-4,605865856 SAAL1
-4,606003845 TMEM25
-4,606329679 TTC4
-4,606379507 NPM3
-4,606616046 NUDC
-4,60673927 E2F1
-4,607000172 XLOC_010979
-4,607198848 AMICA1
-4,607211318 GYPC
-4,60724896 C2orf43
-4,607792352 XLOC_004135
-4,607834179 XLOC_008666
-4,607843132 CASC5

-4,608031659 MS4A6A
-4,608258733 NAP1L3
-4,60829167 XLOC_000498
-4,608301056 WASF1
-4,608654805 C6orf192
-4,608825895 CYB561
-4,608915603 LOC641518
-4,609194403 C7orf50
-4,609580416 CNTRL
-4,609694775 XLOC_008413
-4,609861844 TRAF2
-4,609986117 TRIM32
-4,610175293 ZNF682
-4,610166362 LOC100128252
-4,609942638 TMEM219
-4,609613088 XLOC_I2_012023
-4,609464714 ITGA9
-4,609413955 CHCHD2
-4,609030438 PRKAG3
-4,608987181 C6orf226
-4,608778484 ATP6V0C
-4,608636425 TUBGCP4
-4,608026562 RTN1
-4,607525146 GOLGA7
-4,607497532 IL1RN
-4,607420318
-4,606738824 P2RX2
-4,606292935 BSND
-4,610731652 LOC100506390
-4,610848766 SFXN4
-4,611048934 RNU1-5
-4,611606668 SMC2
-4,611691679 DDX19B
-4,611826323 CCDC9
-4,611772037 MFSD2B
-4,611759835 XIRP2
-4,611958458 MT3
-4,612282305 KIAA0087
-4,612397263 C1orf190
-4,612483456 ADCY9
-4,612601705 PPP2R5B
-4,612519303 XLOC_I2_015451
-4,61351892 SERBP1
-4,613666573 OR5H2

-4,613727224 KIF14
-4,613903096 CENPN
-4,613932721 TSKU
-4,613889453 RHAG
-4,613862948
-4,613616363 IQSEC3
-4,613296423 XLOC_001607
-4,613119266 LOC100130027
-4,614097039 RGS19
-4,614454334 TMEM51
-4,614368626 IL21R
-4,615017714 MAP2K3
-4,614997975 TNIP3
-4,614906003 HERC5
-4,61470967
-4,614644771 LOC100507347
-4,615239791 TMEM64
-4,615383625 CCDC77
-4,615792824 XLOC_I2_004859
-4,615873319 NAA25
-4,616244947 SNX22
-4,616378796 PIAS2
-4,616404412 ECSIT
-4,616593426 XLOC_I2_001196
-4,616643531 SNHG5
-4,61669076 HMGB3
-4,616729161
-4,616771329 SNORA33
-4,616552093 CDKL1
-4,617456518 IL23R
-4,617632116 BATF3
-4,617854512 FCGR2C
-4,617968319 RBM28
-4,618518348 IPW
-4,618595881 LRRC37A2
-4,61864529 AGAP11
-4,618753622 PABPC5
-4,618857512 CD28
-4,618782989 CSRN1
-4,618373615 C1R
-4,618994216 PCYOX1
-4,619170413 XLOC_I2_010014
-4,619280439 LOC441204
-4,619503272 GLOD4

-4,619602405 SBDS
-4,61989269 EXOSC9
-4,619989885 XLOC_014329
-4,619872733 DBI
-4,620161996 CCDC167
-4,620357057 SAR1A
-4,620720401 ST13
-4,620695779 OR5M9
-4,621112821 HIST2H2AC
-4,621228699 DDX39A
-4,62124899 SNORD17
-4,621297493 H2AFX
-4,620906143 UBE2W
-4,621544943 LINC00323
-4,621836184 UBXN8
-4,621846979 CFDP1
-4,622300715 SETD1A
-4,622411052 ABL1
-4,622307408 CASS4
-4,623236797 HCG18
-4,623378195 TULP3
-4,623378694 RANGAP1
-4,623204093 XLOC_010922
-4,623203179 RIOK3
-4,623739716 C1QL3
-4,624194471 RPL13
-4,624331006 SOX13
-4,624563934 IPW
-4,624475818 GDE1
-4,624767771 MAGEB4
-4,625024109 APIP
-4,625072672 TMEM194B
-4,625088834 LSM7
-4,625466625 LOC100287063
-4,625693592 XLOC_003849
-4,625722869 LOC100507312
-4,625587078 OPLAH
-4,625315966 RAB18
-4,625301371 SLC22A23
-4,626294949 C21orf56
-4,626480968 NUP54
-4,626582762 C21orf15
-4,626385153 MAPK6
-4,626311608 LOC389791

-4,626083865 DUSP10
-4,626692742 DNAH14
-4,627053516 ACSM1
-4,627210567 CCL1
-4,62755923 TFB1M
-4,62780166 CCNB2
-4,627847781 ERP29
-4,627899575 ASPM
-4,628026149 NPM1
-4,628403282 SNORD38A
-4,628407894 SUV39H1
-4,628569168 ST8SIA6
-4,628542727 TM2D2
-4,62845493 PRKAR2B
-4,628766765 ZNRF1
-4,629128079 RNF170
-4,629307468 POLR3H
-4,629446555
-4,629382106 KIAA0513
-4,629607813 LOC388796
-4,629665485 KRT15
-4,630005902 SNORA8
-4,630066746 C8orf56
-4,630999302 CCT4
-4,631066927 LOC100144603
-4,631085908 OR5L2
-4,631219476 WDR54
-4,631535186 DAZAP2
-4,63151956 RAP2B
-4,631380715 SLC6A6
-4,631373428 LOC283485
-4,631144422 LOC100289187
-4,631006304 PTPN3
-4,630797267 TSPAN32
-4,630613768 C14orf45
-4,631658491 MYO9A
-4,631747078 SERP2
-4,631907346 SNHG7
-4,632046628 CSNK2A1
-4,632231999 CD79B
-4,633050082 PLEKHB1
-4,633069377 TYW1B
-4,633156307 XLOC_I2_007928
-4,633638438

-4,633746679 SCARNA13
-4,633762302 NCLN
-4,633782855 APOA1
-4,634300346 PRUNE
-4,634233246 VAMP5
-4,63418933 XLOC_003772
-4,634148497 GP1BB
-4,633962369 GATAD2A
-4,63377591 XLOC_I2_015037
-4,633353644 TMCC3
-4,633337025 PPP3R1
-4,633265161 LOC202025
-4,63313486 XLOC_002236
-4,633071846 XLOC_012025
-4,63305952 FBRS
-4,632790569 XLOC_012105
-4,632273451 XLOC_007450
-4,63460694 SPATA20
-4,635214734 TRIM6
-4,635396823 FAM115A
-4,635602327 MIRLET7BHG
-4,635730633
-4,635927606 TRPV1
-4,636514471 MYBBP1A
-4,636629081 IGSF3
-4,636799246 LOC100131943
-4,636907802 SNORA51
-4,637176405 LOC729887
-4,637246614 NEFH
-4,637494798 SEC61A2
-4,637514746 AXL
-4,637893949
-4,638052168 LMCD1
-4,638460504 LOC100131234
-4,639056794 LOC100506123
-4,639156372 RPL5
-4,639172316 HMGA1
-4,639181153 MAFIP
-4,639389004 PGF
-4,639410877 MECOM
-4,639601907 LOC100133131
-4,639640033 XLOC_009382
-4,639684408 FBXW8
-4,640064562 TOR3A

-4,640082708 KIAA0564
-4,640128384
-4,640160019 SNRPA1
-4,64018564 PUS1
-4,640650853 COPS7B
-4,640710708 HMGN3
-4,640783639 OMA1
-4,641249467 XLOC_I2_015561
-4,64128535 XLOC_I2_013314
-4,64129602 LOC100505702
-4,641202222 SSX2IP
-4,641086411 SIGLECP3
-4,64084788 ISG20
-4,640782053 XLOC_003911
-4,64078005 EHBP1
-4,640691188
-4,640654307 TPM4
-4,640470501 ST7-AS1
-4,640008497 FAM65C
-4,639167004
-4,639053312 SLC22A23
-4,639046144
-4,639002225
-4,638881886 LOC644242
-4,638763584 GBP3
-4,638692853 MMP24
-4,638116675 PBX1
-4,63810396 MAST4
-4,637905267 OR10A7
-4,637788699 LOC100506190
-4,637259455
-4,637228776 LOC283070
-4,637093935 CAPZA2
-4,636931244 ARHGEF10L
-4,636702252 RAC2
-4,635641781 XLOC_007949
-4,635560184 MAPRE2
-4,635460338 PAPL
-4,634966124 SLC45A4
-4,634961444 IL6ST
-4,641610444 LOC728537
-4,641523715 FLJ32224
-4,641959784 TRIM44
-4,642080798 PSMG1

-4,642095791 **CYR61**
-4,642442295 **SNORD50B**
-4,643207243 **LOC401431**
-4,643491073 **LAMC3**
-4,643737242 **SPG200S**
-4,643970064 **HBS1L**
-4,644174465 **GPC3**
-4,644421249 **CRAMP1L**
-4,644445356
-4,644488287 **CEP164**
-4,644666803
-4,644706575 **MDGA1**
-4,644855541 **ITPA**
-4,644882968
-4,6451564 **CDCA7**
-4,645241995 **SNORD11**
-4,645274912 **XLOC_001496**
-4,645118735 **RASGRP3**
-4,645037229
-4,644962878 **SVIL**
-4,644860968 **COL17A1**
-4,644740686 **OTUD5**
-4,644635911 **NCF1**
-4,644153877 **RTN4**
-4,643921988 **XLOC_014197**
-4,643874192 **CAMK2G**
-4,643767098 **PSTPIP1**
-4,643740173 **FAM65B**
-4,642929293 **GLOD5**
-4,642880564 **EIF4G3**
-4,642325328 **XLOC_003555**
-4,642313805 **ITSN1**
-4,645639756 **IRF8**
-4,645668589 **XLOC_011803**
-4,645476766 **MDFIC**
-4,645783785 **EPN1**
-4,646241188 **SLC7A5P1**
-4,646422809 **LOC100288884**
-4,646493653 **LOC100130691**
-4,646720942 **OGN**
-4,646759564 **TOP3B**
-4,646774019 **XLOC_I2_004706**
-4,646770626 **LZIC**
-4,646491663 **CCNA1**

-4,64606756
-4,647121359 XLOC_004125
-4,64703137 ZNF438
-4,646938082 MIR143HG
-4,647358042 RABEP1
-4,647660108 SPTBN5
-4,648002967 XLOC_007413
-4,648072344 NETO1
-4,648192262 CEP55
-4,64821144 SELRC1
-4,648127069 XLOC_I2_008203
-4,64810348 ATP8B3
-4,648352752 LOC91450
-4,648625984 RANBP10
-4,648675721 FAM195A
-4,648681229 CALM3
-4,648917187
-4,649078194 CREB3L4
-4,649260008 SPPL2B
-4,649309356 BLZF1
-4,649217982 CDC42EP1
-4,649699612 UCK1
-4,649727945 SIRPA
-4,649630403 PLXNA4
-4,649624987 FAM107B
-4,649927319 FBLL1
-4,650229916 LOC440944
-4,650217443 HIGD1A
-4,650077761 XLOC_004767
-4,650334841 XLOC_003601
-4,65058612 PRR19
-4,650927612 SLC2A8
-4,650918165 CEACAM21
-4,651414041 HAUS8
-4,651447831 TMEM167B
-4,653079501 C5orf45
-4,653456207 LTA4H
-4,653586882 EEF1G
-4,653937913 HNRNPA2B1
-4,653979621 KCNE1L
-4,654231938 GGCT
-4,654254022 CARS2
-4,654376342 XLOC_I2_001089
-4,654405533 C17orf101

-4,65455527 PIR
-4,654497397 NES
-4,65449684 ARL5B
-4,654471136
-4,653870584 XLOC_006833
-4,653822803
-4,654796285 ZNF493
-4,654871676 LOC348761
-4,654741485 CYP2F1
-4,655038208 SNORD114-21
-4,65529471 XLOC_009630
-4,655822905 TMEM65
-4,655836554 SCRN3
-4,656156083 SNORD59A
-4,656186708 IPW
-4,656250284 SKAP2
-4,656375193 SLC15A1
-4,657006734 LOC441495
-4,657038947
-4,657208079 FIZ1
-4,657412634 TMEM43
-4,657854562 RPS5
-4,658264783 PDZD8
-4,658384871 STAT5A
-4,658544843 SMG5
-4,658851775 BTN2A3P
-4,659205014 FAM136A
-4,659247614 PIGL
-4,659474333 XLOC_I2_013728
-4,659592898 CDCA3
-4,659611303 GPN1
-4,659776128 ITPRIPL1
-4,65984346 LSP1
-4,659848332 BTBD6
-4,659612594 SELT
-4,659503935 COL9A3
-4,659477767
-4,659436493 GP1BB
-4,658963812 DSEL
-4,658772414 SYNPO2
-4,658400022 TRH
-4,658306465 FIP1L1
-4,658108299 DCBLD1
-4,658083948 XLOC_012847

-4,658026939 FGD4
-4,657588427 NAAA
-4,657436695 ADORA3
-4,657350822 TFPI
-4,657132182 EPAS1
-4,657028311 STX7
-4,660069512 XLOC_002650
-4,660189385 BMS1P5
-4,660781925 DAPP1
-4,660721632 BET1
-4,660720318 GSTM3
-4,660600414 ASPRV1
-4,661131682
-4,661269039 NF1
-4,661578087 HMBOX1
-4,661787899 LOC653061
 -4,6620366 FAM99A
-4,662103207
-4,662125409 ZNF25
-4,662007088 SNX27
-4,661914783 LSM1
-4,661837365 ANXA2P1
-4,661509064 CAP1
-4,662521091 GBP4
-4,662857099 ALG3
-4,663109702 AMOTL1
-4,663356944 PLXNA4
-4,663276758 MED12L
-4,663183344 XLOC_012515
-4,663146541 TFE3
-4,662906623 MS4A7
-4,662856072 ITGB7
-4,662584097 PYCR2
-4,662446468 XLOC_000401
-4,662301974 XLOC_004924
-4,663523025 DDT
 -4,66381671 EPB41L2
-4,664241091 R3HCC1
-4,664282333 XLOC_004346
-4,664490058 PSPH
 -4,66459792 REXO4
-4,664856127 PPAN
-4,665421735 NLK
-4,665404806 XLOC_014063

-4,665771182 LRRC2
-4,66615951 RBFA
-4,666268182 TMEM52
-4,666280945 NDN
-4,66629059 EXOSC3
-4,666511972 XLOC_005517
-4,666900125 MLL
-4,666964773 IVD
-4,666999425 CLCN2
-4,66715747 ADD2
-4,66742806 FONG
-4,667448481 A2LD1
-4,667579374 DST
-4,667774311 FHL2
-4,667684545 LOC100510007
-4,667595464 F2R
-4,667455505 PAWR
-4,667357982 FLJ45248
-4,66698187 UTY
-4,66675097 C1orf70
-4,66662841 TAOK1
-4,666566346 CDKL1
-4,666026979 TCP11L2
-4,665580774 MAGEB6
-4,668185874 INTS9
-4,668393981 MIF
-4,668480157 NASP
-4,668499112 TAS2R9
-4,668603181 HAUS2
-4,668856702 CHAF1A
-4,668909392 CCNF
-4,668984764 EDC4
-4,668976127 PLEKHA7
-4,668891923 SLC35E1
-4,668291549 OR5J2
-4,668011373
-4,669118311 XLOC_007557
-4,669396749 CDC42BPB
-4,669923194 TAF1B
-4,669944647 VGLL4
-4,669891375 WDR44
-4,66980503
-4,67006103 MRPS28
-4,670396947 PGAP1

-4,670475177 MAMDC4
-4,670647355 ZNF232
-4,670676214 SLC25A6
-4,670639467 ERP27
-4,670488891 C2orf84
-4,670777309 XLOC_013670
-4,671158879 TLR7
-4,671409908 MYOM1
-4,671377242 PRTN3
-4,671241164 ATG4A
-4,671805424 SRSF10
-4,67181125 RRBP1
-4,671818622 ZNF717
-4,671681145 WBP2
-4,672170696 SLC5A3
-4,672334464
-4,672580617 LOC100507419
-4,672767297 PKNOX1
-4,67384297 MYO1G
-4,673874955 ZNF626
-4,673859698 RAB6B
-4,673610747 SNORD114-10
-4,673517037 DEFA3
-4,674002135 FAM92B
-4,674743341 PDPR
-4,674945238 CHEK1
-4,674994664 HEYL
-4,67523395 XLOC_I2_015201
-4,675394398 STEAP4
-4,675564929 TRIM46
-4,675609682 HLA-DQB1
-4,675712351 LOC100506548
-4,675731099 GABBR1
-4,675779429 KDELC2
-4,675663635 PRICKLE2
-4,67514711 CGREF1
-4,67513259 XLOC_I2_005020
-4,674977706 SFXN5
-4,674626031 PEX3
-4,674482567 PPAPDC1B
-4,675919522
-4,67628601 FANCD2
-4,676305668 POU5F1
-4,676362067 AAAS

-4,676370233 DKFZp547J222
-4,676608821 C21orf81
-4,676530078 XLOC_I2_002271
-4,676832922 KCTD21
-4,677228674 HNRNPA3
-4,67727144 XLOC_013350
-4,677521982 KLRB1
-4,677434998 LRTM1
-4,677359661 ARMC3
-4,677109423 HES4
-4,677045912 ESYT3
-4,677667567 STX2
-4,677740961 FAM185A
-4,678228287 LOC389906
-4,678283663 CEP68
-4,678360112 DEM1
-4,678453518
-4,67862231 SETBP1
-4,678706061 XLOC_003843
-4,678878387 AHCYL2
-4,678848901 MPL
-4,67879031 SAMD4A
-4,678229767 SELPLG
-4,677950594 KIF21B
-4,679283458
-4,679549935 MUC1
-4,679614132 TMEM41B
-4,679547256 IFIT1B
-4,679407864
-4,679770423
-4,680141126 TRAF5
-4,681075546 KLHL23
-4,681083177 DIS3L2
-4,681206176
-4,68148961 MGC21881
-4,681658101 AOX2P
-4,681682042 AGER
-4,681737044 LOC100507153
-4,681735147 YPEL5
-4,681330789 LOC100130097
-4,681212097 TRIP11
-4,681058835 DDX11L2
-4,680883235
-4,68074496 XLOC_013900

-4,68063693 TNFRSF18
-4,680592013 XLOC_005739
-4,680565909 FAM73B
-4,68033817 C9orf16
-4,680257234 LYRM1
-4,680164186 PDLIM1
-4,681858413 HSD17B14
-4,682030449 MRPS6
-4,682358111 SIDT1
-4,682806671 QARS
-4,68287583 ANKRD18A
-4,682946493 LOC100130248
-4,683145016
-4,68318017 MAP7D3
-4,683250757 XLOC_003734
-4,683124503 SPATA13
-4,682927302 MYLIP
-4,682789791 LOC100506190
-4,683610049 CCDC101
-4,683640445 UBE2CBP
-4,683770251
-4,683893049 ZNF816
-4,683839527 PLA2G4A
-4,683572476 FLJ37798
-4,684070195 XLOC_I2_002603
-4,684245031 MAP6D1
-4,684502392 IL18RAP
-4,684504659 LOC645166
-4,684647306 CIZ1
-4,684728179 AFMID
-4,684757165
-4,684493197 LIMS3-LOC440895
-4,684875736 KLRG2
-4,685234394 GAS2L3
-4,685400996 XLOC_I2_007770
-4,685478492 XLOC_002995
-4,685682063 KIT
-4,685773941 METTL21A
-4,685951015 XLOC_003052
-4,686028651 ACACB
-4,686118899 TAF4B
-4,686288957 PLEKHG4
-4,686304146 DNMT3
-4,685866488 LOC285768

-4,686445457 C15orf26
-4,686802281 CAMSAP1
-4,68684944 KEL
-4,686827324 MCL1
-4,687162492 RPTOR
-4,687238138
-4,687258257 C17orf66
-4,687096417 CEACAM6
-4,687512633 TMTC4
-4,687601399 LOC283683
-4,687668193 CRTCL
-4,687565108 KLHL6
-4,688198692 RTP1
-4,688230372 SRGAP2
-4,688339319 WDFY4
-4,688281407 SLC35A2
-4,688184141 XLOC_010018
-4,688452502 XLOC_000643
-4,688651301 CCDC114
-4,688575755 NFIB
-4,688773053 CCDC99
-4,688978503 PAIP2B
-4,689237273 HECW2
-4,689641708 C12orf48
-4,689697246 ZNF443
-4,689891839 XLOC_005327
-4,689960061 PTGIS
-4,690198321 TRIT1
-4,690201726 KIAA0146
-4,690282533 PASK
-4,690368429 FAM200B
-4,69032616 XLOC_008615
-4,690220317 MRVI1-AS1
-4,690204042 LIPT2
-4,689531274 IL6ST
-4,690609851 ITGA4
-4,690658082 NOC2L
-4,690883567 LIAS
-4,690992111 TNK1
-4,690934397 XLOC_004257
-4,691181827 IQCD
-4,691517942 XLOC_I2_012150
-4,691554232 SLC38A7
-4,69156562 ZDHHHC8

-4,691752507 CBWD5
-4,691729599 XLOC_004277
-4,692055018 MYO1D
-4,692275249 SNORD9
-4,692315141 IMPDH2
-4,692464363 LOC644794
-4,692525929 C17orf89
-4,692441517 HIST1H1C
-4,692669132 ZNF780B
-4,692750113 LOC283887
-4,692867037 LMTK3
-4,693036194 NUP85
-4,693180305 XLOC_I2_009884
-4,693747148 CT45A1
-4,693772374 GLT25D1
-4,693782454 C6orf163
-4,694037686 WDR6
-4,694054016 METTL16
-4,69411047 MTPN
-4,69396645 ARHGAP21
-4,693784895 ATP6AP1
-4,694322361 EGR1
-4,694597572 NCAPD2
-4,694775623 XLOC_001542
-4,694921478 SNORD43
-4,695085122 IGSF22
-4,69524717 GBGT1
-4,695596406 CSE1L
-4,695634732 PAK1IP1
-4,695668036 C5orf42
-4,695744796 HIATL1
-4,69590718 GPR50
-4,696345596 DDX11
-4,696443298 LOC100132352
-4,696375047 CYTIP
-4,69617967 ANO2
-4,6965954 LTK
-4,696816063 ANKRD20A5P
-4,697114262 POLR1B
-4,697291916 SWAP70
-4,69757796 CCDC61
-4,697667946 CCT6A
-4,697749355 TRIM65
-4,69839245

-4,698412053 ARHGAP33
-4,698360076 POLR3GL
-4,698360062 XLOC_005613
-4,698246781 NCK2
-4,698111268 FAM108B1
-4,6980733 GSTT1
-4,697851431
-4,698706247
-4,698833486 XLOC_005764
-4,699603475 LOC100289388
-4,699685606 CCDC14
-4,69971777 LOC401037
-4,699739192 PTDSS2
-4,699861596 NBPF3
-4,699786758 CT47A11
-4,699627793 MEIS1
-4,699522796 ARHGAP25
-4,699273091 ARAP3
-4,699229678 PLCXD3
-4,700166929 FCAR
-4,700343983 CNR2
-4,700426476 GDI2
-4,701132643 PTPN13
-4,701260089 PRPS2
-4,701277615 LOC731275
-4,7011297 DNASE2
-4,701126522 ZBTB16
-4,701029774 CD274
-4,701509769 XLOC_I2_010415
-4,701802529 IFI6
-4,70174432 XLOC_013194
-4,701942695 XLOC_I2_011207
-4,702139483 TNXB
-4,702239211 MTRF1L
-4,702437061 RGS6
-4,702421938 UGP2
-4,702958589 CDK4
-4,70300396 XLOC_I2_008140
-4,703126683 LINC00202
-4,703040796 ANGPTL7
-4,702898874
-4,702848859 CHDH
-4,703412058 XLOC_004701
-4,703703912 LCN15

-4,703702859 DGKI
-4,703582569 MYEOV
-4,703940919 SNORA12
-4,704137164 LOC100505875
-4,704056345 MLL3
-4,70474865 POC1A
-4,705099448 LOC100129516
-4,705115843 RAB26
-4,705065492 CYMP
-4,705877839 AQP10
-4,706183555 RHD
-4,706801522 BMP2K
-4,706948756 TSIX
-4,706977718 ZNF138
-4,707119954 XLOC_I2_013125
-4,707247008 LOC388780
-4,707310066 LOC100652913
-4,707349207 STARD13
-4,707566392 LOC100506948
-4,707608391 C6orf125
-4,70760199 TBC1D10A
-4,707435506
-4,707345939 PLCB4
-4,706911797 IKZF2
-4,70671202 LOC100652752
-4,706479073 GPR155
-4,707782603 FUCA1
-4,708312515 LOC149837
-4,708887346 SEC1
-4,70890464 KPTN
-4,708909398 ABTB1
-4,708828224 XLOC_012421
-4,708572532 XLOC_009953
-4,709376897 NFIA
-4,709627887 XLOC_008720
-4,709614933
-4,709455566
-4,709440382 XLOC_I2_003400
-4,709389129 LOC100506190
-4,709283582 SELPLG
-4,709165907 HERC2P2
-4,710068047 C1orf114
-4,710231723 ZNF90
-4,710317931 XLOC_010297

-4,710334969 FLJ43663
-4,710237257 FBXL17
-4,710427577 KBTBD2
-4,710950599 TIMP1
-4,710908163 EMILIN1
-4,710853969 NES
-4,711193528 HJURP
-4,711443259 TTL
-4,711511113 XLOC_008995
-4,711437302 PTPRE
-4,711382028 XLOC_009869
-4,711165627 ZFP91
-4,711893747 XLOC_014139
-4,711904851 CENPM
-4,711837535 SEC24A
-4,712224493 XK
-4,712148446 HLA-B
-4,712136888 TC2N
-4,712334889 TTLL4
-4,712501436
-4,71260967 NCOA3
-4,712892641 TPTE2
-4,712925579 KIAA1671
-4,712995399 COQ3
-4,71300872 MAPK14
-4,713250581 C4orf46
-4,713449182
-4,713770288 PCBD1
-4,713829494 ERCC2
-4,713852137 LOC100505648
-4,713878855 C6orf97
-4,713616182 CXCL6
-4,7141753
-4,714411586 EIF4A1
-4,714468951
-4,714388522 RHOC
-4,714366927 XLOC_004861
-4,714181558 OLR1
-4,714781709 RBM15B
-4,715115067 ELAC2
-4,715193523 PRSS23
-4,715480512 ALMS1
-4,715585733 HDAC11
-4,71559688 C3orf26

-4,715726017 BRAT1
-4,715780223 ZNF642
-4,715936425 GLIPR1L2
-4,715968521 LOC644189
-4,715945289 H3F3A
-4,715483508 TXNDC2
-4,715391469
-4,715277935 TAP1
-4,715141223 RAG1
-4,714651556 SDHC
-4,71614547
-4,716471318 MAGED2
-4,716772358 RNASET2
-4,717325892 DNAH17
-4,717253845 DGKD
-4,717195647 CHST12
-4,717113311 FAM63B
-4,717597822 UCHL3
-4,718089598 SMS
-4,718118618 RNF208
-4,718345922 C14orf167
-4,718509762 AFTPH
-4,718502064 TNS3
-4,718465465 CDC14B
-4,718626587 TPM3
-4,718975533 SH3BP5L
-4,719307181 XLOC_007556
-4,719655151 IHH
-4,720119665 POLDIP3
-4,720143125 MFGE8
-4,720158529 POMZP3
-4,72022137 XLOC_006839
-4,720023844 XLOC_010341
-4,720522738 PITPNC1
-4,720485027 XLOC_010908
-4,720442126 MACROD2
-4,72074651 THG1L
-4,720880736 GAS6
-4,720975389 DZIP3
-4,721037199 SF3B3
-4,72081826 MALL
-4,721301264 EEF1E1
-4,721441842 ZNF331
-4,721417688 LOC100652805

-4,721204576 LOC100507242
-4,721935643 SNORA49
-4,721972055 GOLGA8E
-4,722201885 MCCC2
-4,722171228 LOC100505687
-4,722136999
-4,722558948 MAFF
-4,723101962
-4,723190315 POGZ
-4,723295575 VIPR2
-4,723426165 MIIP
-4,723545798 LOC100506930
-4,723480148 NFKBIZ
-4,723728438 EIF4G2
-4,723704698 KLF7
-4,723899542
-4,724402554 HSPH1
-4,724426828 RPL22
-4,724586109 MAP3K8
-4,724510835 VSIG4
-4,724408824 UTY
-4,724209765 IDI1
-4,724094872 XLOC_I2_013031
-4,724769625 HIGD1A
-4,725407193 SAMD9
-4,725337737 FAM83F
-4,725790129 RABL2B
-4,726306886 CTNNB1
-4,726453623 EIF3M
-4,726587189
-4,726636375 SCARNA22
-4,726674558 VILL
-4,726696287 XLOC_012162
-4,726749333 LOC100506011
-4,726583468 XLOC_013786
-4,726407438 TUSC5
-4,726320369 SERINC3
-4,726314476 ELK3
-4,726298251 HVCN1
-4,725684183 C1orf194
-4,725590498 SLC11A1
-4,726938663 C12orf5
-4,727274147 ZNF512
-4,727390537 XLOC_I2_009136

-4,72747697 XLOC_I2_014694
-4,727610159 OBSL1
-4,727628307 XLOC_002024
-4,727969568 LOC100132077
-4,728055241 LOC100133315
-4,728162565 REEP2
-4,728161545 XLOC_002726
-4,727890288 HELB
-4,72773281 TWF1
-4,727708867 BMP6
-4,727586136 CPA3
-4,727078403
-4,728514265 TLK2
-4,728598453 PLXDC2
-4,728685075 MFN2
-4,72894987 XRCC2
-4,729091068 PHOSPHO1
-4,729160731 NUP62
-4,729077001 KIAA1539
-4,729350501 ZNF444
-4,729511405 LOC100507042
-4,729750953 CRIP3
-4,729759994 URGCP
-4,729714014 ATP5E
-4,729563037 ADH5
-4,729963852 PRCC
-4,730021047 XLOC_000236
-4,730193366 WDFY4
-4,730115468 LCA5
-4,730371413 TMED8
-4,730414992 FAM53C
-4,730515232 APCDD1
-4,730693297 XLOC_007348
-4,730740888 C12orf28
-4,730977799 NME7
-4,731383808 ACY3
-4,732128088 GUSBP5
-4,732443145 PPIG
-4,73285903 SNORA34
-4,732875109 PYCR1
-4,732881644 SLC19A1
-4,733205056
-4,733236121 ZHX3
-4,733341628 CYP4F3

-4,733537935 NOP56
-4,733736129 LOC100507047
-4,733774149 XLOC_009911
-4,73387554
-4,733938046 ZNF726
-4,734236694 C10orf91
-4,734259446 LOC648691
-4,734272617 SETD4
-4,734281127 C10orf125
-4,734362142 XLOC_003166
-4,734430323 SF3A3
-4,734440366 RNF150
-4,734480992 ZNF300
-4,734537577 TCF15
-4,734722354 LOC100130503
-4,734805854 ADA
-4,734850312 LOC100132356
-4,735284116 RPS23
-4,735286233 ALDH18A1
-4,735292699 XLOC_003285
-4,735469729
-4,735666847 HAUS1
-4,735745935 BRCA1
-4,73577164 DBF4B
-4,735917879 POLR2H
-4,735923224 XLOC_002133
-4,736246709 CTNNBIP1
-4,736227434 TBXA2R
-4,736175528 XLOC_I2_015700
-4,736137886 UTS2
-4,736107266 XLOC_002125
-4,735934581 TMOD3
-4,735690052 VDAC3
-4,735216906 ALDH3B1
-4,735059207 GPD2
-4,734889463 FAM113B
-4,734753806 STRN4
-4,734722339 FXD2
-4,734687669 ACCS
-4,734524507 JAM3
-4,734354749 MIR137HG
-4,734157549 SERTAD3
-4,734087531 FGFR1OP2
-4,733621143 XLOC_001035

-4,733216897 XLOC_003916
-4,733032999 NBR2
-4,732947401 PQLC1
-4,732815702 LOC440900
-4,732751394 IGSF3
-4,73251184 XLOC_005413
-4,731704421 C16orf95
-4,736777203
-4,736998754 TK1
-4,737102671 XLOC_I2_002033
-4,737323709 IFITM3
-4,737304237 MYO5C
-4,737241639 SULT1C3
-4,73718783 TPP2
-4,737760972 NRD1
-4,737924715 SNORD62A
-4,738180389 SELENBP1
-4,738318272 TPTE2P6
-4,738665706 LOC100507642
-4,738630762 C17orf74
-4,73889368 C4orf21
-4,739216601 IPW
-4,739156456 LCE1A
-4,739091161 LOC100506035
-4,739729406 XLOC_004323
-4,739802126 AHCTF1
-4,739944743 C20orf27
-4,739908263 LOC100507630
-4,739907048 XLOC_002471
-4,739804989 TECPR2
-4,739558114 NCF4
-4,739502802 LOC100653193
-4,740353256 NFIX
-4,740367508 FAM66E
-4,740683087 LOC100507316
-4,740696364 Q8N7V6
-4,740719161 CDCA2
-4,741110894 GART
-4,741338827 PCDHA5
-4,741380743 NUDT21
-4,741501465 C7orf44
-4,741609214 FBXO44
-4,74163098 XLOC_I2_002560
-4,741719057 NDC80

-4,741809333 XLOC_010635
-4,741742226 IQGAP2
-4,741565545 SEMA3G
-4,74149614 NBEAL2
-4,741472516 PDLIM7
-4,741322721 ADPRH
-4,740851803 SAMSN1
-4,740766268 IPCEF1
-4,740300105 CMAHP
-4,742103047 TRUB2
-4,74229677 NUF2
-4,742300015 LOC285972
-4,742408238 CLDN4
-4,742672508 DDTL
-4,742640739 DEPDC5
-4,74299597 EMID1
-4,743088536 TSPAN3
-4,743104011 POLE4
-4,743139329 HTRA3
-4,74317388 PARVG
-4,743318276 SNHG3
-4,743279621 CAMK1
-4,744425937 LRCH4
-4,744704039 XLOC_I2_002033
-4,745026647 ZSCAN12
-4,745455997 LOC100128851
-4,745437525 C4orf26
-4,745355399 WHAMMP3
-4,745222067 XLOC_I2_006101
-4,745812562 WDR59
-4,746016422 EPB41L4A-AS1
-4,746237363 ZNF287
-4,74631666 TUBD1
-4,746330568 ABCF3
-4,746289616 B4GALT1
-4,746018877 HSPA2
-4,747061194 CDC7
-4,747407491 XLOC_I2_015178
-4,747459482 MRPL37
-4,747506751 CCDC165
-4,747613538 MST152
-4,747667179 DPY19L3
-4,747800643 LIN9
-4,7478711 SLC4A5

-4,747960582 MCM3AP-AS1
-4,748233869 LMF2
-4,748505608 MGC12916
-4,748520385 SNAPC1
-4,748589521
-4,748714666 RPL17
-4,748893927 XLOC_014078
-4,748900736 FUBP1
-4,749041226 ZNF511
-4,74905509 TTC28
-4,749131023 NBPF10
-4,749243393 SMS
-4,749406193 SKA1
-4,749563299 GCDH
-4,749694023 PTGES3
-4,749818768 SNORD100
-4,749875785 XLOC_008370
-4,750010915 MSH3
-4,750013996 GLS
-4,749893466 IMPAD1
-4,749850739 C10orf82
-4,749577832 DAPL1
-4,749269103 SLC39A11
-4,749017745 CLIC4
-4,748928069 LOC400238
-4,748870533 METTL15
-4,748680859 KRT73
-4,748257946 IDS
-4,748231372 AGPAT1
-4,748012684 COL4A3BP
-4,74793761 XLOC_011096
-4,747718082 VPS37B
-4,747453669 PHKB
-4,750281864 MAPK12
-4,750563741 ABCB9
-4,750795903 TRO
-4,750961301 ASCC3
-4,750963876 HSPH1
-4,751008992 LOC100287195
-4,750709575 IKBKG
-4,750668219 SPPL3
-4,75120629 LOC100129322
-4,751428628
-4,751460737 RPL5

-4,751399246 CNPPD1
-4,751680554 IL4R
-4,751804406 SYDE2
-4,751791555 DAG1
-4,751776217 LOC100505601
-4,751957333 GANC
-4,75244443 PARP11
-4,752495103 NEAT1
-4,752541675 PGBD4
-4,752448188 MAN1C1
-4,752258449 TCEAL7
-4,752212893 XLOC_010477
-4,752766003 NAALADL1
-4,752892616 LINC00338
-4,753095176 CLINT1
-4,753200002 CDC42BPA
-4,753428484 DUSP4
-4,753398499 PRSS36
-4,753849083 LOC100130691
-4,753906426 SLC7A6
-4,753930414 DSN1
-4,754086798 MCCC1
-4,754021722 ZNF33A
-4,754869285 CAPN1
-4,754834577 SHE
-4,755190384 DKFZP586B0319
-4,755179996 XLOC_010588
-4,755372879 LOC678655
-4,755305894 C3AR1
-4,755540132 XLOC_002736
-4,755706331 ARFGEF1
-4,75581302 CASQ1
-4,755916564 XLOC_I2_015950
-4,756008999 ANKRD32
-4,756526347 KLHL3
-4,756511169 PRSS45
-4,75674368 CLEC4D
-4,757131963 MRPL21
-4,757158692 TFB2M
-4,757188817 CPSF7
-4,757245475 FSCN1
-4,757382732 MTHFD1
-4,757404504 NDUFS5
-4,756952219 TMEM191A

-4,75786447 XLOC_I2_001771
-4,757910065 LOC100128857
-4,757911698 LOC646241
-4,75787625 RNF208
-4,757620668 ETNK1
-4,757536744
-4,758328499 SNAP25
-4,758409548 ANKRD7
-4,758860761 SLC5A6
-4,758986621 ELOVL6
-4,759149364 NUP62
-4,759375093 MAPT
-4,759383409 TRIM63
-4,759383184 MTSS1
-4,759332416 DBNL
-4,758959889 TRAF3IP3
-4,758911981 RHOQ
-4,758666243 FOXP1
-4,758632712 MALAT1
-4,758604514 OR2T12
-4,75856528 XLOC_002360
-4,75841109 XLOC_I2_010083
-4,759669451 VWA5A
-4,759741677 FGFR1OP
-4,759756826 CHST14
-4,760071109 KDM1B
-4,760090476 PPM1G
-4,760272371 CASP10
-4,760345395 C19orf29
-4,760403884 KGFLP1
-4,760461828
-4,760483518 WHSC1
-4,760464382
-4,760401303 XLOC_010061
-4,759716663 LSR
-4,760762332 EIF2A
-4,760770476 PABPC1L
-4,760899608 NANS
-4,761204286 PROSER1
-4,761250236
-4,76137432 EWSR1
-4,761378674 PLVAP
-4,761474291 ADAM10
-4,761468956 NFASC

-4,761064635 AMIGO2
-4,76093067 XLOC_I2_013564
-4,761561481 ARID1B
-4,761670384 KIF2C
-4,761834135 ANKFY1
-4,762047113 SDC1
-4,762051724 ZSCAN21
-4,762175573 PDCD7
-4,762312833 RAD54B
-4,762299295 MAGED2
-4,762154685
-4,762502802 XLOC_011183
-4,762558177
-4,762728101 PIP5K1B
-4,762685994 MGAT5
-4,763115684 TOMM20L
-4,763170735 LOC100131283
-4,763220161 GK3P
-4,763209329 PPARG
-4,763432694
-4,763697983 LOC441204
-4,763749321 LOC283788
-4,763763378 XLOC_I2_007928
-4,763661893 OGFRL1
-4,763452147 PNMA1
-4,763855232 DYTN
-4,764004108 PFKL
-4,764092811 TRA2B
-4,764431964 ORAI3
-4,764354274 PRRT3
-4,764655151 LY86
-4,765017785 C6orf226
-4,765351303 HGF
-4,765273472 CRYZ
-4,765698179 TMEM237
-4,765751854 NCAPG2
-4,765896517 BLOC1S1
-4,766020135 PRKRIP1
-4,766314293 MRPL11
-4,766641937 MORN4
-4,766684249
-4,766592632 XLOC_010843
-4,767103182 PAIP2
-4,767309087 XLOC_004848

-4,767454584 XLOC_003836
-4,76794036 STARD8
-4,767870998 DOK6
-4,768049358 NPM2
-4,768282227 SLC9A7P1
-4,768910558 PI4KAP2
-4,768933739 SLC25A14
-4,769064741 C1orf112
-4,769299561 CLCN5
-4,769275042 MAN2B2
-4,769225269 RAP1GAP2
-4,769158381 C18orf8
-4,76907338 BET1L
-4,768667503 GPR97
-4,768651732 PITPNM2
-4,768584295 FNDC4
-4,76957631 MRPS24
-4,769574326 STX11
-4,769548603 TAX1BP3
-4,769811385 FAM86A
-4,769820535 HMBOX1
-4,769741563 CTSW
-4,770243189 XLOC_006680
-4,770567023 ADAMTS14
-4,770619467 GATC
-4,770739738 PLA2G6
-4,770838647 CENPN
-4,77095733 FAM117B
-4,771158905 C6orf48
-4,771222711 HLA-DPB1
-4,771321285 SLC35E2
-4,771525064 XLOC_013038
-4,77160639 SCN2A
-4,771669299 GYPA
-4,77160819
-4,771530652 LOC284454
-4,771477397 XLOC_002206
-4,771458419 LOC100507278
-4,771422623 PILRA
-4,771374926 GSDMA
-4,771225024 XLOC_007062
-4,770932507 ZNF2
-4,77069103 IFI27L1
-4,770313648 XLOC_010271

-4,770007717 RASGRF2
-4,772231923 ABI2
-4,772211595 UIMC1
-4,772448217 WDR33
-4,772769577 EP400
-4,772927686 FAM185A
-4,772979157 MAP7
-4,773015048 ZNF625
-4,773095926 JAKMIP3
-4,773186415 TRA2B
-4,773232183 LYL1
-4,772718021 ZBTB26
-4,772681535 XLOC_013108
-4,772681093 TNNT1
-4,773403434 RBM14
-4,773487113 XLOC_008263
-4,773899593 WSCD2
-4,77434413 SNORD3B-1
-4,774397245 XLOC_010996
-4,774515396 KRTAP4-11
-4,774644219 MCART1
-4,774644072 MAOB
-4,774477017 ARRDC3
-4,77446916
-4,77496109 LYRM4
-4,77496336 LOC441666
-4,774986465 IDS
-4,775331804 HDAC2
-4,775559966 COL15A1
-4,775593263 ZMYM1
-4,775688381 LOC100506691
-4,775770666 THOC3
-4,775845193 RABGAP1L
-4,776186935 C12orf24
-4,776320061 NBEAL1
-4,776332527 MXD3
-4,776403736 C14orf33
-4,776278926 HSD17B3
-4,77612528 PSMB5
-4,776550132
-4,776774912 DVL1
-4,776729463 MADD
-4,777046528 ZMYND11
-4,77716556 KCTD20

-4,777133884 PFAH2
-4,776999592 LOC100507675
-4,776857304 UCN2
-4,777290788 LINC00200
-4,777348522 CMTM1
-4,777431163 C1orf229
-4,778046301 MSH6
-4,778015084
-4,777941368 ZGLP1
-4,778267331 ZFAND2A
-4,778514375 SMC4
-4,778612672 LRP1
-4,778537226
-4,778739095 GINS3
-4,778817447 CDC25A
-4,778997539 NR4A3
-4,778996868 DAPK2
-4,779438574 PDE1C
-4,779565213 CRYGD
-4,779751117 XLOC_003515
-4,779982672 HIST1H1A
-4,780025303 FAM129B
-4,780142601 POU2F1
-4,780157935 KIAA1826
-4,780190887 AMOTL1
-4,780203374 JMJD1C
-4,780495874 STBD1
-4,780520794 IL6ST
-4,780455785 C9orf40
-4,78034188 IGFN1
-4,780273636 ISCA1
-4,780109699 MITF
-4,779819425 TICAM1
-4,77980669
-4,779694235 XLOC_I2_005465
-4,779645417 NEURL2
-4,780645082 CCDC68
-4,780840989 CYTL1
-4,780950816 LILRB5
-4,781097176 XLOC_003825
-4,781186451 FABP5
-4,781373364 C5orf39
-4,781515125 YPEL1
-4,781584622 C9orf103

-4,781455644 CHD7
-4,781723186 FAM161A
-4,781827725 XLOC_011752
-4,781946086 SOX13
-4,782023866 RGS5
-4,782171098 CAPN13
-4,782482791 MGC21881
-4,782625779 XLOC_000041
-4,782731203 ALG8
-4,782744473 PABPC3
-4,782906995 MAPRE3
-4,782945965
-4,782952394 LOC100130197
-4,782678613 LOC100506190
-4,782396418 RHOH
-4,783210786 XLOC_002793
-4,783444628 SCP2
-4,783381478 SPPL3
-4,783366992 PKIA
-4,783330942 RASL11A
-4,783708611 SCMH1
-4,783748534 APOL6
-4,783692932 MMP19
-4,784302534 PKLR
-4,784336378 FJX1
-4,784414555 DECR2
-4,78455887 XLOC_I2_006322
-4,784821618 LOC100288069
-4,78484422 PTC3
-4,78487754 XLOC_009474
-4,784842247 TSPAN10
-4,784625358 XLOC_003204
-4,784495182 TPM1
-4,784212346 RAI2
-4,785214092 ZNF169
-4,785137727 TNFAIP8L3
-4,785377747 RPS6KL1
-4,785364933 STAC
-4,785561491 ABLIM1
-4,785555475 SPSB2
-4,785670542 ANKRD20A2
-4,785887566 TBC1D3B
-4,785901716 MTR
-4,785991139 JRK

-4,786122466 C5orf30
-4,786335327 FAHD1
-4,786335444 LOC388796
-4,786377687 C11orf84
-4,78644718 TLR10
-4,786956197 DKC1
-4,787029677 SYNPO2L
-4,786984678 LOC100507236
-4,786810922 TMBIM6
-4,787319642 LOC401357
-4,787336961 CNRIP1
-4,787380656 UAP1L1
-4,787661941
-4,787792911 SAP30BP
-4,788096838 GPA33
-4,788490281 LOC100288069
-4,788606546 PKN2
-4,788575669 RPS6KA2
-4,788550102 OR2B11
-4,788390627 TNFAIP8
-4,788311728 MIR22HG
-4,78817853 PLXNA1
-4,788065457 LOC100507508
-4,78802516 MALAT1
-4,788829915 ARHGAP23
-4,78890454 IKBKB
-4,788882645 THBD
-4,789163878 RAVER1
-4,789268796 LSM14B
-4,789349395 HS3ST3B1
-4,789398043 XLOC_I2_001399
-4,789354625 LOC284561
-4,789600828 CAMKK2
-4,789617412 JPH1
-4,789807057 A1BG
-4,790129956 DHRS13
-4,790384122 INCENP
-4,79046311 LOC645195
-4,790479508 TSIX
-4,79056316 MPEG1
-4,790581701 DACT1
-4,790527688 NDUFB6
-4,790948137 C1orf74
-4,791018861 RAC2

-4,791070111 NT5DC2
-4,791201168 ZNF718
-4,791218644 XLOC_I2_015037
-4,790949118 CTNNAL1
-4,790817916 XLOC_I2_007783
-4,790758575 TFG
-4,791662911 HLA-A
-4,791847607 LOC100507002
-4,792062189 XLOC_013298
-4,792140481 IFIT1
-4,792485478 SRRT
-4,792443608 APOL1
-4,792590493 ITM2A
-4,792841696 HIST2H2BE
-4,792898023 LRRC37BP1
-4,793086405
-4,793222842 MOP-1
-4,793477256
-4,793610914 MFNG
-4,793753164 LOC728431
-4,794094744 XLOC_I2_006994
-4,794277859 LOC643699
-4,79439759 SNORD53
-4,794552718 CCDC23
-4,794548255 DEFB121
-4,794416753 XLOC_I2_015295
-4,794330906 PPFIBP2
-4,794721971 XLOC_006124
-4,79501421 ZNF461
-4,795030391 MPDU1
-4,795103193 SUGT1P3
-4,795291568 LOC100293962
-4,795527945 IGFBP2
-4,795549212 GPER
-4,795711487 AP4M1
-4,7957654 LIN28B
-4,795810608 LOC100506190
-4,795744614 WDR11
-4,795734943 UBE2E3
-4,795732022 C21orf88
-4,795252961 MAFA
-4,795159376 IFI27
-4,795896873 DNM1P46
-4,795975163 RAD51D

-4,796037481 ZNF486
-4,796188698 H1FO
-4,796423099 C1orf35
-4,796523813 HNRNPA3
-4,796542439 XLOC_I2_013125
-4,796425032 PRMT2
-4,796867518 XXYL1
-4,796932955 ASB1
-4,796958501 FAM98B
-4,797026151 C14orf91
-4,796893075 PCYOX1L
-4,797133455 MESP1
-4,797280646 RMND5A
-4,797439398 SLC35D2
-4,797743991 SEC16A
-4,797825479 PHPT1
-4,797865805 XLOC_I2_013873
-4,798037787 NUMA1
-4,7982194 DCAF6
-4,798393364 P2RX7
-4,798420124 PLK1
-4,798483828 ATIC
-4,798726789 LOC731275
-4,798970217 CTPS
-4,79897427 C1orf96
-4,799118688 CA5A
-4,799205507
-4,799455822 XLOC_I2_001064
-4,799718419 FLJ10661
-4,799777519 IL4I1
-4,799856856 XLOC_008359
-4,799934018 LOC92249
-4,80011536 ROR1
-4,800246301 XLOC_I2_015632
-4,800308168 MBD2
-4,800956414 XLOC_006485
-4,801092404 MRPS9
-4,80121968 LOC389634
-4,801248021 CCDC137
-4,801325724 PTP4A3
-4,801325889 SHROOM1
-4,801345572 HAUS5
-4,801286189 RSPO3
-4,801238644 HMGN1

-4,801225829 SERTAD1
-4,801076685 ELF1
-4,800920421 PFN1P2
-4,800828329 CD63
-4,800549205 ITGA2B
-4,800494886 GATA1
-4,801737619 ARID1A
-4,802326609 LOC100505634
-4,802319599 SEC23B
-4,802723394 EGLN1
-4,802700568 MAP3K8
-4,802884059 GEMIN2
-4,803544357 HERC1
-4,803538056 LOC728190
-4,803536703
-4,803359155 TRPM4
-4,803774402 LOC100506528
-4,80380248 PIH1D1
-4,803707134 MARCKS
-4,803993921 MICB
-4,803969057 XLOC_000765
-4,804379002 GFM2
-4,804452227 MPZL1
-4,804759198 LOC100505633
-4,804858508 XLOC_000643
-4,804986297 CCDC34
-4,805052066 CHPF
-4,805132866 LOC100131257
-4,805136908 BACH1
-4,805520655 PTC1
-4,805546828 C12orf47
-4,805520781 SRGAP3
-4,805507503 KMO
-4,805451608 LOC157273
-4,805292699 LOC151300
-4,805187782 NUDT4
-4,804672577 IL1RAP
-4,804647988 ANKRD62P1-PARP4P3
-4,804475889 LOC100294145
-4,805801167 LOC100505613
-4,80591014 LARS
-4,806169732 PLXNA3
-4,806426036 LRRC25
-4,806538319 CLOCK

-4,806584916 ANAPC1
-4,806715771 XLOC_013681
-4,807032064 XLOC_I2_006025
-4,80732805 NOB1
-4,807342944 AUTS2
-4,80746218 SPOCK2
-4,80783174 PCNA
-4,808695601 C11orf74
-4,808694473 TTK
-4,808588591 FLJ41423
-4,808540966 TMED5
-4,808801552 TNFRSF10B
-4,809062504 CPNE2
-4,80928035 BEX2
-4,809283816 OSBPL5
-4,809439271 PPP6R1
-4,809446724 CAST
-4,809573947 ARHGAP32
-4,809830478 WRN
-4,809950427
-4,810406355 RANBP9
-4,810562743 FAM21C
-4,810541748 KCNA6
-4,810869099 RPL37
-4,810952103 XLOC_I2_011413
-4,810928598 ACOXL
-4,811257728 CHORDC1
-4,811265612 DDX28
-4,811262102 VAPB
-4,811195192 PAOX
-4,811482567 TSFM
-4,811776031 MACROD1
-4,811815763 ZNF598
-4,811839455 CDC14C
-4,811687126 PTK2
-4,811587644 SHC1
-4,811581702 KCNIP2
-4,811983907 NR2C2AP
-4,812125109 MINA
-4,81219261
-4,812244362 FABP5
-4,812287363 ZNF761
-4,812349288 PTPRO
-4,812617275 PROM2

-4,812902143 HS3ST3A1
-4,813132871
-4,813237467 LOC648771
-4,813276238 TTBK2
-4,813321159 XLOC_012036
-4,813157739 MTMR10
-4,812998853 PNRC1
-4,812912592 LILRA3
-4,813428679 LOC643699
-4,813610792
-4,813796443 FKBP11
-4,813884398 PEBP4
-4,814130484 LOC100130430
-4,814483058 MIPEPP3
-4,814491692 CIITA
-4,814497474 XLOC_001114
-4,814408869 SPRY2
-4,814364782 LRRD1
-4,814321732 TAP2
-4,814311022 XLOC_013581
-4,814043523
-4,814002788 XLOC_009485
-4,814626551 SUV420H1
-4,814787556 APOL2
-4,814915127 ERCC4
-4,814866191 RAB2B
-4,815040431 ZNF584
-4,815284334 AMDHD2
-4,815383229 CUL9
-4,815467763 LRRC27
-4,815524941 PDE6G
-4,815538602
-4,815606541 ZNF701
-4,815735768 CD177
-4,815721141 LOC644686
-4,815471035 GIMAP1
-4,815295744 PVRL2
-4,816045254 RPL21
-4,816375774 LOC157740
-4,816491653
-4,816435273 CTIF
-4,816670109 XLOC_I2_014694
-4,816734481 CCDC58
-4,816707229 XLOC_011578

-4,816857103 UCA1
-4,816895369
-4,817017253 CCDC99
-4,817157363 RPL39L
-4,817191828 CAMTA1
-4,817367611 LOC100132167
-4,81744582 AMD1
-4,817531145 SET
-4,817671612 C2orf3
-4,817780858 FH
-4,817824903 EFNB2
-4,817956209 HEG1
-4,818173027 EBNA1BP2
-4,818185331 LOC100506855
-4,818408491 BEGAIN
-4,818462024 FONG
-4,818599716 THSD7A
-4,818718198 ERMAD
-4,818761633 LOC100131581
-4,818850879 DHDDS
-4,819050545 HEATR8
-4,819168021 THAP7
-4,819141207 XLOC_I2_007783
-4,818970694
-4,819343852 HUWE1
-4,819469271 ADSL
-4,819526813 LOC100507645
-4,819571708 XLOC_006985
-4,819640011 C1orf200
-4,819796531 SLC25A15
-4,819940947 ZNF254
-4,820170666 FMNL3
-4,820162664 DUSP19
-4,820361394
-4,820568655 CBS
-4,820707313 MS4A6A
-4,820742028 CAPN2
-4,820628524 BRPF3
-4,820462789 SPRYD7
-4,820388488 ZCCHC24
-4,820915099 SMTN
-4,821000334 ANKRD33B
-4,821119989 GSTA4
-4,821239092 C17orf89

-4,821279726 SYTL4
-4,82145482 LOC100131763
-4,821628393 AKAP1
-4,821794167 LOC100133311
-4,822076281 LOC375190
-4,822166877 NFS1
-4,822109125 USP12
-4,822402997 PAM16
-4,822471712 DPRXP4
-4,82244475 C12orf76
-4,823024267 TTC18
-4,823032141
-4,822943915 PLAA
-4,823297005 TTC39C
-4,823394236 PIWIL4
-4,823342477
-4,823203899 PRTFDC1
-4,823595766 TBC1D16
-4,823637771 XLOC_006220
-4,823565622 MMP23B
-4,82380117 FANCM
-4,823816945 LOC100506643
-4,823984324 DPYS
-4,824075248 ANAPC7
-4,824139304 PIKFYVE
-4,824281714 C16orf58
-4,824415292 C17orf110
-4,824538455 FLJ46906
-4,824659108 XLOC_I2_003992
-4,82481953
-4,824889653 LOC647979
-4,825261768 XLOC_I2_013873
-4,825284683 HCP5
-4,825419886 CCT8
-4,825530847 CHRNA5
-4,825568395 MLLT3
-4,825863488 LOC257396
-4,8259174 FLVCR1
-4,825944321 SLFN11
-4,82598142 LOC100506190
-4,825701993 ZNF778
-4,826063697
-4,82615729 ACD
-4,826590782 LRRC7

-4,826769309 TRIP13
-4,826805599
-4,826825561 GCSH
-4,827005011 FAM24B
-4,827011335 CDK5RAP1
-4,827155444 CXorf21
-4,827335843 HLA-DPA1
-4,827345723 XLOC_012507
-4,827351289 HCG18
-4,827242086 PIK3C3
-4,827101265 XLOC_I2_009968
-4,826995938 PHF20L1
-4,82680824 TMEM164
-4,826649787 GPD2
-4,827459432 LOC641746
-4,827632235 EIF2B3
-4,827701048 SNORA71B
-4,827707419 NPHS2
-4,827800587 FBL
-4,827817444 IGLL1
-4,828069182 ECE2
-4,828093111 SHMT1
-4,828161954 XLOC_013923
-4,828189895 RNF213
-4,828318509 KIAA1598
-4,828328987 CCDC103
-4,828178145 TTC39A
-4,827911109 GUK1
-4,828778072 DNMT3B
-4,828919308 OR7E91P
-4,828902229 TG
-4,828827252 FCRLB
-4,829082078 IGLL1
-4,829452255 MRPL52
-4,829479621 XLOC_007697
-4,829677303 MMS19
-4,829955552 PMS1
-4,829993696 MYO19
-4,830049865 TNNT2
-4,829913532
-4,830261514 PTCH1
-4,830453246 SLC35F2
-4,830568233 LILRB1
-4,830872792 HDGF

-4,830923525 ITGB2
-4,830900261 JKAMP
-4,830796213 NDUFB8
-4,830741325 HCG26
-4,831225908 XLOC_011183
-4,831239139 MKRN7P
-4,831405041 KDM5A
-4,831433397 WDR43
-4,831458903 XLOC_I2_009292
-4,831478301 DNM1P46
-4,831522924 RASSF5
-4,831656226 ARHGAP21
-4,831872642 HIST1H4A
-4,831931282 KIAA0355
-4,831848316 FLJ25694
-4,832006808 PHF8
-4,832164396 MYB
-4,832332414 NOC3L
-4,832397638
-4,8322823 GTF3C5
-4,83250855 XLOC_000363
-4,832559206
-4,832638301
-4,832890088 ESPL1
-4,83291022 XLOC_000676
-4,833190363 DBT
-4,833314231 PFN1
-4,833785819 WBSCR16
-4,833819179 METRN
-4,833926394 LOC387723
-4,83394511 S100B
-4,833992516 C20orf103
-4,834219515 UPF2
-4,834242614 ZNF37A
-4,834260425 SLC22A15
-4,834335637 RXRB
-4,834350737 EVC
-4,83465096 SNORD116-27
-4,834662827 LOC728485
-4,83471981 SNHG8
-4,834737029 SETD6
-4,834836789 C15orf2
-4,834873308 TRPT1
-4,834881246

-4,834586092 NROB1
-4,834372368 SSH1
-4,83401369 VMP1
-4,833870068 NPRL3
-4,833780876 NBAS
-4,835061644 MRPL16
-4,83522435 DNAJC30
-4,835174063 TCN1
-4,835351591 LTB
-4,835572097 PHYH
-4,835841527 C17orf87
-4,836020862 FAM83A
-4,836106371 PPIL2
-4,83640032 NOS1AP
-4,836473773 TSIX
-4,836474204 RRN3
-4,836449916 FLJ33996
-4,836439923 XLOC_005664
-4,836282422 NDUFA12
-4,836089298 RNF32
-4,835862697 SERPINE2
-4,836621452 GNA15
-4,83681837 CEACAM1
-4,836956295 FSD1L
-4,836945677 MAP2
-4,837075499 RCN1
-4,83716498 GMFB
-4,837147554 CNST
-4,837338276 XLOC_004924
-4,83758647 UBE2T
-4,83768613 FRAS1
-4,837771068 KIAA1407
-4,837818454 XLOC_I2_014077
-4,837959255 NOL6
-4,837958595 GARNL3
-4,838140474 XLOC_I2_006399
-4,838090701
-4,838300055 FRY
-4,838232279 TMEM91
-4,838494495 MRPL45
-4,838521751 BNIP3L
-4,838440634 COL11A2
-4,838612552 RCL1
-4,838696861 MAPK8IP1

-4,83890382 RGPD6
-4,839120693 UNKL
-4,839389519 NXF3
-4,839514853 CYP17A1
-4,839529612 C8orf50
-4,839871816 SLC24A4
-4,83993914 ADD2
-4,839994538 DTX2
-4,840021897 TMSB15B
-4,840038002 C4orf46
-4,840052656 DPY19L2P2
-4,84025763 LARP1
-4,84029152 MINK1
-4,840285867 WDR1
-4,840221287
-4,83978642 XLOC_I2_006789
-4,839738297 ARF1
-4,839620841 KLHL18
-4,840500989 ZNF202
-4,840576128 CTU1
-4,840653719 EARS2
-4,84082508 NBPF14
-4,840917552 MRPL9
-4,840985346 RPL22L1
-4,840997515 SEMA3C
-4,841036681 MRPL12
-4,841077602 MIPEP
-4,841144905 GLT25D2
-4,841086416 MCTP1
-4,841045352 LOC728431
-4,841919273 ADRA1A
-4,841927127 HYAL2
-4,841954431 ACTR5
-4,841957768 WEE1
-4,84200346 CD164L2
-4,842114644 TRANK1
-4,842176086 MRPS35
-4,84220267 LOC283335
-4,841964663 B2M
-4,841704984 FCGR1B
-4,841580823 LETM1
-4,842343487 HAR1A
-4,842309684 XLOC_007018
-4,842542096

-4,842758001 CRAT
-4,842920817 LOH12CR2
-4,843282248 SRGAP2P2
-4,843326254 SLC25A36
-4,843379737 C21orf59
-4,843308827 RAP2C
-4,843234087 N4BP2L2
-4,843455705 SNORD116-4
-4,843762842 KCNIP4
-4,843763256 ACAD9
-4,843933133 ECEL1P2
-4,843979522 LYRM5
-4,843874125 HMHA1
-4,844143524 AKR1C1
-4,844093054 PRR7
-4,844399276 LOC100506499
-4,844679323 TERT
-4,844732974
-4,84492187 C11orf82
-4,845057271 ASNS
-4,845098541 PDCD5
-4,845110548 GLYATL1
-4,84510596 PMCH
-4,845032294 NT5M
-4,845003782 FLJ37786
-4,844743919 LOC390660
-4,844649213 KCNK17
-4,845180162 LOC440040
-4,845287469 SETD6
-4,845322128 PRSS3
-4,845452892 LOC100130428
-4,845497462 FEM1A
-4,845749695
-4,845833964 RPS3
-4,846113815 MGC21881
-4,846075686 ARHGEF10L
-4,846203433 OMA1
-4,846311594 HIST1H2AM
-4,84635412 HIST1H4F
-4,84644512 CGREF1
-4,846675241 TEX101
-4,8466693 STK3
-4,846631457 SLCO4C1
-4,846840021 SLC6A17

-4,847084231 SRPK1
-4,847073367 EP300
-4,847033821 BCR
-4,846940178
-4,846754447 PYGB
-4,847274346 MRPL48
-4,847263454 CDK14
-4,847608736 XLOC_I2_013277
-4,847642371 XLOC_002730
-4,847546756 MURC
-4,847443216 IRF9
-4,847860493 TMEM206
-4,847882297 PRDM1
-4,848132273 COQ2
-4,848279127 XLOC_I2_002729
-4,848236344 RDX
-4,848493134 ARL3
-4,848554867 MRPS27
-4,848665577 PCOLCE2
-4,848684769 XLOC_001667
-4,848681857 PPM1A
-4,848678887 XLOC_006882
-4,84906928 XLOC_I2_000423
-4,849172055 MAST2
-4,849202045 ZDHHC2
-4,849360893 XLOC_I2_015562
-4,849825307 PAICS
-4,849843386 CR1
-4,849787982 EFHB
-4,849781755 MCU
-4,849701669 XLOC_001081
-4,84953679 LOC100507539
-4,849911634
-4,850366472 HNRPD1
-4,850402905 LOC401286
-4,850460757 NCAPD2
-4,850533375 METTL15
-4,850678867 PUSL1
-4,850742896 TRIM28
-4,850815027 RNF220
-4,850857024 RNASEH2A
-4,851013703 COQ3
-4,850982918 LOC255654
-4,85095007 CD68

-4,850775358 CD300A
-4,850249594 FCGR1B
-4,851214612 FKBP11
-4,851379829 ETV6
-4,851396121 LOC283028
-4,851277766 CLMN
-4,851539736 HERC2
-4,851535666 SIGLEC5
-4,851689236 LOC100652897
-4,851631396 SNAR-B1
-4,851756292 IPO4
-4,851960519 KLHDC8A
-4,852110007 LOC100506447
-4,852334888 XLOC_006188
-4,852545783 SLC9B2
-4,852710898 GNPTAB
-4,852704236 BCL2L14
-4,852897829 PRDX1
-4,852984749 SLC30A1
-4,853190387 MCFD2
-4,853300892 GYPB
-4,853304005 MPZ
-4,853159372 DR1
-4,853379565 AQP3
-4,853610733 FLJ46906
-4,853638543 SRRT
-4,853914312 XLOC_005471
-4,853988461 GSG2
-4,853989801 DNHD1
-4,85412478 LOC401127
-4,854299586 EEF1B2
-4,854329528 ACOT9
-4,854358661 TUFT1
-4,854343628 XLOC_I2_015879
-4,854757615 C10orf58
-4,854775324 NPHP3
-4,854811651 LOC100506649
-4,854755574 CTNNB1
-4,854643739 XLOC_014364
-4,854640442 LOC100616530
-4,855052536 HIST2H4B
-4,855229492 PVT1
-4,855433914 ZBTB46
-4,855446582 SETMAR

-4,855515915 RNF213
-4,85568277 XLOC_011150
-4,855714331 XLOC_008642
-4,855704451 XLOC_008467
-4,855549838 ZSCAN2
-4,855472055 ARCN1
-4,855466165 AKIRIN2
-4,855259655 PSTPIP2
-4,855840084 MYO1E
-4,856075524 DLGAP1
-4,856057177 XLOC_I2_001760
-4,856323401 LOC100131094
-4,856627382 PSMG4
-4,856639778 ZWINT
-4,856993822 ZNF273
-4,857106644 XLOC_I2_001359
-4,857320925 DOCK2
-4,857350806 CYP4V2
-4,857444833 ZFP36L2
-4,857464089 TBC1D8
-4,857466718
-4,857474441 VASP
-4,857348774 NHLRC2
-4,857314073 NDST3
-4,857091424 GPRASP2
-4,856939857 ATP9A
-4,85691582 CAMTA1
-4,856901616 PPP1R16B
-4,856796619 SNORD114-17
-4,857726588 PFAS
-4,857852619 SLC9A3R2
-4,857928639 TIMM44
-4,85800716 XLOC_011535
-4,858182762 FLJ44124
-4,858209013 NUP160
-4,858329983 PTPDC1
-4,858492663 PMPCA
-4,858496082 MIER3
-4,858652018 RRS1
-4,858734062 C8orf33
-4,858760086 FAM91A1
-4,858773383 LOC401320
-4,858931441 FABP5
-4,859368452 AGMAT

-4,859482877 MGC27345
-4,859835452 BRD9
-4,859836591 OSGEPL1
-4,859913895 FAM174B
-4,859963986 LOC729558
-4,860058275 LOC100507599
-4,860242793 CIRBP
-4,860249278 RNF213
-4,860190996 XLOC_006223
-4,860163705 KCTD10
-4,860100967
-4,859956685 XLOC_I2_005804
-4,859828818 SPATS2L
-4,85964657 DUSP28
-4,859525069 RNF122
-4,859519887 AMD1
-4,859492448 C8orf85
-4,859450323 XLOC_005526
-4,859408157 LOC100131490
-4,859311972 XLOC_I2_008203
-4,859195442 LSMD1
-4,858884471 LOC100616530
-4,85865356 CHIT1
-4,858587845 CDH26
-4,857968599
-4,857907316
-4,857719723 PAX9
-4,860580078 CPSF3
-4,860625785 RRM1
-4,860628496 LOC100129888
-4,860761065 XLOC_006559
-4,860809808 LOC100507351
-4,860850948 ERBB2IP
-4,86072338 RECQL5
-4,860529915 CHMP6
-4,861038948 FLJ37035
-4,861037159 FAM108B1
-4,861203111 POP1
-4,861229657 C18orf18
-4,861509372 NUBPL
-4,861616766 RPS2P32
-4,861722385 ORC2
-4,861774405 SRSF11
-4,861694429 ACBD7

-4,861600383 OLFML2A
-4,861875744 SCLY
-4,861933143
-4,86208884 FAM207A
-4,862179356
-4,862228167 XLOC_008088
-4,862401932 XLOC_002211
-4,862367114 METTL9
-4,862525667 TTC9C
-4,862799828 PHGDH
-4,862879999
-4,862932126 NFATC4
-4,862955048 DPF3
-4,86306281
-4,863253819 FAM120C
-4,863313118 SLC16A9
-4,863347429 BTG2
-4,863343776 USP27X
-4,86360123 XLOC_012794
-4,863551207 SLC35E1
-4,863726845 ACAT1
-4,863833743 FAM86B2
-4,86391959 CREB3L4
-4,863995324 FLJ21408
-4,864242003 MPRIP
-4,864495122 LOC100287803
-4,864500513 XLOC_001966
-4,864494352 FAM65A
-4,864840801 XLOC_I2_006037
-4,864855718 CBY1
-4,864770364 PLA2G15
-4,864941881 XLOC_009723
-4,865028717 TMC06
-4,865132425 DUOX2
-4,865148543 XLOC_007868
-4,865277578 TAB3
-4,865275139
-4,865549119 AMZ2
-4,865487195 NDUFB6
-4,865463814 XLOC_I2_015039
-4,865832198 EIF2D
-4,866005046 KGFLP1
-4,866030321 LOC100506847
-4,866089965 TET1

-4,865970803 SLC26A1
-4,866216981 CLPB
-4,866229072
-4,866376147 PIK3C2B
-4,866403028 EIF3F
-4,866548326 SDHAF1
-4,866821667 ANKRD20A2
-4,866975094 LTK
-4,866929354 XLOC_004032
-4,866924397 SNORD114-3
-4,866763984 TMEM170B
-4,867278167 P2RY6
-4,867498368 ANP32B
-4,867665321 POP7
-4,867777404 ZNF843
-4,867765948 MCF2L
-4,867867571 XLOC_I2_003792
-4,86791265 BIN1
-4,86808262 LOC100505912
-4,868183204 ERCC6L
-4,868184014 NRIP1
-4,86801214 UHMK1
-4,86844957 HCFC2
-4,868578809 C9orf100
-4,868620147 WNT3
-4,868736874 LATS1
-4,86879689 CLGN
-4,868677532
-4,868649818 COX5A
-4,869000078 RPP40
-4,86918403 LOC642924
-4,869135123 LOC728875
-4,869292683 C17orf51
-4,86942131 ZNF280B
-4,86950363 XLOC_014389
-4,869527751 PLEKHA6
-4,869664806 GTF2H1
-4,869818866 LOC100507948
-4,869845245 C9orf47
-4,869806174 ATG3
-4,869596294 EHBP1
-4,869937215 DDX3X
-4,870275016 LOC100509105
-4,870409462 XLOC_I2_007449

-4,8704227 XLOC_004847
-4,870582929 CXXC1
-4,870867202 GRAMD4
-4,870875102 ARFGAP2
-4,87088004 GIMAP2
-4,870936843 GEMIN7
-4,871093671 XLOC_I2_008203
-4,871095122 NETO2
-4,871161685
-4,87111032 FGD4
-4,87109801
-4,871088667 EPB49
-4,870907768
-4,871256358 LOC100132273
-4,871376616 APOL4
-4,871625368 PNPLA4
-4,871950131 HCG18
-4,871967208 ZNF498
-4,8720671
-4,872161223 SEMA6B
-4,872152099 XLOC_006446
-4,872107875 HERC2
-4,872611959 KLHL25
-4,872793792 CEP152
-4,872796588 MYLK-AS1
-4,872799364 ITGA4
-4,872936391 HOMER2
-4,873001929 UHRF2
-4,873019452 XRN2
-4,872971584 TPD52L2
-4,872677192 ZNF205
-4,873097679 CENPF
-4,873342858 PTRH2
-4,873370341 ABCC13
-4,873383371 NUP88
-4,873538206 PARP9
-4,873716729
-4,87367633 DKKL1
-4,873926227 LOC150381
-4,874294471 TTLL1
-4,87439191 ZFP62
-4,874395204 MTRR
-4,874421659
-4,874394105

-4,8743649 USP9Y
-4,874362198 UBA7
-4,874358453 BRK1
-4,874291521 SNX13
-4,874520126 LOC100240734
-4,874778613 COQ10A
-4,874853207 C20orf196
-4,874923501
-4,874945283 HIST3H2BB
-4,874822185 TMEFF2
-4,875104125 MKRN1
-4,875327188 TNFSF13B
-4,875399517 ST6GALNAC5
-4,875511391 LOC100288842
-4,875828359 ZNF248
-4,87590922 CCDC6
-4,875928557 CDCA8
-4,875945837 ZNF234
-4,875990058 LOC100506720
-4,875900625 SEC14L2
-4,876193051 TUFM
-4,876217693 ASPHD1
-4,876169674 XLOC_003289
-4,87641753 MSL1
-4,876704225 PEG3
-4,876790508 RN5-8S1
-4,876772022 ASAP1
-4,876629677 CDR2L
-4,876571986 MAML3
-4,876941387 PLXND1
-4,877262944 MYOM2
-4,877207479 SORCS2
-4,877403268 NKAPP1
-4,877422122 SLC9A4
-4,877601838 BMP2K
-4,877632776 GEMIN4
-4,877547238 ABCB6
-4,877814781 PEBP1
-4,877882564 VAMP2
-4,877995171
-4,877984592 MAGT1
-4,877925533 RPL10
-4,878106239 BYSL
-4,87826903 PSIP1

-4,878496999 NAT10
-4,878536921 CCRL2
-4,878614981 CAB39
-4,879027713 PIEZO2
-4,879138912 ZNF362
-4,879317665
-4,879598677 LOC401320
-4,879595247 LRRC16A
-4,879885504 SNX29
-4,879939049 TOMM40
-4,879977823 FLJ11710
-4,879978509 LOC100129268
-4,880054538 C2orf50
-4,879999886 LOC100130856
-4,88019437 PRMT1
-4,880251889 AMOT
-4,880186501 LOC100507739
-4,880313287 CHRM3
-4,880561611 ZNF133
-4,880745659 MYO1A
-4,880753311 XLOC_010372
-4,880755036 SPATS2
-4,880788179 XLOC_007020
-4,88060231 NDUFA12
-4,881015783 UCK2
-4,88101879 FLJ10661
-4,881033962 AHI1
-4,880890145 XLOC_001497
-4,881191038 KIAA1462
-4,881264853 KCNH2
-4,881297906
-4,881340564 BRWD1
-4,881334748 MOB1A
-4,881853258 COX11
-4,881826977
-4,881958499 ANXA8L2
-4,882162551 PHF20L1
-4,882124686 LOC100652762
-4,882098615 C21orf63
-4,882324047 SLC25A15
-4,882423362 PLEKHA1
-4,882654803 LOC100505882
-4,882613693 DUSP8
-4,882802084 SNORA74A

-4,882741564 KCNK17
-4,882938939 MALT1
-4,882973 MND1
-4,883281011 FNDC1
-4,883364396 XLOC_I2_005020
-4,883480999 NSUN5
-4,883543409 MAPT
-4,883803799 MAP4K3
-4,883877505 LIF
-4,883947426
-4,883995803 WDR36
-4,884025941 DCAF13
-4,884073661 LOC400682
-4,884081963 MTHFD1L
-4,884196275 DIDO1
-4,88464253 SUPT16H
-4,884679793 CALB2
-4,884689407 MAML2
-4,884691484 XLOC_014018
-4,884814565 LOC80054
-4,884842349 ZNF709
-4,88478112 HERC2
-4,8846461 TANK
-4,88461771 XLOC_010908
-4,884402689
-4,884326012 XLOC_009762
-4,884219718 SLFN13
-4,884127135 CTSL1P2
-4,883848504 XLOC_009417
-4,883794601 XLOC_I2_002433
-4,883726298 XLOC_011130
-4,883439286 CREB3L1
-4,883267395 KIAA0125
-4,885124907 GNAO1
-4,88521158 PPAT
-4,885179374 XLOC_005133
-4,885299341 DNMT1P46
-4,885569073 B9D1
-4,885575907 PCSK7
-4,885661506
-4,885696319
-4,885752502 RNF19B
-4,88583965 SNORA4
-4,885943589 XLOC_I2_008203

-4,886018741 MAPK13
-4,886257005 LOC731275
-4,88627576
-4,886289332 SNRPE
-4,886364365 AHCY
-4,886453914 OASL
-4,886420121
-4,886416392 GLYATL1
-4,886827789 CMA1
-4,887047535 POLR3G
-4,887325666 KLLN
-4,887347029 C6orf47
-4,887412148 TLK2
-4,887492704 TSEN2
-4,887596489 XLOC_I2_013442
-4,887635655 C1orf182
-4,887874815
-4,887953201 LOC257396
-4,888000779 CENPE
-4,88814486 PIGU
-4,88815629 PRPF31
-4,888160519 XLOC_012965
-4,888099454 H2AFJ
-4,888067653 Mar-01
-4,888023039 SDCBP
-4,887888733 LOC440896
-4,887777779 PTPRA
-4,887669541 DCTN4
-4,88754537 HYI
-4,887531468 LRRC23
-4,887496086 DNAJB2
-4,88740951 ISG15
-4,8872453 CDC42EP3
-4,886682748 C6orf25
-4,888267057 ZNF395
-4,888353135 GOLGA3
-4,888540978 GATA2
-4,888567157 ATRX
-4,888591537 BNIP3L
-4,888651894 XLOC_I2_006812
-4,88865249 DDX10
-4,888479804 SLC7A8
-4,888751155 MGA
-4,888893679 OSTM1

-4,888860865 FLJ35946
-4,889098246 LOC151484
-4,889082144 USP20
-4,889072703 KCNRG
-4,889430241 SLC25A21
-4,889724719 CNNM3
-4,889784614 NCR3
-4,890080725 FAM134A
-4,890080088 LFNG
-4,889995834 LOC115110
-4,890316725 KANK2
-4,890289543 GNAS
-4,890261958 XLOC_006751
-4,890442289 ZNF542
-4,890554687 RPL39
-4,890581606 LOC151174
-4,890523369 SCAMP2
-4,890799223 TRIM5
-4,890823926 NR6A1
-4,890872818 PSPHP1
-4,891092248 KIF20A
-4,891144103 WWP1
-4,891095303 PARP8
-4,890972186 TPM1
-4,8912483 HN1L
-4,891376997 XLOC_I2_004870
-4,891458282 C19orf81
-4,891479969 AKR1C1
-4,891809428 FAM18B2-CDRT4
-4,891856367 XLOC_I2_000706
-4,891877525
-4,891891582 C5orf55
-4,891957639 MTAP
-4,892176309 SRRD
-4,892203053 Sep-09
-4,892311136 PDCD11
-4,89238658 NUS1
-4,892378348 WARS
-4,89232021 XLOC_003473
-4,892237563 XLOC_011214
-4,892064894 GNA12
-4,892688662 C17orf51
-4,892674183 CSGALNACT1
-4,892941066 LOC731223

-4,893100949 ABI3
-4,893195446 XLOC_I2_005350
-4,893229561 USP13
-4,89345442 PRIM1
-4,893459972 EXOSC5
-4,893494495 IQSEC3
-4,893512131 S100B
-4,893543735 XLOC_000048
-4,893636062 ZNF585A
-4,893781664 UTP6
-4,893988517 POFUT2
-4,89421152 STMN3
-4,894297914 LOC100506190
-4,894268993 ASTN2
-4,894257224 KIF2A
-4,894430799 NTSR1
-4,894958693 LOC440337
-4,894998935 FKSG2
-4,895064051 XLOC_003406
-4,895201564 SH3YL1
-4,895234534 XLOC_004244
-4,895148728 MAML3
-4,895401555
-4,895544027 ALG9
-4,895691631
-4,895708885 PI4K2B
-4,895697785 CCDC126
-4,895603908 ZZEF1
-4,895520044 NEURL
-4,89541287 GIMAP6
-4,895823 GALNT11
-4,895853508 LOC100294145
-4,895902124 ZNF749
-4,895956566 PDSS1
-4,896004801 CD276
-4,8960804 XLOC_I2_004115
-4,896260251 ACTB
-4,896219943 ZNF226
-4,896442124 RBMX
-4,896752857 GUCY1A3
-4,896710255 C1orf43
-4,896890894 ATP8B2
-4,896950466 TUBG2
-4,896988835 MPZL1

-4,896963973 L2HGDH
-4,897082208 ZFAND2B
-4,897189675
-4,89731277 C22orf32
-4,897438309 NUP210
-4,897480728 LYRM4
-4,897505928 SH3GL1
-4,897582455
-4,897780535
-4,897955915 NSMCE1
-4,89839242 CHRNA6
-4,898436141 FLJ32255
-4,898660405 XLOC_008746
-4,898841843 DENND1B
-4,898970829 LOC100129089
-4,899219303
-4,899386334 DCAF4
-4,899414702 PTPRCAP
-4,899457333 KCNT1
-4,899379293
-4,89931831 C8orf37
-4,89924898 PDLIM2
-4,899160546 GADD45A
-4,899544389 EIF4A1
-4,899775082 NSUN4
-4,899831848 LOC388242
-4,899866848 DENND1A
-4,900015017 LOC729013
-4,900076421 SBNO1
-4,900199936 RNPS1
-4,900283087 RPL10A
-4,900317601 NAALADL2
-4,900654706
-4,900666071
-4,900598841 LOC100131564
-4,901116846 GTF2I
-4,901220549 EIF2C1
-4,901236734
-4,901244196 PITPNC1
-4,901390002 GSPT1
-4,901474034 IGF2R
-4,90174154 AHNAK
-4,901695431 MRPL50
-4,901643836 MYH9

-4,902039511 SYF2
-4,902220362 LOC100506235
-4,902167541 MTMR10
-4,902289008 DPCD
-4,902420516 XLOC_I2_010863
-4,90248586 RBMS1
-4,902539955 SNORD45C
-4,90271675 C1orf61
-4,90285116 VNN2
-4,902898685 ANP32A-IT1
-4,902877709 TSPAN6
-4,90306726 LPIN1
-4,903088553 SESN1
-4,903229031 CACHD1
-4,903322029 HSPA8
-4,903457655 LOC100506694
-4,903479286 XLOC_I2_001064
-4,903477489 CPAMD8
-4,903283591
-4,903193694 VPS35
-4,904016351 TASP1
-4,904186485 LOC401320
-4,904178178 LOC285300
-4,904177148 GPR133
-4,904398937 RAB1A
-4,904497184 ILVBL
-4,904605382 XLOC_011816
-4,904715551 LOC440993
-4,904909501 LOC100506965
-4,904889275 TAGAP
-4,90485531 XLOC_000939
-4,905170887 TSIX
-4,905249024 RPGR
-4,905425248 CCDC138
-4,905605932 XLOC_006892
-4,905627449 ZNF259P1
-4,905679142 NSA2
-4,905789985 ICOSLG
-4,906056867 PHB
-4,906161974 GTPBP4
-4,906165007 LOC100130930
-4,906232102 GTSF1
-4,906307142 SEMA4F
-4,906350129 RPL37

-4,906426582 CDC25C
-4,906454942 KARS
-4,906544265 SRM
-4,906583015 KCNQ5
-4,906622672 XLOC_002499
-4,906668852 CHORDC1
-4,906722726 MEIS1
-4,906500943 PTK2B
-4,906481545 XLOC_006332
-4,906386262 ZCCHC17
-4,905877479 FBXO48
-4,905781118 XLOC_007857
-4,905733332 GYG2
-4,905576952 MAFB
-4,905539477 SNORD114-11
-4,905316715 GGT3P
-4,905178304 XLOC_001532
-4,905140972 SLC38A2
-4,906848692 CDKN2A
-4,906951685 CCDC34
-4,907017613
-4,906975784
-4,907138936
-4,907101806 SDCCAG8
-4,907205524 ZNF587
-4,90725238 SLC10A4
-4,907500799
-4,907469658 XLOC_I2_009469
-4,907435306 IPO11
-4,907352479 GALT
-4,907635284 SLC39A14
-4,907905324 FXN
-4,907965081 SNORD4A
-4,908068679 FTCD
-4,908060057 AQR
-4,907951402 RALB
-4,90791058 XLOC_006443
-4,907778361 NFAM1
-4,907757891 PIAS4
-4,908411269 LOC100506660
-4,908753873 GNG13
-4,90883702 MARVELD2
-4,90885309 PPM1J
-4,90888313 TMEM218

-4,908892491 DNMT3A
-4,908973239 EXOSC2
-4,909010855 SH3GL3
-4,909018289 C17orf51
-4,909095609 XLOC_I2_014048
-4,909139696 CATSPER3
-4,909100142 NFIB
-4,909071182 NAP1L4
-4,908869141 LMX1B
-4,90885954 NR1H2
-4,908658871
-4,908543369 XLOC_007243
-4,9092736 LOC729603
-4,909472001 LOC731275
-4,909493553 C1orf123
-4,909418302 KBTBD4
-4,909552497 ATP7B
-4,909714645 SRRT
-4,909721387 CCNG1
-4,909668925 CDC42EP4
-4,90989738 SLC25A22
-4,909996204 LOC100190939
-4,910218083 RCCD1
-4,910364672 PROCA1
-4,910557449 ZNF114
-4,91083074 SLC39A14
-4,910872872 SNORA75
-4,910989185 CRYBB2P1
-4,910995814 SUGP1
-4,911168686 ZNF713
-4,911147591
-4,911141316 TBPL1
-4,911083323 SPECC1
-4,910882512 FLJ45950
-4,91072257 RHBDF2
-4,910705881 SPRR1A
-4,910683458 AK1
-4,910681793 PDPDF
-4,910595867 SLC39A8
-4,910482098 PRIC285
-4,910332131 CHST2
-4,910185951 RABGAP1
-4,910184386 LOC100131564
-4,91149881 TNFAIP2

-4,911599126 CCDC22
-4,911752262 XLOC_014122
-4,911763468 RYBP
-4,911691353
-4,911851281
-4,912021568 NEFH
-4,912023276 TTC31
-4,912034518 SLC41A1
-4,912309035 TMX2
-4,912329319 CPD
-4,91230636 MYL12B
-4,912306119 CTSK
-4,91248653 TM7SF3
-4,912551852 LOC100130899
-4,912634099 FLJ41484
-4,91277472 LOC100128714
-4,912720156 FAM26D
-4,912911062 ADAM12
-4,913046122 SMCHD1
-4,913048505 AGPS
-4,913086561 SMTNL1
-4,913231052 SYNCRIP
-4,913187591 CCDC69
-4,913395899 XLOC_I2_009184
-4,913425568 ECHDC2
-4,913545736 PATZ1
-4,913817325 HECTD2
-4,913845952 HDDC2
-4,913872462 SLC25A6
-4,913873392 PRKCZ
-4,913684232 MBP
-4,913613029 MED18
-4,914036233 RCOR2
-4,91399921 LPAL2
-4,91424345 FAM133A
-4,914374563 MAGI2-AS3
-4,914337775 XLOC_012991
-4,914289368
-4,914220205 NBR1
-4,914698575 KIAA1109
-4,914756375 XLOC_001649
-4,915089962 HPDL
-4,915235471 PNMA6C
-4,91528743 MEF2C

-4,915216611
-4,915460124 MCF2L
-4,915676249 XLOC_002369
-4,915811701 KHDRBS3
-4,915947546 XLOC_I2_001953
-4,916057728
-4,916086269 LRRC8C
-4,916066325 EIF4E
-4,91597079 LINC00176
-4,915865005 SSTR2
-4,916325504 RUNX1
-4,916414238 DNAI2
-4,916631299 XLOC_009181
-4,916686362 EXO1
-4,91693527 LOC286071
-4,917013124 CRISPLD1
-4,917066374 F3
-4,917165466 SH3BGR
-4,917278658 Sep-08
-4,917291944 TTC21A
-4,917296323
-4,91740087 SMARCA2
-4,917477559 RASGEF1A
-4,917486978 MIAT
-4,917538599 POLR1E
-4,918099443 ANKRD39
-4,918101408 SLC25A10
-4,918123365 XLOC_008765
-4,918172711 XLOC_003863
-4,918248265 MAN1B1
-4,91828208 CEBPZ
-4,918251937 LOC399939
-4,918218096 LOC100505937
-4,918185553 SDHD
-4,918147799
-4,918108756 XLOC_012833
-4,918084631
-4,918040982 ID3
-4,917953247 TRERF1
-4,917781084 PRPSAP2
-4,917661255 SLC47A1
-4,917387328 AGLB2
-4,917256207 MCF2L
-4,917136028 LOC646626

-4,916969727 C4orf38
-4,916612457 HYAL4
-4,918540104 ZNF462
-4,918911386 CMAHP
-4,918863758 MOB1A
-4,918987185 HIST2H3D
-4,91909101 CLIP2
-4,919185622
-4,919178744 XLOC_I2_011803
-4,919139759 R3HDM1
-4,919294988 C9orf91
-4,919379908 ZNF37BP
-4,91962582 XLOC_013368
-4,919640458 LOC100507445
-4,919647833 PIH1D2
-4,919728354 SHISA5
-4,919767294 SORD
-4,919786181 LOC100131860
-4,919790222 ZNF594
-4,919810747 POTEF
-4,919862737 PTCH1
-4,9199913
-4,919993545 TRIP10
-4,920049888 DIRC2
-4,920176356 FRMD6
-4,920376221 MECR
-4,920503993 CCNA2
-4,920559097
-4,920606402 FAM135A
-4,920482695 TXNDC8
-4,920919911 EFCAB3
-4,920969617 FANCF
-4,921278567 PDLIM5
-4,921258726 MEG3
-4,921251911 CD300C
-4,921207146 IFNAR2
-4,921198457 STK40
-4,921037661 TMEM67
-4,920977577 TMEM85
-4,920796618 CCDC85B
-4,920785297 AGFG1
-4,920780099 COPZ2
-4,92144486 TRA2B
-4,92154045 APOLD1

-4,921600601 C21orf91
-4,921593909 PLCB4
-4,921695931 OPRL1
-4,921793032 LOC100128348
-4,921969535
-4,921934372 XLOC_I2_001206
-4,92186183 XCR1
-4,921857694
-4,922027621 FAM160B1
-4,92229858 ITGAD
-4,922556802 TIPIN
-4,922605835 DBNL
-4,922555373 XLOC_008276
-4,922537279 XLOC_014057
-4,922445524 COX5A
-4,922369839 FLJ43663
-4,922243955 PITPNM1
-4,922669971 NARS2
-4,922737171 NCCRP1
-4,922928097 XLOC_I2_007835
-4,92298525 LMBR1
-4,923061131 ANKRD20A9P
-4,923430698 MEN1
-4,923435471 ZNF420
-4,923494828 XLOC_006817
-4,923795316 CYSLTR2
-4,923886191 LY6E
-4,923909535 FLJ16779
-4,923812458 SSTR2
-4,923762037 SH3TC2
-4,923746959 XLOC_I2_010029
-4,924163701 LGALS9
-4,924233812 EXD3
-4,924266109 RNMTL1
-4,924304119 HERC2
-4,924392803 DOHH
-4,924435201 UPF2
-4,924570513 NTHL1
-4,924730345 PSMD14
-4,924921875 RPS6
-4,924918289 DSC2
-4,925105001 ZNF777
-4,925130817 KRT79
-4,925132414 PSD

-4,925256976 TMEM87B
-4,925321069 C11orf49
-4,925668141 FLJ39051
-4,925880369 PHACTR3
-4,925957617 CDK1
-4,925947284 SEMA4D
-4,925812315 KRT7
-4,926023824 SLC31A1
-4,926163008 XLOC_010267
-4,926259917 SETP20
-4,926293384 DKFZp434J0226
-4,926487037 XLOC_004831
-4,926574848 DNMT1L
-4,926679427 CTU2
-4,926898544 ARL2BP
-4,926894074 PIGH
-4,927016663 XLOC_I2_005672
-4,927516143 RUVBL2
-4,927617896 SV2A
-4,927630344 RPL35
-4,927651105 CASP8
-4,927663907 C15orf23
-4,927489912 LOC100131289
-4,927392251 LOC400099
-4,927297736 MORC1
-4,927265249 LCE3E
-4,92719193 TEKT5
-4,927153726 AKT3
-4,927883109 POLM
-4,928153392 JPH3
-4,928159686 TOMM22
-4,928259387 DCAF4
-4,928259041 FAM108A1
-4,928112922 MGAT5
-4,928025575 LOC115110
-4,928024213
-4,927907155 XLOC_000564
-4,927847433 NEAT1
-4,928371139 DDHD1
-4,928427119 ZNF408
-4,928820471 XLOC_I2_012875
-4,92890633
-4,928910403 TMED9
-4,928827216 LOC100616530

-4,928759135 RAB27B
-4,928713662 DNAJC27-AS1
-4,929258294 C9orf7
-4,929209037 PITX3
-4,929206355 GMPPB
-4,929407249 SEMA4C
-4,929385507 CARD6
-4,929676896 POPDC2
-4,929637581 XLOC_000166
-4,929826857
-4,929910567
-4,930028007 XLOC_002643
-4,930229235 ZNF282
-4,930241692 TEKT4
-4,930155951 XLOC_I2_014694
-4,930382472 PIK3CA
-4,930437447
-4,930626995 LOC644714
-4,930638127 SPATA6
-4,930663058 DLC1
-4,930598859 TRIM53P
-4,93049038 PPAPDC3
-4,930356104 XLOC_I2_011281
-4,930925878 MBNL2
-4,930942081 C17orf97
-4,931238723 LPP
-4,931240677 RQCD1
-4,931184398 DNAJB4
-4,931105443 PIK3CD
-4,931471329 LOC100131000
-4,931511856
-4,931568091 ZNF818P
-4,931576491 XLOC_000855
-4,931472024 GOLGA7B
-4,93184633 RPLP0
-4,931921708 EIF3A
-4,931968068
-4,931899604 FAM82A1
-4,932070429 LRRC37A3
-4,932167556 LOC100506433
-4,932335053
-4,932381985 LOC100505624
-4,932580425 NEK4
-4,932615266 LOC284014

-4,93266071 CEP57
-4,93258047 FAM122C
-4,932563224 PLAC8
-4,932437497
-4,932436359 PIGN
-4,932796137
-4,932897263 TSC1
-4,932970073 POLR3G
-4,933075306 ZNF775
-4,933166103 LOC100240735
-4,933386741 PRMT5
-4,933464372 RFC3
-4,933493566 ACAT1
-4,933469723 ATF3
-4,933408843 GCNT4
-4,933406058 LOC100652837
-4,933194408 CLIP3
-4,93308498 PRR25
-4,93372393 LINC00470
-4,933794123 XLOC_008698
-4,93379903 DNM1L
-4,933764716 XAGE-4
-4,933761217 OSBP2
-4,934132621 AK4
-4,934278449 MAP4
-4,934363039 ERCC2
-4,934419581 ALAS2
-4,934439366 ADAT1
-4,934408348 FXYD5
-4,934399638 SLC4A2
-4,934315122 LOC400657
-4,934297412 XLOC_005711
-4,934139011
-4,934498353 ISOC2
-4,934636368 XLOC_013282
-4,93468984 PDE1B
-4,934734396 XLOC_003714
-4,934843173 EIF4G3
-4,9348827 AVPI1
-4,934924504 NHP2
-4,935029774 MTMR3
-4,934978754 TRNT1
-4,934931368 ISCA1
-4,934596171 ARHGEF7

-4,93519359 BRI3BP
-4,935228687 CDK20
-4,935347095 RACGAP1
-4,935419296 P39193
-4,935477858 SP140
-4,935493676 ERMN
-4,935670572 SPAG17
-4,935770659 GIT2
-4,935727094
-4,935886847 C14orf33
-4,935907912 GPATCH3
-4,936126991 LOC100506190
-4,9363385 XLOC_013643
-4,936323162 TNRC18
-4,936283362 SPTB
-4,936508629 OXCT1
-4,936626388 XLOC_I2_008289
-4,936688575 MAP2
-4,936728361
-4,936837202 ANGPT2
-4,936966605 PRDX2
-4,936996621 PHF6
-4,937013439 XLOC_002239
-4,937207853 RPRD1A
-4,937301155 LOC389634
-4,937453291 PRSS2
-4,937456834 XLOC_011183
-4,93757635 STXBP6
-4,937612258 BTBD9
-4,937650935 TRIM39-RPP21
-4,937506939 CIR1
-4,937391821 IL6ST
-4,937286744 KRTAP1-3
-4,937218179 PPP1R13B
-4,937094646 B3GNT8
-4,937763141 AJUBA
-4,937853263 SRR
-4,937925106 TROVE2
-4,937878954 HIST2H2BE
-4,938010217 XLOC_I2_013001
-4,938214721 SORD
-4,938289044 PER2
-4,938376937 C1QC
-4,938503081 MT1E

-4,938559251 ARL6IP4
-4,938760293 MKRN3
-4,938781161 CYP2R1
-4,938924917 XLOC_I2_013460
-4,939008719 ZNF618
-4,939237447 MYCN
-4,939263026 C1orf135
-4,939292748 SUV420H1
-4,939252239 APOC2
-4,939124194 PLCL1
-4,939092513 NAPG
-4,939082537 GOLGA2P5
-4,939037643 TBXA2R
-4,939479844
-4,939429244 NFATC1
-4,939407536 HPS1
-4,939915271 KIAA0226L
-4,939966704 PPTC7
-4,939980537 XLOC_012165
-4,940031034 LSM5
-4,940027591 ADSS
-4,939848527 LY6G6E
-4,940236227 ZNF740
-4,940377395 ALB
-4,940344528 ECH1
-4,940563213 ZNF791
-4,940591998 LOC641510
-4,940608092 PLK1
-4,940620302 APOA1BP
-4,940692101 MRPL40
-4,940692091 EIF4G3
-4,941111223 SCAPER
-4,941159188 FAM57A
-4,941161017 LOC399900
-4,941143455 ZNF222
-4,941109742 HDAC5
-4,941080417 SNORD114-29
-4,941215499
-4,941344606 MARK2
-4,941350817 BLCAP
-4,941397821 BLZF1
-4,941535638 XLOC_014192
-4,941721709 CHI3L2
-4,941767498 C20orf144

-4,941993525 **PLCB1**
-4,942034543 **EIF1AX**
-4,942072552 **TRIM27**
-4,942094992 **LOC389634**
-4,942113829
-4,942118511 **CELF1**
-4,942175239 **SHISA7**
-4,942581344 **CCDC152**
-4,942633981 **GPR18**
-4,94300446 **GCLC**
-4,943019228 **XLOC_001374**
-4,943095834 **NRBP2**
-4,943106801 **XLOC_011535**
-4,943129837 **C12orf32**
-4,943262246 **KRTAP3-3**
-4,943319363 **XLOC_I2_003627**
-4,943530788 **HM13**
-4,9435605 **C9orf86**
-4,943645855
-4,943778062 **PCYT2**
-4,94384199 **GK**
-4,943889169 **LOC100505792**
-4,943982269 **LOC152217**
-4,944051186 **DNAJC5**
-4,94408789 **CLSTN3**
-4,944209917 **RASAL1**
-4,944287353 **LOC440300**
-4,944413647 **OTUD4**
-4,944432286 **EXOC3**
-4,944480232 **TRIAP1**
-4,944486021 **CARD10**
-4,944528712 **LOC100506012**
-4,944536738 **XLOC_012467**
-4,944773395 **TTC12**
-4,944964147 **FCRL6**
-4,945031811 **LOC100293516**
-4,945200312 **NOL6**
-4,945271874 **IGFBP5**
-4,945329157 **AHSA2**
-4,945376064 **FAM20A**
-4,945459351 **UTRN**
-4,945467376 **RPS21**
-4,945454936
-4,945429693 **LY6G5C**

-4,945370361 UFC1
-4,945297675 BLCAP
-4,945213122 LOC646329
-4,945197125 IL10
-4,945131109 CTNNAL1
-4,945063565 ATP7A
-4,944900792 PACS1
-4,944708891 C7orf58
-4,94459977 MLC1
-4,944397685 CTNS
-4,944321359 XLOC_011971
-4,944146503 KIAA2013
-4,943998929 XLOC_010891
-4,943707459 UBC
-4,943643945 XLOC_007464
-4,943600392
-4,943577683 XLOC_I2_011891
-4,943391298 ATG13
-4,943125296 P39188
-4,943073655 ZNF174
-4,943069567 PLEKHM1
-4,942794112 PDIA5
-4,942763755 ARL4C
-4,94266442 UBE2N
-4,942619278 LOC100131564
-4,942422384 XLOC_I2_012023
-4,942381325 C17orf57
-4,942335489
-4,942260917 C2orf76
-4,942172762 C6orf223
-4,941971011 FAM3A
-4,941843046
-4,941588536 LOC388152
-4,945616659 HSP90AB1
-4,945664484 XLOC_006491
-4,945749987 RABIF
-4,945751023 CBR1
-4,945664863 AVP
-4,945823483 XLOC_006858
-4,945919096 ANTXR2
-4,946143417 GMPR
-4,946213033 BANP
-4,946326732 EI24
-4,946366165 ATP6V0D2

-4,946290796 ZNF627
-4,946603093 LOC100506090
-4,946695029 XLOC_I2_010569
-4,946702938 CELSR2
-4,946745557 RAVER1
-4,946840088 CYP2B6
-4,946898288 TMEM185B
-4,946861615 KIF25
-4,947007191 UTP18
-4,947210333 CDK15
-4,947368019 ZNF767
-4,947436815 PTPRC
-4,947443207 XLOC_013985
-4,947666528 FAR1
-4,947669383 URB2
-4,947698766 LTV1
-4,947845351 ERH
-4,948045913 CLN6
-4,948109526 CRHBP
-4,948236569 SNORD36A
-4,948323351 LUZP1
-4,948368915 XLOC_012626
-4,948440006 UBA1
-4,948452151 EPB41L5
-4,948481271 TRIM66
-4,948484399 SLC43A2
-4,948436275 EPM2AIP1
-4,948271009 NBPF11
-4,948051472 PIGT
-4,947996112
-4,947915613 VSIG2
-4,947876086 FLJ33065
-4,947847969 SERF1A
-4,947740571 XLOC_012622
-4,947610382 OR4C6
-4,947367265 LOC338799
-4,947364114 ITGB1BP1
-4,947337954 DKFZp761E198
-4,947091666
-4,948897284
-4,94897076
-4,949153133 GOLGA2P5
-4,949158117 METTL19
-4,949191423 ITGB4

-4,949114809 FLCN
-4,949065587 SKAP1
-4,949387077 PTOV1
-4,949591277 PPP1R27
-4,949599525 CINP
-4,949639098 C9orf25
-4,949763474 SHCBP1
-4,949842739 SAMD4B
-4,949951698 XLOC_I2_015938
-4,949954312 MAFIP
-4,950255615 RPL9
-4,950236438 POLR1C
-4,950165388 LOC100288602
-4,950151507 USP27X
-4,950121446 MOB1B
-4,95049033 ZNF729
-4,950505598
-4,950757448 SFTA1P
-4,950752379 LINC00487
-4,950829798 EIF5A2
-4,951043281 INPP4A
-4,951070195 XLOC_I2_015491
-4,951072966
-4,951021143 IFIT2
-4,951159255 ZFPM1
-4,951335662 DEFB124
-4,951392481 CYCS
-4,951460173 NUDT15
-4,951562813 Q8E8P5
-4,951720115 PCBP2
-4,95174193 CEP250
-4,951784694 CLYBL
-4,95179515 PPDPF
-4,951823906 AFTPH
-4,951896458 MKI67IP
-4,951999901 CCDC18
-4,9519678 CA13
-4,95216091 AEN
-4,952254925 TPRA1
-4,952303693 MLLT4
-4,952282289 TULP4
-4,952229277 IL10RA
-4,952414707 RCC2
-4,952525852 MLLT4

-4,952622731 HAPLN2
-4,952623546 LINC00265
-4,952639256 LOC100507501
-4,952656371 CYHR1
-4,952474637 XLOC_005462
-4,952845901 SNRPD1
-4,952899327
-4,952952133 XLOC_005774
-4,952977867 PPARGC1B
-4,953176973 NKAIN2
-4,953372801 UTRN
-4,953401137
-4,953402151 Q93YZ4
-4,953370694 POGK
-4,953269343 CHST13
-4,953187574
-4,953168096 XLOC_001265
-4,953036696 COL6A4P2
-4,952896537
-4,952777732 TRPM2
-4,953461378 BCL7A
-4,953532253 C10orf35
-4,95356206 FAM133B
-4,953617849 NFRKB
-4,953790684 ZNF780B
-4,953854179 MTIF2
-4,953981523 BCAS4
-4,953984984 BCS1L
-4,954016098 MAPKAPK5
-4,953951186 GK
-4,95382672 ADAP1
-4,954180177 FTSJ1
-4,954196947 C12orf51
-4,95427747 HIF1A
-4,954280502 TGM6
-4,954123951 ETS2
-4,954673955
-4,955054065 ALG14
-4,955055196
-4,954967087 TRIM68
-4,954942369 ANAPC16
-4,954922073 ARHGEF3
-4,954878052 ANXA6
-4,954815776 XLOC_013429

-4,954788347 KRTAP19-2
-4,954757275
-4,954675339 ARPP19
-4,954562209 RAB2B
-4,955247639 SPAG9
-4,955261124 C17orf99
-4,955372049
-4,955392802 VWA5A
-4,955371117 XLOC_I2_001851
-4,955273841 XLOC_002461
-4,95547149 OAS2
-4,955491247 TTC39B
-4,955561222
-4,955771909 THAP4
-4,955964759 HAUS4
-4,956050645 HIC2
-4,956094546 PTAR1
-4,95615925 LOC100506451
-4,956237473 DNAJC3-AS1
-4,956214042 PTPN14
-4,956200652 ADCY4
-4,956062601
-4,955995975 MICA
-4,955840916 DDAH1
-4,956306269
-4,956423457 CNOT6L
-4,956483768 IDH3A
-4,956522406 NECAP1
-4,956754012 FAM115A
-4,956763007 XLOC_008489
-4,956849063 TIMM10
-4,956909112 XLOC_I2_015938
-4,957017535 ANKRD20A5P
-4,956982179 DENND2C
-4,956937473 HABP4
-4,956895862 DSTN
-4,956877347 POLR3B
-4,956655556 RAB7B
-4,95712055 LOC100507645
-4,957249396 IL18R1
-4,957378041 TMEM143
-4,95740705 TTC7A
-4,957386407 NT5E
-4,957295743 PGS1

-4,957559825 KPNA2
-4,957605 SENP1
-4,957904496 CD79A
-4,957867056 TPM2
-4,957865265 HNRNPA0
-4,957793048 XLOC_I2_003156
-4,957790134 PPP1CC
-4,957786887 C17orf108
-4,958033042 FUT1
-4,95827783 C17orf100
-4,958429509
-4,958436035 ARID4A
-4,958484905 LOC728558
-4,958485792 KAT6A
-4,958535649 BUB1
-4,95854289 CSTF3
-4,958574691 XLOC_000707
-4,958348136 N4BP2L1
-4,958176342 ZGLP1
-4,958159496 LOC100506125
-4,958685501 LOC100128242
-4,95873908
-4,958934624 RPL3
-4,958955794 AFMID
-4,959001693 LOC728875
-4,958901605 LOC100509635
-4,959070998 USP1
-4,95914879 AP2A2
-4,959363056 PTPLAD1
-4,959432228
-4,959501093 XLOC_009345
-4,959507271 ANKHD1-EIF4EBP3
-4,959712347 VKORC1
-4,959810605 HYAL3
-4,959841835 VSIG10
-4,960008228
-4,960123734 CES1
-4,960125356 ZNF738
-4,960153069 CLEC4M
-4,960317699 EBPL
-4,960350597 CCDC120
-4,960373411 PPP2R5C
-4,960253709
-4,960195335

-4,960448549 MTHFD2L
-4,960591403 CCDC124
-4,960601239 ZNF385A
-4,960711562 PHF10
-4,960794856 B4GALT6
-4,960860923 POLR3D
-4,960887859 C15orf59
-4,960900875 SP140L
-4,961022854 MRPL30
-4,961107358 ANKRD36BP2
-4,961376422 LOC653075
-4,961645932 TANC2
-4,961755281
-4,961947005 RCL1
-4,96212332 AKT1
-4,962207984 FAM21C
-4,962225813 CLDN7
-4,962273695 PBX2
-4,962313337 ZNF768
-4,962320167 XLOC_I2_007767
-4,962327745 Q8RQM5
-4,962466944 XLOC_002487
-4,962515407 PPME1
-4,962536323 HEATR2
-4,962587874
-4,962611768 AMZ2P1
-4,962740207 MANEA
-4,962820209 FTX
-4,962846918 XLOC_002563
-4,962889442 WDR12
-4,962912769 PET117
-4,962938987 LOC100507280
-4,963058116 LOC257152
-4,963075519 FAM85A
-4,963088741 GRIN2A
-4,963141463 CD1A
-4,96320616 POLR2J4
-4,963230849 AHSP
-4,963215616 AANAT
-4,963000004 STAG2
-4,962844495 ADPGK
-4,962545004 ACN9
-4,96246946 PLAGL2
-4,962447329 FLJ43663

-4,962298145 C6orf228
-4,962231076 GRIK1-AS1
-4,962184895 XLOC_007350
-4,962144426 TRIOBP
-4,962069673 AMBRA1
-4,961789427 COPG2IT1
-4,961747197 MAGI2-AS3
-4,961598359
-4,961493405 CAPZA2
-4,963443874 DAB1
-4,963478735 ZFP36L1
-4,963481861 SAP30
-4,96342008 ITGB8
-4,963538589 SYTL1
-4,963638606
-4,963708133 CAPN3
-4,963791397 IL1RN
-4,963866498
-4,963920252 LOC285972
-4,964024126 NAP1L5
-4,964072395 TMED1
-4,964305238 KLHDC7B
-4,964297024 BLZF1
-4,964744366 MRPS26
-4,96480197 DDX47
-4,964847705 TCN2
-4,964873066 LOC100506518
-4,964960198 CDK1
-4,96496421 LOC100132147
-4,964824711 FMR1NB
-4,965067634 NME2
-4,965301054
-4,965354813 APBA2
-4,965382208 MCM5
-4,965403443 SLC1A4
-4,965292975 LOC386597
-4,965498194 NEDD4L
-4,965486306 UNC119B
-4,965556987 LMNA
-4,965679566 NAP1L2
-4,965775487 COPS3
-4,965847987 SPC24
-4,965867178 SMARCA1
-4,966035773 KCNH2

-4,966047427 XLOC_008370
-4,966050414 KCNK5
-4,966087568 PPP1R26
-4,966069701 XLOC_I2_015397
-4,966204255 XLOC_I2_002033
-4,966326537 XLOC_I2_009639
-4,966445349 LCE1D
-4,96641227 SLAMF1
-4,966362321 MGC45922
-4,966795244 RPS4X
-4,966879505 SNHG6
-4,966835206 ZNF529
-4,966756391 XLOC_002746
-4,966728243 FAM71D
-4,966684111 C17orf69
-4,966684022
-4,966680178 ANKRD12
-4,966592074 MAP2K3
-4,967309594 RAB39B
-4,967319084 BRD9
-4,967269709 FAM27E3
-4,967262487 CEACAM21
-4,967237152 NKIRAS2
-4,967413975 CRYM-AS1
-4,967539216 ATAT1
-4,967549721 HIBCH
-4,967567678 TXNDC5
-4,967601468 PNPLA8
-4,967871518 CIDEA
-4,968008314 MGC39372
-4,968101991 SNORA38B
-4,968196936 OFD1
-4,968367727 RHPN2
-4,968385653 HLA-DRB3
-4,968382618 OSCAR
-4,968376445 BACE1
-4,968362531 TAS2R4
-4,968142224 KCNK15
-4,968127971
-4,967951731 XLOC_I2_002729
-4,968604196
-4,968745896 ST8SIA1
-4,968749513 RBM23
-4,968705493 PPFIA3

-4,968691521
-4,968665102 RPA2
-4,968912663 USP45
-4,969069195 SLFN5
-4,969100178 HMGB3
-4,969207524 SLC12A7
-4,969208618 TAS2R31
-4,969214888 LOC100506874
-4,969205849 FLJ31104
-4,96915305 XLOC_008299
-4,968993708 XLOC_I2_001851
-4,968888777 XLOC_013429
-4,969359312 SLC35A3
-4,969412933 LINC00106
-4,969372961 PRG2
-4,96947022 PCDH9
-4,969527555 TLR8
-4,969635607
-4,969675595 HIST1H4C
-4,969742114 TMEM135
-4,969766069 MRFAP1
-4,969732875 NRCAM
-4,96982271 NDUFS3
-4,970003308 CRLF2
-4,970074784 MRPS31
-4,970122221 PCID2
-4,970258469 NUFIP1
-4,970390742 RC3H2
-4,970553889 PDHA1
-4,970716085 DOCK8
-4,970730289 OLAH
-4,970743683 GLMN
-4,970783793 ODF3B
-4,970788211 ACAP3
-4,970954547 SUPV3L1
-4,971046426 ZNF862
-4,971054384 SERINC5
-4,971059193 LOC100133991
-4,971081351 FAM46A
-4,971124589 C20orf29
-4,971077855 OSM
-4,971048267 LGI4
-4,970930995 CAMKV
-4,970866725 HEMGN

-4,970808046 TRAF3IP2-AS1
-4,970736367 OAS1
-4,970709566 XLOC_007914
-4,970603414 EHD2
 -4,9705515 XLOC_014300
-4,971193096 XLOC_I2_003666
-4,971368108 VWA1
-4,971330222 RBBP8
-4,971280522 DSCR3
-4,971600037 PLEKHG4
-4,971600206 TRIM71
-4,971818404 XLOC_011136
-4,971858728 C4orf39
 -4,97185168 KLHDC1
 -4,97197124 MOB3B
-4,972029078 IPO7
-4,972063982 ZNF813
-4,972190847 LOC100506930
-4,972149751 PTGR1
-4,972133961 HERC2
-4,972129333 FAM177B
-4,972335894 PTPN11
 -4,97247884
-4,972472533 SNX3
-4,972558948 SLC35G1
-4,972609804 C20orf30
 -4,97279161 DKFZP434F142
-4,972798091
-4,972846583 DNAJC9
-4,972881168 REREP3
-4,973022264 ZAR1L
-4,973075461 BCL9L
-4,973078919 EYA3
-4,973152109 ANKRD42
 -4,97327379 ZCCHC11
-4,973313275 LOC440288
 -4,97338206 PRDM12
-4,973388205 PPM1H
-4,973461117 LOC100130231
-4,973512888 HLCS
-4,973585399 LOC100129223
-4,973592546 TMEM223
-4,973710906 PPM1B
-4,973906688 IL16

-4,97393613 LDHAL6A
-4,974011934 TRPC1
-4,974083861
-4,97406119 MAGOH
-4,974021576 RNMT
-4,974017778 LOC401557
-4,974010567 CDIPT
-4,97395529 FZD5
-4,973674349 XLOC_I2_007112
-4,973622375 RHOQ
-4,973622243 LOC100506299
-4,973510281
-4,973339977 ALAD
-4,973044131 CAMK2D
-4,974215921 OSBPL6
-4,974233743 ATM
-4,974293883 XLOC_I2_004222
-4,974569917 TCP11L1
-4,974547325 H2AFZ
-4,974632838 RPP30
-4,974814157
-4,97479524 GPAT2
-4,974862266 C1RL
-4,975017289 TREX2
-4,975069342 RPL13A
-4,97506782 ZMAT5
-4,975034231
-4,975166392 CCDC57
-4,975359263 SLC25A43
-4,975369105 SRSF6
-4,975469376 POP5
-4,975503559 XLOC_010622
-4,975477437 OXR1
-4,975571871 ARL15
-4,975709832 SMN1
-4,975757408 PELI3
-4,975787158 APOBEC3A
-4,976006662 XLOC_005893
-4,976032782 TBC1D8B
-4,976139514 RRP15
-4,976180239 LOC100287437
-4,976226762 NKIRAS1
-4,976291642 PSMC3IP
-4,976367881 XLOC_I2_010863

-4,976408197 VDAC1
-4,976642397 ZNF525
-4,976706945 ZNF507
-4,976711224 STIL
-4,976822195 LRRC47
-4,976887321 PHF20L1
-4,976961953
-4,977095969 XLOC_I2_014821
-4,97717412 POLR1B
-4,977325376 ZNF160
-4,977283223 MORN2
-4,977281368 OR13J1
-4,977205905 LOC100509175
-4,977204081 ZNF267
-4,977203473 GFOD1
-4,977189416 TNPO1
-4,976997152 KCP
-4,976811035
-4,976776761 TIFAB
-4,976735445 FLJ43663
-4,976713611
-4,97649428 LOC100506119
-4,976335116
-4,977492393 XLOC_008370
-4,977479798 TPM2
-4,977632808 RGS9BP
-4,977681197 CDK17
-4,977802603 ADM2
-4,977910396 RPL34
-4,977919326 RPL3
-4,978030335 HSD17B8
-4,978204438 LRRCC1
-4,978391663 FAM48A
-4,978435495 SHMT1
-4,978518315 LOC284408
-4,978583153 PITPNM3
-4,978684736 ZNF569
-4,978691127 XLOC_010855
-4,978693004 CGREF1
-4,978698169 PRO0628
-4,978627058 CEL
-4,978512569
-4,978478635 ZNF345
-4,978248238 P4HB

-4,978891478 TNFRSF8
-4,978905071 SYNGR3
-4,978920092 CASC5
-4,97902284 RMI2
-4,979101239 SENP3
-4,97910133 SEPT7P2
-4,978999389 C1GALT1
-4,978954904 XLOC_003263
-4,978943153 XLOC_008299
-4,979163395 ZNF691
-4,979205596 SAMD12
-4,979311973 HIST1H2AE
-4,979404477 LRCH3
-4,979475209 ANKRD11
-4,979450437
-4,979548475 TP53
-4,979784192 FAM102B
-4,979836663 TMEM95
-4,97985054 MIER3
-4,979853157 STRADA
-4,980073233 CAPRIN2
-4,980121512 DCP1B
-4,98009563 PTK2
-4,980089256 CCND2
-4,98008406 MLLT11
-4,980076668 WASH5P
-4,980010965 CPEB2
-4,979758165 LAMB2P1
-4,97961408 SIRT2
-4,980326032 FEZ2
-4,980403961 RRAGB
-4,980431644 NCOA4
-4,98034914 TP73-AS1
-4,98034571 NDNL2
-4,980278865 XLOC_006178
-4,980231292 DCAF7
-4,980502636 SEC22C
-4,980565594
-4,980725029 MTSS1L
-4,9807941 AMPD2
-4,98087525 TANC1
-4,981114396 XLOC_002995
-4,981114846 XLOC_I2_001192
-4,981150272 XLOC_I2_012083

-4,981153927 SLED1
-4,98110883 XLOC_005621
-4,98096603 GPAA1
-4,980929071 C17orf58
-4,98125299 C5
-4,981418792 DZIP1L
-4,981537735 GCC2
-4,981523276 PANK3
-4,981698911 SON
-4,981725017 C20orf26
-4,981769836 LOC100506965
-4,981774835 RPL7
-4,981920957 FGF2
-4,982090929 PUS3
-4,982125014 MPPE1
-4,982116859 HERC2P7
-4,982013554 HERC2
-4,98226594 DNAH14
-4,982592745 XLOC_013694
-4,982685918 XLOC_000044
-4,982707915 XLOC_006486
-4,982855201 LSM11
-4,982863611
-4,983015413 XLOC_I2_010508
-4,983027854 ASB7
-4,983046694 MCM6
-4,983133336 KIAA0090
-4,983416076 FLJ14186
-4,98351425 CCDC102A
-4,983519317 ASB9
-4,983625983 ZBED4
-4,983635984 XLOC_001339
-4,98368311 RAVER2
-4,983796716 PPP2R1A
-4,983816296 RNPC3
-4,983838843 ATP7A
-4,983780812 RHOA
-4,983752783 FAM118A
-4,983552524 RASSF4
-4,983441152 CASKIN1
-4,98332532
-4,983268205 E2F3
-4,983205654 C20orf112
-4,983186699 TPSAB1

-4,98318521 XLOC_I2_013302
-4,983150695 SEC22C
-4,983088501 XLOC_I2_008759
-4,982937439
-4,982848512 MTF1
-4,982805272 FKBP10
-4,982663549 LOC100302650
-4,982617314 LOC255167
-4,983983271 CD37
-4,984058043 PMF1
-4,98406602 WT1
-4,984231811 LOC100129269
-4,984504126 ANKRD20A5P
-4,984526051 HLA-DPA1
-4,98466044 XLOC_009565
-4,984672141 NME1
-4,984680016 HAAO
-4,984709334 ZDHHC16
-4,984724548 CFC1
-4,98467456 Mar-03
-4,984598401 RAB8A
-4,984576135 LDLRAP1
-4,984495353 FBRSL1
-4,984451342 RABGAP1L
-4,984442103 KCNJ13
-4,984295897 CNIH
-4,984284246 LOC100653304
-4,984840663 ASPSCR1
-4,984984329 LOC100131366
-4,984969869 LOC100129960
-4,984965528
-4,985122283 HLA-DOB
-4,985133481 GNA12
-4,985109028 KCNMB3
-4,985521245 MBD5
-4,985568227 CHRN3
-4,985596496 TUT1
-4,985630915 IGFL2
-4,985647071 LOC100127885
-4,985661083 MRPS21
-4,985666119 PEX11G
-4,985685849 XLOC_008094
-4,985911593 C2orf48
-4,985926891 POMGNT1

-4,985969812 MRC2
-4,985972249 LOC284513
-4,985979915 MCM2
-4,985960213 NDUFS2
-4,985836778 NEAT1
-4,985605185 FAM127C
-4,985426664 LOC100509213
-4,986106523 EIF3A
-4,986191762 XLOC_I2_013696
-4,986290612 XLOC_003406
-4,986311982 TCOF1
-4,986498778 SERPINA6
-4,986515064 HSPA8
-4,986515664
-4,986560473 POLA2
-4,986557205 AMDHD2
-4,986446258 SUMO1P3
-4,986346953 FGD4
-4,986337234 ANGPT1
-4,986323221 PTPN14
-4,986664699 ACVR2B
-4,986673336 SP8
-4,986734334 C5orf58
-4,98679234 LOC644450
-4,98692106 SEC14L3
-4,986970882 LOC727721
-4,986976556 N6AMT2
-4,986948216
-4,986818705 C19orf69
-4,987062244 MX2
-4,987060716
-4,98715561 BRD3
-4,9872301 XLOC_000379
-4,987268521 LRRC41
-4,987308832 CCDC96
-4,987570166 EBF1
-4,987541437 C9orf53
-4,987520955 LOC100506190
-4,98750397 FAM168B
-4,987421754
-4,987392426 KIF9
-4,987329382 ITGAX
-4,987147402 LOC100233156
-4,98777426 ABCA1

-4,987741907 PRKG1
-4,987862849 SYNRG
-4,988017922 CHCHD6
-4,988014155 LOC338620
-4,988088196 POLD2
-4,988300449 C7orf36
-4,988304071 XLOC_011515
-4,98839969 FRG1B
-4,988531684 AAK1
-4,988566285 GPATCH2
-4,988617695 LOC285758
-4,988623486 BEX4
-4,988643761 OLA1
-4,988598057 UQCR10
-4,988483014 SHKBP1
-4,988452655 CXCR5
-4,988264748 XLOC_000822
-4,988753509 PPP1R21
-4,988771371
-4,988887873 CTSZ
-4,989105456 DDX60L
-4,98911623 TRIM14
-4,989256622 CERS6
-4,989377542
-4,989429792 P2RX7
-4,989585967 PARD6B
-4,989619362 YDJC
-4,989742366 GEMIN6
-4,989760736 UBE2DNL
-4,989790443 XLOC_008371
-4,989793422 PHKG2
-4,989925684 IL13RA1
-4,98997107 XLOC_000390
-4,989979035 PSMB2
-4,989935556 MIS12
-4,989890672 CYB5R3
-4,989874385 DNAJC25
-4,989858741 DKFZP686I15217
-4,989827452 UBE2Q2P2
-4,98980166 MAF1
-4,989598803 GSDMB
-4,989551631 VPS28
-4,989401331 LOC283387
-4,989327691 TCEANC

-4,989270186
-4,989202364 ZNF213
-4,989142976 FRAT1
-4,988942354 WDR65
-4,98885093 NEK6
-4,990040216 CDC123
-4,990139632 C16orf88
-4,990113465
-4,990265588 SIGMAR1
-4,990413209 MS4A4E
-4,990501666 KIAA0564
-4,99054756
-4,990546025 TMEM8C
-4,990466849 LOC541471
-4,990462375 MEF2D
-4,99036472 XLOC_I2_013040
-4,990621371 FBXO4
-4,990761166 TIMM13
-4,990742429 LGALS2
-4,99090092 SNORA32
-4,990979622
-4,990962453 LOC100130557
-4,991241724 GAMT
-4,99130604 FKBP7
-4,991378775 TMEM38B
-4,991517075 BTAF1
-4,991530817 C9orf173
-4,991690123 ARHGAP5
-4,991714022 HSD3B7
-4,991824907 IL1RL1
-4,991950298 XLOC_007043
-4,991959341
-4,991987268 ZSWIM6
-4,992119247 LRRC39
-4,992230293 DOCK5
-4,992237058 GANAB
-4,992247038 NAA10
-4,992259853 ACAD9
-4,992445487 XLOC_014110
-4,992452098 ZNF256
-4,992471195
-4,992502543 ZNF790
-4,992414681 XLOC_I2_006101
-4,992399908 GPR88

-4,992392897 XLOC_003383
-4,99201115 MT1H
-4,991939175 CASP10
-4,991805941 HSD17B4
-4,991772442 NDUFA9
-4,9927413 BEND3
-4,992760021 SCAPER
-4,992793901 XLOC_I2_002176
-4,992888016 CCDC11
-4,992898518 ZNF318
-4,992996818
-4,9931643 USP17
-4,993269427 ACSL4
-4,993385636 BSCL2
-4,993473767 LOC284379
-4,993522325 GAR1
-4,99357195 PTP4A3
-4,993607858
-4,993571375 LOC100129115
-4,993561187 LRRC16A
-4,993428596 TDRD3
-4,993418728 XLOC_005541
-4,993335761 TGFBR1
-4,993249281
-4,993226813 HERC2P4
-4,993192852 CNP
-4,993168784 XLOC_006195
-4,993129249
-4,99302387 MEPE
-4,992815895 INSL3
-4,992739596 SLC25A17
-4,992643966 ZNFX1
-4,993839436 METTL21A
-4,993848173 C15orf58
-4,993869173
-4,993890863 DTNA
-4,993920547 TOMM40
-4,993947759 NT5C2
-4,99397499 NPAS1
-4,993976802 CEP192
-4,994151513 CAB39L
-4,994212643 LEPROTL1
-4,99430121 SYS1
-4,994302996

-4,994493605 LOC100505661
-4,994584147 GINS4
-4,994618638 ARMC9
 -4,9949218 CPNE8
-4,994934232 ROBO1
-4,994951327 XLOC_006069
 -4,99495481 SCPEP1
 -4,99507608
-4,995086112 TAF1A
-4,995125048 GSTA4
-4,995162174 BEST2
-4,995128435 NOTCH1
-4,995097477 TPP1
-4,995067511 LRRFIP2
-4,994925583 RIPK3
 -4,99473819 HADHA
 -4,99472896 PCMTD2
-4,994648555 SLC30A9
-4,994569228 ACTA2
-4,994497423 C19orf39
-4,995204018 TBCEL
-4,995336344 LOC100499221
-4,995304702 Q6UXP8
-4,995397179 JAKMIP2
-4,995565396
-4,995596002 LOC100506157
-4,995601388 ZC3H11A
-4,995616265 PLD4
-4,995657749 SIGIRR
-4,995678418 APEH
 -4,99553651 UXT
-4,995749503 XLOC_011803
-4,995808764 APP
-4,995940304 BMP2K
-4,995914905 SIN3B
-4,995890189 C3orf14
-4,996072955 C5orf24
-4,996075053 XLOC_I2_002033
-4,996073289 BCAS2
-4,996397098 MPRIP
-4,996402897 LINC00173
-4,996417611 MEN1
-4,996467934 RAB38
-4,996602665 SLC5A11

-4,996632496
-4,996697319
-4,996791528
-4,996815159 **CASP3**
 -4,9968218
-4,996843443 **PA2G4**
-4,996920654 **NAV1**
-4,996995063 **UBAP2**
-4,997043159 **IPO5**
-4,997098497 **HCG18**
-4,997125303 **CALCA**
-4,997206545 **MKI67IP**
 -4,99724429 **FRS3**
-4,997330566 **PPA1**
-4,997366477 **KANK1**
 -4,99739535
 -4,99759234 **C3orf18**
-4,997778629 **LOC100134259**
-4,997786292 **E2F6**
-4,997820362
 -4,99792084 **SWT1**
-4,997904737 **ISCA1**
 -4,99789984 **DHX38**
-4,997693232 **PAG1**
-4,997664237 **ZC3H11A**
-4,997619281 **THBS4**
-4,997570982 **WDR44**
-4,997560785 **AREG**
-4,997558992 **XLOC_014484**
-4,997428875 **CSF2RA**
-4,997338626
-4,997331317 **ZNF271**
-4,997211155 **LOC100129406**
-4,997191308 **XLOC_I2_001310**
-4,997057387 **PDE6D**
-4,996954867 **MRPL22**
-4,996763647 **RMND1**
-4,996532704 **A1BG**
-4,996526495 **NHSL2**
-4,996511401
-4,996132075 **GNLY**
 -4,99796294 **SMC4**
-4,998024475 **TMEM18**
-4,998214911 **NECAP1**

-4,998276823 GAB3
-4,998317099 CDHR1
-4,998998309 PROP1
-4,999004985 FAM45A
-4,999085857 ZNF673
-4,999095488 XLOC_005574
-4,999142937 FAHD1
-4,999176257 TTLL5
-4,999211984 LOC148709
-4,999105156 WWC2
-4,999015719 RFX5
-4,998924966 RSF1
-4,998862842 PYROXD1
-4,999294516 ZNF285
-4,999333213 MPP5
-4,999473925 JMJD7
-4,999561126 FLJ42627
-4,999545399 LOC100506922
-4,999698916 FXN
-4,999795454 TBL3
-4,999964829 IL18R1
-5,000004338 KIF20B
-5,000016979 SNORD74
-5,000117602 XLOC_I2_015722
-5,000229863 RNF126
-5,000284962 LOC100506051
-5,0003305
-5,000367118
-5,000372477 ZHX3
-5,000445605 OAF
-5,000487435 PRIM2
-5,000506213 Q41718
-5,000524525 EXOSC7
-5,000535092 BRD7
-5,000589554 ARL13B
-5,000651246 STAG3L2
-5,000666286 PPIL4
-5,000700307 MLLT4
-5,000664974
-5,000658523 FLNA
-5,000575061 TMEM126A
-5,000289987 ACSBG1
-4,999967205 ATP6V0A1
-4,999783349

-4,999721922 RAB9BP1
-5,000796495 LOC642236
-5,000849425 GPRASP1
-5,000823105 CANT1
-5,000948366 XLOC_012679
-5,001012728 FAM158A
-5,001077379 LOC441455
-5,001152046
-5,001184779 XLOC_000556
-5,00139829 XLOC_I2_013052
-5,001411917 DIP2C
-5,001416049 LINC00470
-5,001489399 PHTF1
-5,001650374 SEH1L
-5,001651228 SYNGR3
-5,001619593 MAGIX
-5,001566515 TRUB1
-5,001762359 EFNA4
-5,001731889 LOC100131733
-5,001958367 NUCKS1
-5,001986864 SLC37A4
-5,002002291
-5,002035008 LOC284408
-5,002099367 LOC100288637
-5,002192965 CLCC1
-5,002333382
-5,002473409 XLOC_008542
-5,002493685 CAMKMT
-5,002491383 IRAK3
-5,002401735 ZFP64
-5,002611718 XLOC_008371
-5,002650921 LOC100507398
-5,002857393 BMF
-5,002994736 EFCAB4A
-5,003177685 CTH
-5,003188322 NRARP
-5,003255543 PAQR4
-5,00340051 TNPO3
-5,003402375 GGT8P
-5,00335134 NDST2
-5,003322646 STK38
-5,003226361 XLOC_009723
-5,00362783 TSC1
-5,003630736 SDF2L1

-5,003608485 **GBP2**
-5,003581091 **LAPTM4B**
-5,003513065 **LOC157562**
-5,003794745 **CBX1**
-5,003798423 **EIF1AX**
-5,00386561 **INTS4**
-5,004018936 **MRPL38**
-5,004024224 **ZNF259**
-5,004047069 **ABHD11**
-5,004168475 **SON**
-5,004235551 **RAD17**
-5,004243588 **CDAN1**
-5,004268217 **C12orf48**
-5,004286449 **TRMT12**
-5,004296686 **EVPL**
-5,004326202 **LOC100506469**
-5,004424576 **DHRS4**
-5,004504717 **ZBTB8A**
-5,004748025 **ACY1**
-5,00489461 **GFER**
-5,004960388 **ATR**
-5,005062163 **XLOC_I2_014694**
-5,005130079 **SLC12A2**
-5,005178178 **SNORD114-8**
-5,005233216 **XLOC_I2_012847**
-5,005287359 **CCDC43**
-5,005324838 **HOMER1**
-5,005546618 **CLDND1**
-5,005565051 **XLOC_I2_001529**
-5,005636188 **KIF15**
-5,005650264 **RNF213**
-5,005712027 **POLR1C**
-5,00572332 **CROCC**
-5,005751035 **psiTPTE22**
-5,005821598 **LONP1**
-5,006094209 **OTOA**
-5,006106408 **CNOT2**
-5,006113848 **XLOC_008441**
-5,006141772 **FAM82B**
-5,006115119 **XLOC_009562**
-5,006018035 **XLOC_I2_010636**
-5,005997867 **PRPF38B**
-5,005985871 **P2RY10**
-5,005967306 **AKIRIN2-AS1**

-5,005889 XLOC_005877
-5,005832415 C2CD4C
-5,005716901 HERC2P7
-5,005692617 LOC100506023
-5,005659193 TTC28
-5,005657662 C1orf124
-5,005624385 TNFSF10
-5,005534648 LOC100133669
-5,005484211 MALAT1
-5,005457552 LCOR
-5,005429902
-5,005084851 OBFC2A
-5,005050988 SRGAP2P1
-5,004940834 LOC440132
-5,004894637 STARD4
-5,004780713 STON1-GTF2A1L
-5,004696089 SCYL2
-5,00462082 PTPRH
-5,004439707 XLOC_014010
-5,004366505 RCAN3
-5,004089807 LRRFIP1
-5,004068865 NIPA2
-5,003938748 FDPSSL2A
-5,003937821 CNOT6L
-5,006198963
-5,006257045 ETFDH
-5,006374035 IMMP1L
-5,006349128 HERC2
-5,006551684 HAUS7
-5,006760534 HSD17B7
-5,006933383 POLR2J2
-5,006930672 XPO7
-5,006884102 SECISBP2L
-5,006859092 C20orf195
-5,007072362 ZNF425
-5,007057517 SLC2A1
-5,007027289 SEMA4A
-5,00730889 CCDC88C
-5,007424851 RFC4
-5,007550313 IPO9
-5,007591461 SNORA66
-5,007663365 LOC554206
-5,007625781 TACO1
-5,007513155 STAT6

-5,007496787 EMB
-5,007803641 LOC157381
-5,007962814 HIC2
-5,007979729 ARHGAP33
-5,007945905 LOC100132352
-5,008274268 BTN3A1
-5,008396187 EDEM2
-5,008458592 C14orf49
-5,00852654 ID1
-5,008594316 RPL19P12
-5,008559131 FAM96A
-5,008521896 HOTAIR
-5,008419535 LATS2
-5,008638698
-5,008784457 FAM178A
-5,008787896 DBF4
-5,008839844 EHHADH
-5,008843697 PLEKHN1
-5,008715124 XLOC_002890
-5,008987454 C18orf55
-5,008982064 TCTEX1D4
-5,009245289 QKI
-5,009259727 TMEM69
-5,009315214 XLOC_I2_013783
-5,009333826 JMJD8
-5,009381929 TMEM85
-5,009377507 AAK1
-5,009347748 MTRF1L
-5,009239058 ZNHIT3
-5,009163023 XLOC_012551
-5,009422116 ARL4A
-5,009522425 HARS
-5,009592838 UBE2Q2P1
-5,009630944 BTBD7
-5,009684521 TPX2
-5,009695514 XLOC_003463
-5,009903859 CNPY2
-5,009912093 ZMYM4
-5,009917813 SSTR3
-5,0099838 DDX11L2
-5,009991708 HLA-DQB2
-5,010084955 PPL
-5,01014054 CHID1
-5,010202897 LOC221442

-5,010274288 DCAF8
-5,010274922 CTS1
-5,010196202 CD72
-5,0101818 TMEM154
-5,010138293 JARID2
-5,010111832 EFEMP1
-5,010028854 EFHC2
-5,009965628 ACER3
-5,010373544 XLOC_006948
-5,010361291 XLOC_I2_004594
-5,010558668 LOC654433
-5,010697016 XLOC_014110
-5,010659647 H1FNT
-5,010788466 RFX2
-5,01093436 GRIN3B
-5,011010816
-5,011313927 XLOC_004669
-5,011339303 DNAI1
-5,011456687 psiTPTE22
-5,011523513
-5,011592465 ZNF473
-5,011633342 XLOC_007544
-5,011743579 HIBADH
-5,011834658 LAX1
-5,011858016 LRRC40
-5,011915543 CCBL1
-5,011951623 FBXL18
-5,011992073 MED16
-5,011959146 XLOC_I2_014001
-5,011911658 CCNDBP1
-5,011762539 C8orf40
-5,011750974 LRRC3C
-5,011698283 FAM164A
-5,011671642 ATP1B1
-5,011526574 RAC2
-5,011381716 LOC283547
-5,011364888 SLC16A3
-5,011358101 LOC100131929
-5,012037215 SET
-5,012139192 Q9UJ41
-5,012171734 ZNF57
-5,012204078 SLC38A5
-5,012324206 ELK4
-5,012349973 LETMD1

-5,012461624 FAM13A
-5,012511066 PLEKHM3
-5,012660863 KCTD1
-5,01266373 LOC728743
-5,012679759 ANO7
-5,012732526 TTI1
-5,012756543 ARMC1
-5,012902659 ATP6V0E2
-5,012908126 IFT81
-5,012929117 RMND5A
-5,013069064 PLB1
-5,013070846 LCLAT1
-5,013133362 C17orf78
-5,013217117 LOC100134317
-5,013276372 ANGEL1
-5,01329428 HERC2
-5,013397681 XLOC_I2_014289
-5,013476543 BRCC3
-5,013528494 FECH
-5,013603635 CDC25B
-5,013604558 DCTPP1
-5,013710691 TARBP2
-5,013794464 HIST1H2AL
-5,013809949 APBB1
-5,01382122 ABCC2
-5,013833155 NUSAP1
-5,013879316 SYCE2
-5,01398926 PAFAH1B3
-5,014044053 GBGT1
-5,014103805 SEL1L
-5,014164971
-5,014187087 AIM1L
-5,014177071 LOC100506233
-5,014110162 CCS
-5,014031295 ARMC10
-5,014002914 SAMD4A
-5,013903552 XLOC_I2_009539
-5,013699997 NRIP1
-5,013652655 HERC2
-5,01364435 MTL5
-5,013523448 KCNH3
-5,013428426 AP3M2
-5,013415742 CCDC51
-5,01323608 DCUN1D1

-5,013153495 POLR2H
-5,012963154 LSM14A
-5,012959051
-5,012780935 PIK3CG
-5,012776201 XLOC_008276
-5,012729218 AGTPBP1
-5,012721714 TMEM11
-5,012718042 TMEM9B
-5,012250033 IFIT3
-5,014321257 SLC50A1
-5,014379282
-5,014472767 C20orf196
-5,014515576 LOC285173
-5,01454249 AP1B1
-5,014473151 SETD1B
-5,014628755 OSTCP2
-5,014688271 MORC2-AS1
-5,014743329 EPDR1
-5,014737184 MOAP1
-5,014887602 HLA-DRB1
-5,014926702 XLOC_008047
-5,015019531 MITF
-5,015094499 MRPS14
-5,015302451 THSD1
-5,015310416 LCN8
-5,015242543 XLOC_001300
-5,015434116 TMEM120B
-5,015447179 RPL28
-5,015474333
-5,015379567 FAM108C1
-5,015521711 SH3GLB2
-5,015599318
-5,0157019 GOLGA8IP
-5,015720386 UPF2
-5,015762747 XLOC_001225
-5,015825535
-5,01583293 PHKA1
-5,015858719 NMNAT3
-5,015922388 PPT2
-5,016023277 MTRNR2L8
-5,016073597 CYB561D2
-5,016038002 XLOC_I2_009312
-5,016030766 C2orf44
-5,015935559 PRRC2C

-5,015843713 ITLN1
-5,016135912 VTA1
-5,016181693 ELOF1
-5,016270243 TRAF3IP2-AS1
-5,016292173 EPB41L4A
-5,016293555 DEGS2
-5,016419762 ARL6
-5,016540163 C10orf95
-5,016550857 ENPP2
-5,016628141 LOC391322
-5,016654546 PLD6
-5,016707616
-5,016906171 PTRH1
-5,016942212 SNRNP48
-5,016926231 CLPTM1
-5,016866128 PIK3IP1
-5,016817342
-5,016789251
-5,016764481 ALOX12P2
-5,016713316 GPX1
-5,016550213 C1orf186
-5,016453178 XLOC_007605
-5,016428047 XRCC6BP1
-5,016403945 NRN1
-5,01702153 CACNA2D4
-5,017070057
-5,017114019 MT1F
-5,01711802 DDX54
-5,017143806 DTYMK
-5,017196665 ZAK
-5,017272248 METTL20
-5,017303705 NT5C2
-5,017339504 MED23
-5,017438905 RPS7P5
-5,017515435 SOS1-IT1
-5,01752862 F8A1
-5,017623437 NPW
-5,017894647 CENPK
-5,018017677 EIF4A1
-5,018024828 XLOC_001189
-5,018053965 LMNB2
-5,018089629 ANKLE1
-5,018086515 LOC285540
-5,018060212 CADM2

-5,018028355 ATP5G1
-5,017990311 XLOC_010422
-5,017968307 MRPS18A
-5,017965651 TSPAN16
-5,017895109 MIR155HG
-5,017885516 DUSP22
-5,017833099 TMEM169
-5,017632563
-5,017576767 HIATL1
-5,017561088 KIF1B
-5,018362454 XLOC_013552
-5,018365022 HNRNPA3
-5,018380042 XLOC_009445
-5,018380653 N4BP2
-5,018409524
-5,018522216 ENAH
-5,018491542 RSPH9
-5,018472986 LOC100128348
-5,01844549 CDKN1B
-5,018354662 HLA-DRB4
-5,018595106 APOC1
-5,018601655 FADS3
-5,018680882 LPCAT4
-5,01872226 METTL15
-5,018751399 TFEB
-5,018674489 OR13A1
-5,019020009 GJC2
-5,019026359
-5,019024472 THRA
-5,019306694 LOC100130453
-5,01931016 SURF6
-5,019343315 LINC00239
-5,01936784 MED27
-5,01940313 ATPAF1
-5,019410697 XLOC_I2_001118
-5,019276534 XLOC_008183
-5,01921814
-5,019204773 KIAA0509
-5,019092672 XLOC_009344
-5,019564037
-5,019571905 AKAP11
-5,019605764 HADH
-5,019609773 FUT10
-5,019630926 POLR3H

-5,019462737 TSIX
-5,019763712 HERC2
-5,019778476 XPC
-5,019935975 PFKM
-5,020354362 XLOC_007326
-5,020378748 PARP12
-5,020377937 NEGR1
-5,020282806 XLOC_003548
-5,020550411
-5,020552869 SFMBT1
-5,020516623 PAFAH2
-5,020460386 XLOC_I2_015894
-5,020707892 FLJ23867
-5,020719497 CANT1
-5,020724712 NBEA
-5,020680495 CHDH
-5,020775631 LOC100505485
-5,020918574 C19orf6
-5,021156069 ZAK
-5,02127622 DDT
-5,021300943 LOC202781
-5,021354232 RIBC2
-5,02137638 LOC100294145
-5,021395028 PDE6B
-5,021395868 CAV1
-5,0213228 HYAL4
-5,021281345 TMEM151B
-5,021270278 ZNF559
-5,021102945 XLOC_010367
-5,02107428 ACTG2
-5,021031362 LINC00442
-5,020968276 LOC100505794
-5,020876154 XLOC_I2_015033
-5,02171128 SAE1
-5,021794785 C6orf147
-5,021835732 SSB
-5,02195284 LOC388630
-5,021976062 XLOC_I2_013116
-5,021913666 LINC00277
-5,021891242 NAMPT
-5,021879975 RBL2
-5,021764082 OLFML2B
-5,021757678 TEAD4
-5,021699312 CD164

-5,021606279 XLOC_001265
-5,021557137 CSRP2
-5,021552778 LOXL1
-5,021547659 C11orf21
-5,022137363 C17orf76-AS1
-5,022173653 ADAMTSL2
-5,022295913 ZFX
-5,022304381 XLOC_012079
-5,022625293 TMEM173
-5,022733448 SH3TC1
-5,02280393 RLN2
-5,022812168
-5,022842155 TLE1
-5,022853216 RABGAP1
-5,022968898 ODF2
-5,022981062 XLOC_I2_008195
-5,02300358 TMEM53
-5,023055476 ZNF684
-5,023126877 TMEM204
-5,02310794 FLJ32255
-5,023076846 MAGT1
-5,023034398 CBF2
-5,02293566 PARVB
-5,022851015 SDHD
-5,02279348
-5,022756504 COX6B2
-5,022697076 XLOC_005087
-5,022466403 XLOC_I2_005880
-5,022430626 TCEA2
-5,022416176 MPHOSPH6
-5,022402327 MEG3
-5,022372374 TRIB3
-5,022347253 IFI44L
-5,022259597 SSBP1
-5,022249078 PNPLA1
-5,023253668 LOC401068
-5,02327665 XLOC_009233
-5,023423937 SLC26A8
-5,023563442 NLRP1
-5,023724112 COPS7B
-5,023784619 PHLPP2
-5,023817834 MLL5
-5,0238373 TMPO
-5,023837963 MORC2

-5,023979846 KIT
-5,024042959 KCNAB2
-5,024070399 LOC728769
-5,024112509 SRSF7
-5,024180641 LOC729080
-5,024196561 TBX2
-5,024171975 TBC1D22B
-5,024130763 XLOC_I2_006609
-5,023949517
-5,023907123 TCFL5
-5,023882756 SLC33A1
-5,02380423
-5,023740036 GIPC3
-5,023689354 NDUFS7
-5,023627173 PRKAB1
-5,024350684 GPR85
-5,024517363 XLOC_013779
-5,024599452 BZRAP1
-5,024640156 LPIN3
-5,024653676 FTSJD1
-5,024709655 PTBP1
-5,024915591 EBP
-5,024926785 TAF9B
-5,024973332 XLOC_010720
-5,024983166 LOC286272
-5,024985431 PNPLA7
-5,02500078
-5,025198982 XLOC_005586
-5,025202139
-5,025236005 LOC100505894
-5,025232164 FAM208B
-5,025169248 CSF1R
-5,025163287 PROX2
-5,025304279 CCNL1
-5,02532789 KCTD7
-5,025564134 ARHGEF18
-5,025564698 RAD51
-5,025611916 PYY2
-5,025661462 EIF3H
-5,025692871 XLOC_001797
-5,025688694 XLOC_I2_004844
-5,025662919 USP18
-5,025565491 ACTBL2
-5,025469834 COPS8

-5,025450758 KIF3C
-5,025740794 IMP3
-5,025769369 C14orf33
-5,025936577 OAS2
-5,026021149 MGC45922
-5,026092318 MYCL1
-5,02611631 WDR92
-5,026074252 C17orf62
-5,026045244 RDH14
-5,026011702 CDKN1A
-5,025989651 NCKIPSD
-5,026200883 SIRT3
-5,026320938 LOC100506219
-5,026527413 LOC728485
-5,02661433 RALBP1
-5,026636597 ELK4
-5,026665497 EFTUD1
-5,026736226 LOC100653236
-5,026847095 LOC100127886
-5,026916434 LOC728323
-5,026933056 FLJ22184
-5,027035034 FAM204A
-5,027179424 SERGEF
-5,027218364 NIF3L1
-5,027226545 INTS10
-5,027204134 XLOC_I2_014697
-5,027163974 ASMT
-5,027148972 CDCA5
-5,027068891 CXorf49B
-5,02702721 TDRD9
-5,026984711 DDOST
-5,026914369 OR5B2
-5,026902043 TMEM216
-5,026751889 CDR2
-5,026720782 XLOC_007571
-5,026654456 XLOC_007374
-5,026627019 PLEKHM1
-5,026624453 OR7D2
-5,02645029 PTMA
-5,026392467 TJP2
-5,026276885 USP47
-5,026262546 AUH
-5,027340719 NUP62CL
-5,027415478 DOCK7

-5,027445348 THAP5
-5,027508032 KIF24
-5,027514285 NID2
-5,027536164 SCML1
-5,027471854 GON4L
-5,027402473 KRTAP2-4
-5,02727378 NAA35
-5,027630447
-5,027641397 TBKBP1
-5,027641595 RARS
-5,027733691 SEC24A
-5,027805238 RP9P
-5,027869696
-5,027871727 TCEA1
-5,027985538 SNX24
-5,028060562 XLOC_I2_015160
-5,028097389 LOC100505648
-5,028099687
-5,028074914 FLJ43663
-5,028052261 MIA3
-5,027941643 CMAHP
-5,027861429 IST1
-5,028160408 PLA2G16
-5,028327853 TTYH2
-5,028295061 LOC100505687
-5,028452275 MDC1
-5,028510517 UTP14A
-5,02854071
-5,028549078 BCAT1
-5,028558864 DDRGK1
-5,02856856 TPH2
-5,028635688 MFSD2A
-5,028747862 PODXL
-5,028832474 NOP16
-5,028859541 MS4A14
-5,028926348 LOC730236
-5,029137149 Q8SQ10
-5,029183004 MLLT3
-5,02924206
-5,029248883 XLOC_I2_000353
-5,02925094 GPS1
-5,029313567 ERCC8
-5,029320282 AASDH
-5,029295324 SLC3A2

-5,02926583 EMX1
-5,029108932 FAM200B
-5,029101231 ST13
-5,029067066 DENND3
-5,029044872 FCHO2
-5,029039304 LILRA6
-5,029028347 psiTPTE22
-5,028685969 PRKACB
-5,029387097 FAM35A
-5,029455724 USP22
-5,02942895 ELF2
-5,029532305 KCTD5
-5,029662786 XLOC_011797
-5,029821155 LOC100506774
-5,029837175 LOC100124692
-5,029855649 SLC2A10
-5,029971202 LOC100505678
-5,030078203 RAPGEF3
-5,030135497 LRIT2
-5,030138283 MXRA7
-5,030223195 XLOC_008272
-5,030273909 LOC100505616
-5,030259442
-5,030255703 LOC100130051
-5,030208543 SNRPD3
-5,030199445 ABCC4
-5,030098407 XLOC_007052
-5,03004939
-5,030049061 NUP98
-5,029970177
-5,029807393 SLC9A4
-5,030383602 MTHFD1L
-5,030472333 IARS
-5,030497268 SS18L2
-5,03050803 XLOC_I2_009029
-5,030501912 ABCA1
-5,0304819 POLR3C
-5,030382069 ZBTB49
-5,03064129 PTTG1
-5,030804869 LOC100128843
-5,03091683 EIF5A1
-5,030931993 ZNF574
-5,031018316 TNFAIP8L1
-5,031057259 BCKDHB

-5,031082528 SLITRK4
-5,031082623 WDHD1
-5,031084234 C21orf33
-5,031089974 C4orf42
-5,031092661 MPEG1
-5,031223249 C19orf50
-5,031293126 SNHG6
-5,031330818 LOC644339
-5,031332764 EXOC6B
-5,031433058 AHSA1
-5,031457706 DES
-5,031457461 KBTBD4
-5,031402678 ZNF417
-5,031377283 TBC1D7
-5,031354176 IWS1
-5,031276963 XLOC_011568
-5,031257833 SLC16A6
-5,030996006 PQLC3
-5,030953211 XLOC_007985
-5,030724483 KIAA1908
-5,031734231 TNKS1BP1
-5,031743415 EDEM3
-5,031782701 DCTN5
-5,031796497 KIAA1875
-5,03197409 HEY2
-5,032027479 PPA1
-5,032055263 TMEM117
-5,032094714 ST3GAL5
-5,03215426 SNORD94
-5,03216588 ANKRD13D
-5,032144235 PHACTR2
-5,032118252 NSDHL
-5,032109662 ST3GAL4
-5,032104691 RFX8
-5,032022916 SNORA71A
-5,032256084 ARV1
-5,032237081 NCAPD3
-5,032536162 MAP4
-5,032628181 BOLA3
-5,03264194 FOXK2
-5,032703948 KANK3
-5,032713859 BCL2L11
-5,032722615 IRF2BP1
-5,032761265

-5,032769844 LOC100507226
-5,033008037 MLF1IP
-5,033084764 XLOC_I2_013808
-5,033175876 XLOC_010996
-5,033226898 PCYT1B
-5,033227567 C9orf140
-5,033229125 APOBEC3D
-5,033265941 NCOA5
-5,033471322 CEP170
-5,033500941 XLOC_008916
-5,033588335 MGC16121
-5,033624081 C8G
-5,033709797 TRMT5
-5,033712406 NAPSA
-5,033782257 XLOC_I2_010489
-5,033845767 LOC100652751
-5,033891531 KAT6B
-5,034040028 DNPEP
-5,034129639 C11orf95
-5,034135462 ASB9P1
-5,034156278 LOC100652974
-5,034184882 OSBPL8
-5,034270132 KCNAB2
-5,034274842 IMMT
-5,034233587 PIN1P1
-5,034209453 Mar-08
-5,034042072 HAS1
-5,034005128 MTMR2
-5,033984058 COPS5
-5,033978395 FMO4
-5,033947392 B3GALNT1
-5,033894513 C14orf162
-5,033878629 FGD6
-5,033842947 XLOC_003444
-5,033668263 CSGALNACT2
-5,033634254 XLOC_001195
-5,033582909 FPGT-TNNI3K
-5,033575207 NSMCE1
-5,033491321 Sep-01
-5,033433 LOC100505549
-5,033427207
-5,03325161 WDR13
-5,033193815 P2RY8
-5,033021018 FUNDC2

-5,032982629 OLIG3
-5,032946787 LOC100506681
-5,032936662 LOC284240
-5,032860289 SNORD113-9
-5,032848737 NFU1
-5,032822891 SDR42E1
-5,032796405 ATXN7L3B
-5,032770891 XLOC_013145
-5,032722916 CEP128
-5,032454186
-5,032400568 FAM177A1
-5,0343577 SGTA
-5,034355948 HDGFRP2
-5,034409872 SH3TC1
-5,034481426 SNRPF
-5,034530619 AP1AR
-5,034511844 NUDT9P1
-5,034444153 LINC00028
-5,034618605 LOC100507018
-5,034609033 DDX60
-5,034825201
-5,034928461 EPC1
-5,035019284 XLOC_I2_006026
-5,035054593
-5,035126005 QTRTD1
-5,035166675 CLUAP1
-5,035247647 IFT46
-5,035337457 MACC1
-5,035397061 SCAMP5
-5,035405246 TEK
-5,035489651 C9orf69
-5,03549975 PET112
-5,035531055 LOC645967
-5,035627851 FARSA
-5,035675183 SNAPC5
-5,035677779 ZNF467
-5,035618022
-5,035607661 HERC2
-5,035486729 RWDD1
-5,035431063 DDB1
-5,035429911 MPP6
-5,035355901 HAT1
-5,035250889 NFYB
-5,035204221 ARHGAP19

-5,035030624 CNOT4
-5,035027022
-5,034984409 KMO
-5,035767531 PRICKLE3
-5,035941709 LOC100132909
-5,036048925 RTN4RL2
-5,03604954 XLOC_I2_003065
-5,036114841 RAB12
-5,036129382 C1orf88
-5,036206874
-5,036313669 OAS2
-5,036354749 NRXN2
-5,036360001 EIF4ENIF1
-5,03643694 XLOC_007102
-5,036473051 WARS2
-5,036520731 BMP8B
-5,03658307 INTS4
-5,036585147 WIPF1
-5,036550946 PMEPA1
-5,036510005 SSR2
-5,036436655 C3orf58
-5,036424276 ARHGEF7
-5,036387282 CLP1
-5,036227845 LOC100132966
-5,036727823 GGT5
-5,036763601 DMPK
-5,036812141 OSTF1
-5,036992374 SLC41A3
-5,037006801 XLOC_012051
-5,036992668 SYNGR4
-5,036974263 LOC100128071
-5,036911057 CHTOP
-5,037049031 PRKRIR
-5,037169768 TUBB
-5,037225063 ZNF394
-5,037225996 HSD17B7
-5,037222873 XLOC_004053
-5,037199558 NUDT5
-5,037314507 FRG1
-5,037304677 PRKXP1
-5,037378887 KHDC1
-5,037423072 HSD17B6
-5,037443269 ECHS1
-5,037404719 BCL6B

-5,037510268 LOC100130009
-5,037544164 TJP1
-5,037584941 ADAMTS7
-5,037763049 PCBP1
-5,03775378
-5,037820094 PSMF1
-5,037902204 SYTL4
-5,038025723 XLOC_011521
-5,038187462 MMAB
-5,038238379 HSPA6
-5,038243192 VSTM4
-5,038295208 G2E3
-5,038297188 OR5C1
-5,038335014 CBWD5
-5,038397306 MFN2
-5,038407181 C10orf112
-5,038355639 MYBPH
-5,038291812 PTPN6
-5,038273956 LOC100507558
-5,038185946 TBCA
-5,038166289 KIAA1984
-5,038157975 C22orf39
-5,038045379
-5,037924137 C1orf38
-5,037854893 C11orf87
-5,038635664 MECP2
-5,038814933 ZNF30
-5,03893828 DIS3L2
-5,038960175 C20orf197
-5,038978808 BTN2A1
-5,038960015 NOTCH2NL
-5,038930549 FKBP2
-5,038874948 MOB1B
-5,038844323 XLOC_005365
-5,038790326 ZNF184
-5,038763493 ZZZ3
-5,038754266 BST2
-5,0387471 LHX3
-5,039219661 DHX58
-5,039278108 UTRN
-5,039289392 EXOG
-5,039442944 MRPS15
-5,039568951 SIRT3
-5,039653013 CNTLN

-5,039707424 XLOC_I2_013751
-5,039712049 PCDHB13
-5,039731738 ERI2
-5,039838667 FDX1L
-5,039909524 ZNF726
-5,039934078 OR10H1
-5,039991936
-5,040039595 C9orf72
-5,040063512
-5,040053149 STAT4
-5,040002572 PCSK1N
-5,039903531 TMEM184C
-5,039864615 XLOC_I2_004594
-5,039803109 ALDH3B1
-5,039782272 MICA
-5,039770597 ZNF493
-5,039766328 LOC100506368
-5,039646347 C12orf34
-5,039584628 XLOC_012176
-5,040270279 XLOC_010191
-5,040482264 HSD11B1L
-5,04051398 YARS
-5,040521288 HDDC2
-5,040513662 FLJ41941
-5,040501411 DUSP2
-5,040427961 ATP13A2
-5,040353307 LOC100233156
-5,040625508 ADCK2
-5,040671786 ANKRD50
-5,040654118 XLOC_014334
-5,040711285 XLOC_003799
-5,040795495 NLN
-5,040863757
-5,040973947 ARHGEF12
-5,04096999 ZEB2
-5,040944267 GNS
-5,041112678
-5,04111768 CDH22
-5,041172073
-5,041270016 XLOC_013027
-5,041344152 ZNF283
-5,041376225 RNASEH2C
-5,04147626 PDSS2
-5,041495092 RFX3

-5,041517806 PPP1R12B
-5,041500404 CORO2A
-5,041474209 DSCR3
-5,041473116 ZNF385C
-5,041344224 ACOT4
-5,041340566 NCOA2
-5,041635711 GNB1L
-5,041715917 MRPL24
-5,041742767
-5,041765422 CSNK1A1
-5,041870494 MIA
-5,041953529 XLOC_I2_008008
-5,041991631 LOC100506982
-5,041993903 ZNF70
-5,041978705 GBP6
-5,042033543 TECTA
-5,04211518 HBS1L
-5,042240184 PPP1R3A
-5,042262954 XLOC_I2_009613
-5,042344831 XLOC_009191
-5,042448653
-5,042500497 ZNF765
-5,042617033 POLR1C
-5,042620137 RPN2
-5,04265796 ARHGEF10
-5,042660044 RIN1
-5,042649894 AP1S1
-5,042613479 XLOC_009146
-5,042571347 CCDC126
-5,042563587 SLC2A6
-5,042559739 GOLGA6L6
-5,04240658 BTF3P11
-5,042330836 XLOC_009167
-5,042287471 XLOC_009498
-5,042162366 LOC115110
-5,042706523 ECSCR
-5,042795278 ARHGAP27
-5,042862237 ZNF667
-5,04289775 NDUFAB1
-5,042987815 PFDN2
-5,043008772 FXYD3
-5,043033032
-5,043030432 UBXN7
-5,043110557 POM121L4P

-5,043315543 SLC25A3
-5,043328188
-5,043303942 ZNF547
-5,043276024 UBAC2
-5,04327369 ACER2
-5,043222368 GALR3
-5,043514143 PGAM1
-5,043625446 HMBOX1
-5,043677066 SRSF11
-5,043694516 C6orf154
-5,043648653 SIRPD
-5,043623047 FAM127B
-5,043553511 RAPGEF6
-5,043493795 XLOC_007499
-5,043468216 GPR114
-5,04378246 PAR-SN
-5,043802661
-5,043753485 FADS2
-5,043887979 MNS1
-5,043877702
-5,043978763 SF3B4
-5,04401479 ATP10B
-5,044076664 CD53
-5,04409025 UBE3C
-5,044113644 SMUG1
-5,044183499 LOC283788
-5,044230535 LOC100505585
-5,044333337 STEAP3
-5,044401574 ZNF736
-5,044408894 LOC100129110
-5,044358459 TTC28-AS1
-5,044345906 TOP1
-5,044299945 MRPL17
-5,044236333 SAMM50
-5,044508637 ZNF792
-5,044485466 ST3GAL3
-5,04465268 LOC100132273
-5,044688515 LOC285286
-5,044759324 SVOPL
-5,044809249 LOC100128591
-5,044787086 SMURF1
-5,044723109 XLOC_013835
-5,044946783
-5,044982435 FLJ41170

-5,044975412 ZZZ3
-5,045159723 UQCC
-5,045219519 RARB
-5,045272043 RMI1
-5,045268202
-5,045243631 CYTH1
-5,045182831
-5,045131306 DCUN1D5
-5,045313767 PHLPP2
-5,045343067
-5,045516235 FPGS
-5,045521137 FLJ42627
-5,045556281 IMMT
-5,045604067 TRIM11
-5,045640412 CHCHD8
-5,045770047 SPANXB2
-5,045885397 CNPY4
-5,045908277 LOC340544
-5,045913154 LOC100131581
-5,045922487 XLOC_I2_012378
-5,045930323 GOLGA6L6
-5,045848761 XLOC_009514
-5,045821242
-5,045783648 VIT
-5,04574115 HPD
-5,045707418 SP100
-5,045678357
-5,045656853 XLOC_I2_008203
-5,045653739 SEPHS1P1
-5,045579732 DTWD2
-5,045962886 NTNG2
-5,046006042 RIT2
-5,046079294 TFE3
-5,046242267 DDX31
-5,046304096
-5,046410145 U2AF1L4
-5,046493665 LOC100507091
-5,04659042 PMM2
-5,046682072 CCNK
-5,046762997 URB1
-5,046780577 SLC35C2
-5,046839155 DNAH11
-5,046852714 SND1
-5,046870025 AFG3L1P

-5,046888669
-5,046854265 AP4S1
-5,046823361 XLOC_006699
-5,046818306 XLOC_000052
-5,046798075 FAM46A
-5,046719769 ZSWIM7
-5,046688874 FAM160A1
-5,046515629 GFOD2
-5,046508202 LOC729454
-5,046504726 XLOC_004945
-5,046421036 LOC439951
-5,046347938 UPB1
-5,046343227
-5,046199934 XLOC_010485
-5,046181832 ACP6
-5,04614382 NPAT
-5,047001359 TNNI2
-5,047047863 BCKDHB
-5,047075006 C14orf128
-5,047124159 CEP85
-5,047120569 FAM114A2
-5,04708226 LOC100507492
-5,047050576 ABCB10
-5,047229716 ERI1
-5,047369141 C3orf54
-5,047372055 DCAF15
-5,047340263 TNKS2
-5,047321187 XLOC_011661
-5,047464882 PHACTR4
-5,047510388 C17orf51
-5,047584493 EIF4E3
-5,047655533 COMT
-5,047659765 ZMIZ2
-5,047674491
-5,047789623 ISCA2
-5,047765396 MBLAC2
-5,047744502 CD33
-5,047741019 HIVEP1
-5,047685877 FCRLB
-5,047624069 XLOC_001517
-5,047558048 P2RX4
-5,047473632 PAOX
-5,047858605 SNRPD1
-5,047971414 CYB5A

-5,048059781 LOC100129129
-5,048074333 OPA3
-5,048075946 TBP
-5,048101728 LOC643802
-5,048104134 KRT8
-5,048120176 RPS3A
-5,048082537 CCDC107
-5,047954407 NSA2
-5,048252113 PLD2
-5,048293467
-5,048325153
-5,048351039 LTBR
-5,048372976 FAM86C2P
-5,048389261 PHF8
-5,048395074 NEAT1
-5,048383227 SLC25A5
-5,048292459 IKZF3
-5,048514077 TMEM145
-5,048528249 XLOC_011507
-5,048528434 HSPA9
-5,048656838 C15orf38
-5,048666186 HSP90AB5P
-5,048697041 EIF2AK2
-5,048754427
-5,048809208 LOC100287314
-5,048844978 ZC3H18
-5,048930473
-5,048966801 XLOC_014159
-5,048984571 GNL1
-5,049129459 C17orf51
-5,049157304 LOC401320
-5,049253654 DYRK1A
-5,049256272 TCTN3
-5,049262863 SETD7
-5,049293805 ZNF814
-5,049369464 CLCC1
-5,049406292 XLOC_010190
-5,049477263 ATP5SL
-5,049578423 IGSF9B
-5,049597634 Sep-08
-5,049601855
-5,04962387 ZNF414
-5,049668245 LOC84989
-5,049778213

-5,049902512 SH3RF1
-5,049906747 CNOT4
-5,050002043 PIK3CD
-5,050053404 HES5
-5,050067693
-5,050068458
-5,050076935
-5,050120874 TLCD1
-5,050142594 RPL13AP3
-5,05020044 MLL3
-5,05026549 DHRS4L1
-5,050273332 SRSF7
-5,050235169 USP47
-5,050217877 BMX
-5,050129743 PARL
-5,050128548 SCYL2
-5,050071837 CKAP2L
-5,050014268
-5,050001669 ZRANB2
-5,049974261 KDELC1
-5,049943965 LOC284889
-5,049915571 CHTF8
-5,049785587 AMOTL2
-5,04969767 C20orf201
-5,04967551 ORC4
-5,0494581 CEACAM3
-5,049425911 ATL3
-5,049317861 SLC27A2
-5,049217567 LOC643770
-5,049125207 GABRR2
-5,049077532 PLEKHH3
-5,048989392
-5,05030205 USP6NL
-5,050336473 TMEM109
-5,05040195
-5,050408996 XLOC_I2_005826
-5,050456218 PNPT1
-5,050459646 XLOC_006200
-5,050560942 C16orf73
-5,050686363 ATG4B
-5,050712441 LOC100134391
-5,050759883 C18orf19
-5,050791686 ADCK1
-5,050829893 PCNA

-5,050837677
-5,050889497 NYNRIN
-5,050900261 PPA2
-5,05085297 DKK1
-5,050822891 STX7
-5,050786909
-5,050709945 NCOA7
-5,050672164 UBE2E4P
-5,051002075 MYH14
-5,051038275 XLOC_002730
-5,051060742 BAG3
-5,05107171 HNRNPA1L2
-5,051152316 XLOC_013896
-5,051159058 LOC728061
-5,051170481 LOC100130539
-5,051195974 LRR1
-5,051216875 XLOC_013906
-5,051262403 XLOC_002997
-5,051239496 ANKRD42
-5,051228277 COX11
-5,051386097 RNU4ATAC
-5,051425734 LOC647086
-5,051443919 HNMT
-5,051530778 IDH3B
-5,051565851 SNAP23
-5,051674309 BRMS1
-5,051714996 IRF7
-5,05173658 AHNAK2
-5,051785666 RPL15
-5,05194331
-5,05198936 TSPAN11
-5,052002795 KEAP1
-5,052057595 PDXDC1
-5,052079893 CNKSR3
-5,052261326 RPL4
-5,052262152
-5,052343348 NBEAL1
-5,052434429 C17orf76
-5,052471891 PARP14
-5,052491969 CTPS2
-5,052530681
-5,05254767 CBX1
-5,052560801 RPL22
-5,052581078 PDE4DIP

-5,052613278
-5,052736129 NBPF6
-5,052762371 GSTM1
-5,052763289 NUCB1
-5,052748248 SH3GL1P2
-5,052747212
-5,052729377 RETSAT
-5,052714512 XLOC_007753
-5,052702955 RPS10
-5,052594632 EPHA4
-5,052523006 TCEAL1
-5,0524878 FERMT2
-5,052453588 PIGV
-5,052385647 ZSCAN12P1
-5,052334145 LOC344595
-5,052275207 RELL2
-5,051956236 TMC4
-5,052898358 NRSN2
-5,053063971 RRP1
-5,053084443 ZMYND17
-5,053089777 XLOC_I2_012870
-5,053064459 CDKN3
-5,053060112 C2
-5,053228713 AMMECR1
-5,053218977 ANKRD44
-5,053218444 AKR1B1
-5,053200196 LOC100130236
-5,053297843 WDR3
-5,053316215 UCP2
-5,053308398 CLCNKA
-5,053357376
-5,053428096 RAD52
-5,053472162 ARPC5
-5,053460656 XLOC_013589
-5,053528091 HAUS2
-5,053663691 LOC646743
-5,053718782 METAP2
-5,05377521 XLOC_I2_004844
-5,053920571 ABCF2
-5,053990766 MAP2K5
-5,054002489 RPSA
-5,054018024 PPAN-P2RY11
-5,054058819 FANCD2
-5,054166805 MRPL36

-5,054321685 ZNF786
-5,054342378
-5,054366227 ARID5A
-5,054448815 LOC150185
-5,054547377 XLOC_002440
-5,054617513 GRIK4
-5,054656691 BANF1
-5,054832124 CHD9
-5,054877251 TBX19
-5,054879993 CACNA1C
-5,054999676 METTL2B
-5,0550153 C21orf88
-5,055166843 HOOK3
-5,055255245 ITM2C
-5,055294236 C21orf96
-5,055381384 UBE2Q2P1
-5,055384925 ANP32A
-5,055392906 LOC728978
-5,055400163
-5,055525529 RPS18
-5,05564005 HNRNPR
-5,055657835 LOC728743
-5,055708343 PHF15
-5,055715436 XLOC_002170
-5,055762036 TLN2
-5,05578699 G2E3
-5,055804869 VEGFB
-5,055948515 XLOC_011448
-5,055969149 ACPL2
-5,055979412 IL15
-5,055994776 ABCC1
-5,056020047 RABEPK
-5,056043045 MSI2
-5,056046143 SIAH1
-5,056061748 RANBP2
-5,056095447 NUDT6
-5,056155175 SNRNP40
-5,056254645 SCARNA17
-5,056272314 C11orf95
-5,056306998 CDCA5
-5,056398344 ZNF318
-5,056424607 LOC100289379
-5,056497194 LOC91948
-5,056533343

-5,056540857 ZFP14
-5,056573372 RCN2
-5,05663655 FLJ44715
-5,056663088 ULK2
-5,056664552 LOC389831
-5,056667474 L3MBTL1
-5,056712046 APOO
-5,056694994 C12orf52
-5,056667949 LOC100287314
-5,056666935 SCARF2
-5,056662182 C11orf35
-5,0566357 DUX4L4
-5,056497387 CLDN16
-5,056474407 TGFBR3
-5,056405592 DEF8
-5,056369969 CKAP4
-5,056336339 SPTB
-5,056054307 MYO6
-5,056052508 BEND3
-5,056024177 LRRK1
-5,056020278 IGFLR1
-5,056016349 TPM3
-5,055929744 XLOC_001974
-5,055719173 LOC100132249
-5,055695419 ACTR1B
-5,055672413 LRRD1
-5,055493569 TRAPPC1
-5,055470589 ABO
-5,055244622 SUN2
-5,055215413 ORMDL3
-5,055155869 CKAP2
-5,055149803 ENOPH1
-5,055148404 HES6
-5,055125948 SNRPN
-5,055098993 ZNF641
-5,054935357 MRPL14
-5,054913893 PODNL1
-5,054844433 HNMT
-5,054733316
-5,054700611 UQCRRS1
-5,054666579 SNX9
-5,054558732
-5,054522948 PDK2
-5,054509242 XLOC_003776

-5,054410565 ARAF2P
-5,054401396 TSPAN4
-5,054384928 DGCR14
-5,056767167 EIF5B
-5,056770352 PITRM1
-5,056881885
-5,056884256 ZNF618
-5,056894805
-5,056991175 FP6628
-5,057012364 PNPLA2
-5,056960398 MRPL13
-5,057061468 STAG3L4
-5,057169523 MRPL32
-5,057167447 CLEC7A
-5,057142057 FAM18B1
-5,057205734 MIF4GD
-5,057259505 HILPDA
-5,057435099
-5,057487485 ZNF398
-5,05765431 ENC1
-5,057669988 INO80C
-5,057651732 ATP2B4
-5,057619241 RNF8
-5,057610299 XLOC_I2_011873
-5,057605882
-5,057583614 SNORA11
-5,057566325 FAM122B
-5,057530575 PPIC
-5,057443087 PRSS8
-5,057361917 XLOC_001788
-5,057796081 LOC100506374
-5,057809423 XLOC_007858
-5,057810283 MKL2
-5,05782581 LOC401357
-5,057720704 MANSC1
-5,057913329 C5orf20
-5,058087273 HPS4
-5,058112924 XLOC_014408
-5,058204029 KCNJ13
-5,058307114 SLC15A4
-5,05829795
-5,058295737 TTC38
-5,058294221 NOA1
-5,058212116 RPS27

-5,058162895 MALAT1
-5,058349581 SBNO2
-5,058409717 MAPK3
-5,058618561 ICT1
-5,058598515 GPR25
-5,058581619
-5,058551474 GPR17
-5,058764607 TOX
-5,058796257 UBE2Q2P1
-5,058809204 PURB
-5,058858243 ZNF880
-5,058893208 VDAC1
-5,058943605 XLOC_005081
-5,058964288 WDR76
-5,058998511 MYBL1
-5,059014742 XLOC_I2_015812
-5,059087793 XLOC_I2_008047
-5,059105134 RPS7
-5,059106966 XLOC_I2_005691
-5,059150032 C19orf66
-5,059129881 ERO1LB
-5,059119577 XLOC_I2_005298
-5,059094175 TOLLIP
-5,059057633 F2RL1
-5,059010602 QKI
-5,058811375 LOC100505787
-5,059212272 ABHD14B
-5,059247103 ITPK1
-5,059339636 LOC100506930
-5,059336858 EIF4E2
-5,059366142 ABHD13
-5,059418966 JDP2
-5,059574899 BDP1
-5,059610876 CYB5A
-5,059664436 LCN8
-5,059649427 CCNG2
-5,059633896 PIK3R4
-5,059710563 KRT8
-5,059748645 DNAJC27-AS1
-5,05976388 SNORD45A
-5,059799199 ANKRD27
-5,059930075 PTGES2
-5,059990207
-5,060012058 XLOC_004263

-5,059991504 FAM20C
-5,06021319 FAM21C
-5,060236977 CLEC12B
-5,060267405 REXO1L1
-5,060286085 FAF1
-5,060278151
-5,06019277 YJEFN3
-5,060192446 XLOC_I2_010650
-5,060188519 HOXA10
-5,06009256 FAR1
-5,060084074 PLEKHG5
-5,060428597 ANKRD13B
-5,060483586 SCARNA9
-5,060499255
-5,060585671 CAMSAP2
-5,060621452 SPATA7
-5,060740816
-5,060783571 C3orf65
-5,060787126 PHACTR2
-5,060836053 RFTN1
-5,060847563
-5,060860948 PICALM
-5,060762249 PAQR3
-5,060730677 ZNF22
-5,060720582 NOMO1
-5,060661458 RFT1
-5,060584162 ECHDC3
-5,060583106 ABTB1
-5,060550632 ZFAND3
-5,060985316 SNHG11
-5,060987745
-5,060942784 SLC2A8
-5,061034894 C1orf86
-5,061064614 LOC145837
-5,061188421 XLOC_I2_013480
-5,061199217 C2orf3
-5,061212461
-5,061260887
-5,061283052 XLOC_010811
-5,061246011 NACC1
-5,061232572 XLOC_I2_005936
-5,061167112 TNXB
-5,061160522 XLOC_000762
-5,061343583 SDCCAG8

-5,061482162 XLOC_004529
-5,061550188 NEAT1
-5,061595957 RPS29
-5,061716146 MMP15
-5,061744575 LOC100505666
-5,06174909 ORC1
-5,061719532 LOC338817
-5,061646786 LOC100652951
-5,061779276 NUP35
-5,061886842 CNRIP1
-5,061909542 C6orf147
-5,061929595 LOC100289509
-5,061973729 UCHL5
-5,062145667 FAHD2A
-5,062165748 DRG1
-5,062185989 CD7
-5,06219879 PDCD1
-5,062206712 BTBD3
-5,062240132
-5,062274333 DNAH14
-5,062371071 DNAJA3
-5,062372929 WDR73
-5,062377475 C20orf132
-5,062477151 CASKIN1
-5,062477851 TNFSF12
-5,062468385 MRPL20
-5,062414366
-5,062346973 STX1A
-5,06226026 MEF2A
-5,062601786 ZNF551
-5,062652392 FLJ45445
-5,062725373 DEK
-5,062780472 XLOC_I2_015964
-5,06280668 UNC119B
-5,062821868 MRPL10
-5,062860856 NKAIN3
-5,062862969 LOC644277
-5,062911416 ZNF451
-5,062937875 STK32B
-5,062943963 CNTRL
-5,062961282 LRPPRC
-5,063036113 UBAC2-AS1
-5,063066422 LOC100288292
-5,063089231 TRERF1

-5,063060913 MRI1
-5,063054419 MLH3
-5,062926776 SAMD9L
-5,062917478 FAM22A
-5,062864447 PDPN
-5,062726671 TBC1D15
-5,063151962 TERC
-5,063144302 BET3L
-5,063192209 CDKAL1
-5,063221635 BOLA2B
-5,063316837 CAND2
-5,06332955 NXT1
-5,063346709 SPIN1
-5,063440754 ZNF343
-5,063512938 MAOA
-5,063541155 ITPKA
-5,063561384 ARMCX6
-5,063592103 DVL1
-5,063684711 CEACAM19
-5,063732516 TMEM30A
-5,063728963 TCEAL2
-5,063777526 MGC42157
-5,063852871 XLOC_009415
-5,06389328 RTBDN
-5,063900462 C6orf48
-5,063960091
-5,063961892 LOC100131248
-5,064160447 HIST2H2BF
-5,064227626 UMPS
-5,064397912 LOC728323
-5,064458912 TOMM6
-5,064461672 ABHD11
-5,064466939 USP32P2
-5,06448479 WDR92
-5,064550335 MPZL3
-5,064596138 FAHD2A
-5,064625473 ARID5B
-5,064638738 HOTAIRM1
-5,064715323 C11orf51
-5,064726695 RPL23
-5,064740085 B9D1
-5,064767151 IFITM10
-5,064840115
-5,064943555 VPRBP

-5,064999363 TMEM53
-5,065015657 AIG1
-5,065023539 TAF1D
-5,065070015 BAGE4
-5,065082367 METTL15
-5,065137179 C17orf87
-5,065152323 TBCCD1
-5,065159894 TTC28-AS1
-5,065099691 IL2RG
-5,065079119 CSTF2
-5,064972938 GPRC5C
-5,064866013 MOB1A
-5,064843257 TOM1L1
-5,064828164 RASL10A
-5,064822756 C2orf49
-5,064771676 PRB3
-5,064676266
-5,064670557 SNRPG
-5,06459314 Q3T5P7
-5,06449675 C22orf28
-5,064442382 SLC22A15
-5,064343678 C1orf170
-5,064335175 KIAA1468
-5,064279848 SLC18A2
-5,064241124 XLOC_I2_006013
-5,064217912 LRRC61
-5,064159969 MANBAL
-5,065233658 MRPL10
-5,065269823 XLOC_006756
-5,065301653 XLOC_004829
-5,065337416 LOC100289097
-5,065448494 LOC100506710
-5,065442104 ZCCHC6
-5,065437365 SCML2
-5,06548093
-5,065513292 XLOC_I2_004631
-5,06580155 NOS3
-5,06581499 PPIL1
-5,065830482 LOC100289019
-5,065844212 NUDT9
-5,065858577 ZNF730
-5,065802015 OR10Z1
-5,065730898 TRIM62
-5,065903527 PPARD

-5,065987374 ANKRD35
-5,066002681 LOC285419
-5,065968214 XLOC_I2_010636
-5,066073321 CDK5RAP1
-5,066088826 LOC100131231
-5,066113484
-5,0661294 ACVR1
-5,066094203 BSDC1
-5,066210825 OSCP1
-5,066217578 LOC90834
-5,066186962 SLC16A7
-5,066271724 EIF2B5
-5,066275573 HDDC2
-5,066376696 XLOC_012097
-5,066444272 XLOC_007254
-5,066618866 ERMN
-5,066666322 IKZF4
-5,06667227 EPB41L1
-5,066693284 C8orf55
-5,066695577 XLOC_I2_003188
-5,066742468 AKNA
-5,066819809 MIR17HG
-5,066804235 LOC100128703
-5,06679389 DKFZP547L112
-5,066759109 KCNA6
-5,06672978 LOC100652791
-5,066674717 CAV2
-5,06663405 LOC100131551
-5,066611901 CKS1B
-5,066483452 TESK2
-5,066848428 PRKAA1
-5,066924485 XLOC_014288
-5,066952616 JPH3
-5,066976628 FTCD
-5,06701905 PNN
-5,06703323 YARS2
-5,067095209 CD2
-5,067120938 FAM168B
-5,067104703 TRAF3IP3
-5,0671682 CHCHD3
-5,067204348 DDHD2
-5,067315728 GPHN
-5,067323384 MTFP1
-5,067401439 GALNTL4

-5,067492536 DSCC1
-5,0676364 PHB2
-5,067646784 EEF1A1
-5,067791374 LOC100652947
-5,06785905 MED22
-5,067862762 SF3B3
-5,06799671 TGM2
-5,068031577 ZC3H14
-5,068033368 IMPA2
-5,068064348 PSMB3
-5,068070255 SLC38A1
-5,068083911 AK2
-5,068220594 ABCA7
-5,068223624 NUDCD2
-5,068226327 RPL18
-5,068404669 TMEM39A
-5,068472084 TJP3
-5,068498015 DKFZP434I0714
-5,068536424 EXOC6
-5,068570116 LOC100128019
-5,068630948 CLASP1
-5,068715728 XLOC_008003
-5,068737279 PYCARD
-5,068769057
-5,06877473 XLOC_012457
-5,068829046 JAGN1
-5,06886507 SSC5D
-5,068920993 TCTEX1D2
-5,068953307
-5,068994267 HMGN2
-5,069018225 CASD1
-5,069041772 KLF6
-5,069066821 LOC100127888
-5,069078232 CDK2AP1
-5,069028898
-5,069020226 EPX
-5,068928774 UBE2R2
-5,068928734 KIF1B
-5,068927053 ZNF157
-5,068923774 EFCAB5
-5,068858541
-5,068843934 TSNAX
-5,068838487 THNSL1
-5,068786661 MAML3

-5,068777138 SUV39H2
-5,068737359 C6orf106
-5,068645558 TXNRD1
-5,068541451 HBM
-5,068512031 PAOX
-5,068387519 E2F3
-5,068377532 MUS81
-5,068363796 LOC100526771
-5,068291779
-5,068170001 SRFBP1
-5,068125367 ABCA3
-5,068006082 LOC100505687
-5,067990075 PTPN11
-5,067981393 PIK3R1
 -5,067962 GSTK1
-5,067947164 CNTD1
-5,067911365 CECR1
-5,067903083 LOC100133286
-5,067883831 LINC00426
 -5,06772815 CCDC78
-5,067704327 PDSS2
-5,067684446 GEMIN8P4
-5,067582948 SEL1L
-5,067535078 ABLIM1
 -5,06751145 C19orf67
-5,067408956 ZNF33A
-5,067373142 PTEN
-5,067357188 TRIM34
-5,067340419 HSD17B12
-5,069122884 BRCC3
 -5,06915776 LOC100506252
-5,069289436 XLOC_I2_009614
-5,069310174 KRTAP1-3
-5,069295222 KTI12
-5,069268365 KIAA1671
-5,069262349
-5,069226911 MAP1LC3B
-5,069225232 PLEKHJ1
 -5,06939353 COX4NB
-5,069423167 NUS1
-5,069440453 XLOC_I2_004192
-5,069418672 PTX3
-5,069385208 HNRNPA1
-5,069486872 FRZB

-5,069540381 PPP1CA
-5,069601293 PEX7
-5,069621751 DGKA
-5,069576221
-5,06966324 NOL11
-5,069672065 CENPH
-5,069710243 GPR182
-5,069777331 FAM166A
-5,069837988 XLOC_014172
-5,069886703
-5,069921104 DOK7
-5,06996198
-5,069988362
-5,070013324 MDFI
-5,070013866
-5,070190347 XLOC_007451
-5,070228239 XLOC_012505
-5,070326492 XLOC_013684
-5,070316276 GRID2IP
-5,070295399 RFESD
-5,070352386 HSP90AB2P
-5,070395412 FLJ37798
-5,070446719 CTCF
-5,070457702 LY96
-5,070509571 H2BFXP
-5,070576216 LOC100507645
-5,070590726 LOC100507351
-5,070627514 CRLF3
-5,070658676 C19orf40
-5,070684361 BCCIP
-5,070727914 TFDP2
-5,070907262 IMPA2
-5,070941965 DIS3L2
-5,070963453 TARDBP
-5,07093736 TDRKH
-5,070913691 CSF2RB
-5,07087532 XLOC_005811
-5,070833591 C14orf118
-5,071067787 RPS23
-5,071090171 PRSS57
-5,071090337 CXCL12
-5,071109457 CDC14C
-5,071158547 MUC6
-5,071168614 LYG1

-5,071174789 MED24
-5,071186123 C14orf1
-5,071225891 ADK
-5,071405432 DENND4A
-5,071414732 CRYBG3
-5,071433618 NCL
-5,071425314 C4orf27
-5,071418796 YWHAQ
-5,071367547 XLOC_005957
-5,071343011 ST13
-5,071320943 TECR
-5,071549983 CFL1
-5,071558188 XLOC_004366
-5,071575195 C17orf105
-5,071583655 XLOC_012857
-5,071589728 IL18RAP
-5,071667645 MAD2L1
-5,071672277 CRTAC1
-5,071796919 GAST
-5,071834741 ZNF732
-5,071869967 CXorf56
-5,07190647 CHN2
-5,071939021 MTHFD1L
-5,071952435 PSME4
-5,071922137 TOR2A
-5,071919442 PJA1
-5,071910027 ZNF800
-5,071831565 BHLHE23
-5,071807647 XLOC_I2_007835
-5,071761628 XLOC_009122
-5,071732475 XLOC_I2_015529
-5,071692901
-5,071484866 LOC100128593
-5,072007729 PRRC2B
-5,071992831 LOC113230
-5,072067952 IL27RA
-5,072067919 C7orf49
-5,07212508 WASF1
-5,07214326 RFC5
-5,072261352 LOC285286
-5,072305804 BCKDHB
-5,072308353 STX16
-5,072401605 RPL7A
-5,072429764 CANX

-5,072463501
-5,072475619 LOC256880
-5,072450718
-5,072385077 FOXK1
-5,072378888 ETS1
-5,072368544 WHSC1L1
-5,072335855 TNRC18
-5,07225394 PIM2
-5,072609328 C1orf159
-5,072626145 PDE4DIP
-5,072653872 MBTPS2
-5,072674504 FIGNL2
-5,072696463 LOC401320
-5,072720275 RPL13P5
-5,07271689 CTDSP2
-5,072639461
-5,072589333 HAVCR2
-5,072760127 ACOX3
-5,072848543
-5,072887768 XLOC_009524
-5,072890889 STRN
-5,073023437 KIF23
-5,073105274 ZNF493
-5,073127754 XLOC_010931
-5,073136358 ZNF468
-5,073181658 TOR1AIP1
-5,073305571 FAM57B
-5,073312202 PMPCA
-5,073351162 LOC100506995
-5,073404006 LOC401320
-5,073520298 POLR1D
-5,073650014 UNCX
-5,073669597 ANKRD20A9P
-5,073688268 MRPS18B
-5,073688816 LOC100506930
-5,073712367 KIAA1430
-5,07374178 HLA-DOA
-5,073807624 PXN
-5,073821349 KCND3
-5,073986933 XLOC_003386
-5,073988653 TMEM101
-5,073999967
-5,074109744 TRIM27
-5,074198686 TGM1

-5,074228613 **WWC2**
-5,074269981
-5,074316547 **PARP10**
-5,074416658 **PTGR2**
-5,074521729 **XLOC_000480**
-5,074550991 **UNC93B1**
-5,074611612 **XLOC_004677**
-5,074738421 **PDXK**
-5,074755606 **ATF7IP**
-5,074803213 **PARP2**
-5,074816757
-5,074842878
-5,074951533 **DTNBP1**
-5,074970745 **C18orf10**
-5,074975818 **DDIT3**
-5,075033221 **FUNDC1**
-5,075039727 **RPL14**
-5,075066669 **ABCB8**
-5,075085999 **EML5**
-5,07510641 **PTPRR**
-5,075137583 **psiTPTE22**
-5,07519245 **IGSF8**
-5,075194696 **DDX19A**
-5,075199252 **MUC20**
-5,075240887 **XLOC_014192**
-5,075264045 **ZNF876P**
-5,075281728 **XLOC_004415**
-5,075380426 **PRC1**
-5,075401046 **CDC20**
-5,075407609 **DUS2L**
-5,07543329 **XLOC_I2_015418**
-5,075439398
-5,075456201
-5,075453648 **PHF20L1**
-5,075336566 **ITGAE**
-5,07522933 **LOC728012**
-5,075201901 **FBXO22**
-5,075201231 **PLSCR4**
-5,075199998 **TSPAN14**
-5,075169702 **LAMA4**
-5,075090715 **HERC6**
-5,075047864 **XLOC_I2_012023**
-5,075035553 **RASGEF1A**
-5,074957111 **NLRX1**

-5,074883108 **LRR37B**
-5,074880172 **HERC2**
-5,074803629 **LOC642852**
-5,074741439 **SLC13A3**
-5,07473509 **FAM200B**
-5,074655513 **C5orf27**
-5,074648877 **BAZ2A**
-5,074644138 **RABAC1**
-5,074572981 **MTMR10**
-5,074566563 **TPSD1**
-5,074490859 **PTRHD1**
-5,074471094 **GPR68**
-5,074415736 **SLC30A6**
-5,074403094 **LOC388210**
-5,07434114 **LOC100505634**
-5,074309294 **CDKN2AIPNL**
-5,07429187 **FMOS**
-5,074189547 **ARID5A**
-5,074177354 **QRICH2**
-5,074147575 **Q58MP6**
-5,074127697 **TIMM23**
-5,074087698 **PLK5**
-5,074065506 **TMEM115**
-5,074046548 **LOC100652838**
-5,074038778 **LOC728054**
-5,07400896 **EIF3K**
-5,07395751 **LOC100287482**
-5,073954773 **RASL11B**
-5,073938477 **TNXB**
-5,073924498 **CXCL16**
-5,073903683 **SPINK14**
-5,073767617 **XLOC_000585**
-5,07371154 **DIRC1**
-5,073677999 **DCAF6**
-5,073673302
-5,073617512 **EBF3**
-5,073604902 **ETF1**
-5,073549338 **EBF3**
-5,07338591 **C8orf67**
-5,073323716 **C4orf33**
-5,073287687 **C18orf63**
-5,073265106
-5,073230346 **ARHGEF1**
-5,073217109

-5,073073109 ARIH1
-5,073019042 SREBF1
-5,073006148 RSU1
-5,072944241 HOXA11
-5,072942437 WRAP53
-5,072816847 PTTG1IP
-5,075498199 CLUAP1
-5,07551437 MMACHC
-5,07552893 METTL21A
-5,075575924 PPP1R26
-5,075561238 MALAT1
-5,075604161 RFC1
-5,075753039 LOC100506312
-5,075792126 CHRM2
-5,075827928
-5,075841547 ATL2
-5,076010741 C2orf74
-5,076088236 TMEM136
-5,076105441 C6orf228
-5,076233562 CLCN5
-5,076270736
-5,076283664
-5,076521754 MGC23284
-5,076524713
-5,076585174 BRCC3
-5,076630358 APOBEC3G
-5,076652095 RPS28
-5,076769068 SIRT5
-5,076786797 FXR1
-5,076788018 ZNF629
-5,07681973 CHST10
-5,077011615 KIF11
-5,077078293 XLOC_000889
-5,077108075
-5,077110432 AVPI1
-5,077173991 LOC643669
-5,077177671 C7orf40
-5,077191502 ADAM1
-5,077193433
-5,077199272 Sep-14
-5,07724472 ORC6
-5,077289685 C11orf74
-5,077296246 RPS15A
-5,077305152 APOBEC3B

-5,077320403 NTNG2
-5,077359714 FAM153B
-5,077368548 LOC730102
-5,077406672 APOL6
-5,077445002 CDKL4
-5,077501761 TDP1
-5,077516456 FLCN
-5,077536191 ZKSCAN2
-5,077566191 INADL
-5,077568339 XLOC_006035
-5,077600933 SRPRB
-5,077617203 SASS6
-5,077672257 PPP1R18
-5,07785267 MAGI3
-5,077865632 RTN4IP1
-5,077891038 LOC440149
-5,077923825 THOC2
-5,077951658
-5,077982958 CNOT7
-5,07801094
-5,078018936 ERCC1
-5,078047961 HOXB13-AS1
-5,078074991 C10orf107
-5,078104309 CDX1
-5,078129495 TOB2P1
-5,078148861
-5,078220183
-5,07823278 C16orf61
-5,078323495 C20orf141
-5,07836754 ZNF75D
-5,078378749 ANKRD30A
-5,078402074 IL18
-5,078436148 GTF2A1
-5,078453464 TM4SF1
-5,07846054 XLOC_003668
-5,078476505 CENPBD1
-5,078556669 ST13
-5,078631168 FBXO5
-5,078639819 GOLGB1
-5,078647069 SLC38A1
-5,07864915 FN3KRP
-5,078746745 DGCR6L
-5,078779132 XLOC_014369
-5,078828282 NAA60

-5,078863342 XLOC_I2_015907
-5,078932598 BOD1
-5,078962358 RPL26
-5,079045156 GM2A
-5,079039992 LAMB2
-5,079027822 LOC400657
-5,079002466 FGFBP2
-5,078981917 MYCNOS
-5,078962576 GSK3B
-5,078947532 PALLD
-5,07894134 HMGN1
-5,078905832 XLOC_009723
-5,078896059 XLOC_001257
-5,078849958 BTBD9
-5,078825171 RG9MTD2
-5,07878868 FAM196B
-5,078756553 LOC100287718
-5,078707744 ZNF584
-5,078706273 XLOC_004774
-5,078697922 SSSCA1
-5,078691588 XLOC_I2_001760
-5,078686024 PNO1
-5,078609503 IQSEC3
-5,078594467 C2
-5,07857527 KIAA1430
-5,078493409 GLT8D1
-5,078447934 MDH1
-5,078441601 SORBS3
-5,078411281 KLHDC8B
-5,078310552 CHN2
-5,078304919 DKFZp564H213
-5,07828807 PYY2
-5,078287514 FLJ27352
-5,078103994 DENND3
-5,078068519 ALDH2
-5,077953698 RASA1
-5,077889946 LOC100652764
-5,077738345
-5,077729062 XLOC_006188
-5,07771594 ATP5A1
-5,077636373 ASH2L
-5,077630294 LOC388152
-5,077585073 CD300LB
-5,077556068 RPL23A

-5,077536865 PTPRC
-5,077497692 JRKL
-5,077451113 SCUBE1
-5,07741129 RPS29
-5,077329681 PDE1C
-5,07723342 CDC27
-5,077140614 VEGFA
-5,077036865
-5,077017094 EXOC2
-5,076983717 PFDN6
-5,076935543 ZNF823
-5,076922868 TTF2
-5,076908066 XLOC_003457
-5,076903712 C3orf22
-5,076803812 LOC100289038
-5,076787287 ACVR2A
-5,076779881 C1orf106
-5,076729771 RWDD1
-5,076586947 GDPD5
-5,076530158 TMEM126B
-5,076480736 LYSMD1
-5,076471853 LOC100506844
-5,076406459 XLOC_012298
-5,076383524 UAP1
-5,076306942 RDH10
-5,076300967 FAM83D
-5,076287147 TMED10
-5,0761435 SNUPN
-5,07612119 MT1L
-5,076080831 TSPAN12
-5,076040794 PER3
-5,076031538 LOC100505577
-5,075974557 BAG2
-5,075926064 XLOC_002702
-5,075902535 DLST
-5,075769616 SDHA
-5,075707699
-5,075681077
-5,079093832 APPL2
-5,079158009 XLOC_001747
-5,079219698 GMPS
-5,079298196 RASSF3
-5,079300186 BRCC3
-5,079315451 XLOC_I2_015612

-5,079316753 FLJ34208
-5,079326716 USF2
-5,079286205 IFFO1
-5,079192493 RPL10
-5,079373938 DND1
-5,079387846 CMKLR1
-5,079437845 BTG1
-5,079470975 KIDINS220
-5,079456122 NLRC3
-5,07949958
-5,079674979 ENO1-AS1
-5,079714672 SCAI
-5,079718286 LOC100128979
-5,079745142 LOC729970
-5,079746032 RIN2
-5,07970352 RBMXL1
-5,079669993 CNBP
-5,079646811 MRPL39
-5,079635643 XLOC_010588
-5,079572726
-5,079544868 LOC100507747
-5,079797092 XLOC_011676
-5,079855603 PPYR1
-5,079918305
-5,079922793 CRYBG3
-5,079941749 SNORA22
-5,079976492 TAAR5
-5,07997844 SNORD114-13
-5,079923156 RNF5
-5,079922942 EEF1DP3
-5,080012886 RTN3
-5,080037186 NOTCH2
-5,080126052 RBBP9
-5,080182442 CYP26C1
-5,080205613 CCL16
-5,080199197 RAP1GAP2
-5,080188706
-5,080166587 NEK6
-5,080295358 FAM59B
-5,080294026 C20orf118
-5,08034826 ZEB2
-5,080551483 HMP19
-5,080562301 DTD1
-5,080581908 ASS1

-5,080607271 SMAD6
-5,080615289 LOC646778
-5,080755375 ADHFE1
-5,080780658 XLOC_009313
-5,080803027 LOC401320
-5,080822225 METTL12
-5,080826753 GPR56
-5,081002145 CROCC
-5,081055138 ZNF654
-5,081174514 FASTKD2
-5,081257327 RPL39
-5,081267497 TERF2
-5,081290172 XLOC_I2_009882
-5,081326008 EIF2A
-5,081356087 CCT4
-5,081364779 XPNPEP3
-5,081475798 FLJ30838
-5,081555833 KIAA1841
-5,081588598 HLA-DQB1
-5,081605027 PRB1
-5,081624909 ZNF296
-5,081640721 WT1-AS
-5,081680998 LOC643783
-5,081681713 CIB3
-5,081714419 CHD1L
-5,081744136 RG9MTD1
-5,081796841 NUCB2
-5,081831588 NDUFAF4
-5,08196379 LOC100129112
-5,082034157 NUMBL
-5,082111114 SH3BP2
-5,082184046 DBF4
-5,082220678 ZNF71
-5,082223539 RAB44
-5,082272239 TKTL1
-5,082313298 PPARGC1B
-5,082333231 PMS2L2
-5,082376618 FUBP3
-5,08244039 IL18R1
-5,082493913 LOC100128361
-5,082518442 ANKZF1
-5,082575012
-5,082591745 ALPPL2
-5,082618327 CRELD2

-5,082645035 ATXN10
-5,082666099
-5,082666653 CCDC86
-5,0826675 SNORD18C
-5,082694309 RPL5
-5,082697012
-5,082703082 XLOC_001688
-5,082708428 XLOC_013778
-5,08272808 FEN1
-5,08274209 LOC100130654
-5,082722455 NRADDP
-5,082714041 GGA3
-5,082713907 DOCK1
-5,082702829 MPG
-5,082702121 C12orf11
-5,082687354 RNF103
-5,082618228 LOC100287482
-5,082608618 AHR
-5,082550654 TRAF3IP2
-5,082543851 NGDN
-5,082535443 LOC645427
-5,082529812 ITPR3
-5,082479606 LOC100507475
-5,082398172 XLOC_013680
-5,08235925 SAMD3
-5,082354264 MRPL32
-5,082352195 XLOC_001966
-5,082334464
-5,082333292 FOXA1
-5,082290255 IL9R
-5,082242995 ATP10D
-5,082212452 SLC4A7
-5,082203573 HIPK2
-5,082186238 TPM1
-5,082177464 HTATSF1P2
-5,082127265 IQCD
-5,082100029 ZW10
-5,082058326 C1S
-5,082056378 ITM2C
-5,081992098 RPSAP52
-5,081990956 LOC100288432
-5,081888721 CACNG6
-5,081812359
-5,081752249 RHBDL1

-5,081733785 **OR52K2**
-5,081709408 **TMEM79**
-5,081704773 **C5orf15**
-5,081685737 **VWF**
-5,081593679 **NUP37**
-5,081569801
 -5,0815323 **DCPS**
-5,081495149 **BTNL9**
-5,081408768 **LAMB3**
-5,081384108 **LZTS2**
-5,081303729 **SIDT2**
 -5,08114201 **KRR1**
 -5,08113698 **TRIB2**
 -5,08111279 **GALNS**
-5,081110496 **XLOC_009577**
-5,081051093 **PRO2852**
-5,080996899 **LOC151657**
-5,080981783 **RNPEPL1**
-5,080955833 **FLJ31715**
-5,080942218 **RIC8A**
-5,080890371 **RNF217**
-5,080608246 **PXMP2**
-5,080530483 **LOC100507259**
-5,080528333 **TMCO3**
-5,080494478 **XLOC_I2_008221**
-5,080407618 **MRPL23**
-5,082839379 **SNORD45B**
-5,082978401 **CNOT3**
-5,082992853 **RBMX**
-5,083007531 **SLFNL1**
-5,083017135 **XLOC_000811**
-5,083066281 **ATG9A**
-5,083119824 **CDC37**
-5,083165048 **XLOC_001171**
-5,083189779 **RANGRF**
-5,083191969 **OOEP**
-5,083205487 **SETD3**
-5,083214707 **TEN1**
-5,083259131 **RASSF4**
-5,083263017 **XLOC_008020**
-5,083366988 **TFRC**
-5,083385081 **ZNF28**
-5,083410915 **NLRP1**
-5,083473739 **OAS3**

-5,083518843 PTPLB
-5,083611614 ZNF706
-5,083632621 RPL26L1
-5,083683195 XLOC_009920
-5,083694644 SNHG1
-5,08372772 RBM19
-5,083759296 UBT2
-5,083776746 TUG1
-5,083811343 MTMR14
-5,083829 ADNP
-5,083872435 SNAR-G1
-5,083922826 RAB28
-5,083942424 RPL5
-5,083972214 AIMP2
-5,084090723 ARF3
-5,084121297 L3MBTL1
-5,084129601 C9orf23
-5,084163273 HERC2
-5,084176338 GPR146
-5,084233941 MT2A
-5,084334426 LUM
-5,084386232 NRM
-5,084442185 XLOC_013108
-5,084475973 SENP7
-5,084522541 ABTB2
-5,084597909 XLOC_008683
-5,084643585 AGXT2L2
-5,08468447
-5,084708223 FGFBP3
-5,084723737 FCGR2B
-5,084783236 XPO5
-5,084816893 WDR77
-5,084880779 TMEM99
-5,08489055 LILRB2
-5,084897563 XLOC_007412
-5,084963562 SNRPB
-5,084976359
-5,084979669 GORASP1
-5,085044073 GALK1
-5,085049571 C12orf47
-5,085149266 DNMBP
-5,085162965 SNRNP25
-5,085185111 RPL18A
-5,085194975 ENPP3

-5,085197508 XLOC_012621
-5,085199017 GEMIN2
-5,085211533
-5,085220087 SLC35F5
-5,085238628 PHAX
-5,085248686 KCTD18
-5,085265101 TBC1D3G
-5,085275638 XLOC_005768
-5,085280543 FLJ14186
-5,08528626 DDX21
-5,085288505 LYPD3
-5,085289972 CAPN11
-5,085290004 PHF21B
-5,085317355
-5,085319979 RPS8
-5,085352601 VN1R1
-5,085413036 SESTD1
-5,085427066 RPS15A
-5,085430792
-5,085431959 XLOC_007339
-5,085457283 BLOC1S3
-5,08552965 ZSWIM6
-5,085536137 TFEB
-5,085569725 BCL2
-5,085594834 LINC00085
-5,085596504 DISP2
-5,085614301 TMEM238
-5,085553581 XLOC_012053
-5,085551186 FLJ43903
-5,085538725
-5,085452038 AGPAT4
-5,085425025 UMODL1
-5,085416658 MAMSTR
-5,085398933 SGOL2
-5,08532953 RALGPS1
-5,085281933 XLOC_014192
-5,085191252 XLOC_011102
-5,085189011 MON1B
-5,085186346 MAP4
-5,085183708 BTF3L4
-5,084997794 PRR15
-5,084952968 NMUR1
-5,084937922
-5,084896077 XLOC_009738

-5,084863991 XLOC_004569
-5,084793467 MRFAP1
-5,084747636 RBMS1
-5,084732656 RPS10
-5,084730939 RABGEF1
-5,084721353 RAD18
-5,084703257 CA11
-5,084647237 GJC1
-5,084585096 DENND3
-5,084543939 NRP2
-5,084463464 Mar-01
-5,084402831 PSAT1
-5,08432232 NCRNA00083
-5,084318783 PCYT1A
-5,084291776 RARA
-5,084200866 RPSA
-5,084161784 LOC389834
-5,084121716 LOC100507351
-5,084113411 STAT1
-5,08404841 NOX3
-5,084039399 BROX
-5,08377839 POLR2B
-5,083748822 LOC100508383
-5,08369476 ATP5G3
-5,083572203 DICER1-AS
-5,083533865 PDE4A
-5,083439772 MEX3D
-5,083329481 SLAMF6
-5,083316255 RNF167
-5,083309085
-5,083276739 GDI1
-5,083229095 KANSL3
-5,083155156 OR13G1
-5,083086911 MED21
-5,083083598 P2RX5
-5,083068332 JMJD5
-5,083068223 KY
-5,083030549 TUBA1A
-5,083016953 OTUD7B
-5,082807182 POLR2F
-5,085687281 KHDRBS1
-5,085677251 NTRK3
-5,085711928 ALDH1L2
-5,085737722 THRA

-5,085802517 CLDN10
-5,085821972 SUGP2
-5,085961674 XLOC_000451
-5,086039788 LOC100506844
-5,086095175 RPS10P7
-5,086234616 OIP5-AS1
-5,086333713
-5,086341544 XLOC_001707
-5,086432662 ABCC6
-5,086456712 ZDHHC20
-5,086459439
-5,086464953 AIMP1
-5,086513809 XLOC_004842
-5,086555809
-5,086574539 TRIM22
-5,086585358 LINC00493
-5,086613271 HSPE1
-5,086616378 PRDM5
-5,08661998 C15orf39
-5,086642578 LOC100506342
-5,086706637 SHMT1
-5,086709235 C21orf81
-5,086756805 HIRIP3
-5,086769027 PGAM5
-5,086831473 EIF1AX
-5,086836291 C8orf71
-5,086843582 CTDNEP1
-5,08691134 PITX1
-5,086927974 XLOC_005769
-5,087038656 MGC23284
-5,087100253 XLOC_010879
-5,087140334 RNF213
-5,087141725 XLOC_006319
-5,087146372
-5,087166265
-5,087168992 KIAA0090
-5,087245314 MMAA
-5,087248806 DUS1L
-5,087258097 TUBB3
-5,087267825 ZNF540
-5,087310947 USP33
-5,087378446 PTPLAD1
-5,087381027 PPP2R1B
-5,087387515 FAM133B

-5,087408091 RPL6
-5,087461895 C2orf30
-5,087522735 C17orf48
-5,087539325 LOC100506659
-5,087559158 THOC5
-5,087689309 AARS
-5,087699328 LRP11
-5,087725702 RAPGEF2
-5,087722814 ATP6AP1L
-5,087683795 PDXP
-5,087665828 MALAT1
-5,087650935 XLOC_005938
-5,08764615 LHFPL4
-5,087643689 HERPUD2
-5,087643057 LILRA4
-5,087634425 CALML6
-5,087597922 C4orf27
-5,087573914 KRT10
-5,087547582 KLHDC7B
-5,087530092 RPA3
-5,087522399 MTERFD2
-5,087496747 CKB
-5,087490646 SYK
-5,087429817 NFYC
-5,087372727 CTRB2
-5,087361618 LOC100129203
-5,087306502 LY9
-5,087295267
-5,087268732 RNF6
-5,087268004 XLOC_001873
-5,087265334 LILRB3
-5,08726035 TUBA1C
-5,087247058
-5,087224138 C2orf43
-5,087190474 SOX13
-5,087074051 XLOC_000627
-5,087051371 EPB41L3
-5,087032447 C14orf99
-5,087019211 C20orf107
-5,087009889
-5,086917846 FMNL1
-5,086908053 PRDX3
-5,086899261
-5,08682554 OXR1

-5,086734464 DEFA4
-5,086716502 SNX29
-5,086620682 PDLIM7
-5,08658782 BCL2L2
-5,08650066 CBL
-5,086424283 STK33
-5,086379696 PSMC3
-5,086370522 C6orf162
-5,08626637
-5,086264597
-5,086216411 SCGB3A1
-5,086103506 JPH4
-5,086057125 RELA
-5,087797313 DHRS11
-5,087785134 APOM
-5,087779685 YBEY
-5,08784461 XLOC_I2_010625
-5,087836908 MBOAT1
-5,087890291
-5,087903597 XLOC_003007
-5,087945951
-5,088035223 SEC24B
-5,088035343 CLK1
-5,088041801
-5,088007189 KPRP
-5,087992569 XLOC_000152
-5,087989356 HIPK3
-5,087939297
-5,088098086 HIST3H2A
-5,08818252 ZNF532
-5,088197307 LEAP2
-5,088233617 ZDHHC9
-5,088237322 XLOC_I2_002910
-5,088247975 RPL10L
-5,088231013 UBE2V1
-5,088218967
-5,088180723 FLJ30838
-5,088158397 WBSCR27
-5,088084203 CORO2A
-5,088303797
-5,088321475 PHB
-5,088336687
-5,088363074 LOC100509100
-5,088371353 SCNN1D

-5,088421273
-5,088419363 LOC100129196
-5,088440949 MECP2
-5,088527335 LARP4B
-5,088643376 XLOC_I2_008226
-5,088667986 ANKRD12
-5,088680773 LYRM7
-5,088708593 LOC399744
-5,088803523 MYBPC3
-5,088827656 XLOC_001776
-5,088843637 SIGLEC1
-5,088848124 XLOC_I2_004596
-5,088860986 ATF3
-5,088885239 ZNF498
-5,088890137 TFR2
-5,088906477 INPP5F
-5,088948724 IL1RL1
-5,088978563 ZWILCH
-5,08899475 ZNF337
-5,089095684 RPS6
-5,089097258 CXorf69
-5,089099222 CSE1L
-5,089156017 COL6A4P2
-5,08917325 LMBR1
-5,089177872 AIDA
-5,089138626 TAS2R20
-5,08913045 LOC339988
-5,089127877 MTR
-5,089111122
-5,089100892 CMPK2
-5,089087868 XLOC_010841
-5,08908485 HSPA4
-5,089024282
-5,088861417 HM13
-5,088821472 HDAC9
-5,088760477 GUCY1A3
-5,088716501 XLOC_I2_009139
-5,088599794 IGFBP7
-5,08858485 XLOC_I2_012473
-5,088579449 FAM123C
-5,088541013 CSGALNACT2
-5,088531401 LOC100130430
-5,089226241 CCL24
-5,089249204 MRPL19

-5,089291718 MRPL37
-5,089291909 ARHGAP5
-5,089329749 ALG1L
-5,089322091 CEBPD
-5,08939694 DHRS4L2
-5,089391121 CD55
-5,089373028 C16orf7
-5,089474225 CUEDC1
-5,089472096 XLOC_I2_003050
-5,0895248 FLJ46875
-5,089532167 MAGOHB
-5,089568092 ZNF81
-5,089624169 KANK1
-5,089649643 CROCC
-5,089689333 NSFL1C
-5,089765394 ASGR2
-5,089752453 USP21
-5,08979035 GTF2H4
-5,0898326
-5,089848009 ASB1
-5,089928016 PRR13
-5,089941878 NKX1-2
-5,089949658
-5,089979982 TMEM123
-5,089992465 CABP7
-5,089992715 RABGAP1
-5,089999654 SH2D2A
-5,089964437 XLOC_005244
-5,089916825 C1orf43
-5,089840664 ZCCHC6
-5,090047736 EPB42
-5,09007156 NPM1
-5,090078663 NEUROG3
-5,090123677 LOC388210
-5,090148281 RSL24D1
-5,090163258 RBPJ
-5,09039507 FCN2
-5,090438197 LOC100134237
-5,090455581 XLOC_000397
-5,090466281 TRDMT1
-5,0904669 XLOC_I2_004563
-5,090502149 MCM10
-5,090505192 CBX3P2
-5,090551524 RAN

-5,090566611 SLC29A1
-5,090580731 NUDCD1
-5,090589684 MGC21881
-5,090630692 XLOC_001023
-5,090640378 XLOC_003498
-5,09065416 BMF
-5,090720939 AKT2
-5,090734318 XLOC_005737
-5,090751882 ARG1
-5,090818322 LOC400043
-5,090861972 NIT2
-5,090874656 MPRIP
-5,090876314
-5,090881374 RASSF2
-5,090897826 SLC12A4
-5,09092818 HERC2
-5,090919019 XLOC_005770
-5,090893157 C19orf26
-5,090844 LOC100506421
-5,090833375 DNAAF2
-5,090832366 BAIAP2
-5,090809214 MGEA5
-5,090788554 LOC100130238
-5,090781997 XLOC_006009
-5,090729531 XLOC_I2_010118
-5,090725502 COL23A1
-5,090710161 XLOC_008556
-5,090662997 XLOC_I2_012902
-5,090634483 C3orf32
-5,09054149 GLDN
-5,090405175 SLC41A3
-5,090368933 CHCHD4
-5,090368623 CHST6
-5,090314932 ACADSB
-5,090226084 UBE2D1
-5,090204546 AMY1C
-5,090174833 ADNP
-5,090098015 MEI1
-5,090073699 MEIS2
-5,090983583
-5,091011743 MANEA
-5,091018962 FAM69B
-5,091048874 C1orf158
-5,091131541 ECT2

-5,091132023 TFPT
-5,091134872 ECI1
-5,09114824 LPPR3
-5,091232671
-5,091240418
-5,09122433 FBXO38
-5,091386208 EIF2AK4
-5,091402218 C15orf29
-5,09142795 LOC100270804
-5,091467009 MS4A2
-5,091494202 EME1
-5,09150324 ZSCAN20
-5,091540014
-5,091568686 XLOC_I2_002886
-5,091569565 PTTG3P
-5,09163071 ANKRD23
-5,091645646 MAPK8
-5,091654082 EFCAB7
-5,091686646 PTGS2
-5,091714916 XLOC_I2_000657
-5,091797694 LOC100129138
-5,091889416
-5,091954968 ZSCAN2
-5,09195854 OAS3
-5,092014628 CMPK2
-5,092014773
-5,092029636 CCDC104
-5,092061148 SLC34A3
-5,092086421 MCRS1
-5,092089065 APOA1BP
-5,092050264 RPSA
-5,092026318 TRAF3IP3
-5,09200123 DNM1
-5,091972189 FER
-5,091951885 CMPK1
-5,091950259 ZDBF2
-5,091943019 EMP2
-5,091914566 LOC100505854
-5,091905354 NOTCH2
-5,091876172 XLOC_I2_014294
-5,0918235 TCP1
-5,09180772 RPL32P3
-5,091790737 WDR61
-5,091729197 PSMF1

-5,091710448 RBM10
-5,091584415 LOC100131129
-5,091572058 CCNG2
-5,091536327 ZNF737
-5,091532545
-5,091465234 XLOC_012598
-5,09144216 GLUL
-5,091437373 EFN1
-5,09137956 PRKRIR
-5,091355499 LOC100505949
-5,09129982 XLOC_011389
-5,092137804
-5,092216467
-5,092220922 XLOC_007408
-5,092193609 PSD4
-5,092185421 PELI2
-5,09218075 XLOC_I2_013765
-5,092128528
-5,092363654 TOE1
-5,0923881 XLOC_012568
-5,092419915 RIMS3
-5,092431758 ZNF644
-5,092447829 XLOC_011429
-5,092459341 CNIH
-5,092470155 FMNL2
-5,092503167
-5,092512047 NCDN
-5,09254372 NGDN
-5,092528742 LMAN2
-5,092517176 TTC39B
-5,092452482 PREX1
-5,092415149 MYOF
-5,092575093 MRPS34
-5,092622241 RFC2
-5,092635929 SNHG10
-5,092619019 ZFAND5
-5,092674386 XLOC_I2_000641
-5,092658693 GLS
-5,092723382 PNCK
-5,092730434 LOC100130587
-5,092778559 RGL1
-5,092770534 ARHGEF4
-5,092767621 SCGN
-5,092743028 XLOC_I2_015476

-5,092813314 TSPYL4
-5,09290461 HEATR6
-5,093094748 NFATC2
-5,093106115 XLOC_009185
-5,093107005 UBIAD1
-5,093122011 C20orf201
-5,09319728 DLX4
-5,093201277 CDKL5
-5,093185336 PEX2
-5,093176152
-5,093175178 LHFP
-5,093164932 TKT
-5,093140911 SPNS1
-5,093128486
-5,09311465 CNPY3
-5,093090742 CCNH
-5,093075558 SFI1
-5,093032978 GGH
-5,093007296 XLOC_I2_011399
-5,092982433 SAMD3
-5,092952842 XLOC_I2_008203
-5,092924846 SRP19
-5,092860302
-5,092845479 EEF1E1
-5,092833544 DOLK
-5,093245474 SPOCK1
-5,093271652 PRMT3
-5,093300487 XLOC_004644
-5,09333091 UBXN8
-5,093364722 FANK1
-5,093356439 UBA2
-5,093500557 C20orf27
-5,093541708 SCARNA15
-5,09355368
-5,093591833 MPRIP
-5,093591839 LOC148189
-5,093594841 ZFAND5
-5,093589392 XLOC_012462
-5,093558065 PHF19
-5,093534972 FGFR1OP2
-5,093646589 CLEC4D
-5,093666439 ATXN7L1
-5,093668892 LOC100289627
-5,093635873 LOC100132874

-5,093735646 PITHD1
-5,093777209 ZNF322
-5,093797855 CHAMP1
-5,093809686 XLOC_002802
-5,093798294 SARNP
-5,093842833 IRF2
-5,093859233 KHK
-5,093877272 XLOC_006833
-5,093937842 DHFR
-5,093988771 HNRNPA2B1
-5,094022948 APOBEC3C
-5,094057808 GMNN
-5,094075679 AMHR2
-5,094111904
-5,094109445 ZKSCAN5
-5,094085116 XLOC_I2_008910
-5,094131215 psiTPTE2
-5,094176042 LOC100505683
-5,094201836 PP7080
-5,094203337 GPAM
-5,094210928 MLL5
-5,09424132 AGPAT4
-5,0943583 RDH13
-5,094367658 CD109
-5,094394077 C3orf71
-5,094443189 LOC387723
-5,094449679 LOC100128703
-5,094456124 SPATA5
-5,094492933 CLN3
-5,094514475 DBNDD2
-5,0945195 ZBTB42
-5,094549622 AAMP
-5,094569617 EDEM1
-5,094613286 CC2D2B
-5,094605429 XLOC_I2_014835
-5,094592579 XLOC_I2_007013
-5,094589281 LOC729678
-5,094585494 METAP2
-5,094580512 EFHC2
-5,09457855 SPNS3
-5,094567302 OXTR
-5,094547161 CD8B
-5,094517575 LOC646719
-5,094419934 PCDHGA7

-5,09432294 LOC729668
-5,094297291
-5,094270444 ZMYND12
-5,0946349 GSG1
-5,094716473 TUBB4B
-5,094754918 C11orf24
-5,094768477
-5,094788414 UQCC
-5,094796173 SPIN3
-5,094767042 SAMD8
-5,094828811 XLOC_010235
-5,09484388 XLOC_006596
-5,094822245 KDELR3
-5,09487946 XLOC_009185
-5,094941328
-5,094962242 DNMT1
-5,094987498 USF2
-5,095009729 XLOC_013994
-5,09506483 LOC100130456
-5,095101162 FAM60A
-5,095115361 SGSH
-5,095117813 GALNT7
-5,095155111 BST2
-5,095174627 XLOC_003226
-5,095184592 AIG1
-5,09516929 AMZ2P1
-5,095136236 PFN1P2
-5,095111996
-5,095080365 XLOC_000808
-5,095063228 APBB2
-5,095212857 LOC151534
-5,095275881 FAM183A
-5,095279623 MRPS11
-5,095255922 PCDHGB4
-5,095239452 PADI2
-5,095236105 NHP2L1
-5,095296047 CES1
-5,095344104 PROK2
-5,095434021 XLOC_I2_011911
-5,095517333
-5,095530582
-5,095563814 ABCC6
-5,095573427 NEIL3
-5,095593094 RANBP2

-5,095621961
-5,095711692 LOC100506293
-5,095716968 LOC100507351
-5,095757067 WDR46
-5,095791867 RGS5
-5,095812219 RCAN3
-5,095809497 LOC100289230
-5,09580754 ZNF497
-5,095774758 FRY
-5,095767406 PCGF3
-5,095744692 ZNF358
-5,095708362 LOC100653017
-5,095681051 CELF6
-5,095679198 C16orf7
-5,095676319 MMP28
-5,09563653 XLOC_000301
-5,09557803 OSCAR
-5,095556405 C1orf52
-5,095537397 ZNF451
-5,095524492 UFSP2
-5,095509449 P39195
-5,095493172 PDP1
-5,09546285 DEF8
-5,095460818
-5,095385255 PLA2G10
-5,095348083 LOC100130476
-5,095871354 LILRA6
-5,095900022 BCO2
-5,095909707 GPN2
-5,095884294 SMPD2
-5,095875456 RPS10
-5,095937732 XLOC_007909
-5,096030815 C11orf57
-5,096040172 LOC401320
-5,096041383 FAM54A
-5,096001454
-5,095992394 GOLGB1
-5,095988855 FNDC3B
-5,096110505 RPS28
-5,096113217 VSX1
-5,096145913 CCR5
-5,096148819 TRPV2
-5,096147637 TM7SF2
-5,096109769 MKRN1

-5,09608868 SYNGR1
-5,096167811 STK24
-5,096248316 LOC648740
-5,096291938 SLC48A1
-5,096313804 XLOC_006415
-5,096398663 LDLRAD3
-5,096421958 RPA1
-5,09646028 XLOC_007475
-5,096515478 XLOC_003052
-5,096524768 DOCK5
-5,096579399 DPP3
-5,096608906 RNF145
-5,096709255 OGFOD2
-5,096725631 SNORD114-2
-5,096732634 HNRNPA1L2
-5,096699409 ATP6V0D1
-5,096697425 UCP3
-5,096691509
-5,09664808 PIN4
-5,096642809 EAF2
-5,096631947 TM7SF4
-5,096621251
-5,09658707 RCBTB1
-5,096576235 EVI2B
-5,096568907 LOC440028
-5,096568676 XLOC_010829
-5,096515703 HSPA12A
-5,096514766 LOC389834
-5,096473517 ARHGEF11
-5,096462326 HNRPLL
-5,09646012 C14orf43
-5,096451333 CHRAC1
-5,09642943
-5,096379075 TINAGL1
-5,096329747 PECR
-5,09629345 PEPD
-5,096249555 ARHGAP30
-5,096235644 DUX4
-5,096749973 DCTD
-5,096817841 PRPS1L1
-5,096830327 KIAA0415
-5,096822185 SPINK1
-5,096881663 LINC00355
-5,096873946 XLOC_I2_014711

-5,096935374 LYPLA2
-5,096934719 MAPK6
-5,096958026 CCDC111
-5,096983713 EIF3I
-5,097012379 SGPP1
-5,097007804 XLOC_010110
-5,097029478 SCARF1
-5,097065676 UNC5B
-5,097094358 C9orf5
-5,09711353 CPPED1
-5,097133771 HYOU1
-5,097134604 GAA
-5,097134973 RNF114
-5,097091396 CCDC144A
-5,097233368 PLEKHA5
-5,097223429 ANKRD20A2
-5,097267369 psiTPTE22
-5,097336536 UBAC1
-5,097372669 HDHD3
-5,097381361 FLJ40434
-5,097400461 ASPM
-5,097417281 XLOC_I2_012374
-5,097424792 FOXP4
-5,09744571
-5,097447399 LOC100506802
-5,09737613 SNORD114-30
-5,097346038 BCLAF1
-5,097310976 BHLHB9
-5,097291045
-5,097489071 UGCG
-5,097540906 LUZP1
-5,097541601 FRY
-5,097523835 CAV2
-5,09755966 PPA1
-5,097583763 MPZL3
-5,097631547 LDHB
-5,097635957 XLOC_I2_011415
-5,097685265 PIGW
-5,097700218 NS3BP
-5,097710247 XLOC_002766
-5,097723566
-5,097747779 USP19
-5,097738605 TGM2
-5,09771488 B4GALT3

-5,097651407 MAGEF1
-5,097894662 EIF2AK2
-5,097906509 BCAS3
-5,09793064 XLOC_006329
-5,097945585 C12orf43
-5,09795877 XLOC_I2_015804
-5,097984065 PML
-5,097986969 MCPH1
-5,09806927 TRAK1
-5,098106924 AFF1
-5,098136472 XLOC_I2_014602
-5,098185602 PTER
-5,098196209
-5,098206648 TOP2A
-5,098224358
-5,098224798 LOC643770
-5,098291394 P39188
-5,098307024 MLST8
-5,098308861 PTPLA
-5,098349172 DPPA4
-5,098366238 XLOC_I2_004854
-5,098370569 GOLIM4
-5,098386963 LOC93622
-5,098403527 GOPC
-5,098419909 RASAL2
-5,098467981 RNF10
-5,098575182 ELOVL6
-5,098604345 PFN1P2
-5,098627312 LOC440149
-5,098631184 GRIK3
-5,098652727 RBBP5
-5,098696952
-5,098705117 FOXRED2
-5,098742141 PRPS1
-5,098746982
-5,098827079 MIAT
-5,098859918 XLOC_000667
-5,098872278 FAM131A
-5,098874771 RNF43
-5,098903817 MX1
-5,098912041 SPATA2
-5,098968344 RPS16
-5,09897248 TGFBR2
-5,09898146 MS4A14

-5,098985902 ACTR3BP5
-5,098991571 RPS18
-5,098994159 RN28S1
-5,099038842 LOC401561
-5,099066098 C2orf18
-5,09907839 LOC389834
-5,099114652 ABL2
-5,099124252 ANKLE2
-5,099145895 POLD3
-5,099165438
-5,099194973 EMG1
-5,099218059 MGC13053
-5,099326598 C9orf102
-5,09935193 CHD4
-5,099379646 MAP2K6
-5,09938492 NASP
-5,099476527 MEGF8
-5,099502984 SLC25A13
-5,09950585 C7orf30
-5,099511322 SPSB3
-5,09951906 BAI2
-5,099546665 HES6
-5,099556616 LOC550112
-5,09958935 TNKS
-5,099595278 COX10
-5,099596423
-5,099608681 XLOC_I2_014197
-5,099646503 Q96G65
-5,099663549 CNTRL
-5,099757438 PPP2R5A
-5,099766168 XLOC_009829
-5,0997702 COCH
-5,099780405 FAM105B
-5,099790891
-5,099798897 Q8NDX4
-5,099807137 LOC100129447
-5,099807898 XLOC_007607
-5,099811407
-5,099812926 B3GNT1
-5,099812567 SGK223
-5,099804786 Sep-14
-5,099730903 UGT2B7
-5,099723756
-5,099496218 ABCB10

-5,099476202 XLOC_008251
-5,099456483 SKIV2L2
-5,099438648 CYC1
-5,099398284
-5,099396554 POLR3K
-5,099320994 CWC22
-5,099297938 MIRLET7BHG
-5,09928121 KIAA1984
-5,099263684 KRT9
-5,099259548 SH3D21
-5,099252922 OR10H2
-5,099204023 NAA30
-5,099201178 TP53RK
-5,099179383 RNF219
-5,099107558 MAK16
-5,099095908 XLOC_001908
-5,099080534 TPRX1
-5,099016589 EBAG9
-5,099003883 ZBTB41
-5,098980945 XLOC_007776
-5,098953844 XLOC_013785
-5,09891376 TMEM14C
-5,098909736 SDF4
-5,098884436
-5,098856927 AATF
-5,098845065 XLOC_003134
-5,098784066 DGAT1
-5,098648575 ADSSL1
-5,098623056 XLOC_I2_004611
-5,098582451 SNORD113-2
-5,098548906 SULT4A1
-5,09853183 ATP2A2
-5,098511745 NIPSNAP3B
-5,098511415 NAPEPLD
-5,0985037 CLK3
-5,098484323 DENND4C
-5,098437621 LOC253573
-5,098402351 CUL1
-5,098384342 XLOC_002580
-5,098362769 CAB39L
-5,098357353 SRP72
-5,098344707 LOC100132439
-5,098343183 OGG1
-5,09825047 SP100

-5,098239596 C11orf10
-5,098213319 LOC100508202
-5,098142403 XLOC_000441
-5,098103426 LOC100652950
-5,098091602 C2orf28
-5,098080713 RPAIN
-5,097965796 CREB5
-5,097939379 LOC283861
-5,09793236 BACE2
-5,09984825 TSFM
-5,099885937 STAMPB
-5,099888145 LOC100507462
-5,099894713 SFTA1P
-5,099909107 HMGB3P1
-5,099919333 CCR7
-5,099962909 FLAD1
-5,099972959 CHCHD5
-5,100016114 SV2A
-5,100038014 XLOC_012444
-5,10003549 DUSP15
-5,100023377 C1orf111
-5,100008159 MAL
-5,099958828 ITPKB
-5,099952301 RPL11
-5,100055143 GDPD1
-5,100101611 MT1A
-5,100118522 ZNF366
-5,100142874 LOC286052
-5,100215038 PDCD2L
-5,100222579 SMYD3
-5,100250686 UBTF
-5,100286689 KCNQ1
-5,100294105 ELAVL4
-5,100296518 Mar-01
-5,100349426 FAM83G
-5,100388313 DRD5
-5,100389319 LOC100506301
-5,100406639 PPA1
-5,100430205 IL2RB
-5,100434933 PRKAR1A
-5,100439627 XLOC_003842
-5,100451174 ERGIC1
-5,100456798
-5,100447802 XLOC_000090

-5,100429999 LAMP1
-5,10035263
-5,100314683 ZFYVE28
-5,100311859 ALS2
-5,100294431 IGSF1
-5,100294034 XLOC_009023
-5,100261569 MRPL15
-5,100477164 PACRGL
-5,100485704 LOC401357
-5,100516457 C11orf9
-5,100561182 CCP110
-5,100569117
-5,100596213 XLOC_011603
-5,10065223 RBM34
-5,10067261 COMMD6
-5,100678561 LYRM4
-5,100685579 SS18
-5,100654526 TMEM125
-5,100636701 RPS6KC1
-5,10063406 LOC100306951
-5,100632769 KCMF1
-5,100739792 LZTFL1
-5,100743064 FCGR1B
-5,10072463 NMB
-5,100829063 NKG7
-5,100890321 PM20D2
-5,100892127 PIGS
-5,100911747 LOC100287628
-5,100912313 POLR2I
-5,10093472
-5,100935551 MON2
-5,100936113
-5,100883498
-5,100873417 XLOC_009934
-5,10080972 ZFP36L1
-5,100952585 SLAIN1
-5,101031351 LOC100506930
-5,101076002 LOC100507584
-5,10113085 RAD51AP1
-5,101132935 UCKL1
-5,101139357 SIGLEC8
-5,101147197 ENDOG
-5,101156246 FLJ46552
-5,101170666 KANK3

-5,101182384 TAPT1
-5,101220697 ARHGAP5
-5,101244073 GOT1
-5,101256187 ZNHIT6
-5,101267031 TMEM203
-5,101267652 XLOC_I2_014504
-5,101285211 STT3A
-5,101299948 ZMYND15
-5,101304302 CLNS1A
-5,101323624 XLOC_012007
-5,101345173 TMEM81
-5,101378542 FAM150B
-5,10138066 C11orf46
-5,101389777 RAD50
-5,101414053 XLOC_I2_004594
-5,101411554 XLOC_004293
-5,101382346 LOC441666
-5,101379158 FMO5
-5,101372205 XLOC_011515
-5,101339835 C16orf80
-5,101275051 OSBPL1A
-5,101228808 BCL6
-5,10119605 XLOC_009507
-5,101088245 RAI1
-5,10107258 VWF
-5,101035911 LYPD6B
-5,101438941 ZNF326
-5,101506156 CKS2
-5,101517177 XLOC_I2_006152
-5,101614846 C9orf173
-5,101637263 RBBP7
-5,101649477 ZNF460
-5,101702473 SNORD126
-5,10170942 LOC100505994
-5,101733636 KIAA1530
-5,101740603 USP31
-5,101756165 LOC100505657
-5,101763163 XLOC_009457
-5,101765274 CSPP1
-5,101786971 SLC38A1
-5,101816514 OPHN1
-5,101810453 TPSG1
-5,101801752 WNT5B
-5,10176778 UBE2S

-5,101755894 CRTC3
-5,10174356 PRKAR1B
-5,10174166 LOC100133123
-5,101735216 MLL
-5,101722382 RUNX1
-5,101691156 MGAT1
-5,101652917 TLR4
-5,101646748 XLOC_001609
-5,101572469 BSG
-5,101495956
-5,101480604 PHF23
-5,101461394 XLOC_I2_013267
-5,101849332 CNOT7
-5,101850826 Sep-10
-5,101905139 ND6
-5,101966885 ARMC10
-5,101976606
-5,101976776
-5,101970976
-5,101962668 RSL1D1
-5,101915834 FLJ37453
-5,101997928 LBX2
-5,102002501 NSUN5
-5,102036243 AGBL5
-5,102057517 OGFOD1
-5,10205819 XLOC_005185
-5,102061628 LOC100287628
-5,102140882 CCDC144A
-5,102146011 TACR2
-5,102199881 DPAGT1
-5,102216175
-5,102229928
-5,102282172 XLOC_006345
-5,102286741 DERL3
-5,102288891 CCIN
-5,102298959 RNF222
-5,102333133 NAGS
-5,102356771 XLOC_001954
-5,102375888 REL
-5,102425857 TUBA3D
-5,102465763 ZFYVE28
-5,102485235 GPT2
-5,102513723 KCTD6
-5,102534005 ZBTB9

-5,102534662 FOXN2
-5,102544957 ARAP2
-5,102580582 XLOC_010730
-5,102633546 XLOC_I2_003758
-5,102678211
-5,102689205
-5,102696396 SH3BGRL
-5,102735487 MED25
-5,102735908 SMYD4
-5,102753335 ALPP
-5,102761637 HN1
-5,102791382
-5,102809313 XLOC_008883
-5,102814587 HMMR
-5,102836623 FUBP3
-5,10284919 EIF3E
-5,102888961 Q8IWW8
-5,102955653 TUBB2B
-5,102962168 TBC1D5
-5,102982383 ADAL
-5,103022007 DONSON
-5,103117601 FAIM
-5,103128625 FAM118A
-5,10313873 NUCKS1
-5,10319561 TTLL7
-5,10324856 LOC100128869
-5,103249701 SNRPD2
-5,103262122 DVL2
-5,103262622
-5,10329336 LOC401286
-5,103307705 TOR1AIP2
-5,103318207 ALG1L2
-5,103321643 LOC100288911
-5,103323224 COX11
-5,103331008 LOC100506767
-5,103351677 LOC100505501
-5,103397521 LOC283624
-5,103427937 EDA2R
-5,103443149 CCNB1IP1
-5,103466018 SNHG11
-5,103497634 SNORD47
-5,103504777 MT1E
-5,103509983
-5,103513189 LOC283624

-5,103513997 KRAS
-5,103551535
-5,10355998 KRTAP10-12
-5,103565374 Mar-04
-5,103571599 TMEM205
-5,103581709 KIF4A
-5,103586913
-5,103592481
-5,10359964 KLHL26
-5,103628908
-5,103646447 DUSP12
-5,103648292 SMPD3
-5,103669643 RPL10A
-5,103674762 CBR3
-5,103685786
-5,103652429 RAD1
-5,103638011 PPM1A
-5,103594046 TRIM37
-5,103577895 MICAL3
-5,103533599
-5,103501336 SNAR-C4
-5,103485315 AMN1
-5,103430895 OAT
-5,103429537 OR6W1P
-5,103427856 ZNF81
-5,103426116 PHF20
-5,103371331 LOC100129572
-5,103362595 ARHGAP4
-5,103340073 KRTAP19-5
-5,103332058 KAT7
-5,103318381
-5,103278883 LOC100131015
-5,10327848 CTDP1
-5,103275717 FLJ43663
-5,103224616 SNX10
-5,103208885
-5,103167587 XLOC_008586
-5,103164719 KIAA0101
-5,103123889 USP34
-5,103105798 CLEC4C
-5,103101081 MTRNR2L2
-5,103096191 C8orf58
-5,103086883 ASTE1
-5,103009266 LOH12CR2

-5,10292963 ACAA2
-5,102908839 MCMBP
-5,102872338 LOC202781
-5,102869183 LOC100506622
-5,102867189 XLOC_I2_005100
-5,102834574 TGFA
-5,102818944 XLOC_009341
-5,102793769 ZBED6
-5,102770288 USP47
-5,102721668 INMT
-5,102624182 SLC16A10
-5,102574515 LOC100131831
-5,10252169 MRPS27
-5,102497735 SNRPE
-5,102470351 RPSA
-5,102464591 TGIF1
-5,102359221 LOC541471
-5,102322308 MTO1
-5,10225892 B7H6
-5,102215296 psiTPTE22
-5,102214355 LOC440900
-5,102189364 GAD1
-5,102177195 SPTLC2
-5,102155789 LOC100505483
-5,102113436 GAD1
-5,103732303 FUBP1
-5,103721025 IRX5
-5,103716255 FAM124B
-5,103800274 RPS15A
-5,103826415 MCTS1
-5,103834777 XLOC_012142
-5,10384373 CLSTN3
-5,103887988 SRRM1
-5,103924351 LOC100507672
-5,103942458 HEATR7A
-5,103994111 CEACAM16
-5,104020378 C19orf29-AS1
-5,104059561 AEBP1
-5,104108028 XLOC_I2_007424
-5,104133307 FBXW2
-5,104175917 ARMC10
-5,104197648 RPL29
-5,104208472 BCL7C
-5,104224118 NFKBIL1

-5,104272231 WDR1
-5,104293471 TSTA3
-5,104299349 FAM188B
-5,10431577 TMED5
-5,104395181 NKX2-5
-5,104400217 TBL1XR1
-5,104452484 GTF3C2
-5,104454402 CHTOP
-5,104459955 DHRS4
-5,104495527 XLOC_I2_007543
-5,104547258 XLOC_I2_015441
-5,104602294 C8orf37
-5,104655459 PRR5L
-5,104678491 LOC100130800
-5,104700754
-5,104742429 DUX4L9
-5,104748803 SLC35E2B
-5,104800207
-5,104827709 DUSP18
-5,10483173 MTRNR2L10
-5,104901097 SRRM3
-5,104935156 PTPMT1
-5,10495359 CWC27
-5,104954998 CAST
-5,104998391 IMP4
-5,10500667 LOC100130000
-5,105022424 XLOC_007502
-5,10502806 XLOC_004822
-5,105045671 MFSD3
-5,10508105 ENO3
-5,105081385 CEP44
-5,105082273 LOC100653259
-5,105106565 MXRA7
-5,105118406 LARP4
-5,105157184
-5,10519223 RBKS
-5,105200599 LOC100506301
-5,105274843 CRYZ
-5,10529926 SOCS6
-5,105300763 TMEM63B
-5,105301352
-5,105304997 LOC400968
-5,10533578 STOML2
-5,105349222 LRRFIP1

-5,105352579 FLJ13773
-5,105364882 NFXL1
-5,105392202 PSD4
-5,105394824 PHACTR1
-5,105409915 XLOC_I2_005921
-5,105415557 FAM120B
-5,105428888 FGF3
-5,105462851 FAM65C
-5,105470821 LDHA
-5,105453209 FZD3
-5,10545314 ELMO2
-5,10545118 XLOC_I2_004306
-5,105420456
-5,105417396 XLOC_004557
-5,105389075 SDS
-5,10538479 XLOC_I2_013153
-5,105382826 TGOLN2
-5,105381199 C1orf53
-5,10532725 C21orf63
-5,105319571 DNASE1L3
-5,105274247 LOC100132077
-5,105210549 NPLOC4
-5,105165182 GVINP1
-5,105145 AVEN
-5,10513466 ASB10
-5,105124861 LOC730202
-5,10507629 XLOC_001327
-5,105068896 TMEM31
-5,105065028 VAMP2
-5,105038488 RELA
-5,105027395 PLCXD2
-5,105015857
-5,104950555 CRYAA
-5,10492002 TMEM108
-5,104900821 TBC1D1
-5,104879024 TSN
-5,104860348 ERGIC3
-5,104850759 FHL2
-5,10483829 E2F7
-5,104824538 LOC400128
-5,104804061 SFTPA2
-5,104800989 CCNT1
-5,104781854 BPTF
-5,104777618 ARL6IP1

-5,104767372
-5,104763634 **SPRY1**
-5,104761554 **PDE9A**
-5,104730974 **AGPAT4**
-5,104684726 **PBRM1**
-5,104665747 **PLK3**
-5,104659362 **ANAPC2**
-5,104655228 **SLAMF1**
-5,104645079 **FLJ37201**
-5,104640612 **GHITM**
-5,104631982 **AKAP9**
-5,104629963 **CHD2**
-5,104626167 **TMEM22**
-5,10450406 **BTN2A1**
-5,104473685 **MYRIP**
-5,104430501 **ZUFSP**
-5,104425306 **KDM6A**
-5,104398809 **CCDC50**
-5,104391077 **LPAR2**
-5,104371633 **TONSL**
-5,104336805 **GULP1**
-5,104334452
-5,104291219 **COQ6**
-5,104258119 **PDE4D**
-5,104254411
-5,104240982 **GLRX3**
-5,104237672 **XLOC_004693**
-5,104232963 **XLOC_I2_014050**
-5,104183817 **FBXL20**
-5,104162218 **LOC100133161**
-5,104147886 **LOC100129186**
-5,104119897 **SORL1**
-5,104118682 **LINC00173**
-5,104089284 **SCPEP1**
-5,104084528 **CLIC5**
-5,104077027 **MDM2**
-5,104077011 **E2F4**
-5,104044353 **XLOC_I2_015561**
-5,104005717 **ADD1**
-5,103991682 **LLGL2**
-5,103956032 **CROT**
-5,103925898 **PLAU**
-5,103890647 **KIAA1586**
-5,103889777 **LOC157860**

-5,103880281 TAS1R3
-5,103869828 KIAA0040
-5,103849498 XAF1
-5,105482788 IFT81
-5,105495158 WFDC3
-5,105516423 CELSR1
-5,105537116 LMNB1
-5,105542254 RIC8B
-5,105551182 XLOC_012383
-5,105566976
-5,105579087 LOC100506075
-5,105634865 CBX4
-5,105637365 HTATSF1
-5,105631136 SGSM3
-5,105627121 CTNS
-5,105654255 SLC16A4
-5,105672398 SLC25A12
-5,105669104 PCK2
-5,105683574 AGGF1
-5,105733869
-5,1057578 XLOC_014110
-5,105759477 C3orf33
-5,105803418 NACAP1
-5,105802231 OCIAD2
-5,105790294
-5,105787887 LOC389033
-5,105766565 LOC100134285
-5,105739683 XLOC_012981
-5,1057143
-5,105827589 CAPN10
-5,105858635 MEFV
-5,105859254 LOC283547
-5,105857576 TNFRSF11A
-5,1058567 XLOC_005590
-5,105893444 SERP2
-5,105965313 ZC3HAV1L
-5,105988334 SLC19A2
-5,106025843 ARHGEF2
-5,106034214 DLG1
-5,106038571 TUBG1
-5,106045123 FAM150B
-5,106062366 SHANK3
-5,106065377 LOC100131089
-5,106071625 RN28S1

-5,106064895 MGC20647
-5,106035053 COPS7A
-5,105991155 DYSF
-5,105988161 RPL29
-5,105970823 MGC4473
-5,105951332 XLOC_002560
-5,105939795 PRKCG
-5,105903427
-5,106083631 ANKIB1
-5,106109494 SPC25
-5,106128402 KBTBD6
-5,106163783 DARS2
-5,106166476 MYL6B
-5,106180685 CRLF2
-5,106183771 EIF3L
-5,106195079 ZNF547
-5,106220109 LEPR
-5,106222214 FLJ14186
-5,106253878 CCNYL1
-5,10626742 LOC100216545
-5,106275194 XLOC_I2_014191
-5,106270005 ZNF528
-5,106268707 KAL1
-5,106228978 MAML1
-5,106198974 XLOC_004465
-5,10615009 NACC2
-5,106335769 LOC400891
-5,106329737 XLOC_005160
-5,106321943 UBR7
-5,106346833 DIABLO
-5,106383936 MRPL3
-5,106397109 CLK1
-5,106393684 CORO1B
-5,106427723 ERVFRD-2
-5,106438484 COG8
-5,106451864 KIAA1432
-5,106454449 KRIT1
-5,106464997 LOC728613
-5,106472328 XLOC_I2_013420
-5,106467704 EPT1
-5,106496492 MED22
-5,106522603 SSC5D
-5,106541128 NPM1
-5,106563009 TAF5L

-5,106590897 LEKR1
-5,106588525
-5,106606379 SIVA1
-5,106629768 TCEAL4
-5,10664045 MLYCD
-5,106630883 HRASLS5
-5,106680236 NOTCH1
-5,106672107 C8orf83
-5,106696425 C9orf62
-5,1067389 TSPAN10
-5,106764074 ZDHHC7
-5,106788967 XLOC_I2_005933
-5,106807596 KPNB1
-5,106819183 PRMT5
-5,10684199 XLOC_012829
-5,106846649 XLOC_002000
-5,106881881 ADPRHL1
-5,106888937 AGAP3
-5,106926005 XAF1
-5,106930024 C17orf107
-5,106970921 XLOC_I2_013116
-5,10698799 KPNB1
-5,107057285 XLOC_I2_014645
-5,107064828 XLOC_009575
-5,107093915 TAGLN
-5,107100758
-5,107097519 RPL13A
-5,107077564 XLOC_I2_000720
-5,107070507 XLOC_I2_007135
-5,107050613 FPR2
-5,107044487 LOC100652804
-5,1070385 LOC100288911
-5,107018139 CIAPIN1
-5,107017631 XLOC_005327
-5,107002993 LOC729159
-5,106995115 GGTL1
-5,106989896 RPL21
-5,106968758 DMC1
-5,106954409 MT1X
-5,106918031 LOC642361
-5,10689347 AMT
-5,106872144 TXNDC16
-5,106867082
-5,106855325 PTGER3

-5,106822515
-5,10680496 HMGN2
-5,106785299
-5,106758054 PTAFR
-5,107120232
-5,107174176 IL1B
-5,107180519 PMAIP1
-5,107185401 PPAPDC2
-5,107181293 SLC25A37
-5,107220457 ASB13
-5,107230264
-5,107251318 XKR9
-5,10725204 GGTL1
-5,107249557
-5,107266213 NIPAL3
-5,107317416 MRPS12
-5,107330571 TSSC1
-5,107348859 XLOC_012503
-5,10736592 LOC100130876
-5,107375876 LINC00221
-5,107395868 LINC00339
-5,107405742 C10orf105
-5,107418198 CRYAA
-5,107424456 AMACR
-5,107434187 KIAA1279
-5,107441257 ZKSCAN1
-5,107416766 FOSL2
-5,107411602 ZC3HAV1
-5,107487912 SPA17
-5,107501268 XLOC_012115
-5,107501803 GNAS-AS1
-5,107520422 ANKRD20A1
-5,10752859 NOMO1
-5,107511188 LOC729424
-5,107507515
-5,107464105 RPAIN
-5,107540068 PSCA
-5,10757212 XLOC_002730
-5,107635249 UEVLD
-5,107676834
-5,107704941 SLC1A5
-5,107698469 LRRFIP1
-5,10773047 LOC152286
-5,107738392 CENPO

-5,107752555 UCHL1
-5,107785346 XLOC_I2_014602
-5,107788091 IFIH1
-5,107827502 BTBD2
-5,107841562 EGFEM1P
-5,107866632 HINT1
-5,107931046 ORC3
-5,107947103 OR5H14
-5,107954822 XLOC_014288
-5,107970038 ZMYND19
-5,107995997 SPINK7
-5,108015455 NPHP4
-5,108021509 RBM47
-5,108027561 XLOC_006336
-5,108041592 PPA2
-5,108042853 BIRC2
-5,108024047 Q8LKN9
-5,108015615 ZFP1
-5,108015521 OXA1L
-5,10801242 XLOC_009181
-5,107998431 ZNF323
-5,107994319 NDUFB8
-5,107990749 HSPE1
-5,10798126 ZNF605
-5,107957816 BAP1
-5,107923961 TYSND1
-5,107891441 MDH2
-5,107837353 POLR2D
-5,107825147 ATG13
-5,107814985 GLCCI1
-5,107799045
-5,107777254 PTMS
-5,108067673 NUBP2
-5,108069371 ZNF29P
-5,108101435 PFKFB3
-5,108119249 NFX1
-5,108183425 MAFG
-5,108202492 XLOC_005273
-5,108215263 C5orf63
-5,108229569 PROM1
-5,108255347 DHH
-5,108255411
-5,108255801 PQBP1
-5,108269996 PDS5A

-5,108338156
-5,108349446 ZFP82
-5,108349463 LOC100508120
-5,108348799 FSCN2
-5,108341031 RAPH1
-5,108338483 MANEAL
-5,108335737 IRGQ
-5,108325263 XLOC_010411
-5,108312354
-5,108307373 AHNAK
-5,108296687 RPL30
-5,108275274 NIF3L1
-5,108261804 C20orf112
-5,108229255 BACE1
-5,108217177 TNFRSF14
-5,108143818 THAP11
-5,108122491 GOLGA6L1
-5,108389628 COMMD2
-5,108393819 XLOC_011119
-5,108401174 TFDP3
-5,108432868 DSG2
-5,108491499
-5,108517324 LOC100294338
-5,108522616 RPL31
-5,108586194 XLOC_I2_015121
-5,108613429 DOT1L
-5,10861468 C15orf61
-5,108632097 SLC4A11
-5,108707815 CDCA7L
-5,108724345 PTAR1
-5,108737159 IFI44
-5,108742228 IFNAR1
-5,108747803 C12orf47
-5,10875249 MEX3D
-5,108778238 OXR1
-5,10878228 GNB2L1
-5,108797484 LOC440330
-5,108800875 ZNF367
-5,108803067 HPRT1
-5,108809007 LOC400499
-5,108821573 PKIG
-5,108835115 GNA11
-5,108850271 SNORA56
-5,108877458

-5,108882015 MRPL38
-5,108883525 CD177
-5,108895798
-5,108896539 XLOC_I2_010511
-5,108876422 OPN3
-5,108857353 MTL5
-5,108835523 UNC93B1
-5,108826885 CCDC115
-5,108802013 QDPR
-5,108752918 RPS14
-5,108737549 OSTCP1
-5,108725068
-5,108719728 Mar-07
-5,108714303 LOC100653051
-5,108701115 XLOC_013931
-5,108698269
-5,10866165 ANKRD20A2
-5,108644255 FLJ46020
-5,10864392 PCCB
-5,10864182 MFSD10
-5,10860149 SPNS2
-5,108597302 PDE4DIP
-5,108585493 DGKB
-5,108582083 TMEM222
-5,108573521 ACE
-5,108550864 CCDC116
-5,108544845 AP4M1
-5,108519825 EEF2
-5,108492503 CDC42EP5
-5,108478078 Q4B8L8
-5,108477017 RAP2A
-5,108417657 ZMAT3
-5,108917853 XLOC_009356
-5,108930806 XLOC_010390
-5,108933329
-5,108929387 XLOC_001645
-5,108957205 ZBTB43
-5,109017802
-5,109032098 C15orf40
-5,109044276 XLOC_011329
-5,109053118 ALG13
-5,109043723 SCRNI
-5,109010834 LOC286149
-5,109008409 PRKCZ

-5,10899905 DCLK1
-5,109070626 KDM4A
-5,10909564 DCAF12
-5,109100493 LOC100288292
-5,10909351
-5,109130476 XLOC_011532
-5,109145424 SRSF10
-5,109145488 RPL24
-5,109152023 DNAJC6
-5,109139916 PDIK1L
-5,109172299 PISD
-5,109231827 NEAT1
-5,109233321 ADCK4
-5,109248806
-5,109274108
-5,109282674 PAIP1
-5,109288444 Q59GX9
-5,109350735 LOC100653323
-5,109360495 DEFB1
-5,109364169 PHOSPHO2
-5,109399704 LOC158572
-5,109406876 SLC17A7
-5,109419694 C17orf69
-5,109447579 PPP4C
-5,109471752
-5,109473445 ADCK3
-5,109475755 FLJ43860
-5,109485296 FLJ31945
-5,109541282 DCLRE1B
-5,109579864 TFCP2
-5,109585149 SNCB
-5,109590765 RAN
-5,10963364 RBM8A
-5,109658142 UBAP2L
-5,109661937 TIMM8A
-5,109662814 HUS1
-5,109675246 SHROOM4
-5,109682354 NUS1
-5,109698393 GALNT6
-5,109714142 LST1
-5,109730176 LOC100506374
-5,109733791 SEPT7P2
-5,10973459 USP15
-5,109741663 UBE2C

-5,10976098 KIAA0415
-5,109793976 KLRF1
-5,109797587 ZNF500
-5,109800711 DIDO1
-5,10980546 RPS7
-5,10985729 CISD3
-5,10991252
-5,109936377 LOC100129195
-5,109938291 IL1R1
-5,10997333 U2AF1
-5,10998776 MACF1
-5,110007969 LOC645261
-5,110016467 XLOC_001432
-5,11001888 HIRIP3
-5,110025175 LRRC34
-5,110036968 ZBTB33
-5,110039305 CRYM
-5,110076453 LRRC58
-5,110080148 FAM135A
-5,110082875 NOBOX
-5,110084183 FUT7
-5,110095435 ZNFX1-AS1
-5,110106234 CDK11B
-5,11012046 RAD54B
-5,110120516 OBFC2B
-5,110157328 AGAP2
-5,110161184 HIVEP3
-5,110168708 TRIM69
-5,110174144 CLPP
-5,110185834 XLOC_005126
-5,110264044 XLOC_008149
-5,110292366 LOC100506379
-5,110311978 ETV4
-5,110313777 TOMM70A
-5,110316969 XIAP
-5,110314367
-5,110301086 SDAD1
-5,110300171 LINC00315
-5,110290325 LOC100506262
-5,110276338 AQR
-5,110261693 ITGB1BP1
-5,110261432 USP6
-5,110254953 SLC35C1
-5,110252416 TP53I11

-5,110248611 **TYK2**
-5,110222518 **ITGAX**
-5,110219379 **APITD1**
-5,110205551 **MLF2**
-5,110194539 **NUP98**
-5,110164073 **ZFP64**
-5,110154382 **HDGFL1**
-5,110069992 **XLOC_004530**
-5,110058537 **COL27A1**
-5,110054622
-5,110045068 **HIST1H2AC**
-5,110013802
-5,109995477 **RASSF7**
-5,10999235 **SCGB1A1**
-5,109991348
-5,109987534 **THAP2**
-5,109976149 **RHOQ**
-5,109972575 **CORO6**
-5,109971184
-5,109966844 **LOC100131138**
-5,109961841 **TSKS**
-5,10994864 **RSAD2**
-5,109947833 **SDHA**
-5,109936164 **C10orf57**
-5,109928484 **LACC1**
-5,109916553 **NFYA**
-5,109897094
-5,109854367
-5,109845132 **LCE1E**
-5,109840329 **KCNQ1DN**
-5,109837043 **XLOC_007181**
-5,109827068 **XLOC_000377**
-5,109806256 **GOLGA1**
-5,109805892 **LOC100506066**
-5,109789554 **TMEM88B**
-5,109782161 **OTUD4**
-5,10977604 **PEX14**
-5,109757839 **ZNF581**
-5,109750377 **DNAJB5**
-5,109735783 **LOC728739**
-5,109734664 **CCDC117**
-5,109732013 **XLOC_003221**
-5,109719987 **DLGAP5**
-5,109703994

-5,109695054
-5,109656925 MRPL39
-5,109643367 SUOX
 -5,10963813 XLOC_000053
-5,109600203 PPIB
-5,109595892 ADAMTS7
-5,109523277 LOC100507373
-5,109432449 ZNF329
-5,109344393 KAZALD1
-5,109246607 LOC729506
-5,109216798 LHPP
-5,110346516 GBA2
-5,110399684 RPS14
-5,110416232 XLOC_005479
-5,110428728 OR2T27
-5,110451723 RFXANK
 -5,11045551 XLOC_I2_000727
-5,110491952 BIK
-5,110529569 LOC100653008
-5,110538123 Q9N083
-5,110552166 DNAH2
 -5,1105597 CEP164
-5,110586317 WHSC1
-5,110587333 LOC100506476
-5,110596661 C18orf23
-5,110620519 YLPM1
-5,110623882 PPP6R2
-5,110645524 XLOC_012169
-5,110645738 VPS33B
-5,110648829 XLOC_009181
-5,110674317 RPS21
 -5,11067598 CNN2
-5,110676295 ZNF280C
-5,110684655 HSD17B13
-5,110691894
-5,110703408
-5,110714358 GCH1
-5,110738884 C15orf40
-5,110744689 LOC100499467
-5,110748931 RPL21
-5,110749219 TPTE2P3
-5,110756756
-5,110778111 C18orf56
-5,110783903 SNAR-I

-5,110784538 INPP4B
-5,110808961 SLC26A2
-5,110810367 WIPF1
-5,110841499
-5,110849063 DTX3L
-5,110856815 LOC100505501
-5,110855016 C3orf80
-5,110852532 CCDC28B
-5,110838966 FLJ45684
-5,110819901
-5,110808188 XLOC_010929
-5,1107887
-5,110782601 ARSD
-5,110759871 GOLGA8IP
-5,110759494 FAM50B
-5,110755365 IRGM
-5,110673882 XLOC_007346
-5,110672645 ABLIM1
-5,110628722 CDCP1
-5,110621538 C20orf203
-5,11057271 MBD1
-5,110530593 LOC100505738
-5,110529458 RPL29
-5,110521407 XLOC_001591
-5,110518782 LSM6
-5,110516982 XLOC_013470
-5,110508336 P2RY2
-5,110489146 XLOC_002730
-5,110456855 CACYBP
-5,110451589 SYNPO
-5,110449522 ZNF394
-5,110871488 IL13RA1
-5,110909545 HRSP12
-5,110929682 B3GNTL1
-5,110997518 FAM108A1
-5,111000499 ZNF879
-5,111013565 CCNY
-5,111036158 XLOC_I2_001760
-5,111037421 PIK3R5
-5,111037871 LOC100272228
-5,111085703 ZBTB32
-5,111086194 RBM47
-5,111086211 CCNE2
-5,111102593 RPL29P2

-5,111106697 C21orf91-OT1
-5,111118586 DDX42
-5,111145937
-5,111153302 XLOC_I2_008692
 -5,1111623 SH3KBP1
 -5,11117857 FLJ42392
-5,111181697 LOC399815
-5,111189436 XLOC_I2_010854
-5,111192182 PCNA
-5,111200258 GRIPAP1
 -5,11120613 SNHG13
-5,111232227
-5,111240238
-5,111240714
 -5,11124075 HEBP1
-5,111240331 RNASE13
-5,111228735 MAP7D3
-5,111209614 XLOC_I2_006574
-5,111160791 NAPB
-5,111145726 CYP4F12
 -5,11114561 MT1B
-5,111104873 RPS2
-5,111101797 TGDS
-5,111097924 OR7E156P
-5,111093197 NRSN2
-5,111087626 TXNRD2
-5,111058074 IL6R
-5,111053099 SNAP47
-5,111014161 HERC2P7
-5,110996948 PARP8
-5,110993217 G6PC3
-5,110989497 XLOC_003595
 -5,1109872
-5,110968272 DEPDC1B
-5,110929956 SUSP4
 -5,11091549 FDX1L
-5,110908352 LOC401320
-5,111269651 XLOC_I2_010831
 -5,11130849 KIAA1683
-5,111326403 EVX1
-5,111360289 ICA1
-5,111374906 TRMT2A
-5,111430154
-5,111436854 PSD3

-5,111437903 EDEM3
-5,111467492 ZNF777
-5,111468255 JAG2
-5,111469148
-5,111463255 MDH1
-5,111446094 C5orf32
-5,111444811 LOC100505994
-5,111439381 TIGD2
-5,111428544 SOX12
-5,111406054 XLOC_006555
-5,111390714 FOXD2
-5,111384761 XLOC_003239
-5,111377218 XPNPEP3
-5,111372632 TNFRSF14
-5,111367564 LOC100134663
-5,11136681 XLOC_003721
-5,111340683 RPL21
-5,111321644 RPS3A
-5,111310804 NT5DC3
-5,111301346 SYCP2
-5,111289237 TMTC1
-5,111272935 NFATC1
-5,111263891 COX8C
-5,111259628 PHC1
-5,111477124 BEST1
-5,111505542 SERBP1
-5,11150576 FAM24B
-5,111509712 XLOC_I2_006939
-5,111531408 BTK
-5,111544003 CIAPIN1
-5,111551743 NPTN
-5,111552531 XLOC_004595
-5,111553786 DOCK2
-5,111553243 FAM189B
-5,111562643 XLOC_I2_014694
-5,111574303 APBA2
-5,11158301 RRP7B
-5,111576487
-5,111602189 ZNF747
-5,111603342 LOC647086
-5,111613565 LSM2
-5,111645679 TTLL9
-5,111641906
-5,111641653 GTF3C1

-5,111638875 LOC148413
-5,111658525 TREML3
-5,11167846 ARL4A
-5,111682264 PAPOLA
-5,11167754
-5,111666029 POLR2F
-5,111699947 COMMD10
-5,111724169 LOC728392
-5,111728644 AMN
-5,111724563 DPP9
-5,111720472 ATAT1
-5,11173669
-5,111751576
-5,111754408 HSD17B10
-5,111789199 MRC1
-5,111795524 LOC730101
-5,11179698 ADPRHL2
-5,111851079 AOA
-5,111855626 OBFC2A
-5,111878989 DEPDC1
-5,111904345
-5,111918897 ZNF790
-5,111933534 RPL23A
-5,11195815
-5,111963252 DHRS4L1
-5,111963634 XLOC_I2_013233
-5,111970855 ACTR3C
-5,11198933 XLOC_010503
-5,112012765 SMARCA2
-5,112026313 DDX18
-5,112072848 MILR1
-5,112089161 FLJ36000
-5,112097469 SNAPC5
-5,112102683 TBC1D9
-5,112103322
-5,112120043 SSX2
-5,112135522 LOC729558
-5,11213874 AHS2
-5,112144856 MMS22L
-5,112157017 PTGDR
-5,112161667 ARHGAP23
-5,112165984 XLOC_003021
-5,112169486 ROCK1
-5,112177238 ACOT7

-5,112185576 TET2
-5,112191169 LOC606724
-5,112212449 FLJ39632
-5,112214732 XLOC_012072
-5,112223389 BMPR1B
-5,112231668 LRRC28
-5,11225498 XLOC_I2_001875
-5,112267879 RCN3
-5,112271985 TOMM20
-5,112281835
-5,112283943 ATP8B4
-5,112289718 LOC100506384
-5,112289987 XLOC_I2_001196
-5,112299228 XLOC_I2_001549
-5,11231262 SLC38A6
-5,112315118 ARVCF
-5,112315518 DPY19L4
-5,112316984 XLOC_001532
-5,112322335 C19orf22
-5,112323835 DDX24
-5,112324957 RNF130
-5,112329583 ZNF10
-5,112335362 PSMB7
-5,112329543 LOC100507213
-5,112314952 RPL17
-5,112301231 PANK4
-5,112250542 NOL12
-5,112240921 TMEM9
-5,112238032 PRIM2
-5,112220858 SNHG11
-5,112212192 XLOC_009223
-5,112199644 OR2L13
-5,112197077 A4GALT
-5,112192799 C8orf59
-5,112184379 LOC100506073
-5,112168152 CDFN
-5,112159323 LYAR
-5,112158976 LOC399744
-5,112158191 XLOC_010847
-5,112157632 P2RX5
-5,112104707 PPIA
-5,112089432 XLOC_005887
-5,112077515 UBR2
-5,112039039 OR7E12P

-5,112003567 KLHDC3
-5,111983437 MUSK
-5,111953705 C2orf63
-5,111953677 LOC400622
-5,111882202 XLOC_I2_004867
-5,111877043 CS
-5,111872717 THYN1
-5,111838609 VGLL3
-5,111833394 RLN1
-5,111815503 LOC401134
-5,111806785 OR7E24
-5,11177802 ZSWIM6
-5,112344955
-5,112370687 JAK3
-5,112371379 L3MBTL1
-5,112372433
-5,112353836 GCLM
-5,112385475 DPYSL3
-5,112403737 PTPMT1
-5,112411963 AKAP7
-5,112415038 BOD1L
-5,112411313 IRF2BPL
-5,112395005
-5,112429172
-5,112425306 SRSF2
-5,112455739
-5,112514794 CRHR1
-5,112521331 XLOC_010364
-5,112522185 EFTUD1
-5,112526194 CECR5
-5,112546574 ORC5
-5,112578312
-5,112597933
-5,112624535 LRRC14
-5,112630115 PACSIN2
-5,112634858 MORN4
-5,112641254 ACTR2
-5,112669596 RPL23A
-5,112690268 RPL10
-5,112690958
-5,112694067 GLIS2
-5,112714004 NRF1
-5,112742605 TMEM120B
-5,112744973 TAF1B

-5,112749425 CD163L1
-5,112751614 XLOC_002275
-5,112763008 KIAA0556
-5,112765423 RPL21
-5,112758706 XLOC_008897
-5,112749209 SIRPB1
-5,112740419 XLOC_I2_008689
-5,112736097 RPU3D3
-5,112722515 TGFBI
-5,112722498 XLOC_005640
-5,112721906 PDE9A
-5,112721655 LINC00230A
-5,112719429 PCCA
-5,112703568 MAML1
-5,112694743 ETV3
-5,112678351 LOC283174
-5,112662934 LOC643623
-5,112660827 RPH3AL
-5,112651824
-5,112648843 DHPS
 -5,1126414 OIP5
-5,112635385
-5,112634342 XLOC_009370
-5,112610522 XLOC_012895
 -5,11258502 ZNF286B
-5,112570489 SNORD114-26
-5,112553576 ACTL6B
 -5,11254548 HMGN5
-5,112537007 POLE4
-5,112530107 ALKBH1
-5,112495324
-5,112481632 SLC10A7
 -5,11248136 OSR1
-5,112463632 TMEM194A
-5,112771752 EDARADD
-5,112784133 DPYSL4
-5,112791444 XLOC_002486
 -5,1127973 SFPQ
-5,112817001 EIF2C4
-5,112820964 RPL23A
-5,112814177 SDC3
-5,112839283 C20orf177
-5,112857278 FCHSD1
-5,112862212 SMCR7

-5,11286467 LOC100270804
-5,112873196 TRMT61A
-5,112890577 POLR3E
-5,112890926 NHEJ1
-5,112887123 DNM3OS
-5,112867654 XLOC_003406
-5,112860578 SNAR-C3
-5,112856769 Q8NDX4
-5,112914208
-5,112920334 O3FAR1
-5,112919387
-5,112903199 OR4D6
-5,11292727 TBC1D2B
-5,112933198 CD37
-5,112950918 RARRES2
-5,112958136 GLRX5
-5,112972327 NANOS1
-5,112992251
-5,112992938 SEH1L
-5,112983361 EPB41
-5,112981603 LOC646324
-5,112998845 LACE1
-5,113007517 XLOC_I2_004537
-5,113015255 CAMKK1
-5,113032031 Sep-14
-5,113043568 PDCD2
-5,113046622 IPO13
-5,113051342 ZXDB
-5,113058616 TCF7L2
-5,113063327 RBAK-LOC389458
-5,11307175 RANGRF
-5,113091719 CIRBP
-5,113093477 SRP9
-5,113087928 CUEDC2
-5,113087515 SIGLEC9
-5,113080847 ARFRP1
-5,113074423 HSDL2
-5,113112271 EFHC1
-5,113156962 TCOF1
-5,11316205 MSH2
-5,113172771 LONRF2
-5,113183179 MTRNR2L7
-5,113199523 ASH1L
-5,113208561 COIL

-5,113208948 AEN
-5,113215649 DHX15
-5,113223791 MFSD6L
-5,113225119 AIDA
-5,11321233 FAM118A
-5,113194194 XLOC_I2_009139
-5,113193546 MYC
-5,113166968 TET2
-5,113163887 SV2B
-5,11314791 XLOC_006844
-5,113145809 USP32
-5,113138343 XLOC_001823
-5,113137895 LOC100132966
-5,113135752 GNAQ
-5,113131351 XLOC_I2_014931
-5,113123087 BBIP1
-5,11324161
-5,113268024 RPF2
-5,113309787 ARHGAP19
-5,113336472 C12orf44
-5,113337359 XLOC_I2_002469
-5,113355923 FAM208B
-5,113389682 XLOC_I2_015295
-5,113397904 XLOC_012618
-5,113398279 C2orf55
-5,113407181 VPS13C
-5,113414097 LOC100293704
-5,113414451 PROSER1
-5,113435075
-5,113442569 NUP43
-5,113452323 UNC119
-5,113460627 GHSR
-5,113487851 PDCD2
-5,113490397 LOC100506054
-5,113491473 USP24
-5,11351939
-5,113521667 TYMS
-5,113528376
-5,113566683 GALK1
-5,113570537 EPST11
-5,113575234 MELK
-5,113580926 BTD
-5,113601356 MAT2A
-5,113642022 MRRF

-5,113648484 NUP107
-5,113655658 PAXIP1
-5,113661594 TBCE
-5,113667636 SLC2A12
-5,113684019 LOC100506054
-5,113691372 MAGEL2
-5,113696065 TMEM71
-5,113697008 LOC100653149
-5,11369965 FBXO3
-5,113693214 FCRLA
-5,113687334 PKN1
-5,113685158 CACNA1C
-5,113679019 AMMECR1
-5,113668801 RAB14
-5,11366437 CCNB1
-5,113654172 LOC100652927
-5,113646015 TFDP1
-5,113645562 TRPM6
-5,113641565 WTAP
-5,113630089 XLOC_013182
-5,11362761 TMEM231
-5,113624242 MCM9
-5,113617605 RBBP4
-5,113602335 XLOC_I2_001085
-5,113592889 RPS3A
-5,113591535 TCF7L2
-5,113590323 AFF4
-5,113589553 GPSM1
-5,113578509 RPL21
-5,113556449 NAGA
-5,113552022 MRPS23
-5,113548131
-5,11354566 PLEC
-5,113542747
-5,113530616 UBA2
-5,113527657 DNAJC17
-5,11351064 MTX1
-5,113495726 GTF3C4
-5,113479205 RAB34
-5,113475407 LILRB3
-5,113473451 NCR1
-5,113471887 EN2
-5,113442754 C4orf34
-5,113426623 C9orf169

-5,113425077 ND2
-5,113413616
-5,113410636
-5,113399992
-5,113390405 C16orf91
-5,113351595 NDUFAF2
-5,113351145 KIAA0907
-5,113338187 LOC100507769
-5,113323228 XLOC_004587
-5,113315279 POLR3E
-5,11328623 XLOC_011488
-5,113279561 UFSP1
-5,113277779 XLOC_001398
-5,113267524 LOC100507637
-5,113710028
-5,113710716 TRIM25
-5,113717595
-5,113736728 DNAJC5
-5,113746842 KLK1
-5,113743958 RAB11FIP1
-5,113731684 PARP9
-5,11376141 XLOC_014226
-5,113778795 GRAP
-5,113786264 PRKAG1
-5,113788496 EPCAM
-5,113789275 C6orf57
-5,113785384 AQP7P3
-5,113781196 GHRLOS2
-5,113805796 STRADB
-5,113814839 SLC25A5-AS1
-5,113832902
-5,113854624
-5,113869538 LOC100507486
-5,113884786 TCTEX1D4
-5,113885782 SYNC
-5,113894195 RBFOX3
-5,113894711 C7orf55
-5,113899248 CLEC2B
-5,113904571 XLOC_I2_003674
-5,113912988 RIC8B
-5,113922088 STXBP4
-5,113924939 PRDX1
-5,113924042 PARP1
-5,113923095 STX1B

-5,113922526 MAP7D2
-5,113920829 RRM2
-5,113913808 PPAPDC1A
-5,113913662 SLC2A11
-5,113910831
-5,113900932
-5,113886124 CEP76
-5,113867632 RPL21P44
-5,113842655 B3GNT5
-5,113823013 PRKCH
-5,113943636 SNX22
-5,113955735 CALY
-5,113965572 THAP8
-5,113968024 RNF214
-5,113977614 PSMD4
-5,113984595 LOC202181
-5,113993862 HERC2
-5,113995471
-5,113987894
-5,114016877 CHST8
-5,114028708 C6orf138
-5,114028305
-5,114022842
-5,114018023 NF2
-5,114011057 H1FX
-5,114039974 SLC25A33
-5,114047276 C18orf12
-5,114051927 ARNT2
-5,114060212 COL5A2
-5,114069815 CYGB
-5,114090732 PCDHB16
-5,114090918 VAMP2
-5,114104693 XLOC_005423
-5,114105693 CD70
-5,114108632
-5,114109282 DPH5
-5,114109544 XLOC_012398
-5,114110846 BCL2L10
-5,114115605 MRPL27
-5,114112201 IDS
-5,114104756 SYNGR1
-5,114057195 FLJ26332
-5,114120531 HM13
-5,114140349 XLOC_I2_002433

-5,114142291 CCT2
-5,114142198 SNX20
-5,114129402 TFF2
-5,114152522 SRGAP2P1
-5,114162238 TMEM188
-5,11417315 RPL29
-5,114185947 NACA
-5,114190991 HES6
-5,114193878 DDX1
-5,114195736 PRMT6
-5,114210031 ZBTB10
-5,114216728 XLOC_007240
-5,114220448 IDH2
-5,114264334 CEACAM4
-5,114273326 AKR1A1
-5,114273684 PPP1R13B
-5,114278072
-5,114280981 JAK3
-5,114277943 RPL17
-5,114275755 PSIP1
-5,114268311 GATS
-5,11426286
-5,114256239 ARID5B
-5,114256097 INTS7
-5,114255031 SLC37A2
-5,114252005 ZNF836
-5,114243941
-5,114234858 CASP6
-5,114229557 OTUD6B
-5,114198311 PTPRC
-5,114287718 C3orf80
-5,114316389 C12orf47
-5,114318639 IGF1
-5,114311432
-5,114310222 ABHD2
-5,114329451 DIS3L
-5,114331111 FUZ
-5,114339882 NSFL1C
-5,114346627 RPL6
-5,114367939 ZNFX1
-5,114383798 RPL37A
-5,114387985 RPL36AP33
-5,114380331 LOC100506465
-5,11439441 EXOC5

-5,114399218 XLOC_013263
-5,114410313 SMARCB1
-5,114442927 CXorf57
-5,114446259 POLR1D
-5,114453912 WBSCR22
-5,114453692 ZAN
-5,114447429 XLOC_001720
-5,114463569 PKD1
-5,114482321 XLOC_011344
-5,114484294 ACP2
-5,114485604 EID2
-5,1144918 KRTAP9-1
-5,114502659 DHRS4
-5,114514119 LRP6
-5,114511591 VTRNA1-2
-5,114506005 MLH1
-5,114505149 XLOC_009339
-5,114499272 GPAT2
-5,114483544 XLOC_012031
-5,114533362 PTGDS
-5,114535909 XLOC_000153
-5,114535212 STK17A
-5,11454412 ARSK
-5,11454375
-5,114548655 C21orf88
-5,114558358
-5,114569227
-5,114569866 SLC9B1
-5,114599911 PRLHR
-5,114611001 LANCL1
-5,114622771 MRPL19
-5,11462926 EEA1
-5,114625965 ARHGAP32
-5,114617783 ALKBH7
-5,11461707 LIF
-5,114611368 GNAT1
-5,114607587 LRRD1
-5,114606343 LOC100652915
-5,11460403 GDF1
-5,114602408 PLSCR3
-5,11459252 EPRS
-5,114583524 TNPO1
-5,114583408 TM2D3
-5,114562516 TRPM6

-5,114647685 B4GALT5
-5,114654737
-5,114658081 RABGGTB
-5,114673634 ILF2
-5,114682552 XLOC_000048
-5,114683772 XLOC_005116
-5,114687161 ESCO2
-5,114735088 TAF9
-5,114735459 SYNCRIP
-5,114737343 FLJ35024
-5,114755532 RPL13AP17
-5,114765326 IL18BP
-5,114785259
-5,114796212 TDRG1
-5,114799649 SPDYE3
-5,114808273 SNORD7
-5,114816303 ASF1B
-5,114818703 SYT15
-5,114829247 CCDC76
-5,114831621 PEMT
-5,114834336 ADARB1
-5,11483798 RAD52
-5,114841322 STK38L
-5,114841679 ARHGAP23
-5,114842231 XLOC_007775
-5,11486277 ENSA
-5,114868899 ST13
-5,114880119
-5,11488023 RECK
-5,114886861 HCG27
-5,114898813 LOC100505857
-5,114903161 TRIM8
-5,114903634 ERBB2
-5,114907465 FBXO25
-5,114909391 S100PBP
-5,114929308 LOC284926
-5,114935504 ESCO2
-5,114949926 BAZ1B
-5,11495408 SSBP2
-5,114955908 TSPYL5
-5,114958548 PFKFB2
-5,11496061 C1orf213
-5,114964002 XLOC_011950
-5,114966059 TRPS1

-5,114957182 MKI67
-5,114950601 C1orf63
-5,11494953 SLC30A7
-5,114942926 RBM23
-5,114937386 CES1
-5,114936192 LOC100130581
-5,114922835 GOLM1
-5,114913083
-5,114905465 ECHDC1
-5,114900408 NCOR1
-5,114900035 MAPKAP1
-5,114899146
-5,114897988 XLOC_I2_008221
-5,114895743 LOC645553
-5,114894751 CKS1B
-5,114894396 FCRL1
-5,11487547 MTMR1
-5,114842327
-5,114841732 RANBP3
-5,114833996 SNRPC
-5,114829867 REXO1
-5,114828483 XLOC_001342
-5,114822837 LOC401320
-5,114817008 C7orf13
-5,114816648 RPS19
-5,114811962 PEF1
-5,114801985 ZNF890P
-5,114786218 RPS15A
-5,114771772 GALE
-5,114760972 RPRD1B
-5,114757831 MYO5A
-5,114757153 XLOC_001317
-5,114756403 LTN1
-5,114747625 C1R
-5,114746289 NDUFS6
-5,11474612
-5,114742296 RPL23AP7
-5,11473 KLHL31
-5,114721728
-5,11471337 LOC100507582
-5,114700397
-5,114690179 SLIRP
-5,114673113 ARMC5
-5,11465705 CTTNBP2

-5,114656609 TMEM186
-5,114650694 AQP3
-5,114972943 SUN5
-5,114970577 EED
-5,114979352 UBR2
-5,114983479 TAF13
-5,114994016 PHLDA2
-5,115001272 SNRPE
-5,11500069 C1orf216
-5,114996541 XLOC_013874
-5,114994839 ATL2
-5,114994157 PPFIA1
-5,11501256 CADM4
-5,115011828 XLOC_009682
-5,115015928 MLL3
-5,115022005 CREB3
-5,115026102 LOC100289388
-5,115036769 MICAL3
-5,115045337 CLEC10A
-5,115043936 PIEZO1
-5,115065381 RNF166
-5,115066659 C19orf43
-5,115066587 ADAM19
-5,115065279 TMEM59
-5,115070979 ITIH4
-5,115078929 NUBP1
-5,115076408 RIOK2
-5,11508237
-5,11509193 HLA-F-AS1
-5,11509372 XLOC_I2_015578
-5,115098182 CCDC167
-5,115106519 HERC2
-5,115113275 ZC3H12D
-5,115115712 PRKRA
-5,115117554 UNC13D
-5,115123277 CCND1
-5,11513161 SLC26A5
-5,115132235 LOC100506257
-5,115130655 HAB1
-5,115129591 RPS2P32
-5,115115287
-5,115105243 FZD7
-5,115097577 APH1A
-5,115139183 XLOC_002221

-5,11514764
-5,115154807 DPY19L1P1
-5,115155972 FAM134A
-5,115166614 PDZD11
-5,115173244 HAUS6
-5,115191778 RPS2
-5,115198662 SPTA1
-5,115201343
-5,11520262 XLOC_005464
-5,115212403 DNM1P46
-5,11522077 ARHGEF35
-5,115225881
-5,115228182 ZFP112
-5,115230114 FBXL16
-5,11523892 RFX8
-5,115239628 PTCHD1
-5,115245272 GOLGA8IP
-5,115245821 GYPA
-5,115249048 XLOC_009509
-5,115251015 XLOC_008058
-5,115258717 EIF2B4
-5,115261384 SLC22A31
-5,115261685 DLGAP3
-5,11525725 TYMP
-5,115254663 PPIE
-5,115251931 PATL2
-5,115238615 XLOC_010210
-5,115235983 ANKRD37
-5,115232578 TAPBP
-5,115227306 STAR
-5,115220411 POF1B
-5,115218264 NEK1
-5,115209358 CTDSPL2
-5,115193923 XLOC_002080
-5,115193512 ACPL2
-5,11519229 THNSL2
-5,115190351 LINC00158
-5,115184004 WDR47
-5,115179783 MAG
-5,115168959 XLOC_005338
-5,115153201 NACA2
-5,115268843 RPLP0
-5,115272084 PCID2
-5,115269468 HIST1H4J

-5,115278222 COBLL1
-5,115289555 LOC100131262
-5,115291827 LCORL
-5,115299199 LMLN
-5,115300701 MANBAL
-5,115301169 ADAMTS1
-5,115298794 LCMT2
-5,115298067 PHOX2B
-5,115286154
-5,115315 VAMP4
-5,115316924 CRNDE
-5,115313714 ASB13
-5,115310541 PPM1L
-5,115305867
-5,115328141 DCAF5
-5,115330003 TSPAN13
-5,115329225 TMEM147
-5,115327727
-5,115332764 MRPL54
-5,115337753 ARAF
-5,115348672
-5,115346752
-5,115345538 DET1
-5,115355201 IGF2BP3
-5,115358626 PTDSS1
-5,115363275
-5,115368542 KIAA0319L
-5,115371509 LRRFIP2
-5,115373147 FAM21C
-5,11537458 ANKRD12
-5,115384539 LOC644277
-5,115384274 COL23A1
-5,11540108 TAPBP
-5,115403456 MIPEP
-5,115409909 SLC22A25
-5,115416086 MEPCE
-5,115418064 BRMS1L
-5,115423918 PRMT1
-5,115429778 LGALS3BP
-5,115428464 LOC100131138
-5,115425271
-5,115424916 SNAI3
-5,115420953 XLOC_008436
-5,115418578 XLOC_011804

-5,11541018 HMGB2
-5,115406402 SERPINB9
-5,115397282 CCNB1
-5,115394782 GCHFR
-5,1154326 TUBB2A
-5,115435197 CASP2
-5,115447387 MOCS3
-5,1154476
-5,11544266 DHX9
-5,115442151 PTEN
-5,115456529 XLOC_011349
-5,115457931 KIAA1715
-5,115459389 XLOC_I2_001648
-5,115468266
-5,115471149 HOXB2
-5,115472208 ARHGEF9
-5,115470433 LBH
-5,115467227 COX11
-5,115478015 WNK1
-5,115476599 NCOR1
-5,115494064
-5,115494896 SNORD113-3
-5,11550013
-5,115503962 DPEP3
-5,115505005 LINC00322
-5,115509466 LOC100507309
-5,115516451
-5,115517674 LOC100653014
-5,115514992 CCDC144A
-5,115521883 LOC550643
-5,115531989 PPP2R5E
-5,115535074
-5,115536374 ZCCHC4
-5,115541064 DRAM2
-5,115538955 MRPL43
-5,11554655 PDCD5
-5,115549604 CYP4F30P
-5,115573644 OSBPL8
-5,11557583
-5,115575567
-5,115572872 ADAMTSL4
-5,115571614 XLOC_013773
-5,115570868 SPIN4
-5,115565966 CCDC149

-5,115565869 LOC644248
-5,115582844 GALNT2
-5,115581467 LOC100652953
-5,115585832 LOC100130071
-5,115590785 LOC100132249
-5,115589298 DIAPH1
-5,115594688 GSTTP2
-5,115601143 LOC493754
-5,115607739 EFS
-5,115605789 FBXO36
-5,11560407 MRPS7
-5,115611923 EIF4A3
-5,115611428 FAM109B
-5,115618446 GPN3
-5,115623771 DEAF1
-5,115628505 LOC100506942
-5,115630012 IP6K1
-5,115627853 MLH1
-5,115635277 LARS2
-5,115639189 LBX1
-5,115639489 CASK
-5,115641329 UBXN2A
-5,115642022 ADIPOR1
-5,115646914
-5,115647343
-5,115646139 LIN9
-5,115657915 RPF1
-5,115659182
-5,115660695
-5,115665134 PPP1R2
-5,11567478 ACBD4
-5,115682563 USP5
-5,115683295 NBEAL2
-5,115689469 SYTL3
-5,115694461 MACF1
-5,115698961 JMY
-5,115703206 TAF4
-5,115708364 FAM66D
-5,115715742 ST14
-5,115717826
-5,115725092 TMEM203
-5,115727479 PRRG1
-5,115729446 NUP155
-5,115730937 MBNL1

-5,115733481 LOC100128670
-5,115735533 XLOC_001095
-5,115740054 POR
-5,115743613 XLOC_008024
-5,115744749
-5,115747258 psiTPTE2
-5,11574813
-5,115749038 INO80
-5,115745151 KRTAP10-10
-5,115744533 SLC22A17
-5,115744444
-5,115743964
-5,115741456 XLOC_001995
-5,115737872 C15orf17
-5,115734485 XLOC_I2_004986
-5,115733566 METTL11A
-5,115728152 TH1L
-5,11572324 RABGGTA
-5,115722625 RAB37
-5,115720787 GNAS-AS1
-5,115719293 XLOC_010933
-5,115719093 IDO1
-5,115714018 XLOC_012895
-5,115713095 RBM20
-5,115712446 ALS2
-5,115712054 LOC388210
-5,11571098 LOC283547
-5,115706743 NEK7
-5,115706424 CTNNA1
-5,115703729 GPR152
-5,115698268 SRPX
-5,115696572 TBC1D3
-5,115679266 ADI1
-5,115670599 LINC00472
-5,115661502 C20orf160
-5,115756913 RPS19
-5,115757824 SNIP1
-5,11576137 NIN
-5,11576178 NFYC
-5,115763737 CENPW
-5,115768235
-5,115769454 RPS10
-5,115768196 CRTCL
-5,115767455 FLJ44477

-5,115762151 UTF1
-5,11575983 SRF
-5,115756835 ZNF850
-5,115771279 XLOC_007722
-5,115776883 IGFALS
-5,115786529 LOC389834
-5,115786692 XLOC_003245
-5,115789583 SLC27A6
-5,115794526
-5,115793975 LOC285147
-5,115793335
-5,115796723
-5,115798117 PCGF6
-5,115801408 MED12
-5,115800241
-5,115803208 XLOC_I2_002433
-5,115809508 LOC100288615
-5,11580956 BCL2L12
-5,115812221 DIO3
-5,115813783 SDHA
-5,115815108 NPPA
-5,115817577 HIBCH
-5,115818276 ABCE1
-5,11581875
-5,115816207 IQCK
-5,115815434 XLOC_I2_007928
-5,115830622 IFT43
-5,115837606 MTHFD1L
-5,115840817 KCTD19
-5,115840964 YAF2
-5,115841793 XLOC_005617
-5,115843809 TAF9
-5,115846105 XLOC_I2_015351
-5,115846449 XLOC_012227
-5,115846938 CCT3
-5,115848495 HAUS8
-5,115850961 MAGED1
-5,115851675 LDOC1L
-5,11585352 PFDN6
-5,115853357 CDCA4
-5,115850643 GK
-5,115850409 SLC16A5
-5,115845498 PHF17
-5,115845173 MUC4

-5,115844077 SSNA1
-5,115841658 SECTM1
-5,115840498 ZNF623
-5,115839483
-5,115831253 FAM125B
-5,115831147 MLL5
-5,115831087 AKNA
-5,115857542 PHF20L1
-5,115856458 ANK1
-5,11586172 COL4A5
-5,115862478
-5,115862922 LOC93622
-5,115866693 CYB5RL
-5,115867671 FBXL17
-5,115865911 TBC1D9B
-5,115864517 ZNF468
-5,115870835 XLOC_I2_006574
-5,115873074 PARP16
-5,115876323 L3MBTL3
-5,115877052 RASAL2
-5,115874808 OR2M7
-5,115880795 PSMD10
-5,11588078 OSTC
-5,115883875 ZNF658
-5,115884809 JHDM1D
-5,115885764 MAP3K10
-5,115884956 ARCN1
-5,115888292 TTC22
-5,115892384 LOC100652802
-5,115893956 TBC1D9
-5,115894241 LOC550643
-5,115898456 HTATSF1P2
-5,115900902 C12orf75
-5,115901208 TMEM14B
-5,115901884 PRAMEF5
-5,115901927 PRPS1
-5,115904765 LOC286149
-5,115909826 ZDHHC24
-5,115914163 GPR137B
-5,115915308 HSPBAP1
-5,115916828 TRAF7
-5,115917969 CYB5R4
-5,115917978 C15orf44
-5,115919084 RPS3A

-5,11592064
-5,115924733 SELL
-5,115926792 TAB2
-5,115930549 ZNF45
-5,115933545 XLOC_I2_014830
-5,115937144 THUMPD2
-5,115941141
-5,115944104 LOC100129917
-5,115944417 KRTAP5-11
-5,115944421 RAB15
-5,115944921 C5orf35
-5,115946441
-5,115948415 LPTM4B
-5,11594994
-5,115950907 IGF1R
-5,115951041 GHRH
-5,11595114
-5,115954359 CD101
-5,115958186 DNAJC3
-5,11595867 FLJ40606
-5,115959387 LOC652119
-5,115959967 PLS3
-5,115961292 HOXC9
-5,115961905 CDKN1B
-5,115962114 WDR89
-5,115963438 OXR1
-5,115965435 HCN2
-5,115966283 SNCG
-5,115966306
-5,11596631 RPL7
-5,115967465 XLOC_002573
-5,115968984 SLC6A9
-5,115971402 STAB1
-5,115971581 LOC100505821
-5,115971714 IKZF2
-5,115973862 ZNF48
-5,115974435 SCRIN2
-5,11597461
-5,115975782 GGXX
-5,115976337 MTRNR2L3
-5,115977193 HNRNPD
-5,115977349 LOC201477
-5,115978152 HPGDS
-5,115979744 GPRIN1

-5,11598059 KLHL13
-5,11598082 GPN1
-5,115981485 XLOC_I2_013868
-5,115981565 XLOC_003787
-5,115981969 MYO1F
-5,115981982 XLOC_002515
-5,115982711 MUC4
-5,115982976 PDE3B
-5,115983223 FLJ41455
-5,115983043 TRMT6
-5,115983002 KIAA1217
-5,115982829 CLEC2D
-5,115982709 GPR180
-5,115982556 XLOC_002569
-5,115981016 GNL1
-5,115980686 SKI
-5,115979325 SPDYE8P
-5,115979136 MYO10
-5,115978625 RASD1
-5,11597808 XLOC_I2_012210
-5,115978035 EFR3B
-5,115977219 Q6P4E4
-5,115976734 ZBTB24
-5,115976573 WDR20
-5,115975967 RPS9
-5,11597537 KDM6B
-5,115974995 SLC45A4
-5,115974557
-5,115973657 CACNA1I
-5,115972238 XLOC_I2_006973
-5,115970887 HSPA6
-5,115970148 RBM33
-5,115969175 PXK
-5,115968941 ADAMTSL4
-5,115968856 POLDIP2
-5,115968832 C9orf66
-5,115968568 FAM133B
-5,115968541 C11orf1
-5,115966483 SLC35A2
-5,11596617 DLAT
-5,115966 GSTM4
-5,115965502 PTPRC
-5,115965449 NADK
-5,115965278 ZNF701

-5,115963547 **MSRB3**
-5,115963492 **XLOC_001246**
-5,115962528 **GOLM1**
-5,115960275 **PNMAL1**
-5,115958192 **LOC100506380**
-5,115957443
-5,115956698 **ASPN**
-5,115954952 **XLOC_I2_005179**
-5,11595432 **CLDN19**
-5,115953864 **ENTPD4**
-5,115953809 **PVRL4**
-5,115953629 **VPS52**
-5,115953595 **ERLIN2**
-5,115951273 **GOLGA3**
-5,115947594 **FOXJ2**
-5,115944533 **PAX6**
-5,115943878 **DNAJC18**
-5,115940058 **C6orf147**
-5,115939844 **DHCR24**
-5,115938908 **NCKAP1L**
-5,115938672 **GSR**
-5,115937651 **P4HA1**
-5,115937558 **EEF1A1**
-5,115935962 **SH3YL1**
-5,115934332 **OBSL1**
-5,115928782 **ZSCAN22**
-5,115926059
-5,115925758 **DCAKD**
-5,115922183 **XLOC_002736**
-5,115921781 **LOC100505606**
-5,115920985 **METT5L5**
-5,115914762 **HGF**
-5,115912844 **ZBTB20**
-5,115912664 **XLOC_000868**
-5,115912579
-5,11591094 **PRRC2A**
-5,115910514 **LZTS2**
-5,115910265 **LOC100130417**
-5,115907368 **CSTF1**
-5,115905396 **GFM1**
-5,115904763 **BLMH**
-5,115903176 **SNRPE**
-5,115897237 **TMEM182**
-5,115895801 **XLOC_I2_000297**

-5,115983563 XLOC_I2_013808
-5,115984004 DERL3
-5,115984897
-5,115985119 PAPLN
-5,115985539 HDGFRP3
-5,115985991
-5,115986154 CERS3
-5,11598637 MBD6
-5,115986539
-5,115986699 TMEM163
-5,115986698 FAM131C
-5,11598668 VSIG10L
-5,115986649 ZNF701
-5,115986475 LSM4
-5,115986414 CCT7
-5,11598629 AZI2
-5,115985986
-5,115985949 XLOC_007047
-5,115985942 RPS9
-5,115985569 NUP35
-5,115986901 DIMT1
-5,115986944 LAIR1
-5,115986939 LOC145757

Sequence

GGCTTCCGCAGCTTCAGGGGAGCCCGGAGCTTTGCAAGCGTCTGTGCATTTATTTCTTAC
ACCCGCAGAAGGAGGATTGAAATAGCACATGCTCTTTGCCTCTCCGAGAGACAAATAAA
TGGGACTGTTCTGTCTCATGTTTATCTGAGCTCTTATCTATGAAGACATCTTCCCAGAGT
ACCCCTTTATCGCATTGCTGTCTTGGGTAGAATATAAAATAAAGGGACTTTTTATTTCTT
TGGAGGTGGGCTGGGCCCTCTTCTCACCTTTGTTTTTTGTTGGAGTGTTCATAATAA
GAAAAGCGTCTTTAAGAGACTCACTGGTTTTACTTACAAAATGGGAAAAATAAAAGAAA
TTTGCTGAGTTCGGGGTGCAATGGGGGAGGGAGGGAGGGAAAGCTTCCTCCTAAATCAA
TGGCTATTATTTGACTTGTTGCTGGTTTGGGAGTTTATTTGAGTATTGCTGATCTTTTC
ATGGGGTGTCTGGGGAAATATTGGAGGGTCATCCATTCCACATTAAGAGCAAGTTGT
AAAGCATTAGGACTTCATAAAGATTTTGATCAGTGGGACTGCTTGATTGAAGGAGATGA
AAAGGAAAACAAGCTCATCAATTCCACGCAGCCCAGCGGGGAGGACTCAGAGGCAAAGGC
CACCGACAAGAACTCACTACTGGGCATGGAGGGTGCCAACAGCATCTTTTCCGGGTTCT
TAATTCCTTTAAACGGTAACGATGCAATAAAACCAGAGAAGATCCAGCTTTTGAAAACAG
TCCCGTTCTCCCCAGACCACTCTAGCCACAGTATATTGCAATAAAATTAATTCTTATATT
TATAAAGAGTAGGCAAATGGAAATCTTTCCCAAAGGGCACACTGGGATTGTTAGGCGAG
CCCCTCCCTTGGCTGAGAAGAAAACCAATAAACCTTGAACAGCCTTGGCTTCGAAAAAA
CCGCCACAGAAGTACTAGAGGCTTCTCTTTAATGTTACTTTAAAATTGCTATGATTGTATTG
AAGAATGTACATAATGTTACCGGAGCTGATTTGTTGGTCATTAGCTCTTAATAGTTGTG
ACATGTGCAGTCACTGGTGTACCCTGGATAGGCAAGGGATAACTCTTCTAACACAAAAT
AAACATCATCAAAAAGGACATTCAGAACATGATCGTGGAGGAGTGTGGGTGCTCATAGAG
ACCAGGCATGATGCTGAGTGACACTCTTGTGTATATTTCCAAATTTTTGTACAGTCGCTG
GGCTTGCTAATGGCCTTCTACTTTTTTCAGGAAGAAATACAGAATAACCATTGAGAGGCCA
AAACAGTTGCATAGAGTATAGCTCTGTAGTGGAATATGTCTTCTGTATAACTAGGCTGTT
ATCAGATGCTGCTCAACCATGCAGTTCCTGGTGAGGGTCAGAAGGGGACGGTACCAAGA
TGTCAAACCAGCAGAGCAAACCTCTCACTGCTCTCCACGTGGCATCTTTAATAAAAAGA
CCTGGCATATGTTACTGAATCAAATGGCCTTCCAGAAGCTAAGAAATTTCTGTTAGTAAA
CCTCTCTGAGGCCATTATCCAAGCTGAAACCACCTTTTATAAGAAAAAAGTTTAAAGAAA
GAGGACCGTATCCCAGCCCACTGGGCTACGCAGCTATTCCAATCAAGTTCTCTGAAAAG
GGGCATTTTTGTGGCTGACTTTGAACGTGAGAAAAAGTCTACAGTCAATTTTATTGCTG
GGAGAGTACGTTTTCCATGAATATACAGAGGTCAAACAGTCCAGTGAAAATCTCTCAG
TACTCCACGAACTCCTCAAAGATCCGTTATTCAATAACTGCCTAGAAAATGTTTCCATC
AAATCAACCCTGCAATCACTTTTTGGAATTGTCTTGATTTTTCGGCAGTTCAAGCTATAT
TGACCACCTATGACAGCGTGACCATCTCCTGGACCCGCCAGAATGGCGAAGCTGTGAAAA
CGACCAGTATCTTCAAACCTATACCAGAGTAAAGCCTTATCCATTTGGAGTTCTTTCTGA
ACAAGGGAAATGGCAAACAAAAGACTGTAGGAGAGCCAAACCTCATAATTATGTGTGTTT
GTGAGAACACAGCTCTGCAAGGCCCTTTTGATTTGTTTTAACCTTTAACTTTTCAAAAAT
TGATGGGTGGCCAATACCACAATTCTGCTGAAAAACACTCTCCAGTCCAAAAGCTTCT
TGGCTCCCAGTCGGGTATCAGTGCAGATGTGGAAAAACCAAGTGTACTGACGGCGTTCC
TAGTGTGATGTGAAATGCCCGTGATCAATAATAAACCAAGTGGATGTGAATTAGTTTTA
GATGACCAAAGGTCATTACAACCTGGCTTTTTATTGTATTTGTTTCTGGTCTTTGTTAAG

CCCCAGGGCTTGTTCTCTTCAACACCACATTACCCTACATTATTATTCAATTATTAATA
ACAGGAAGGAATTAATAATTGTCCTGGAAGACATCTTTACTTTATGGAGACAGGTGGAAC
CGTACGAGCTGGAAAACCCAAATGGAAACAGTATCGGGGAATTCTGTTTGTCTGGTCTTT
GAATTAAGTGGCTTCGTCATTGTCCTTCTACCTCAAAGATAATTTATTCCAAAAGCTAAG
TCCTCACTGGTGTGCTGTCCACAGATTTGTGAACTCCTGGTAGTAAAACACTTTTTGCATC
AGTCAACAGATGTTATTTTCAGTCTCAGTGCATCTCCTCTGGCTTTCTTTGACTGAAGGTG
TATTTACAGCAGCAGTGTGCAATTTTTGCTTGGCCCAGAGCTTCATTCTCCTGGCTTTTAG
TTAGCTGCATCATGGGTCAATGAGGCCTTTGCGAATTAGGCAAATAAATCAAGTTACTAG
AGACACAAGGAATTAAGTGGCTTCGTCATTGTCCTTCTACCTCAAAGATAATTTATTCCA
CTTGTAGCCCTTTCCAAGCTTCTAGAAGGTGCTTAGTAAATACTTGATAAGCCCCACGTG
ACCTGGACGACGTAGCCGAGGATGACCCGAGTTGGTGGACTCAATTTGTGAGAATGCCA
TGTGGGGCTCGGAACTACATGCCCTAGGATATAAAAATGATGTTATCATTATAGAGTGCT
CCCATTATGGGTAATAATACTAGCAATACTTCTGGATTGTTGGTTCTCGCCATTTTAAC
GCCATCTAGATGTCACAATTGAAACAAACTGGGGAGTTGGTTGCTATTGTAAAATAAAT
TCGAATTTCTACGTGGATGTGCATGAAGCTCTTGTTTTCGATGTGTGTTGTAAAGGGAA
AAGATCCAATGGGATGGCAAAGTTTGTGGCTCAGACTGTTGCTAACAGGAACTCTGAAG
GGAGGGACAAAGTGAAGAAAAGGTGCTCATTAAAGCTACCGGGCACCTTAGCTCAAAAAA
GGCAGGTGTCAGAGGCAGAGGAAAATGGGAAATTGGATATGAAAGAAATACACACCTACA
ACTGTAGAAAAGTAGAGTAGGATTGTGGTCAGACTTAATTTGAGGCATCTAGTGAAGACAC
TTGTGGATGGTGTGACTTCTGACTCTAAAAGCAATCAAACATGTTTCTGCTGGACAGTG
TACTGTGTGATGGGACGTTAAAAATACCAAACAGAAAGAGGGTTTAAAAACAGCTGCA
ACCTGGAGTGGATAAGACAAGAGGGGTATTTGGAGTCCACCTGCTGAGCTGGAGGCCTC
GAGACAGAAACTAATCCTTACTATCCTATTAGGATACCACTTTTCATTGCAAAGTTTGTG
CCTCCTGTATAAATCCAACCTCTGGGTCCGTTCTCGAATATTTAATAAAACTGATATTAT
CTCATTTGAAGAGCTCCACGATGTGGACCACTTTGAAATTGTTGAGAATCTGACCCAGAA
ACCTCCATGTGAGTGAATTCCTGGATAAAGCAAGATTTCTTTCAATAAACGCTGTACC
AGTTCCTTTTTAGATGTGCTATTAACATTCTGTTGGATTGAGAGGGTTCCTTGAAAGTTT
GCTGTTTGAAGATTGAAAAATATTGTTGAGCATGGGTGACCACCAGAAAGTAATCTTAA
CTTCTATGGGAATCACTACTGACCTTGACGCTTATTATAGACTTATATGTATGCAGAAAT
AAATGTCTTGTGATTTCTCTGTGAATCCATGGGTCTGGCTAGAGGGCCCAAAGCTTGTA
ATCATGCTGCTCATGGATTTTTCCAATAAATTTCTGTTTTGGCAGGAAGAAATGAACAC
GATATGATAAAGATCTACATCACTGAATTTTGGTTCCATTTTTGTATCTCAGCTTCCAGG
TGTTTGCATTACGCTAGGTCAATTCATTGTCCTTAAAAAATGAGAACCTTTCTGATTTG
GGAGAAACACCGGGTTTCTGACCTTAGCTTGGGTGAGACTGTTTACAAAAA
AGTTCCATTTGGTCTTCTAGTATATTAAGTGCTATCTGACGTTGTTATCCTGTTTTTGC
ACTCATCAGGAAACTCCGGGACGTTTTACAGCAGAGGCTGATCAAATTCCTCATTGACCA
AGAATCAGGCCACCTTGAGGTTTCAAGTTCATCCATTAAAACCTCCAAAACCTCTGG
CCCTGGATTGGGGAGAGTCTTACAATGAATAACTCAGAAAAAAGTTTTCAAATAATCC
GTCTGTGCCATGTTGTCAATGGGTCTTTCCAACCAAGAGGTACATTTGTTTTTCTGTT
AGAGCCCAGAGAAGTTCCTCTCTCTGTCAGAACAACTTTGTAACATTTATTAACCTGAC
ATTGTGCCAGAAAAGAAAACACTGGTGCTTCTAAAAAGCCAGAAGTTCCACCTGTTACA
TGAGATTAACCCCTGAAAGCTGCCACACCGTGAAAACAAGGCCTCCTTCACATTAAG
CCTAGCCTCGGGGTCCTTCGACAAGACGGCCAGCGTCTTCTTGCTGGAGAAGGACCGGT
GTTCTCTGGGAGAAAATCATCAAGAAGGGCTGCATGATGTTTGCCAAAATTTATTTTAT

TTAAAAGGCAGGTATCCACGGCCCCGTTGGGCAAAGAAAAAATAATAAAACCAGGTATCC
CCTGGTGCCATTGATCATTATTTAACAATTGCAGGCATCAAAGAGATTGTAGAAGATTT
CAACTTTCTGAGCCTTGTTTCAGCTACAGCTGCTGCCACAAGGGCCCCCTGGTGCAGTATTT
AACTACTGTCATCGTGAGGTTTTTCATCGGCTGTGCCATTTCCCAACGTCTTTTGGGATTT
ATTAGACAAGAAATACACAGATGTGCCAGACTTCTGAGAAGCACCTGCCAGCAACAGCTT
ATCTACCCAACCTCCTGTACTGTTGCCCTTCTGATGTTAATAAAAGCAGCTGTTACTCCC
GCACTGCAGGCCAAGCAGGGCAACCCACACCCTTGACATAAAAGCATCTTGAAGCTTTT
CTGTACCAAAATACATGGAGACTAACAAACAGAACCACATGGAACCTTCAAACCTGAAAAA
CCCCCTTCTGCAAGAAAGCCTCTTTGCAACTGGGTAAGTTTGTGTTTCTTGCTTTT
TCAAGACACCTCCTGAGTGTCTGCTCACTCCCCTTCCACCCTCAGTGGATGATAATATCA
TCACTACCTGCTGGAGAGATGGAAAATTATTTAATGCCATCATTATAAATACAGGTATG
AGTCAGGAAGAAGTCATCCGTGCTTATGACACCACCAAAAAGAAATCCAGGAAGAAATAA
GTAATATGGGCCTGTTGTTTAGTGTCTCCTTCTAAAGAGCACTTTTGTATTGTAATTTA
AAATGAAGTTGTGATGAATAAATCTGCTTTTATGCAGACACAAGGAATTAAGTGGCTTCG
GGGGGTAGTTAGGGAGAGACTACATGAAATGGTGTGCCCTATTTTCTTCTGATCCTAA
GACAGTTACAATGATCTTTGTATCTGAACTTTCACGTCTGCCGAAAAATCCGAACCTGT
GGTGGGTGAGGAGATTCCACCTTCCATAGCCTCCAACATGTTCCAAGGCCCCACTTT
ATTTTCCAGGTTAACGGTCATAATCGCCTACTGGTCCAACGTTCAGAAGTAACACAGGCA
GCCCTTCTGGTGGACTATCAACATATAATTGAAATTTTCTTTTGTCTTTGTCAGTAGAT
AGAGACATGACTATTGGGCAGCTACAAGTGATAGTCAATGATCTCCATTCCCAGATAGAA
GATAACCAAACCTGTTCTGTGGTCTTAAGTAATAAATAGTAGCTCTGCTGATGATGACGTT
ACATTTTAAAAACAGACAAGATGGCTAGGCCATCACCAACCAACGGACTTACCTTACAT
ACAGCTGTATCCTCCTCAAAATCCGGTGAAGAATGCTATTTTTCTAGGCTGAGCTTTTGT
CCCTACGTTTACACACTTTTCTCAAACAAGATCACACCTATTAGTCCAAGAAGCATAT
GACATTTTCTCCCCTCTACCAGCACAAAAGTATGTGAATTTGAAAACCAAGTTGTAATTT
TTCATTATAGCTAGGATTCTTCTTCTCGCAAGCTATTTTGGAGGAGTGTGAGGGACCTC
GCCACACTTTTCCCTGAGCTACATGCCTTGATAAGTGCATTGAGAGCAATAGGAGGAAAA
TGTGACTGACTCTTCTTCTCGGGGACACAGGCCAGCTCCACAGTGTGCCAGAGCCTTAA
GGATTCCACTACTGGGACTGTACCGCCAGGTGCATGCGTCTCTCTGAGGTTTCTGAT
CCCAAGAAAAACTGTTGAGTTTGGTGGAACTGTGACAGAAGTCTTGCTGAAGTACAAAAC
GTCCAGGTTGCCAGAACTTGTGTTTCTGTTGAGTTGGATGAAGTAAATGTTGGTGCACAT
CCCCAACCCCTGTTTCTATACATTCTATGTTGTCTTTTAAAAAGTGTGCTTAACATTGA
ACTGAAAACCTCACAGGGGTAGCCGGGAGCTGCTCCTCACTTTGGCCAGTTTGTCTCCAGA
TGCCCTGCCGTACTTCTTCTTTTAGCCCTTATTTATTGTCGGTCTGCCCATGGGACTGG
CTGTGCGGTGCATTGGAGACGTCCGTTGTCCTGCTTCAAGTGGTACCAGCCCATGAACAAA
TCACGTCTCACTCTTGAAGGATGGCACCTTCTTTGTTAATTGAAAAGAAATGTAAAATGG
ATTCTTCAGGATTGCCCTACTGGCCCTACCTCACAGCTGAACTTTAAAAACAGGATGG
TTTTGATACCAACCATTGAGTGCATCATACTAGTCTTTCTATGCTCCAATGAATGTCT
TTATGGCTTCGGCGGCTGAGCTTACCTCTACAGTACACTACCGCAAACCAACGGCCCTT
AGCAAGCTGTTGTAAATTTGGCGCCCTGTGAATACTTTCATACCTGTTGCCCTTTTGCCT
CAGACACTTTCCCAAAGTTTCTCCTTTTGGAAAAAGTCCCAAACCTTCATATTTTGGAT
AGGCTTAAGACAGATTATAGACCTCCTTAAGAGATGAGTTTCTTCTTAAAAATGCATG
CATTCCATAACCAAGACTTATCACACCATGTGCCTATACACCAGCAGCCCAAGGTGGAG
TTCTTTGGGGGTGATTGTCTCGCTTGTTCAGTTGTCGATTATATGGGAGGGTCTGGG

TTGGGTGATGTAAAACCAACTCCCTGCCACCAAATAATTAATAATAGTCACATTGTTATC
TTCTACCCACCACTGTGTCGGATTTTTCTTAATAAATGGAAGCGGTCAGACTGGAGGTG
GCCAGCTGATCATCTTGAGGTTATATTTGTAAGTGTGAGAACCTTTTATGGAAAAATAC
GGAAGTTTCGTCCTTCCATCATCAGTTAAATCCTTTCCTGAAATTTCTTTCTTGGAC
TACAATAGACTGAAGCAAGTGAAGGGATCTGCAGATTACAAAAGTAAGAAGAATCATTGC
GGAGGGGAATTGCCAACAAAAGAACACTGATTGTAATGTGAGAAAAGTGTATTTTTGTAT
CACCTGCTCTCCTAACATGTTTTCTTCTGTTTCAGGCTTGAAAAACCCTTGCCAGTTT
AGAAACATCTTCTAAGGATACCCTTCTATCTCCAGACTCTTCTTTTGAATATGTCCCAC
CCCATCGCGGACATCATGTTCAATGACTTCGGTGAAGCGTCACAGAAATTTGGATTTGAA
AGTGCTGGGGTCTGGGATCCACAGAATGGAATTTCAAGAACACTGATAAATTGCTGTAG
GGTTTTCCACCCCGTGTATGTAGATATATCGACTTTGTATTAAAGGAAGATCGTCTGA
ATGATGAATCAAACACTAGCTCACTATGACCGACAGTGAAAATACATGAACACCTGAGAAAC
GAACTTGCGGGTTTGGAGGATAGGAGTTCATCTTCTCAGCTCCCATTTCTACTCTT
GTGACTGTGGCCATGGTCCCAAGACCTCTATATTTGCTCTTTTATTTTTATGTCTAAAA
TCTCCAAGTCTTTCCTCAAATGATCGTCAAGGTTTGGGAGAAACAATCTCTTCTCTGCC
TTTTTATAGCTCTTCATTGTTCCCTATCTGCCAAATCATTATACTTCTACAAGCAGTGCA
GGATAAGCAGCTGAGCTTTAAGTGCAATGTTTCAAATACATTTTCGAGTCTGGCACTAAA
CGAAAGAAGTCTGTATGAAAATCAGTTCCTTGTGACACAAGTTCATTTGTTACAAATG
AATAGAGCTCAACGGTCATGTTTGAATTCACTCAAGAAACAACCTCTGTGGCTGGGTGC
GATGACGATTGTTTATCAACGTCATCTAGAGGAATTTGCCCAAACAGGAACACATAGCA
CATTTCTGTAATGATGGATCTCGCTCCCACTTTCCCAAGAACCTAATAAAGGCTTGTG
TGTTTCCTGCTCACAGGTACCGTTTTGTGTCATGCAGTACTGGAATGTACAAAAGCAGC
ATAATCTCAAGACACGTGCCGAGTGTGCTCCATCCCCTTCCACCCTCAGCGGATGATAA
TAGAAGGGACCCTCCTGTGGTCTTGTCTTGATTTTTCTTAATAAACGGTGCTATCCCCG
CCTGTCCAAGGTTCCCTCTTGTGAGATCTGAGATTTCTAGTTATGTCTGGGGCCCTCTG
GAAGTCTGTTTGTGAACTCAACGTTTCCCGGCTTTTCCATTAACTTTACCCCAAATC
ATGAAGGCTCATAATCTATCAAGAGTGCTGAATTTCTGCATGTTGAAAGACTTAGTGTT
AGAGCCCAGAAATTCCTTTGAATCCAATTTTGGCCTTTGATGATGAAGGGACACTTGGGC
TTAACGCTCTCTGTTCTGAAAAAGAGGTGTTTGGTTACGTGTGAGCCAACATCACGTTT
TCAGACATTCAGCCATTCTGAAATTCACATCGATTACCTGACCAAAGTCTGAAGTT
TTGCACGGGAAGTCTGTTTGTGAACTCAACGTTTCCACGGCTTTTCCATTAACTTTAC
ACCCTGTGGGGCAGCGGAGCTTCCCTGTGGCATGAACCCACGGGGTATTAATTATGAA
GGGATTACCACTTCCGGCTTAATATTTTAACTTTCTCCAGGGTTTATAGAAAAATGTGA
ATGCAGCTATTGCTTATGGATATAACAACATTGAGATGACTCTCCCGAAAACCTTACACCA
AAGAACTTTACATGTCTTACTCTCTGTCTAGTCCCAGAGCCTGTAAAGGTGAACCCA
CTTGAGTGATGGCTTCAGGGGTTGGAAGTTCAGCCCAAACCTGAAGGGGGCCATGCCTTGT
ATTTGCATCAGTTTCTTCTTCTGTTGACCTTGTGGGTGTGAATGTTGTACAGAC
CTTCGGCGGCTAATGCTACCGCTTAAACGACTCAGCATCTCGACTTCCCAAATCAAAGGC
GATGGCATAAAGAATTGTATCAGAACGGGTAATCTGGCATTAAAACCCCTGTGCCACAAC
CTCAAATATCCTAAGACTAACAAAGGCAGCTGTGTCTGAGCCCAACCCTTCTAAACGGT
CAGTAAGGGCTTACTTTTTACCAACTTGTGTGTGTGTAAAGATGTATTTGTTCAAGCTT
TGAACACATCTGAAGCCACTATGTTTCTGGCTCTAAGGCTCGTCTGTGTAACCCATAAA
CTGTGGCCCTTGTCTACACTTCTAACTGGATGGCTGAATTCAAAAGATTTACACCAGA
ATGGCCTTGTCTCAACCTGCAGTGCAGTGTGATGCGGGCCTAGAGGCCTGGGATCTG

ATTAATTTTCTATGTGTTGTGTTGTAGTCTTGTCTTAGCTCTGGACGTGAAATACTTCG
AAGACACCTCCCGAATGTCTCCTTCATCCCCTCCACCCTCAGTGGATGATAATATCAAG
AAAGAACAAACCTGAGCCCTTTTATCAGTCTCCTGGCTTTAAACTAAGCCAATGAGGAA
GCTCATCTTTGGCAAAGGGAACCTTGAGCACCTGACAGAAAAGATCCGAGGGTCTCCAGA
CTGACTTTTCCCAGCTAAGTTTCCCCTCAATAAAAAGCCCGCTTTCTGGGAAAGACAGAA
GAGAGGACTACTAAGTAGTAGACAGAGTTTTAACATCATATTTGGTGAATGTCCATATTG
GAGGCATGTTTTAGCTGAATAGCAATAATTATGGGATTGTGCAATACTGGAAGAAGCAG
GAAAAGATCTCCTCAGGACCTCGGATGGGCCTTACTGTGGCCTCTCTTTCCTTGAGGGT
CAATGACTTTTCTTACCCCTAGCTGTCCGGCAGTACTCAGTGGAAGGGTGATATTATGA
ACAGGGTGTGGGAACGAGGAGGCTCCAAAATGCAGAATAAAAAATGCTCACTTTGTTTTT
CCAGAGTTGCAAACAAATTACCCTCATTGTCTTTTCCGAGTCCCTTAATTTACTTTATTT
TTTTTCTAGCATATCCAGAGAACTCATTTGCCAGAGCTCTTGAAAATGAGTCTTGCT
GTCATGTCTAAGAAGTATTACTACGCCGTAGGATCTAAAACTTTTCTCATATCTTCTAA
AAACTGGATTTGGAAGATCTAACCTGGACTTGAACGTTTTTCATGAGCCAGGAAGTGCTG
CCAGGATCTTTTGTGTAAGTCCAATACACCAGCAATAGATTTAACTATATCAAAATGCC
CTGAACCCAGTGTCTCTTTGACCTGTACGTCAATACCTGTCCTGGCCAGGGTAGCCGTA
CCCTAGCTTTTTACAACATCGACAGTAGTTCAGTTTCCGAGTGAGACAAAGCAATTACTA
AAATGGCTCCAGGTAGTGAGTCAATGAAGTTCAGACATGTTGGTGTAAAGTTTCTCCTCT
CTGATTTGAAGGGAAAAGGGATGATGGGATTGAAGGGGCTTCTAATGACCCAGATATGGA
CTGTGGACAAACCCAGGGCTGCTGGTGAGTCATGCCATCCTTACACGTCTTTCCTTGTA
GTTGTCAAAGCACCAACAGGACATTTTGGGATGTGAAATGTAATTTCTTGGAATCTGTAA
GAAAACATTAGGGCCAATCTTCGTCAATATGGTTTAGAGAAGTATTACCTTGATGTCCTG
TGAAATAGAGCTGGCTCCCTGGGGTGACAATGTATATATGCAAATAAATTGAGAAATCTT
AGACGGGGGAGGCTTACCCTTTCCCAAACAACATAAAAGACAATGTCCCTTCTTCAA
GCAAAAATAATGTGTACCTAGCAGAGCTTTCAGTGTATTTTACCAACCTTACCTTTTTT
CCCATTACACTATGGCACAATGCCGTGTGTCAAAAACAATCACCCCTTGGCTTATTTACA
CTGGCCTGTGGGTTCTGCCGGTGGGGCTTCCAGGAGTAATAAAGTGTACCCTATCCTTGT
GGTGTGCTTCCAACCTTTCATTGAAAATGCCATATCTATACCATATTTTATTTCGAGTCAC
TTGCTGCCTCAGAGTCAGTCACTGACCCTGTTATCATTGAGGGTCCCAGTGGGAAGCAGG
GAAAGAGCTGGAGTCAGCACTGTCCAGAAAGCCAAAAGAAACAGAAGAAGAGAGACTAA
TAGCAGGAGGCTCTCCTTGCTTGCACTCACCCCTTCTTATTGTCTTGCCCTGCATCTGGG
GGTAGACTGCTACTTCCCTTTTACACATCCTTCTTTGAGATGGAGATCAACTTTCATGG
TAGATGTCATAGAATTGGTCAGACAAAGCCAGTTGTTGTTTATCGCCTTGTTACAGCAAA
ACTCGTCTGCAGTGCTTAGCCTAACTTTGTTTATGTCGTTATGAAGCATTCAACTGTGC
TCCTGGACCCTGGGGCAAACCTGTGACCCTTTTCTACTGGAATAGAAATGAGTTTTATCA
TGCAGCCACCCACTGGGAGTCTTGTTTTATTATAATAAAAATTGTTGGGGACACCTCAG
CACACACTCCTGCCAGGAAGCCCTACATCAATAAAGTTCTGTCTTGTGTAGATTTCTACG
GAGACCCTGTGTTTGTGTTGCCACAATAGTTTTCAATTTTAGTTGCCCATATTA
ATTTGAGAGAACTCAGCCCCTGGTCTAAGCTGGACTTACCTCTGTGGATTCTGAAATTA
TCACAGCCATGGACGTGGTGTACGCGCTCAAGCGCCAGGGACGCACTCTTTATGGCTTCG
AGAGTTTGCTGGCCTGTGCTTCAAGAAGTCTGATCTGCTTCTATAGATAATGAGGAAG
ATGATGATTTACAGACTAGAGTCTCCGATGCTGGTCATGATGTCAAACTAAGTTCTGA
TTGGGAATGCTGAACCATTTGAGAAGAGAACTTGGCTTCTGTTTTCGCAAAGGAAAAA
CATAAATCATGTCCTGCCAAAGACTGGAAGGTGCATAAGGGAAAATGTTACTGGATTGCT

CCCTGCCAAGGTCTTCACTGTATATATTTTGTGTGTTCTTCTGAAACTCTTGATTTCTTA
GTTTGCACTTTGTAAATGATGCCTTTCAGTTCAAATAAATGGGTACATTTTCAAATGGAG
TGCCTCCACATGCTGCCTGGCACAGACCAGGCCTTGGACAAATAAATGTTCAATGGATGC
TACTGGAGTGGAGACCGATAAAGGACAGATTGAATGCCAGTATTTTGTCAACTGTGCTGG
TGGCTTACCCTGTCAGGCCAGCTCCACTCCAGGACTGAATAAAGGTCTTTGACAGCTCT
TTCTTGGTGTGTTAGCTGGCTCGATGATGTTAACAGTATTAATAAATTAAACCCATAAACC
CGTCTTTGTTTTAATCTCAAGAATGGTACCTACCATCAGTGAATGACCTGTTGCAGTGC
GCTTGAAGTTTTCCAGGAGTCGCATTTTAAAAGTGTGTTGTACACATTTTAACTTGGAT
GTGGGCGATGGCTCGTGTATTTTTGAGGTGATGCTTGTGTTGTTGGAATGATCATCTT
CACCTTGACTTCAGTATTTCTGACCTCCTAACTCTAATAAAGTCATGCTTACAGCCACT
TACCTGGTTCCTGAATCTGACTATACCAACAATGTTGTGCGCTGTGACATTCGCTACACA
CATTAGTTGTGATCTTCCGTCTTACTTTATGAAACTGCACCTGAAGGTTATTCATACAAG
GCAGGCTCGGCCCTGAGAGGTTCTGTTTGTCTCCTTGGGATTTTTGGACTCAGTAGGT
TTGACTTCAGATGATGTTGATAAAGCCTTACAAAACCTCCACGGTTAATGCATGCTAGA
CTGTGCATCCAACAAAGGTCTAATATGGAGCATCTATAAGAAACATACAAATTTACAAGG
GTTCTGGCACATTGGAAAGCACACTCAGAAGGCTTCATCACCAGATTTTGGGAGAGTAA
TTTATTGGCACACAGTATGTTCTCCCGTCTTCTTCTGTCAAGAATTATGGAAAATACA
TTGCTACTAGCATTTTTGGTGTGAAAAATACAGAGCTGGCTGTCTCCATGATGAAACAG
CTGTTTGTTTTTAAGGGGAAAAAAGTTTGTAAATTTTTCATCCAAATCTCCCGTTATA
GGAGTGAGGCAAAACACAGGGTCTGAGGTCTGGGGACCAAGCAATGTCCTCTGGTGAAA
CCTCGCCTAAGGTTTCGATTGCTGCTTTGATTACTGTGTTAGCACTGGCTGAAAACTAA
GACCATTGTATTCAGTTCATTACCAAAGAAATGTTTGCACTTTGTAAATGATGCCTTTCAG
ACCACCGCCGTGAAGATTGGAATAATTGGTGGAAACAGGCCTGGATGATCCAGAAATTTTA
GAGGGTTCTCTATAAAGCTCACATCTAAACAGCCTGTAGGTTTTGTGAGTTTTGACAGT
CCCAAGGAAGCCATGAATGTTTCAGACGGTCTGAGGCAGTCTCAGAGGCTAGTATGGGGCT
TGTGGCTGATATTAAGTGTCAATGGTTATGGGTCCTATAAAAATGCCCCTCCAGATAAA
TCCTTGTGCCCCGAGGTGGGGCAGCCCCTTCTCATTTTATACAATAAACATTCTCCACCT
GCCGAATCCAAATTGTCCTTTGCCACTTGTAAGCTGAACTCTAGTCTGTGTCCTCCAT
CAATTGCATCCACGTTTTCTTTCTTTGTTGATTTTCTTGTCCCGTAGAAGAAAGAAAG
GCATAATATCTGGAAAATTTGCTGCCTGCCTTCTACTTCTCAAATCTTTCTGTAAAAGT
TGACCTTATCACTGGCTGTGGGCCTTATGGCACAGTCAGTCACCAGGTTAGAGACATGC
GTAAGATGCCCTTTGCTGAATGTACCTGAGTGTATGATTTAAAAGGACTCACATGGGCA
CTGAATATTGGACATGCCATCTTAGACATTCCAGCCATTCTGAAATCCACATCGATT
TTAAAGTGTGTTTTGGAGAATGTAATCCGCGATGCAGTTACCTACACGGAGCACGCCAAAC
GAGTCCCTCCAAGTGAGATTGTAATGTAGAATTTTCCACTGTTGGATCTAGATTTTTT
AACCATTGAAAAATTTGAGAAGGAGGCTGCTGAGATGGGAAAGGGCTCCTTCAAGTATGC
TCATTCAAAGGTTCTGAGACTCTGATATTTCTGTCTTCTCCTTGTGCTTTCCTATGGA
TTTACTCCAACCATGTCATCCATTGAAGAGCTTGAACAAGGGCCAAGTGATGAAGACT
TTCCCATCAGATCGACCCTGTTGATCTCTACACTATTGGCCAGTTTTGTCTGATGCATT
CCTCTCCATGTCCAGGAACTTGTAAACCACCCTTTTCTAACAGCAATAAAGAGGTGTCCT
ACGAGAGCCCATGACCTCCGAAATCCATGGCAACGTAATAAAGTCTGAAACAGAGAGAA
CCCATCCTTACCTGAGACCTCACCTCCAAGAAATTAATGGTCTTTTCAATGGAGAAAAAA
TAATTGGTACCATATACATCAGATGGATGGTTTTCTAGTGTGCTTCCAAACCCACCTCGG
TGAGAATCATTATTTCTGAATTGGATGACACTTTCATTCTGCAAAGGGAGCGTGAGG

CCGTCAACAAAACGCTAATAAGTGCAGAAAGACTGTTTAGCAGGAAACATGTCCAAAAA
GGTGAACCTACCCTGAAACGTGACTTCTGCACAACAAACGTGACCAAACATCAAAGCTAA
TGTGTCTTTATCTCCCTCCAGAGAAGCAACGCGCTCCAGACTCTGATGCACTGGAGGCAG
ATTCAATGTAGCAGACTACTGAGAACTACTGTGTTGCTCAGGCTTTGTTTGAGGTCCTG
CCAAACACAGCCATTATGATGGCCACCTATGAATTGGTGGTTTACCTACTCAATGGATAG
CTTGCAAGCATCCCATGGGGCGGGGGCGGGACCAGGGAGAATTAATAAAGTTCTGGACTT
CCTTCCGTCCAGGACCTCAAACAGATCCAATCACAAGAAGAGAGATTTCCAGGAAAGAGA
GAGTCTTATGTCTGGAAGATGTACCAAGAGAGATGTTGGGATTTCTCCAGCTGGTGAT
CTTGTTCAATGTGACTACTTTAGTTGCCTGTCCAATATGAAGTAGAAAAGCAGATTTCTG
GTGTGTGAAGACTACTATGATGAGCTGTCACAGCTCAATAAAATCTCAGTCAATTAATTT
ACATATCACAGAGCCTTGCAAATAATAGCAAGATATGTACCATCATGAGTATACTTTTCC
GCCAACTGTACCGTTAGTGATTAGTTTACATATAGGGAAAATAATTTGTGAATGTTGGTC
CATTTGCTGTGTTTCGTTAGCATCTGGCTCCAGGACAGACCTTCAACTTCCAAATTGGAT
AGAAAGTGTGGATGTATCACTTCTCTCTAAAATGTCATTGTTAGCACTAATTACAGGTTT
GAAGGACTTAAGGACAGCATGTCTGGGGAAATTTTATCTTGAAACTGACCAAACGCTTAT
ATATTGGTGGAAAGACAACATTTTGCCGCTTGGAAATTCTCACCTCCACACCAAAGAAGTAC
AGGAGGTTGTGCTACTGACTCAGGCTGCTCCTTCTCTAGTTTCCCCTCTCATCTGACCTT
GGTGTGATGGACGGGCAGCTTCTGTGTGCTCCAAGGGATGAGCCTCGTGGGGCAGAGGG
TTCATTTTTTCTACTCTGTAGCTATGTCTCGATCCCGCCATGCAAGGCCTTCCAGATTA
CTCCAAAACCTTAAACAGTGTGTAAACCATTTGATCTTCATGCATCTCCACATGCATCTA
AGGGGCCTTTGTCCCGGAAAACCCACCAACGTTTGTAACTTTGATTAACCTTCACTTTGT
TAAGAAGAAAGTGTGGTCAAGGTACATCCTGAAGGTAAATTTGTTGTAGACGTGGACAA
ACTACATACTGCCAGTTCAAGAGACGGGAATACCCAGATGGCACTGTTAAAACCGTATA
AGGAGACTTTCTATGCCCTTGGTCCGTATTTTAAACAGAAGACAGTGCAACAACCTGGTCT
GTTACCCATATTGCATGTTGTGGTAGTAGATGCAGCCCCCAAATAAAAAGTCAAAGAT
GTATGTGGATGTGATCCGTGTGAACAGCTACTACTCTTGGTATCGCAACTACGGGCACCT
ATCCCTCACAGCAACTGGCACCATAATCAAGACAGAATTTTGCAGAATAAATAGAGTTA
AACATCCACTTAGTAATAGGTTTTGTCTGGTAGAGAAAATAGAAAGGCCAGAGATATGCA
CTGAGGTTATAATTTTCACTTAAACATTGTGCGAGTTGGCATTTTGGTTTTAGTCCAATGGT
CAAGCCTATCTTATCAACTGACAACACATTCTGGAACCATGGCGTGTCCATGGATAAGAC
TGTC AAGGAGACCTCAACGACCTTCTCTGAAAAGAAAAATGTCCTTGCAAGTAGGTAA
GAAGAGTTGGAGAAGCATTCTTGTAAACAACTGATTCTTCTGTATCAAACCTGGAAAAA
TCTTGCTTTGTGTCCCATTCCATCTCTTGAAAAAATGTAGTCTTTGAATGTGTGAAAATC
GGAGCTGGTATTGGTGTCTTAGTTGAGGGTCTGTTGTTTCCAGGGTTTCCAGAGGGCC
CAACAGGAGGCCGTGGCTCTGATGCTGAGCGAAGCTATAGGCTCTTGTGGATAAAAAGCT
ATGAAGCCAGATATTGTGTGTATTCTGATGATGCTGACATGGGAACTGCAGATTCTTTG
TGACAGACAAGTTTGAATAAATTGCCTCATCCAATTTGAAGACTTCGCCAATGCCAATG
CTTAGGAAACAGGGTTGTTCTTTCATGTGGATGACTCTGTGCCGAAAGCATGGGAACAGCT
TGTGGCTGGTTTAGCTAGAGAGTGAACCTCAAAGGTATCAAACCTGTGCTTCCATTATT
ACCTAGAGCTTTTATGTCCAAGGTGCAGTTTGTCCAAGTATCACCAGCATCACTGTGTTT
TGCCACACCCTTCTAGGCATCAAATTCAGCATTACAATGTACTTCATGAAGCAGTAC
CCGTCAAGTGCAGTAACCAAGTTCAAGTTGGAAGTGTGTCTTTTGAATCAGACAACAAAG
TCGGGAACTCCCATGGTCTTCTCTGCCTGGCCGTGCTAATAAAAAGTATTTGAACCTG
ACCCTCAGTGGATGATAATCTGAAGGAGTATCTCCTGGTCCCTCTTCCACCCTCTCTCT

TGGGACTGTGCGCTGGACTTGGAGCCCCTTGGAGTATGGCTTTTCACACGGGCTTCTATA
TAGGCTTCTTAGTAGCAGCTTTGTACTGAGGACACTGTAGCCAGGAACCTGTGCATGC
CAGAATCTCAGAGCTGGTAGAAAGTATAGAACTGTATATACTCATATTCAGATG
TGCAAAATAAAATCTCGGTGTTCTATTTATTTATTGTCTTCTGTAAGACCTTCGGGTCA
TGGAGATTGACAACTCAGAGCTGTTGCTCATGCTGGAGTCTCCAGAATCCCTCCATGCCA
GCATGCTCTTCTGCCTTTAAATTCTTTTTTGTGATAGTAAAAGTAGAACTACTGGTGA
CAGGAGGTTCTCAGGAGAAAACAGAAGACCCATCTATCTTTCTCAAACCCAAGAAA
GAGCTTAATAAACTCTTGGGGCGTGTGACCATCGCGCAGGGTGGCGTTTTGCCTAATATT
ACATCCTTCAAAGGACTATGCCTGTTTATAAGCCAGCTGTTTCTGCCCTGTGAAACAC
CATTGTCTACCTACCTAATAGAGCAGAGATGTAAATATTATTCTTATTTTAGAGGTAAG
CTTTACATGTTGGGCGAATTTGTGTCCGTGCTGAAGTTTATTAAAGGAAAATAGATGGA
GCAGGACCATGTGGATAGATTCCATTTGTTTCTTGACCTGATGTAATAAAACTGATAA
TTACTTTTATTGGGAATAAGGAATGTTTGCACCTCCACATTTTATTGCTTCTGGATGTG
TCTCCAGTGTGTGGGGACGGGTCCCTGTGAGCAACAAAAGTCACTGTTTCTTTACCTC
GGGCTGCCCTCTCCACATTATCAGTTGACAGTGTACAATGCCTTTGATGAACTGTTTTGT
AACGCTGATAACAGGTAATTTTTCTGATGGGGCAGCAGTAGGATCAACACAGCTGAGAAA
GCAGCTCTGTAATCTGTGCACATGGCCACTCTGGCCTAATAAAGGAGGTCTCACAGTC
ATCAGTGTGGTTCTTGTGAGTTATTCAGCCTTCTTTTCGCCACTTACCATACTCTGCA
TCAACAGGGATGACTCAGCAGACTCAGCAGGGATGACTCAGCACTGCCCTCAACAGACA
GACTTAAGATGGCGGCGTTTTGCACGGAGTGCAATCACTGCGTCCTTACGGGGGTTGCAAG
GCGCAGCCTGTACATCAGGGACTTGCTTTAGTTTTTTGAGCCGCGGACATGCCCTCGCAT
TCACTGGAAGGCTTTGAAGAAGGTGAATATGAAACTCCTGGTGAATATAAGAGAAAGAGA
AAGATGGCGGCGTTTGCACGGAGTGCAATCACTGCGTCCTTACGGGGGTTGCAAGGCGTC
TTCTTACTTGCAATTTAAGACACTGTTACAGAGATACTGTTGTCCCCTTCTGGGGCA
GTGACATTTCCATGCATAAATGCGATCCACAGAAGGTCCTGGTGGTATTTGTAACTTTTT
TTCAAGAGTAAGAAACCAGCTGGTGGCGTGGACTTCGATGAGACCTGAAGGTGCAGCACA
AATCATGTGGCCAGTCCAAGAGCAAGTGGGTAGTAACTAGATCAGGGGTGTCAATCTTTT
GATTAAGTGCAAACTCTCAAAGTCCTGATTTCAAGATGTCACAAATTGATCTGCAAGAAA
ATTCTCAGTGCACTTTGTATGTGGTGGCCTGGCTGCCTGTATGGCCACCCTCACTGTGCA
GTCCAAGCGGTACATCGTCATAGCCGAAACAGTCAGAGCCACCAGCCAATGATATTTT
GGACATTGAACAAACAACTACCAAAGATTCTCCACTGACTACTGACTCAAAAATAAAA
CTATCGTACAGAACCTGCTAAGGCCATCAAACCTATTGATCGGAAGTCAGTCCATCAGAT
TTTGCTACTCTTGAGTGTAGAAATGATGAGGATCTTAACCACCATTATCTTAACTGAGGC
GAGTAGTATGGAAAATTGAAGTGATTGAAATCATGACTGACCGAGGCAGTGGCAAGAAA
TTGAAAACATTGATGGGCCTCATAGTAAAGTTATACAAATGGATGTGGCTTTGTTTGAGA
CCCTGGCTCGAAATAAGAGCCTCAACCTCAAACACATTAACACTTTATTTTGGATGAAT
CTAAGGCCTTTGGGGAAGTGGGATGCTTATTTCTCTGCCTTCTTGGCTGCCACATGG
GCAATATTTTTCGTCAACAGCAGTTCACCTAGTGAGTGTGAGACTCTGGGTCTGAGTGA
CTTGGGGAACCTCTCACGTTGCTGTGCTGCTGGTGGAGCAGCCCGACCAATAAACCTGCTT
TTTCTTGCAGCTCAGATTTTGTAAATCTGGAATATACAGACAGACGTAAAGTGTTTTAGC
CATTTGACCATCTCGGGAAGTGAGGAGAGCCCCATTGGACCAGTGTGTTGCTTAGGTGAG
GACTCAGATGAGCAACTGGATTATACTGTACTGCCCATGAAAAGGATGTTGACCGGACA
TGCTGCCTGTGTTACGAGGGCATATATGAAGAAGGCATTTCTATTTTAGAAAGCAGTTC
CCTGTCTAAATGACTTCTGACCTGGACCTTTACTGAAAATCCTCCCAATCATTCTGTTGA

AAGTTAGGTATGTTTGCAGGAGAAAAGTATCAAGACGTTTAACTGCAGTTGACTTTCTCC
TACAGTAGTAAAAAGCTGTGCACACTGGCCATCCACGCCATGGATATCCCGCCACCCACT
AGCTATGCTTCCAGAGTGCTCTGTGCATTTTCACGATCAGCAAACAATGAATAAATCTCT
CATTGATGCATGTAACAATAGCACATGTACCCATAAGTATTATGTATCGGTCAAAAAA
GTGCTGAGCGCTGTATCCCTGAATATAGTTTATTTTTCTACATTTGAATTCTGTTGTAG
ACTTGCGAATCAAATCTGTCAATCCCCTGAGTGCAATCACTGATGTCTCCATGTCTCTGA
AAGGGAGTGTTGCTTCTCAACTCAGCCAAGTGGAGTAGCAAATCATTTGTTCTAGACCACC
AGATGGCATTGTCAGCCAATCCCCAAGTGGGAGTGAGGACATGTCCTGCAATTCTGAAGG
TCATACCTCCCCAGAGGGAAGCAGGAATGAGGCCAAAAAGTGTGCATTGGATAGGGGAAC
TTCCTCCCCAAGTCTTTGAAAATTTGTTCTTTCTTTGAAGTCACATTTTCTTTTAA
AGCACTCTCGATTATAATAGGTTCTGTGTCTGAAGATAACTCAGAGGATGAGATCAGCA
TAAAATTTCTAGAAATCTATAATGAACGGGTGCGGGATCTGTTGAAGCAATCTGGTCAA
ATTTGGGTCTTTTTATGACCTCTTTTTCAATACTGTAAATCGACCTTTGAACGAAGCCA
GCAGTAGGGAAAATCATGAAGTTCAAGCCTGACTGTGTAAACGTTGAAGAGGTCTTCCA
ACTGGCCTGCCCCCTTCTATGGGAATCACTACTGACCTTGACGCTTATTATAGACTTATAT
CTCCCAACTACACATTGTAAGCCTGAGAACTTCTAGAACCTCAGGAAGCTGCAGCTGG
ATGGACATTGTGCCCTCAAGCTGTGGCGCTGCGATGGTGACTTTGACTGTGAGGACCGAA
GGTCTGTGTCATCTACGTCATCTATAAGTTCTCAGCACGCAGGGCTCTCTTTGGGA
ACTTACATGGAATCTCGTTCGGCTGATGACTTGCTGTTGAGACTCTGAAATCTGATTTT
CAGGGCCTGGTCTTTGTTGACTAACACGTCTCCTCTCTGGGAAACGTCCCTTGTGAGGA
TCACGATGGTCTGCGGATGTCCCTGTGGGAATGGCGACAATGCCAATGGCTTAGCTGATG
CTTTCATGTGGATGTCTGAGCTCATATCAGGTGTCTGAAAGAGGCAGATTCTGAGGATT
GATGCTGAACCAAATTCGATGAGGATGGCCAGGATGAGTACAATGAGCTGCACATGCCA
CTGGATGCTGGTGCCACCAATATTGATCTAAAGCTTAAGGACTATGGAGTGGATCTCATT
ATTTAAGTAGGCACGATGATTGTTTTCATGGTTGCTGTTGGATCATATCTCAGGAGCTG
CATCACCATTTTTCTGAGTAGGGCTTAGTTTTATTCTGGAAAGACATCTCCAAGGTGAG
TGTCAGTAGTCCCACTTACTATGTCACTTTAAATTGGATGAATGCGTTAATGAAAAGTTT
GGTGTGACATTAACATGATGATTGATCTGGCTGAAGTAGCAGATCTGGTAAGTGAGCAGG
CGTCAAGTGACGTAACCAAGTTCAAGTTGGAAGTGTGTCTTTTGAATGCAGAAAACAAGG
AAGGGTGATTTCGACCTCATGGAGCCTGTATTCCGATACCTGGCCAAGGAAGGCTGTGCT
ATGCATGTTTAGCAAGTGTTAGGTAAGTGTATTTGAACCAATAAATGTGAATCCTTCTGCA
GCTGAATCAGACACTTGAAAAGAACAAAACAGCTCACAGGACCCAACCTAGTGATGCAA
CCTCCTGTTGCTTTCTAACCCTGCCCTCCGGGGCGTTAATAAAGTCTTAGCAAGCGTCC
GGTTGGGGGACTCTGAGCGGGAGGCAGAGTTTGCCTTCTTTCTCCAGGACCAATAAAA
AGCCAATATCAACAAGTCCCTTGTGACTCTAGGAATTGTCATCTCCACCTTAGCCCAGAA
AAGGGTATGTACATTTGTTTTGTGTGTCACATGGGGTCAAGTTCTCAATAAAAATTG
TTGGGAAGACTTGTAGCTGAGCTGATTTGTTACGATCTGAGGAACATTAAGTTGAGGG
TTAGTGTGCACTGATGTGATGGCCCGGGAATTGATATCCTGAAGTCAACTGGGTTTT
AGAAGAATTTGAGTGGCTAAAGAAATCTGAAGCTTGTACTACACTGTAGAGAAGAAGGG
CCGTCTTTGCCCTTAATGACCATTGTTTTCTTTCTCTAAAATGTCTTGTAAATAGGTGAT
TGCGTGAGTTAGGATACCTCATTTATCATCGTCTATATGATTATTTGTACAGATATC
AGAGAAATGCCAATGCTTTTGCAGTTCAGTCTGCTGTGTGGATGTCTCGATCCTTTCACA
TGTTTTACTATCGGGACCTCCGCATCCTGCTGATGTTTTGTTGCTTAGGATATGAATGG
TCCCAATTTCTGGGCTACCAGCAGCATGACTCTCAGGAGCTGCTGTCATTCTCTGGAC

ACATTGTGAAGAAGGAAGATCGCAGTTTCAGGGAAGATGACTCGATAACACCACAGAACA
CCACGGATTGTGTTTCATCTGAACATTTTATTTTTATTTACCAAAGTACTGTACTTGGC
TCTCTGGACAAGATGACCACACTCCAGGAATGCCAGTGCATCTTTTGCACAGCTGTGAGT
ACCTGTCCAGGTTCTGGTCAAGCGGTTCTGCTCTGAGCCCCAGAAGATCTTTTAGGCCA
AACATCACGGAGACTCTGGTGTCCCTGAGGGTCCACACTGTGGATGACATCCAGCAGATC
GACAGGAGTGTGAAGTCAAAGTCTATAAAGCAGAATGTCTGCCTGAAATTATATGAAATT
AGACTTAAGATGGCGGCGTTTGCACGGAGTGCAATCACTGCGTCCTTACGGGGGTTGCAA
CTTTGCTTTGTGGATTACTGATTTCAAGTTCTATAACTTGGGGAAAGTTAGGTTGAGTGA
TAATCATACTGAAGGCAGCTCTGAACATCTAGAGCAAGCTAGCATTGAAACAATGATGTT
TGAGCCTTACGCTTCTTTCCACAGCCTTTGCAGGCCGAATATCGGAATAAAGTGGGTCCA
CATCCACCTTCAGATGTGTCTACGTGCGCTCTGCCATTCAACTCGGAACTATAAGTAAT
GTGCAGCTGCCCCACACCTTTACCCTTTGTGACCGAGAAGGAAGGAGATTACGTTCCA
GGGGCCCTGAGGTTGACTGTAAACATCATAGTGACTTGTCTTTTCAAATATATTCCCAC
CCATCAGATTCGCCTTGGGTGTAGATGAAACAGAAATAAAGAATCAAAGACGACTCAAG
TAGTTGGTCCTTTGGTTGCATATGATGCGATAATTGTTTCAAGACGGGACTGATGGCAGC
CCATTTTCGTTGGCTGGCAGGTTGAGATGTTTTTCTTAAACACTGCCTGTCAGTGTGAA
TCAGTGTGTTCTGGTTCCACATGAGTACATATTGGCCAGCGGCTCCGAGATGATGAACT
AATGCCGAGGAGTTGTCGTTTTTAGCTTTGTGTTTACTTTTTGGCTGGAGCGGAGATGAG
AGCTACCTGGGGTCTGGGGTGGGTTTCTGGGAAAGTGCTTCCCAGAACTTCCCTGGCT
GTACTGACACCCTTAAAGGCATATTCTCAAGAGGCAGGTAACAAAACCAATTCCAAAAAAG
TTCAGCTGACACCCACGAGCCTTGTGCCAGTGTGTAATAAAGCTCTTTTGCCAAAAAA
CAAATTGGCATTGAATAAAGCCCTGGGACCACCTCAACATGCGTAGCCTCTTGTCTTAA
TCCAGAAAGTTGTTCCCATCACCAACAACTATTTGTAAGACTCTCATCGACTGGAAAAA
TTGTACCATGATGACATTTTTCCCGTCTGCCTCACCTGTCTGCATTCTTAGGGAACTT
GCAGGCAGCATCCCCAAATGCCGAGATCCACATCCTGAAGAATAAAGGCCGGAAGAGAAA
AACATAGTTCAGCAGACTAACGCTGATGAGCAATATTAAGTCTTTCGCTCCTATCTGATG
CTTTATGTGCCATCACTCTCAGAGACCACGTTTCCCTGACTGTCATAGAGAATCATCAT
CAGCAGAAGCCTCTCTCCTAGACTGAAAATGAATGTGAACTAGGAAATAAAATGTGCCC
TGCTTGAGTAGGATGTGAGACTTCATGGGCCTGGGTCCTGTTGAGTTTTTTCAGTATCAA
AAACCTATAGCAACCATTGATGTGAAACGGAACATCTTTGACCTGTGTACAGACACCAA
TACATGCCAGTGACACTTCCAGTCCCCTTTGTATTCCCTAAATAAACTCAATGAGCTCTT
ATACAGAAAGTACTCCATTTCTGGAGCTTGTTTAACTGTGGGAAGCATGGTCATACTG
TTGGAATGTCATCTTACAGGCATAATCCTGAATCTGCTCTATCGCAGACATTTTAAACT
GCCAATCATACACTGACTCGCGTGGGTGTTTAAATGTTTATCATGCCTAAGGGAGACAT
CTCGTGTGGTCTCCAGCAAGGGATTCGGGCGAAGACAAACGGATGCACCCGTCTTTAGAA
ACTTCAGCCTTGTTCTGTTCAATGGAGAACAGCTTACGCTGGAGTCTGTGGTTTTCTCT
AGCTTCGCCAGGTTAATGGTATCGATCCTAATGGGGATTCGGCAGAGTTTGATTTGTTGT
GCACACCATATCGGAGAAAACCTTGATAGATTAGTTAATGGTTTTTCTGAATTCGAGAAG
TCTGGGGAGGGGTATAGGTTTGAAGGCTGTTTGAAGAGGAATGTTTAAATAAAGGCTTT
AATGTGGAATGAGAACTTGGTGGTTCACCGCTGTACTATTTGTGTAATGTTTACGTATG
GATCGACTATGTTGATCTAACTTTTCTAAGCCAGTTTCTGTCTGATATGCCAGCTTGAGC
GAGAAGAAGAGAGAATTCACAGAACTAGCATTATTTACCTTCTGTCTTTACAGAGGTAT
TGATGGGAGAATGGGGACTCTCTTTTTATTGTGCAAATTCACCTTCCATCATGCAGGA
TTAACACATTTGTATATGTGGCACCATTGGGGCTTTGGCACCATTGGACTTAGCTGCCT

GAGTGGTTGTAGAAGTCTCCCTAAATCAGACATGTCAAGCAATCAGCCAACGTGGTGTAT
AGACAACCTGGGAGACAGCCTGGATCAGCCACATCAACTCAGTTGTCCACCACAGGGGAA
ACTGAGGGGGACAGTGTAGGTTGGGGGTGAGGAATGTATTAAGATGAGATTGCCTTCT
GCCACTTTGCCTCCAGACAGCTAATACTCGGGGAAATGCTTTTGGGAGCTGTGGGCGCAA
TACCCTATGTTGAACAAGAAAGGACCGGTACCCGCTGCCACCAATGGCTGCACCGGTGAT
TGGTGTGTTCCCCACCAATCCATCACAAGCCACTTTCAAGCTTTAGGGAAGTGAAAAGT
GCGTCTAAGGCAATATCAAAGATCAAAGAAGACAAGTCATGCAGCATTACAAAATCAAAA
CTCCTAATGCACGACAGACCCGCCAGAATGGCCTCTCTGTTCTAGGAGTGCGACAATT
CTATTGATCGGAAGTCAGTCCATCAGATTTGCTCTGGGCCAGTGGTACTGAGTCTAAGCA
CAGGAACCAGCTCATGATCTCAGGATGTATGGAAAAATAATCTTTGTATTACTATTGTCA
TCTGTCTTGGAAAGTGTGGGCAGCCACAGATGCCCCAAATCAGAGCTCACAGTGGGTGA
GGCACAGCGCCCGAGACAGACTGCGGAACCGTTCCTTGTTCCTTCTGAGAACAGC
ATGTTGAATCCAGAAATCCGCTCCAGCAGCTGTTCTTCAATATATTTTTCTACCAAAAA
GATCTCAGAAAGCTTCTCCAAGAAAAATCAAGCCTGTTGTGTTTGGATCTGGGGCTGAAT
TTACATGAGATTTGTTAACACACATTTTCTGAGAGCAGGTATGGAAGACAGCCATGTGT
CAAGTACCCCATCACAGTCTTCTGTTCCAGCAACTGTATACCGAATGCTTGTACAGAA
AGTTCACTGATTCTGAAGTGTCTTCCCTAATACTTTCTTTACTTCACAAAACCTCAACC
TACGAGTTTATTGGTGGTCCCTGGGAGCTCAGATGTAAAAGACAAAGTTAGCTCGGATCT
GTACCGATCGTAGCCCTATGAGAAGGTTTCTGCAGGTAATGGTGGCAGCAGCCTCTCTT
GGAAAGCTGAACAAAATGAGTGAAAACCTATACCGTCATCCTCGTCAACTGAGGTCCA
CTGGAAGTCAAAGAAAAGAAGAGGAGTTGTCCAGAAATAGCAGATCTTCTCAGAGAAAA
GAGCTGGATCTGTGTTGGGACTGGTACTCTATCTCAGAGAAAGGGCCATGGCCCCAGTGA
GTATTCTGCACGAGAAGGTACACTGGTCCCAAAGTGTAAGCTTTAAGAGTCATTTATAT
ATTTTACGTGAATGTGATGTTTCATGCTTGCCATTCTTCTGACATTCTTCCACCCCTTCT
GCTGCAGATGATGAGGGACCTACCCAACAAGAACCAACCTGAGCAGCTGCTTCAAGAAAA
TCTTAGCAAAAACAATAGATAAATTAGGTAGTGGCAGCTCCACTTGCTTAGGTTAGGGGGG
TGGACATGCCAGCCAACAACAATGCCTGATCTTCCGAAAAACTAAGCCCCTCCTTAC
GTTGTGCTTGTAGGTACTGATGCTTATAGATGCCAGCTTTGGGTTTGAATGGAAATGTT
ACTGTCAGCTGGCCGGTCCAAGCCTGTGGCTGGAGCTGGGGTCTGTTTACCTAATAAAGT
GGCAGGGAAACAAAATGTGGTCATTCATCAGTCACTTAGTCATTGAGCCTTTTATATTGT
GCTGTGGGCAATTGTTACAAGTGTCTTAGGTTTACTGTGAAGAGAATGTATTCTGTATC
TCATCCTTTGCTGGTCATCAGAAAACCTCACAGTGGAAATAAACCGTATCAGTGTCGTGAC
CACGAGGTTTACTTGACTGTTGTGTGAAAAGCTGATAAGAAAACCATCCAGAAAAAAGCT
GGAAGATGTTATTTATGACCAATATCTGCCAGTAACGCTGTTTATCTCACTTGCTTTGAA
GAAACCTTGCCAGATGCTTCTAGGGGAGCCAGAATTTGATCCCAACACTGATTAAAAAA
AACTCCGAGAAGTGCTGTGGTCTCAGCAATGCACCTGTTTTGTACATGATTGTGTAATTT
TTCTCCGGAATCGCTGTACGGCCTTGATGAAAGCACATTTGAACCCTTTTCCATCTGATT
GATGATGACCCAGGTAACCTCTGAGTGTGTCGCTGATGCCATCACCGCAGCGCTCTGACC
TGA CTCTTAGGTGGTTTTTATTCAATTGTTGAGAAATATGGTAGATTGGGTTTCATTTACCG
ATGACATTCACGCATGCTGGGTATAGGCAAGGAAAGTAATTTTCAAAGTACATTTGCAGT
TTTATATACACACTTGTCTCCAATAAAAGTGAGAACCACCTCCTACATATCCCTTGTGT
CGAGAGGGGGTGAAGACATTTCTCAACTTCTCGGCCGGAGTTTGGCTGAGATCGCGGTAT
GAAGTGTCCACTGAGGTCCCTGAGATGGATACCTCTACCTGACATGGCCTGAAGATGCAG
TCCCTGTCTGAAGGCAAAGAAAGGCCTTTCTGTGTGGAATTTGAATATCTGAAACTCAGT

TTAAAGCAGATGGGAATCCCTCTGAGAAAGAAAATGGAGATTAATCTTAAACTGAAACAG
TGAACAACCTAGGCTTCAGCATATTTATAGCAATCCATGTTAGTTTTACTTTCTGTTGCC
ATCACAACCTATGCCAAATAATCAATCCTACAATGTCCAAAATTTTACTTTAAAACCTGGAA
GGTCCAAGCCTGTGGCTGGAGCTGGTGTGTGTTTATCTAATAAAGTCCCACAGGTGCCTC
GATGAAGAATATAAACGTGTTGATTTTAGCAAAGTTCCAAAGCTGAAGACAGTTTTCCAG
GTCCAAGCTCTTAGTGAGCATTAACTTTGGCCAACACAAGAGAATTCATACTGGATAA
CGGTAAGGTGGGCGCTGTGTCTATTGAAGTGCTTAGCAATAAAGAAAGGTAGTGAGTTGA
GTGCCACGAGGTTTACTTGACTGTTGTGTGAAAAGCTGATAAGAAAACCATCCAGAAAAA
GAGGCACCACAAAGAGGCTCTTATGTAATAAGATCAATATAAAGAAAGAAGCTATTTAGG
ACTCAGTGCCCCTGAGCTCATTCTTTTTCAGTAAATTCTCTCTCTGCGTGGTGAGAAAAACA
ATTCCGCAAACCTTGTGATCTTCCAAAATTAGCTCTGATTAGCTTTCACTTCTGTAGA
CTGAAGGTCTTGGATGTGCTGGATCTGTGTGTGGTTGTTCTTCAGTCCCACAAAAACAG
CAGTAAGGGCTTACTTTTTACCAACTTGTGTGTGTGTAAAGATGTATTTGTTCAAGCTTT
GGAGTGTTTAATGAGTTGGAAATTCATGCTTTGATGAGATATAAGACCTATGTGCATCT
TTGAACTAGGTGGATACTAAATCTCGGCCCACTCTTCATTGGCTTAACCTAAAAACAG
TTGCCGATTTTCATGACTAACCAAGTCCAAGGATGAAGGAAAAACTGGACCTCATTATGGAT
CTTCATCACATTTGCAAATTCTATGGTCTTTTTTGCATACTTTATAGTCACTCGACAGGA
AATAGGAGCTTGCTCCGTCCACTCCACGCATCGACCTGGTATTGCAGTACCTCCAGGAAC
TCCTTGGCACTTCCAAGCTGGCATCTTGCCCTTGACAACAGAATAAAAATTTTAGCTGC
CCCTGTGAGTGGCCGTCCAAGCCTGTGGCTGGAGCTGGTGTGTGTTTATCTAATAAAG
CTGACAGCTTAGACTTTTTTACAGACACACTCACCACAATCGACTTGCAGCATCTGAATT
GATTACCCAGAAGAAAAGAAGGTAAGCTATTTTCATCAGTTTTGGTGGAAATCAGAAGTTT
TGCCCTGTGAGTACCTTTGACCCAGCATGGTAGAGAACAGCGTGACCATCTGAGAGGCCCT
TAAGCAGCTGGCGTGTACATCTCCATTTAAGGTTTCTTTGAACAAAAGGTCTGTGGCT
GCCAAAACCTGTCATCCTAACGTTTGTCAATCCAGTTTGAGTTAATGTGCTGAGCATTTT
ATCACCATCTTTGTTGAGTCTCATGGCCATGAGACCAACCCCATGCACTGCTCTGAGA
AACGAGCATCTCATGAACTCTGTTCTGTACGAAGCCCTTGCATCAAGTGTTCCTCAT
GGACATGTTTGCCTACTTGGGGGAGTTTGGAGAAGACCAGATCTATGAAGCCCACCAAC
TGTACCTTATGCCTCGAACCTGATATTTGTGCTTTACCACTGTGAAAATGCTAAGACTCC
GTGAATGACCTGTTGCAGTGCTTTTCAATTGAAGTGTCTTCGTTCCCTCAGCAATATGATT
TGAAGTGCACATTGTTGAAGCAGAGGCCATGAATTACGAAGGCAGTCCAATTAAGTAAC
CCGTGGTTTGAACATGAAAGAAATGTACCTTCTTTCACTCTGTATCTTTCTTTCTTTG
CCAAAGTTGAACAAAAGACGAGGTTTTGTGTTTATCACCTTTAAGAAGAAGAACCCTG
AGACCTTGGCAGAAATGATCCGACAACACCAAAGAGTCAACTCTGTAAATCCACAGCAA
CGGCCACCGCCTCTTTTGTAAACAGGACAGTTGATCCATTAATTAATAAATCATTCAATA
GCCACAAGAATAACGGGCGGTGGGAAATCTGGAACAGGTAATTTAGCAATATACATTTAA
ATGGGCTGATGCAGCTTTGAGTGCTCAGGTTCTGTTTTCTGGAAGTTGCTGGAGAAGGGC
TAGTTGAGGGTTGTGGTATTTCCAGGGTTTACAAAGGCCAGATTTTATTTCACTTACTG
GCTGCTACATTGTGTAAGAAGACTGGGCTTAGCCTATCAAATGGTCTGTGGACTTACTTGG
ACTTGGTCTGGAGCAGGGACTACTTGAATGATAAAGGCCAAAACCTCAACAGCCCCTGGAG
GAGGAAACCTGAGATCTGTGTTTTTAAATTGATCGTTCTTCATGGGGGTAAGAAAAGCT
TGTCGCCTCGGGCACCGCGTCCAACCTCAGAGTTTGCAAATAAAGGTTGCTTAGAAGGT
ACCATGGAGATGCAAACCTCCTTTAAATCTGTGAGAATTCTAGCATGTTCACTGTTT
TGAGTGTGAACATGGTATCACCATTGATACCTCCTTGTGGAAATTTGAGACCAGCAAGTA

GGGAGGTATAACCCTGCTCCTCTCTCCCAGTCTGTGCAATAAAGGTCGTGAAGATCTCTC
CAAGGCGTCCGAAGTATGAGTCCACTAACAAAAGTCCAGAACTCGCCAGTTAATAGTAT
AAGAAAGTAGTCTCCAGAAACAGACCATGCTGACACCTTGAGTTTGAAGCTTCTAATCAC
CACCTTGTTTGGGGAAGGATTCCGTGCCTTTGTGACAGACCGGGACAAAGTGACAGCCAC
CCAGCAGTTCCTGTTCAACGTGTAAAGAGACCTGATGTTTTCCCTAATAAAGCTGATAAC
CTCCTCAATCTGGTTTATGAAACAACCTGACAAACACCTTTCTCCTGATGGCCAGTATGTC
GGTTTGGGAGGGACAAAAGCTGTGAATATTGCTTTGATGAACCACTGCTGAAAAGAACAG
TGCATGCTGAACGCATAGAAGCTCTAAGAAAGCAGTTTCAAACCGAGAGAGAACTACAA
GCATTGACACCATTCCCCACAGAGATAGTCATGCTGAGTGTGGGTTGTTAAACATGCAT
ATACTGCTTCATGGTGGAGATGCTTCTGGTTTATTTTGTGGCTACCGCTGTTACTGCTTG
TTCCCCGTGTTTGGAGGGTCCACTCCTGTCTCTTCCAAACCCTGGAGCTTTCCACACCT
GAAGCCAACAGGAGATCCAGATGTTGAAAGTTTTCGATATGGATTTTTAAATTACTACAG
AGGAAGTGGACAAGAACGAACCTTCTTCCGAATGATCAGCAGTTCAGCCCCTCGCTG
AGCTTTTCTTTTCAGTAGTTGGTAGAGCTGAGGAAGAGTTAGGGCCTCTCCCTCATAAA
ATAGCCCTCCAGTGAGTTATTCCTCGGAGTTCTCACAGAGCAGCATGCGCCTGCGGCAA
CCTGACACTGATGTGCTCTACATGACTCGAATCCAGAAGGAACGATTTGGCTCTACCCAG
GCCCTGCTGCTTCTGAGGACTTAGGTATTTAAAGCGAATAAACTGACAGCTTTGAGGAAT
CAGCCAAGAAGCCCAAGAAGGTGGCTGGCGCCGCTACCCCGAAGAAAAGCATCAAAAAGA
GCTTTCCGCCTCTTTGAGACCAAGATCACCCAAGTCTGCACTTCACCAAGGATGTCAAG
TGAGACTGCATCACGTTATGCTATAAAGATACTAGCTATCTGCACGAATAGTTATCATGA
AAAGCCTTTAACAGGGGGTCATACCTTACTCAACACCAGAGAATCCATACCGGAGAGAAA
TAGAAAAAAGGGTAAGCTAGAGAGAAAAAGAAAGAACTGTCCGTCCCCCTTCCGCCTTCT
TCCCCAAATGCCGAGATCCACATCCTGAAGAATAAAGGCCGGAAGAGAAAGCTGGAGTCC
AAGTTTCAAGATCTTCTGTCTGAGGAAAATGAATCCACAGGTCTATCCCAGGTTCTAGCC
CTTCCAGCCTCACCTGTGAGGATCAAAGAAGACAACAGCTTGCTCAACCAGGGCTTCT
CTATTGGATTGTGGTGAACCTCCGTGAGGCGTATAATCTCTTTGCAGTGAACGGCATTCT
CACAGTCAGCGTGAAGCAGTTATTTTCTACGCTACCTGTGCGCCATAAGGAATTTCAAAG
CCACTCCACTTGTCTGTTTATGCAGTGCCATTTAATCCTCTCCAAAATGTTTCTGTT
ATCCAGGACCTGTGCACAAGAGTGGTGTGAGGATTGGCAGTGCCCACTTCTATGCCATC
TGTTTGGAGAAATTAAGTATCTGACATCTCTGCAATCTTCTCAGAAGGCAAATGACTTTGG
TAGAAACGCTAGACCCACCAGAAGCCCCTGTTGCAAGTGAGGACAAAGTGTTGGGAAGGCC
CACACATCTAAGATTCGAGAGTTTGGCGACCTAACTCGGGTTGAACTTTTGGCTTTCAG
CTTAGAAGACTGCTAAAATACATGTTTATCCGAGACTACAAATCAAAGATTGTCAAAGGC
GACAACATTTGATCCCAAGAAAACCAGAATGGAACCTTTCACTTCAAAAACCTCAGTTAT
TATTTTCTGAGCCTGATGGATTTACAGTGATCTTCAAGTGGTCTGGGGAATAACGCTGGTG
CACATGAAGCTCAGCACCTCACGAGACTTCAAGATCAAAGGAAACATCCTAGACATGGTT
GGCAGGTTGCTGGGCAAGAAGTCTTCAATTCCTTAACAAATGCAACCACCAACACCCA
GAAGAAAAGCACCAACAACCTTTATGATTGTGTCTGCCACTGGCCAAACATGGCACTTTGA
GATCAAGCAAACCCAGGATGAAAGCCCTGTCTACTGTCTGGAGTTCAACAGCCAGCAGAC
TAAAACCTCTTCATCTGCTGGCTTCTGCTTTTCAAGTAGAGTACCAGGGTCAGACTTCAG
GTCTGTACAGGTGTTCTTTATTTTACATGAGGGCTACTTTCCAACCAAATAAAGTCAATT
TTACTTTTTGCCGTTTACCCAGCTGAGGTTGTCTTTGAAGAAATAATTTAAGACTGAGA
GGATGTCTCGATCCTTTACAGGACTCTGGATTTGAAGACACAAAAGCATCATATCCAG
TGTTGTGTAGAAATTTCAATTGACTGTGTTAAAATTATTCTCCATGGGCTGGAGAACACAT

TGAAGGGGCGGGCACCAGGCTAGGTCCGGTGCCAATAAATCCTTGTGGAATCTGACTTGA
GCAGGCAGGAAATATTAACCTATTTTCATTGTACACGAAACCAGAAGACATAAAACAGTT
AAAGTTGCAACGATTTCTGGCTAGTGCCACGAGGTTTACTTGACTGTTGTGTGAAAAGCT
AGGTCCAACCGCCGTAGACAGGAAGGAAATAAAATTGGCCTGAAAGACGTCATTACTCTA
ACCAGCTCTAAGTAATTCTAACGTCTTCATACCCAATCCCAAAGGCTCTTTTAAGAGCCA
CTATGTCTACGCTCAGCGTTCTGCCCCGTGAACGTTTGAATGTTTGATAGTCTCACACTC
CCAGGTTGCCTAGGAGTGGGGTCCACTGATGAAAAGAGGTGTTTTGTACTIONACATAAGAA
ATGAGACCATAACAACCATATAATCTGTTCAAGTCTAGAAGGTGTTGGCAGAGCTGCAGG
CCTTTGCCTTAAGACCTAAAGAGGTTTTGGAACATCAGCAAGCATCCATCTCGAGGTA
TCTCCAGTTACTTCGTGTCTACAATGTCCTCTTCATCAAACGGTGTACTTCGTGCTTT
CATTTTCAGTGTACTTTTCTGGATGTTCTCTATCTAGAATCCATCAAACCTTGCTAA
TGTTGGAGGCTTTTCGGTCCAGTGTCTTGCAGTCTACAACAAGTGAGAGGCTTGCTGCCA
ATGGTTCCTAGAGCCTGGGGTCAAGTGTCCCTGGCTCGCTTCTGTAACATCAACTGG
CAAACAAGTGTGCACACTTTCAAGACCAGGTTACACAGCCGCTGCTGCCTGCTTTTAC
TTGTCTTCTAAATCAGCACAACTTTTGAATCTGTTTTTGTGAAAAATGTTGGTTGGGC
CGAGATGACGCTGGTGGAAAGTTCTACAGAAGAAGCTGATGGCCTTACCCTGCAGGACCT
CTGCTTGTCTGCATCCCCGAAATCTCATAGGCAGCGAGTTGAAGGTTATTGAGTCCCC
TCCCTACCAATGACTCACCTGAAGTGCAATACGAAATAAAAGGCCAGCGGGCGGCTCTG
TGTCTGCACACACGGACTTCTGCAACCGCGAGAAGCCTCTGAGCACCAAGTCCAAGAAGA
AAAGCCCCAGACGGAAGAGCTACTTGCTGAGCTTGCCACAGGTGACGTTCCCATGGAT
GTAGGAGACAGACCAACCACTTTGAACAGTGTCTCTTTATTAATAATTCTAAAGAAGGTT
CATCTAACACAAAGGGAGATGATGATGAGGAGTCTGATGAGGAAGCTGTGAAGAAAACCA
TAAAACAGATGGTTCCCTGCCGACAGGGTCTGTATAGTTATCAGATTTTCTGTGCGATGGC
GTCACCTTGGTATGGAATGTATGTGCTGACCCCCTAGGTGAGTCTGGGGATTGGAACAGG
TGGGTTGGGGACTTGCCTCAAGCACACCACTGACCCTCCTGGGGTTCTTTTGTGTTTGA
TCACTGGCTCTTCTCAGGACAATAAGCCTGCTGGTCAGGGCTGGCTTTTCAAGCTTCTA
TGAAGAAGATGGTAGAAAACAGTCTGGATGCTGGTGCCACTAATATTGATCTAAAGCTTA
TCCTGGTCTCGAATCATCCTGATATTCTTCAATTTGTTATTCACATTGGACTAGGGTGAG
GCCAAATATTTGGCTCAGAACAGGTGTCCATGGGACAAAAAAGAACGATCCTCCACTTGA
AGGCCCATGGAATCAAATCTCCTTATTACCTGATGTATTACAGAAACAGTAGAGCTCAT
AGTCACATTTGCTTTTCTTTTTCCCAAACATCAAACCTTCTGTCTCAGGTCATTGT
CCGTCCTCATTTTTTTCAGGTTGCCTTGCCATTCTGGACATTTTGGCTGTAAGAATATTG
CACGGTCTACATGATCAAATACCTCATGACGCTCATCGTGGGCATCACGTCGGGCTTCTG
TAAGCGAGTATATAATTTCTGTGCGATTTATTGAAGCAACAAAACAATATGCCTTGGG
TCTGAAACATCACACATGTAAGATTCAAGAGTTTGCCGACCTAACTGAAGTTGAAACTTT
TGACTACTGGTGGCGTATGAGTCATCTACAGTGAATACGTCTCTGGAACCTCTGAGGTCTG
GTGAACTTACTTGACATACCAAGTTGATACTTGAATAACCATCTGAAAGTGGTACTTGATC
GCAGTAGACATGACCAGTTTATCGGCAGTCAACGACTTTTTATTCCACATCGTACTCGCA
TAGATTATTGCCAGTGTCTTTTCTGTATGCTATAAGCAAGGGAGCTTAGGTGTTATTTCT
GGTCTTCATGCTGCACCAAGACCTGCGATTTCCACGCATCGCCTTCTCAGTTCCCGAGA
GGCATATTCCTGGGTCATGCACCTCGAATACATATTTTACTTGTCAAATACATGATAA
AATAGAAAATTTTTGCGCTTCATTTCTTACACACCCAGCCTCTCAGTGAGCTCCTGCTG
CACAAATAAACAGACATAAGATGTCATCACGAAACTGCCACGGATCTTTAGGCTTTCTG
TTTTACAAAGCGTGTTTTGGGTGAGAGTGGGGAGATGGATTCTCTTCGTTACAGATGGA

GCAGGTGTTTGAGAGCTAGATGAAGGTATGTTGCCAAAATTTATGAATTAATTCCAATC
AGAAAACCTCAGATTTTGTAATGCGCATCCAGTTGACAGCACTTACGGTGGAATCCGTGG
ACTTGCCGCTCTGAGTCAGTGGCCCCTTCGTTCTTTGTAATAAATCCCGCCCCGGAAA
AAATAGTGCCAACCTGTGATACCTTCACTCTAATTTTACTTTCTGAGGAAGTTTTCTGTA
AGAAAACCTTCGAAGGCTTAATGATGTCACCATTTCTACCTGCCACGTATCGGCCGAAGTT
CATCCATTTGTAACAGTCTTTTTGAAGCATTGTTTCTGGATCTTCTACTCGACTAGAT
CAACTGGCAAAGAACAATCAAGACAGTGGATTTAGGGATCTCAGATTTGGAAGATGACT
TGACGAGTCTGACTTGGGGATGTTCTTTGCCAGGTGGCCTACTCTGTGCTGCGTTCT
ATGCTGGTAAAGTAAACCTGCCAAGGAGCTGCCTGCAGATGCTGTGAACCTAACAAATAC
AGAGTTGCTCCTGTGTTCCCGGGTCATGTTGAGTAGGAATAAATAAATCTGATGCTGCCT
CCTCATTTTCTTTTTGTTACAAGAGTGGTCTGTGTCTTGTCTTAGACATATCTCTCA
GGCTAGTGCCACGAGGTTTACTTGACTGTTGTGTGAAAAGCTGATAAGAAAACCATCCAG
CCCTGACCTATACAGGCCTCTGCTATGGGGGTGATGGCCAGTCCTGGTGTCTGAGTGATT
AAACTGAAAGCTGAGTGTGAATGTGGTGTACCATTGATATCTCCCATGGAAATTTGAA
CATAGGCAGATAAAGATTTGGTTTACCCTGGTGGTGGTAGGCATCGTGTGTGACTTTTT
TTTCATTCAAAGAAGAGCAGACTCAGCCACCCACCACTACAGCTCAGATCGAGAAAAT
TATTGGCAAAGCTGTCACCATTTAATTGGTATCAGATTCTGACTTGACAAGTAACATTC
AAGTCCTGGAATAAGAGTTATCAACCAATGTGTCTTGTACTGAATAATAGATCATTGGTC
GTACCCAGCCTAGAGCCAAGAAATCCTTCTTTTTATTTCATTAAAACAAAATCAACCTGA
GTGGTGGACAATCTGTTTCACTGATATTGAGACTTTAAAGCAAGAATCACCAAATG
CATAAACTGCATTTTTGATTCTTTGTGGATTCAAACCCTAGGATCCATCAGTCTTGCAAG
CTGGACACCGTGTCCAACGTTGACTACTTCTTCAACTTCAAGGCGCTCGACGAGGAGCAG
GCTCTTCTCCTCTGCATTAAGGAATATTTATCCTTTTAAATGTATTCAGAAAGCCAGC
AACTCCTCTGGACTTTCTGTAAAGCCTTGTTTATTTCTACTTCTCTGAATCATCCA
TTTATGACAGGCCCGTCACCCTGGCCTGTCATAGTACCCCATGCCAGAGCAAATGTGT
CTAGTGCCACGAGGTTTACTTGACTGTTGTGTGAAAAGCTGATAAGAAAACCATCCAGAA
GGCTGGCAAGAGCAGCTCCAAGAAGAAGAAAAGTTCCATAAAGCATCCAGGAAGATTA
TCTATTAGCCTCTGCTCTTGTAAAGAAGTTAGCTGCAGAACCCACATGTGAATCCTTGTAG
ATTGTGCTGCATTCGAACATAGGTTCTGCCATCAAACACAGAATGCCCTGATCCTTAGAG
CCTGAGACATTTAAACCTTGGTCTATCCCTATAGCATAAACTGCTATCATTCCCTAAAA
TCGCAAATCCATCCTGAAGTCTCGAAGTAGAGAGAATAGTGTGTGTAGCGACACTAGTGA
CATGGGACATGACATCAGTTGAGCTGATTAAGGTTTTAGTAATAAGAATCCAGGATGTGT
TCCACCAGCAATGGTGAAGCAGCAAGCAGGAGGCCATGCAGAAGACCTGCAAGAACAGC
AGCCCAAAGCAGCAAACCTAAAGCTGCAAAGGCCAAGAAGGCGGCTGCCAAAAGAAGT
GTGCAGGTTTGTGTGTTTCTGCCTGGATTTCAAGCAAATTTAAAGGTGTAAATTATTTAA
GCCTTAGCCATGATTTTCGTTAGTAGACCTATTTATGATTCAATTGCAATTTTCAGATAGG
TATTATTCTTGGGCACTCTACTCCAAGTAGGAAAAGGCCAGGAGGTCCTGTTAAAGGATG
CCTCGATTTCCCGTGTGCCAGCTTCGGGACTCAGCTGTGCTTTTGTGTCTTTGATTAG
TTCAGTGTCTAATTTTCCAGAGCCCCTCATATAAGGAACTGTATTATTGGTATAATCATC
CCTTGCCTACTGCTTGTGCTTCTGTGTTCTCTGCAGTAAACATTGATTTCTGACTCGA
CCTTTTGAGTCTCGGGCCAGAATCGTATCCCAAAGCCCTCCATGGCCTAGAAAATA
AAGTTGGAATTAGCAGTGGGGAGCAGAAGCACTCATAGCTTTTTAGGCAGAAGAATCCA
ACCAGCTTCATCAGTGGCTGGATAAATTGCAGGACTCTAAACATTTCCCTGAAGAAAAA
CCTGGATCTTTTGACATTGTTACATGGAAGATGCCAATGGCAACAGCTTTGCCACTCAA

ACCAGCGACATTTTTGGGTCTCCGGTCACTGCCACTTCACGCTTGGCACACCCAAACAAA
AGCTCTTTATCACGTGGAAGCCTTCAAACTGGACCAGAAATGCAGAACATTTTAAAAAA
CGAGTAGCCAGTGAAGATAATGAATGTGAATGTGACTGACTAGCAGCTTCATTTGAAG
ATCCCTCAACTTGTCACTTAAAGAAATCACTACTAAGGTGTGTATGAGTGAGAAATTCTG
CTTGGGAATATGGTCCATGCAATTCAAATAAAACGAACTGTGTCAGTTGGTTGAAGTAA
GGAGGCCTTCCCCACGGGATCGTGGGGACTTTACCAGATCGGTTTGTATAAACACCTCGA
CCACGAGGTTTACTTGACTGTTGTGTGAAAAGCTGATAAGAAAACCATCCAGAAAAAAGC
ACACAAAATGACAAGCATATGGCTGAACTTTCAAGTGATGTCATCTTACTACTGAGAAGT
ACACCTCTATGCTGGAACGCCTCTGTGTCAACGGCCATTTCTTCCACCGGAGCTGCTT
GTGGAGAAGGGTAATAAGTTTTCTGAATACCTTGCATTGTCTTGTTCACATATATTGCT
AAGTTCACATCAGGTGATGGATAGGAGCAACCCTGTAAAACCAGCCTTAGACTATTTTC
TAAGAGACTCATCAGATTCTGAGCTGCTGCGGGATATTTTGCAGAAGACTGTGAAGCATC
ACCTTGTGTTCAACATTCAGCCAGCCCCAGCCATGGTCTACGATTACTATGAAAAAGGTA
CATAGTGATGGCTTGAAGTGTCCATAGAAGGGATTGCAATAAAGGTGTGTCTTCTTCT
AATAGCAGTGGGACACCCGACATCTTAACGCGGCACTTCACAATTGATGACTTTGAGATT
CCAAAGGAGTTTGCTATGGAAGCAACAGCAGCATATGCTGATATTCTATAATTATTTCT
GCGCTGATGTAGTTTCTGACCTCTGACCCGATTGTCTCCAGATTAAGGTACGACATT
ACCCAACGGGGACCCCACTTCAAGTTGTTTCATCATCCGGGGTTCACCCCAGCAGATTGA
ATCCGAAGTTCCAGACAAATGCCCAAACACTTCCCTGCATGTTTCGAAAGCGTAAATTGC
TACTACTATGTTTGCCAATATTGTCCTGCTGGTAATAATATGAATAGAAAAGAATACCCCG
TCACTGGCAACACATCTAGTTTTTTCATTAGAAACAAATCATGAACTATGCAAACCTGCA
ACGCTGTGCGTTAAGCTGATGAAGAACCGCGACGAGGTGCAGGCCATGATTTACGACGAC
AGACGAAGATACTTGCTGCTGATAGAGGTGAAAACGAGATTGATCCGTCTGGGGTTTTAC
CAGGATTTTCAAGTACATCTTCTGCTTTGTCCAGAACACATTGACCAAGCTCCTGAAAGA
GGCTGTTTACAGTTTCTCTCTGTATTGTGGTTTCTTCTTCAATAGTTTTCAGTATATG
TAAGGGAGTACTTTGGTGAGTTGGGGAGGTGAATTTCTCCCAGGATATGGTTTATGCT
AATGTCTGAGCTCCATGTAAAGTAAATGTAAGTAATATAAATCTGCCTTCTGAGGTG
CCCGTACTGATTAGTCAACAGTGGAAAATCTGAAGAGATGCAAGCAGGAAAAAGAAATTA
GACAAAATGAGTTGCTCTACAAAGGTCCAACCTCGTTGTCTTTGTTCTGTAACCTTTGT
GGCTGATCCCGAGGCTTTGTCTTCTCTCGTCAGTTCTTTTGGTTGTGTTTTTTGTTTT
CACCTCACTTGACAAGGAGATACAAAATCATAGTTCATAGACACCATCTGATAGGGAAC
GCTTGATCGTGTGCTGCCTGTTAACATGATGCCTTTGAACTCTCCGCCTTTGAACTT
CAACCACAGTCCAGATTTTGACCATGACAGAGATTACGAAGATGAACCAGTAAACGAGGA
TGGAATTTGACCGGCAGTGCTCCTCAGAGTGGCACCACGACCCTCTCACAATCATGGATG
CCTTTTGTAGAGCTTTTTTCTTCTAAGCCCTGTAAATAAACGAAGGCACTTCTTTGG
GGTAGACGCAGGATATTGACCTTTTTATTTTAACTGCATTTTCAGTTTGGAGGTTGTAA
TGAAGTGTGGTGATGCATCTAACACCTTTGCTGCTCACTGAGAACCAGCTTTGAACTT
AAATGATGATTTACTGCTGTTACCATCATCACTGCCTTCAGTGACCAAGGGCCTTCCAAG
AATCATGCCAACCTAATCTGTGTTAAAATGCTTGGAAATGTGGGAGCCGCTGATGATGCCT
AGAAGGTGCTGAGTGGTTACACTTTGCAAGCTGTGGTGAAGATCACACTGTGAAGATACA
TATATGTATAGCTATGTAGCGCTCTGTAGAGCCATGTAGATAGCCACTCACATGTGCGCA
CTGGAGACCTTCTTGTACTTCTTTCATTAACAATGACCTCTAATTTAAATTGGGC
CATAAAGCAAAGTGGAGGGTTTGTCTTTTGGAAAAACAAAGTCGTTTTCTCTCTGGAAA
GAACCATGCAAAGTGAAGATTTCTGCTGACTCTCAAAGTCTTCTGTTCAGCAACTAAA

CTGTGGCTTTTCTCCATGGACTCATGGTGGTCTTTGGAACAACGTTCTTCAACTTTGACA
ACGTTTTGTCTTTCATCTCAACGCATGTTGACCACAGATGACAAAGCGGTGGTCTTGAA
GACTTTGAATGAATAGACTGCTGTGCTGAAAGAGCTTTATCACACTGTCTCAAAGTATGT
GATGGTTAAGAATTTCTTCACCTGAATAAACCATGTGGTCAGCATTGCATCTGAGGCAAA
TGCAGACCTGGCGCGCTTTGAAGCAGATCTGAAGGACAAGATGGAGGGCAGTGATTTTGA
TTCCTGAGGCTACTGCATCTTGAGACTCAGGATGAAGACCCAGCTTGGGGCTGTCAAAG
CTCCTGGACTGCTTCTTTGGCTCTCCGACAACCTCCGGCCAATAAACACTTTCTGAATTG
TTAGTGAGTGGTGTCTTGTGAGCAAACACAAAGTCGGGCTCATCCAAGGATGAGATTTTGC
ACAAATGTGACGAATGTGGAAAAAAGTTTACCCAGTCTCCAACCTTATTGTACATAAGA
TTGGGAAGTTACCTGGTAGATCAAGCATTACACACAAAAAATCAAGTTGATCAGAGTATG
TTCCAGCATTGCTTGGAAACCAGAATAGCAACGTCTTCTGAGGTTCCAGAATTTGGACTCT
AAGCACTGCTGCCTATGCACTCCATTTACAGGGTTATAGAGTGGAAAGTCCCACAATCTT
AGCTACTTCAAATCCTACTTACCCCAAAGACAAGATGATCATTTAGTCATATAGTATCA
CCGATGGTGGAGAATCAAAGAGGCTCGGAATTCTGTCTGCATCATCCCACTCCGCAGGGT
TTTGAAGAAGCAACTGAAGGAGGACCAAGATAAAGTACACATGTGGGAGCAGACAGTG
CTCATGTTATCATCATTAGTGATCTGTGTTGTAGAACATGAGGGTGTAAAGCCTTCAGCCT
CCAGGCGGCGAGAAGGAACAGGGAGTGAACATGTAACGGAAAACAATAAACTGAATTTA
TTGACTTCCGGTTGTATCGCCTGTGGAAGAGCCGCCAGCACTCGAAGCTGCTGGACTTT
CTGTCTGCCATTGATAGAGGCCAGATTGTCTTGGAAAGTTCAAAGTTGCAACGATTTCT
TGACTCTGGTCTTGGGAGGTGAGGCTTCCCAACCACGGAAGACTACTTTAAATGAAAAAA
CGTCACAGTGGTGCTAGTCTGTTTTTAACAAAAGAGGATGAAAAGCCCCTCCTCTCCGGC
AAATCTTAGTGGTAGTACCTGAGCCATGACTCCCACTGTAAGGCCAGATCAATAGCATT
TGAGGAAAGGAATGGATGGAAGGGGCCAGCTGAAAGAAAAAGTAACAACCTAATGATGGA
TTGGTGTGAAATATCACTGTCCAATGTGTTCACTTATGTGAAAGCTAAATTGAATGAGG
TTTTGCTCTTGCCTTGTATTCCCTTCTTCGGGATACAGCTTTTACGTCTTCCATGGTGAA
TGTGTCTCTTGTGTTGATTTAGCTCAGTTTTTGTACAGGTAAATGTGCCGTCCATTTTAT
CAACGTTGAAGATGAAGCTGGGCCTCGTGTCTGCGCCTGCATATTCTACAGCTTCCCAG
CCTGGCATCCTCGTGAAAGTGCACACACTTCATGGAGGGACTCCTTTTCAATAAGAATTA
TGCCCTACTCAGCTTCCATCACCCCTAGCAATATGTATTAAGTCTGAAGTGTGCCATG
TCATGTCTTCGGTGTGCGGCTTCCCATCCGCTGGTTCTATCCTCAAACGCCGGGACAC
CCCGAACCAAGAGGCGGAGGGTTCGGTGTGTTGGAACCGTCACGCAAACCAAGAGGCGG
TTGCAAGTGAGGACAAAGTGTGGGAAGGCCGTGAGTGTCTGCAGTGCCAGATGGCCTTGT
GTGATGACTTTCTTAGGACACCTTTGGATTTACCGTGAAAATTAATAAATTCTGAGCAGC
CGATTTGCGGGTCTTTGGCCTCCAGGTTTATGATGAAACTGAAGTTTCTTGGGGAAATT
TTGTTTATATCATCTTTCATGTTGGGGTTCATGTGCATTCTTCTAAGACATGGATTGAAG
TGTCTGCCATTGATAGAGGCCAGATTGTCTTGGAAAGTTCAAAGTTGCAACGATTTCTG
AAGAGAATAAAACACTATTTCCCTTGCCTTTTCACTAGGGCAGTATCTCCTCTAGCTA
ACATAACCGGTCCAGCCTTAACCTTACCAGTTAAAGTTTGGAGGAATTTATGATGAGGTAA
AGTTCTTTGGCAGAAGTGTCTATTTATTGATCGATTTAGAGGCATTTGTCTGAGAAGG
AGCTTCTCGTGGCGCCGGGGTCAATCTGCAGCGCTAGAGCATGTGCTTGCGCATAACT
CTGCTCACATCTGGTCTGTTCCCAAGTATCCTCACTGTATTAAGTTGTTTCTTTGTCAT
ATGAGTATACCTCGGAGCTGATGCTGGGCGGAACCAACACACTGGTGTGTCACAACACGT
GAGTCAGAGGTCATTTCAAGGTGGTGGACTCAAGGATGAAGAAGGACCAAGAGCACAGC
TCCAGCACTGGGCTCTGATCACCCCTGAGGACACAGTGCACCCAGGACCTTTGACACCT

AGAGAGGAGGTTTGCCTGTGATTTCTAATTATCGCTAGGGCCAAGGTGGGATTTGTAAA
TTGGGGCCAAGGAGGCCTCTGTCATTTTAAAGACTCGTGTTTACAGTTTTGTATCCAAGG
TGGACAGAAAAGACAGAGAGGACTTGTACAAAGGCTTTGTAAAACCAGAGGCTAGCTTCT
TGTTGGGGAGAGGGGACCGATGTGCCTCATTGTTTAGTGGTGATTACAAATATGCTTTT
CTGGAAACCTCTGGAGGTCATCTCGGCTGTTCTGAGAAATAAAAAGCCTGTCATTTCAA
GAGCTTGGGAGGTTGCTCCAGCTTATTTTAGGTTGTGCGATCAACTGTGAAAAGAAGCAA
CACACTGGACAGGTGACTGTATGGTAGAGACTGTGATCTGGGAACTTTTTGTGTACAAA
AAATGCATTGTTCTGAGTTATAAGTAGTAATTCAGGCCTTCTTACAAGCTGTATTGAACC
GACCAGATGGTTGTGCCTATTTTTCTTCAAACCGATTCAAGCTAGTCAACAGTGCCA
TCTCATTCTCCGAACTTACTCCTTTTTATGGGTAAGTCAACTAGGTTTACAGTCCCTTAT
TGGCTTTGGGAAGCCAGACTCCAGGGACTGAAAAGGAGCAACAAGGAGAGGGTCTGCTTG
TCTGGGACAGAGGCAAGAATCCCCAAGGGGTGGGCAGTCAGGGTTGCAGGACTGTAATAA
CACTCGGTGTGGGCTGTCCAATTCCACTCTCAACTACCTCCGACTCTGTGTGATACTCGA
TAAACAGCTGTCTTGTCTGTGTATATTGTTTGATCAGGGTACATGGCAGCCAGTCACA
TGCATCAGACACTGCCACTTCTACTCAGAGGCCACTTAGGAACCTTGTGTCCTATTTAAA
GGGAATGTGCTCAGTGAAGACGACACTGGGCTTGTGCACAGCCTGGTGTGCTGTACAGAA
GCAGAGGCATAAGCCCACATATGCTGTGACGCTGGCCACCTTTTCTCAGCTTCTGAGGCT
ACTCACATTCGAGTTTCCCGACCATGAGATGACTCCACATGCACTACCATCTGAGGCCAC
CAAAGACCCAACTGAATCTAAAGCCTCGGAGTACTCCTGAAGAAGATGATTCTCTGCT
TCTTGGGCAAGGACAAAGAAGATTCTTTTTCTGGGAGTTTGTCTTGGGATGCAACTAGCA
ATCCCACTGTCTTCTTGTGATCTGGCACACAGTAGATGCTCAATAAATGCCTGTGGAATG
CCATATACGTGAAACTGAAGAGTGCATTGGGCAGTGGAAGCTATTTTTGCCTTCCCTGT
TCACGGCCTTCCCACACTTTGTCCTCACTTGAACAGGGACTTCTTGTCTGCCTGTTGTA
CCGGCCATTGATGTGTTGTCATTGAATCCAGGAGGATTTCTAGGGCACTGAAGTTTTGTT
CCTGCTGTCTCGGGCTGGCACCCATATGTGCTCACCATGTGTAAGGTGACATTTCCAAAT
CATGGAGAATGTAGAGGAATTATTCAATGTTTCAAGGATCAACATGATCTCCTCACTCTAGG
ACGGGCCCTTCTTACCTCACTCAACTTCAAGCCAGGAGGACTGGGTGGTGCTTGAATGTT
GACTTGGGGTCTTCCCAGCAACATCAGCTCTGTGAGCTCCTTGCTGCTTCAACACCA
TACGTGTGCCAGGTTTGCCATTACAGATCGTCGGTCTTTGCTGATGTGGAACACATTTT
ACCTGATCGTGTGTTGTTAATCTTACAGCAAATACAGTCTCCAGAACACAGAGGAGT
TGCTTTCATCTCAGATTTGTTTATCACAGGTGGATCCCATGTGTCTTCAAGTAGACAAGTC
GTTGGTGGCGGTAATTTTGTCCATCAAATGAATATGTGTGAAAACATTCCCTTCTTCGGC
ATGCTGAACCTTCTGTTAATGCTATGACCGTGCCTTGAATAAACAAGTCCCTCCCAACT
ATTACCACGTTAACCCTCAATACAGCTCTGCTAGTAAGGGATTCTGCTCCCAATGAA
TACACTTAGTGAGTTGCCATTTTGTGAGCGAGTTGTGCACAGACGAAACTAAGGGTCAGAA
CATGTTTGTGTTTGAAGCTCAGGTGTCTCACGTCTGGGCTGCACCAGGCGAAGAGAGAAA
AATCTGGTGAAGAAATTGAGAGAGAATCCCACGGAGTTGTGTTACTGCTTAAAGAAGCGC
CTGATGGTGCATTCTTAATTCGTGAGAGTAGCAAGAAAGGATGCTATGCTTGTCTGTGG
AAATTGAACCTTTGTGCCATACCCCAACGCTCCAAAGTCATAATTGCATTGACTTTCC
GCAAGCTGGCCAACGTCTTCTTGCACACCTTCTTCAACATCGAGAAGTACCTCGACCACG
ACCCTTTGAGTCCAGAACTTTTTAACTTGTCTCTATGCCAGCATGTTTCAAGCAACGTC
TTTGCACGGAGTGAATCACTGCGTCTTACGGGGTGTGCAAGGCGTCCGAAGTATGAGT
CACGGGCCAGCTAGCAGGATTTTACATCAAATTAGAAGTCTGATTTTGAATAATATCAT
AACCCAAAATGTCTTTATGGAGGCAGATGCATATTTCCAATGTGTGTTCTGCCGCACT

AATCCTAAAATGATTGTGCTACACAGGGCCACATAGAGCACAGCTTTGTCTCATAAAAA
TGGAGTACAGAACCTGCTAAGGCCATCAAACCTATTGATCGGAAGTCAGTCCATCAGATT
ACTGTTGTGTGAAAAGCTGATAAGAAAACCATCCAGAAAAAGCTCTTCGTTTTACAAAC
AAATCGTTTATGTGCACAGTGTGTGGGCGAGGCTTCGTGAAAAGTCAGAGCTCATTAA
TACCCACAGTCCTCCAGGTGGGTCCTAAGGTTCTTAGGATCCACGATGGGTGTCCTAAGC
ACAGTCCCTCGCTTTTTGTTGTTGTTGGTTTTCTTAACCCCTTAATGGAAGTGCCTGGA
CATAAATTTAGGTCTATGGGCTAGATTTAGCCACAGTTGCCAGTTTCTAGCGCTACCAA
CAGATGATGATTGCTTAATGATACCTTATCAAATTGGTGATGTCTTCATTAGCCATTCTC
ATTTTGGATAACTTGAACCTCACCTTGTGGCTGCTTTAAAGGAAGCTGCCCAAACCCGA
CTGCTGTTGGGGAAGCCCCAAGAGATGAGGACAGTTCAGAGGAGGATTAGACGAGTGT
TTGCTATGCTCTGATTGTTCTTAGACCACATATGTTCTTATGAAGCAGCATTATGCAAG
AATGAGGACTGGGGCACCTGGAAAATGCCATTTTTTGGAAAATAAAATTTAAGAACAGCT
TCGTAAACTAAGTGAATACACAAAATGTTGATTTTTCTGACCATAAGACATATTTTATGT
AGGCTCTACCGCCATTGCCACCAGTATGGTGGTATGTACTIONCACAAGATTAAGAAAGAA
TAAAATGAGCACAATACGAAATAGTATGCATACTATGATTGTGACTTTGTAAAATCTTTA
TAGAGATGATGGAGAACTTTCCAAAGCCACTGTCAGAGAATGAACTCTTAGAACTTTTTG
ATGAACGCCAAGGTCGTGGTCGTGCTGGTCTCGTGCTGACCGCGCTCTGCCTCAGCGAC
TGGACGGACTTGAGAAGTGCCTTACGTGACCTAAAGCTGGAGTATTTGAGATTGGAGA
TGGATTGCCCTTAAGCCAGCTCAGAGGCAAAGTCCAAAGACCTCAGGTGAGTCAAACAAT
GGAATCTTTTAGTAAAATAGCAGTGTTTTTGTTGTTTTGCATTGGATTTGGGGAGTGG
AAGTAAGTCTCCATAAAACCCAGAGAAGAGACTGGAAAGCTCCTCTTGGATCCTGTCTG
TGTTTAGCAAAGTGCATTGAAGTTATGGGAGATGGATGCCTTAATAATGAACACTTTGAA
AGGCTAGGAAGACTGCATCAGTCTTAGTAAAGATGATGTGGCACCTGAAAGTGGTGATA
GTTGTGCCTTTTAAACCATGCAATATTCAGGATAGTTTGAATCAAAGAAGTAAGAAGCTG
ATGGGAAAAATAAGGATAACTCAGAATTTCAAAGGAAATCACAATTCAGCTAGTAATA
GACTCAACATCTGATTGTTTTCCACCTCAGCCTGGAGCTGTCTTCCACACTCTCTAGCT
ATGGAAACCCTACCAGATGGAACCAAACGATCAAGGAGGCAGATTAAGGAACCAGTGAAA
GGCCTGCAGTTTACATCTGTGACGGGATGGGACAAATGACACCGTGGTATTCGATGACA
TGTGCAGCGGGACTCACCTGTTATTGTCCGCAACCCTGATGTGCCACTGCCCTCAAATT
AAGAAAGGATTAGATTGGGTAAAGGAAGAAGCCCCAGATATACTGTGCCTTCAAGAGACC
TGCCAGCTGCACACGAAATTACACATGACTCACCTTATTAAGGGCTATTGCACTGAAAA
ACTTACAATTTGGTATTACCTGGGAGTGAAAAGAAATATTACAGCCATGCCAACTGACT
TGTTCTCTGTTCTGTTTCCAATGCAGAAAAGAAGGGGTAGGGTCCACCATACTGGTAAT
TTCTGACACCTCGTATGAAAAGTGCACGTGCAGTCTGATTATTTAGCAAGACTGAGGCTT
CTCTCTAAAAGCAACAGCATGTAAACTAGAATGAAAGAAGGAAATTATGTACGTATGCCT
GCTAACTGGAGCTAACTTCAGGACTGTATGAGCCGAGCAGTTACAAGACACAAAGAAGT
GTCATCGGCAAGTTCGTGCGCGGATTCTTCAGCGAGATCTCGCACTCCATTATGTTGAG
CCTGGAAGTTGTGCTTTTTAAGGTAATCTCTTACCAAAAATTATTAAGAGGAGGAAGAG
ACCGGGAAGACTTTGACCCAGCACCTGTAAAGAGCAAATTTGATTCTCTTGACTTTGACA
TCTGGGTCTCAGGACAGTGTGTTGGCTAGCCAGGGGAATGTATTTTTCAAACATACA
GAATCCCAAGTAAAGAACTGAGGTGAGTGTACCAGAAACTGGAATCCCAAGTAAAG
AGTGGATGGCAGTATCTTCATGGTATCCATGGTAACGAATAAATGCTATGATTTTATCTG
AATGGCAGGATTTTCGCTAACACCAGTAGAGCTTGCTCTATGACTGGAGTTTGGTAGTA
TGAAAAGTGATACACGTTTGGAGCACACACATATCCATGCAGTCCCAAAGCACACCTGAG

ATGTATTCTTGGCTGCTATGCGTGGTTTTTCAGGAAATTTAATTATCTTACTGAGATGTG
CCCAGACGGGCTTCTGCATCCATTCCCTCTTTTTGTTTTAAAATAAATTGTATTTTTGA
ATGTGGTTTACCATAACCAAAGCTTGCTTTTCTCTGGCATGGGAAAAATAAATTTAAGCACC
CAAACCCTGAAGCCATTGCTCAAATTTTGTTCGACATCAGACAGATAATTTGTATTAATG
ACCCGCTTTGTGATCTGCATGTGTGACACTGATTCTTTGAAATAAAGAGTGGAAGCTGC
GGATAAATTCTGGATCAGCACAGAAAACCTCTCTCCTTTGTCAGATTGAAAACCTGTAGCA
AGAATATTTGCTATCTGAGAGATGGTGATGACATTTTAAACCACCAAGATCGCTGATGCA
GTTCTGAGGAGGAGGAGGAAGATTACAGATCTATTCTGAGTATTTTTAGAGAGTTAATA
ACTATGAGGGACTATTCAGGGGCTATGAATCTGAGCCTTTGTTTCTTGAAGTGAAAGTG
GCGGCCAGGTCACAGTCGGCACCAGAAGTTTGGCAGATCTCAGTGAGGCGTTAGTTTGCA
AAAGATTTGCACACTACCTTGAGAAGACATTCAAGAAGACCGCCAGCCTGATAGCCAACA
AATCCTGTGAGATTGGGATCCATCTAGTACTCTTACCATTTGGAACAAGTGCCTCCAGA
ACCATCTTTGTTTTGAGTCTCACGGCCATGAGATCAACCCCATGCACCGCTCTGAGACCT
GTGGCCTGGAACCAGGGAGCAGCAACTATTGAGATGGTTTCTGTGTTCAAGTAAAAATT
AGCTCAAGTTTGATATTCGTCTGTATGTCTTACTCAAGTCCTTAGACCCCTTAGAGATTT
CGACAGGCCTCAGGATTTGTGTTGATCAAGTTCCAAGGAAAAGGAACATCTCGGCCAGG
AAGTAAAAGCCAGGCATTGGCAGTTTATAAAGCATTTACAGTTGACAGTCCTGTTCAAGCA
GGACAAAAACCTTGAGTGCAAAGAATGTGCAAAGCCTTTTACTATAGCTCTTCCTTC
TCAACCATCTTCTTTCTGAAAGACCAAATCTAATGTAACCAGTAACGTGAGGACTGCCAA
ATGTCTGAACCTGTCTGAAGCATCCCAGTGATGCAACTTCTGTGTGATACTGAGGCTTTT
CGGAAGATGTCAGAGCGTTTTCCCTAGCAATGTTTTAGAAGTTACTTCTGTCTGGAAAAA
AAATCCCTAACCTATGAGCTTTGAATAAGATGAGTACGAACTTCATCGCCACGTGGCGT
AAAGCATGAGCCTTTAAGCTGACTCATGTGAAAATTGGCAGGGTTTAGTGTGGCTGGAGA
CAACAGAGTGACTCCATCTCAAATGCAAACAAAACAGAAAGAATACATGCTGACGAAAA
GCGCTATTCTGCCTTCCATACTTATTTTTCCCAAGAAGTAATTTAAAAAACACATTGGAG
TCAACAGTAATTCCACTCCCATGAAACTTTGGTCATTGTTATGCATTAAGTGGGGCTTAT
GTAGTTCTGACCTTAAAGTGCCTTGCCATACACGATGTCATAAGGTATGTAGACAAGTAG
CTTACTGGATAAATGAAGATGGAGAAGAAGAACTGGCAACTCCTCCACTAGATGGCCTC
TCCCCTTCTGTGCTTCTGGTATTGAAAACCATTCATCACCTGCCTGAATTCTTCAAGT
ACTGTAACCATCGCGCTGGCCTAGATGTCGTGTTTTGGATGCTGTGTTTTCAATAAATG
CTGGGCACTAGAAGCCTTGGAAGATTTGAAAAATAAATCTTATTGGCCTCACCATTTCA
AGTTTAACTTTCTGCCAATCCAGAGGCAAGCACAATATTCCAGAGGAACTCTCAAACAG
AGGCAACATTAATGCAAAGTCCCAGATGGCAATACAAAGTATCCCCTGGTACCACATA
TTTTTTCTATACCAGTTGCCAAACTTGTGAGGACTGGCTAACGCGGATTCGACTCTCCAT
TGGGCAAAAAGTGATTGGAAGGAAGATACAGCTTTGGCCTGTGAGAAAGCTTTTGTGGCT
GGCTCTTTGAGGACACAAACCTTTGCGCCATCCATGCTAAGCGAGTGACTATTATGCCCA
CTCATCGGGAGCACATCCTGGCCACGGGAAGCTATGATGAACACATCCTACTGTGGGACA
TGGGGTGGACCTCTTCTTAATGTCCAATGTCCTTTGTCTTAAGATTTGGTGCAATATCT
AACAAGGGCCAAGTGATGAAGACTGAAGTCAAGAATGACCATGTTCTTTTCTACTTGGAA
ATGCTCCAGCAGAGCAAATCTTGAAAGTCATTGCAAAAACATTGGTAAGAAGTGCCTT
AGATGTTTGTACTGGATAAAGCTGATGAAATGTTAAGCCGTGGATTCAAGGACCAGATCT
TAACTGCCCCACCCAGCCGAGACCTCGGCGAGACTGTAAGTGTGATGTTTGTACAACC
CTGGACTCTGTTCTTTCCACTTGGACTAATTATCCATTCTTGCATCAGTACCATACTTTT
AGCTCTCATCAATGGCCATTTGAATTCATTCAGAGCAATCCACTACTGCCAGACCAGAA

GATGAGTGGACCTGTGTGTCAGCCTAACCCCTCCCCATTTTGAATAAAATTATTCTTTGG
AATAACATAACCAAGTGGTCTTACAGTTGAAGTGTGGTTCAGGGCCAGTGCATATTAGTGG
TGGGATTGTAGAGGGGCATCAAATCTTAATGAACCTCACCAAGCTATTAAGTGACATAATG
TCTTTGTGAGGTAGGGTGGAACTTGCATCCTGAACATTAAGTTTACATGCCAAGGAGGG
CATACCAATGAAAAAATGTATATGCACTTATAATTTTCTAATAAAAGTTCTGTACTCAA
GATTA AAAAGATGCCCTCAAGATGGCTGTGCCTGTGAGCTGCATGGAGCTTCGTTCAAG
TATGCATCTGACAAGGGGCTAATATCTAGCATCTATAAGGAATTTAAACACAGTTACAGG
TGATGTTCCGCAACTACCTACATTGTTTGATCCTCATGAAAGCAGCACTGGCTGAGACGC
ATCCACACAATTCCAGTGGGCCCTCGGTGCCTGCTGTGAACTGCTTCCCTCGGAATGTT
CCAGCCCAGGGGACCCGTTCTCTTGAACCAGTCATTGCCTGTGGCAAATGTGTGTATGA
ATTTCTCCCTCCTGGATTTTTATCCTGCACTGTAAAGCATGGAGCCGATGCCCTTTTCT
CCGTGTTTCTAAATGAATACTTGACATTTGCTTGATCGTATATTTTTGCACAGCAGTG
TTATGGTCTTCATCCCTCCATCAACCTTAATCACATACTGCATGTGACCAGCAGGAAGAG
GGGTGGCTATTCTCAAACCTTGCCTCAAAGAACTCTATACTTAGTCTTATTTTTCTGAA
GAATGGACTATGGCTGGATTGGGAGTCCACTTCTCCTCTGTAAAGATGACAGACGAGGG
AAACGGTTTGAGGCCTTGCCCTGCTCCATCCAGAGCAAGGTTATAGAAATTCAGACAAT
CCGTCTTGGTACCTGTGTGCCACTTGCCAATGCAAGGACTTGCATAGTTACACTGACT
CCCAGGGCTTAGCACAAGCATGCTCAATAAATGTAAGCTCTTTTGTTCATTCAATTCATTC
CGACCTGACATTGACCTACGGGGACAGCACAGTGACTGCAAATGGCTCCTCAAGTTCGCA
TCTGAGGAGAAGCTGGAGCAGGTGCTGAGTTCATGAAGGAGAACAAGTGGCCATCATT
CTCTTAGATGATTACAAAGAAGGCGACCTTCGATTATGCCTGATTCCAATGATTCACCT
ATAATGATGGATTTAAACCACCCCGAGAGCATCTGAACTCTAAAACCAAGGGAGCACAAA
TGAATACACTGAGACCCGGAATCAGTTCCTTGATGAGCTCATGGAGCTTGAGATCTTCTT
AGCCTGACTCCTAGCCATCTTCTGCACCCCACTCTTTGTTTCCAATAAAGTTATGTCCTT
TCCCGTTCTGGGTCTTGCTCAAGAGAAATGAAAACAGAGGCTCACACATAAACGCAAA
CTCTTGCTGTTTTCAAGTGTGTGCTCTGGAACCTCCAAAATCTTTGTGTGACTAGACCC
TCCTACTGCTGTGAGCATGACTTAGGGGCGGCATCGGTGAGAAGCACCAAGACTGAGAAG
GGGCCCTGTCCAAGCTCGCGGACGCCGCGGCGTTTTCCAGCTCGAGTGCTCAGCCTAG
GGAGGGCTGTATTCACTGATCCTTAGTAACATGTTAACATTTATGAAGCACTATATATTG
GTGTCATTGTGGTCTCCTCAGAGTCCCATCGATTTACAGATATTAACGACTCCTTGGGAA
TATTGGCAAGAGCAATAAACCATGGATTTCTCTTTCCCAAGGACAGGATATCCGCCTCAC
TGGGATGTTCTCGGCAGACCCAGGCATATCCTCCTTTCATCCTGGAGCACATCATGGT
GTGGAACAACTGCCAAAAGTTTAGACCTAACCAATATTGCTTTCCTGAGAAATCTCTG
GACCTACTGGATGATGATGATAATGAAGATGGGGATGACCAGCTGGAGTTGATCAAGGAT
TTCTAAATACTCTTCCATAGGGGCATCTATTCAAATGCTTGCATGAGCCAATTTTCAGG
CTCAGGAGGAACTCTTACCTGGAAATTGGGAACTGTATGGAGACTCCAAACTGACTTCTT
AAATGGACCCTGCTTTTAAGGATGTACAAAAGTATGTCTGCATCGATGTCTGTACTGTAA
ATGGGACCAGATGTGAGCTGCAGATTCATGGCCTGTCTGTGGCAGACACTGGGGAGTACT
AAGATCAGCCAGATCAACCTGTAGAAGACCCTGATCCAGAAGATTTTGCTGATGAGCAGA
TGTGCTGCCCTCTACCAGAAAAGCGTGTGGACCCAGGAATCCAAGTGCCACCTGATTGA
AATAATGAGAGAGATTGTCTCTTGAAGTTCTCAGTGCCTGTGCATTGCTGCCACTACA
ATAGACTACAACCTTCACTGTTTCCGAAAAGCTATTCATGAGGTTTTTGAGGTGGGTGTG
ATGTTAGATGCAGTAGACGATACAGTTGCATGTGGACACTCAGTCACATTAACAACCTTG
TTTCGTTTCGATGACTCATTACCAATCCCCATGAACTTGTTTCAGATTTGCTCTGTTAG

ACTATAGGAGGGACTGGTTAGGAGTCTGCATTGCTTTGACTTCCCTCTCCTTGGTTAATA
AGTCTGGGAGTGGGGAGGGATGGCCCAGCCTGTAAGATACTGTATATGCGCTGCTGTAGA
AGGCCAAAGAAGAGAACGTGGGCTTACATCAGACACTGGATCAGACACTAAACGAACCTTA
CATAGTAAGGGCTCAGTAAATACTTGTTGAATAAACTCAGTCTCCTACATTAGCATTCTA
AATATTAATGTCTAGTTGTTCTATATTATAACCACATTTGCGCTCTATGCAAGCCCTTGG
GCACTTATACCCATACCATTAGCAGTAATTACAACATGTATTGTGCTGTATATGAATGGT
ATCTCTGTTGATGTGAAAAGTTGTCCAAGACAGTTGAGTCAAAAATATCAGTAAGCATAG
CCTCACGATGGAGTTTCATGCTTCATTTTCACATCTCTCTGCACAATTAGATTGGGAGCT
GCAACTTTCTTCTTTGTGCTCCAGGAACCTACGCACTATATATATAAATAAAGCTTAAGT
GACATCATAGCATTACATAAATCACTCTGATAACATAAGTGCACAGTAATATGCCTGATC
TCATGGTGGTACAGGTGTCCCCGTGGAGAAGAACACTAGCGAGACGCTCTATTCCCTCA
AAAGAAAAGTGGGAAGACAACAGATTTGGGAGAAGGAACTGAGGAGGTTTTCTCCAGT
GAGCCCAATGGCTAGAGGGCTCTGCTCCAAGTCATTGCTTACTACACCCACAAACATTCT
TCATTTGGTCTGCCAGAATACTGGGTTCTTAGTTGACAACCTAGAATGTCAGATTTCTGG
AGGATGGGGTGGCAGCAGAGGAATGTCACAGGTCAGCAGCCTAGGCCTCCAGCTATAAAT
CTAATTTCTGCTGTGAAAACCTCATCTTTTCAATTTTGGCGTGGATAGGCGCTTTTATTA
AGAGGGCTCTGCTCCAAGTCATTGCTTACTACACCCACAAACATTCTTCGTTCTTTAAGG
CAGCGAACCTCAGTCACTGACACTCAAAGAAGGAATTATTTCAACTCAATAATAAACAA
GGACTGCGAGTTATTGAAATTACCATTTATGAAGGCAGAGGCATGAGCCATGGAAGATAA
GCACACCCTTCTCTGGTTTTTGTATATTTATTGATGGATCAATAATAATGAGGAAAGCA
TTGTGCTCCAGGAACCTACGCACTATATATATAAATAAAGCTTAAGTAAACATCACTGCA
GTTTTACCAGCAAGTATTTGTTGCAAACCTAATGTCATTTTCTTAAGATGGTTACAGC
CTGAAGTTTTTGGTCAATAGGCTCTGTCTTCGTGAGAGACGGGCTGAGAGTCAGAAATAA
TTGAACATTTGCCTTTTTTCCCTCCTTTCCACCTCTCCAGAAAGGAAGACGGGAAGAAA
AGCAATCCATTATTTAATAACAACATCATCAATCATTTTGACAACCTGTATCCCAAGCAGC
GTAGGCAAGTAGCTCTGGGGCCACCTCAAGTGACCAAATGCTATTAATTTCCATCCTTTA
TGTTAGTCGCTAAGTATAGTAAAGTGCTTTTCTTATAGAACCCTTCTGACTGAGCAATATG
AGGATTATCCTTGCTATTAGTACTCATTTTATGTATGTTACCCTTCAGTAAGTTCTCCC
GTTACCTGCAGTACTGTGGAGTTTTAACATTTTGTCTCTTTTTCAGTGAAACAGAGTAA
GGCATTGGAGTGCAAGACAACCTGAAAAAGAGTGTGAAAACATTGTCAGATATAAAGTT
ACCCCTTTTCTTGCCAAAATATATCTCTGCCTTTGGTTTTATTTTCTTTGGGTCCAGA
ACCATCTTCAGGTATGGGATTTCTGAACGTTTCAAATTTCAATCAATGAGCACTGTCAAC
TACAGTGAAGTTGCCTGGACACCAGCAACATCCAGCTCTCTGCCATGGGCCTCTACCAG
AATGGAAAGGAAAGAAGTGCTCAGAAAGCTCCAGAAAGCATTGTTGGCACTACCAAAGCA
AGACGGTTTTAGGTCTGCAGTCAACCAGCTCTATTTTGTCTCACCAGCACTTACATCCG
GACCCATTATCCTCTGGATTTCTTTTATGTGAAACAATAAAATGTCTTGTATTTCGAGCCT
TTCCTGTTCCAGAAAAGGGGCTGGGATGTCTCCGTCTCTGTCTCAAATTTGTGGTCCACT
GCCACTCAGCTACCTAATTCCTCAATGACCTTTATCTAAAATCTCCATGGAAGCAATAAA
CAGAGAGAAATGATTTAGTTTTAGGGGAAGATCTAGGTGTGTGACGTCTAATTCATTAG
CTACAGGTTAAGGGCTTAAATCTCAACCTTTGTGTTAGGAGTAACAGGAGTGTGCTGAG
ACAGTACTCCAGCATTACCTTCGACGACATACTCATAGGTCTTCGGAATCGGATCATT
GGTCGAATAATTCCTCTAGATGAAAGATCAGTTTCATTTCAAACGAGAATAGGTTCTT
ATTTAGCTTTTTATTTAAGCTTTTTGACAGTACATGTAAAATATATGATTATAACCATTT
CCAGTGTGAGAGACTTGGGATGGGAAGAAGAGTCGGCTCCAGTGTGGTCATGAGCAAGT

TTCTTTCAAGAAAGAAAAAGAAGCCTGGAATTGTCAATCATCCTTTCTGGGACTTGGTAG
ACCTGCCTTACCTTTCTGAGTTGCCTTTAGAGAGATGCGTTTTCTAGGACTCTGTGCAA
CTAGCCTATGCAATATGATAATGGGACTGACCCTTATCACCTGTGCACTTGGGCATATA
ACCAACCTGTGTGTCATCCATGCCAAACGGGTACCATCATGCCTAAGGACATCCAGCTG
GGCAAATGAACTCCATTACAGTAGATAACTGTAAGAAGCTTGGTCTGGTATTTGATGAC
TGCTTTTCATTGTGTCTGAAATGTGAGCCACGTAGTGTCCGGCCTGCTGTGAAGTTAACAT
TTGAACACTTCATGAGGAGGGACATTCCCTGATATAAGAGAGGATGGTGTGCAATTGGC
GTGATAGACTTCGGGCCTTGAAAAGCAGAAGACAATCCAAAACAAACGCTATTCCTCTCA
AACCTGTACCCAGTTCTTCAGGCTGATTTCCCTGACCTCTTGGGCATTTGTATTTGTAGT
GACATCAACAAGACGAGGCAAATCGCTCAGGAGATCATCAAGGGCATGGGATATCTTCAT
GAGTGTGTAGCCACTATTATAACTGGAATTTAATTTACATTCATAAACTACTATATTTCC
GTGAAGACTATATTTGCTCACATAAATTGTGTCCTTATAACAGAAAAAGCTTCTTAGGGC
CTGCTGCAAGATAGCAAGCCGACAAGGATATGGAGGCTTCAGAACCAGGTGAAGGCTCG
GCAAGAATTGGAGAACTCACACTGCGAAAAGAAAACCTTGGGTGGCAGTGATTTGAACAC
CCTGCTAGAACAGTCTCTTGAGGCACAGAACTCCTGTTTCATGCCATAACCCCTGGCCAA
GTGAGTTCTGACAAGAATGAAATTCACATACAACATAACTGTAAATTGTTGGTAGGTAG
AGTATATCAGAGATATTTTTGGAAAGGAGTTGGTCTATGCAATGTCAGTTTGAATCTTC
CCTCTGGCTTTTCATCCTTTTCGATGTGGTGGTGTCTCTTTGTGTATTTTTTGCCATG
TCCACATATACTTCTATAAGAGCGTGACTTGTAAATAAAGGGTTAATGAAGTGTGTGCCTC
GGAAACATTCTTGAACGATTCTCCGCACAACAGTTCCTGACTTGCACTCTGAACTAAAC
GACTCTCCAGGGTAGAGAATGAAGGGTATGGAAGTAGTCCGGCTTTTGAACTTAGGTAT
CCTGGTGGAAATATTATTTCAACTGTAGTCTTTCTATACTGTGGACTAATGAAATGGTGT
CGACCTCTCACGTCTGCGTCAGAGACAGAGTCTGACTTCAGGCCAGGAACTCACTGAGAT
TGCTCCACGTCACAAGAACCTGCATATACATTATTCATTAATTCAGCCTCCAGGAA
TGGAAGGACCTTCCTGGCTTTCCCGCCACGAAGACCTACTTCTCCACCTGGACCTGA
GGAGGAAGTAGCCAAGTGTTCATGACCCTCAACAGAAATTCATGATGAACTGGTAA
TCCAGGGTTAATAAAACTGGTTAAAAAATTGAGTCTTTCCCTGAAGTAAGTGCTCTTTCC
GCTGGGTTGTCCCCCAAACATATTTAATATGTTATTTAAAATGATTTTACCCAAGCCT
CTTCTTTCTCCCTGGTACAAACGTATGGAATGCTTCTTAAAGGGGAACTGTCAAGCTGGT
TCTTAAAGGCAACATATATACAAAACACTATCGCTTACGGGGCATTGGCATGTGGAATGCA
ATCATGTCATTGATGAACTGCCAAAGTCAGGGGAGGAGGGCAGAGACTTTGTGTTTACAT
TGAGACGTCACTGGGACTTATCTGTGGAGCCTGGTGTCCAGGATGTGGCTTCTCATGA
AATATGTGTTTAGGATTCGCTGTATGAAGGAAGATGGTAAGGGATACTGGAGTGAAGTGA
GTAGAGTGACATTAAGTGTGCCTTCGATTAATAAAGTACTTTTTTTCGCTGTTAAATTCAT
GCGTGATGTTCTTAGCCAAAGACGGTGAGACAGGGCTGAAATCAGGTGGCTTCTGCCA
TGGAGTTTTTGCTTTTATCGATGTGTGCTTCAAAGAAACCACTTCAGAGGCAAGAAGGC
GAGTTAAGACATGTTCAAGTGCCTAGAACAGGATCTGGTACAGTGTAATAATCAATTTTT
CTCACTCACTCTTTCTCTCTCTCTCTCAAGGAAAGAGAGATCTAGTTATTTAAAATTA
CCGGACTGACCTAAAACTAATTGTCGAGAAGCCAAGGGTGAGGAGGCAGGAAGCACCTC
GCTTAGCAAGGAAACAGTGCAGGAAATGTAGGTTACCAACTAAGCAGCTTTTGCTCTTAG
GGGTTAGCCTGGAGGCATTTAGGCTGTCTTCTACAACCACAGAAGAGCCATCACTGGCA
CTTTCTATGCAATGTTCAAGATAAATGCATACTGCTGGCCAATCAGTGTCTCTCCTGGG
ATTCCTCTCAGGACCGTGCCGGGTTTATCATTGCTTTGTTATTTGTAAGGACTGAAATG
TGAATAAGCAGGTGAAAGCCATCAAAGAATTGGGTGAGCACGTGACCAACTGTGCAAGA

GCGCGCCCCACCGCGGGCAGCCCTTGGAGCCTCTGCAGCCGGGTCCTGCGCCGCTGCCGC
CTGCTAATCATATACACAGTAGAAAAGACACATGATCTGGATTTTCTGTTTGCCACATCC
AGCTGTACAAATGCTTTTCTTCTGTTTCGACTCAATTTACGGGGCTTGTATCTAAAGCAAA
GTCAAGCTGGCTCTCTGGTATGATGACCCCACTCATTGGCTAAAGGATTTGGGGTCT
CCCCACTTAGTGCTGGTCCTAGGTCCTCTGAGGCACTCATCTACTGAATGACCTCTCTA
GTTCCCATTGCTCAATAAATGTGGATCATCAGAGACATTTATGAACAATGACAGAAGAAA
AGGGCATGTCTTCTTATTCCATGTGACAGTGGCTGGCTGAGTTGCTAGTACGTTTTTGAA
TTCGACAGAATGGGAAGAATTCTTGATCAGCCATATGATGTAAACTTACAAGTAACCTCA
GTCAGCATTGTTGGATAGAAATGTCACCTATATGGGATTTGCCTGTTTTAATAACTTTGT
GTATGGAAACAAAACAATCTCCACCATGAAAAGTATGATGCAGTTTCAGGGTATGAAACGCAA
CTTTGTCAATTCTGGTGGAGAATGCTTTGCGAGTGGCTACCATCAACACAGTAGGAGATTT
AAGACAAGAACTTTCTTCTTTACAACCAGCGCTCCAGATAACCTCAGGGAACCAGCACTT
TTCTCCAGTGACCGAACAATTAAGAATATGCCAAAACATCTGGAACGTGGAACCTTCA
GGTTTTTAATACTCAGCAGATTGTCTTCCCATATTGTGTCTTTTTTATGTTGCATGTTGC
TCTGCAGGGAACCTGGCCTGACTGACATGCAGTTCATAAATGCAGATGTTTGTCTCATT
AGGCCTGTTTTTCAGCTTCATCTGCAGTTCATGTGAAGATTGATAAATCAGTTTTTAC
AACAGGAGGCCATCGGCTATGAGTACTCCGAGATCAACATCCCCAAGTGAGAAACTGCAG
TAAGTCAATTCCTGGAAGTTGAGAGAGCAAATAAAGACCTGAGAACCTTCCAGAATCCGC
CTCTTGATTGGAGCTTCCGGTATGTGATGACGGTATGTCATGTATGCATGGATGTACTCA
ATTATTATTATTTGCAGTCATGGAGAACCACCTACCCCTGACTTCTGTTTAGTCTCCTTT
ACCCCTGGGATAGAAAGACCCTTAGATGTCTTCTCACGCAACCCCAAACCTCCCTGTACAG
ATGGAAAACCTTCTCATTGAACATCCCAGCATGTCTGTCTATGCTGTGCATAACTCCTGC
GGTGATGCTTTCTTAGTATTCTACACAATAAGAAAAGACAAAGTCTCGAGATTCTTATG
AGCTGATAGTGTTCGTTAAGCAGTACATCTTGTGCATGCAAAAATGAATTCACCCCTCC
GTGACTTTTTCTTCTGTCCCCAAAGTGCCATATGCTACCTTAAAAAATATTAAAGTGAA
ACCCAGTTGCAGAGATGAGTGGTGAATGGTGTCTGCATTAAAATTATTATCTGGAAAAA
GGTTCTAAGTCCTTTTTAAAGCCATGGAACAAAACCTGATACATCACCTAACAGAGCAT
GAAAGGCATGGGATTTGAATATCCATTCTTTTATTTAAGGAATAAAGACAAGCCTAGCT
CGCCTTAATACCAGAAATGATTAGAAGTGCTGATTTAGATTCAACAAATACCATATGTCC
CTCAATACTCTTCTTCTCTGTAACAGAATATTTACAGACGTGCTTAGACAAATGTTGA
CCATATTGAAGCAGCTTGAGTTTCTACTGAAAATGAGCCCGAATTATTTCACTATTACTG
TGTGACTTCCCTGACTACTACCTTCATATTTCAATTCAAATTCAAACCTTCTGAGGTTGCA
ATTTTGGGGTAGCAGGTCAACTTACAGATACCATGGCCAAGCGGAATACAGTGATAGGAA
CTATGCTTTTTCTGTGGTTCCATTTCATAGAAAGATTTGGGGCGATGTTTCTTTTCCCTT
TTGCCAGCATTTTTTGAAGTAATACTGCTGCTACCTGGAAGATGTCTAACTTCATTTT
CCACCGCTTAAATCGGACTGGAACCTCACTTGATGGGATTATTCGTTAAATGCGAGTGTTT
AAAGTTTGGCTTTTATGATGTGGATGATGTGAGCTTCATGTGTCTTAAATCTACTACAAGC
TATCCTGTAGTGAGTGCCGTCTGGGGCCACTGTGAGATCCGAATGCGCTACTTGAACGGA
TGAGGATCTGGAAGCAGATGAAAACGCCTTTTTGATTGCTGAAGAAGAGGAGCTGAAGGA
TGACCCTCCTGCAGCTTGGACCTTTGACTTCTGACCCTCTCATCCTGGATGGTGTGTGGT
GTATTAGATACCTGGGTTGAATACTTTTAAACAGCCCTAGATCGATAGCCCTAGCCCT
TCCTCAGAGTCTTCTTAATCCTATGGAACAAGAAGCTGCCACTGAATAGGGCCCAGTAT
GGTAACGCTATGAATTGAATTGTCTGTTCTAGGACTGGGCACAGATTTTCCATTAAAT
CCATGTCACAATAGGCCAGGGGAGTTTCAAAGATGTGGGTGGCAAATGCCCTATAGAA

TGTTAATAGACATTTTTGCATCGACACTTCAACATTAACACTTTGAAAGTCATGGTCTGG
AGAATTTCTGCTGGCCCTCGGTAGTCCTCTGCCACGTCGGTGATCCGGTCTCGTTCTC
CGCTTATGATTTCAATAGTCAAAGTCTGTGTTTGTGATGTAAAGATGTTTTGAATGGC
AGTGTGCAGAATCTGAGAGCAATGGTTTTACTTCTCTGTGTTAATTGTAATATTGACTC
TGTATTTTCCCCTCAAGATTATCAACTGTGTGTTGACAGTGAATATTCAATCTGGTACC
GAACTCAAGTCTTACGCTTTGGGAGTTCTTTTTCTCCTCCTTCGTTTGTGGGCTTCATC
GTTTAGCTCTTACACTCTATCCTTCTAGAAAATGGTAATTGAGATTACTCAGATATTA
TGGACATTCGAACAGAGTTCAAGAAGCATTATGGCTATTCCCTATATTCAGCAATTAAT
CAATGTACATACCTTGTTATATGCAGACATGATTTCTTACGTACACTGTACTTCTGTGT
AATCTGAGCAACTTTCTTCTTTGTGCTCCAGGAACCTACGCACTATATATAAATAAAG
ATTGCATGGAGAGGTTGATATGCACCTGTACAGTAATCACTCCCCATTTACATCTTT
ACCATGTAATGGATTTAAGAATCTGTTAGGCCTTCTTAGCCTTTATACATGTCCCTACC
GCTGATAAGGACTTTTCAGGTCAACAGCTGTAAGTCTAAATGAAGTTAATACTCTGGAAA
TTTGAATGGTGAAGCCTAACCACAATAAAAGATCTTTGCCTAAGTTTTTGATTTCCC
AACTATAGGTTTTGGTTCCACAATCTCTACGACTAATCACCTACTCAATGCCTGGAGACA
TTGATGAGATATATTCACATTTGGTGTGGAAACGACCACATAGCAACGTGTTGGTTTTT
GGTCTGACTCAAACCCAGTGAGGGGGATGTTTTCCAGGACAAGTGAAGAGAAAATAT
AATTCAGTGTGTAGCTTCAATTGGGATAGTTCCAAAAGTGAAGATTTTGTGAGGAATAAG
TTGATTCTGTTGCACATTTGCACTGGTTTATGGCGATTGTTTTCTTGGACGGATAGTGT
ATGAGACAGGGTAATGAAAACCTGGGGAACCTGGTAAGTTTTTGCATGCTACAAGATTTTT
GCACAAGGAGGTTGAACTCATGTTTCAGTTCGCGAACATTGACTCCTTACGAAAGTCACT
GATGGCAAACCTGAATCCTACAAGTATAGGACCCAGAACATATCTATGTTATTGTCATTTA
TAGTAATTGATGGGCATCACGTAGCTGGTTGCTGGAGAAACACTGAAGCAGAACCTGTAA
TCTACAGCGTGTCTACCTGCTCAAGGACAAGGGGGAGTACACACTGGTGGTCAAATGGG
AGAACAGGAAGCCACCCAAATAGCTCTCAACCCCTTATAGATGGACTACTAAATGGGAAA
ACATTCAATGCATGGATCAATCAGTGTGATTAGCTTCTCAGCAGACATTGTGCCATATG
GTTGAGGACTTTTCGACCAATTCAACCCCTTGCCCCACCTTTATTAATAATCTTAAACAAC
TAAAGCCAGTATTATAGGACACTTCTCAGACTGAGAGCCCAATGTCGTTGGAAACCACTG
ATATTTTCTATTACAGACCTCAGGGCTATTTTGGGACCTACAAATAAATGGGATTCCAG
GTGGATCTCTTAGTTGGTCACTTAATTCTTTCTTTTTCAGAAAGATAGTATGTTCACTGG
ATGTCACGAAGTTCACCTAGCTGGTTTTAAATACAACTTTTCTGACCTCAAGAGTCTTTT
GTCCAAACAAGAAGAACGGTCTGTTGCTATTATTTTAGGATTCAACTCAATAGCTGATAA
GGCTTTCATTTGTATGTAGCTGTATGTTTCCGTCCATTTTCTTAATCCTGAACCTGTAT
GGTTGGGTTGATTGTATGTTGAGGATCTATTAAGTACCGTATGATGAGGCCAACTTTTTT
AGTACCAGGAGGTGATGAACTCCAAGCTAGGCCTGGATATCGAGATCGCCACCTACAGGC
CTAGAAGGGGAAAAATCATCTAAGTTATGAAATCCAACATAGGCGCTATATTACAAACTG
AGGCGTGTGGGAGAGCATATGGAACATTCTTCAAATGCATTTGGTCATAGAAGCCTTTA
AGGGCAGCAGTTCACCTCCCGGGATGAAGATCCCTACTGTGTGGCCTGTTTTGGAGAACT
ATTCCTGCTGCCCCAGAACATAGGTCTTGGAAATAAATGGCTGGTTCTTTTGTTCCTCAA
CTATGTACTGAATTTAGAGGTTGAGAATAATAGGATCTGTGTTATTCTTAGTACCCACTG
CTGCTTTGTTCACTCTCTGTATTCAAATTAACAGATCATGCTGAAAACCACTCAAACGA
TATGCTCAGATATTCATCGTAAGTCTCCCTTACCTGTTACAGAGTTTCAGATCGGTCAC
GATGTGTGCGGAGGACACCCACAGGGAGAAGTTCTGCTATGAGCTAACTGGAGAGCCCTT
GTCAAGTATATTTCTACATCTCTTAATGGCTGCATGATATTCCATCATATGTGCCACATT

TTTACTTCTCTAGCTTACAATGGACCTTTTGAACCTGGAAAACACCTTGTCTGCATTCACT
TCACCCTGCATGCTAGGAGATGGACCTGTCTCTATACAGCAGTAGATGATTGATAAGTGA
ATGTACTGGCTGTATGCAATATTTCTGTTGGATTTGCATGGGTTCTCTCTCTAGAGCAA
GATGGGGGACCTAAGAGCAAGCGAGGGGAAGACGGGCTGGCTCCGGTAGATTGTAAATGA
GCATTTGCACACTTCCCAACGCAGTTCAAAGCAATTTGAAATAAAGTCGTTCTCATATTC
AAGAAGTGAGCAACTTAAGATTGTCACAATTAATCACAAGTGTACAGGATTAGACTGGGT
GTGTCTGTCACTTTCCATGCATAAAGTTTGTGAGATGTTATATGTAAGATCTGATTTGC
CCCTCCCTTCTTTTTTAAAATTCTTGCCTGTCTTGCCTGATTAGGAAAGAATATCTTT
TGTATTGTTTATCTGGGTTAGGGATGGGGGACAGATAATAGAACGAGCAAAGTAACCTAT
ACCAAGAGATACTAAAATTGAAGACTTTGGTACAGTACCCAGATCTCGCTATCCATTGGT
TCACTCAGATGTCCTGAAATTCACCACGGGGGTACCCTGGGGGGTTAGGGACCTATTT
ATGATTATTCTTTGCTAGCCTCTCTTACTAATGGAATTATATACTGGCCAGTAAAATGGG
CGGTCTATTGTAATGCAGATTGTAAATGCACTAAGATATCTCAATGAGATCAAACCCCT
CCCAGGCCTTACTCATCCTCTTGCTTATAGCCATGGCTGTGTTCCCTCTGAGGGCTGAGA
TTCTGTCAATCACGGACGCATCTGGAGACAAGTGAGAAACAGTAGATTGGTGAAGACAGA
TTGCCTTGTGTATTCCACTTAAAACCGTAATCTAGTTTGTAAAAGAGATGGTGACGCATG
CCTTACCATTAGTCTCAGAAATTGTCTTAAGCAACAGCCCCAAATGCTGGCTGCCCCCA
ATGACTGGCATCTGGAGATACCTAACTAATGCATATAGTAGGGACGAGTTCATCAATACC
CGGATGAAGAAATCTAGGTTGTTGGTGTTTTTCTTTGAACACCTCTTCTTGCTCTTCGAT
GGTGAACATGCTTAAAATACATTCCCTGGATATCTGACAACGTGTTTCTGAAAAACAGA
ACTGTCTTCTTGGCACTTTCAGGATTTCTTAATGCTGATATATGGACTCTTAGAATGGAA
TCTGTATGTGTGTTTGTGCATGTGTGTGTATCTGTATGTGTGCTTGCATGTGTGTGTG
CCAAAGTAAGCTGTCATTTTTGGCATGTCATGCTAGTTAAGAACAATGTATTTATAGC
CTGCAGTCTGCGCTTTTTACCAGTGAAAAAATGTAATTTTTCCCCTCTTAAGGATTA
AATTA ACTGTTGCATGAGATGTGGGGTATGAGAGAAGGCCTGAGTACCTAGAAGGATTGG
TGATTGAACAAAATACCAAGTCTCCCCTCTTCATGGGAAAAGTGGTGAATCCCACCCAAA
TTCCTTCAAGATCCTGGCTGGGGACAAGAACTACATTACCATGGACGAGCTGCGCCGCGA
GGACCACATTTTACAAAATGCCTTGTTTCTTCATTGTTTCTGGAAAGGAAAGTTCTATT
CTTGTTCTTACGGTTCTGCAAGATGTCCCAGTAAGAGATCTGAAACCAGCCATAGTGAA
CTCCCGTGCAGGGAGAGGAAGCACCCAGTTTGTGAGAGTGTACCCAGCCAGACTGTCTTTAT
CATTGAGACACATTACCTGAATGAGCAGGTGAAAGCCATCAAAGAATTGGGTGACCACGT
TTAGCTGTTTACCTACTTCTGGAAAAATAGTAGCTCTCTGTAGCATTACGGAGTTTCAG
ATTGTGGGTGATGACGTAGGACATGTGCTTGGTACAAAAAGGGCCTGAGACATTCCACCT
CAGGGGAAGTGTGACTGTAGCTTTAAATAGTTTAAATAGTCCTTCAAATACGGCAAATAA
TTGCCTAGTTCTGTCCCACAGATTTCCAATAAAAGGTGAATAAAATCAGGTCACTCTTCT
ACCCTGAGACTCCCCTAAAGGCCAGAAAGGTGCGCTTCTCCGAGAAGGTCACTGTCCATT
GGGTGACATTTGTAACATTTCTCTTTGAGACTCTGAGTTCACCTAGAGAAGTCTAAGCA
CCTCCACCTCCTCAAGGGGGCAGACCACACAGACCTCCCCAGGGACAGCCTCCCCAGTAA
AAGTGTGTGTGTGTGTTTCTTTTTAATCTGTAATGGTTTCTGCATTTTGAGGTAGAAAC
GCTGCATGTTCTGTGCTCTCCAGTTTGTCCCTTCCAATATTAATAAACTTCCCTTTTAAA
CTTTTGTGAAATTCACACATGATCAGATTATGCGACGGTATGGGACAAGGCCAACAAAGCT
GAAGCTCTTGAAGACACTGAAATATACACACAGCAGTAGCAGTAGATGCATGTACCCTAA
AATGTGCATATGGAATCAGTGTATCCGGGCAGAGAAAGAGTGCAAGATAGAATCTGATG
CGCACTGTATTAATGTAACCTATTTAATGAAATCAGAAGCAGTAGACAGATGTTGGTGC

GCTGCAGAAAATGAAGGAATCTTTAGATGACGTGATGGATTATCTTGTTAACAACACGCC
GCAGAAGGGACTTCACGAAGTGTTGCATGGATGTTTTAGCCATTGTTGGCTTTCCCTTAT
TGCTTTTGTTCAGGGCTGTGATCGGCCTGGGGAAATAATAAAGATGCTCTTTTAAAAGGT
GTTGTTTTGGTTTCGGACGACCCTTGCTCTGACCGGAAGAGAAGTCCCTATCCCACACCT
GAAAAACAAAGCCCAGCAGGTACGATGGTGATTATTATTGTTACTGGTGGCGCTCTATTA
ACGTTTGTTCAGAGGAGGGTTAAAAATGGGATCCTGTAAGCAGACTTGGGCAGTCT
TTCTGAACCCAACAACGAGAAAATGTCAGATCCCAATATGGAAGCTAACAGTCATTACG
CCCTGGATAAGGAAATTGAGATCCGGAATGCAAAGCTGGACATGCCCTACGAGTACCTGC
TCTCAAAAGTTCTTTGGGACAAAACAGAAGTCCATGGAGTTATCTAAGCTCTTGTAAGTG
TGCCCAATTGCCAACTAAAGACATCAGTTCATTGGTCAAATATTTGTTACCTGGAATGG
GCCAGCATTATGATTGAAAGTTGGGAAAGGAAAGGAGTTGTGTTTTAAGCAAATTTTAAG
CAATTCCTATAATGCACATACTAACTTTTAAAAATAAAGGTTATTTTAAAAGCCTGTA
GGCGTAGACCTGTTTTAAAAATAATAAACCGTTCATTTCTCAGGATGTGGTCATAGAATA
CATGATAGAAGACAGGCAGGGATGCCACAATCATAACCATGGCAAAGACCAGGATCAGAA
TTCACAAGCTCCTGGACGGCTGGTGGGTCATCAGGAAAGACGACGTCACAGGCTACTTTC
CTGAAAAGTGAGAGGTAGTTTTGATAGTAAAAATTTTTGGTTGTGCCTAGAATGGCTTGG
TTGTATGTGTGTCTCTGTGTGTCTCCGTGTGTGTGTGCATGTGTATGTGTCTGTATGTGT
GGATTGGCTTTGATAGAGGAATGGGGATGATGTAAGTTTACAGTATTCTGGGGTTTAAAT
GATGCAGTACTTAACTTTCCCTGGTGTGTGTAGATATTGCCTTGTGTATTCCACTTAAAA
GACAACCCTCCACACAGAAATCGTGGGGACCTGGACCACCCAACTTGGCAGAGTACACA
AAGGACCAACAGAAATCTGTGATAAAAAGAAAGACTAAAGAAATTTTCTAAAGGACCCC
CTCCGCTACTTCCAGGGCTACGCGCGCTCCGCGCAGCTCAGGCTGGCACCGCTGTACGCG
TGGATAAAACGAAGTTCCTTGTACCTGACGTTTCGAGACGTCAACATGAGTGAGTCTCATCA
AGAACTCCAAGATGAACTCAGACAGGAACGGGAAGCAAGACAGAAGTTAGAGATGATGAT
TTGGACTATTTAACAGAAACCCAGGCCAAGACTGAAGTGGAAACCAGAGAGATAGGAGTG
GGTCTGCCTTCCCTTGTCTTTTACATGGCCAGGTAACCTCCCCCTGCTGAATACAGTGTT
ATGTTTCATCATCATCTTGTTTAAGGGATTTGCCACATACATGCATATGGATTTCCAAAG
CCCAAATGCCTGAGACTGCTTGAAAGATATATTTTAAAGTGGTGCCTAATTAGTGAATAT
TGAATTCGCAAGCGCACTAGCATGTGATATTAGGGAGTTTGAATAAATTATTGAGGCTG
CCCCAGGATACAGGGTCAAAGGAGAGCACACCATCGCAGTTGGAAGCCCATGGGGCAG
TAAATAATGACATAGTTCCAGTTGATGGCCAAAGCCACAGCTAACGAGAGGCAGAGAGAG
TTCAATTGAATGATTTTACACAGTGGCACAGTTTCAGGTATGTTGCTAAGCAGGAAAGTT
CACTTTACCTTCCCAAATTACCCAACATACGGTAAACAACATTTGTGCAGAAGTATGT
TGATCATGGAAATTAAGAGGAAGGGGCATCAGAAGAAGGGCAGCACTTTCTTCTACAG
CCCAAACGTGGTTACATTAGCCATTCATGTATGTCAGAAGTGCAGAATTGGGGCACTTAA
GTCCATCACATAAAGGCAAAAAGAAGTGGTGCCACCTGCTTCTGACTTTAGTTTGTT
AAAGCCAAGCATGATGAGCTGACCTATTTCTGATCCTGACTTTGGACAAGGCCCTTCAGC
GATGGTTCGTGTTCACTGACGCTTAAAACAAGCAAATAACACAGATGATAATATGCTA
AGATCTGTTTCGTGCATTGGAAGACCCCAAGCTTGGCAGCCGAGCTCGTGTATCCT
AGAATCAGTCTGGGTATTGATTTCTTTTCCAGTGACTGGCTCCAGGCCATGTCTAATGA
CCTCTGCATATATGTCTCTTTGGAGTTGGAATTTTATTATATGTTAAGAAAATAAAGGAA
CCTCTGAACGATCACTGGTTTACTTTCTATGGATACATCTCTCCTCCATTGAGAATTGAT
GCGGCTGTGTTTTGTACGAACCGATATTCAGCAGAATAAATCTGAGCACTTTCAGAAAAA
GATGAGATAAGGAGAGTCAGAAACAACTTATAGTGATGCGTTGGAAGGTTAATCGAAAC

AAGAGTGAATGAGCTCCTACTTCGCGAAAGCAAACAACTAAACGCATCAACCACGACC
CGTCTTTAAAGGGTGGAAGTTCTGGAGAGAGTCACTACATAGATAATGTGAGGAGGATCT
TAAGAAGAAGATGATACATATTCCTCTAAAGTCCCAACAGGAACCTTTTCCCCTCACTCC
GCTATTCCAAAGATTTCAAGCTGTTCTGAGACATCTTCTGATGGCTTTACTTCCTGAGAG
AGTAAAGAAGGCAACACATGGCACGCTGGGGAAGTCTGTCCTAAAATCCACACAGTTTTA
CCTTTTGGAGATAAGCTTTCCAAAATATGCGTATGAGTAAAATTAGAGAATTCCACCAC
TAATCATTGTGCACAGAAGCATCATTGGTAGCTTTTATATGCAAATGGTCATTTAGATG
AAGCCAAAAGGATTTAAAACCGCTGCTCTAAAGAAAAGAAAAGTGGAGGCTGGGCGCAGT
GTGGCATCCATTTCTAATGTATGCATTCACCAACAGAGTTATTTATTGGCTGGAGATGG
GCTGAGGCCAAAGTTTCCATGTAAGCGGGATCCGTTTTTTGGAATTTGGTTGAAGTCACT
CGAACAGCTCCTTACTCTGAGGAAGTTGATTCTTATTTGATGGTGGTATTGTGACCACT
TCCCGTCGTGCGTTGGCTCAATGAACAGAGATACTACGGTGGTGGCTATGGCTTACCCA
TTTTCTGTAAGACAATAGGCCATGTTAATTAAGTGAAGAAGGATATATTTGGCTGGG
CGATCTATAAGGACATGCTGGCCAAAGCTATTGAACCTCAGGAAACCACCAAGAAAAGCT
GGAAGGACGCACCCTGTTATGAATCTGATACTGATATTTATGAGACTGTGGCTGCTGCAA
GCATTTTAAAGATACAGTTCAGAATGACACATTGTAGTGGCAAAGATAACCAAATGTCTG
AATACTATTACGGGAGTGAAGTCCCAGGTTGGGTGTGAAGCAGAGTTGTTTAGAAT
AGTGTTTATTTTACAAAAGAGTAGGTACTCTGAGAGCAATTCAAATCATGCTGACAAGG
ATCATGGACCTTCTGGTGCAGTCAGTGACCAAGAGCAGTCCTCGTGCCTTAGCTGCTAGG
GCCAAGTGCCACCGGAGCCTACCCTGCCACTGGCCCCTATGGCGCCCCTGCTGGGCCACT
CTAGTGGGACGTTTTATCCTTTTGCTATGTTTTGTTTGTTCCTTTGTGGTACAAAAGTT
TGGCCTCCCACTAACTAGCATTCTTTAAAGAGACTGGGAAATGTTTTAAGCAAATCTAG
TGGACACGAAGTGATTTTTGTAACCTGAGCAGTTAATGAATGTGCCAACATTTTCTAGGA
AAGTTTTCTGCTGTAAAGAAAGCTGTAATATATAGTAAAAGTAAATGTTGCGTGGGTGGC
AAATGCCATGCGGTTTTTCAACTTCTCATGGAGGGTCACTGCCGATCAGCTCAGGAAAGC
CCATGGGATTGATGTGAAAGTCAGAGGAGTTAATTTCTAGAATGGTGTCTGGCATGAAG
AAGTAAGGCAATGATGGTAGGGATGGAATATAAAAAGCTGTACCCCTATCTGACATCTT
GTTCTGTTTGGATTAGACCATAGTTGACCCATCTGGCATTGCCAACGAAGCCTTCATTA
GTGTCATATTAGGTTAATAAGGCTGCTGTGTTTTAAAGGGCATTTTTATTTGGGTTTTGG
TAATTGGATATAGGCCAGGAGTGTGATTGGACATACGTGTGTGTGTGTTTCATTAATAAT
ATGTGTGATGTCAAATCAAAGTGAATGAAGAATGAGATTGAGTATATCTGTGGTGACTG
CGTATTTATTGTCAGCTCTTTAAACAAAAGCACTCTATGAAGTGTGACTTTACAGTC
GCAGTAATTCTCATGTCCCATAAAGCAGAGCTGTCACAGTGTGCACTACCTTAGATTGTT
TGTTGGAAAAGTTCTGAAGAAGAAAGTTACTATCTCTGGGATGTTTACTGCTTCTAATG
GAAGGAGAGAAGCAATGGCAGGTACCATTGGTATGACTTCAAAGAGACATTATGACAATG
AATCTCAAATATGGAAAGCACCTCATGTGGCTAAATATTTTATGATGACCAAGTTTTCTGG
ACCCATACACAGTCTTCGAATACATCGAGAGTGGGATCATTAAATCCCCTGCCAAGAAAA
GGCTTCTGTGAGCACCGTGCTGACCTCAAATACCGTTAAGCTGGAGCCTCGGTAGCCGT
TAAACGATCCTGTTAATTAACACAGACACCATATATCCTTCTGCATCCTTTGGCCAAT
TTCCTGGCTTCTGTGAGCACCGTGCTGACCTCAAATACCGTTAAGCTGGAGCCTCGGTA
ATCATGGAATTCTGGAGATGGAAGGGACCTCAGAGATTTTCTGGTTCTCTGTTCTGGT
AACAAGTTTAAATTGTGTTGCTGATCCAATTCTGTACTGTTTTGTAACCGAAACAGGAAG
AGAAGAGCTTTGAGTTGGTATTTTTCTGTGTATAAGGGTAAGTCCGAACCTTCTCAGA
ACATGCTGACCTGATAACTGGGGTGTGAGACCAGCTTTGTCCATGGTATGATGTTTAT

GTACCTTGCCACTCTTTTAAAACGCTGCTGTCATTTCCCATTTCTTAGTACTAATGATTC
AAAGTCAGCATGTTTTAACTTTGTTGTTTTACTATCCTCAGGCATCCATTCCAATCAAGA
ACGAATGTACTACCGAAGGAAAGACCACAAGGTTGGGTATGAAACTTTCTCTTCTCCAGA
CAGGTCAGAAGAATGATGGAATGTTTTAGAATAAACTCCTGCTTATAGTATACTACACAG
TTATTCCGGTGGTTGTCCTGCTGGCCATTGCCATATTTATTCGGTGGAAAAATCAAGGG
ATGTGCGTGTGTATCTTTGTGTGTAAGTGTGTGTTGGAAGTTCTTAGCAAGGCAGTGTA
GTATGTTGGTGTGTATGTGTATGGACCAGTTTGTGTTGTGTGTGTGTGCTCATTTTG
AATCCGAACCTCCTCTGTGAAGCATTGAGACAGAACCTTGTTATTTCTCAGACTTTGGA
AGGATACATGATTGTGGGCCTATATATGACACATGACAAATGTCCCTGTCACAGGACTCA
TGCAGTGGGGTTTTGCTGCAGAATTCCTGCATAGCAGGAGATGTAAGCAGATGAGTTATT
ATGCTGCTGCTAAGCAAATGAGGATTCTGCTAGTGAGGATGAAAGGAAGAATGTGTAAT
TAGATCTGGGATTATGTGGCCTTAGGTAGCTGGTTGTACATCTTCCCTAAATCGATCCA
CTGCTAAGATAGATGAGCCATCTGTATGCTCTGACAGTTACAGACTGAATAAGTTGGAGA
TTTTTTAAATCCTTGAGCTTCTGGTTCCTATCAGTTCCTGTTGTTAATCGTAGAACCGT
ATACATCATACTTAACTTTACTAAGTAATCTCACAGCATTGCCAAGTCTCCAATATCC
GAGAGGCCTCGGAGAGAGGGGAAGCCGCGGAAGGAGAAGCCGCGGAAGGAGGAGAGACCT
TGCCACTTCATTTGTATAATCACAGTTGTGTTCTGACACTCAATAAACAGTCACTGG
GGATGCAAGAGAAGGGAGAGCTGGATGAACTTGGGGATAAATGTGATAGCAATGTATCCA
GTCCAGTTTTGCCTCTTTAAGTACTGTCCAGTTGAAACCTCCTGACTCATGTACTACTA
GAGCTCTTCATGGAGGCTGTGGAACAAAACATGCTGCAGGAGTTCCTGAAACCGGCCTGA
CACCCATGGAAGTGGTCAAATGGCAAAGAATTTAACTGTAAGTCTCCAGAAGTCTC
TTTTACAATCTGTATCTTTGACAATTCTGGGTGCGAGTGTGAGAGTGTGAGCAGGGCTT
CAGACTTGAAGGTGGGGGGTAGGTTGGTTGTTGAGAGTCTTCCAATAAAGATGAGTTTT
TGAGAAAGACAGCACCCATTGAAACAGATATGTGTGTGAAAGTATATTTTTCAATTCCAG
AGACATGACATTTCAATTCATCTCTGCAAATGAAAAGGGTTCTTCTCTTGGGGGAAATC
GGCTGAACTACAAGTGTAGGCCACCATTATAATTTATAAATACAGCATACTTCAAACCTG
TATAACAAAACACTAACTCATCAGTTCATCCGGCATCAGATCAATGGATCTCTGAGCGG
AGTATTCCACAAATCTTACCTCTTTAGGTCACTGATGGTCACTCCGATTCTGAGTGCCAC
GGAGTGTCCCAATGCTTTGTCCATGATGTCCTGTTATTTTATTGCCTTTAGAACTGA
GACAACTCAATGAAGCACTGCTTTTATTTTTGCAGTCTTCAATTTGAGAAAGGTGAGAA
TTTTGAGTTCAGTTGACTGCAGAGGACATGAAAGCCATAGATGGCCTAGACAGAAATCT
GTCTCAATCCCATTTCAGCCTTTGACTTTGAGTTATTCAGAATTCTGCTGTTTGGGCCA
TACCTCAGAGAAGGCATGGAAGAAGCAGAGTCTTGGAGGCCAGGGAAGATCTGGCAGCC
AGGAGGTCAGGATGGTCAGCTCCAGTATCTCCCCTAAGTTTAGGGGGATACAGCTTTACC
CAAGGTGTTCTAATGCCATCATATGAAGACAGATGCTTCAAACAACCTGCATTAAATTAT
AGCTCTCAGATGGTAAACGTAGTCGTTGATCCCAAACCTTGGCAGGTAGTTTTAA
CCCTGGCTTCTCAGGTTATCGCACCCTATGGAATCCTTTGCAGAATGGTACTCATATA
GTTGGGGCTGCACTGAGCTGCAATTTTTAACATGGATTTATAACTTAATGTTTCTGTTTA
AGTTGGCTCTTTGTGTCATCTTACCCTTACAGAGAAATTAATGGCCTTGGTGGGACC
TTTTCCATAACCTTAGGTATTCAGTTTGGAGGGGTTTTTTGTATTTTTGAGGATTCCTGT
CAGTGCCGGGACTCCCCTGGTGATGGGGCAGGACCAGAACAATTAATAAATGTTTCTTCTG
CCAGAACAACCTCTGATGCCACCACAAAACAACATGTTCACTAGCGGATTCCATTCTTTG
ATGCACATATTAATGTCTATGTTCTTGTGCTATGAGTCAAGGAGTGTAACTTCTCCT
GGGTCAAAGGAGAGTCAACATATGTGATTGTTCCATAATAAACTTCTGGTGTGATACTTT

GACGCCCCCAGACTCACACGGGGGCTTATTTATTGCTTTATTTATTTACTTATTCATTT
CTATCATCAACTGCATCATCTACTTTAATGGTGAGGTACCACAGCTTGTGCTGTACATGG
ATGAAACTCCACCTTGCGGGGATAAAGAGAGAAAAACAAATTCATCAAATGGAAGACACA
GCGCGTGACCTTCCACGGGGCCAGGACCGGAAAAGTAGACAGCAGTGATCTTTTTAAAC
CTAAGTACTAAAGAGCCAACATTATTTTATAAGTGCCTGGCAATAGGTATTCACTAGTTG
CCCTCAGTGCACAATATCCAATGTGTTTGCATGTTTACCAGTCACAGATTCAGGAGTT
AGCAAGTGTGAAATAGTTACCATTTTTCTGATCTGTCATCTTCATAGCACAACAAAAC
TGTATTCACTTATGCTCTCGTACATTGAGTACTTTTTATTCCAAAAGTAGTGGGTTTTCTC
CTGTGTTTATATGGAAGAAAGTAAGGTGCTTGGAGTTTACCTGGCTTATTTAATATGCTT
CATCCTTTTTGTGGTGATCACCAGTCAAGAGGAAGTCCAAGAGAAATATGTGGTGTGTGT
TGATGGCCTGGCTCACCTGGACAACCTCAAGGGCACTTTTTCTCAGCTGAGTGAGCTGCA
ACATTTGAATGTGATAAACAATCCAGCATTACTTAGGAAATGCTACATGCGGAATGTGCA
TGGAGCTTTTATAAGTTATTTTTGCTAATCCTTCTGCTTGGCCTTGTCAATTGTCTTTGGT
CGTAAACTATGACCTAGGGGTTTTCTGTTGGATAATTAGCAGTTTAGAATGGAGGAAGAA
CTCATGTGTGTAAGCTCATGAAGATCTGCATGAATGAAGACCCTGCAAAGCGACCCAAAT
AAACACCTCTGCATATTACATGTACCTCCTCTGCTCCTCAAGAGTGTGGTCTATTTTGC
AGGAAGAGCTCAGATAGAAAAGGAGGGAGTTACTCAGGCTGCAAGCAGTGACAGTGCC
TTCTCACTTTTATCAGCATAGATCGATACTTGATAATTAAGTATCCTTTCCGAGAACACC
TCCTGTGCTCCGGAGGGAAGCATTTCCTGGTAGGCTTTGATTTTTCTGTGTGTTAAAGAA
CGTGAAGGCAACTCCACAAGGAAGTGTAAATAGGAAAAATAAAACACAGAAACCTGGAT
AAGGATGCCCTAAGCCAAAGGAAGTCCTCCTGGGGTCTAATCTCTACCTTTTGCATGAT
GCGGGAAGCCATCACTCGCAGACAGGCAGTGGAGCTGAATGTGGTTGCCATTGTCAATGA
TAGTAATAATGTAGGTATTCTCTGGCCAAGAGAAAGATAGGATGTGTGTGTGTGTGTGTG
CTAGTAAAATGTCAAGAACAGACGGGAGATATTAGTGTCTTTCCCTCTATCATTAAAGGT
CTGTCCATTTGTATTGACATGCCTCTGTTTCTAGTCCAGTTTGGAGATTTTATAAAGTTA
GGTGTGTGTTTGTCTTAGCTTAAGCCAGCTTGAATTGGGTTTCATAACAAATAAACATT
AGCCCACTCAAGAATGGGCAGAAAGCTTGTCTCAACCCCGCATCGCCCATGGTTAAGAA
TGATGAAGAGTGCCTTCCGTTTCTAAGGTCTTCTCAATCTCAGCAATAGAGCTTCCCAG
TAAAGGTAAAGGGGTGGACAGACTTTCTGCATTCAGATAATGAGCAGTGGCAACCCCTTTT
AAAGGACGGCCAAGGAATTAGACACCAACACACTGAAGAATGCTGGTGACTTACTGAACA
TTTTCTAAGAGTCTGTGAACCCAGGAGCCTCTCGCTCTGGCTTTAAGATGCTATGACTAA
GCTGGTGACGGGAAATGACTGTCTGGTTTTATTATGGTTTATAAATTAATAAATGGGCTA
GCATTTTTCGTACATTTTAAAGCAAAGTAGTTAACAACAACATAGCCTAGTCAAACCTTCTC
GGGCACATGTGTTTCTGACTTCACATTTAGGTGAGAGAAAGTGTGAACTCAGATT
AGGCTGCGGGAAGAGGCTTTGCCAGCAATAGTCCTGATCTAATGGATCCTTGAAGCACA
CCCCACTGGAATTATTCAATATGGAAGTAAATTGAAGACTTGCCCTTTAGTTTT
ACCTCCCCATCTGCTGACAGTAGCTGAAGATTATTCTAAACATTCACTTTTATGATTT
ACCGGCAGTCATCATGGCAGTTTCCAGCGTTCAAACAGCAATAGCTCAAGTGTGATAACTA
AATTACGTTCCCTCTTGCTTAAAGACAAAGCTAATTAATCATCCTGCCACCCGAGGCTC
ACGCTCATGACTGTTTCTTTGTTATTAAGGATAACTATAATGGGATGAGCTTTGTCTGT
CCGCCAAGGGGACTGCTGCTTCTTTTTCTAAATGCATATTTTTTATTATTATAATTTGT
GTATCAAAGGTTTCAAGACGTAGTCTCTACTCTTCCCCTGCCTGCATCAACTGTTGCAA
GACTAATGCAAGAAAGCAAGTCTGTGTTGATTTGTTCTAGTCATTTTTATTAGGCTA
GTGGGCAGAAGACATTTTAGAATGAGGGCTTTAGTTTAAATTAAGTCAATGGTGGAGAAG

CACTCACTGTCTTATATTGGGTTTTTCATTGCATGTAGGATAATTCTTTGTCAATGGTAGT
GTCTTCCAGAATACAACTACTCCCAGTTAGATATCAGTGAGTTTGAATAACTGAAGAAA
CTGTGACAGGCAGCAGAGACTTGGGACATTGCCTTTTCTAGCCCGAATACAAACACCTGG
AATCACTTGTCCAAAGGTGAATCAGTTCAGACAGCTGTATTCCAAAGTCATCAATGATAA
CTGTCCCTGCCTTCGACCTCCTGCCTGGGTCTTCAGCTCAGTGCTACTCTGAATACAATA
CCAAAATAAGATTTCTTCTCTGTAGCCTACTTGTCTGGTTTATCCCTTACAGAATATTAG
CTGTCCCTTAGTTTTCTCACCTGTAAAAGGAGGATAAGTATATATATATATATTTCCAGTG
GTGTCTCTAACCAATGCCTATACAATAAATTTATGCTGGGTTTTTGGTTCTGTTTTT
TACAGAAAAGCCTATCTCCACGCACACTGTGGACTTCACCTTCAACAAGTTCAACAAATCC
TCTAGAAAAGTCTCTTATTTTTCAAGCTGTTCTAAATAGCTTCGTCTCAGTTTCCCCAAA
ATCATCTGCAAGTTTCAAGAAGTATTCTGCCAAAAGTATTTACAAGTATGGACTCATGAG
TCCAGATACCATTTCAGGCTTAACCTAGCACATCCTATTTCTTTCTTCTATGATATCC
AAAGTTGAGTTATATACTTGTACATACAATGGAAATGCTTTTAGTAGTGATTATTTAGCA
TGAAGGGCAAAAAAGAACCAATGCAAGTTTGGTTTCTATCCAGAAAAAATACAGGAACAG
CTATGAGAAAACATCAAACTGCTGTAGTTTTCCATTTCTACTGTATTTCAGTTGCAACC
GCAACAATCCATCTCTCAAGTAGTGTATCACAGTAGTAGCCTCCAGGTTTCCTAAGGGA
ATCACACAGCTCCTCCCTGTGAAAAGGAAGCTAGGGTCTATGAATGGACTTCAAGGTTA
CCAGAACTGTGGGCAATAAATGTCTGTTGTTTATTACCTGTCCAGTATCTTTGGTATTTT
TAAAGAAGATGAGGCAAGAGAAAATGTACCCCAAGGTGAACCTCCAAAACCCCCACTCAA
ATGAGATCTCATTTGACCCTGATGACATCATCCAACATCGAGATGATTGACGACGGCT
AGCACCTGCTTTTCAGAAAGACTATTATTTCTAACCATGAGAAGCAGACTATAATATTC
TTTGGTCAGACAAGAGAAGGAGGGCATATTGTCTATGACCAACTCCTACTCCCAGTTCA
CAGTAGTCTGTTTAGAAGGTGGATTGTTAATTGTTTGATTTTTCTGCCAACAGGATTCCC
ATGGAGGTGATTGGTTCTTTTACACATTAACACTGTACCAAGCTTTGCAGATCTTTTCC
ATGTGTGGACACATTGGACCTTTCTGAGGAAGAGGGACTGTTCTTTTGTCCCAGAAAAG
CATCATGAGGGTGTGAAAAGACTGGGAATGAGCAAGAATGGAAGATCAAGCTGCAAGT
CTTGACCGCATGATGAAGAACTGGACACCAACAGTGATGGTCAGCTAGATTTCTCAGAA
ATGGATCCAACGTGCTCTTCTGAGTGCATTTATAACCTCATACCCAGTGACTTGAAGGAG
TATGCAATAAAGAGTTTGACCATCTGCCTCCAAGAAATGGGGCTGACTTTGCCATCATGG
TGGTAGTAAAACACAGAGGGCCAGTAACGGGTCGTAATGACTTATTGTGGATAACAAAGA
GCTGTGATGTGAATCAGACCAACAATTTATCTGCTTCAAATCCATATTGTAAAGAGGTT
ACCAGGAGAAAGAGTTTTGTGCTGTATTGTGAGAGATCTCGCCTCTCAGTTAAATGAGCC
GCTTCTTTGTGTGTGTGATGTTTGTGCGTGTGATGAATTTAGCAAATTAAGTTATTTTCC
ACCATCTTGGTCTTCTTCACTGTGGTCATCAATGTTTTTATTACAGCCTTCGGGGCACAT
CAAGAGGAGTCCATCTGCTTGTCTTTAGAGGCAGCAAGAAAATAAATCTCTTGATGGAGA
AGTAAAAATTTTATGAAAAGAACTTGCAAGGAAAATCCTAGTTTTCAGTCCACTCGCCC
CTTTTAGTTAAACAAATCCTCAGAATCGAATTAAGAAGGATGTCCACAGCTCGATCAA
CAAAGAGGGAAAATGAAATCCTGGCCCTATGGATACTGGGAAGCATACTCAAGTATCTCT
CCTTAAATGTGGTCTGCCAATCTGTACAAAATGGTCCTATTTTTGTGAAGAGGGACATA
AAGACCTGAATATGAGAAAATAGGCAGGAAGAAGTTGTACCTGACTCATTTTTCTCAGGT
AGGCCTGGATGCTAATCAAGATGAACAGGTGACTTTCAAGAATTCATATCCCTGGTAGC
AAGGGAGAGTAGAAGAGATAGGGGGTCTTTAGAGTGAAATGAGTTGCACTAAAGTACGTA
GCTGCAGTGTACTTTTGGGGAATAAGCTTGATGAATTTGTCCCCTCATGTGGGTGA
ACTTTTTTGACACTGCCAGTCTCACTTGTGGCCTATTTCTCTGCTTCTTCCAGGAATTT

ACAAGTTTCTGCCTTCAGAGCTTCGAGATGAGCACTAAAGAAGCCTCTTCTATTTAATGC
GTGCGTCTTTATGTGTATATCTTTATGTGTATGTGTGTGCATGTGTGTGCACGTGTGTTT
TGACGCTGTTCTCCGACCTGGTCGCTGAGAAGTTCATCGATGACATGGAGGACGTCCTCT
ATGGGTGAACTGAATTACGCCTAAGAAGCATGCACTGCCTGAGTGTATATTTTGGATTCT
ATACATATAGAGAGCGGAACCATAACTCATTGAATTTTGGAGAGGAATAAGCTTAGCGTT
GAGCTGCAACTTCTTACTTCCCTAATGAAGTTAAGAACCTGAATATAAATTTGTGTTCTC
TTCCTCGCCACGGTGCAGTATCAGATGCAGTTCTCCAAGGCCAAGAGTGCATCCAAGGGT
CCTTGGGTACAGATTTGAGTGTTTCATGTGATGAGACTGTAAACCTCATTTTTCGGTTCTC
TGCACCAGGGCCTTGTTGAACAGATCCACACTGCTCTAATAAAGTTCCCATCCTTAATGA
CCTGTTCTGGGTGCAGCTGAGAAAATGAGTGACTAGACGTTCAATTTGTGTGCTCATGTAT
CAAAGTGCACATGGACAATATCCATGGTGTAGCTGACAGCTAATAGGGGCTGTAAAGGAA
TGAGGTTTCATCACAAGAAGGGAGTGTTCCTTGTGGCATTAAACCATGTAGTTTGTACCAT
CTTCCTCACACTGACCTGTGTTCCCTCCCTGTTCTTTTTCTATTAATAAAGAACCTG
TTCATTTCAATAGCTTGTTTCATTTGCACGCCTTTGATTTTTGATTGACCTGTAGAATGG
ACATTCTGAAATCATTTTCTCTGTAAATGGTTGGATTTCAATTCACCCTAAAGGGATGC
AACATATAAAGTAAAACAGGTCTGAGGGCTTTGTAGATGATTAAGTCTCCACCTTCATG
CAACGAGGACGCCTGGAAGGATCCCGCCTTGAGAAAGCTCAGCCTGTTTTGCGAGGAGAG
GTAAAATCCCCTTCGCTGAAATTGCTTATTTTTGGTGTGGATAGAGGATAGGGAGAATA
GAGAATCCATTATTTGTCCTATTGCTTTTGATATATGGTTTGAAGTCTCTAGCCATTCTG
TGGTGGACAGTGTGAAAGAGAATGCAGGCACCGTTAGGATATTCTCTAGTCTTCACGTTT
GATTTCCCTGACCCAATTCAGAGATTCTTTATGCAAAGTGAGTTCAGTCCATCTCTATA
CATGCTGATACCATCCCAATAGCTGTTGCCATTGACCTCTAGTGGTGAGTTTCTAGAAT
CCCCTGAGGGCCTGAGGCATCCTGGGTCTCACTCGGCCCCCAAAACTGATAAAAAGAATA
ATGTTGAGTTAATCTGCTAGATTGCAGTACTAATGGTAGTGGTTTGTAGTCTTCATGTTA
ACTTAAGATACTTGCACCATCAGAGAGAGATGAAGGGTCTTACTACTGTGCCTGTGACAC
CGAATGAATCATCTGTTTCATGCATGCTCTACTTTGATATTATAACCTATGTCACATGTGT
CAAGCTACCCTCAGAGGTCCAGTGGTCACTGGAGGCAGTTTTTTGGTTGTTGTCTTGGG
GAAGCCAACCAGAGTACGTTGGAAAATTCTTGGAAAGGCTAAAGACGATCATGAGAGAG
TCCCTAATAAGCTGGTAGACTACTACAGGACAAATTCCATCTCCAGACAGAAGCAGATC
CTGGTCTACACTGGTTGCCGAATTTACTTGTATTCTAACTGTTTTGTATATGCTGCATT
TCTACATCAAGGGATGCACCTTCAGTCAAACCTGTCAAAAAGCCAGAATCCCAAAGGCA
ATTGTTCTCTCAGAATCCAAATCCACTTCTGAGGCTCTAAGCCCAGCCTAGGATCTGA
CAAGTTCGCCACCGGGGTAGAGCGGCAGGACTGGATGGAGCTGTTCAATTGACACCTTTAA
ATAACTCTCCAGAGAACCTTTAGAATATCTTTTCAAGTTTCCCAGCTTCATCTTTGGGA
TCTAGTGTCTTGTGGTTTGAAGATGAACCGACTTTTTAGTTTGGGTCCTACTGTTGTT
CATCATCGCCTTGGCTCTAGAAGCAAACAGCCAGTTAACCTGGAGGGACGTCCAGCACCT
AGCCACAGCTCAGAGACTGGGAAACATGGTTCCAAAACCTGTTCACTTCCCAAATTTGTCT
AAGAATGGACGTGCTGGGACCAACTCAAGACCTTGTTTTGCTGTCTTCATCATCTTACCT
GGTTGGGAGAACTAGCTCTGATCCTAACAGGCCACGTAAACTGCCATCTGGAGAATC
GGAAGTTGGGTGATTTAAGTTATTGTTGCCAAAGAGATGTAAAGTTTATTGTTGCTTCG
GGTTAGAGGACACCAAAGATACTGGGTTCATCAGCCATTAAGTATATCTATTTCAAATA
CTTTACATCCAGATAGGTTACCAGTAACGGAACAGTATCCAGTACTCCTGGTTCCTAGGT
CTGATTGTAGGGTCTCATTTTCTCACCGATATTAGTCTACACCAATTGAAGTGAAATTT
CCATAAGCCTGAGGAGGTTTTTATCAACTGGAATGCTTTATATTAGTTTGTTCCTG

TTACCTGAGTTCAAGCAGAATGGAGATACAAGCCTGTGAAGGCACAAGAATCTCCAAACA
GGAGGAAGGCTATGTAAGGACAATGACAACCTGATAAGGGATGCAAAACCAAGAGAATCAT
TGATTGTTTTGACCCCTTACACAAATGTCTTACTCCTGGCTTTAATTAAGCTGCTTGAGG
TTTGCATGTTGAAGCCTGTATAAAACATGGTACAGTGAGTGAATGCCCCCATCCCAAGA
TGAAGATGTAGAAGATCGTCGGCGGACCTATAGTTTTGAGCAACCCTGGCCGAACGCACG
GTTGTTGACAGTTCCTGGTTGACCCACAGCTACCCATGTCAGTTATCTCCACTAACATAT
AAGATCAGGAAATGTAGACATCTAGTGATTTCTTTAGTAGACAGTTTAATTTCCCCAAG
CTGCCCTATCTGGACATGGTGATTGCAGAGACGCTGAGGATGTACCCGCCAGCTTTCAGA
CTGCCTTGTTATTGTAAGTGCCTTCAATACTTTGCATTTTGGGATAATAAAAAAGGCTCC
ACAAAGACTGGGGATGGATGTGAAGGTGGTACTGATGTCAAGGGGAAGATTCTACCAAAA
TTGAGGGAAAGCTACTTGATCAAACATCCGATAGTCACAAATTTGAAACCGTGCTTCAGA
GTTTACCTAATATTACCTGTTTTGTATACCTGAGAGCCTGCTATGTTCTTCTTTTGTGA
CTTAGCATTGTTCTGTGTTTTGAATATAATTATCCTGTGTACATTGATCTTGCAAGCTG
GAGGTTCAAGCTTGTGACTGTTAGTAGTGCAAGGATTTGTATGGGCTCAGTGATTACAAA
ATGTGTGAACCAAATTGTACGAGAAAGTATCTATTTTTGGCTAAATAAATGAGCTGCTGC
CATGAACCCCATGAAATTATTTGTAGACTTGTATGTACATTTTTCTGGGGAGAAGGTTCA
GAGACACTGGAAGAATGCAAGAACATTTGTGAAGATGGTCGTAAGTTTATTTCTTATTT
CCAAAAGAGTTAAAGGCACGACTGGGATTTCTTCTGAGACTGTGGTGAAACTCCTTCCAA
ACTAGCTTCTGCTAATAGCCCAATTTGCTTGAATGGGAAAACCTCTCTCATTTGACCCCT
ATGACTGTAAGATCTTGAGAGTATGTTCTTACTCATTTCTGTAATTGCAGTAGTGTAGTC
CAGACAAGTAGACAGCACCCCTGGGGTCCCTGCAAGGAATGTAATAAGGCAAGTCTAGTGTCAAGCAGC
AGCATTTTAGACTAGGACTGTTCTACTGTGAAGAAAGTTCTGTCTCCTTTAGCCCGTTT
TGTTCTCGAGGAACACTACTGTCGTCTAGAGAAGGAATAAAGCAAGTCTAGTGTCAAGCAGC
TTACGTATGCCATGCATACCTCCTGCCCGCGGGACCACAATAAAAACCTTGGCAGACGG
ATGCAAGGGGGGAAGATAGAAGAACAAAATTTACCCCTAATGTAGTGTCTTTAGACCGTG
CCTTATCCTGATGTATGGTTCCAGGATTTGGATTTGATTTTCCAAATGTAGCTTGAAAT
GAAAAGCCATTTTCTAACAGATACAATATTGCCACAACAATGTGCAGAAACCTTTTTG
CAGAAGTCTGAACAATTGGATAAATTTGACTTCCAAGACAGCTAAACTTTTCAACTGCAA
CAAAAGCATTGTGCCGAACAGATGAAAAAATGCATTGTCAACGGAATCTTTTATGTTTGT
GCCGAACAGATGAAAAAATGCATTGTCAACGGAATCTTTTATGTTTGTGTTTGTCTTCTTT
TATGGTCCACTATGTTTGTACCTATGTCCCAAATCTCATCTCCTTTAGATGGGGGAGGT
GAACAAGCAGAACAGACGCTAAAACAGGCAGCTTCAACAGATAGTCTCAGGGTCTTAAAT
GAGTGGTGTCTAGATTTCTAATGAAGAATCATGATACAGTTTGGATTAAGTATCTTGGAC
AAAGCACATAAAAATAGTTTGGGGGAAGTAGAGAGCAAATGGTCATTTATGACTGAACTC
GACTGGAACCTGAGAGTAAATTGGGAATGTATGACCAATCTTAGACCCTGAAAAATGGCAG
ATTTTGTGAATTGCCAGCGTTGTGTGTTTTCTGGGAGCATCGAAGCTCTGTTTTCGGAAGA
ATTGGGCAGACACCAGGGCAACCTGCCCTCCGCCATCCCTGCTATTTAAATTATTTAAGG
TCCAGATAGACTACGATGAGGACGGGAACCTGCTCTTTAATTATTAGTGATGTTTTCGGGG
AAGGAGGACGTGAGTATCCTTACAAGGCTCCGAAACAATTCTTTCTTCACTTAGTTTT
AACTGATGTCTACCAAGATTTGTGCTGGGAACATCTGAGTGATGAATACGTGTGTAGCCG
GTCATTGTTGGAGCCATTCTTTTCGTCCAGGTGAATATTCATTAAGAATGCTACTGGC
TTCATAGCCTACGTGTGTGTATGTGTGCGTGTTGAAACAGAAGTGTGTGTGTGTGTGCAT
TATGTCATGGTCAGGTTCAAGGGCAGCAGGAAAGACGAGATCCTGGGCATCGCCAACAAC
GTGGCCTGAGTTATGTAACAAGTGAGCAACACAGCTTTAATTTTATGGAGGAATCAAG

TGTCTACTCCTAGAAGAACCAAATACCTCAATTTTTGTTTTGAGTACTGTAATCCTG
CATCCTGCTTCTACCATGTGGATTTGGTCACAAGGTTTAAGGTGACCCAATGATTCAGCT
AAGCAAATAAAGAGCCTGGGGCTCAGCAACTCTCATGACCGGGCACTGGTGAAGCGCAA
TGCCCTGTCTCCAGATAACCACTGAGCTCACTGCCATGATTCAGAGCTTTCAAGGATAG
CATATTCCATTTTTAAGAAGAGGTGTTCCAGTTCTGCATCTGATACCGTCTCCTTTCCCT
GGAAACATGGTCCAGTTTTGTGTGTGTGCGTGTGTGTAATGTGTACACACAGACATAAA
GTCAACCTGGTCCCTTAAGACAGTTCTAGTAAAATGGGATTGTATATATTTGTTCAACTA
GAACCTGCATTAGTTCCAGCAATGAAAGTAAGACACACAGCATATGACATAAGACACAGT
ACGGGGCATAAGACTTGATGTCCTTTGAGAAATAAGGGCCTTAATTTGACTGTCTGCGA
TGAAGAAGGCAACCCCTTCTAGAGGGAGCCATGAGGGTCTGGGCTTCAGAGCTAGGTCTT
GCCAAAGCTCAAATGCCACCATAGAACGACTGTCCATGACAAGATATTTCTACCTCTTT
AGTAAGGGAACAAGTTGAGCTATGACTTAACATAGCCAAAATGTGAGTGGTTGAATATGA
GACCCATGATAGGGAAGAGAGGGTGTGACGGTGTTCAGAATTTCAAATTTAATTAATA
TAGTTGACTGACTTCAGTAACTTTGAGGAGTAGAATGAACTTATTAGGCAAGATCTTTC
AAGCTGCATATTGTCAAGGTTGTGGCCAAAAACGCAACTTTGATATTCCAAAAGAAATG
GGCTTCTGGACCCCTGTCTGAGGGGTGCGTCTTAGTGGGCGGGATTCTTTCCCTTTG
TGAACCTCAAGAAGAGGTATCCACAAGTAAAATCCACAACCTCTGAAGAGAACTACCAA
GGGGCTATTAGATCAGAAATATCCATGAAGAAGGAGCAAAGATTCATGTCACTGACAA
AGAGTCACCTACCATGGGACCTGGCAAAGTACTTCAGAATTTTATTCCTTCCAGAAGCA
GTATATTTTGTAAATAACCCGTAGATACTGTACCTAACAAAACATGACTCGTATTAGCTC
GGTTACCCATTCAAAGACCTGCATAGTAGGAATTATCTGTATGACCGTTCGCTCTGGAAC
TTTTCAGTTTGATATCTTGTCTTATTCAATTGTTGTATAAACTGTACTTTAATTTT
CGCTCTGATTTAGCCTTAATTTTGTAAATTTTTAGAGATGAATGAAGTGCTGCTGTGG
TTGAAATGTGTTGTGTGTGCTGATGTTTCCAGGACTGATTGATGTGATGGAGCTCGGCA
CCTCCTGATTCCAGGGTCCATAAATAAGTCATTCTTAAAATAGTGGTTGTTTTCTCTCTA
CATTACTCTTACAAAGGATACACCACGAGTTGTGCTCTCCTGCAGCGTTTTGCGGACGGC
ACAGGCTAAATGCACCAAGAAAGCTTCTTCAGAGTGAAGAATCTTAATGCTTGTAAATTA
ATTTAATGCATGATAGACACATATGAGGGGAATAGTCTAGATGGCTCCTCTCAGTACTT
GCTGGGACTCTCAGCAGGTCCAACATCTGAAATCACCTTACTACACAAGATTCTCAAAT
GATTTCTGGTAAGATCATTGGATTTACAGAATACAAAATGTACGGGATGGAATAAACC
CCGCTGGTGACGCCAGTACCCGCCGCGGAGAACCCTTCCGCGACAAGCGCCTCTTTTGT
GTGGCAGTCTTGGTCAGTAGTTTAAAGAGTTTCCCTACTTTTTAACCTTTTTGAAATAA
TCCAGAAGATGAGAGAAACCTCTTATCCAACAGATAAAAAGAAGGAACATTGCAGAGCTA
AGGGTCTCCATAGACAGCCTGGGGCAAGTTAGCACTTTATTCCCGCAGCAGTTCCTGA
ACCTTGACCCTGGACTTCTGGCCTGCAGAACTGTGAGACAATAAACTCTCATTGTTTTAA
TCTACCCATATTTAAAGCTATATCTCAAAGCAGTTGAGAGAAGAGGACCTATATGAATGG
CAGGCAAAGTCTTTTTTGGCTGTGGCTGGAATAAATCATTTACTTGGGAGTCCCAT
CAGTTAAATTGTGTCTCCAGCGATCTATTAGACCCGTCCTCTTCAATATGGCGCATTGAA
TGGGATTCATAAGAGGAGGAAGAAACCTATCATGCTGACGGGTAGTGAAGAAGAGAAATG
TGGGGACAGCCAAGTTTTGTTGATAAACCTATTTCTAGCATGCCTTCAGGAAGTTGTGC
GTGATTGGAGCCTTACCTTTGTATAGTAAATTTGCATTTCTATGTCAACATCCAGATTG
GGTACATTGTACAGTCTGTAGTTAGGAGGTATAGCCTATAGCTTATGTTAAATGGTTGAA
GTTCTTTTCAGTGTTACATCTTGTTCCTTCTCACTTGTGTACCAGCTGTTTGTG
GTGTGGAGATTGGATCAACTGAGTTGTGTTATTTTTGTTTTAAGTCACGTTGTGCGAGAA

CATATGTA AAAATTCAATGGAAGAGAGGTGGAACAGTGCTGTTATTTTAAACAGAAGGTTG
GCACCTGTGTTCTTTGAGTTCACATCATGAATGTGGTGATTTCCAGATACCATCTCAGG
AAGGTGTGTGTTGTCGAGACAATACAGCAGTGAAGAGAAGGCATGCAAAGCTGTCTTGT
TGTTCTACCGTACTTTAGTAGTTTGAAGTTTTCAAGTGCATAACTATTTTTGACCAGCAG
TGGTTCTGCTGATGGTAAGACATCACTTGGATGAGCTACACAGAAGCTAAGGAACTGTCA
ACTGAGCTCACTGCCCATGATGCAGAGCTTTCAAGGATAGGCTTTATTCTGCAAGCAATA
CACGAAAGTGTAAGCAGTATTAAGATCATTACTGCATGTGCCCTAAAAACCCAAGTTTT
GAGGATCTGATTTTTGCTCAAGACGGTGCCTGTTTTAAAAGTAGTTGTTTTACCACTATT
CCACCCCACTGCCCCACCTTAATGTGAATTTGACTGATGAATGAAGAGCGTTTCTAATA
TCCACCCTTTTCTGAGAGTTATTACAGCCAGAAAGTGTGGGCTGAAGATGGTTGGTTTCA
AGATGGACAGAGAGACAGGAGATGGTCCTTTATAATGCAGTGTGATCTGTGCTGCAATAG
AACCTAATAAGAAATCCCAATTTTCAGGAGTGGTGGTGTCAATAAACGCTCTGTGGCCAG
GTGTGTGTGTTAAGGGAAGTAGGTGGTGGTTAAAATTCTTGGAAAATTTTCAGAATACT
ACAGGTGCCCAAGTTTGTGCCAGGCTCCTAACGTA ACTCCATCCAGAATCAAACAGCA
TATGCTGCACTGCCTCATTACAGAGATAGATGCCTGCATGGGTCCTGGCGATTATTTAAT
TTCCTTGACTTAGCATGCCGACTCATCAGTGAAGCCAGACAGAACACACTTGTGAACAAT
TGAAGTGGAGAGGGTGTGCATCTAGCGCAATTGAAGGATCATCTGAAGGGGCAAATTCTTT
AGGGTGAGGTATGTCATTTACATGAAGGTTAAGAATAAAACAGAAAGTGCCTCTATGGTA
CAATGACCTTCACATGCTTTGTGTTTTTTGACATGTTCAATGCACTAAGTTCCAGATCCC
ATCAATACACGTTCCCTTGAAAGAACCGATAGCATGCGATCGATACAGAGCATCTGCACTG
CCTCCTCCATTAATGTACAATCTCGAACTAACTGCTAATAAAGTGGGGTTCTGTTTGT
AACCAAATAGTCTCTATTACCTTCATGCCTGTTGGGTCCCAATAAAGGAATCATTCCAAT
GCCCCCTCATACCCAGTCCCAGATATTTCTCTCCCATTGCCCCCTTGGTGGCCCTGA
CAGAAGATGGCAATCCAGGCACCAGCGAAGACGTCATCCTTGCCTGAGACTCCCATCAGT
TGAAGGGTTTTGTGTGTTTAGGCCTCATTCTTTGTCTTTTTCTACTCCGTTCTGGCA
AAGCCAGAGACATACTTGATGCCAAAGATGGCAAGAGTACCGCGACAGGTGAGAGGACG
TGTTTTGCTGACTGATATGCTACCGTTTTTCTACAATTTAAGAAAACATATTGGGATT
GGGCCAGCCCTATCCTTTTCTGTATCAAACAAAATCCTTGAGGTTGGTATACAAGTTAA
CTGTTCTTTTCAAGCTACTGTTTGTGTTTTCTAAAAGCAGGATTTGCTCCGTAGGAGGCA
TGCGGAGAGAAGATAATGACCCAAATAGAGATGAGGTCCCAAGGGCCCAACTCCCACAC
ACTGTATTACTATTACTGTTGGTCATACTAACTGTCTATTTCTGAAGTATATGACCC
TTAATGTCATGTTTTGGATGTACATAATATATTTATAACAAAGCAGCAAGAGTCTACTT
GCTATGGTGTCTTCAAGAAAGTTTCTCAAACAGGGAGTACTTCAAGATCACCCCTCTAC
TGGTGTCTATTGTGCAGTAACTAATAGTACTCTTACCAGAGGAGAAATTATATTAACGACC
TGTTACAATCAGACAGTCCTATAGACTGATCTATCCTCGAGCCCCAGATCTGTTTCTAC
GTGAGCTAACATTTGCTAAGCACTGAATTTGTCTCAGGCACCGTGCAAGGCTCTTTACAA
CCAGAACAAATTTTAAACAAAAGGACAACCACAGAGGGATATAGTGAATATCGTATCATTG
TACTTGCGCACGTCTGGTAGCTGCCCTGGACATTCATGGACTTTGTTTTCACTCAGATT
ACAGGAAGCTCTATGACACACTTGATCGAATATGACAGACACCGAAAATCACGACTCAGC
ATTATGAGGAGGTGGGCATCGACTCCTATGAGGACGAGGATGAGGGAGAAGAATAAAGCA
CATGGATATTTTTATGTACAGAAGTATGTCTCTTAACCAAGTTCACCTATTGTA CTCTGGC
GAGCGATGTGTTGACTGGACTCATTACAGGGAGCTCTGGTTGCAATATTAGTTGCTGTATA
TCTTACTAAAACCAAAAGTCTGCTTAAACTATGGAAAACCTAACCTGATTAGAGCC
TTCCTGCCTCTCCCCTTCTCCTCTGCTCTTGATCTGTGTTTCAATAAATTAATGTAGCC

AAGGTAAAGCCTAGAAGAACTATGAAAGCTATTCTCATGTTACCAAATTCTATCTGCGC
GATCAGGAGGGGAATGTCAGGATTCGAAAATGGACTTTTCATTTGTCCAGTATTGGGAC
AGGGAATGGTACCAGGAGACCCATGAGAAACAGCAAGATCTCAACATCATGGTTTTAGCA
CATCCAGCTTTGTGGATTTAGAAAGGAAGCCTTCAGTTCCAATCAGAATCCTCTTTCCTT
AATTAGTTGATATACTAATGAGAAAATATACTAGCCTGGCCATGCCAATAAGTTTCCTGC
AACTCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCCACGTTTTCAAATAAAAGAGTTGTTAATGCTG
GGGCTATTAATCCCCAGGCTGAGTGTTTCAGGAAACACCATAAATAAATAAATG
ATTACCTCATCTTCTTTTTCGGAAGTGACTTTGAAAACACATAAAGACGATCTCCACCA
AAAGTGACTTCTGAGTACAGTTAAGTTCCTCCTATTTGCCACTGGGCTGTTGGTTAGAAG
CTACAAACAAGGTGAAGGCATCTCAGGCATTACAAAGTGAAGTTGACACAGACCTCCATA
ACAACAGTCTGACTATGAGTGAGGAAAATATCTGGGTCTTTTCGTCAGTTTGGTGCATTT
TTCTGGACCGTAGGAAAAGGAATAGCAATCATTAAAATCTTGGGCCAGAGAACACTATT
TG TAGTATCCATATGTTGCTTAAATTTCTTATGAGCCCCATGATGGAAAGACTTAAAGA
CCCCAATGCTGGTTTGTATGTGGTTATCATTCAATCTGTATTTGTTGAATGAATAAATG
AAATGCAATGCTTTGCAAGTCTTTACTGCTTGGAGGTGGCTGAGTTGGGGCCCTAGGCA
ACTAGCGGTTGTTGGTGAGGTTCTTCAGGCTGCAGATGGAGACATGGGAAGGGCTGGACT
CCACCTTCTCCTATGACTGATCCTACTATGTTGACAGACATGATGAAAGGGAATGTAACA
AACTCAAACACTCAAAGTTTCAAAGAACCAAGGACTCTTCTCTGGGCACCACAACTTC
TGAAACTGGTGGCAACATGACCTGCTAAAATTTCTGCTTGGACCTCTTTGGTTCTCTCC
GAAGAAAGAACATGGTGAAGAGAGTGAAACGCATTGTCATTTGGGGTGAATTGCAGAAAG
ACAGAATTCAAGGAGGCCTTCTCCCTGTTTGACAAGGATGGGGACGGCTGCATCACCACC
CCTGCAAAGCAACTGGCACAAAGGCTGGAATTGGACCTCAGGGATTAATGAGTGCCGG
ACTTCCAGGTGTCCTTTATCACTTTGACGGGACTCTTTGGTCTGCAGAAAATGCTCTGT
AGAAGATAGCACAGATATCGGGATATTATTGTGTGAAAATGCTGCTTTTACTTTGATGTG
TCTGTGTGTGAGGTCTGAGCTCTGAGGCAGCAGTGTTAGCACAATAAAGAAACATTGAGA
TTCTTAGCAAGAGAAAATATTTTCCCCTTATCCCCACTGCTGTGGAGGTTTCTGTACCT
TTCCACAGCCATGAATTTACAGCCATGAAGATATGCTGGTTGTAGACCCCAAAAGTAAG
CCAAGAGTGATGAGATGAATGTGAAGGTGCTGGACTTTGAGCACTTTCTGCCATGCTGC
CTTCTCTGTATAAGCGATACATTTGTAAATCATGGGAATGTATTTGATGGTAATTGCCT
GAGATGCCTGTGTAATTCGTCCGAAGCTGCCAGGAAGAAGAACAGAACTTTGTGTGTTT
AGCTTCAAATGGAATATTTACCGACATTCCTTATACATGACAGACACTTGGCTACATGGG
ACCTCTGGAAAGGGTCCCAGCCTAGACTGCTTACCCCATAGCCACATTTGTGGATGAGTG
CAAGCTGAAACTGGTGTGTGGAAGTCACAGCTTCATCAAGGTCATCAAGGCCAAGAAAAA
TAGCTGCCTTCGCACCTTGCTGTGTGACCTGAGGCCCTCACTGAGCCTCAATTTCTCAT
CAAAAGAAAAAAGAATGGATCAACCAAGAACGTCAAACACTCCAACAATTGAGAGCATT
TGCTGGAATCTACTAGAACCTTCTAATCCATGTGCTGCTGTGGCATCAGGAAAGGAAGAT
TGGAGTAATTGTGCCTGAAGCTCAGCGTGAAGTCTGAAATATGCAACAGAAGAAATATAT
GAGTTAGGCAGTTCTTGGCAGAATACCATGAGCACCAGATGAAAGGAAAGGCGTTTTCAA
ATCCCCTTTCCCGAATTTAAGTGTCTCTACAACCTTTGAATAAAGGGAAATGCCAAGA
GAGGTGCAAACCTTCTGAATATAGCTTTCAATTTGGACCAACAATTTGTTATGGCAATA
CCAAACAGCATTAAATAACCTCCCCGTTTTGTTTTGTAAAATGCTCTGGAGGAAGG
AAAGGCAATACTAAAGGTATATATTTTTTTCAAATGCTATTTTTACTGCACTTGATAA
GACCACGAGGAAATACCCTCAAACACTAAGTTGTTACAACAAAATAAAGTATTCACTACC
CTGATGATAAGCATTGGAGTGCATTTATCCTCCAGATAATAAATGTGTGTTCAAGAACT

TGCAATGTTGTGCTCCTGTTAGTCTGATATCAGGGGCTTGCAGCCTGGCAAAGGAAAAAA
ACGTATTCATCTGTGTGTACATGTCTGCATGTGTATATGTTTCGTGTGTGAAATGTAGGCT
GGAAGAGACTCACATGCTTTGGTTAGTATCTGTGTTTCCGGTGGGTGTAATAGGGGATTA
GTGTGCTTTATTGAATTAGAAAATTAGTGACCATTATTCACAGGTGGACAAATGTTGTCC
ATTTCTTAATCTGATTGGTGGCCTAGCTGTGGCTTGCCATGACTCCTTCTCAAGGCTGT
ATAGCATTCTGTGTGTAGATTATTCATATAGGGAAGAGTTCTGATCTGTACCTATG
GGTCCCTGTAAGAAATACCAGAGTTGGTCATGATTTACTAAGGAGATGTAATATTTTCTT
AAAGCGCGATGACCAGGTTTATGGATCACTCTATTCTCAATGACAGGACCTTCAGTCTGT
TACGGACTAGCAATATCCATACCCGCTACTTATTTGTAAATCTCCTTTCTAAAGTTAAC
TGAGCAGGATATGTTAGAAAAGAGGAAAATACAGCGTGAATTAGCAAAAAGGGCTGAACA
CATTCTGTTTCAACTTGAGCCTTGCATTCATGCAACTTGATTCTTGTGATTGACTTTTT
CTACCAGATTTGAACATCTAGTGAGGTTACATTCATACTAAGTTTTCAACATTGTGTTC
GGTTGTGCATTTTGTGTGATGCATGTAGTAGCCTTTCCTGATGACAGAACACAGATCTCT
TGATTTGGAGGCGTGTCTCATTCAAACCTTGCAAAATATAATTTCTTCTTGTCTGGGA
ATTTGGGTGGGATGGGTAGGATGAAGTATATTGCCAACTCTATGTTTCTTTGATTCTAA
CTCCTGGGGATTCTGGGGAATGGGATGCAACTAAGACTTCTGCCTGAGAAGCCTCCTCC
CAGAAAACTGGCACATAGTATCTACTTAATGAAGTGACAAAAGCATGTAGTAAGATGGA
GACGTGCGGCGACGGCACGCAGCACTGCGGCAGGGGGAAGCCAGCCCTCGCTGCGGCCGA
ATTGCAACACGTCACTAACAGATGGTGATTCTTCTCTTGGAAAGATTCAAGTAAAAACGC
ACCTCCCCTCCACTCGGGCCTGCTTCATTGCCGTGATTACACTTTACGATCCTTTTATGA
TAACTTTGTCATATATTAGCAAGAATTGGTCTACTGTGATGTTTGGGGAGGAGGAGGGGG
ACTAACACACAGGCACTCAATGAATGAGTGAAGGAAATAAAAGTCACCCCGTTGGTGAGA
TATATTGGTCTGATTTCCCTTAAGGTTTTAGTTGTAGAATTTAAGACTTTCCACTAACGG
AAGAGATGTTGTCCTGACACTTGTGGCATCAAATGCCTGGATCCTGTTGACACCCCAAAC
ATTAGCGTTTAAGGTGAGCATAAATCAACTGTCCATCAGGTGAGGTGTGCTCCATACCCA
AAAGTAGTGTTCTATGGCATTAGTGTTTTTGTGAGAAGGGTAAATGTAGTGAGAAAGGT
TTCCACAGAATTCATAGCTGACTACTTTGAGACGAGCAGCCAGTGCTCCAAGCCCAGTG
GGTGGAATGATAGAATGCATTTAAATCACATTGTAAACTTCCAGGTGATCCATGGATAG
TTCCATCACCTTTCCTTGAAAATATATCTTCAGCTTTGGGTAGGAGGAATCTTGGTGTAT
GGTTTTTCTTAGTCTTCTGCTTTTGAATTGTGTTTGTGAAATTTGAATACTTGCAGGC
GCGACTCACTAACCATGAAGAAACAGCAAATTAGGAAGACAGGATGATCAATTTCTTGT
CATCTGGGGATATCCACAAGGATGAGGTGATTAAGGAAGTCCAGGAGTTTTACAAGGA
TAAGGAAGGGCAATTAACCATCTGGCTGCTTGTCCCCTGGAGAAATTGACAGAACATCAA
TACTGAGTGTTTCAGAGTGTGTTTGGTTTGTGAGCAGGTCTAGGGTGAATTGAACATCCCTG
GGGATTCATAGCATTACCTACTCCCTGAAGTCTAGGGACAGGAAGATGGTTGGAGACCT
TTCAAGCTCAACGGCTATTGTGGTGACATTTTTATGTTTTATTGCCAAGTTGCATCCAT
CCCCACCCTTACATTTTGTGCAGTGATTATTTTTAAAGTCTTCTTTCATGTAAGTAGC
CAGGCTTGTGTCGTCGGTTTAAAGCTTTGCTTGTGCAAGAGTGGATGCCCCGCAATCGTTCCTG
ATAGTGATGTGTTTCGACGTTTTATCAAAGGCCCTTCTATGTTTCATGTTAGTTTTGCT
AGTTTTCCACCATCCATTACATCCAGGGGGGATTTCTTCCGCATCTTAATTCACACTT
GACAAAAATGCTGTTGTAAATTTAGTCTCAGGTGTAAATACCCAAGCCCTCTGGTACTCA
AAGGTGGATGGATTAGTTGGGGAAGGGCAGGAACATATCAAGGTGGATGGATTAGTTG
GCCTAATAACAAGAGTTCCTATGGACAGAACTACATTCTTCTCGCATAGTGACTTGTGAC
TGGGTGTTTTTGGTTTTTGGTTTTCTGGTTTACAATCTCGTCATTCAACAAAGATGGGAG

ACCTGCTGAGAAGACCATTTGATTTAATGTTGGTTGTGTGTCTCCTCCTGGCAACTGGAT
GTAATCTGCTGAGGACCTTTTGTCTAAGATTCAGTAGTGTTTAAGGTTCTGATATCGAA
GCTGGAGCTCTACACCTCCTACCTGTACCTGTCTATGGCCTTCTACTTCAACCGGGACGA
TATGGATCAACCACATGCACATCCTTACTACAGAATCCGTCCTTTCATTTCAACTTATAG
TATGCAGAGTCAGCCATTCCTGTTCTCTTTGCCTTGATGTTGTGTTGTTATCATTAAAGA
CAGGGAGAAGGATGCCCTAAGCCAAAGGAAGTCCTTCTGGGGTCTAATCTCTACCTTTT
GGCAGTTAGAAAATGTTTTTCCCAGAGGTTGAAGTATGGAGAGTTTGAGACTCTTTTTT
GAAATAATAGAATGAGCACCCATTCCAAGCTTTATTACCAGTGGCGTTGTTGCATGTTT
TAATGGTAGAGCGTCCTTGAGGCTCCATTATTGTTTCATTTCAGCATTATTGTGCACCTA
ACCTGAACTCGCACCTCCTACCTCTTCATGTTTACATATACCCAGTATCTTTCACAAAAC
CAACTGGCTACAAAGAAGGATGTCAGAATGTAAGGAACTATAACTAATAGTCATTACCA
TCCAGACAGGAAAAACTGGGTGCGTAGCCCAGAGGGGAGAAGACAGTCTGTGCACAAGCT
TGATTGTGCCATAAATGTCCAGATAATTCCATACCTGAGGATTATGTGGTTTGTAAACTT
TTTTCTTTCATACGTCTTTATTACCCAAGTCTTCTCCCGTCCATTCCAGTCAAATCTGG
TTCTTCCCTTTTTTCTGTGCCTGCATAATGCTGACACCTGCTTGTTCATACAAATTG
TTTTTTGCTTCCAACAGAATCTCTGGGGCACAAGTTTTACTCAAGCTAAGTATAAC
ATGCTGAAAAAGTATTAGCCTACCAAAGACACACTCAGGCTTTAGTGAATAACTTTACAT
GTTAGGGCTCCTATTCAACACACACATGCTTCCCTTCTGAGTCCCATCCCTGCGTGAT
CTATTGTATCTACCTGCAGTCTCCATTGTTCCAGAGTGAACCTGTAATTATCTTGTTAT
TCAATCAGGTCTGATGTGAGCAATTTACACACTTGTCTCAGAAAGTCCCTCAGGGTTTGT
CAAATTTGACTGACAACCAAGTTCTTTGGAACCTTCTACCTGAGGTGGCCAAGAAGTT
AAAGTACAATAGAATTTCTGGAGTACAGATTAACCTATTTGCACTAACACACGTGACGTG
GTACCATTGCACCAAGATGTCTGACTGAATTCATAGTCACACTTTTATTTGAAAGAAAGA
TGGCCTTACACACATCTTGCATGGATGGCAGCATTGTTCTGAAGGGGTTTGCAGAAAAA
AATTCAGGACTGTCTCCTCCAGGACCAAAGTGGCCAGGTAATAGGAGAATAGGTGAAATA
TGGCCTCAACATCTACAATCTCTATGCCCGTGTGCTGGAGGGGTGCCCAGCCATTTTAG
CAGCATTCTCCACTGGCAGCTGGACTCCTGAAGAAGGTGGCAGAGGAGACACCAGTATGA
TATATAAATACACAGAGTTTGGTATGATATTTAAATACATCATCTGGCCAGGCATGGTGG
AATAAGCTGCTCTGCCCTTGCTCAGAGTGGATGTTATGGGATTCTTTTTTCTCTGT
ACCAGGAAGAGATGGAGAAAGTAAAACGTGAAAATGCTACAGTTATGGATAAGACCCGAG
CCTGTTTCCATACATGTTTTTGTACTTTTACTATATCTACATACATCAATTAACCTTATG
CTTCATTTTCAGACATTTGGTCAACAAATACTTCTTGGACGTTTATATGCAAAGCAATGC
GTCTATAACAAACAGTCTGTTCAATTTATTTCTGTTGATAAACCATTTGGACAGAGTGAGG
ATGGTGCCAAGTATCCTACGTTACAACAATAATATCATGGGAGAAATAGAAATAGCCTAG
GTTTAGGCAATTTGGTAAGTGGTTTCTAGTTATAAACTAGCCACTGTTGATTAACCTGAG
ATGATACTGGATTCTCGGGGGTATTTGTTTTTGGAAAGTGTCTTCATTGCCTGTGTTTCT
GCCCTGACTATTGTAAGAGGTAAACTTACCTGGTTTGTGAGAATGACCATTTTCTTAA
GCACAGTAAGAAACAATAGGCAAGCGTTATGTTTTTGGTAAGTTAACTATGAAAGCTTTC
CCTAGGTTTAAAGTATTCAGGCAGTCTGGCTTGGAAAGTCAAGTCAGGAGAAGAAAAA
GTTCTGACTAATAAGAAGACGACCTTCTTGGTGGCAATTCTATCTCTATGATTGATTAC
CAACATGGAAAGGATCCAGAATCTAAAATATTCCTGGAAATGGAGAGTCTGACATGATG
CCACCAAGAATCCAAAACCTATTTTTGACTTGGAGAGACTTGCTTTTGTGGTTCCGCCC
CCACATACCTAGATCTCCAGATGTCATTTCCCCTCTTATTTAAGTTATGTTAAGATT
AAACGTGTTGCTCTCTTCACAGTATTATGTGTAAAGTCATTGTTTAAAGCACGAATGTTT

ATGACAGAAGGGTTCATATAAACAGTATCCTGACACAGTCATGCTTCCTGGATTTTGGAG
ACAGTCTAATTGTTTCATCCTAATTGTTCTGTTTTTCATCTAGTCAGAGATTCAGTAAGTG
GATGTGAGTGTGTTTTCATCAAACATAGCTCAGTCCTGATTATTTAATTGGAATATGATGG
TATTCTGGGAAGATGTTTTTCAAACCTCAGAGACAAGGACTTTGGTTTTTGTAAAGACAAAC
TTGGAGTCAATAACCACCACTGTCAGATCTACTGACCCCAAGCCAGTTTCTCCAGTCAG
ATTATCAACTCACTGGTAACAACAGTATTCATGCTCATCGTATCTGTGTTGGCACTGATA
CTGATTATGGCCTTTAACCATGGTGGTTTGTGTGTTTTTTATTTACAAAAAGCCAA
TGACACCCACCTGATTGGCAACATACACTCACTTGGTGCCTACCGCGTAGACCTGG
CTATGTGCTCAAAGGACACCGGGATGTGCAGCGTACACTCTCTCCAGGCAACCAGCTCTA
GGTAAATGAGAACACTACAACCTGTAGTCAGCTCACAATTTTTAAATAAAGGATACCACAG
GACTACTGGCTTTGTGAGGGAATGTTTGTGCAAATTTTTTCTCTAATGTATAATAGTG
AGACAGAAGTATTGGACATGTTGGCAGTATGAAGAGACCGGACTGATTTGACTGATTCTT
GTGCTGTTTTGGATAACACGTTTGTACAAGCATTTAAACTGTTTCATTTGGTAGTACCT
TGTGACAATAAACTGTAATGCGGCTGTCGTTTGTACGAACCGATATTCAGCAGAATAAAT
GGTTAGGGTGAAGAAGCCATTTAGGGCAGCAAAACAAGTGACATGAAGGGAGGGTCCCT
GTGAAATACCAGAAGCCATCTTTGTTTCTGGCGATGTCCTAAATAAGTATTTGTTGATA
CCACTGATATATAAGTTGCTTCCAGTGTGAGGCTGTTTTAAATAAAGCTGCTATGAATAT
GGGGTGTAGCAAAAGTGAAATCAGTAGCCTTTGCTAGTTTGAGGGCTGGGCAGCCGTGGG
GCCCTGCCCTGAACCTGTTTCATGGTGCATCAGAACATAATGCTGACACCGGTGTCAGTG
CCCAAAGTACTTTTTGCCAAAGAACCAAGGCTGAAATTTCTTGCTAAATGAGATAATTA
CCACCTCCCTGCTCTGTTGCTGGCTCTCCTGAAGACAAGTGTTTTTCAATTAACCAAAG
CAATGTGACGGCAGGGAAATGTATGTGTGTCTATTTTGTAAGTGTAAAGATGAATGTCAG
GCTGTGGAGACCCGGAAGAGTTAGATATAATGTCATTTGTTGTAATTCAGTTTCATAAAA
GAAACATCAACATGATTGTGGATCAAATGATTTTCACTGGATATGGAATTTGTATGGGC
GTATGGAACACTCCAATCAGAAAAAGGTTATCATTGGTCGTTGAGTTATGGGAAGAAGT
TGAAAAGAGACCCCACTGCCGAGCAATTCAGGAAGAGCTGGAAAAATTCAGCAGGCCA
CTTCCAGCCAAGAAGAGCTCACAGGAGTCCAGAGTAGCCGAGGCTCTGGTATTAACCTGG
AAATGAGTACGAAGATAACCAAATCTGCTACTGGCACATTAGACTCAAGTATGGTCAGCG
AGGCAGATGGAGTCTGGTGGGAACAGATGGAAGGACTCTTCGATGGCGGCCAGTTTCA
GCTGTCTGTCAGTCATGGTATGGGCATTCCTTCTATCTCAATCATGTTGCATGAGCTCAT
TTAAATGAGTGTGTAGAACACACTCCAGAACTTAACTGTGGATGGCAGCCATGAGGGAA
ACATCAAGACTCAAATTGCAGTGCCACAAGTAATAAACATTTATTGGAAGATGAAGAAG
AACCTCTAATCTCCGTTTGCATGATACGCTTTGTTAGAAACATTAATTGTAGTTTGGAA
GGAATTCACCAGGCTCCTCTGTGGATTTACAAATGATGATATTTAACATGGTTCAAATA
TCAAATTTTTGAAGGGATTTTTGACAGAAGTGAAAAATGGGGAGAAGGATATCCAGACAG
GCAGATGCTGCTAAAAACACAGAAGTCTGTGATGAACTAATGAGCAGACATAACATCTAC
TTTTAGAGACCCCGTGTCTGTCACTGAAACCTTTTTTGTGGGAGACTATTCCTCCCATCT
ACGAAGATGAAGCTGTCATGAACTCTGCTCTCGAGAAGCTACTGTCAAAGTTTGTTTTTT
GCATGCCCTTAGCTTTACAGCTTTTGCATTTCTGTTGTATTTATTCTCAGCCATTTTGG
ATGTGCTAGGTAGGAGTGGAGGGAGATATGTTTACCAAATGCCTGTCCTGCCATCCTCCC
ACTTCATTGTTTTCTGCTCTTCAACCTCATATAACGTGTCCAGGAGAGACAGCACAAGGG
TGAGAAGAGAACATAGGAGATGGGCCTTTTATAAGGCCAACCAAGGTCAGAAGACTTG
ACCATGTTGACTTTCTCATGTGTTTCTTATGACTCAGTAAGTTGGCAAGGTCCTGACT
CTGGAGAAGTCACAAAGACTATAGGCAATAATGGAGACCAGTCCCAAGATGACAACCA

GCTAAGGTGAAAGCTTCTATGGCCTTAACATTTTCCTCTTGAAGAATGTATTTTCTGTAA
ATTTCTTTCTTAGTTGTTGGCACTCTTAGGTCTTAGTATGGATTTATGTGTTTGTGTGTG
AAGCCTGGTCAGCCCAAACCACCAGAAGCCCAAGAACTGGCAGCTCAGCTGTTTTAT
ACAGATCTCTTTGTATTCTCTTCAAGCCCAAACCAATTCTGTTCTTCAATCTAAATAGT
ACTGATTTTTTATTCTCCAGCTTTCAGTGCCAAAGAGGCCATGCTGAGTTAGGTAGGTGG
TGCAACCCCAACTACACTGGCAGTGCATGTGACTGTTCTTTGGATACTAGTACTTGTGAA
ACCGCACAAGGGGCTCCATCTTCATTACGGAATCATCACATGTTCCAGAAATATTCTT
GGCAAATTTCTAGAGGCCCTTTGACAAGACCCATTTGCCACAATCATTTGAGGCCTATT
ACTGAAAGGTATTTCCATTTTTGTGGGGAAAAGAAGCCAAATTTATTACTTTGTGTTGG
TACTGATGTTTTTCTTACTAAGGATACTATTCAAAAATTAACATTTTCATCTCAGTA
AGATGCGGTAATGAAACCGGTTAGTCAGTGTGCTTAATATCCTTGATAATGCTGTAAA
AGCCCGGTGATAACAGAACGATACCAAGGTGAGAAGCAGCTTCTGTCCTGGATAAAACG
CATCTAATCAAGAGGTAGAGCTTCCCCTGGTGTTCCTGCTGGGTACATAAAGGATCTTTT
CTTTAGCTGTTTAACTTTGTAAGATGCAAAGAGGTTGGATCAAGTTTAAATGACTGTGC
TGAACCAGTCTGTAAGATTTTTGTTAGCAGAAGAATTTTACCTATTGCATGGAAAGATGC
CTCAGATGTTCTCCAACCTTACACTAATGTCTGGTTTTCTGAACTATGTGAGAGAAAAAA
ATGAACGCCTGGTTCGACTGCGTGATGGTACCCGGTCTTACTTCGGGGCTTTCATGGTGT
ATTAAGAGCTCTGAACTGTATTCAGACCGACTGGGTATCTAGCTTACTGTTTTAACATC
TGTGCAATATGTGATGTGGCAAATCTCTATTAGGAAATATTCTGTAATCTTCAGACCTAG
CTACTCTGTAGTCCAATGGGAATTCAGTAATGACATTTTGTGATGTCAAACCTGTGAACAT
GTGGATATTTATGGCTGTAAAATAGGAAGAGCTTTAGTTCCAGGCTGAACCTGCCACTG
GGAAGTTCGCAGAAAAGTATGACAGCGACCGCACAGAATTGGGATTTACCAATTATATTC
ATCCTGCGTTAGCTCTTTTGTGAGAAAGGAAATAAACCAAACCAGCCACTTGCACTATGG
AGAAAACATCTACGAAAGGTAAAAGAGATGATCAGTTGGTTGTTTACTTGCTAGAAACC
AATTCTAGTCTTCCAGGATTCACGGTGCACATGCTGGCATTCAACATGTGGAAAGCTTGT
AAGATCTCAGGGTAGGGAAAACCAAGTGAATGAGGTTACACAGCAGGAAAAGAACCAGGTT
GATGTCTATTCTTGTGGAGACATGGGATGATTATTTTCTGTTCTATTTGTGCTTAGTCC
GGCAGTTATATTCTGCATCAAGCCTTAGAAGAGGAAGCAAAGGCAGATTCAGGGACCAA
GGTGGATAGGGTGGGTCTCCATCTACTTTTTGTCACCATCATCTGAAATGGGGAAATAT
TAGGGGTGTGTGTGTTTTGAGAGAAAGAAATAGAAAAGGGCCAATGTATTTGCTATTAAA
AATACACCAGCTCATTTGGCTGCTCAGTCTAACTCTAGAATGGATGCTTTTGAATTCATT
TAAGTACTGAATAACTCCCCTGGGGATAGCTGGGGCATTGTCTAGCTGGGCTACCTTCT
AACTGTATCTTACACCAAGTAATATTGTTCTGCTTACTGCTATAGCTCTCATCGGTGTCT
CATGAAAGCTGATCGGAAGCGCTTAAAGGGCGAGAAGACAGACCTGGTGAGCCAGATGCA
GTTCAATAATAAGGACAAGAGCTTTTCCCATGCATTCTTTCCCCGGGAAAGTTGACTG
AAGTTCCAAGACCTGGTGGATGCTGTGCGGGCAGAAAAGGGTTTCTCCTTCTGGCATCC
AACGGCTACGACCCCGTAAACTTGCTCAACGACATCGTGATTCTCCAGCTCAACGGGTGC
AGCGAGGCCAAAACAGTTTGGGAAGAAAGAAAACCTAAAGTATTTGCCGTTGGTGATTCA
CTTGAGCATGACACTTCTTTCAGTATATTGCTTGATGCTTCAAATAAAGTTTTGTCTGG
GAGTCTAAGGCCCTAGCGATTTGGGCATCTGCCACATTGGTTCATATTCAGAAAGTGTTA
TGCCACTAAAATTCATATTGAGATTATCTTGGTTTCTTGAAGAGATAGGAATGAGTTC
TCGGAGGAGGCGCGCAGGGAGGCCCTGCGGAAGCTGGGGCTGCTCAGGGAGAGTTCGTGA
ACTGGATGAAATAACTCCTTCTGTAGTAGTCTCATTACTTTTGAAGTAATCCCGCCACC
GGGAATAGAAAGTCACCATGATTTTTTGGTGAAAGTAAAAGTTGGAAAATTCATGGCCAA

AAGATAGTACTTGCAGCTAGATGGATGCTTTTAGCCAGGGGACATTGTGAGGGGAAGATT
GGGTTTTATATGCAACTTATTGTATCTGAATTCCTGTAGCACACCTCATAGGTATGATTT
ATTTGGCTCCTATTGAAGATGGCTTCTAAGAAAACAAGATGCACAGAGGACACAGAAGGA
GCCGAGCATTGGATTTAGTATTGTTAGTACTTCAGACAGACAGTGAATAAATTACTGGAC
AGTCAAGCCGCCACATGCCACAACCTCACCAGAGGGAGAATTATGTTTCTAAATATGTT
TAGGTTTCTCTGCAGAAGACAGCAAGATGCCCCAGGGAATGTTTGTGAAAAAGGATGACT
ACACAGCTGAAGTTTGTCTTTAGGCGGAGGCACCAAGCCTTGTTTTCTTGGTGAATCT
ACCTGGGGCCAATGGTGTGATTGCAGACTGGAGGGGTAACCTCCGCTGAGGGTCATTAT
ATAGTGGAACAATCCTTAACACACCTGGTTAAGTTGGGAAAAGCCTATAAATATATTGTG
CATGCCGATGACAACATCAGCAAAGATGGGCAAGAGGTCACTGGGAATAAAATGACATCT
GTTGTACAGTGAAGTGTGTACACTGGTTCAATGAAAGGAAGTTAAAAGTACCTTTTACA
GCTTGACTGTTTTCTCAAGAACATCGATCTGAAGGATTCATAAGGAGCTTATCTGAACA
CGATTGAAGAAGGGGTCTTGAGATCCCCTAAACTTGCATACCCAGTTTTTTGGATATTGT
TTGAGGAGGACAGCTATCTTGCCCATCCCCTCGAGACAGGGCAAAAATCCAGCACTCCC
CTATCTACCTTCCTTCAACTGCTCTGCATATAATAAGCACTCAATAAATGCTCATTGCC
TCTCTACATGGTATTGTAATGAATATCTGCTTTAATATAGCTATCATTCTTTTCCAAA
CTCCAGGTCCGGAGGGGTTGCGGGGGAGCTGGAAATAAACCTGGAGATGATGATGATGAT
CTCCTTCCGGGGCTGCCCTCAAGAGCTTCTGAAAACTAATGACTCTGCTGCCTTCTCCT
TAGGACTGTGGCCTAGAAGGGAAAGGAAAGCTGAGATGATGTCTTACCGTAGCAGCAGAT
CCTGATTTGATCATAGCACGTTGTATACATGTACTGCAATATTGCTGTCCACCCCATAAA
ACCTTAATTACACTCCCACAACACAGCCATTATTTTATTGTCTAGCTCCAGTTATCTGTA
TGCATTGCTGCTGCGTGGGTATTTGTCTCCTTAGCCATCAGGTACAGTTTACACTACAAT
GACTTCATTGTTTTCTGCTCTTCAACCTCATATAACGTGTCCAGGAGAGACAGCACAAAGG
TGAAAAAATTACAATTTAGTGCCAACAGTAGTGAGCATGAAATGAACTATTCAAAGA
GAAATACTGAACTTGCTGCCTATTGGGTATGCTGAGGCCACAGACTTACAGAAGAAGT
AGGATATACCCCTACCTGTGACTGTGCAGAGGACACCACTCAACTGGAAAGAGCTGGACA
AGGCACAGAATGCTTATTCTCGTCACTGTCCTTTCTATGTCAGCATTAGAGTTACTGGC
CCCACAAACATGATTGGGGTTGACATGGATTTTGAATATTAAAGTTACATGAGATTTCTG
GTGCATGTTGTAGCAAACATTTCTGTAAATTATCAAAAGCTCTGTTACCTTTATATACGC
GTATCTGAGTCCAATCCCTGTCTTCTTACTCCTGCTCATTATGAAAGCTGTAAAGCCAC
TCCTGTTTGCCAGGCGCTTTCTATACTTAATCCCATGTCATGCGACCCTAGGACTTTTTT
CCGATATGGCTGAGATTGAGAAATTCGATAAGTCGAACTGAAGAAGACAGAGATGCAAG
AAGGTGACTGGGTTTAAAGGGGCTGACTGATTGTAATAACTTGGAGAATAAATCAATAT
GGGGCCATGGGCATTTGTTTAGAGCCAAATTCATCCTTACCAGATCCTTTTCCAGAAA
GGGAAGGAGATCTTTATCTTTCTGGTTGGCTTGACCAGTCACGTTGGGAGAAGAGAGAGA
GAGAGCACTCTGTGGTTAACTTCTTAAATGCATGCCTGGATCCGTTTATCTATTTTTTC
CAACTACTTTGAGGTGGCCAAATGTAACTAAAAGCCTTAATTAAGTGGTGAATTTTG
TTTTCTTTGTGTGTGTTTATTTAAGTTATTTTTCTTCTCCTCTCCCTTTTCTTTTTG
GGGCCACGGTGGGAGCTGCGCCCTCCTTAAAGATGACTTTACATAAAATGTTGATCTTC
AAATGAATTCTGGGAATCCACAGCTCTGGCTTTGGAGCAGCTTCTGGGACCATAAGTTTA
GTGTGTGTTTTTATCTTGCTGTACCTGTAGGGAATGTTTAATCAGCCTTGGAAAGTGCC
AGGTGGAGGAGAGTTGGGAAAGGATAGAAGTGATATGCTATGGAAATCCTTACATTGTAT
GACCTGCAAGCCCCGCTGTACAAGAAAATAATTAAGAACTTTTGGAGAGTTAGCTACTA
CCCATTTTTGCTAACTCAATTTCTGGTTTTGGTATATATCCATTCCAGCTTAATGCCTC

CGAGACCCCATAGAACCCCAAAACATGATTGGGGTTGACATGGATTTTGAATATTAAG
AATTGTCTCCTCCATCACAGCTTCTCTGCGCTTTGACGGGGCCCTCAATGTGGACCTCAC
AGTCACGACAGAACAAAACCACAAGACCAGACCACATTTGTGGATAAATATATTAGCAA
AGTGGATGAAAACCTTCGATCCTTTACCTGATTATTGGCTATCTCTTCTGTTCAAGAAATT
TTGGAGTTGGACTCTGTCTTAACAGTAGCGTGGCACACAGAAGGCACTCAGTAAATACTT
TCAGTCTGTGCATAAGCATATGTTAAATCTACCAGGAGAAATGTCTGGAATCTTTTTGG
AACAATGTCTGAAAAGGGACTGTGAGTAATGGCTGTCACTTGTCTGGGGGCCCAAGTGGGG
GATGAGATGATAATTTAAGACACTGAATGATTTCTTTTCCAACAAAGCTCTATGTTAAGT
GTTTTAACTCTATCTGTCATACATCCTAGTGAATGTAAAATGCAAATCCTGGTGATGTG
GATGGGTGTGAAGTGTGTGGTTGCCTTATTAATAAAAATATGATTTTTGTTCACTCTGCA
CTGCAAAGACTAGATCCTTTTTTACGCTTTGCAGACCGCATAGTCACTGTCTCAACTACT
AACACTGGACCAGCTGTAAAAGTAAACAGTGTGTTTATGCATTGAGATACTAAAGCATTT
TTTGCTTTTTCTCCTTTGGGATGTGGAAGCTACAGAAATATTTATAAAACATAGCTTTT
CACTCCACATTCACATAATTCAACAATTTTCATATGGATCAGTATTAAGAGGGTGTTC
ATGGGTAGAGTCACTTAGGGGCCACTTCCTAAGTTGCTGTCCAGCCTCAGTGACCCCTA
GCACTGATATGTGGGTGAGGGCATGGAGGAGGGTGAGTTCTCCAAGGCCATGAGGATAT
TAATATGGCTTCTGGTCAAAATCCCTGTGTAGCTGAATTCCAAGCCCTGCATTGTACAG
CGCTGAGAGGTTGACCAGGAAATACAACGAGCTGCTAAAGTCTACCAGTGAAGATGCT
AACTCTTCTCAGTATCCCTTGTGTCTTGGGGCGGAATGGTGTCTCAGATGTTGTGAAA
GAGCTGGTGCGAAAAGATCTGAAAATTTTCTCAAGAAGGAGAATAAGAATGAAAAGGTC
AAACAAATGAGACTTATGGAAAATTGGAAGCTGTGCAGTATAAACTCAAGTTGTTGCTG
AAAGAGTGATTAAGTGAGGTTATTTACCCCTAAATGGTCCATTCTGCATTGATTTTCAGG
GATGATGATTGTTATTTAATAGCCAGAGGCTCATATAATTGGCCTCTTTGGAAGAGGCCT
TTTTTTGTAAAGTTGATGCCTTACTTTTTGGATAAATATTTTTGAAGCTGGTATTTCTAT
CAACTTTATCAAATTTGATACAGGCAATTTGTGTATGGTGATTGGTGGAGCCAACCTCGG
GACAGTGACTTGTATGCTGAACTCCGCTGCATGTGTATAAAGACAACCTCTGGAATTCAT
TAACTTGAACATCCTGATTAACGCTCCAACCTCTACCGCTGCTACCAATGAGGTTCTGA
ATCTGTGTGATCGTGGGAAAGCGACGAAAACGAACAAAGGAACAGTAAATGGAGTAACT
ATGTAACAGAGATTCTAACGTTCAACGACAAGAGGATTCTCAACGTCCACTCCAGGCTCA
GATTGCTGAGTGAGAAAAGAGCAAGTTGCTGAGTATTATATAAGTATGATCTCACTTTTGT
CCTTGGAAAGACTCATTTTGGACTTCTGACCTTGAACGTTGTAAGAGAATAAATTTACATA
GATCCACATGAAGAATCACACATATCCTTAATGTTAGATAGGACTTTGCATTGAACACTT
GAGAGCCTTCTCAGACATGAAGCAAGGGAACATACTGAATAGTTTTACACAAATTTGAT
GATGTAGGCTAACAAATGAAAAGTATTTGCCAAACTGAATAAAACTGTCATGGTTACCTTG
ACTTTACCTTCTGCAGAGGTGGCGTTACAGGCAAAGTGAGGAGGGAGCTGGGGGACACTT
GCACAAGCCCCTGAACCATATATTGTTATCACTGGATTTGAAGTCACCGTTATCTTATTT
CATCCATTTGCAGCAAATTTTGCCTACGGTATGAAATAGGAGTTCAATTTGACATTGAAT
GTCTAAGCCACTTCATCTTTGATCTCCTTGTTTTTGTGGTTCAGGTTGTATCTTAATAAA
TGTCATCTGCCCCGTGAAATCAGCCTAACGCCGTTTCTCAATGACGTGGATCGCCCTAGG
ATCATATTTTTCCAGTGGACCATCCTCCAGTGGCTGTGGTTGTTGAGCATGCTTTTCAGAA
CATAGGTTTTGTTTTTATGCCAGGAGGGGATGTCCAGGTAGTTAAGTTACTTGATCATA
TAGATTCTTATAATATTATTTAAATGACTGCATTTTTAAATACAAGGCTTTATATTTTA
GGGACATGGCATGCCCTGCACTCAGTACCCCGAGGGCTGAGCCAGATTCTGGATGTGA
TGCCTTCAGTTGGTGCTTCCAGACACCAAGGGCCATTGTGAATCCCATCCTGGAAGGGAA

TAGTATCAGACCAGTGGGAGTAAACCGAGTGTTAAGTGTCAAGGTGAGAAAGCCTCACAT
GATCCTTCTAGACACACGCTTAGTGCATTAAGGAAAATCATTTCGAGTCTAAATGGGTT
ACAGCTGGTATAGAGAAGGTACTIONAAAAATCCTTAATGAATAAAGTAATGGATCGTACC
ATGAAGTCATGCGTTAATCACATTTCGAGTGTTTCAGTGCTTCGCAGATGCCTTGATGC
GTATGTCAGTTAATTGTACTACTTGGCTGAATTTCCATATAGTTTTACTGTGTATGGGG
AGAAATTCGCAAGTACATCCTACAGCTCTCAAACCTGCAGGGGCCTTTTTGTGCTCT
GTTGTGCAACCTAGTCATTGGAGTTATTTATAAATTGATGTGGAAGTTGTATGATGGCT
CTAATGAAGTATGGGAACTAAATTGCTGGTTTTCTAAGATAAGATATGGGATATGGGTCA
AGTTTTGGTTTGCAAGCTGTCGCCAGGGAGTGGAGCAAGACTTTGTAATAACAAGAGCA
GAAATGTACATAATGTTTATATACACTTATGCCTTACATTAAGTCCAATATGAGAAATA
GACGTGGTGGGATTTGAGATGTGTTTTCTTTTTGGTTGTATTTTTCTCTATTGTTGAC
GTAAATCACCACACAAGAGGTGGAGAAGAGGACTTATAAATATTGTTTCTATGACATTTG
GTAATATACAGGGTGAACCTTTACTGATACACACAAGACAACCTGTTAAAAAGTGAATCC
CCGGTCAACGGCACTCATCATACCTTAGTTTTAAATCTGCATTGTGGTCATAATCTGTT
CTTTGCATAAGTGCATGACATATTTTTGCTTTATTACAGTTTATCTATGGCACCCATGC
AGAACATCACACAGAAAGTAGTTTGGGTGGAAGACTTAGATAAACGGTCATTTCTACTGG
GAGTTATTCATATTCTGTTGGAAGCTTGTTTTCCAGTCTCTTGACAGCGTTTTAAAAGA
GCATTATGCAAATGCATTATTTTTATGTAACCTGTCCACTGTTGGTAGGCACTTGAGTT
AAATGTGAAGTCTGGCTTTGAAGAGGGTGTATAACACACATAATTTACTGTGCATCAGTC
CCAACACTGTGTGAATTATCTAAATGCGTCTACCATTTTGCCTAGGGAGGAAGGATAAA
GATCAAGAGAATATTTAGAGTTTTGGTTTACACATCAAGAAACAGACACACATACCTAG
AAAGGATCATGAAACCTGAGAAATGCTAATGGAGATTTGCTGGTACATAGGAATCTAGCA
GGTCCATTCTTCTCTAATAATCATTTACTGTTCTCAAAGAATTGTCTACATTACCC
ACTTCTCTTTCTGCAAAGGCATCTGAATGTGTCTGTGTCCCTATAGGCATAATGTGAGGT
AACCAAAGCTAGAAGCAAATGTGCGAGATAAGAGAGCAGATGTTGGAGAATTCTTCTAGAT
CACTTATGCATCACGAGGAAATAACTAAAATACATACCAAGAGAAAAATACCTTGCCATC
GTTGCAAGACCCTTCGAACACATTCTGTATAAAGTATTTTGCCTATTTAAAGAAACC
CAGGACTTGGCAACACCAAGAAGCATTCAAATATAATGATTTATTCAACTGTGTATTGTC
GATCAACATTGATGAATTGTTGGAGTTAGAGAGTGAAGAGGAGAGAAGCCGGAATAATCCA
TGTGTGGGTTGGGTTAATTTGGATCTTGCCTAATAATGCATGTTGATGTTATTGTGGG
TTGGGTGGCCTGCCTGCTCTTGGGAGCGGGCTTGGGAAGCTGAAGAAATTGAATCAGGA
GGAGCCTTTGGAAGCTTAGAGTCTTTGAACTGCTGAGTCACTTCTAGGTGGGATTTTTT
CTGGAGTCTGGAGTTAAGGGATGAAGGCAAGGCTGCAGGTCTGGCCAGGGGAATTTAA
GGCTTTCTGGGGCTTTCTTTTTAAAGTCAGACTGTTGAAGGTTTCTTCTATTCTTATT
CTGTGAAGATATCCAGTGCCTGGTGGGAAAAAATGTTTATGGGATTTCAAGGTTGGGAG
GTATTTATTATGACGATGGTGACTCCCCAGTGCAAAGGGGGCCAGATTCTGTGTGTTTC
GTGCCGCTGTGCTGAGGAGAATTGCTTCATACAAAAGTCGGATGACAAGGTCACCCTGGA
TCCATCAACTTCTATAAAAGAAGAGGTGCTTCTGATCTGTCCAGTGAAGAGGGTTGGAGA
GGGAGGTTAGATGTGTGTTTCAGGCTTGGAGTGTATGAGTGGTTTTGCTTGTATTTTCT
GACATATCCACAAGGTCGTAATGCATGCTAGAAAAATAGGGCTGGATCTTATCACTGCC
AAATTTATGGAATCAGCTCTCGCACTGCCATCTTTGCAGTTTTGAAAAAGAAATTGCTT
ACAGTATAAACAGCCCTATTTCTTGATAAAAAATGACAAATGACTGTCTCTTGC GGATG
TCATTGCCAGTGTCTTTCTTTGGTGCTTTCTGTTTCAGCATTCTTAGCCTGTGGCAATA
ATTCCACAGTGGCTGTTATCACACTCCATTTACAAGTTGGCTCAGAAAACCGGAGGTGAA

AAGTATTCTGTTGCTAATGACACTGGCTTTGTGGACATACCTTCATGGGAGAAGGACCTG
AGACTGTGGTAGGGGCAGGGAGGCAACACTGCTGTCCACATGACCTCCATTTCCCAAAGT
CCCTGTCAGATAAGTTTTAATGTTTAGTTTGTAGGCATGAAGAAGAAAAGGGTTTCCATTCT
GATGGGGGAGAAAAAAGACAAGAGGGAAAGTATTTCTCTTGATTCTTGGTTAAATTTGTT
GAAGTCCCATTAACCTAAAGTATATGTTTTCAAATTGCCATTGCTACTATTGCTTGTCCG
CCATGGGACTTTTGTGAGTCAGGCGGGAGACCATTTTATGTTTATTTTCTTTAGTGTATA
TCTGCAAGTAGGAAAGTTTATTAGATTTCTTCTGAATGGACGAGTTTAAGAAAATCCAG
AGTGGTTCCTCCTCCCTGTTAAAGACTAATGCTCAGATGCTGTTTACGGATATTTATATT
GCATTTCAAATGCACTCCGATTATGCTGTGGTTTTATTACATAAGCACAATATGTGTTT
GACTGACGACAAGAAGGCTCTTCGTCCCTGTTTTTAAAATAAACATGGGTATAATCTGAA
TCTAGCTGAGAAATGGAGATGTACTACTCTCTCCTTTACCTTTACCTTTACCACAGTGCA
GCCCCGAGTCAGATCCACAGCATCCGGGACCTCCAGCGACTCCTGGAGATAGACTCCGTA
TTCACGTCAACTTCTGGCTCCTCAGTTTGGCAGTAAGGCAGGGAAGTTGTTTTCTATTT
GTCTCTACCTAATGGACCTCCGTGGCCAAAAGTACCATTAACCAGAAAGGTGATTGG
TAGTCCACCCAATGGCTGACAGTAACAGCATCTTAAACAACTCTTTGTTCAAATGTAC
TTCCTGTTCAGATGACATGGGGAAGATGATGGTTCAGCCACTGGTACTACGAGAATGTTT
TGTTGGTGTGATCACAAACAGGGAAAGACATCCTGGTTCTTGCGATGTGGTACATGTGAA
CAGGATGATTGTACAGAATCATTGCTTATGACATGATCGCTTTCTACACTGTATTACATA
AAGCGCTCATAAATCCCTTCTGGGGCCAGAGCCGGTTTTACAAGCTGCAGGATTTGGGTG
GCCACCGAGCCTGACCTGGAAGTAACTCTTTTAAAGATAAAGTGGGAATAAACTTTTTATT
CCCTTGCTCATCAGTTTTCTGATTTACAAGTGCAATATTTTAGCCAATGCCTTGGGAG
AGGATTTAGTATGCTCCGTAGAGACAGTTCAGCCAGTCATTTCTGCATTGGAGAGACTTC
CCAAAAGTGTGTTGGCAATTATCCCTAGGCTGAGCCTGCTCATGTACCTCTGATTA
CTTCCATTCCATTTAGCCTTTGGATCATCCTGGCTGGGAGAAGTGGGACCGAGCCACCCA
TTGCATCTCTTTCCAACCCAACTACTGAGGTAAGTGTGTAGCCTCCTCCTTGAATAACTAA
TAGATGACATGGTGCATTGCCAGCAGAAGAAAGTCAAGCAGATGGTCGAGGAGATTGAAT
AGAACATGCTAAAATCAATGAAACAGACACATTTGGTCCTGGAGATGATGATGAAATCCA
CTATGCAGTGTTATGTGTCATTGGCCTTTTTGTGAATGTGCATGTTTTAACTGCAAATTT
GGGGGTCTCATGAGCAAAATCTTACCTATGATCCAGGCACAGATGTGTGGGGGGAGGCA
GGAATGGGGAAAAGAATCTTCAAGGGCAAAGAAGTCTGTTGGGAGGATGTCTGTTGTATGT
AAATATTACACATCAAACCAATGACATGGGAAAATGGGAGCTTCTAATGAGGACAAACAA
CACTGTTTCAAACCCGGGGGAGTTGGCTGTGTTAAAGAAAGACCATTAATGCTTTAGAC
ATGCAAATTATGATATGGACGTTATCATTGGTCTGGTGAGATGTTTCATATTTGTGACAG
ATTTTGGCTGCAGCAGCTACCGCCCTGACCTGTCTCTTGCCAGGACTGTGGAGCGGATAG
GTTATGTGGATTGCCGAGCAATGACCCTTTTCAATTTCTTATTTCTGTGTTACTGAGGAC
GCCTTCTCCTTTCAAAGTGTACGTTTGTGTGTTTCATCACCTTAAATTATCTTAATTTGAG
ATTTCTGTAAAACAGGTTATAACAGTGTAAAGTCTCAGTTTCTTGCTTGGGGAACTTG
AAGAAGAAGGAGGCTCCCCACTGAAGGGCCCTGGACAGGGCTCATTAAACCTTCTCTCT
CTCAGGGAAAGATATTGGTACAGAACTTTTAAACAAGTTTATTGTGAAAGTCTCACAC
CTGTCAGTGGTTTCTCATTGTTGCCATGCTTTGTAAAATAAAAAGAATGATCAAGTAGG
GTTTTATGGACCAATGCCCCAGTTGTCAGTCAGAGCCGTTGGTGTTTTTTATTGTTTAA
CAAGGTTTAAAGTCAGTGAGGTTGGAAGATACCCTATCTTTTTTATTCAAAAAGCACAATC
AGAAGCCTTCATTGCTGATCTTGACAAAACCTTTAGCAAGTATGTGAAACAAGAAGTTCTG
CCCAGGAAATACACTAGCAAATTGTGCAATGGAATAAAATCCACACTTTACTTTAGATTC

CTACCTCATACTTTCCTTGGAAGAACTAATTAGCTATGGTTTATTGTAGGGTTTTGTTTG
TGGGAAAAGAGTTCTTCAGATCATAGACCAAAAAAGTCATACCTTCGAGGTGGTAGCAGT
ACCAAAGCTTTCCTAATGAAGAAAACGATGTGGACAAAATTAAGCTAGATCAAGAGACCT
GTGGTGCAATTTTGTATAACTTAGCATCAGTAGTTCAATAAATTTGGATTGCCATGCAAG
CATTGTAATTACAGATGCACCTTTCAGGAGCATCTCCATTAATGGTTCATAGATGATTT
GAAGTAAGTGTGTTTGTTCATCTTATGGAACTCTTGATGCATGTGCTTTTGTATGGA
TATATATTGCATAGGACAGACTTAGGAGTTTTGTTTAGAGCAGTTAACATCTGAAGTGC
CAGATTTGTACAAGTATTGGATGATTCCTTGAGTTTACAGCTGTACAAATAGTGTGGAAA
AAGGACCTGGCAGCTCTGGAGAAGGATTATGAAGAGGTGGGCATGGATTCTGTGGAAGCG
GGGGTATCCTGGGGGACCCAATGTAGGAGCTGCCTTGCTCAGACATGTTTTCCGTGAAA
AGTAACTTGGCTAGAATATGGCAGTAACTACAAGGCATGTTCTGCTCTGGCACGAAGACA
AGGCTGGACTCTTTTCCAAGAACAATATGAGAGAAACAAGTCTTCTCCTCCTCCTCCT
GTAATTTATTTGTTTTGCTACATACTGTTCCAGACTTTTAAAGGGGACAATGAAGGTGAC
CCCAGAGATGTGTATCATTCCATGAGTGTCTGTACTTTTACAACATGTGCATATTAATA
AAGCTTGCCTCAATCCTGCATCCCCATAGTTAAGAAAATCATCGAAAAGATGCTGAACA
AGGAGTCTCTGCACCTTGACATTAGAACTGAAGGAGAAGAGGGACATGCTGGACAAGG
TCCTATCAGCCCGTGACTGACGACAAGAAGGCTCTTCGTCCCTGTTTTTGAATAAACAT
CCCTGACATCAGAGGTGACGTTAGTCTTCGCAGGCAATGACTCGGCGGAATGTGATGCCA
TATCCCCAACTGGGACTTCCGAGGCAACTGAACTCAGAACACTACAGCGGAGACGCCAC
GTCCAATACTAACTGGGGGATATTATGAAGGGCCTTGAGCATCTGGATTCTGCCTAAT
ATACAAGAGGTGGATCACTGGGAAGACGAAGCCAGCTCCCAGTCCCAGACCTCAAGGAT
ATCTGAATGTGTCTGTGTCCCTGTTAGCCTAGTGTGAGGAGGTGGAGAGACCAGCCCTCC
CTTTGACAAATGTTTTAGACTGTACAGTCAAGATCTGGCGCTTGGGGGTAAGTGGAAATG
GGAAACTACATTTGCTCACAGATGATTCTTCTGAATGCTCCCGAACTACTGACTTTGA
ATAAGACTGCCTGAAGGAGCCTGAACTTCCACGTGCTGTCTTCCATATAATGTGATCTGA
GCTGTGAACATGACCAGAGACATTATTTATAATTCAGCCATTTAAGATATACCTGTA
TTTTTCTGGGTCTCCTGGGCTGCCCTTTCACTTGCAAATAAATCTTTGGTTTGCC
TGGAGATACTGTAACCTGAGGGCAGAAAGCCCAATGTGTCATTGTTTACTTGTCTGTCA
AAAGATTTCCACCTGTCACGTATCTGCCTTTTTACCTGAGCAATGGTGTAGTTCTTAGA
GGATGAGCTTTGCTATTTAATTAATAATATTGAATGCCTTAGAGGAGGCCAGAGCAG
GGAAATTAAGGAAAGTACACAAGAATTGAATGGGGCTTTAGGATTTCAAAAATACTTGG
AAGGACCAATAGCATCTGTGCCAGAGATGACTGTTATTAGCTGGGAAGACCAATTCTAA
CCGTAATTTAACTTTCTGGGTGCCTTTATTTTTGGCGTGGCTGACTTACATCATGTGT
AATTTGGGTTTCTATCTTATTTGTAATGCCTTCTGGGGTTTGGAAATAAACTTCTG
TGTATGAAAGGATGTTTGGAGGCTTCAAGAAACGAAAGCCGAGAGTCTAGCTAGACCAGA
AAATCTCATTGGTTCTCAAGGACTAACCTGTGGGGGAAAGCAATAGAGACACTTTTTTC
TGAGACTCATCTGGGATTTGGCTTTCCTTGGAAGCTTTACGTGATGTGGGAAATGACAA
TGAGCTGCGAAAAAGTCGGCTCGAACAGGTGGCTTTCAAGGAGCACGCTCTGGCTGTTCA
CCTTATGAACTCCAGCTATGTAATAAAAACTATACTCTGTGTTCTGTTAATGCCTCTG
TGAGTGTGTGAGATGAACCTTCCATCCTTTGACACCTGGTTGTATGTGTAGGCTAAGAA
GCTTATCTACTAAAGATGCAGTGAATTTGGGGCTTGAATTATTTGCTTTTGTGGATACT
ATTGTTCAACCAGCAGAACTGGGAGGTGCAAAGGACCGTGGAAAGCAATTTTTGTTTTGTT
TGATGTGGGGTGAAAAGTTACTACCTGTCAAGGTTTTGTGTTACCCTCCTGTAAATGGTGT
GATAAGATGTGGTTTGAAGCTGATGGGTGCCAGCCCTGCATTGCTGAGTCAATCAATAAA

GCTTTGGCACCTGGCCAGATTTCTTAAATATGACACAAAAAGTGTAATGATAGAAGAAA
CCACACTCAAATGGCTAAGTAGGTTATGACCTCTCTGGATTATTTTTGAATGCCAACTG
GGAACATACGGGCAAGTTTATAAGCAAATGAACCAGTGAGTGAAGGGCATTATCACAAC
GAAGACTTAGCTGCCCTGGAGAAGGATTATGAAGAAGTGGGGACTGATTCGTTTGAAGAA
CATTTTTTGAGTTAGATGGGACTCTCTGGATAGTTGAACCTCTTCACTTTATAAAAAAGG
ACGGCAAGTACATGGCCTGCTGCATGTTGTACAGGGGGGATGTGGTCCCAGAAAGATGTCA
GCGAAAGATCAGATGAGATTTAATGAAGACCCAGTGTAAGAATAAATGAATCTTACTCC
TCGGATAGTTGTATACAAATGAGCAAGGTATTTGTTGCAACTTACTACATAGCATATAACC
CCAACAATATTTGAAACCTTATCTGCGTGTACAAGTTTGCTACTGGTTTTGTTTTGCTC
TTTGTGGGAATTTTACATAAATCTTTGTTAATTACTGAGTGGGCAAGTAGACTTCCTGTC
AAGCATGATCTTGAGCCTCAGGACTAGTTCCAAAGTACATCAATAAAAAGGATTATGGT
AGTAGGAGTGAAAGCACTTCAGAATTTAAACCAGGATACTCCCTGCATGATACATCTGTG
ATCCCTATTTCTTATCTTATTCTGATTCTGGCCATGCTACAAACATGTTCTCACCTGCC
AGATGTACGGGGGAAAGAGAAGCTGGGGATTGGATGAAAGTCAAAGTTGTCTACTTTAA
GTGTGGAAACATCTATCCTATAGATCATCCTATTCTTATGTGTCTTTGGTTATCAGATCA
GGAAACCATTCAAATAACAAGTACTGGTTGAACCTGACCACTTCAAGTTGCAGTGAATG
CTGAAGATGATTTAAAACATGAAAGTGTATTGTTGTCACTGTGGTAATTTCTTGCCAGT
ATAATGACAACACCAGTGTGTGGGAACCACCTTCTAGAAGTGGGAGAAGACTGTGATTGT
AGTGATCTGTGTGGATGGAGGAGTGACTTGCAATGGAAGCCTGCCAGCCAAGACAGCTGG
GGTATCGTCTCCTCAACAAGTGCAGACCTGGGTGTCCAACCTGCGCTACAACCACATG
AAGAAGAAAGCCCTTACCATTGTGGAATGATGCCCTGGCTTAAAGTTTAGCTCCACAT
TTGTCTGGCTGTCAAGGAAGGAAAATAACTTGCATGTTGGTGAAGGAAGAAGAAGAGTAG
GTAACCTGGCTAGAATATGGCAGTAACTACAAGGCATGTTCTGCTCTGGCACGAAGACAA
AACATTATTTAATGTGTGAGAGGAAGGCTGGCATGACCAAGGTGGACCAACTACCTTAA
CACGGTTAATCCATCTACTTTATTGCATTATATAGAGAAATAAATGAAATGTCATAGCTG
TGTTTGAACCTCCTGTTTGACAATGTTTGCTGTTGATTTTTGTTCAATAAAGAATTTGG
AAGTTCTTTGCTACTCCAGTAGTGTCTATTTTAGATGATAATTTCTTTGATCTCCCTA
GCACATTTTTGCTTTTTAAGTAGCTGGTTCATTTTCTGAATTTCTCACATTCAGAGTTCC
ATGCTGTAGTGGGCCAGGGCTGTGCTGAGAGTAGATGGGTGCTAGACTCCACGTTTAGTT
CTCTGTAAAGCTAAAATAAAGAAATAGAACAAGGCTGAGGATACGACAGTACACTGTCAG
CTCCAATTTGGAATCTTCTTTGACAATCCTAGATAAAAAGATGGCCTTTGCTTATG
CTGTGGAGGGAATGACAATAACTTTGTTAGCAGGGAGGATTGCAAACGTGCATGTGCAAA
TGCTGGTGGGAATGTTTGCATAGAGGAAGGACAATAACCCTGCCATCGTGAGTTAATGT
ATTTTTAAGTTCCCATTTGAAATTGCTGGCGCTGCTGGCCGGATGCATTTTTGAGTTTGT
GGGACTTCCATCAGACTCTAATGATAATAGTAGCACAAATTGAAAACCTCCCAAAGCTT
GGGTTTAAACAGACCTCTCTAGGACACAACCTGTTTCTGCTTTGAGCAATAATTTCTAACC
TATTTTTCCCTTAACTCAGTGATTAGACAGGAAGGAAGACATTAGTGATTAGACAGGAGG
CCCAGCACCCACTTTTCTAATCATGAATGAACAATAAAGCCCACGCTCTTTGTCAGGCTC
GCCTGGTACACAGTAGGTTCTTAATATGTGTTGAATATAGCCATCAAATTGATATTGGAT
TTGTGTCCTTGGTTTCTTGGGAGTAGGTCTTCGAAACTTGTGTGGCCAGAGCTCCAGC
TGTGACACAACTGGAGATATTATGGAGATAGCTGCTATGGGTTCTTCAGGCACAACCTTA
TACAGGATCTAAAAGGGTTTTCTTAGAAAGGGCAATATTGTCCAATGAAGTAAGCAGAAG
TCCCTTTTCACTACTTTGAAACAGCAACCATGTGGGCTACTCATGATGGGCTTGATTCTT
GTGAAACCTTGTTAACTCTTAAATTAGAGTTTTCTGTATAGTGGCAGAGATGTCTATTT

GTTGTGTGTAGTATATAGTTGACTCGCAGTTTCCTGTGAATCTGTAATTGTTTCAGAATA
GGTGAGTTGGCATGCAAAAAATTACATTGATTACAGTGTGTTTTGGAGCTGGCTCTGTTT
TCCTGGAGGTTCCCCAGCCCCACTTACCGCGTAATGCGCCAATAAACCAATGAACGAAGC
TGTGAGATGTTCCCCTGCTGTAAATGCAGGTCTTGGTATTTATTGAGCTTTGTGGGA
CAGCCACCTTTGTAAAGCACTAGTGTTCATTATGTAAGTCAGGTCGGCTCAGGTCT
ACAAATGCGAGTTAGGGGCTACCCAGAGTTGTGATAGAAATAAACTAAATTTCCAGCGGA
TGCTCTGGCAACCCATAAATGACACCTGAGCTCCGTAGAAGCTAAGCTCCTGAGACCCA
GAGACAGGTGGGCATTTTTGGGCTACCTGGTTCGTTTTATAAGATTTTGTGGGTTGGT
TATAATTACTTTAGCTGCACTAACAGTACAATGCTTGTTAATGGTTAATATAGGCAGGGC
CCACACTAAAAGTGATGCTTCACCTGGGGCAGTTTTACAATAAAGATAATAAAAAACCAA
GTTTCAGTTACTTAGATGGTCTCATAAGTTTTCTGATACAATTTGAAGACAGAAATCTGC
GTCTCCCTTTCCAGATATTCAAGTCACCTCCTTAAAGGTAGTCAAGATTGTGTTTTGAGG
GACTTCGACGAGTTCCTGAAGATGATGGAGGACGTGCAGTAAGGAGTGGACAGTCGCCTC
CGATTCTCAGTTCAAACCCGAAATCCAGGTCTATGAGAACATCCATTTGGCCCGTCTTG
TCTTATTTTGGTTTGGTTTACTTTGGGCTGCTAACCACAGTGTTAGGAATTAATGTGG
TAGAAAATGTTTGAATTTAAGAAATAACTTGTGTTACTAATTTGTATAACCCATATCTG
GGGGTGGTATCTAGGACCAGAGAGGAATCTACTATTTCTACTGTGAAATAATTCAGCAGG
CACTGCACATCCCAAACCATGTTACAAAAAGAGCAACTGCTATATTCACATTATGATATT
TTATGCTTTTGCCAACACATCTTGTAACCTAATACTAGATGTTAAGGTTGTTAATGTA
TTAATTAATAAAGTCAATTCCTGGAATTTGAGAGAGCAAATAAAGACCTGAGAACCTTCC
CAGGAAGTCTTCAGGGAAGTCACTGAGCCCGGATGCTTCTCCATGAGACACATCTCCT
ATCCTGTGTGTTAAGCTCTGCTATTAGGCCAGCAAGCGGGGATGTCCCTGGGAGGGACAT
GCCTTGTGGCTGTACAGTTTTGAAACTCCCGTTCTATTTTATGATGGTTGATAATAGTC
TAGGCCCTCTAGGCTGGGGAAGCAAACCTGGAACCCATGGCAATAATAGGAGGGTGTCCAG
AGAAGAAGTGGTATTTGCTGGCGAGTTAAATAGGCAAGGTACCCAGTGATAACACCAACC
TCCAGATGGCCAGAATGAATGTGATAGTTCAGACCAATGCCTTCCACTGCTCCTTTATGA
GGCAATGCTTCGTTTTCTAAAGGATGCTGCTGTTGAAGCTTTGAATTTTACAATAAACTT
CATGTGATCCATCCTGTATTTTATTGATGCTTTAATAAAGGGTTTGCACAGCTGTGTGG
TTTTGCAGCTGATCCAGAGGAACCCAGAGCCAACTTACCCCAACCTCACCTATGGAACA
TGAAATGCTTGATTGTAATTATTGAGCTAAACAAGTCTTGGTGAAGTGTGTTGATTTGCC
AAGTCCTAGTTCCCATATTTAAGACCAGTCTTTGTCTAGTTGGGATCTTTATGTCACTA
AAGTTCCTATCGGTCGATCCTCTGCTCTGACCGAGAAGTACCGCTGAGCGCCGCTCCG
AAGTCTGTGCTGATCCCAGTGAATCCTGGGTCCAGGAGTACGTGTATGACCTGGAAGTGA
ATCAGAGGCAGGGGATGCAATGAGAGCTTCAGAGCTGCCATCGACAAATCTTATGATAAA
ACAATGAGCACCGTGGTCAGGGGATAGCAAAAGCCCTGGTCAGGACTGTCTCCAGTTTG
GAACCAGACTGAGGAAAAGAGGCTCTTCAACAGCCCCAGTTATCCTGGCCCCATGACCGT
TCAGGTGACCCTGATCACCTCTGGGTGTACGTGTACGTGGACCCAAACAATGTGCTGGA
CTAAGCTATAACAGTCGACCTTATTCTTCTACTCTGAAAAATCTTGACTTGTTTGAGTGT
ACAAGCCTTACTCACCTCTCTAAGTTTGAAGCGCTCATCTGGCTTTTCGCTTGCTTC
TTAATGACCAAATGTGGCGGTACATACCTGTACATACCTGCGGTTCCAGCTACTCAAGA
TCCTTTTGAATCATAAGCACTTTTGTAAATACCTCAAATCTTTCGAGAACAGCAAGGAG
AACAGAACTAGACTCAGTTTTCAATTCCATCCTAAAACCTTTTAAACCAAGCTTAGCTT
GGGTCTGTTTTATAATGCATTTGTGTAAGGGGAACGGGAGGAAATGAGATTTAAAAATAA
TGCTGGTTGGTATCTGTAAATGTTAATAAATATCTGAGCATGTATCTATCAACGCCAAG

AAATGACCCACAGTAGGTTGGCAGCGCTTCGAGTAACAAAACCTTATTTGGACATTGGCT
GCCTAAGTGGCTTAGCTGGGTCTTTCATAGCCAACTTGTATATTTAAATTCTTTGTAAT
AAGAAGGCATACAGTGGCATAAACGATGCTCTTCTAGTAGCTTAATAGGCCACAAGCTA
CTACATGGGAACAAACAGATCGAACAGTTTTGAAGCTACTGTGTGTGAATGAACACTC
TGCTAGTGTTAGGAGTTAAATGGAAACAAGAAGGACATGGGGCAAATGTTTTACTGTCA
AGCCTGAAGCTGCTTCATTTCCTTAGGTCTGTTGTGTTTTCTGTAAAGTGTTAGGAATTC
GACAAGACTCTCAAGATTTATGAAGGTGCCTACCATGTTCTCCACAAGGAGCTTCCTGAA
GGGATTAGCCTCTTCCTCATTATGGAGCTGATTTTCTAGTCTGTGGATCAGCTATGCCTT
GCATTGAACTGTAGAGTGTACATACCTGAGTTTGAAAATAAAAGCACATTTCCAAACCT
TTTTCTGTGCGCGCGCTGTTTCCATAGGCAGAGCGGGTGCAGACTGAGGATTCGCTT
TATGTTTGAGAGGGTAAAAATGTATGAGCAGCTTAACTGAAGTAGAACTATTCATGATGC
GGTTGATGGATTAATTAATAAGTCAATTCCTGGAAGTTGAGAGAGCAAATAAAGACCTG
TGATGATCTTTCTAAGTACGATGTTCAAGTGAGAGCAGCAGTGAGCTCCATGTGCAGAGA
TGAGGAAGTGGACGAGATGTACCGGGAGGCACCCATTGATAAGAAAGGCAACTTCAACTA
AAGAAAGAAACAAATGAGACCAAGGAAACCAACTGTAAGTATGAGAGAATAACCTGGGTC
TTAGAGCTAAAGGAATCAGTGTACACTACAGCTAATCCTAATAAATCCGATGTTTTCGG
ACTCCCAACTCCAGGAACCCAGCAGAACCTAATTGAGACTGGAACATTGCTACCATAATT
GTGGCTGTCCTCTTAAGACACTAGTAGAGCAAAGACTTAATCATATCAACTTAATTCTGT
TCCAGATGTTTCTTATGTAATATGACGCCAATGTAAATCCTGTGTCAAGATCATAGAG
CATCACAAGGGCCCTAGTTCAGATAGTGAAAGGCCTGAAATATATGCTGGAGGTGAAAT
CTGAAAAGTCATGTTGCAAATCTTCTGTGAAACAGATGCTATTTTAAATTCAGTGGGAG
TCCTATACATCGAAGGTGTGCATATATGTTGAATGACATTTTAGGGACATGGTGTTTTA
CACAGACTCAGAGAGAACCCACCATGGTGCTGTCTCCTGCCGACAAGACCAACGTCAAGG
AAGGTTGTGCTTCTGGCAGGTTCTCCCTTACAGAATGAAGCCACCCTGGGTGAGTGTGGG
AAGCTTTGATAAGAGCTGTGCTGTGGCTGAGTATGGTGTGTATGTGAAGGTGACTTCCAT
CTGTCTCCCTGTTTGTGTAACATACTAGAGTATACTGCGGCGTGTTTTCTGTCTACCCA
GAATTGAGGCCATTTGGGAAGAAAATTCTAGCACTGGTGGAGAATTATAGAATAAAGATT
TCCCCCTTACTGGTCTCCCTTCCCTTCTCCATGAACAATAAAGACGATGTCTTTCTCAA
ATGAAGTGAGACTTTGAGGGTGTATATTTCTGTGCAGCCACTGTTAAGCCATGTGTTCC
CGAATTGTGCTGAGAAGTTCCAAGGAGCCTGGTGGTACGCCGACTGTCATGCTTCAAACC
GGTGGACAGGATAACACAGATAAGGGCTTTATTGTACAATAAAAGATATGTATGAATGCA
GGAGGCCTTTGAAGATGACAGCTGTAGCAACTTTGTGTCTGAAGATGACTCGGAAACCCA
GTTACATAGCGACAGATAACTATACAGCTCAACAAGTAAAGTAAACTGTTTACCTGC
TTCTATGAGGCAGAGGAATATGCAGAGGAGTTCAGGACCTACCTGGAGGGCGAGTGCCTG
TAGAAGCCCCCTGGACAGCCTCCAAAAGAGAAGTGTGAGAAAAGTTCTTCAATCCTAAA
GAAATTGCTTTTCTTGAACCACAGTTCTACCCCTGGGATGTTTTGAGGGTCTTTGCA
AAGAACATTCTGTCAAACAAGACATTGAGAGAACATAATTCATTTGTGGAGAGATGCATC
GTGTAAGTTGTTCCGCCGCTGGAATGTGAGTGTGTTTGTGTGCATGAAAGAGAAAGACT
ACAGGGGCATTTAGGGAGCAGATGACTGAGAACATTAATAAAGAACTTAAATGACACAGC
TTCCCCAACACACGTTCTTTTCTAAATGCCAATGAGTTGGCCTTAAAAATGCACCACT
CCCGTAATCATTGCCAGAACTGACCATATCATAGTCAAGGAAGGGAACAGTGCCTTGATT
TCCGATCAGCTACCAAGCTGGCCTCCAGGGCACACCAGATCTTTGAGGAGTTCATTTGCA
ATGGCTGAAGGCATTTATTTAACGATCTTTTTACCTGGATATGTCTGTGAGGCTCCTGAA
TGTTTCTGTGCCCGTCTCTGAGACAGTCTCTGTGTGGAATTTGCCTTAACTGAAGTAA

GGGTGACCAGGTCTGGGTTGAAAAAGACCCCAAAAAGGGTCACATTTACCAGGGCTCTGA
GGCTGGTTGGTGCTTTGTTTATGGTAGTAGTTTTCTGTAACACAGAATATAGGATAAGA
TCCTACTATCTCCTGGCCTGGACCTCAGAAGGAGCTTTTTGCCTATCTATAATTTTTAC
AAATTGCTATTGCTGTAGTAAGAGAAGCTCTTTGTATCTGAACATAGTTGTATTTGAAAT
CCAAACCTCCTTTCTGCTTGCTCAAACCTGCCAAATATACCCACACTTTGTTTGTA
GCAGTATTCTTCAGTAAATAAAGAATGGAATTGCTGAATGTAATCATTGAACCTCGAGTC
AAGACATGGATCATGGTGTGCTGGTGGTTGGCTACGGATTTGAAAGCACAGAATCAGATA
TCATATACATTAAGTTGAGCCATATGTAATCACTGTGTTTGTAGTTAGAAACAGCTGAG
TCTGCTCCAAGCCTGTGACATATGCCACAGTAATCTTCCCGGGAGGGAACAAGGGTGGAG
GTGGCACTCTCACCATTACGCTGCGGAATCTACAACCCCATGATGCGGGTCTCTACCAGT
TTTTTTAGAAAGCTCATTAGCAGCCCTCTAAAGTGAAGTACTAGAACGTTTCATTACACTGCCT
AATGATGGAGGAAAAACAGTCCCTCTTCTCAGACAGTGACACCTCAAACCTGCTACAGT
AAAGCCATGAAGAAAGCCACAAAGAGTAGCTGAGTTACTGGGCCAGAGGCTGGGCCCT
CTCAGGGGCTGGTTCCTGTGGAAGCGGTTTTGCTGGACTGATGGGAGCCACTGGAATTT
GCAGCACATATCTGCTTCCGACACAGCTGCAATCACTAGCAAGCTCTCAGGCCTGGCATC
ATCGTCATGGTGGGCTGGATCATGAGCATCTTCTGGGGCATGGACATGGTCATCCTTGCC
AGTGTGCGGAAATGCTTCTGCTACATTTTTAGGGTTTGTCTACATTTTTGGGCTCTGGA
TGCATCAACGTGGCAGTTGCCAAGCCAAAGAAAGGGAAAGTAGAGAAGTAACCACATAT
AATTCGGGGATTTGAGTTTCTCTGAATAGCATATATATGATGCATCGGATAGGTCATTAT
ATGTTCCCTTGCCCTTCTTACCTAGAACACCTGCTATAGTAAACGCAGACAGGAAACTG
ACAGACGTTAAACAAATCCTTTACCCAAGTTATGCTATGACCTTCCGCAGTTTACTTT
CCTGGTGCCTTCTGATGGGGCTGGAATAGTTGAGGTGGATGGTTCTACCCTTCTGCCTT
ACACACTTGCTCGAGAACCAAGTGCATTTGGGTGACATTTGAAGATTGGGGAGACAAGA
GATGTGATAAGGATCAGAACAGCAGAGGTTCTTTAAAGGGGCAGAAAACTCTGGGAAA
GGGATGCTTATTTGTTTGCTTTGTAAGAAATGCTTCTGATTCAGTAACTGGGCAATTA
CTACATATTTACCTGAATGTTACAATTAGCTTGCCAATAAATATTAGTAGCTCTTAAGC
TGTAACCATATTTGCATTTGAAGGTATTCTCATCAAGAACTTCTACGACAGCAAATTGC
GGACAGGTTGCCAAGCTGTCAAAGAACCTCTGGGTCCATGGGTAGACAACCAGGAGCCT
TACTGTAATTGGCTCTTAAGGCTTGAAGTAACTTATAGGTTACTCATAAGGCATATAC
CATACTGCCTGTTAATGGTAGTTTTACAGTGTCTTCTGGCTTAGAACAAAGGGGCTTAA
AGCAACCCAGTAAGTACAGTTATCAAAAATACTAGGAACTATATCCATATCGCTTTTGG
GTAAGTGTGCTGAATGCTTTAGATGAGGAAATGATCCCAAGTGGTGAATGACACGCCTA
AGATGAGCTAGGATGGAGAGTCCTTGAACCTGAACTTACACAAATTTGCCTGTTTCTGCT
GACTCAGATTCAGAAATGATCTAAACACGAGGAAACATTATTATTGGAAAAGTGCATGG
TCATTAACCATCCACCTGACACCAGCACATCAGGCCTGGTTCACCTCTGGGGTCACGAG
AGCATGAGGCAAGGGAAAGGAAAAGCAGAGCTTATTTTTACCTAAGGTGGAGAAGGATCA
AGGGAGCCCTGTTTGCCTTGAGATAAACGGCCTTGGCATTTTCTGGCATTAAATGTAGAAA
TGGCCAAGGTTATCGGAAATCTGGAGATGCAGATACTGTGTTTCTTGCTCTTCGTCCAT
CTGCCCCAAGGACTTTGGGAACATCAACAATTGCCGGATGGACCTTACTTCTTCTGCT
GATGTCAATAGCATTGTTTTGTATGTAGCTGTTTTAAGAAATCTGGCCAGGGTGT
CAATAAGCAGCATTGGCCTGGAGTGCCAGAGCGTCACCTCCAGGGGGGACCTGGCTACTT
TCCTTATCAAAGGACACCATTTTGGCAAGCTCTATACCAAGGAGCCAAACATCCTACAA
CTCTGAATGTGCTGGGAACCTCTTGGAGCCTGTCAGGAACTCCTCACTGTTTAAATATT
TTGTCCATTCTTGCTTGACTCTACTATTAAGTTTAAAATAGTTACCTTCAAAGGCCAAG

GCTGATGGCTGCTGGAGACAAAGATGGGGACGGCAAATTGGGGTTGACGAATTCTCCAC
CCTGATAGCCAATGGAAAGGAAAGATAAGGAGGACAGTTGGAACCGCATGGGTGACAGAA
GCTTCATTTCTGTGTCTTTTTCTACTACATTATAAATGTCTCTTTAATGTCACAGGCAG
TCACATGTAAATAGATATTACTTCTAGAGGAGCTTAGAGTTTATTGCAGTGTAGCTTAGG
TGCGCTTCAAGGGGCTGAGTGAATACCAGAGGAACTTCTGTGGAAAAAGTCTTATTTGT
TCAAATGTTCCCCCTCAGGTTATTTTGCTTATGGTACCCATGAGTTGCCTCTCTGTAC
CTCTGGCCATAGCGCAATGACATAAGGATGTTTCCAAGAGGAGGCAATAAAGTGCATGGT
CCTGGGGCCAGTTAAAATGGGTGAGTGGGGCTCTCCTGGCCTCAATCTCCATCTTTAG
TTTTCTTCTAGGTGATGAGTTTCTACTTCTCTGGTTTTTACAACAGGAAATGAAATGG
CATACATAGAGTGGGACTCTTGAATCAGGAGACAAAGCTACCACATGTGGAAAGGTACT
CAGTGTGCTCATTGTCTCAGTGAAGTTCTTTGTTTTCAAAGATTCATGGTAACAAAATG
AAGCCATTGGTGTGATGCAGAGTGGTAAACCTTGTGAGCTCAGTACATCTATTTGTGAACA
ATAGAACTGTTACACATTTCTGTGCTCCCTTACTGGTGGCATGAAATAATTCTTTTAAA
GATAAAGTGGATCTGACTGACTGTGCTGAGTCTGTTCAATCCAACCCTGAGCTTCATGTT
GTCCAAGGTGAAACAAATGCCCTTACTGAAATGTCAGAAGAAAACATCACAATAAAGTT
AAGCCAGGATGAGGAAGTACAGACAATTGGTCAGATAGAAGTGTGCCTCACTAAGCAAGA
TCCCCACCCGTGTGTGTATGTAGGTGTCTCTGTAGACAGTGATTAATAAATACTCCTGACT
TCTTCGTCATCAACAGGTGGCACTGTTGGCCACAGCCAACGGAACGCACATTGCAGTGCA
TTCCACCCAGCCAATTGGATTCTCAGATTGATGACTTCACTGGTTTTAGCAAAGATGGGA
GGGTGGGCCCCAATCCAATATGATTTGTGTCTTTATAAAAAAGGGAAATTTGTGCACAG
CGCAGCAAGGAGTGATATGTTTTGTCTTTTAAAGACTGGACTTGCTTTATATTAAATTTG
TGATGGTTTATAAGTTGCCAGTGGAAAGATGTGCAACCTTTAGCCCAAGCTTTCTTCAAAT
GGATTTGACTTTAAAGAGGAGAAAACATTACAGAAGAAAGAACCTTCTAAATCCAGCATC
CTGGAGGCCTGATAGACAAAATACATGAAGACCAGTTTCTACACAGAGAATCACTAAAAG
TTCATCATCAACACAAACACTCCTCTTACAAAAGGGACCTCAAGTAACCTTAGGCTGGAG
CTAGGCTGCTGGTTTTAATTACCCTCAGATTTACCCATAAAAACGCACAATTGTATTAT
TACAGCTTCCAGAGTCTGTGCAAACTTACTGGGGAGACAAACCATGCAGGAAACAGCC
TCACCAGATGATGCAGAGTTGAGATCATCATTGCAAAGTTCTCTGTTCTGAGGAACTAA
TGCTGTCTGCGTCTATCCATGTGGAATGCTGGACAATAAAGCGAGTGCTGCCACCCTC
TTCCCTCACTGAGAGGTTCTTTCTGGGTGTAAGCTATTCCTCTCCAGCTTTCTTTAGG
CCGTGTCATCACGGAGACCTTTGTTCTGTGGGAAAATATCCCTCCCACCTGCAACAGCT
CCCTCCCTTTTCATATCCCGATTCTTAAGTTCTGCTATTGTGGTATTGTGGTCGAAAAAA
CCCAGAGATCACGTTTGCCTGTTCTGGCTGAGTTTTTTTATTATTGTTTGTTTTAAATGAT
CCCTGGATGGGTCTCTGGCATTGTTCTCATTATGCCATAGTCAAAGAAAAATATTACC
GGATCTTTCCACCAAGCCATACAGGATGCTGAGACACCACAAGAAGGCTCTGCGGGCTGT
ACTCTGAATCCAGTGCTCTTTCTACTTACCATAGACACATGCCCTTGAGTATAAGGGA
TTTCCAGCCTTCTTGCTCTCAGAGCTATTGTTCAAGCAGAAAACAAGCTGCTTTTATTAC
ATAGTGTACCTTTCTCAAAGATAGTGTGAGGACATAGAAAGCAGAAGTTAAACTGTAT
ATTAAGGAAGAACCCTTTCTGAGGAAGAACCATGTACCAGCACAGCAATTGCTAGTCCA
ACTTTGCTTTGTTACAAGCTTTAGTTGAGGCTGCATAACTTGTTCGTGAAGATATAACAG
AGCTTGCCGACAACCAACTCAACAACCAATTCAGCCACCAAAAATAACAGCTAATACCACT
TGAACCATTGCCTGGCCTCTGTTCCCGTAGGCTGCTGGCACTGAAGTGGGTGCACAATA
GGGAAATGGGAGCATAGTACTGGGAAACCCAGACCTGGATTCTGAGTTTTTTCAGCCTAG
GTTACTACTGTCATAATAAATAGCCACAAAGCAAACCCCAAAGACATCCAAATCAGAAT

GTCCCGTGCTTTGGGTTTCTTGGTTTTGGTTTTTTAATGCCAGTTCTCAGTACATAAGTG
GACCACCGTGGATGGAGAACTTTTGATGAATTGAACTACATAGCTTTTCTAAGCAGGTT
ATTGCAGCGTAAAGGAGAGTTAGAGAGTGTTCTCTCTGATGTCATGGCCACACAGAAGAA
TTGATTGAATAGAAGGGGTGAGAGCATTCTTGCATCATGTGAGATCCTACAGGAAAAGCA
CGGAGCCAATTGTTCTGAACTGTGTATTGACCATTTGTGGACAGAAATGATTACTAATA
CGACTATTATGTTGGCCTTGAACGGGGACTGCAGAGCCCTCAGTTTGTCTCCCTTGTTCC
TTTTTCTCGTCGCTTGGCAATCTGTTTTTAAAGGATCAGGCTCGTAGGGAGCAGGATCA
CAATGTCTCCCTTTTGCAGAGCTGTATTGACTTGTTCAAGAATAACTGATATGCCTTCAC
TTTCTCCAGGACCAAGTTTCTTACCATGGGGATGTGGTCCATTGGTGCAGGAGCCCT
CGTTCGACCCTTGATGCTGGGGCATCCGGGTGGGATGGAGATAGGAGGATCTCAGTATA
GACCTTTCAGATTCTGATTCCAATCTCTAATGAAGATAGCAAAGCATTGAAACAAAAG
TAAGAAGGTGAAGTGCCTGGAAGCCATTGAAGGATTTAAGAAATGGAGTATCTGGCCGG
TGGCAGCCATGGTGGCAGTGCAGACGGCTATAATGGATTTGGTAATGATGGAAAGAATTT
CTGCAAAGATGAAGTTAAAGTCTCTACTTATGTGCCACCTACAAAGCACTAGAGACTG
GCGTCTGATTCTTTTTCAAAGCAACTGGAAATCTCACTTTTTAAAATGCAAGATGTTCC
GGGCTATAAAATATCATTTTTCAGGTTTATTCTTTTAGCAGGTGTAGTTAAACGACCTCC
AAAGACGTTTAGGTGCAATCATTCTGCTGTTTCTCCTTGGCAGGTTCAACATGGGATTG
GGGGGGCGGAAATGCACTAATTGTGCTCTTCTTATAAATGGTACATATTACTGACACA
CTTTGTCACCAGTGGCTTTGGTATTTCCATGTCTGGCATTGCATAAACTTCTCTGGTGTG
GCATGAGGCCAATCCATGAATCCAATTCCAATGGAGAAATGTTAATATTTTTTCAGTTT
CTCGACTTTCCAACATTTTTGTTATTGGCAAGGGCAACAAACCATGGATTTCTCTCCCC
TAGTTTGTGAGTTACTCATGTGACTATTTGAGGATTTTGAAAACATCAGATTTGCTGTGG
TTCTCAATCTAAATGCCTTTCAGGTGGGCCGCTTCTTGGCTACCTGGTTCAGGGGGCT
TTTCCCCCTTTATAGATGGTCAAGCACCTGGGTGTTACAAAGTTGTATGTGGCATGAAT
CAAGTGGCATAGGGGAGCTTAGGGCTCTGCCCCATGATGTACAGTCCCTTCCACAACGT
CCAACTTTTCGAAGTAGGCCCTGGCAGGCAGCTGGGAGCCATCCTGAAGAGCTGTAACAT
TGTCCCGTCATTGGGTGGCATATGTTAACTAGCTGCCAAACAACCTCAACCCGTGTAATT
ATTTAACGCACTGTTGTATCAGGTCCCTGTGGGAGCCACTGGTTCTTTAGCCTAATAAAG
TGTCTAGAAATCAGCCTGGCTGGGACGCACACCAATAGGAGGGCATCCTCACCTTTCCCA
GTGATGGTTGCACAACACCGTAAGTGAATAATGTCACTGAATTATACACTTTAAAGTGA
TGAAGGAGCTTAGCTTGTCTTCTTGGCAATTCACAATGCCTCACTCCACACCCTAAAAT
ATCAGCTTTTCCCTGGACTGGTGTCTTCTTCTGAATAAACCCAGTGTCTTGGAAACAT
GAGCGTCACTTCCATCAGGAGAGGTGCAGAGGCCAAGACCATTTGCCCAAGAAGGAGAA
TGGGGTTGAATAGAAGATGCTTGCCTTTTAAAAAATGCGATAATTTGACATACGAAATGG
CAACTCCTATTTCCCTACCAACCAAGGAGCCTCCAGAAGGAAAGGAGGAAGAAATGTTTT
TCTCGCCCCTTCTGAGTCTCATATGCTTTTTCTTCAAATTTGGGATCCTCAGGTTGAG
AGTGAGCTCCAGCACGCCAGAGGACTGTTAATAACGATGATCCATGTGTTTTACTCTAA
TAACCGATGTGCTGGAGCTACACGACTGGATGTGCACTCATTTCGAAGAGCCCCACTGT
AGAATGCCTGCAGGAAAGCCTGTTTTCTCCTCATAAATAGGGCTGTTTGAAGTGGGTGA
CACTGCGTGGGAGGGACTGGGTCACTATTGTGGTTTTTACTATAACTTTGTAAATTA
ACTGAGTAGCCAGTGAAGATAATGAATGTCGAATGTGACTGACTAGCAGCTTCATTTTGA
GTAAAGGTGTTGCTGGAAAAGGCTACTAGGAGAGTACGTGATGCCCTTACAGCTGAAAA
ATGGCTTTGTGGTGTCAAAGGCCGGCCATGTAAGATCGTTCGAGATGTCTACTTCGAAGA
TGTTCAAGTATAACCATGTTGCTTTTATGGCTTCTGAGTTTCATGTCAATTTTTGGAAAG

AGTCAAGGCTCCAGGGTTTTGTGACAAAGAACCAGCTCAAAGATATGGCTGTTACTACTG
ACGAAAGATTCTTACCATTTTATTAGAAACGCAAGGACCTCAGAGACGTTCTTTTCTGTA
CCAACAATGTGTTGATGTTTGCCATGTTCACTAGTGCCTGTGGAACCTCGTATTCGACA
AGATGCCCACTTAAGTGTGAAAAAGATATTTGTTGGTGGCATTAAAGAAGACTGAAGA
ACCTCTGACTTTTCCATGGAATGGACAAGTAGTAGTCTCTGTCAGAGCAATGTTTTAAAG
GCTCCCCAGGAAGCTTTGTGCTTTGGCGTTCCACCCCTGCTGTTACTCGTGACTCAGTTT
GAGAACACGATCTTCTCCACATCTCCAGCAAGTTCTCAAGCTCAGAGACGAACGCCAG
TAAAAATAGCAGATATATCTGGCCTACCATCCTTCTGCTGCTGAACCAATGCCAACAGTG
GTAAACCCAAAAAGAAGAAAAAGCAAAAGCCCCAGGAGGCTCCTCAGGAGAATGGAATC
ACGTTGCAGTTACGTCAGACCAGGACACTTCTGTTTACAGGAGACTATAAAACCTTTGC
AGCAAAGGTCTGTCTTGTCCCTTTGTCTGTCTGTGAATAAATGTGAGTTCGTGAAATCC
TGATCCTTTGTGCAGCGGCTGCTGGCCTCTCAAACCTAATGTGTTTATTGCGGAACTTGC
CCCAGCTCGGAGCACCTGGCCAGTGGGACCGGTGGGTTTCTGGTGCCTGAATCCGGCTGT
TTATTACCACCAGGAACTGTGAGGACACTGATGTTTTCTCAAGCTCACCACTACAT
CCTGTTTAGCTTTTATTTAGTTCTAACCTCAGTCCAGAAACATATGTGAGGTTGTTTCC
CATCAAAGCTGGCGTGTGACCTTTCCAGCCATGCGATATTCCTTGGAAAGATGCTTCCC
GTACGTGCAAGGTGTTAGTGGAGAGCAAACCTTCGAGGACGTACCCTGGAGGAGGTGGTCA
ATAAACTTGATGAACTCCAAGTTCACAGTGTCAATTTCTTCAGAACTCCCTTTCATTGAAT
CTCTCAGGATCCACACCTACTTGATCAGCTCCAACCAGACAACAAATGAGGACATTA
GGAAGTGACAACCTGAACACACTGTGTTGGATCGGAGGTTCCGTTAGGGGATCCTTCTTA
AGTGTTCTTATTGACAGTGTCAATAAGGCCCGTCATTCTCGCCAGTCTGTTGTTGTT
ACATTACAACGTACCAATCCAAGAAAGCAACTCCAGTTTCTTCTCTAGATGACTCGGAA
ATGATGCTCTCGATAGGAAGCAGTGGATTTGCTGGGACGTGTCTGTGGTCACCGGGATGA
GCCTAACCAAAGAACATAAGCTGCAAATGTGCACCCATATTTTAAGCTGCTTTTTCAGG
GATCCTTCAGTATTTGTAACCTTTCCCTTTGGAAGAAGATGAAACTGTATCTTTAGTTGCT
ACTCTACTATGCTGCTATGGACGACCTCCAGCTCTCAGTTACAAGTGCAGGCGACTGGA
ACGTTTTTCAATTTGCTCCAGGGGGAAAAATGTTTCTGCATCTTCTGATGGAAAGAAATCTT
ACCTGTTTGTAAAGCTTGTCTCTTAATCAAATTTGTCTTGACCAAATAAGTTTCTGAGG
CTTGATGGTCATAGTTCTGTTTGTGTAAGTATGCAAGATTTTGGGAAAATACCATT
AGTACGTTCTGACTTTTCTTCTGAGTTTGTGTAAGCCAGATGCAATTTCTGAGAAGG
GGTAAATGAGCTTGACCTAGAGTAAATGGAGAGACCAAAGCCTCTGATTTTTAATTTCC
CAGCTCCTCAATACTACCTGGAAAAAGCATTGGCATTATTTTCAATAAATATCAAGCACT
AACTCAGCAGTTTTCTCTCCCCAGTTGTGTTCTTGTAAACGTTGTTAATGGGTTCCCTT
CTGGCTACACTGCTTTTAGAATGCTCTTTCTCATGAAGCAAGGAAATAAATTTGTTTGAA
GTTGGTTAGAGTTGTAATGGACCCAGATGGAACCTTGTAAATGTGGGCCCCACATGATAGAA
AGCCCGTAAGCTTATAGTAGAGGATGGGGATTTTGTATCAGCTGCTAAAAGGGAGAAGC
CCTATGTGATCACCTCTAAAGGCTAAGCTTAGGGGCATTTCCCAAAGTGGGGACAGAGG
AGAGTCTAGTGGTTCCAGGGCCCTGACCAGTAGGTGCTCAATAAATGTTTGTGTTGAAT
AATGCAGGATCCAAATCCTCATCTTACTTTCCCGACCTTAAGGATGTAGCTGCTGCTGT
TTTACGCTTCTGGCCACTGGGAGGTGCTGCTCGAAAGGGTTTGGCCTGAGACTCCAAGAA
CAAATCGCCATTTTAAGCCCTGCACCTTAGTCTTTCCTAACCTTCCATTTTTAACTAGT
TTGGGAATGAGGCTTGCTGAGAGGGGCTGTCCAGTTCCAGAAGCCATGTCAGTCTCTGA
CAGGGTCATTTTACTTTGAGGCTTTTTGTTTTAAATGTAGCCAAGGTTTTTACAAAGGG
GTTAATCCCTCAAGCATGAAAGCTGGATCTTTTGGGGTTTAAAGAAGCCCAAGCCTTGTTT

AATAACCTGCTTTCTTTCTGTTCCCGAGCTGCGTTCGGACCCGTCGGATCGTAAATCCCA
GTCCCTTGTTAAAGGGGCAGTGGGAGTTATGGGGTCATCAAGGACCTTGCCTCTCTGGAA
GCACGCCTGTCTCGTCTTCCTTGTTTTGCTGCACTCACTTTTTTATACTCTGACAAAAAA
CTGAAGGTAATGTGGATGAATCCCAGAAGATTCTTATGGAAGTGGAAAAAGTTCGTGCGA
ATCCAGTTCAACAAACACCTGCTCAGCACATACTACGTGCCTGGCAGCCTGCTGGGTGCA
CTCAAGTCTTCAAATGTTCTGTAGTGTTAAGCAAAGTCTCCTCTTGCTTGATACTAAATA
TGAGACCTAGAAAGACAACGACCACTCTGCTACGCCTGCAACCGTTTAATGCCGCCGCGT
CTGTTCTGTTTCACCATGTAACACACAATACATGCATGCATTGTATTAGTGTTAGAAAAC
TCTTGGGTATTGAACTTTTAGTTTTGTTTGCCCAAGGATTAATTGAGGAAATCAGCTAAG
ACAGCCTTCTGTCCTCAATAACACAGCCATTATTGCCACTTGCTCAGTCGTAATGTAAA
GTCTGTGTGTTTTAGTTTCATCACCTGTTATCTGTGTTTGCTGAGGAGAGTGGAACAGAA
ATGGGCCAGCAAGTCTGGATAATTTCTTTCGGTCTCACATCTCCACTGATGCACACAGC
TAGTCAAACCTCATGAAGAAATTTTAGCGGAATTATTGTCTCCTACACCTGTTTCAACAGA
GAGCTGGAGGAGAATCTCAATGAGCTCACCCATATCCATCAGAGTCTAAAAGCAGGCTAG
CTGCCTGCTCTTCAGGTAGAAAGCCCTGGTTGAACAATAAACGCATGACTCTCCCTGAAT
GTCCAATCTGCTCTCAAGGCCTTGGTCTGGTGGGATTCCCTCACCAATTACTTTAATTA
TATGAAAATCCTCACTACCAGTCACCAAACATGCATCGGCGTGCATAAGATCCATCACA
TGTGGGATGGATGAATGAAGTGGAAATGTGAACTTTGGGCAAGTTAAATGGGACAGCCTTC
TCAGGCAACTCGTAATGACATTTCAACATTTTCATGAGAGAAGAAATACAGGATGCCTCTC
AAGTTTCTTGCTTGTGTTGATCATATTTTCACAACTGGATTCCCAACAGAAGTGTGGCA
CTGCCATTATAGCTACACTCAGGAGTTCTCATCTGACAAGTCAGTTGTCCTGATCTTCT
GCAAAGGGAAGATCTCTCACTTCAAGATTCCGAAGTACATCGTGTTTGTCAAACTACC
CAGGGCTATGTTTGTGTTATGATGCTCTGCAAACATTTTCATATTGGCCAATAAACAGAAAT
ATTCAAGTATTCATTGTTGATCCTCCTATTCTCTCCGTCTAATCTCTCACCTGCTAAAG
TCTCTTTTTCTGTCTAAGACTCACTCCATACCAGCCTGAGCTTGGGACCATTGTTTTGCT
TTGGGGTTCGTGCACAACACAGCTTCTGTTGACTCTAACTTCAAATCAAATCATTTGG
AACTGGAGGCGGCCACTTTGACGAAAAGAAGGAGATCAACAAACGGAAGCAGCTGATCC
TATGTTGCACAATGAGAAAAGAAATTAGTTTTCAAATTTACCTCAGCGTTTGTGTATCGGG
CTTTCGGAAATAACACCTCACAGCAGCTTCGTGCTTTTGTACAGACCTTTGTAACAAGTG
AAAGCGCAGGTATGTTCTAGTCTTGAGCGGGAGAAAATCACCCAGCTCGGAGCACCTGG
TCATCGTGTCTCAGCTCCTAGTACAGTGCTTTCAATAAATTTTTTGAATACCTCTATAC
CCTGACCGAGGCGAAGCCCGTGGACAAAGTGAAGCTGATCAAGGAAATCAAGAACTACAT
AGACCTGTTTTGTACCGAGTATTTTTGGGATAAATTTTACTGGTTGCTGTTGTGGAGAA
TTGCTGGAACCTTGATTGCTAATGGGAAACTACATGAATGCTGGCTCCCGGAATGCTCAA
TTGCTGATAACTATGGCAGGTATACGGAGAAGCGCCTTTTTCTGTGGCCAATGTGTGTTT
GGCTACAAGATTGAAGGAGATGAAGAAATGCATTGTTGAGACGATGGTTTTTGGAGTAAA
CGACCAAGGCATTGATTATTAGATCCACACAGAAGGAGCTCAGTATTTAGTCCTTTGTTT
ACTCAGCCAAGCACAGTGGTGGCAGGGCCAGCTGCTACAAAGCAGACATGTTTTAGACA
CCTACTGGACCGTTTTGCACAGGCTGTGACAAAGGATAAGTTTGCTTTGGAATCTGAGAA
CCTAGATGTAGAAATAATCTTTAATGAACGTGGCTCTAAGGGATTCCGGTTCGTAACCTT
GTCAGGAACACCTTGTTAATAGTTTGTGATACTGTTTCTCTAAGGTGGAAGTAAAAA
CGTGTGAGAACAATCTTTGCTCTGTACAATCGGCCTCTTACAATAAAACCTCCTGCTCC
AATCACTAATAGGAAGTGCCGTCAGAAGCGATAACTGACGAAGACTACTCCTGTCTGATT
GATGACAACCTTACTGTTTTAGACAAGAAGTCAACAGCAACCTCATCACCTGGAACCG

TCATCAGTGATGAGATGATACAGAACTTTCAGGAAGAAGCATGTTTTATTCTGGACACAA
ACACCCCTACAGGTGCATACTGTTCTGCTTTTCCAATAAATACGAGCGGCGATTTCAACC
TGAGAAATTGCTCTGCCTCTAAGACAACCTCTGCCTGTGTTGACCTTATTCACAAAGGACC
TCACGCCACACCAGATGATGCTGTGTTTCGCTGGCTCAGCACTGTCTATGCTGGCAGTA
GAGAATTGATCAACGTGACTATTCCAACAATACAGAGAAGACAACCAAAGATGAGCTGTT
AACTCTTGCTGCTGTTGCTAGAGTACTCGAAGAGAATCTACTGGTCTTGATTCACTGGT
CTTCAACGATCTGTACTTCTACGACGCCACCAGGAACCGTTGGTTTGAGGGACAGCTGAA
CATTCAAGTGTGCACATTGTTTTCTTCTGACTTCCAGAAATAAAAGTGTTTCCATGGG
AGTGGTGATACAGAATTGGTTTCATTAATCCTACATGGTTGAGAATCACTGATCAAGAA
GCTCCATAGTTTGGCATTTCACGTTTCGAAGTCATTAAACTGGTTAGACGTGTCTCAA
GAAGCTCTGAGCTCTTAGGAAGTTCCCGTGGTTGGAAAGAACATAATGGTTAACAAAT
TGAGAGCCCGTGCTTATGCTCTTCTATGAGAGAGATGAATTGGGGAGAATTGTCTCCATT
TTTGCACTAATGTTTCAGACACAGTTAGAGGTTTCCAAGAGATTTTGCCTGGGGAGGCT
TTTTTCCCATCAGATCGACAATGCTGACGTCTTATTTTTGCCAGTTAGTTCTGATACA
TGATGCTGACGTAAATAATACATGGCAAATCTAGTCCTTATGCAGAAATTCATTGCTGG
CCATGCTAGCCATGAACCATTTCTGGACATTGGGCCTATATTGCAGGGTTTGATGATAT
CTGGCATCAGTAGCATCTGTAACAGCATTAACTGTCTTAAAGAGAGAGAGAGAATTCC
GTAGAAGAGAAGAAGAAGGTTCTGCTGTGCCAGAAACCCTTAAGAAAAAGCGAAGGAAT
CCCTTAGGAGGCCAGAGCCGTGGAAGCAAATGGCACTTCTGTTTACCTGTTATATTATT
TGGCTGAAGCTCGGAAAATGGGGCAACTGTGGAACCAGGGTATTTTGACCAGGTTACCA
AGAACCACAATACTTCAGTGATGCCTGTGTTACCACATCAAGCGCCGGGACATCGTGC
AATGCTGTATTCATTTTGCTAACTTAGTATTTGGGTACCCTGCTCTTTGGCTGTTCTTTT
GAGCTGGTGTGGATCAGAGAGACCGAAGAATACCTTATTGTCAACCTGGTCTTTATCTT
AACTGATGTTTGAATCCAGCAGTAGCTGCGGCTGGGTACATGGCGTCTGTTTCTCAGCCA
CAGGTAAGGATGGGAATATTTTGTATACTGTGTATAGTGAATGTATTGTAAGTGTCTG
GGATGAGCAAACCTGAAGCTTTGAGAGTCTCAAAGAATGTTCTTTACTAGACTGAAATAAA
GGTTGAATTGAGTCTTGCTGTTGCTGAAGCTGTGAGAATAATTCTGTTTAAAAAATTTT
TATTTTCTAATATGCAGGGTCAAGGTAGTAGTACCAATGGAATGTTCCAGGTGACAG
AGATGGGGAGCATGTAATTGATCAAGGTGACGATGGTGACAACCTTTATGTAATTGATAG
TTTTCTTACAATTCAAGGGTTTTTCTTATATTTGGAAGAGGAGATGATTTTAGCTGGG
CTCCAAGGGCATTGAGAGCTCCAGAAATGACCCTTTTCTCCACCCGACTTTTGCTGC
CTAGACCCTGCCCTTGCACTTTGTATTAGCTACTGAATCCATTAAATGAGTTGTTAAAT
CCCTAAACATCCCTTCTGCTTTCTAGTTTGAATTATCAATAAAATGGTTTGGCTTATCTC
ATGTTGGCGTGTGTGTGTGCATGCATATTAGTAAATGTGTGTTTGCATGTGTGTGTTG
CCTCCCTTGAGAATCCCTGTGGATTTTTAAAACAGATATTATTTTTATTATTATTGTGA
CAACTATTGCTTCAGCTCCACGGAGAAGAACTGCTGCGTGCGGCAGCTGTACATTGACTT
ACTGACATTTCTTAGACATTCAGCAAAACCCACCTTAACCTCTTTTCTTCTTGAGGG
ACAAGTGAAGAAGAAGGCAGTGGGAAAACCTGGGTTTATCTCAAGGCAGCAGCCTGAGCCC
AGAGAATCCTGTGTGTGCTGGAGATCCCGAACTGTGGCGGAGGCCCCAGGAGGCAGTGAT
AGTGTTTTATATACGGTACTTATTTAATATCCCTTTTTAATTAGAAATTAACAGTTAA
GTGGCTTCATGTGAGTAAGCAAGATGCTTCTTAATAACCCACCTTCTGCCCCACTCTATT
AGGCCACAGTTTATGAAGTTATTTATTAAGACAAATCTTCATGCAGACTGGACTTCTCC
TCAACTTAAGCATAAAGGGCTCTGAACTTTTCCACTTTAGAGTGACCGTCATTTCAAGGAG
GTATGGGAGAGGAAGCTGGGGCAAGAGGAACCTAATGCATGATTAATGCTAGATATTTGGA

AGGAAGAACAGCCGATGTACAGGCAGAACTTGACAAATGAGGCAACAAGCAACTTGATCT
TAGGTTCTATTTATATGGCAGATGACGTGAAATTGTGATGTTTGTACAGAGCTTTTATG
AGGGCCCTAAGAGTGTGGTCTGCAGGGTCAAGAATAAAGATTACAGATTATTTACTTG
ACCCGATGTTTTCTTGGGGATGATGGCCTTGTTCTTTTTAAATTCTGATGCTTGAAT
GAGCAGAGCTATCTGCATTTGTATTTAGTGTGAGAGTCCTAAATGTTCTTCACCAACTTT
ACATGGGGTATGTAGACTAGTAACACATAAGAAAATTGCAGTAAGATGGTAACAAAACCT
AACTCCTTGCAAGGTGTCTTCATCTGCTGCTGGTTCACCATCCTTACCTCCCAAGTCAG
AGCCTTCCCCAGAGAGATGGCTTTAGGGGCTTTATTTAAAGACTGTGATGATGGAGCCAC
ACTCAGAAAAATGAAGAGAGAAACACAAAGACACAGGAGCAGCAACCAAGCCCCTCTTCT
GCTCCCATTGTTGCTTGTTCAATTGTCTGTCCGTTAAATAAATAAAACCCTTTTCTAT
TTTGAGGAACCTTGATGTAAACATGGTGTTCAGAAATCTCGTGTCTATCTCAATGGGATAT
ATGTAATGGGAAGGTGGCAGACTTAAGAACGTGGATATGAAGTGCCTAGAACCACCACAA
CTGAAATGATGCAGGCTGCTCCTATGTTGGAAATTTGTTCAATTAATTTCTCCAATAAA
TCTGGACGGTGTGTTGGACCCCGCGCCGTCTCCGCGTGGCTCTGGAGCCTCACCTCGG
AAGCAAGCTGTTTTTATAGCAGCTCTTAATAATAAAGCCCAAATCTCAAGCGGTGCTTGA
CAGATCTGACTCAGAAGATCTTTGACCTTCGAGGCAAGTTAAGCGGCCACCCTGCGGA
ATGAAATGAGAAAATTATTGGACAATTCAGACTTTACTAAAGCACAGTTAGACCCAAGGC
GATTCTCCAAGTTATCTTCCACTAAGCTGTAAGTGAACATTA AACAGAACAGAAAAC
ATGCTGAGGAGAACTACAGTTTTTCTTTGAATTTAGTATTTGAGATGAGTTGTTGGGAC
TGTTTCCATCTTCTTGCACAGTTTCAGGCCATGTTAAGGATGGGAGAAGATTGCCTG
GTCACACACAGTGGATATATCCAGTCATAAGCCACCCAAGAGGACCAGATCTGGGTGTTG
GTTCAAGTTGCCTCAGGGCTGGATGATCCATAGCAAATATCCCCTGATGGATAAGCATT
CGACTTTCCCGATCGCCAGGAGGAGTTTCTCTCGGTGACTACTATCGCTGTCATGTCTG
CTGCTGTGATATGATAGATGTGGTTATTGACATCTCTTGTATTTATGGTCTCAAAGAAGA
TATGAAAGTGAAAAGTCCAGTGGTATTGGCATTGGCAGCAGGTGAGCAATTTACCCAGT
GCTGCAGAGAACTATGCATTAGGTCTCTTTCAATTAGAAACCTTTACTATTTCCAATG
GTTTGTGCTTTATATCTTCTCAGGGCAGAGGTTCTTGAAATATGTACTCAATCATTTAAC
GCTAAACAACATTGCTTCTAAACTTTCAAGTCCCTTTTTCTAACGGGCATTTCTGATTA
CCTGTCTGAAGATACTGCAGTGAAAGCCCAAGCCCTAGCTTTCCCAAGTGAAGGACTAGA
TATGATTGTTTGCACAGAGGGCGCTCCTGTTTTTAAACATTTTAAAACCCCTGGCTGA
CACTGTTTACTCAAAAATGAGAAGAGTGGTAGAAAAAGGAAGAGTGTGATTTGATCATG
ATATCCCCATGTGAAAGTGATTTCTTCCAAGCTTCTCAAACCTTTAGCTGCTGTCTGA
AAGGATAGAAGCCTGAATTAACCAAGATAATTGGCAAAGGGTCACAGAAAATGTCCTTTT
TGGGGGAGTACTTGCTTTAGGATAGTTGTGATGCTAAGTGTGTTAATGTCTATAGAATAC
AGATGAGATAGATCACCAGAGAAAAGAGCAGAGGATACAGACTTCTGAGGTATAACCAAG
TGTGGGGTGTGTGTGTGTTTGTGTCTGAAATTGAATCATTTTCTAACTCATTCACTAT
TGCCAGACATCACCAGGTTGTAGAAGTTGACAGGCAGTGCCATGGGGGCAACAGCCAAA
TTGGCAACAGATCCCAATATCCTGAGCCTGAGTGGTAAGGTGCTGCCATCCTGTGACCTT
GCAGCACTGTGAAACCAACATTTCTTCAAGTGAACCTAGAACAAAAGTGGAATAAATAAA
AGTGTTAGGAGAGGTACAAAGAAGCACTGCAAACCTCAGGTGAGTAGGACTGAACTAGAA
CGCCTGTGAAATACCAACCTGAAGACACGGTTCATTCAGGCAACGCACAAAACAGAAAAT
TTTTCTTTGATGTTCAAGTCTAGTCTATAGGATTGGCAGTTTAAATGCTTTACTCCC
ATAGTAAGGGGCATGAGAGATGGAGAAAAGAAAGCCTCAGCTACCATGAGACTTTGTTGAG
CTCAGAGGAGGAGTATTCCACCAAAGAAGAGAAATATGAAAAGGAGATGAAACTGCTGGA

GAATTCATGGGTAGATGATTTGTGCAGATCTGAATTTAAGAACATTTCTTTTTCTGTGG
TGTGGTTTCAACCCTACTTCTGCATCTTAAAGACACTGTATGGTTTCAGCAGTAGTGCCC
CTCAGTGAGAACGGTTTGTCCCTGGATGCCGTGTTGGGTTTGGTTCCGGTGCTTCTCCACT
GGAAAGTGAGTCTCTGGCTGACATCCTTGAAGAGGTGAGGAAGGCCATTGGAGTCACCTT
GGAACCTCTTGATTTTGGCGTACTCAGAAACAGAAACAACCTTTTCATTGGTGGAGAAGC
TTTCTGGGTGGCTTGCTGGCCACAATCTTCTGGACATCGTGACATCAGCATCTTCTAC
TACCTTAGAGAGCACGCCATGCTGGAGAAGGAGAAGTTCCGCAGGACTACTTCCCCGA
TGATGCAACACATGTGGCATTCTGAAGCTGATAGTGTTTCATGGAAAAGGGCAAAGAAT
TACTTCTCACAATAATAAGTGGGCTGGAAAAACGGAAGCGATTACCCCCAGGGATT
TAAATGCAGAATCACGAGTGAACAGACGTCAGATGCCTGATAACAGGGTGCAGTGTTGTT
TAGAGATCTATCTTGCAAAAAGTATGTTTTCTCATAAAAAGTGCCTCTTAATTGGCCAT
TCTGGCAGGATACCATTCTTGTGCTCTTCTGTGTAATGAAGTTTAAATGCTTGTGGGA
GGCAGTCTGGTCTAGAGGGTCCATGATGGCTTACTCACATGCCTGGCATCTTGACAGGG
TTTACCTCGGTGCTTACCAGCAAGGGGTCTGTCTGCCACCATCTCTATGAGATCCTG
GTCTGAGAAGCAAAGTAACTGCTATAAAATCTTTCCATTGAAATAGGCCATGAAGTTA
CCTTTCTCTGAAAAACCTGTTCTCAGGAAGGATCTGATAAACTCATTACTCTCAGGTG
CAAGGTTTTGAGTTGGCTGCTGGTTAGCAAACCTTTTTACCCATATAAGTTATTTAAT
TTTCTCAGAGATCAGCGATGGTGTAGAGGTCTCCGATGTGCTCTCCGTATGTTAGACAA
GGCTTACTTTGAGACAACCTGTTGCATTTTGGGGTACTAATAAATGATTGCCGATGAGTT
ATGGGGTTCAAGAGAGTAATGGGTTTCATATTTCTTATCACCACAGTAAGTTCCTACTAG
TCGGACCAATCAGAGGGTGATTCTCCTCATTCCAAAGTCTGTCAATGTACCTTCTAACCA
TCAAACCTCCTCCCTGAAACCAGCAAACACCGGAAACATTTTGGCTCATTATAATCCGG
CATCATCAACATCTTCTGTACATCCTCACCATCATTGGCCGCGCCAAGGAGTAGCCGAG
CAAATCTTCAGAGTTTTCTAGTTCTTCTAGAAATACATGTCAGGTTTGTGGTTTCATCC
TAATCGTGCTGTCCACACGACTCCTGAAGCCACTTAACATTCCTGAGCTGTTATTTGCAA
TGTGAGACCAAAGACCTGGTTGTGCAACAGGCAGGCACAAACAAGACTGATGTTGTCTGT
TCTTGGTACAACCAGCTGCCATTTTGTGAAATTTTTATGTAGAATAAACATTTGTATCT
TTGAATGATACAGGGATGGACAGATATGTGATAAATCAAATAGAGCAAATGGTAATTGC
AATGTGGCTTCTCTAATGTAGTTTCTTTGATTACCGACTACACAATTATGTACCATCACA
TTGGCCTCTCGTCCACGAGGGGAGAAACCTAAACCCTGTTTCACAATCTGTGCGGAAGTA
CAACATCTTGAGCATAAAACCAACTGATACAATGATGTACAAGTCAGATGATTCTGATGA
CCTCTGTTCTGTGATTTCTGTAATGGAATCTTACAATTCCCAAACGGTATTTTAGAC
AGGAACAGTGAGATGAAAGGGGCCGTAGGGAGAGTTCCTTACCAGGAACTGCCTTTCCCAG
AAACTTGTGGCTGAATAGAGTTCTGAAGTTTTGAGAAAGAGCCAAGAGAAAATTCAGTGT
ACACTGCACATGTATAGGTAGGCTCGCTCATGGGCATAACCCTCTAAAACACACCTTTTA
GATTTGGGGGATCTACGTGAATCCAGCTTGTGGACACTGAAAATGACGTTGCTCTTATAG
ATCCTAAAGCAAATGAAACTCCAGGATGCAAATCCAGAGTGGCATTGCTACTCTG
GCACCGCACATTTTTCAGGTTTTGAAAGTTGTAGTAATGGTGTAAATCAAATAAAGCAC
GGTGGCTTTAATACGTGTTATTTGCTCATCTGATTTCTTACTCTTTGCACAATTAACC
ATTAACAGCAGGGTCACTTCTATTTTCTTTGCTGACTTACCTTTTTACTGACCGTTGTG
ATCGTGGCCAACAGCTGCACCCCAACCCATGCGAGAACGACGGCGTCTGCACTGACATT
GGGCACAGAGCCAATGTTTCGTCATTGCAGCTCTCAGCAAACCTGGGTCATAGCTTTCCCA
TTAAGAGTACATGGGATCCAGAAGAATGGTTGCCTGAAATGGAGAGGCTGAAGGCTTACA
GTGCCAAGTGTCTTTCAATTTGGAAGTGAACCTTACTCCAGTTATTGAATGTTTATCATATC

ACCTCTGCACAGCTCTCCAGGTGCTGAGATATAATGCACCAGCACAATAAACCTTTATTC
GTTGTCCTTTGAAATGATTGACCAGGAAAAAGATCATCCTTAAATTTTGAAGCAAGTGAG
CACAGGGATGCCAGTTGTATTTGTGGGATTTACCCATTATTAATAAAAACCTATATTTAT
TAAAAAGGCATGGTCCAGGGCATGTCAGGACAAGGAAGAGCGAGACTAACCATACAAAAT
ATTGCCTCTGAAATGCCTCTTCTTTATGTACAAAGATTATTTGCACGAACTGGACTGTGT
CCAGTCAAGCTTACAGGCATTGTGATGGGGCAGCCTTGGGGAATATAAAAATTTTGTGAA
CAAAAACCTGGGAAGATGTACCAGGAGACCAGGTCAAGCCCGACCAATACACTGAGGCCCT
GGAGAAAAGTAGTTCTCAGAATACCAATGTAATAATTCAATGGAAGACCTAAAACCTTTC
TTAATATCTGTACCCTTGCTCATCTACCACCCAGCTCAGATCCTTCTGGGAAGTGTGT
AGAAATATGGATGGAGACCACATGAAAATTGAAGGCAAGAGGATGTATGGTGTCTTCAAG
GCCATTGATGTATGCATCTCTGGCTGTACTATAAGAACACATTAATTCAATGGAAATAC
ACAAAACAAAACAACATTTTGGAAACAAAGATGACCATAACCACTGAAGGGAATCACATC
AATGGAGAAAAGAAAGTTTTCTGAAAAAATGCAGTAAATATAAGCCACATTTCTAAAGT
ACAGCATCTTGTGAAAGTTATGGAGCATGAAAAGACTGAAGGGCCAGGACAGTTTGCATG
CCATCAGTGTGCATCGAGTTCAAACCTGAGCCCTTCATTCACCTCTGTGAGTGAATAAAT
TGGACATCTTCTGGAAGAAGATGGGAACGTGAATTCCAAACTCACCAAGGATTCAGTGT
AATAAATGATATGTTATTATCCCAATGAAAGATCATGCATTGGGGACAGCAGAAACAAAA
TTTTTCTGGAAAACAGACGGATTTACTTCTGGAGACATGGCATAACGGTTACTGACTTAT
AAATACCTCTTTATTTTTTATTGATTGAAGGAAGTTTTCTCCACTTTGTTGGAAAGCAGGTG
CTGCACCAGCCCACATCCCCTGCCCCTGTACAGTCCTGCCCCCAGCACCCCTCCAGCC
GCTTGGTCTTTTCTCATAAATGACTTAGGGGAAAACACTTAATGAGGATGAGTAACTAA
AACAGTCGATCAAGGGATGTATTGGAACATGTCGGAGTAGAAATTGTTCTGATGTGCCA
CATCACCATTGCTAGAATACTGGCATGATTCTTCTGAGCAGAAGTTGAAACTGTAAATTT
TAGGGCACACCCCCTTTATTTCCCTCATAGAAACAGCCTTCTGTAAATTGTTCCATGACA
TGAAGTTTTGGAATGAGACTGATCCTGAGTTCGTCATTGACCACATGGACGCAAACAAGG
ATTCTCCAGACTTGCCAAAATGCTCAGCGCAGGCCTCGTCGGCAACTGCAGACAAGCAGA
GTGGGTTGAGCTATGCAGAAGATACGTGCATGAAAAACATCTTTATTTTCTTTATGTGCG
GCGGGGCCAAAAAAGGAAACCAGGAGTGCCACTATGCTGACTTCTTATTCCTTTTCATAA
TCTGTTTTACAGCTTGTAGGAGTTCAGCATGTGAACTTTACAAACAGACCTTCAGTTATC
GAACTGGGGATAGTTATATTTCCACCTGCCCTTGAAGCTTTAAGACAGTGATTTTTGTGT
GCAAGGAGTTCATGCAAGTTCGAAGGTGACCTCTTGTCACTGATGGATACTTTTCTT
ATGAAGTATTCTGTAGCCTATATTTTTCATAGAGCTCATGAGCATTACTGTACTTGCTG
GAAAAGGGAGAAAGACTCGGACAGGTGCTATCGAAAAATAAGATCCATTCTCTATTTCCCA
ATCATCTTCATCCTGGGCTACCTCACAGGCTACTATGTGCACAAGTGCAAATAAATGCTG
GCTTGGGGTAACCTTTTGGGGAAGGAGGGCTCAAAAAGAGGAACAATGAAACAGAACTAA
GTTGTGTTTGAACGTTTTGATTTTTGGAAACACATCAAATAAATAATGGCGTTTTGTT
GTCTATATGGTACTTGATCTACATTTAAGTGGAAAAATTAGCAGTATTTGAAAGCTCAGT
AGACGACGTCACAGGCTACTTCCCGTCCATGTACCTGCAAAAGTCAGGGCAAGACGTGTC
GCAATATCTTTTTCCATGGGAGACCCTAAAAGAAAACCCTGGATCAGAATGATCTGCAGT
CTGCTAAGGTAGTGAATAAATCAGTAATGCAATATTGTGGGTCCAACTACTCTTTCAC
TGACAGATGTTCCATCCTGTACAAGTGCTCAGTTCGAATGTGCCAGTCATGACATTTCT
AATTGCAGACATACTGTCAACATCTGGGACTCGAGTTACTATTACAATCATGTCTTCTTT
GGCTTTTCAAAGAAGGGTCTAGTGAGCTAAGTTTTCATCTTCTGGTACTCATTGATCAAAC
TGTCACCTTTAACCACGTTTTCATCCAAAACGATGATGCAGCTTTAACATGAATGTTACA

CTGTAAATACGGCCAGCTCTTGTGACACAGAGACTATTTTATCAATTGTCAGCCCCGTTCC
GGACCCCAAAGGCTCCTTACCCAAGTGGGTGGTGAATAAATCTTCTCAGTTCCTGGCTCC
TCCCCAAAGAGAACTGAATCACACCAAAGAGTACCCCTTCCACTAAGCAAAGGGAAGA
GGAAAGTCTTCAGTTGAAGGCGAGACAGATGGGACTATTAGTGAGTTTCGAGAGATCCAA
CACAATATTTTAACTATGTCCTTTAAAAAGTTTCTCCACAGACACTACCCAAAGCAGTCC
CTTGTGTCCTACCATGGTATTTGCTAACGTTTAGAGAGTGCTTCCCCTTGCCGAGCACTG
GGCTTAACTTAAACAGGTAGTGTTTCTCCGTTCCCTAAAAAGGTTTGTCTTCTTTTTT
ATTTTACCTACCGGAGCTAATAAAACCCGGGGCAGATTTGAGCTGGCCTTCTTTACGATT
GAGCTCTTAAATTAGATCTTGGACTTTTCTCTACCAAACCTTTGGTAGAAGCTAACAATG
ATGCAGGCCATCGATGGAAATGTCAGACAGTGCAGTCCACGCCTGAACACTTCTGGGGT
GATTCTTCCCAATGCTAATATGAAAGGTTACAACCATAACCCATCATCAGGCCCAAATAT
AAGCAGCAATTGGTGAGGCGAGGGAAAGGACCCTTTTCTCTGAGTAAATAAAGTCTCACA
GTGCATTGCAACACTAGCCATTTTCATCATCATGTGAATTGAGAAAGTCTAGCAGGAAGTC
AAACTTCGGATAGGCGCAAGAGGCACGGGTTTAGTGCTGACAAATATAATGGTAGGATCT
CGTTTCGAAGGGGACTTTAAGCTCTTTGGGTACCAGAAACCAGACTTTTTGCTAAACTAA
TCAAATTGGGATCCTTCCATGTTGAGCCAGCCAGAGAAGATAGCGAGATCTAAATCTCT
AGCTGTTAAACCGTGAGTCACATTTCTTGATGCTTTTTGAGAAAGGCAACATGATAGGTG
TTGTTTTACTACAAAATAAGTTACTTAGTTTTATAAAGACAAACCGATTGTAGCCAAAT
ATAAGGAATCAGGGATGTCTTGGTGGTGGATTAGGAGGTCTGTTTGGCCTTAAGTCTCAA
GGAAGGTAGAACTTAGAATTCAGAACTGGGTTTTCAATTGTAGAATTTGGAATCTGGAAT
AAGTGGCTGGAAGAGTCCCTTAGTACTCTTCTAGCATTAGATCTACACTCTCGAGTTAA
CTTTCCCGTGTGGAGTCTGGAGACGACGTGCAGAAATGGCACCTGGAAAGGGGAAGGAAA
ATCATCAACATTGTTTGACAGAGGCGTCACCAATCTTAGCCAGAGAACTCTCTGGAACC
GGTTTGTGCTTGAATTCAAGTGCTTTAAAGTCTTGCTGTAAAACTGACAGGAATAGTA
ATGTGGCAAATCTTTAGTTAGAATTCACACCTAGCACAACATTGGAGGACTCAGGAGAA
TTCCGTCTCTGTGTTTTCAATGTTTTTCAGGCCTTCTGTCTTGAGCTCGTATTACTGC
TTTTTTTTGGAATACGTTGGCGATTTGGCTACAGATGACCCACCAGACCTCACAGTCATT
CATCCATACAGCTCCATGCCTTTGTCTTTTTTAAATGTAATTA AAAAAGGAACCAACTGG
TGAAACGCGCCAGGAAAAGCTTCCGTGCCAGTGATTCGTTGCCTCAGAAACTGCATGAC
GCACCTAAGGAATACTACACAGCATGTAAAAGTCAATCTGCATGTGCTTCTTTGATTACA
AACTACTCAAGGCCAACTGTCACATGAAGGAATGAATAAAGAGTTTTTACTGACTTGTGC
GTGGAGTGGACGTTTGCTCGCTCCAAGCTGTATCTGTTCTACTTCCGAGAGGGCCTGACA
CTTTACAGAGAGAGGCCTACTAATCAATGTGCTTAGAGAAACAAACTACCTTTACATTCA
TAATAACCAGTTCACCCTCTTTGCCTAACAACTCGGAAGGAAAATATATCACATCAATA
GTCTTAGCCACATCCTCCAGTCCATCTGGACTAGCAATAAAGCTGACATTTTAATCCCTA
TGGCCTCTCGCATGGCGGATGACATGCTGAAGAGAGGCATCTTTGTCATCGGGTTCAGCT
CTCCCCACTCCACCCTGTTAGTTTTGTAAAACTGAAGAATTTTGAAGTGAATTAGACCTT
GATTGTAAAGAATGTGGAAAATCTTTTACTTCTCGCTCAGCACTAATTCAACATCAGCGA
TGATATATTAGTTGGATGGCATAGAGATCATACTCAGAAACCTTCGCTCACGCAGCAGGT
ATCGGAGAAAGTTTTTCAGGGTTAAACCTACTTCTTTCCCCAAGAACTCTTCTTGTC
GCCACGGGAGCTTACTAATGATGAACCACCCGACCAACACGCACTGGTACCACAGTCTT
ACAATTTTAGACCTCCTGGTGAGGATTTTAGGAGCCCGCCTGATGATTTTAGAAGTCACC
GAACTTGCTTGGCAGTGATATTTAGCTTGGACATTTTACCCTTCAGTCGGCCCAAGAAA
GTTACATTCTGACTTTTTGTGTAGCCTTGGGAAACTGCATCATGAATATGTTTTAGGG

ATCTTTACAATACTTGGGACTTGATGGGTTTGTGGAGAGGATCAAGCATGCCTGTCAACT
ATTCCTGTGTTGATGGCTCTGTCATGGTTTATTCTTCATGCAAGATACAGAGTGATCCAC
CCTTCCTGGAAGTATTTTTGTTGATGAGTCGTCTGTCATTATTCTCTAAAATGATTTGCT
GTGCACTGGGACCCACACAGCAATACGAGTCCAACCTAATAAACACATTTCTGGGGTTC
ACGGCCCATGGGACCTGGATCTACCCTTGATGCTAACAATGTTCTTTGGGGAAAAAATCT
GCGGAGACCGGTTACAGGTGATTTCTGATTTTGACATGACCTTGAGCAGGTTTGCATATA
AGTAGCTTTCTGTTCTTCTTTGCAAGTAAAAAGGGTGGGTGTTCCACTACTGACATTT
CAGAAATAGAAGAAGTTCAAGCCTTGATGACACCGAAAGGGGTTTCAGGAGGTTTTGGTT
ATGGCTGTTCCCAAGTGCACACCTGAACACTTGGAGGAATAAAGTTCTGTTTTTAATTG
CTTGTTACCCTCCTAAAGATACAGAAGTTACTGTCACCCTACTGACTTTCTCACCAGTAA
TCTTCAAAGCTTGAAAACAAGGGCCAAGTGATGAAGACTGAAGTCAAGAATGACCATGTT
CTCCTTAGCTGATTTTTCTTCTTGCCTTATACTGGGTTCTTTAACACCAGAACAAAAATA
GCCTCAGGCTTTCCCAGGGGCACCCTGGGGCGAGGAGAGTACAATAAATTTTATTCTTTT
CATGTTTCTGCGCTGTGTGAGTGAGCTTGTGATTGAAAGCCGAGAGTTCGATATGATTCT
AGACGACATTGTCAGCCAATCCCATGTGGTAGTGAGGACATGTCCTGCAGTTCTGAAGG
AGCTTTGCATCGAGTTGGTGGGAATGCAGACCTTGCACCTTCTGTTTTGCTCGCAAAAA
AGCGGTCGCTGAAGGACATGGAGGAGTCCATCAGGAACCTGGAGCAAGAGATTTCTTTTG
AACATCGCTTTTGGGTGAAGTGGCAACATGTGTTGTTTCTTCAATCGGTGGTGTGACAA
TTAACATTTTAAGCAGACTGCTAAACTGTTCTCTGTATAAGTTATGGTATGCATGAGCTG
TGTTTGGATATAAATGTGTATGTGTCCTTGTAATGTTTCTATCAAGCAAGAATGCCACG
GAAAGGAAGCCTTTCCCAGCTTGGCAGCTGAATAAACCAATAGCTTTGTACATGCTGAA
GAGCACTTAGGTATCATATCAGATGCTCAAGGCTGGCAGCTACCCCTTCTTGAGAGTCC
AACTGAGTTACAGAGCTTGTCTGCACTGAGTCATCAGGAGCAAATGCTAGATCAGATAGG
GAGGCCTCAAACCTCAGCAGTTGTACCCATTAACCTAAAATGCTTTTTCCCTCTTAGTA
TCTTCAGCTAAAACCTCAAAGGTTTGGTTTCAGATGGGGTTTGTGTTTCTGTTTGGTT
GACTGGTGAGATTGGTGGTAGGCCTGTGAAATTTGCCCTAGTTACTACCATTCTCGTTTT
CACTTCCAAAAGTTATTTGATGTGCCTTCTTTAAATGGAGTCTATCCCCGAATGAATGAA
CCTGATAACATAAATATGAGGGTGTTCAGTCACTACCTCATCTGATGCCATCATGATTTG
TCACTCATCCCTGTGATTGTATTTTGAGAAATAAAGGTGATTTCTTCAGAAAACAAAGC
TCAAGGTTGCTTCATCGTTTCGAGGCTGTGGACAGTACATTTCTACCGCTGCCAAGAAA
GTTGTCCCCGTGTTTGGAGGGTCCACCCTATCCCATCCGAACCCTGAAGCTTTACACAA
GAAGCAGCCATGGTTTCTGGGGACAAGATCACCTTTGTGGATTTATCGCTTATGATGT
AGAGAGAGAAAGAAAACTACAATCATTTTCCATTTACCCATCAACCCATCAACCTCCAA
ATGTACCCAGACTTATACCTTTAATAACAAGCAATTGCACATCAAAATCAGTTCCCGTGA
AGGCCTCAAAGCTTGCACAGAGGCAAGGCCAGACTTTTCCGTCGTTTATTTCAATAAAT
TCATTGTGTAATGAGGACACAGACTGGCTTGGTCGCACTGACTGTGGTGTCTTGAGAT
CCCAACCCCTGCCCTGGGCTGAGGCATATGAATGCTATAGTTGTGCATTAATAAATGT
GGAGAAAGACTGAAACGGAGATTTGCATGAGCTGGTTTGGAGCATGTCACAAGACTTTGTC
CTCTGTATGCACCAGATTATTCATCTCGTTTAGATATTGTAAGAGCAAATTCAAAGTCAC
ATTCCATTCCAGTTTCTGTCCTCCAAAATAGGTTCTGAATTTTTACAAGTTAGAAATGCC
AGGGGAGGGTTCGAGGGTACGAGTTTCGAGGCCAACCGGGTCCACATTGGTTGAGAAAAA
TGATGACTTCTCAATGCCAAGGCCACGTTCAAGATTTTCGACTTCAGTGATGCGTTTGT
TTCAGTGAGTGTGAAGGTGAACAGGATGGCCTGGCAGCAGGGATGTTTCCGTGAGCCACA
TGCTGTCACTGTAAGATCCTTCTATCCTCTGAAATAAGGAGAACATTTTAACTTCAGTA

TGAGAAAGAGTTCCCAAGCTTCTACCTTCCTTTTGTACCTTACGTTTCATAGCTTTAGT
AAAGCTTTTCACCAATCCTCAACCCTAACTGCCATAAGATAACTCATGCTGGAGAGGAG
CTGAGACTTTTCAGAATCACACAGGCCCTTTCCGTGGATTTCAATTTGGGGCAAAGAAACAA
GTGGTGATGTTTTCGTTCTGTTTTATTTTTCTAACTCTGCTGACCATGAATAAAAGACCA
ATATCTTAAAAGCAGAGCACCTGTTTAAGCATTGTACCCCTATTGTTAAAGATTTGTGTC
AGTTTCTGATGTGCCGTGATATTACCCCTAATATCACAGGGATGCCTCCTGTCCATTTTA
CAGCCCTAAAAGAGCTACTAAAAAGACCAGAAGTAGTATGAGAACTTATGAATACGAATA
AAACATTGTACACAACAGCCTGGTGGTCTCTAAAGCCAACAGTGTCTGTACCCTGAAAT
TGAAGAGGATCTTATTAAACTGCTGGTCTGACTTTATGGATTGACACTGTTCAATTTCTTT
GTCTGTACATTGCTTCTGCTGCTGTGATTTCTAAACCTGTGCTGTTATTCAACTGACTTT
TCTGCTGAGACGCTGTGATTGCTCTGTCCAAAGTAAACGCCCTGACGCACTGTGGGAAGG
ATCAAAGCCTCTTCATAATACCAGCTCACCTTTGGAGGAATAATGACCCAGTATTTGTCC
CACAGGATGCCTACTTCATCACCTTCATGCTGCTCTTTGCCGTTTCTAATGGCTACCTGG
TTCACCAGTGTTACAGCATGGCAGTCGTGCTTTAGCCACCAAAGACATGAGGAAATCACAG
AAGGAAATATCTTTATAGATGTCTTCTTGTGTACCTGTGTAAGAATTCCTTTGGGATATA
ATGACACCTGTGACTGTTGATGTGGAACCTGATTTATCGCGTATTCGTAAGGCTGATCCT
GAGAAAATCAGTCCTGATTTGTTTCTCCTGGAGTTTTCTTCTTTATGTGATCCTTCATAA
CCCTATGATGGTGTGTGTCAAATCAGTTGTAGCTAATCTGTCCAGGGAGAATACTGGCTT
GATGGTGAGCGGCACAGTCCCACTTCCCATCTCCCAAGTAGGTGGTGTAGAAAACCT
CAAACCTGAACTTACTATGTGTGGTATTTTTGTGTTATAAGTGTAGGACCTAGTCATAGT
ACTTGCTGGAGGCCACATGGCTGTGAGCCAAATACAGGTCTGGGTTATCAGGGCTCACAT
ATAAGGAATGCTGATTTCTCAATTCATTTTGAGGAATGGGGAAGGCTATTCTAAAGAA
CACCAGAACAAGACTTAGAAATGGCATCAGAGGGAGAGCAAAGAGGCTTGAAGAATATG
CCAAGAAAGTGGTGAATTCCTGTTTGAGAAAAGGCGTAAGAATTTTGGTATTGGACAGG
CAAGGGCCCCTCTGTATCTAGCCTGGAACCAAGGTTATCTTGGAATAAATGACTTTTTCT
TTCGAGAGTTGTGGATCAAGAGGAAACTCTGACATGATGATTCCAAATTCAGAAAGATTT
TGCAAAGGAAACAACAAACTTCTGCCTTTTTGAGGGTTTTCACTGACTCTACAAAATT
AAAGTTATCCCTGTCTGAAATGGTATCTTTTGTGAGGAGGTCTGACTTGCTGAGGCTCAG
GAGTCTTTGCTTATCGGAGCTGTTCTAAAAGGCTTATTAGTTTTTGGTCTTCATTCTATT
GTACCATCCCATCCCCTCAGCTGGAACAAGAAACCAAAGGAAGAAAAGTTCTCTATGGT
CACTAAAACATGTTTTGATGCTGTGTGCTTTTTGGCTGGGCCTCGGGCTCCAGGCCCTGG
TGAGGCACGTCATGCAGGTCAAGAAAGCTTTCTTTGCAGTAGCACCAGTTAAGGTGAATA
TCTGTACTAGTTTGTGGCAGCTCAAGTAAAATCGAGTCAAACCAACGGCTCTTTTCAGG
GTGCTCTTGTTCTGTCAAAGAACCTTCAACACAGAAAAATACAAAAATGAGGGAAATGTA
AGGAGGCTAAGAAAGTGGTGAATCCCTTTGTGAAAAGGCCTAAGAATTTTGGCACTGGAC
CTCCTCAAAGCCATTTCCACTCAGCTCTTTCCAGAGAATTCTCAGTTTTATGAGACGGGA
ATAAAACTTCCATGTGATCCTTCAGCTGTGGTGAGGATTCTGTGAGCTGGAAGGTGAAGA
ACACTATGGACCTTGAACTGGGACTTTACGAGGGTCCTCCGGGGCCACACAGACTACA
ACAATGGAATCCCACTTCCAAGTGTCTGGATGAACTACTGAAAGCTGCTGAGTGT
AGCTTTCCAGTCTTCTCTGGGTTTTATGGAGACTTACTTTACCCTTCTGTCGTTCTTCT
CCACCAAATGCTGAGCTGAAATATGAATTACACCTCAAGATTTTTGAAAAGGCCAAGGAG
CTCCCAGAGACAATGCTCAGTATTCATTCATACACAGACGATGGAAGAAGCCACTTCTT
TAAGCATTTATGTGTTTCCATAACTGACATCTGATGCAGACCTCATTCTCTCCCCCTCTT
GGAAATCTGCCACTAACCTTCCCAACTCAAGGAACTGTACCAGTTGTCCAAGGAGAAGG

CCTGACCTTCGTCTCTGTGCACGACTGTTACTGGACTCACGCAGCTGATGTCTCCGTCAT
TACCATGATCACATAGCTGAAATATCAGCTAAGCTTGTAGCGATAATGGATAGCTTATTT
TGTGGCAGCATCCCCAGCTTTGGCTGTTGGTGACCATCCCTGACTTAAGTGCCATGCAGA
AATCCAGATCTTGCCTCCCATCAGCCATCTTTCTCCAATAAATTTTTGTTTTGTGCAAG
CTTTTTGGGGCTGGAAAATGTATGAATTCTTCAACTGTCTTACAAGAGATCTGCTAATAA
ACGAGGCCCCCGATGTTCTTGATTTTTCCAGAGAAGCAAATAAACAGCGTGAACAGCCCC
GCCATTGTCTCTTGACATAAGGTCATGACGTGTCTATGTCAAAAGTTCTTATATATTTT
CTGAGCACCGTCTTTAATTTCCATATCTTCAAGTCTTGAAGAAGTTGATGTTAATTGAAG
GGACGGCTAATCATTAGAACAACATTTAGTATCTGTGTGGGTGTTATATTTTATCTGTT
ATGTGCTCGTGACTTCTATGATCCTCTTGTATCTATCTATGAAGAAGGATTGGCTA
ATGTTGGGGGCTTGAAGCACTTGAACTTTTTATTTTATTAACCTTGTATAAGCAGC
GTAGCAATGGATCTTGGGATAGACAAGGTAAGCCGTATCTCCAATGATCATAGCTCCT
AACACCACAAGGGTCTCTGGCCAATGAGTGGAGTTTGATAGTAATTCTTGCTACAAGTA
TCATCGATAGCTCCACACGATATTGAGTCTAGACCTGTGTTTCTCTCTGGGAGGAAAAT
ATCGTGGGGTCTGTGTAGCCTTCGCTCTAGACATAGTCTTCTGCAATAAAAAAGTGGAT
CAAGACATGTGACCAAGCCTAACATCAACTGGGTGAAGAGCTATATGTTTCTTTCTCAAG
TGGGATGAAGCTCTTGACTATGAGTAAAGGAGAAAAGGCTCGACTGGAGATTGAACCA
GGAACACATTTCTTCTGAACCTTACTTCCCTAAGTCACTTTCTTATGTATCATCTAATA
CAGAGCAAGACGGGTTCTCACCCCTGACTTCTGGAGGCTTCCCTTGAAGCTCTGTGCAA
GTGAGGATTTCCCATATACCAGTGTGTGTTTATCTACCCATGAGGAATAAAACCATGCA
AATTCTTGACTTTACTAGTCCAAAGCAAAGTGTATCTTGGATTTGACACTGGATATGG
CAAAGCCTTCCAGAAGTTTTCTGTGCTTATGAAAGCGTATGTGTGGCCTTTCTTTCCCT
TGCCGAGGACAAGGAGCTTGAAGCCAAGATCGCAGTTGTTGAAAAGTATAACATCAGGAT
CACATGTAGATAATGGCCATCATCCTAAGCCCAAAGTAGAAAATGGTAGAAGGTAGTGGG
CCTATAAAGACAGATTTTGCCCCATCTACTATAATAAACCTTTCTCAGAAGTCTACTAGA
AACCTTCCACCCACTCCGTCAGGAACAACCCAATCAAATAAAGTCATGAGAATTTAGCA
GGGAATAGATCCACAAAAGCATGTATGTACTTACAAACCAAGCTGTAGAGATCAAGAAAA
GGCGCTGGATTTTGGGACAAAACCTTTTTTTCAGAGCGTTGTACCGGCACTTTATATATAT
TGAAATTTTCTCTGCACCTCTGTACAGAGAATACACCTGCCCTGTATATCCTTTTTTCC
GGGATCAGTTTACGGATGAGGAAGTGGATGAGCTGTACACAGAAGCACCTATTGACAAAA
CCATAAACTGACTGTGACCCTGTCATGTGGCAGACCTTCCATCCGAACCACGGCTTGGGA
GGGATGGGAGAAGCTGTGCAAATGTATGAGAAAGGGACTAAAAAGGGATGTCTATTATGA
CCCAGGTTTCTAGAATAGTGTCTGGCATGTAGTAGATGCTCAATAAACACTTGTGAATG
GGCACGAAGGAACCTTTTTTGGGTGATGAAAAATAAACTTTGGATGTGCAACATATTTTG
AAATTTCCACAGACAAAGCTTTTATCCTCATTAGGTGTTGGACTCAGCCTAACCGTCTA
CTGTATTTTGTGCTGCCTGAGACCAAAAACAGAACCTATGCAGAAATCAGCCAGGCATTT
AAATCAAAGGGTGTGGTGGTCAAGGCAAAGTGGCATCCAAGATTGTGGGCCCTCGGGT
ATAGACCATGGATAAATGGCAACCGGGTGGCAAAGAGGGCAGGACCCAGCATAATGATT
AAGGAGTGGAGATCCAGCGTTCAGGGTAGAAAAGAGGAAAATCCATGGAACCATAATCTA
ATATGTAAAGGGCCATTCTTAAGTTCTCTCCTTAACTTAATGCTGTCAAGTGTAGATG
TCACTTCTAGATGAGGAAGTTAACTCATCAAGAAGATGGGTGACCACCTGACCAACCT
TAGTTTGACATTTTTCCCTCTTTTACATTGAGATCATACCCTAGGTAAGTGTAGTATGC
AGCTGGTGTATCATCCCAATGTCAAAGTTGTGTCCAATTTTATGGATTTTGTGAAAC
CTTTTTGTAAGTGTGAAACCACTTCAATTGGACATGTTGCAATAGCAAACCCCCAGTTAG

CAGAAGTAAGCTATTAACGGTATTTGCTTGTAAGAGTAACGTTAAAGGTTTAAGGAAAGG
TAAATGAAACGATGGACCCTGAACAGAAAAAGGAACAGTGGTGAAGAAGCTAGCAAAGCC
ATCCTGGTGGAGCTGACCTCCTGGGAAAAGAGTCAATAAACAAATAAATGCACATGGAAA
AATGGCTAGCAAAAAAGATGATCCGGGTATAATAATGAAGTTAAAAGAGCAGCACTCCAA
CTACTTGAGGAGGGATTGGGATCTGGGCCTGAAATGGGGCTTCTGTGTTGTCCCCAGTGA
CTACTAGCTCTTTGAGATAATACATTCCGAGGGGCTCAGTTCTGCCTTATCTAAATCACC
GCAAGTACAGGTTTTTAATGTTGTCTGTCTTCTGTGCTATTCTGTAAGTTTGTCTATTA
GTACGCATTCAATTCTTGGGAGCTTTCTGTTTAATATGTGGCAAATATGTGATCTTAAA
CTGTTTTTGTAAAGTTTTCCCTTGTCTCAAACATGAGGGAAAATTCTAGTTAACGTAAGC
CTTGAGAAGCTCTGCAGTGTGTTGAGGAAAGAAGCAATGATACCATGTGAGGGAAGTACA
TTGGGGACTTACCTCTGTAGCATTGTGAAAATAAACTTTGATTAAGCTGATTTGAAAGGA
ATTCTTGGAAATTGGGCTTTTGGTGTCTGTAACAATTATTGGAAAGAGAAGAGACAGAATG
AAGTCTGAATAAGTCTACTGGAAGAATTATTCTTCTGGGTGAAAAGCTTTTGTGTTGTG
CCATATCCAGTAACAGAGTCTACTGCATCATATTAAGTATAAACCAGGATGACAAGAG
GCCCCTGTAAATTGGAATACATGATGATTGAACCATCTGTTATGAGAATATTACATTTCC
ACTGTGGTACAATGACAGCCATTGTTTCATATGTTTGATTTTTATTGCACATGGTTTTCC
CTCTAAATAATGATGGGGCTAAGTTATACCCAAAGCTCACTTTACAAAATATTTTCGTGAG
CAGGGGTCCATGACCCATCTAGGAGACTTTATAGCAGTTGGGTGGGAGGGGAATGCTCTT
CCTAACAGTAGCTCTGGGATTTTATCGCCTGTGGATCTAATAAAGTGTCTATTTAAAGTG
CTTACTCATCTCCCTTTTTTAAACAAAAAGCAAAAAAGTAAAATGCTGCACTGCCAGCA
AATCCCTCTGACATCTCCACTGCCCCAAAGACCTCCGTTGAACATTCTGTATGGAAAAG
AGACATCTCCAATACACTCCCTCATGGCTTTATTTTTCTGCTTATGTGGAAAAATAACA
ACAAGTTCTTACAGGAGGTATCTGATGAGGATGAAATTCTACCACAAAACCTTCAAGCTG
TTGTCTGTACATATGACCATGTTTCTTGACATGGAAATACCAGTCAGTGTTCCATGTAT
CCAAAATGACACATCTGTGCAATAGAATGATGTCTGCTCTAGGGAAACCTTCAAAGCAA
CACGTGTAAGTGTGACCCGGGCCCTGAGTAATCGCTTAAAGATGTTCCCTACGGGCTTGTT
AGAGCTTGTGAATCTTAGGAGAGCTAGGCATAGAATGACTAAAGTTTGTACCCGCATGAG
CTGGCCGAGATGAGACTGTGCGAGTGGTCCGCTGGACAAGAAGTCCACATGAAGTGTT
AAACAAGAGACTCAATGGAGACAGAAGAAAATCCCAAGGTTCTAATAACTGCATTCTGAA
AATATGTCTGAGTTTATTGAGAGAACATTCAATTGATGGCACTGGCTGGGCTCCCACAAG
CCCCTTGGCAGGGTGATGCTGAGGTGTGGATTTTTAACAGTTCCAGACTTTCCAGGAG
AACACAATCCCAACTGATATTTACTGTAAATGATTCCATGGCTCCCTGTAGTACTTCTAC
TATGGAAGCTGTGAAAATCATCACAAGTGCCTCTGAAAGCGAGTGTTAGGTTGGTTAGAG
GCCAATAGGAGCCCTTGGTTTCCAGAATTTCTAGAGTGGGTGGGCATGATTCCAGTCAAT
GATGCTGTGGTGTCCCAGGTTCTGGATGAGCTGGGACTTAGCCTAACAGATGAGCTGTGCG
AGTTGCTGCTTACAATAGTTGATACCCCAGGATTTGGAGATGCAGTGGATAACAGTAATT
TTGTATGTATACATGTGCATGTGTGTATGTGTGCGGGTCCATGTGAGATCAAGGGAAGAG
GAGTACTTTACCAACAATGCAATGAAATGTAAGTCAAAATATGATGGACATAGAATCTG
CATTAGCCACATACCAGTAACTTATACTTAAAGATGGGATGGAGTTATAAAGTGCTTTT
TCAATGTGATTCCAGTTAAGGAATTGGGCCTTAAAGCCAAATGCGCCTAAACGCAACTTGC
ATACTTGGGGAACTGGAGAAAGTACAGAAGGTGATGTGAAATCAATTGGGTCATCAAAG
GCTGGTGCAAATTCAGAAGTGGGGCTCTGTTTGTGGGACTGGGTTAGAGGAGTCTGTGG
TACTCTGGGGCCCTGCATTTATGAGGCACCTACCTTCATTTTGCTAACGCTTATTCTGAA
AATTATTTTCTAAGATGATGGGGGAGGTTTGTGTCACGCGACAGCCCCTGAGGAGGCGG

TAGGCTTTGCCTTTAATGATCTCTTACGGTTAGAAAACACAATAAAAACAACTGTTCCG
TACTTGGTAGTGTACGCGGCACCTTTTACACCTTCTAGTAGCTCAAGCTAGTAAAACCT
TTGGTGGATCTATTTTATGCATGACCTTTTAACTTTGACTTTGCTTATTTCCCACTACG
AGGGGCCAGCCAGGAGCTGAAAGAAGCAGTTAGGTCATCTGTAGAGGAAGAGCAGTGTTA
TTGCCTGTGCTTGTATGCATGCATTTTCAAGCAAGTAATAAAGCAGCCTCATTTAATTCT
GTCCTCCTGCAGCAAGTGTCTATATGTTGTGGTTATTTTCTATCTTACATGTTCTCGAAT
GTAGCTTGATGCTATAGTTGCTTTGGTATCAAACCTAATAACCTAACCCATATAAGATCT
TATAAAAATATTAGGTAATTCTATAACAATGCATAGTCATAAACCTTAACATTTTTGTTCA
TTCTTAGTGACCAGATGTTGTAATGGGCTATACAGTCCAGCAGGCAGTATGCACCTAGAA
AATGAGGAGATGAAAGCAGCTATGAAGAACTGCAAAACCGACGGGTGACTTTTCAATGA
GTGCATGTTGTTTTGCTCTGTATATAGTGTATAAAACGGACAAATGAGTCCTAATTTTGC
TGGATGAAATGTCAGTGGAAGAAGCAGATGAGAACTCTTGAGATCTTGGTCTGTGTTT
AGGAAAAGGAACTTCACCGAACTTCAGAAAGCTACAGAAATGACATCCATTTTCACAA
TTCTGAAGAAGAAGAACTAGACAGTCAGACCTCCAGGACTAAGATGAAGTGAGCCGAGA
AAATTGATATCCTGTGGTGCTAAAGTACAGTAGAAAGAGAGGAGAAGTGTATACATGTTT
ATTCATTTACAGTCTTCTATTGTTGGACCACTTACATTGTACCAAATGTTTTCTTTGG
GTGAGAGGTGACGCCACTGTAGGGCAGCTGGTGGCATGCATAATTCAAATAGGCATATT
TATACACAGCATGTTTGTGTGTGCATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTATGAGTAGAATA
AGGGACGTGGTCTTGCCCACTGTCCTTTTGCCTCCATGCTGAGGTCGGTGTGTATTTC
AAGAATCTTTTGGTTGGGACTTATTGCCTGTTCACTGTGGGTGATATTTGCCTTAG
GTATCTAAGAAGCATGTCATTTTCTGTTCCCTCCCTAACTCCCTGACCTGAGAACCCTGG
AGACATTCTCATGATAGTGGAGACAGTATTATAGAAGCTGGAAGTGATCATTTTTCTCTG
TTCAAGACCCCTTTTGGACCCACCCATGTCAATCGGACCTTTGAAGGACTGTCCTTGTCT
TATTTGGAAGCAAATATTTGGCTCCTGACTGAAAGGGTTTTGATCCATGCATACATTAA
GGGTCCAAGTTTATGTTTGAAGAATATAAGCATGATTTGGAGACTCCTGATGTTTCATATG
TTACGCTACCAATCTGAATTCGAGGCCCATATGAGAGGAGCTTAGAAACGACCAAGAAGA
CATCATAAAACAGTCCCTTCAAACACACAATTGTTCTGCTGAAGAGTTGTCATCAACAAT
ACCAACAATCCCGGAAGGACAACCTCCAATTCCTGCAGGTGAAAACGTGCCACCTGGTCA
GGGTCTCATTAGCTTTGCAACAGGAAACATCCTGTTTTATTATGGTAGTGGGGTCAGGA
ATGTCATCACCTCCAGTTTGTGGTTTTGTTTCCAACCTGTTAATAAAGCATTGAAACAGT
TGCCGGAGTCTTGAAATTCAGCTGATTGGAAGTGGTTTTCTTTGACTTTCAAGGTCATTCC
AATTATCTCGCTGTTGGTTAGACTTAACACTGTTAATCTTCAGCCAAATATCACATATGG
TGCTGGTTTTTTCAGTTTTCAGGAGTGGGTTGATTTCAGCACCTACAGTGTACAGTCTTGT
AAGAAAAGCGGGCTTGTGTGGAAGATCACCTTTTTGATACCCTGCCACTCGAAGTCAAA
AGTTAAGTTCAGCACTTGTCTCATTTTAAATGTAAAGATTTGCTTCCATTTTCTACAGGC
CAAGCAGGATCAAGTTTGTAGAATAAAACTGGTTTTCTAGCCATCCTCTGAAAACAGTA
ACAACCCAGTGTACACACCACCTACGTGCACACAGCATCCTTCCACACTGTGTATGTGAA
TTAAAGCATCAGCCTAAGAATGGCACTCCCACTAACTAGCCATGTAATCTTGACCTCTTT
AGGAAGGCTCTTAGGTTTTGTTCCCTACAAGTTTTCTTTGAATTTTGGAGTAAATGGAAGTG
AGGACGTCTTGTCCCTGCACCCTCACTGTTCTGTGCACTTTTTCTACCTACATAAACA
TCTTTGAAAGGGGGGAGGAGGAGTAAAGCCCGATTATAATGGTGATCAATTCAAGTCAG
TATATGGCCAGCCCTATAGTACAGTTGCAAATAGAAATAAAATACACCAAGACGACCAGT
GCCTTGCATGTTTATTGAAGGATGTTTGTCTTCCGGACGGAAGGACGGAAAAAGCTCTAT
CCTGTTTCCATTTGAAAGGAACTGTAAGCTTTTTATCTTTAACCAACTGAACAATACACC

ATTACCTTTCCTTTAGGTGTTGGCTACAGTTATCCCAAACCTTGGACTTGAGGTCTTGAT
TCAAGTTTTATTTCCGACGGCTGTAATGTTCCAGGACACCTGCCATCATGGAGGGTTAT
TTGCTAATATAGGAATATCAGGTTGACTATATAGCCATACTTGAAAATGCTTCTGAGTGG
TTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTTGGAGATGGAGTCTCCTTGTGTCGCCCAGGCTAGAGT
CTTGCAACCCTGATTTAATGCGAGA ACTTGGCCTTAGTCCTGATGCTGTCTATGTACTGT
CGAAGTGGACCACAAGAAACGCAAAATCCGGGAGGAGATTGAGCATTTTGGAAATCAAGAT
CATCCACCTAAGTTCTTTGATTTGTGCCATTCTTCAGATGAAGAAATTTGGTACCCCC
ACAGACGGACGGATAAATGGCTGGAAGAGGAGTGATTGAAAAAATACATTTTAAAATGCC
GCCTGGAGTCTAGATGAATATAGGCAGCAGCAAAGGCCACAGTCACGACAAACCTACAC
CCAACCGACTAATTCATCAAACCACTTAATACTTCAGACCTTCAAAACTGTGGCCTGAA
AAGGAGAATACTGGAAGATAATGCACAAAATGAAGGGACTAGTTAAGGATTA ACTAGCCC
CTTTGTGCCTGTCCTAGAAGTGAAAATTGTTCAAGTCCAAGAAACTGATGTTATTTGATTT
ATGGGAAAGGAATGAGGCTGAAATGGGCTTACATTACCGGGCTGAAGCTGGCTCCCCCTAC
AAATGTAATGTCAGACTTTGCTGCATTTTACACATGTGCTGATGTTTACAATGATGCCGA
ACGGAATCCTACCTTGCCTCTCTAAAGGAAAATATAGACGCCAGGAAGAACGGCATGATA
TAAGAAGAAAACAGGTGAAAAGACAGTGTGATAAGGCCATGGTGGTGGATTGTGGATGC
GGTGCTCAAATTACCCTCCAAAAGCAAGTAGCCAAAGCCGTTGCCAAACCCACCCATAA
ATGCCCTAAAGTTAATACCAGCAGTCATATTTTATCAGATGTAAATCTGGATGTAAGCTC
AGTTCTCTAAAGTTTTCTGTGTTCCATACATGGTATACAGATAGCTCATAATGAAGTCCA
AGCTATGTCTACCTGCCAGAGGACATAGCTGGTGGAGTTGAGATATATAATGGGGATTGT
TGACGGAAAGTATCGCTGGGAAGAAGAGCAGCTCCA ACTTGAGGAACAAGAGCAGAGGCT
AACGTCTCCAGTTTCCTTCTTTGGCAACTTCGGTATTATGCACATGTAGCTTTCCAGAG
GGGAAGGAGGGATCTAGGATATAGGACAGGGATAAATACAGTGCATATCTGCTTCAATTA
GGAATGGTCTTTGGTGGAGATTATATTTTACGTGGACAAACTTCATTGGTTTAAATATC
ATCAGAAGTCCACTGAACTGCTTATTCGTAAACTACCTTTCCAGCGCCTGGTGC GCGAGA
TGAAGGGTAGGTTTTAGGAGTAGGGGGAGTTATGATTATTTGGTTACATTTTGGGATTAT
CTTTTAGTGCAACTGGTGTCTGGAAGGGCAGATGTTCTGGAAAACAGGCAA ACTTATCT
ATTCCACTTGATCAACTTAATTCCTTTTCTTTATCTTCCTTCCGTCACTTCCCTTTTCTC
CACTTTCACTTAATCGTTAAATTGCCTTAAAATTGCATGCATAGTATATTGTAATTCACA
GCTCCAGAATCAAGAAGATAGTCCAGAAAATGTTGGAAGGTGATGGGTGAGGTGCTTAA
ATCACCTCTCTCACTGACTATTACAGTTGCATTTTTATGGAGTTCTTCTTCTCCTAGGA
AAAGCATTTTTAAAGATTAATCTGAATTAAGCTTTATCAGTGTACTCTTTATCTGTGTTA
TGGGGGCAAAAATTCAAGAAAACCAAAGAAAGCTAAACGAGAAGAGCAGGAAAACCAACC
AGTTCGAACTGCCTGGGGACTTCTTCAACCTCACAGCAGAGGAGATCAAGCGGGAGCAGA
GGCCTGAAGGTCAGGGTCACCCAAGCAACAAAGTCCCGAGCAATGAAGTCATCCACTCCT
TTCTTAGGGGTGGGGGATGAGGAGTTAAAGGTGGCATCTTCAATCGCAGGTCAAAGCAGA
TCTTCTAGTCACCTTTGAGGTAGATATTGTGATTTTCTGGAGTATAGTATATCCGTGTCT
ATCCTCTATGAGATCTTGCTAGGGAAGGCCACCTTGTATGCCGTGCTGGTCAGTGCCCTC
CCTTCCCATATGCTGCCTTCCCCACACCTAGCCACCCGCGTCTCCAGACTCACGTGTGA
TTTCCAGAGGCGTCTTAGTCTCACCAATGTGATTTGTAGAAGCACGAGACGCAC TTTTA
CAAATAGGGCTTCTGTGTCCATAGCCTTGTAAGAGATACTGATTGTATCTGAAATTATTT
TTCCAGAGGATTTATCATTTACCCAAAGCTACTGCAAATCTAAGAGAAAACAATGTTCT
CACTAGCCTGAATTTTGTGTTGAAGATCACTTTGTCTTGGAAATGACTAGAGAGGCAGAGG
CAGACTTGCCAAAATGCTCAGCGCAGGCCTCGTCGGCAACTGCAGACAAGCAGAGGCAGC

TTCCTTGTTTACTGGTTTGACTATAATTCTCTGTTATCTTTACGAGGTAAAACCTGCAAGC
GAGCAATCACTTGGCTGAGAACCATTCTGCAGACTTTGACCCATTGTCTATGCTCAAAT
AGAGCTTGGTGGAAGAAGTCGCCTTTGATCTTCACTATATATTGGGGGATGTTTCAGTATG
TGCCAACGGAAGGTTCTTCAACAACCTTTGCTGCAAAACATGTACATTTCAAGGCTGAGCA
GGTGGTTCACATTAAGTATCATGGCCTTATGTATGCTCAAATGGAATCTTATGTAACCT
GGAGATGGCACTATCACCACCAAGGAGTTGGGGACAGTGATGAGATCCCTGGGACAGAAC
TGTCTCTATGGATTTGGGAATTTTATGTAAATGGAATCATAACAATATGTGGCCCTCTCTG
TTTGATCGAAACCCGGAACCTCAGAACCTCCTACTGGACGACTTCTTTAAGTCAGCTGTT
GAGCCCGGAGACCATGAGAGAGCAAAGAGCACAGTCATGTGAAGATTCTGGCTGCCTCT
ACGTTAGGCCTGAGTAGCTCCCCTCCATCCTTGTAGACGCTCCAGTCCCTACTACTGTGA
GAAGCTTTGAGTGTTCAAGGTTTTCTTAATGATTTACGCAGCCAAATTCTTGAATCAG
TAAGTCTAACTTGGGCTGGACACCTCTACATCTGGCATGCTATTTTGGACACAGACAAGT
ACTTTCCTTGATAGTGGGTCAGTCATCATTTATAAGTGCATTTCTAAAAATATTGCTTAA
CCTGCTTTCACAATTTTCTGTGTGTGTGTGTGTATTAAACAAAGTGAAGTAAGAAGCC
CGGGTTGGACAGACTCTTATCTCCGTGTTGCTGGATAAAGCTTTTTTATTTACCTCAATC
AATGTGAGAAAACATTTCCGCCACAAATCAAACCTTTCTTTTACATCAGAAATCCCACAAGG
AAACAGGAAAAAACTCCTAAAACACCTAAAAGGACCTAGTTCTGTAGAAGACATTAAGC
TCATCTATTTCTGAGAAGGTCCTTAATGATCCGTTCCATTGCAAGCTTCTTTTAGTTGTA
ACACAAGGCTTATAAAATAGTAAGATAGTAAAATAGCTTATGAAGAACTACAGAGATTT
CAAGATGGCACCCCAAGTGTTTGGCTTCTGGCTACCTAAGGTTAACATGTCACTAGAGTAT
AGGATCCTAGTCCCCTGCCCTCTGGCACGGCTGCTTCTGCAAGAAAGTAAGTCTTTGGT
GCTTCAAAGTGACACTGTGGAAATCTGAAACGAGGGGATGTCATGAAGGCAGCTTTTCTT
TTCTTCTGGGTAGATACAGGATAAGATAGATACAGGGTAAAATGTTGAGCACTTTGTACA
CCGGCTGCGTGCACTTTTCTACAAAGCATCGTGTGAGATCCGCGTGCTTATGCTCCTGT
ATTTCCATCACAACCAAACCTCAAAGGGGTTTTCCGTGACTCAGATCAAGGAGCTTGAAAC
AAGGAAACCTGTACTCCTCAAATACACCACTCAGGTGACCATTAAATCATTTACATTGTT
CATTGTGTAGTGAGTGGTGTCAACCAGGACTTTCATGTGAGAAAAAGCACCTTGCTTTTA
CCCCTGGACAGGCCGTTGGTTGGCCAGGATGAGTTTTTCTGGAGCAGACCAAGAAGAAA
GGTTATCTAGTACTAGATTCTTATCAGTGCCTAGCTATGTAATGTGTGTAGCTTAAGATT
CAAGCGAGGCTCCACAATGTTCTGGAAATGTTTTTATTCTGAAGCAGAATATAATTATT
TGAATGCAACAGCACTTCTCCTGAGCTATTCGAAAAATTCTACGACTGTGAGGAGGAGGT
TGAAACTCTTGTCTCTGACTGGGGAATGGAATGGGCTCAGCCAAGGCTCCCGAAACCAG
ATTTATTTCCGTTTTTGTCTGTTACTGTGAATCCCAGAGGAGTCTCTCCCTGTGCC
GGTGCCCTTTCATTCTCAAACCCAGCCTGCAAGTCTGTCCCAGGCTCTCTGGGAAATA
GTGAAGCTGGCCTAAATGTTGTAATCTGGTATATGGCATGTGGGCTAGTTTCAGACAGGT
GCTCGGGACCATGAGGATGACCAGCAAATTCAGAACAACAACTGCTCCAACAGACTTTT
CCACCACCAACCCAAACCATGAGAATTTGCAACAGGGGAGGAAAAAAGAACCAAAACTT
ACCTGTAGTCTCAAGCCGTTGACCCATTGCAGGAAGAGATGGCGTCTCTACTGCAGCA
GAAGCTGGGACTGTGCCTGAGAAGGAAATCTTCTGCCAATGTGGGGTTAATAAATGTAGA
TGCAGGTGGATTCCCTCAGCAGCCTGTGTGTTGTGTGAAATAAATTGGACTTGAAACAAG
CCGTTTCCAGAAGCTGCGTTGCCAACGTACATCCCAAATAGTGTTGACATCCCTGCCT
CACAGAGGCAAGGCCAGACTTTTCCGTGTTTTATTTCAATAAATAAGCAGCTCAGCGCA
ATAGTATAGGAAGTAGAAGGGGAAGGAGGGTTAGATAGAGAATGCTGAATAGGCAGTAGT
TTCTCTGCCTGACATTTGCTGGGGTGAAAATGTATCAAAGAAAAAGGTTGGAGGCAAAC

TTTCTGGACCCACTGCTGGACAGACTTGAAGGTGTCATGCCCGGTGTGTGCAGGAGGAAA
GACACTTTTTGGACTCAACGTTACATTTTTGAATGTAGTAAGTAAATTAACCAAAAAAGT
TGCGCACCTCCCATTGAGGGCGTCCTGATTTAACGCGTGCCTCCTGCATTTCTGCTTCT
GGGGCGTCTTGGTGTATTCTGCTTCTCCCAAGAAAACATAATTTGGTCCAATCTCCAGTA
TGTCACAGATCCATCCATTACACATGAGAACATGGATGCTTATCTCTCAAAGGCCATGGA
CATGGAGATGGCTACGGAGTGAATCATGGCGGGCATTATGGACATGGAGGAGGCCACTGA
AAGCTCCTTATGGTCTGACCCTACAGTTCCTGTCCCATGACCAGGGCCAGATCACCAAG
GGGTACCAGTGGGCTCAGATGAAGCTCTTGTGCTCATGTATATTATGACCTTCTGTGTTT
TCTTCTTTTTCTGATTCAATACTGTGACCTCTCCGATACAGTCTAATCCTTGGGGATCTG
CAACCACGGACGTTTGCCTTCATGTGTAGAATTTACTGTTGTTATGCAAATTATATTTTC
TCCTTTGTCGTGGTGGTTGCTTTGAAAATACTTTAATGGGAGAAATCATGGAAAGAA
TGTTCTATTTGTATTTTCATGAAAGCAGTTCTGAATGAGAGTAAATCAGCTTCAGGGTGTA
CATCTTTGAGATGCTTGGCCATAACAGGGTCCATACACATCTTCTGGTTTACTATATACA
CGCGCCTGGTGAGAATGTATCTTAACGAGTATGTTCTTAAGCCGGCCACAGAAGGAAAGC
TTGATGTGGTTCATGTGAAAGATGCCAATGGCAACAGATTTGCCCTTGGCTTTCCAACA
TCCAGAGAGGTGTGAGGAGACGAGTGAAAAACCCAAAAAGAAGAAAAAGCAAAAGCCCCA
AACGAAGGTCACGTCTGTGGGAAACCCACCATAAAGCCTCATTGAGTCCATCTCATA
CATCATCAAGCAGACATACTCAAGGTACCAACACAGCAAAGGCACAAAATGTCTCTATAT
TCACAAGGGAGTCAAGAGAGGTGGCAGCAAAAGAAAATACCGTAAGGGCAACCTGAAAAG
AAATGTGAAAACCTTGGCATTGAGAAGACAGCAGAAGCAGGAAGGTCACGCTCACTACCT
CCTAGTGAGGGAATCTAATTAAGATTTTCATGCTGTTCTTTGTAATGATAAATGTTTCCGG
GGGATAGATAATAAGCTCTTCTTATTCATGTGTAAGGGAGGTCCATAGAATTTAGGTGGT
AATGCCAGAATTTCCAAACTCCCTGACTCTTTGAAGTTTTTACTCACCCCATTTCAAT
GGGGATTTAAAGGGAAGGAGTGGGCAAAACACATAAAATGAATTTATTATATCTAAGCTC
ATATTGAAGATTTTCAACCCCTGAACTGCTTTTCTGCCTCTGTGGAAAATACTTTGGGA
TGAAGATCATGAAGAAGCAGGGCCTCTACCTACAAAAGTGAATCTTGCTCATTCTGAAAT
AGCCTGAGCGTTTAAATTTATTAGTACCTGTGTTTGTGTGAATGCGGTGTGTGCAGGCAT
AAAGAGGACGTCTTATTATCTGGTGTCTGGCTTGCTGATTTAATAACCTAGGAGACAGTG
GCATAAAATAAACCCATTTAATGTGCATTCTGATGAGCACTGACAAAGGATATGGTACT
CACAAGCAACATGGGACACAGCATTCACTTTAACATTTCTATTTTCTTTATCATTCTG
GGCCAGCATTATAAGCAGGTGTATACTTTTAGCTTGTAGTTCCATGTACTGTAAATATT
AAGAGATGAGCATTAGAGTTTGGATCCGGATGGGGCCAGAAATACCCTGAATTAAGAGTG
TTGAAACTCTCCTGTGTCTGTGTTTTGTTTGTGCGTGTGTGTGAGAGCACATCAGTGTGT
ACTTGTGTTTTGCACTGATGAATTTTACAGGGTAATTGCCACTTTACTTGTGCAATACT
CCAGGCAAGCTGTGATTGTACAAGGAAGCTGACTCCAGAGGCCATGCCTGACCTCAACT
CTGGTGCAGCTCTTTGAAGACACCAACCTGTGTGCCATCCATGCCAGGCGCGTCACAATT
GTGAAAATGGGTTGGTGTCTTAACCTGATGGCACTTAGCTATCAGAAGACCACAAAAT
GAAAATGAAGCAGCTTATGGAACAGAAGGTAAAGCTGGAGAAGTAGGATTGGAGCATCTG
CAAGGTGATCGTATTCTCCAGTGAAAACAAGACTGAAATATGATGGCCCAAAATTTATT
TGCCTGGCTTAAGGGTTAGGCCGTTGATATAAAAATACATGGCTAATGTAACCTACTACC
CCAAGGCTGCTAACTGGAAGCTGGAACCCGTGAAGGAAAATATGAAGGTTTATCGTCTT
GTTTTGATTTTTTCCCCAGAAATTGGTTTTATTTGATGTACCCAAGTCTTACGTTTCCC
AGCACTACTGGTGCCTGAAACACCTGGCCTGCTAGGAGGCTCCAATAAAGCTAACCCGGA
AGACATAGCTTCTCCATTGCCCCACTCCTTTTTTCTTTTTTAAGTTTGAGATGCTTCC

TTGATGTGTGGGAGCACGCTTACTACCTTCAGTATAAAAATGTCAGGCCTGATTATCTAA
GTGTTAATCCATGTTAATCTGTGTGAAAATTATTGCGTGCAACAGTATTTTCTCGTGAC
ATTGAGATCAGTTATGGAGGGACCTGGCTCCTGGTGAGTGAGTTAATTGAGATGAGGTAT
AGAGGAGAACCTTCGGCGCTCTGACAAGGAGTTAGAAAACTAGATGACATTGTTGAGCA
AGCCTCTGAGTGGATTCTGCATGTTATGTGATTTGTTCTGTTTCATCAAGAGGGCTCCCAA
AGAGTCAATACCAGAGAACCAGAGGCATCCTCTGTATTTTAATGAACTCTGCATTTAAT
TTTTCTCCTCTAGGCAATCCTGGAGAACAACCTCCCTTCTGAAATGGCTAGCAAGATCAA
AAGACTCAGGACATTACTGGTGTAGAATCTACCGCCCTTCTGACAACTCTGTCTCTAAGT
CAGATTCCTTAGTCGACCTCCAGAATTAGAAATCAAGTCTATGTAAGCTTACTTGAAAA
GGTTATAGTAACATCAAAGATTAGGTGAGGTTTATAGAAAGATAGATATCCAGGCCTTACC
TGCCTCATTGAATTCTGGTGAGGGACGTTGTAGTTGGCGTGGTTCTCCGAAACGCGCCA
TTCCAGACCCAGACAGTCATCCACACAGTGCAGAGCGCCCCTGGACAGATGTTCTCTACT
CAGCCTACAGCCGGTCTCCTTGTGGTCTTGCTTGCCCTTCTACATCTCTACCATTAAGAG
TACCAGAGAAGTCTTGTAAGAGGTTCTGTGCAGCACTTCGGAAGAGGCCTGAAGAGGAG
ATCTCCTCTTCCCTAAGGCCTCTGTCTCCATAGCTCTGGTTTCCCTGGGCCTCAGTCCTC
GGCTGAGATCTTTGAGATCATGGAGAAAGTCCAGCCCTGGAGAAATCCCACTGGCTCTGC
AGGCCTCAGCAGTGACCCTATTGCTCTTGGGGTTCTCCAGGACAAGGACCTCTTCTCTGT
CCTTCTTCCCCTTGATCCTTATTTTTATGTGATCAACATAATACATGAGATCAACCAGT
TATCTGTGAATTTAGGATGTGCATCTTTTTAGAGGTGTGTTAGTAAACCTGACGGAT
TTTCTACCAGGTCACACACTGTTGCAGCGCAGGTAAGAGAAAGGTGCCCCACTGTGCTC
GGAAGGCTTCTGACGCTTGTGGCCAGACTGCAATTGCACTTATGTGTTATGCTACTAATA
CGGGGTTTGAGAAGTTCTATATTAGGATGTCATTTACATACTTTTCAACAGAAGATTGAG
GCCAAGACCGTTTTGCCAAGAAGGAGAAAATGAAGCTGAGGCGTGAGCAATGGTTGCAG
TTGAGGCCTTATGATTCAGCAGCTTGGTCACTTGATTAGAAAAATAAACCATTGTTTCTT
CAGGCAGCGTACATACGGTTCTGTTATACCCCATATATTACCCTTCATGTCCTAAAGAA
ATGCTCTCACTCTCATCCCCGTTCTTGTCCACACAGCTCTTCCAATAAAGGTGTTTCT
TTGCAAATTTTAGGGTCTGAGCCAAGTATGGATGGTTCAGAATTTGTTTCTTTCCTGGA
TACTGATGTTCTAGTGAAAGAGGCAGCTTGAACTGAGATGTGAACACATCAGCTTGCC
TTCCATCTTTTCTACCTTCTATGATGGTGTGAGGCTAGATACCCCTAGGGAAGAAAGA
GTTGAGCTTGGTTTTCTTATGAAAACATTGCATGATGGGCTAAAGATATCCAGACAATAA
TTGTAGGACTGCAGTTCTGAATTTGGGTTAAAGGTTTTGGCTGCTGTAAGAATGTGAAT
CCTTCAACCCCATAGTGGAATGAATAAACAGCTGATCTTGTTAAACTCGCTTCAAAAA
TGTATTAGGGAAGAATGAGACAATTTTGTGTAGGCTTTTTCTAAAGTCCAGTACTTTGTC
GATGAACAGGTCAACTGCTTCAACATCAATTATCTGAGGAACGTGGCTCTAGTGTCTGGA
TTGGCCCCAGCGTACGAGGAAGCGTATAAAACACCATATCACAGATTGTCTGTGAGTAAT
CATGTCAGTATTCTAGTCCAGTATTTGCCAGTTTCCAAGTAAAAGCTTTTGTGTTACGTG
ACGAATCAGCAAACAAAGGAGAAATTAAGGTTCTGCCACTTTTGTGGTTTTTGTCTTTC
TATGAGGAAAAGCAAATTTCTCCTGAGTATTTACATGTCTCTGTATGCTCAAATATGC
TCTCAGCACAAGAGCGCTTCTTTGCACAGAATGAGCTTCGAGCTTTGTTGAGACTAAAT
AACACTGCTGCTCCAGTGCAGGAGACTTTACATGGATGCCAACCAGTACCCAGGAGGAT
CGCAGAACCCTGTAAATGAGCATAGTTCATTCAAGTATATAAAGTGCTTTTCGTGATTAT
GCAGAAAGAAGTCTGTGATGATAACAATGATGAGGATGACCTAGGCACCCTACGCTAGT
GCAGGAGCTCCAGGTGGGTGGCAGGGGCGAGGTGAACAGAGCTATTTTCCGAATTAATATA
GTAGAGGTTAAAAGGAGGAGCTAGATTCATATCCTAAGTAAAGAGAAATGCCTAGTGTC

CTGGTACTAAAAATTGTGGTTGTTTTCTGTTTACGTAACCTGCTTAGTATTGACTC
ATTCAATACCTGTCCTATGAGATTTAAAATATATAGTTCTCAAGCAAATATAAGTGGAAT
AAGCTGAGCAAGATTACAGACCCTCAAGCTGGCGGCCAGGTACATCGACTTCCTCTACCAG
TGTACCCTGTTAACAGCCAGTCATTTTGATTTACTTATGGAAATCAAGTGAATAAAAGGC
ATTAGCCATGAGAATTTGGTTGTAGTTTTAGGTAGGTTGGTTTCTCCTCATTTCAGC
TATCCTTACTCTCGAAGTGTTCCCTTTGTATAACTGAAGTATTTTCAGATATGGTGAATG
CCGTGGCAGGAACTACTATCCAGTCAACACCCGGATTTACATCACGGATGGAAACATGC
AAACACATCTGGCCTAATGTTCCAGATCCTTCAAAGAGTCATATTGCCAGTGGTCACCT
ATAGCCTCATGAGACTTGGCATAACACTCATGGGATTCCAGTTATTATGGAGTGCTTCC
TCTGCTAGACCAAGAAGGGAACCGACGGCACAGCAGCCTAATCGACATAGACAGCGTGTG
GTACTAGAGGTAAGATCTGCCAAGAATTTCTCTCACTTAAGCAGGATACTTACTTTAAAT
AAACAGCAGATGGCTCGCGAATACAGAGAGAAAATTGAGACGGAGCTAAGAGATATCTGC
AAGTTCCTGGATGGGGATGAGCTGACCCTGGCTGACTGCAATCTGTTGCCAAGCTCCAT
GTCCCTCACCCAGGCTAACTTGATACTGTATTATTTTGTTCATGTAAATTGAAGAAA
CTGTTACAAATGATCTGAGGCAGTTTTTCTGGGAATCCACACGTTCCATGCTTTTTCA
GGAGTCCAAAATACAGAGTTTCTTTGGCCTATGGTATCGGGGTAAAGCTGAATCCTCTGA
GGTCATTGCCTTTCTCATTGTCTAGTAGACATGTCTAAAGTTCAAACCTTTATAGGATAA
AAACTGGCCACTGACAAAATGACCCCCATTTGTGTGACTTGAGATAACATTACCTGAATG
AGAAAAGATCCGATCTCCACAAGCACTCCTTTGGAGAAAAAGAGGGGTTAGGTGTTTTT
GGAAGTCCATTGATCCTGCTTTGTCAATGTTGATTAATCTATAAAAACCAAACAGAGC
GACCCAGCCAGGACTCCTCATTTATCTCACAGACACAATAAAAAAGCATATTTGTCTG
ACAGGACCCTGAGCTATCGGACTGGCTTGAAGATCACCAGCCTTACCGAGGTTGTGTGTG
GCTTGTCTTTCTGGCATTGTTTTCTTTGTAGTTTAGTGAGTTATCAGTAAAACCTATCAA
CAGCCTGAAAATTCAAATCTAGCCTCTGAATGTCTTGGCTCCATCTCTTCAGACCCCTT
GGTACATGTTCCAAAACCTTTGAAAAGCTAAATGTTTCCCATGATCGCTCATTCTTCTT
GATATGATAACCAGCTGTTTTGTGGAGTATTTGCCTTGGATCTCCTGATAGAGAACAGGG
CTGTTGGGATTAGGAGTGGAATGAGGAATAGTTTAGGACCACAAGAGATTTGGCCTCCT
GAAACGTTTTACTATGACTGCGAAAGAGGGAAGAAAGAAATCGATCCGTGTCTTGGTGG
TTCTTCAAAGAGCCTTGAACATAAAACACAGACACTTCTGTGGAGGAGAATGTAACCTCA
GTTTATAAATCACCTGAATTTATCAGGGTCACCATGGGGGAGCTTCATGCATTTTTCAA
GTCAGAAATCTATCTTAGGAAGCCATTCCTGAGATCTGTTCTAATTTAGGCCATTTTTAA
CTTAACACTTACTGACCCAACAGAAGTTTGAATTACCTTGCATATAAAAATTGAGGTTG
AGCCACACAAACGTTTACTTATCTTATGCCACGGGAAGTTTAGAGAGCTAAGATTATCTG
CAAGCGAGGTCAACAGAGAAGGCAGGAATGTGTGGCAGATTTAGTGAAAGCTAGAGATAT
GTTTTAGAAGCAGTTCTGGTCTCAAACCATCAGGATCCTGCCACCAGGGTTCTTTTGAA
TAATATCCAGTCATTAAGGAGTTGCACTCTTCATCAGAGTCACCGGACCTATGCAATTA
TCACTACAGAGACTTCCACAAAACCTTTTGAATGATGTGAAACACGATGTCATGAATAAG
TATTGTTGGCTATTCTGCTATTTTTGCAGTTAAATACCTTCTCAGGTGGAAATACCAAC
TTACCCCATCCTTAACCTTTGTATCCTGGCTTATAACAGGCCATCCATTTTTGTAGCACA
TCTACCACCAAGGATGCCCTAGATGAGCTAGGATGCTTCCAGCTAGAGCTTCGGGGGGAT
GGGCCGAACAACCTATAAAGTTGTATTGCAAAGTTGTAAATTTTCATAAACAACAACGGA
GGTTTGTCTGTGAATATGCTGGTGAGGTTTTAGGATTCTCTGAAGTTCAGAGAAGAATTC
CACAGTGACTTCTGAGATCTGTTGATTGATGACCCTTTTCATGATTTTAAGTTTCTCTGC
TTCTCTGAAGGAGGGCTGGGTTCTGGGCCTGTATCGAATAAACACAAACCTGGATGGCGC

TGGGCCGTGTGGCTCAACAGCAACCTGCAGAACGTCACCAACTACTTTGTGGTGTCACTG
TCTACAAGGCCACGTTTCGACAACGTGACCTCCTACCTGAAGAAGAAAGAGGAGAGACTGC
GTTTGATGCCAGCAGCTTCGGCCATCCAAACAGAGGATGCTCAGATTTCTCACATCCTGC
TTGGTTCTTGCTTTGATTGGTGCCCTGCTATAGCCCAAAGCACGTAGTATTTGCTGATGA
TTATGTGACCTACAGCAGGTGTGTGCCCCATAGTCTCTTTCCAAGTCCCAGCTGTTCTGT
CAATATCTGAGGAGAAGATGGAGTGAAGGGAATTCTTACTTTTTGCTTTATACCTTTCTA
GAGGAAACTTCACATAGCCGTGCTCACAGTTTTTTATTTAAAGGAATTTGGCTGGGGAG
AACTCTTGCCTATTGCATCCCTGTGGTCCAGTCCCTTCAAGCAATGGAGTCAAAAATACA
CGGTATTGCTATGTTGCCAAGGTTGTTTACATGCCAGTACAATTTATAATAAACACTCAT
TGTGCACACCTTTTTACAGCTACAATCAACCTAAATTCAGCCAATGATAGCTGGTTTGGC
CAGGATCACTCCCAGTGGACTCTGCGCTAATTACCTGAGCGACCAGGACTACATTTCC
ACCTTTATATATTTTTGAAGCCAGTACTGTGCTCTGCATATAACAAAGCTGCTTCAAGG
GGAGGCTGTGGATGATGCTTCAAGACAATGGATGTGGATATGGCCGAGGAACATGCCAG
CTGCTAATCTCAGTTCGCTCTGTGATGTCAAGTGCAGAATGTACAATTAAGTGGTATT
GTCAACATCACATGGACAAATTTTATTGTTTTCTAAAGATGGCCTGGAAGTAGTCTTTGC
CTGGAGATTTTCTCTATCAAAGAGAGATCAAGCGAACTATTTTAGGTTAAATCCGA
CATCGTTTCATATGCCTGCTCAATGTGAACGGGAAAGGAAAGGGGATGCAGGAAGGGAGG
CTGAGCTGTGACATTGCTGGTCATCCTTGGTGTCTTGTCTTTTTGAAAGATGCTTTTTT
GAGCAAAAATAAAAGAAATCAGAAATCTCGTTGAGCAGCATAAGTCTTCTTCTGGATT
TCACAGCACTAGGAAATGGGAGCACAGTATTGGGAAATGGGAGCACAGTACTGGGAAAGG
AGCGTGTGGGTAGGAGGGAAGCAAAAAGGATGGCCATGTATACACTGGATTCACAGCTG
ATCATTATGTCTGCCTTGGCTGTACATGTGATCTTGGTGGCATTCTGGACTATCACCCA
AAGAGTAGTCAGTCCCTTCTGGCTCTGCTGACACTCGAGCCACATTCCATCACCTGCT
TTCTCCATGTATCAGCCCAAGAATCCCCTGCTGCCTTCTGAATAAAGGGTGCAAATACA
AGAGAAAGATGTCACATCTGCTAAAGCACTGTATGAACATTTGACTGCAAAGAATACAAA
AAATTGAAGTTTTAAGGGACGTCAGTGTATATGCCATTTTTCCAGTTCCAAAATGATTCC
TTCCCAAACAGACTTTCTGCTGGTCAGCACTTTGTAATGTTTCGGCTGTTACAGGCATTAG
TGTTTCTTATAGCGGTGGTTTAAACAGAGGTGCAAACAGCAAGCGGATCTTGTCGCCTTT
AGTATATGAGAAGAATGATTAATATGAAGGTGTTTTCTAGTTAAGTTGTTCCCCCTCCC
TATGGTGACCAGGAGCCCTCAACTGATTACCATTTTTCAACAACTGGACAGTCAGAAGCA
CTGTTTACTTGAAGAAAAAAGCACCCGTGGAGAATAAAGAGACCTCAATAACAAGAATA
ACCTAAAAATGTGGAAAAGCACGCCAAAGCCTTATTTAAATAATAACTATTAACATTC
GAGGAAGGTGCCAAAGGCCGAAGATGAAGAGATGGCTGACCCAATGGAAGATGTGATCATC
AGGATCGGAGCAAGTTTCTGGACGCACTTATTTCCCTCCTGCTCCTAGGAATTTGATTCTT
ACTTCTGTGCCTTCTATCACCTCGAGAAGTAATTATCAGTTGGTTTGGATTTTTGGA
TCGTTCTGTGTTGATATTTGTGTAAGTATGCATGCAGTCTTGTACTGTGACCTAAGAA
TGTGACTATCCGTCGAGAGTGATGGTTTTTATCTGTCTTTTGTACATTGTTTTCCCTTC
CCCTCTGCCGACCGCGATGCACATGTAATATGAGCAAGAAATAAATTTTTGATGTGCGAA
TCCAGTTTTCTCATGCCAATATGCACAGTTTTAATTCAGTTGTTACTAGCCTGCCGA
GACCATGGAAGTGTGAGAGATTGAGAATCCAAGATTGTCTTTAAGTTTTCAACTGTAAAT
TACGAACTGAACTCTCTTTCTGATGGATTAGTGGAGAAAACAGAAAATTCTGAGTAGC
CAGTATTTATTGCTAAATTATTGTCCAGGAGGGGCAGCACTGGGCCTGGCCCCCGGGTA
ACCTGCTCAACCGTGCTTCCACCAACCAGAGGAAACCCATTTACTAGTTTTTCTAATAAA
ACCTCTTGTGGGGATGTCAAAGGAGGACCTTGTGGCATCTTGCAGAGTTTGTGTTTTAT

TCACCTGGTCTCCGGTGTGTCGCAACGATGTTGCCTGGAAC TTTGAGAAGTTCCTGGTGG
AACCACGTTCTAAACCAAGTTTTTAATCTTCTTGGGGCTCGTAATTACCTTTCACTTTAA
AATTTATGGTCAGTGAAAATCCAGGCCCCAGTGAGATTCGAGTGGGCTGTAAAATCGAGA
GGCAGAACATTTGACTGGCACTGATTTGCAATAAGCTAAGCTCAGAACTTTCTACTGT
GACCCTTTTGTTGAAGTTGAAATTATTGGATTGCCAGTAGATTGTTGTAAAGATCAAACC
TTGTTGACTGAATTTTTGTATAGGTCCGGGAAAATAAGCCTAAACAAATAGTTGTAGCCT
TCGGTTTGATAGCACCATGGGACATTTTTCTAACAAAAATAAATGCATGAAGAGACATAG
TGCATTGGATTGCTCAGAATAAAGTGTCTGTTAGACTTCGTTTTGGTAAATAAATTCTCC
GATGTGTGTAATCCTATTCCATTGCTGAAATGCAGTGTGGAACACAATGAACTGAACTC
GGAATGGCTGGGATTTCTCGGCACTCTGCATCATCCATCTTTTCTTATAGGTGGGAAAAT
GCATGCTTCAGGAGAACAAGGATGGACATGGAAAATGAAGAAAGCATGATGTCCTATG
ATTTTTCAGCCTTGGGAAGTGAATGAGGCATTTGTTGCTGCCAAGGAATGTCTCCAATG
CTCATCACTGGATGAAGATTCTCCTGTGCTAGATGTGCAAATGCAAGCTAGTGGCTTCAA
CCTGATGAGCTGTACGGAGTGCAGAAGAGGATGCACTTTAACTCCAATGGCCTGGAAAC
ATTCATTA CTAGTTGGTGTCTGGTATCACTGACCAAGGAGAAGTCCCAATGGCTACAAT
TTCTCCTCTTAAGGCCAGTTGAAGATGGTCCCTTACAGCTTCCCAAGTTAGGTTAGTGAT
CTTGGGTCTTAGCCACATCCTCCAGTCCATCTGGACTAGCAATAAAGCTGACATTTTAAT
CACCTTTGGGGTAGTTACCTTCTCCAGATCGTTGGTGTCTGCACTGAAGAGCTACACT
AGTGGTGATTTCAAACCAAGCCTTTGTTTTCGGTGTGGGGTTTTGGGGTTTTGCTTTAA
CTCAAGTTGATATTTATAGCTGATCAATCTATATGTGTCACAGAACTATGCTGCCTAAAG
ATCAGGTTGTCCTCCGATTTTTAGATGAGTTTCTGTCTAGAGATGTCCTAGTCTGCTCA
TTTGACCGCAGCATGCACAAGCTCAAAGTGGAATTGGCCGGCTGATTCTGAAGGAAGAA
TTTCTGTGAAAACAGCAGTGAACAGGTTTCACTTTTGAAGTGGCCCTGAGGAAATGGGTCA
TGGTGCATGTGATCACAGACATCCATGTTGGATCCAGAATCAACTATTCTTGTACTACAG
TTTCTCTCTGTTCAACACTTCTGGCCTCTTCTCCTTCCAGGAACACAGACAATTTCTG
AAAGAATGAAGAAAGGATCAAATTGAGACATCCAGGGGGGAAGAGTTCCCTGGCAAAACT
AGTATTAATTACGCCCCCTTAACTGTCCAGTGACCTTGCCAGACCTCCACCCAGGAGA
CCTAAGAAATAATGGGAAAAGAATCTCTGGATGTAAGTTTTTCTGTTGAACTAGAGGGT
CTTAGAAGCTGCTCTTTAGCCAGATACACATACTTTTTTTGCTTTGTGCAATAATCA
TGCAATTTGTGGACCAGTGCCATTTACAGAACAAGGAGTAAGGTTGCTGCATGATCTCAAC
GCGGATCAATGTATGGGCACTAAGCGGACTCTCACTTAAGGAGCTCGCCACCTCCCTCTA
TACAGAACTAATTAGAAGAATTGCCAGCGTTGGAGGGAAGTTCTGATTCAAAGAAAAA
GCCAATTTATTTACATTTAACTTGTGAGGGTATAAAATGACATCCCATTAATTATATTG
AGTCAACCACTCACATCTAATTCCTTACTACCGTAACTCCAGTCATAAACGTTTAATTT
TCTCCAGAAAGCTAAAATTTAATTTCTTTTTCTCTGAGTTCTGTACTTCAACCAGCCT
TGTGGACGAGTAGCCAGTGAAGATAATGAATGTGCAATGTGACTGACTAGCAGCTTCATT
CACATTGAGATCACTACTCAGTGCATAGCGAAGACCAGTATGGCAAAATTAGTCTTGAA
TGGCTGGGGACGTGTGTAACATAAAACACCAGCAAATGAGGCCACAGGTCAAGATGA
GGGAGGGTTATTTGCTTTTTATCTTCTGGCATAATTTCCATTTTATTCTTCTGAGTGT
GTGCAACAAGAGCCCCTTTGAGCAGCACGTGAAGAACAGTAAGCACAGCAACAAGTAC
AGTATACAGGCTTTGGAGGGCAGTAGAGAGCTTGAAAATCTCATTGGAATCTCCTGTGCA
TTTGGGGTAGTGGCCGTTTAGTGTGAATGTTCCCACCGAGAGCGCATGGCTTGGGAAG
TCTGTTCCACCTTGAAGACTGAAGACAGATGTTAGTAGAAAGAGGCTGTTCCCTCATGTC
CTGATGTTTCATGGGTAAAATAATACTGATTTTACTACAGGGAGACAGAAACAACCTCAAG

CTAACCATGTAGACTTATTGCGGCCTGGTTTCTCTGTTACAATAAAATTAAGTGTAGACCC
GGAATTTATAAACGGACTTGGATTAACATGTCTGCCTTTCTAAGGTTGCAAATGTTACA
GTTCTAGAATCCAACTCTACATACTGTTTAATAGAGCATTATTGATATTAGCTGTATTA
GTCTTTCTATGGTCTGTTGGCCATTTATACTTTGGAAATGTAATGGTCAATTCATTAG
TTTAGTTTTATAAATGTAGTGATAGGATTCCTTGTGCTTGGTCCCCAAAGCCTTATACT
CATCTGATTTCAAACCTTAGCTCTTTTCTCTATTTCCCATCACATTCTGGTCTAAGGC
GGATGAAGACATGAAGAGAAAGTTTCAAGATCTTCTGTCTGAGGAAAATGAATCCACAGC
TTTCTACACTCAGTGCTCGGGAACCAAGTGGGCACTGAGAATGGTTTATGGCCTGACATTA
ACCCTGGATTAATGTAAATAGCTTTTTGGGGAACGGATTCTAATGTCACGTATGTGACCG
TGTGTTGTACCGTTCCGTACTTTTACTGAAACAGTGAATAAAGCACTGTGTGATTTCTG
GCATGGCTGAGTTCCTCAAGGTCAAGGGCGAGAAGAGTGGCCTTATGTCCACCTGAATGA
AAGCTCTCCTAATGTTCCCTAATTCATTGAACATAGGTGTAATGAACACTTATCGTGTGC
TTGCTTCTAGGCATAGCCTGGGCCAAGCAGGGTGGGGAATGGAGGATAGCATGGGATGTA
GTATTATCAAGGGGAGCTGCATTCTCAGTGTGTTGCTAAGGGCTTACTGTTGCTGTTGTT
CAACGTGTGGGCAGCCGCCAAGAGTGAAAATAGAGGGAAGTGCATGCAAGTGTGGACA
AAAGCTTTGTATTATTCTCCACATATGCTGGCTGCTGTTTACACACCCTGCCAATGCCT
AGACATAAAGATCCGCCAGGACAGCGTCACCAAGCTGCTGACGGACGTGCAGCTGATGAA
GTTGGTATTAACGGGTTTTTGTCTCAGAAGTGTATTGTGGATCCCGGAGTTTTCCCCAAA
TCAGATTGAGGTGAAAAGTCCATCTTGCTGATTTTCATGATTGAAATGTGAAAGTGAAGTG
TGGCCAGTGGAACTGTACAGCTTGGAGAAAATGGCAAGATCTGTTGGGTTAAAGAGGAAT
TCACTGAAATATACCTCAGATGTGCAGTGGGATAGCAGGTGAGTTGATCTTCTGCAGGAA
ATGATACTAACACGGTGTAGGTTTTACAGTCTCCTAATTTGACTGGTAATGCATATTCC
ATCCTCCCTGCCTGAAACCTGTTCTACCAATTATAGATCAAATGCCCTAAAATGTAGTGA
CCGTATCAGGGTAATGTGCTTGGTTTGCACATGTTGTTATTGCCTTAATTCTAATTTTAT
GAACTGGCCTTGTCTCCTAGCCCGTCACTCCATACAGTATTAGGTGAGGATGGATGCGG
AAAGTAATCTGAATTTCCCAAGTGCCTACGCTGCATATTCCCCTTGTAGATCCCATTTT
AAAGAAGATTGCCACGGAGACAGACAGCAGCATGGTCAGTGTGGTAGGAGCCGGCCATCA
TCTCTGGATGGAGAATTCCACAGCTGATTGGAACCTAAACGAGAGAACCAAATGGACATC
CCTGTTTGTGTGGTGGTGTGCTGTTTTTCTTTACATGAATTAACCAAATGAATTTTG
GGGAGGATGGGAGAGGGCCATGATAGTTAAACTAAAAATAAGATTTACTTGGAGAAGTGT
AGAGTGGATGGGAGCGAAGTAAGGAGACCCACCTGAGCAGATACATGGTATTGCTTACA
GGCTGGAGAAGAATCTTCCGACTCTGAGGACTTGGCTAATGGTTAATACTTAAATGGTCA
AAGGGGAAATGCACTTTAAAAATCCCAAGAATGGATGTTCTTTGTGTGGTATGAGAGGTT
GACGGTAAGAGGGAGACCAAAGTTATCAAGGAAATGGTATAGGATTTTGAAGCAAGAGCA
GTGTTTTTGGCCTCCAGCTTACTTCGTGAACATAATAAAGGAAAGGCATTTTCTTTGTG
AATTAATCCTTTAATATTATGGTTATTAACCTCTTAAACATGAATGAATTCTTGATTGTT
ATTCAGGAAGAGCCTCCCTTTCTTTCGCTCTCCCTTTCTTTAATTAACATTTTCAAAG
AACTGGTGTAATCAAGCTTGAATTAATGTGATTGTTACTGTTATATCCAGCCTATACTG
CAAGGGTCAGATAATTCTCTTCTGTGATAAGTTTTACTAGTTTGAAGCATAACATCCAAG
GCTGGGAGGCAGGTTTTGTACGGTACGTTGTTATTGATATGATATAAAACATCAAACGTC
GGCCGGGCCTCAAAGGGGACCGGGAAGCGAAGGAAGGAGCGTCCCTCCAGGAGCCAGGAA
AAGATCAGAAGCCAGTCATGGATGACCAGCGCGACCTTATCTCCAACAATGAGCAACTGC
TATCTGGGAGTATATGAGGGAGAATGAACTCAAACATTGAAAAGAATGAGCCAATTGGG
GTCTAATAACAATAAAACTGGCATTAAATAACAACCTCAAACGAGTGGCGTATCTTCCAG

AATTTTTGATAACTGGGACAGCTTTACGTCTCCCCTGTAAAAGGGGCAAAAAGAAAAA
GGTCACCATAACTCACCTTTTTCTATGAGGAAATGTACAGCATATTTAAAGAAATGC
CAATGTGGCAAAGCTTTCATTTGTTCCAGTTCCTGTCAGAGACATGAAGAGACACATTCT
TTGCCAAATAAGGGTCCCCTCCTCACTGGAGACTACAAGTGGTGGGTCAGGTGGTCTAG
AACTGTGGGACAGGGGCTCTCCATTTGAAAAATTAAGAGAGGCTTGGTTAAGGCACCAA
GGGGATGTGCACAAAAGAAAGAAATCATCCAAGATGTGACCTTGCATGACTTGGATGTG
AACCATGAAACGCTACTAACTACAGGAAGCAAATAAGCCCCGCTGTAATGAAACACCT
TGGTGTATCCTGCTCTTACAGCTACATTGTGAGGGCTGTGTTACAAATTCGGTCAG
AAGAGATCAAAGAGTTCGCCGCGGGCTACAACGTCAAATTCGATATGTTTCAGCAAGATCT
GTGAACATGTGCTGTTTGAAGAACTTCACTTACGCGGGCATTGATGCCACAGCTGAGGAG
CCGGACACGGATCACTTTTGTCTGATTCCAGCCTGCTTGCAACCCTGGGGTCTCTTGT
AACGTTAAGTTTGAGTCTGAAAGTGAACCTCAGAACCACATCCAAACCATCCACCGAGAG
TTATTCTGGGTTTTGTAGCATTATTAATATGGTGACTTTTTAAAATAAAAACAAACA
AGCTTTAGGAGGGATGGGGATCTGTTTCAGATCTAGGCATAACCTGTAAATCACAGGTGT
ATTAAGGATAGTTTTGAGTCTCACAGGTGACCTTACTGAGGGAAAGCATGGCAGAGAA
CGAGTATAGTGGGAGAATATGAATGAAAAGAATAGAAGGTGTAGCAACATATTCCTTCTA
AAATATCAGCATGAAAAGTGGGATGAAGAGGCCCAAGATGCTGCAGGCAAGGAAGAGAAA
AGAAAAAGCCAAAAGAAGGGAGTTGTGCATCTACTTAGAATAAGAGAAAACGTTTTCCAG
TGTCTGGAAACATGATCCTTTCGCGTAAGTTTCTTCTGAAAGCCACCAATCTTGACTGT
TATGTTCTTTGAATATGTATTTTTCTTTAAATTTCTGCCTTTAATTCTTTTGTCCAAA
GTGGGAGTTGGATGTTTTATGTAACCTGATTGTGGATATAGATCAATTCATGCTTTTCAA
CACCTAAACCCTCGTTTTAGTAATTTGTAGTACTGTTCCCTTCCCTCTGTTGCAGGGAA
AGACCCTGGATTAAGGATGATTTTTAAGCTCTTTAGTCAAGAGACGGTGATGAAGTTT
GGCCTACTTCCAGAGGAAGTACACCATTGATTTTGGCAACTCAGAAGCAGTTCAATTAC
CATGAGCCCTACTGCCTAAACACTATTTCAATTTATTTATGTTTGGAAACCCCGTAAACAT
GGAAGTACAATAAAACAGCAGCTTTCTTTATATGGATAAGTTTGAAGAATTCAGAC
CTTGACGGTCGCCGTTCTGTTTGTGTAACCTGATCTGCAACATTTTGGGAAAATACAGTT
ATGGGCTCCACAAGGTCATTGATGACACCAATGTCACTTGGCTGCAGCTGGAAGCAGAGA
TGATTTGACCACCAAGATGTAATGATGATTCTATTCCATTTTAAAAGGGTCTGAGAAAG
TGGATGGGCTGGCACGCTCAGAAGATCTCGTATTTGTCTTAGCAGCTTCTAACCTGCCGT
ATTAGTGTGAAGCCGAATGTTATGTTTTTATTGCGGAGCTTTTTTGGTGGTTCGAGAA
AGCAGAAAACACCTTTAATAAAACCCATACATTCCACTTTCTGTTGGGTTCAATATACGG
CTGCTTGAGACGTGCCGCCGTGCCACACCTTCCCTAACTTCTTCTGATGTGTCTCCATTA
CGCTTTATACAGACATCAGTTCCATGGTGTAAATTTGAAATGCCTTAATGGCAGGCAAAA
CTTACTTAACTTACACCAGAACCTTCTGACATTTTCTCCTGCATTGTGACTCACGAAA
GAACTTTGGACAGATATACCAAGCTTTTAAAATCAACGTGGTAAGCAAGTGCTCAGCAGT
ATCTGCTGTATAGCCAGGTCCTGTTTCAAGACGTGACTTTCACCATGGGTCAGGTGGTGT
AATGATCAAGGAGGAAAGCGACTACCACGACCTGGAGTCGGTGGTTCAGCAGGTGGAGCA
GGAACTTCGATGTGGAACTTTAGATATAACACTTCATACTGTTACTGCTATTTAGCA
TTTCTGAGTTTGAAGCACATTCCCAGTGAATAAGCTGAGTCCCATACCACACTCAAAGG
AAGGGATTCTGGGAAGCTTGAACCTCCCCAAAGCAATGTGAGTCCCAGAGCCCGCTTTT
TCGGTATTGTTACGCTGACTTATGTATTCCCTGTACCTGAACACTTGTGCTGCCTCAC
TGCAACAATTGAGGAACTGAGGCACTGGAAGATGAAGGCTACAGAGGTAGAAAGTGAT
TATGGTCGCACTAATGGAAGACAAATGGCAAATCTTGAATAGAATTGGGGCAATTACCT

AGCTATGCCAGGAGGCCACAGCATCATCTTGAGCATCCTGGAACAGGCGGCCAAGAAAA
TATAGAATATAGTCCAGTTAAATCTTTGGTTTCAGTATGTCTGAAGAGTACAGTGAGAGG
CTGGGGGAGGGCGCCGAGCTGGGTGCCAGGGGACAGTCCCTGCCATGGGTCTCCTATAA
AGCAGGTGACTTTCCTATGACACTCATCAGGTAAACTGATGCTTTCAGATCCATCGGTTT
TATTGCCGCTTCTGGACAACAAGCTATTGTTATCCCGTGGCAAAACCTACATGTGTAAG
ACTTAATTTGAGCGAGTACCTTTTCATTTGACACTTTTCCTGTTTCTAACCTTAGGAAAC
AAGAATGAGTCTGAATGGTTCTTGAAAATTAGCCAGGATCAAATGCTATTGCAGACAAAG
GCCTAAAGGATGGCGCAGGTCCTGGGCAGGAAAGAATTTTTCCTTATCACATAACTGTA
GCAGAGAAAAGGAGAGTTTTACATAGACCCAGGAAAAACAGTACTAACCTGGTTGATGG
ACAAAACAAAGTGCCCTGCCCTCAAGGGAGCCACATTCTAACAGAGCATATTGACATTT
TTCAAAGGCTTGTAGTTTTGGCTAGTCTTGTCTTTGGAAATACACAGTGCTGACCAGA
GTGTTTTTGTGTGCGTGTGTGTAGAAATGGGTAAATAAAATTGTTGAGTAACTTGAACCTA
TATAACTTGCAAACCAGTGGAGTGAGGAAAAGAGGAGGAGGTGCGTAAAACACAACCAAC
ATGGTTTCCAGCTCAATCCACCCCTGACCCATCTGTCAGCTTTTTCCAGGGAGCCGTTT
GAGGATTATTGTTGATTCCATTTACTCATGCTTGCAAAACTAGAGACCCCTAAGGCAGAA
AACATAGTATTGTTTAAAGTCCAGGCATGAATGCCCCTGAGTAATAGAGGAGCCAGGGATG
GACTAGACCCTCTCTAAAGACTGTTCCATTTAACATGTCCTGATTCTGCATCCGTGGGT
TACAAGTTTTGTTACCTACACATCTGTTGGCATCTGCGCTACAACCTTTGTGCCGATGCTT
TAAGCCAAAGAAATGTACATTCCAAGCAGTTGGAAGTAAATCTATGATGTGAAACACTT
TTTAAACAAGAAGTCTCACCTCCTTGTACACCAGAGTTCACACTGGAGAAAAGCCATATGA
GTTAAAACCCTTTGTATCAAAAGATCTTTATTGGTAGAGCACTGGTTATCTTCTGGATAC
ACAGAATATACAGTCTAAAAAACAGATGAAATTGAAGGTTGGGAGCCTCCAAAACCTTGC
GGCCAGAACAACGGATGCCCCACAACCTGAGTTTGTGCTCCAAGAACCACAGCTTTTTT
CCCACCACTTCAAGATGTTCTTATACAAGTCAACAGTCTAGCAGATCAGCCAGTCTCTTT
GCTTTCCTCACTATGGATAGTCTGTTGCCTCCATCTAGATTCTCTTATTTCAAAAAATAT
GGAATTATCTGATTTCTAGCTATGATCTTAGCTTCCCTCAAGTCCATTTCAATTGCAAGAA
GGCCACACGCCTCTTGACCTCACTTGCAGCACCAAGGTGAAGACCTTGCTGCTAAATGCT
CTGCTGAGTGAGGAATGGCAGTGAGGTTTCTTCAATTAGTCTCAGTTCTCTTAATTTTCA
GAGGGCAGGGCTAGGTGTAGCGGTGTCTCCTTTGAAATTAAGAACTATCTTTCTTGTA
ATCATGGCCCTGCTGAAGAGTGAGGTGTGTGTGTGTGTGCGTGTGTGCGTAAGACAGA
TACCTTCTTCTAAAAACCTGATTCATGCACAGCGTTTGACACACATGGAGTCTGCCAGT
GAGAGAGAGAGATGCAGTGAGATGTTAATTGGTGAATAATCTAGGTAGAGTATTTATTGT
ATTAAGGATAGTATGGAATTCACCCAGCATGACCACAGAAGTGGGACGCTCAGTCAG
ATTTTATCTAAGGGCAAAACACCAGCTCTAAAATACCAGCAACTTTTTGAAGATATTCGG
TTTCTGCCTTCTCCTAAAGAATGTGTTCTTGCATTTTGGTTGAAATAACCTACACAGTG
TTATAACTTGCCAGTTTCATTGGTGAATAAGTCCCCTTACTCATGATTCATCAATATTC
AGAGAGCTGAAACCAGCTCGAATATATGGATTGGGATCTTTAGCTCTGTATGAAAAAGCT
CAATATTTTATTGCCTACTCATGTTTTATGTCCCCTGGATTACAGCACTGTCATTCCACT
GAACCCCTCTCACGGTTGAAAATTTATTACCTTTTTACGCCCTGCCACGAACTGTGTAGA
TGAGTTCTTTGAGCTGACGGTGGACGACGTGAGAAGACGCTTGGCCAGCTCAAGAGTGA
TGAAATTCTGCCTCTGAGAAGCTAACAGTCTTCTGTGGTCCGCACTCTCCCCAGCAGC
GAGAGTAGTGAGGAAGTGGTGACCCTAATAGAAGATTTGACCCAGATGCTTGAAGAAAAA
GGTGGCTGAGGAAAACATCCTGATTTTGTCTGTTTTATATATGTTATGTGTAGATGAAT
TTTGCCTCGGTATCAACAGAAGGACTAGACGCTTGCCTAAAAGAAAAAGCTGAGGGATG

CCCACCCACATGTGACACATATGCACCTTGTGTCTGTACACGTGTCCTGTAGTTGCGTGG
CTGTAGGCTGGGTTGCCAGAAAAGATGGTGGCCTAGTCTTATTATTCAGATGGAGAACTT
TAAGGTTACATGGTCACTCTGGTTTGTATTGAGAATAACTGCAGTGGGCTCAGTGGTGAG
ATGGAGGAAATGAGAGAGGAATGCTCTTGAAAGGTGGTCTGTGGATCTGTCTGAATAGAA
ATTTATGCATGGAGGCTGCTTCTCCTCAGCAGCTGCCATAGCCCGGTCGCTGGTACATGA
ATTTGCCTCACCTTGGGGCCTTGATGACTGCCTTGCCCTCAGTATGTGGGGGCTTCAT
GATGACTAGGTAGAGCTTTAACTAAAGAACACTTCTGCTGTGGTCTGTGATGATGAATTT
TGTGGAAAATTCTTTAGATATTCTTCATATCTTAATAGTACATGCGAACCCATACTGGG
AAGGGCTTCAATCATATTGGAGGCTTCAATCATCCTTTGATTTGACTGAGTACTGGTTG
TTACCTGTATAATCATCTCACCTATGCAGTCAACATTTGGAGTGAAAACGACCCGGCAGA
CCATATTTAATCCTTGCAACTGTGTAATTCCTATGACCCTGCGTCGTCCAAGCTCTGA
GATTGACCTTTTAACTTTTTTCAGTGGCCACATTTTGGTTATCGATGTACCTAGAAGTAT
CTGGGGCTGTGTACAGAGTGCAAATGTTTATTTAAAATAAAGTTCTATTTATCCCTTGTG
CTGACTTTCCATTATGTATAACCTTTTGAGAACTTTGAGTTTTGTACCTGGGCAAATAA
TATAAGAGCCTCACCAATGACTGGAAAGACCACTTGGCAGTCAGTACTTTTTCTGTAGAA
GATCACTAAATATGTAGGCAATGCTGGATACTGGGCTGTTATTTACATATTTGTATCACC
TTTTGAAATAATCAGCAAGTTGAGGTACTTTCTTCAAATGCTTTGTACAATAAACTGT
CTGACCTTTTCAGCTTGATACCTGGGCTTTAGTGTAACCAATAAATCTGTAGTGACCTT
GACCGTCAACATGTGCAGCATCAATTGCATGTAATTCCTAAGGAGCTCCGAAAAGCAAGA
CACTGGGAAGAAGCAGCCCATGATCTTGCCCTGCCTGTAAATTGGATTATGATGAAGAT
TTAATTATCACATCTATTCTTCAATGTGGAAATATTAATATTGTTGGTTGTAATAA
TGAGAGAGAAAAGCCCTTCATATGTAACAATCTAGAGAAAGAAGGGGTTGGGATGGGGA
TGGAATCGAAGCTGCTCTGGAAAGCCTGATAAAATCGCTTTGTGCAGAGGAGAACAATA
AAGAAAAGCCCCTGGCAGAAACGGGAGGAGAGGCCCTGATGGCGTTAACATTAATGA
CTATGATAGAAAGAAGCAACTCAAGTTGCAAGGATATTCCTCATGTATCATGCAAGGATA
GCCCTACTGGAGGGTGTTTTCACGAATGTTGTTACTGGCACAAGGCCTAAGGGATGGGCA
TAATACTGACCATATTGAAGGGTAAGTGGCATCCAAAGCGAGGCTGGCACTTGCTAAAGT
CTTTTTATCTGAGCCTTAGTGGGTATCCACCTTTCTCTGAGCATAGGACTCAAGTGTAC
GGAGTTGTCAAGTTGCTGTTTACCAAGTTCAGAAGTAATCTCTATCTCCTTTGAAATAA
TGATGAGCTGTGTTTACTGAGCATGATGAAGTAAAGCTCAACGTGATTACTCTGAAGTCC
TGAGGCTGCCCCAGGAACCATAAGGGGTGACTTCAGCGTCCACATCAGCAGGAATGTCAT
TCCGTATTGAATGCAAGTGTGGGACTGAGTCTGCCGCAAATACCTCTTAGCCCTTAG
CACTTGCCCTGCACTTTTCTATATTGTTGAGCTGACAAAGTAGTATTTTAGAAAAGTTC
ATCTGGAAGTGTGCTAGTATGCTCCCTAGTGGATAACTTAATCTTTAATACAGTTCGT
TCCATCTTATTTCACTTCTAACAGTCAATATCTGGCTGTCCTTTCTATAATGCAGAGT
CTGGCCGAAAGATTCGGCCACTACCCCCATGAAGAGTTACGTGAAGCTGCCTTCTGCTT
CATCTCCTCGGTATAAATCATGTTTATAAGTTATGGAAGAACCGGGACATTTTACAGAAA
AGGGGCTGTCCCGGAGGCGGTGGGCCTGGTTAAATAAGGCAGGGTTTATATGCACTTTCT
AGTCTAGCTACCAAGATGAATGAACTAATGGAGAAATAGAAAGTCTTCAGTGATGGCCTA
TGAGCAGGAGCTTCAGATGCACTCTTACACATTTTGTGAAATAAACCTCTACATTTGT
CTGTCACCACAGCCCTACACATTAGCATAAATTAAGCAGAGTTTATTGTTATCAAAGT
CACAGGACCCCTCTGATATAAATGATCCCTTTTATTGTAAGTAATGCGCAACTGGCCT
AGGCATGTATTACCTCTTTAACAACCAAATAAAAGTTGATCCAGTTCCTTCTCCTGCA
AGGTTCAAGAGGCTTGACATCATTGGCTGACACTTTCGAACACGTGATAGAAGAGCTGTT

ATGCATATTGAGGAAGGAGGGAGAGCAACTATGTCTAAAAGTAATCACAATAAGTCTTGA
TCAGATAACCAGCTGCAAGAGGGCAAGAACGTGATCGGGTTACAGATGGGCACCAACCGC
AGCAGTTCTACTCGATCACCAAGATGCTTCTGAAAATTGCATTTTATTACCATTTCAAAC
ATGTAAGGCCTTCTAGTTTGTCTGAGACCCCCACCCACGAACCAAATCCAAATAAAGT
CGTGTCTGTGTTAGTGATCACTGCCTTTAATACAGTCTGTTGGAATAATATTATAAGCA
CTCGGAATATAGCTCTTTTCAAAGTACTCGACACCTTTAGATAAGAATTAACCAACCT
ACGCTGCTTTAGAATGAAGGTCTTCCAGAAGCCACATCCGCACAATTTTCCACTTAACCA
CGGGTAAGCAAACTACAAACCGTCTTTCTCTGTGACATTGAATAAACCTTAATAAAA
GAAGAATTCGCCAAGTATTTAAAGTTGCCTGTTTCAGATGTCTTGAGACAACCTTTTGTCA
AAGGGACAGTGGAGACGAAAATGAACCAATTCAGGAGCGATTCTTCAGACCTCACTTCTT
GTCGGGGAACAGGGAGAGAAATGATTTTAAACCCATTTGACATATTTATGTTGACAAAT
GACATGGATACAGACAGGGAAGCCATTGATTGGGACCATCAGTGCATTTAATCTACCATA
TGAGGTCAAAGTGCAATGAGTCAAGGATAGTGACAACCTGGAAGAACAGGAAGCAGTTTGG
TCCTTAGAATTGTGAGCCCGTGGACACTTCTGTACAATAAATCTGCTATTATTACTTCTA
TGGTCACTGTCAACACCGACCTCACCACCATCGACCTGGTGGCCTTCTTGGGCTACAAAT
AAGATATTGCGCTTGATATTGCGGAGGAGGTGTTATCTGAAATGGTGAGATGCATTCCTT
GCTACTGAAAAGAGGAATGTGTTGAATGTCGCGTTTGCTGTCCACTCGTCCTAGAAGTTT
ATGTTAGTGCAGTGACGGGAAATACACATTATGCTAATGTTGATGACAGAATTTATTTGG
TGTTCCAATCAATGCAGTTGACAATAAAGGAATGAGTATCGTCACGGAGTTGACTGCCTT
ACCCAGCATGACATAACAGTGCAGGGCAAATATTCACTGGGCCAATTCAATACAAACAA
AAGAAGAGCCACAGTGAGGGAGATCCCATCCCCTTGTCTGAACTGGAGCCATGGGCACAA
ACAAGACACTCAGTGCCTTGGCAGTGCTGCTACTCCTCAGGTGCAGCATAACATAACCAG
GGTCACCTTCCATCCATGCAACAACCTGTTCAAATTTGACAATGAAATGAAGCTCAAT
GTGCTTAACACATTGCCTTATTCATACTAGCATGCTCATGACCAACACATACACGTCATA
CAGTAGGATTGGGGCTATAAAATCAGTAAATGGAAAAGGAGCCAGGTGCAGAAGTCTGAT
CATCGACAGCTACACGTGGGGTATCTCGTGGTTTGGGTTTGCCATCCTGATGTGGACGCT
TTCCTCTGAGGTTTCACTTCTTGTCCACACAAGACTTTAATAAAATGTGGCATCTAACTG
CTGTTCCGGCATTACTATGTCATGGTCATCTGCTACGCTACTTCACCCGCATCATCGCC
GATCAGCCACACAACCTGTTTTGTACATACTTATTTTCTCATGCACTTTTCTGTATGCAAA
TTTCTAAGTATTTTAACTGAGTTCAGGGTCTTAGTGAGCCTGGACAGAGCAAGGAGAGG
ATGAAGCCCAGATACACAAAATTCACCCCTAGATCAAGAATCCTGCTCCACTAAGAATG
TGCTACTGAGTGGACAAGCTTACATGAAATGACTGTTTTCACATATGTGGCACCAGGCAG
CTGGAGGGTAAAGCAGAGGAGCAGAAGCAATAAACATGGGGTCTTTCAAAAATTGGCTCA
ACAACTAAGAGAAACATAGGGAAAAGGAAATGTAGAGATCTGTTCCCTTGCACCTGTTGC
ACCTGGGAAAAAAGACAAACCAGATGTTGGAGGCTTTTGAACAAAAGGACTTCTCTTTAG
TCATGCAGACTTGCACATATGCAGGGAGTATTGCACTGAAGATCTTTGCTGGACCTTCTT
GTGTATTAGGATGTGGGCTGTTTTGCTTTTCTACCACCTTGTAAATTTTATGTATCCCAT
TAAAACAGTTTCCAATGACTCTTTCTTAAATTTTTTGGCCCTCCTGAAGTTTCTGAGAG
CACTCAGCAAAAGATTGGCATTGTTAAGTGTCTATATTTAGTACTAAAATCACAGTCA
AAAGGACTCTACCTGACAGAAATGGAGTGGATGAGCCTGGTCATGTACAACCTGAAGCAAA
TACTGAAATACATAGGCTTATATACAATGCTTCTTCTGTATATTCTTGTCTGGCTG
ACTCCTCTGCCAAAGATCCCAACAAGACAACATGGCTCCCAAGAAGCCTGAGCCTAAGAA
TCCTCCATCTAACCTTTCCTGTTTTATCCGCAGCCCTTTTCTTCTTTGAGTTAGTAAAGA
AATCCAAAATAGACAGAGAGAGCAGGCTCTTAGAGAAATGGGAGAACTACCGCACTGACT

GTCTAGGTCTTTGATATTGCTCTTTTGGTTAACTAAGCTTAAGTAGACTATACAGTTG
GTAGTTGCAAGAATATACCATGAAGATTAAGTAGGCTGGGTTTCATTTCCATCTTCCA
TAAGTTATTTATAAAGAGAAATCACTAATGGACTCTACTGGTTTGAGTGCTTCTGAGCTG
GTTCTGTATGTGCCTTGCAGTACTGTAATTCAAAAATAGGAATCTTTGGCTGCAAAATTT
TTTCTAGCTGAGAGAGACTGCGGCTGTGGGCCTGCAGCCTACCCCTCTTCAAGCTCTCCG
ATTTCAAATGCAGAATACTTGACTCATTTAAAGCTAAATTTTGTACTGATTCAATTATA
TGTGCATAATGTCTGCTCTTGTGTAGCTCAGGAGACAATTCCAGCACAGACTACAGTT
CTGCAGTGCAGAAGGCAATTCCTATGTACAAAATTGCCACCAAAAACGATGTTGATGTCC
AAATGGGAGTGTTGGGAGGTTTAAAGAATACATGCGAGTCACTTATCGTGGTCTCTGGCA
CTGAGAAAACAACACGTATTGTTTTCTCAGGTTTTGCTTTTTGGCCTTTTTCTAGCTTAA
TATCAATGGAAACCATGCTTTTGTGCTTTTATACTTTGCTAGGTAGACTTTATTACCCC
GAGAGGAGAGAAATACACGTCTGATAAGACTTCATGAAATAATAATTATAGCAAAGAACA
AAAGAGACTTCCCCTTCTGGAATGTGGTGACTTGGCTTAGTCTTCAAACCTGGATTCATG
AAAGGGATGTTACCAACTGAGATCGATCAGTTCATCTAATCACAGATCATCAAACAGTAG
GGTACTGCTGTCTGCCAGGTCTGTGCTGCCTTGGGCATGGAATAAACATTCTCAGCCCTG
GACAAAGAATTCTAAGGCACCTTTTTCTCTGCTGATAATACCTTTTCCTTGTCTGTAATT
CTTGACAATGAAATGAAGCTCAATGTGCATATGGATTCAATCCCACACCATCGATCATAG
GTTCAAGTTCATTCTGTTCAACACTGTTTTCTTATTGTTTGTGTATAGCAACCGGGTATT
CCACCAGTTAATCTCACATACTCAGCAAACCTCACCCGTGGGTCGCTAGGGTGGGGTATGG
AGCTGACCCAGCATCAGCCACACTCTGGGTTGGAAAATGTTTGCCTGTTGGAATTAATTT
TGCCCAACCAAGTGCTTGTGAGATCACTGACACTGCAAAAACAAAGCAAACCTGCTCCGGG
TGTTAGTCGGGTTAGAGTTGGCTCTACGCGAGGTTTGTAAATAAAAGTTTGTAAAAGTT
TGCCAGATTCTGCTGGATCAGTCCCTGGACCTTGTGAATACAACCTCCTGTTTGCCTG
GGAGAGTTTTCATGTTATTTTCAATACATAGCAGTATCTAAAGACGTAGGCGATGAGACT
CCTTTTTGCAGAAATCACAGTGTGGCTATGGTGTGGTTTGATTTCAAAAACAGATGCTT
GCCCTCACGGAGGCGGGGGTTCACAGGCACGAGTTCGAGGCCAGCCTGGTCCACATGGGT
TTGCACTTTGAAGATTCTTGACTTCGGTCTGGCCAGGACTGCAGGAACGAGTTTTATGAT
TCCTGTTCCATTGTGTCATCCAACAACCTGCTCAGAGCTCAAATTATAGAAGGCTTCTGA
ATAGGACAGGCAAAGAGAAGCTTCTCAGGCTAGCAAAAATATCATTGATGTATTGATT
CAGGAAGCTGGTGTTCAGAGGGATCATGGGATTTTATTAACCTGGATTTTCAAGCGATTT
TAGAGACCACCTATGGAGAGTACCCACTAACAGCCATGACCCTCACTCCGGGAGGCAACT
TGTAATTACTTCATACCTCTGTTTTGAGAACTGTTCCGTTTGCATCTGTCATGGTCT
GAGGCCATTTCACTATACTTAAAGGGAAAAAAGGAGTTAACAAAGCCTTTTTGGAATACA
GAGCTTCAAGACTTTGCATTTCTAGTATTTCTGTTTGTGAGTTCTCAATTTCTGTGTT
AGTTCTAATATGGAGATGTTGTGTGCAATGCTGGCCTGTGGTGGTCTGTGTAATGCTTTA
GGAGAAAAAGAAAATAACAGGAATTAGGACCACAGGATCTACACAGTCGAACTTCAACTT
TATGAAAATGAGGAGACTTACAGGGTGCGAACATTCCAGATAGGTACAGGGGAGAACTG
AAGAGCCCAATTACCAGAACCACATTAAGTCTCCATTGTTTTGCCTTGGGATTTGAGAAG
GACCTGAGAACAGAGGAGTCAGAGAGAAGAGTTGCTGAAACTGTACCTGCTGTTACTGGC
GAGTCAGCAACAGCAAGTTTTACTCATAGAAGCTGGGGTATGTGTGTAAGGGTATTGTG
GTTTACTAGAAAAGTGAAGAAGGAAAAAAGGGATTAGTTATGTCCGACATTTGAAGCTGG
TCATATTCATCCACGTCCACCTTCCGGAAGCGGGCCGACGACACTGTGTTCTTCGACATC
GGTGAGCAGGGTATAAGTGGGGCAAGACTTTTTCAGTGTAACCTTCTTTTAAATTTTATTT
AGAAGTGAAGATGTGGGCAATCGGGATTACTGTTCTGGTTATCTTCATCATCATCATCA

ATTGATGCCTACTGAAATAAAAAGAGGAAAGGCTGGAAGCTGCAGACAGGATCCCTAGCT
GGCCAGGGCTGGTGTCCCTAAGGTTGTACAGACTCTTGTGAATATTTGTATTTCCAGAT
CTACTATTTGTAACCTTTGACCATGGAATTATACTTGTTTATCTTGTTGCTGCAATGAG
TCAGAATCATGTTCCCATTTCTGGTGTGGATCTATAGGTTTATTAGAATCCTTACCACA
ACACCCCTACCCCTCTGTGAGGAGCTGTGGGAAGTGTGGGTTTGTCTCCAGAACAGAAGA
AAGTTGAGGTATACATACCCAGTTCAAATTAGAAGAGCATTATGAACTCAGATCCATTC
CCCTGACTGGTGGAAAGGAGAAGTCAATGGACAAGTGGGGCTCTCCCATCCAATTATGT
CTCAGGCCCCCTCTGCAACGGAGAGCTCTTCTTCTTTTTGCTTATTAACCTTCTGCTCC
AATTCTCGGGCTGTGCTGGGATGGAGATTAGAGGCCAAATAAAAACCTCTGGTAAGTAGT
GAAGAGATTGAGAAGCAGAAGGCAAAGAGCGTTACATGAAAATGCACTTGGCCGGGAAG
GCTGGAGATAGACCTTTTAAAGTCTAGTAAAGAAGAGCTCAATAATTCATTGAAAGCTAC
TCTAGAATGCCACGTGTTCTGTTGGGGATAAAAATTGCACAATAAATGTCAAGTCTCTGTT
TGAAGACAGTCCCTATCCTAGAGGGGTTGAGCTTTCTTCTCCTTGGGTTGGAGGAGACC
GCACTGTTTAACTGTGTAGGAATGTATATGTGTGTATATACGGTCCCAGTTTTAATTT
TGGGAGGGAAGCCAGAATCTCCCCATTAGGTGACAGAAGTCAGAATCGATTCCGATGTGA
GTCCTTAACGTCAGACTTTCTCCAAGACAAAACCTCTAAGAACTTATTTCCATTCTTACA
CTTTTTCTTCTTTGAATGTCCAGCGTCTGTGAGCGAAGATTATGAGATATGAGGGCAA
CAAGGAAAGCAACATACAGACAATGGGGGGCAAGACGTTCAAGGCCACTGTGCAGATGGA
GCCAATGGTATCTGGGCGGAGCTCACAGAGTTCTTGGAAATAAAGCAACCTCAGAACCT
CTGGAGCCTTCTCCCCTCCCAGTTGGACTAGGGGCAGTGTTAATTTTAAAAGGTGTGG
AGGGGAAGACTGTAGTAAGTTTAGATGTCACTGAATATTTTTCACTAAGGGATTTAAAGC
TCTGTTGCCAACACGAGATCAATCAGCCTTGGTCAATGGACAAACACTTAGGACTGAACT
TGCTGTGTGATAAATTGTTTGGATGAGACTTAACTTAAAACCACTTACAATAAACTTGGG
GAGTGGCGAGGGTGATGCTGGCTGCTCTTCTGAACAAATAAAGGAGCATGCCGATTTTTA
AACAGATTTAACTCCCTCCCAGCAATCCAGATTAATTTAATATGCTTTCTTAACGGCATT
GCACCAGATGCTCAGACTTGGTTGTCTTATGTTTACCAATAAATAAAAAGTAGACTTTTTT
TTTTGTTTTGCGTTTTACAGCCGTGGGGGGGAAGCACATAATCCCGCCCCAGGGCCCACTA
ACAGTACAGAAAAGATCACTAGGAGGAGAGAGAATGACTGTGGCATGCCACCTTACTAGA
GTGCGGTGATCCTTGTCGATGTCAAGCAAGATAACAGGGACTTGAATTAGCAGAGTCTAA
CTTTAATTGTCGGATACCCCTTCACTCCTTTTATGAGTGAAACATAAGAGTCTGACAAAC
TGTCAGTTGTATCTGTTGCTTTTTCTCAATGATTCAGGGATACAAGTGGGCTTCTCTCATT
TTATCCTGGGCAGGAGAGAAACACACGAGCACGTATTTGGGAGCCCAGTGCCCTTCTCTAG
TGATTTCAGACTCAGAAGCCGACGTTTCGAGAGGAAGATTCTTACCTCTTTGATCTCGACA
CTCCTTTGCTACTCTGCTAGATATCCTTACAATTTGGTTTAGAATTTTAGTACCACTAAC
TGCAGCGGCACACAACCTGGCAAGGCTTAATCAAAGACTGGAAAACCTGCAGTCTGTAATA
CCATTCTATGAGTGGCTGGAACCTCAAGTCTGAATGGCAGAAAGGCGCCTACCTCAAGGAC
ACGTGAGCAACGTCACCGTGAACCTACAACATCACCGTGGAGCGGATGAACAGGATGCAGG
GCGCGGCGAGGGCAAAGCGGCCTCATCCCCGCCAAAAATAAAGATGTTTTAAAAGCGC
AGTCATGTTCCCTCAAGATCATGTACCCAATTTACTTGCCATTACTCAATTGATAAACA
TGCACCTTTGACTTCTTTATTGAGTGTACTGGCTGGCAAGAGTTCTCTCTTCTGTTGGT
AGCCAGGTGAGAAGACAATCTCTAGCATCAAAGCATGGATCAGACATCACACGATTTTTG
GATTCCTTTTATCATTTTGTCCAAAGGCTCCACCTTCTGAATATTACTGCTTTATACCC
TCTTGTGGTTCTCATGTTTCTGCCTCCCTAGAGACCATTTCTCTCTACAGCAGTAGTTTC
CCATACCCTCAACCTCAGTGGGCTGGAAATGACAGTGGGCCCTGTAGCAGTGGCAGAATA

GGACGTTTTGCGATGGAATTAATAATTGGAAGTGAATATTTTTAGGTGCTCTTGAAGCTTT
CTGAGTCAAATTGTCAAGTACTTTGGATATACATAGTGTGCGAGCTTTAGATTGGTATGAA
GGAGAATGTCAGCTTTTCTCCCAAGTTGTATGTTAAGTCTATTCTAATATGTAAGTCAACA
ATTGATTAGTTGTAAGGGATGGCTCACATGGTTATGGAGGATAAGGAGTCCTGGAGTCTG
AATGTCCGTGACTACTTGTGTTGCGTTGCTGGAATTTCCAGCCTTCTCAATAAGAAGGCA
ACTATATTCCTAGAAACATAGTTTGAACAACCTGGTCTTTGTTAGGCTTGTCAAATTGCC
GGGAAGTGGCAGGACTTGGCTTCCAAAGAAGAATGGACTGAATCTCTGAGCCCTGTGTC
CAGCAAAAATAAAGAATCAGCATGGGAAATGACAAAAGTTTGTATGACGCGTGGTCAGG
TTTACCCCAAGCTGTTGTTCCCCAGTGACCTCTGGTAATACAGGAGTTACTAAGAAAT
CCTGGTATTCGATGACGTGGTGGGCATTGTGGAGATAATCAACAGTAAGGATGTCAAAGT
TGTGTTTGCCTGTACGTGTGTGTCATGCATCTGTGTGTGCGTGTGTGTCTCTGAGTGCA
AAAGAAGTTTTGTAATTTTATATTACTTTTTAGTTTGATACTAAGTATTAACATATTTT
ATGGACGACTTCAGCTCTCCAGCATCACCAATGAGTTTGGGGCACCCCTCACCTGCC
TGCCCTGTGGGACACCTGAGTTCAATGCCAGCTAGCTAGCCAGCACTTCTCCCACTAT
TCTCACGCATGCGCAGAGGGCCGATCCAGTTCTTTTCGGCTGGAATGGGAATTTGTGAG
GGTGAGTGACCACAAGGCCGAGGTGGATAAGTCAACCCAGGTGGACATCGACAAGATGCT
GTCGCTGCGTCTCTGGAGAGGGCAACTTTGAGTTGAAACCCGGCAAGGCAATGAGATCT
CAAGCGTCAAGGACGCACTCTGTACGGCTTCGGCGTTAATCTTTTCGTCAGTTTTCTTC
TGAAGATGATGTTGTCTACAGACCAGGAGACTGTGTGTATATCGAGAGTTGGAGGCCAAA
ACACCAAAGTTGCTTTGCTGTACACGAGGAGACCAAGTACAAGTTGTGCAAAGTGAGAA
TATGCTAGGAAACATTACAGTTCTGAAGATGAAACAAGAATAGATATGCAATATCCTGC
CTTTTGATGATCTCACCACTTAAGAGTTCCAGATGGAAAAAGACAAAAGTTTGCTTCA
CAACCTTATGGAGTGAGCAGCCACCTTTGGGCTCATTCTGGACGACGTGTCTTTGACACA
ATCGTATATGTTGGTCCCTCCCTAGAAGAATGGTTGCTGATATGGCTACTGCTTCTACA
AAGTCCCTGTTATGGGTAAGAAGGCATTAGAGGCGGCACAGATTATAATAGACGTCTTG
CCAAGAACTCAAATTCCTTTCTCATTGGAGCCTAGTGAAACCAAATGAACGGGACCTGCT
AGCCAAAGTGAACCGGGGGGCAAGTTTTGGCTCCACTAGTGTTTCTGGCTCTGAGCCTGT
GGCTCTGTGACAGTCTACCATATTATGTTACAGATAATACAGGAAAAACGGGGTTACTAG
AAGCGCAAACCTGGAGTCCACTGAGAGCCGCAGCAGCTTCTCACAGCACGCACGCACTAGC
TGTTGGATGATGAAACATTCATTTTTACCTTGTTGGATGCTAGTGCTGTAGAGTTCACTGT
TGAATAGAGACGCCTAAAACAAGAGCCAAAGACATAGCAATGGAGAACGTGGGTGGTACA
GTCTCACATCTTCAGGGGCGCATTTCTACAATAAAAACTCACCAATTAGACCTAAAAAA
CCAGACTCTCAAGTTCATTAAGTGTACAACAAAAAATCAAAGTGAACAATACATGCTG
CTCACACACTTGTCTGTGCTATGATGTATGCAGGATCCAGCATTGATACCAATGACAA
CTTTTTCTGGTCTCATGCCAACTTTTGGATTTCAAAGACCAATTAACCCGTAGTGGAC
TGTAGGTATTACATCCCTGGTGTGCTATTTTGCCTGTTAAATCGTAACAAGCAATAAACA
TATGCATTCTCATAACAACCGAATCTCAATGTACATAGACCCTCTTTCTTGTGTTGTCAGC
GTGCTTCTGCTCAAACGGCTCTCTTGCCACTTTATTTTCCCAGAGACTCTGCTCCTAT
TTGTCGTGAAGTTACCTGATTGTTAATTAGAATGACTACCACCTCTGTCTGATTCACCT
GTGATGAAAAAAGTTTCGGTCCAGATGATGGCCAGTGATAACAACATTTTTCTGATGTT
GAGCTGCTAATCCGGAAGCTACCTTTTTCAGCGCTTGGTACGGGAGATCGCACAGGACTTT
CATGGTGAATTTAATTCAAGGAGGAGGAGAATGTTTTAGGCAGGTGGTTATATGTGGGAA
ATGAGGGCCTCGTTTATTAAGATCTTTAAACTGCTTTATACACTGTCACGTGGCTTCATC
ACCCTACAGCTCTTCAAATATGCCACTGACCTTTTGTAGTGTGGCTTTGAACAGGAACTT

TTGAAAATGATTACTGGGATCAAAGTACATTCATGTCGCAATTACAGAGAGAGAGAGAAA
GGGCGCAAAGAGAAGCCATCTGATCCCGTCGAGTGGACCGTGATGGATGTCGTCGAATAT
GACAGTTGCCTGCTGTCAGTAAGCTGGTACAGAAGGTTGACGAAAATTCTTACTGAGCAA
AATTACCATCGCAAGAAAAATATTGCGGCTGAACGCAAGGAAGCAAAGCAGGAGAAAGAA
TTTGGTTCCCAGTGAGCATTGTACATTTGTGGATATTAAATCTTTGGCAAAGTCATTTAC
CATACAATCTTGGATTCATGCAGAACCTGGCAGATTTCTTTCAGTGTGGCTGCTTTGGCT
AGAGTGCCAGAGAACCGTTGCTTTTCCGAGTTGCTCTTCTTCCAGGCTCCGTTGGTGGTC
ATGACCTGCTCCAGAAACAGCACCAGCACAGCATGTATTTTCTTCTTCTGAAAGTTCT
GAGATGAAAGGGGGCCGTAGGGAGAGTTCTTACCAGGAACTGCCTTTCCAGAACAGCTAG
ACTTGTAGCTGTGGTCACTGGAGCTGTGGTCGCTGCTGTAATGTGGAGGAAGAAGAGCTC
AGAAAACATGGCCCTTTAGCTGTAATTATATGGCTGGAAGAAGAAACAAAGTTGTGAGC
TTTTCTCAGTCCCTTTCCCTACAGGGAGAGACACAGGTCACATTAAGAATTCATACTGG
GAACCTTGGGGAAAAATAAAATTGAGGGGAAGTAAAAAGTATGTAACACTTCCAGTTGTG
CAGCTGGCCTTCTGCTTCTGAGTTGCACATTAATCAGATTAGCCTGATTCTTTCAGTGA
AAGAAGAGACTGGGTACGGGAATGCTTTAATGTGGAAACCCTGAATTCGTTCCACACAT
TCAAGGTCCCGCAGTGAGGGATGGAATTACCACCGGAGTTAGGCCACCGTGAGTGTCCG
CATGGGACTTAAACCATTGGATATTGAGTTTATGAAGCGTTTGCATGAAAAAGTGAGTAT
GAGAGGCAGTGCTGCTGCTCCCGCCGAGGCTCATGACAACCTCAATAAAGCACTGCTTTT
GAGAAAGGGGAATGTTATACTGGAAAAGAACAGAGGGAAACCAACTCCACAGACACCAGTA
AGAGACCCAGCGACACACGCGGTTTCGTTTGCAGCGACTGGCATACTATGTGGATGTGA
GAGTTTTTCTATTTATTTGAGTCTGTGAGGTCTTCTTGTGATGTGAGTGTGGTTGTGA
TGTTGTAAATCTCTGTATGCACTTTGCTTTTTTATTAACGTA CTCCAAGGTGAGTCTTG
ACTGCCCTAGAAGGCAAATCGCCTACGTTACACAGTGTACCATGTGGCAAACACGCACAT
GGGGTATGAAAAACCTGTCTTCATTTGCTTCCAAAAGCAAGAAATGTCTTTTGTTAGATA
GAATCTCAATGAACAAAATGCACTGGGACCTACTATGTACCCAGAAAAATGAAAAGTAAA
AGCAGCGACCATGCGCAGGGTTCTGATGTGTCTCTCACGGCTTGTAAGGTGAGAAGCTG
GATTGCCTTTCAGTGTGTAAGTTTCTGTCAGCAGTAGTTTACCCATTTGCATGGAA
CCACAACAAGTACATGGTGA CTGAACGCGCCACCTACATCGGAACCTCCA ACTGGTCTGG
TCACAGTGTCTGATTTGATGCCATGAACTTTGAGCCGAGGGCCACAGACAAAGATATCA
CTTTGGCCCTGAGAAGGTTTTTAAATGTGTTATTTACTTCTCTAAACATGACGATTGCTA
GGCAGCAGCATTTGAGTCCATGAATGCTATGGTCATTAATAAATTGATTATACTTTCT
GTACTAGGAGGAATCAATTGTGTAAGCCTCGGTTCTTACGCCTTATTACCACAAAGTA
AAGCCTGAAATTGTGCCGTGTTGCCTTATATGAATATGCAGTATGGGACTTTGAAATAAT
AGCCAGAAATCGAAGGTCACAGGAAGTTGCTACTGAACTTGGCCCGTGTCTGCTACTCTG
ACACTTGAAAGAACAGCCATCTGGTCTAACCTCTCACTGGTGCTTCAGAGGAGGAAAAAA
AGGACCTTGTCTGAACATAATGATTTCAAATTTGAGCTTAAAAATGACACTCTGAAATC
AAAGCCAACAAGAATTCTT CAGAATGCTGGATGAAAAAATTGAAAAGGGT CGGGATTACT
GCTGTTGTTGGCTGGTTTTCACTCCTTTGTAAACGTCCAATAAAAATACAGATAACTTTT
CCCAGCCTCCAGGAACTATCCATCCACTCTTATCTCCATGAGTTCAATTGTTTTGATTTT
GGGTCTTCCCAGTTGAGACTGCTGGAGCTGAGACACAGTACTCTTTAAAGAAGGTGGGG
CTACACAATTGTAAGGTGTCACTGTATTTAACTGTTGCACTTGTCAACTTTCAATAAAGC
GCATATTCTCTCAGGAAGGCCGCATGCTCATTGGCCCTGAAGCTGTGACTCTGTGTT
TGACCCTCTCCTGTAAAGTATTTATCCCACCCATTAATAATTTCTGTATAATAAACTT
TGACCTGCTGACTGCACTCTGCCAGGCTTCCAATGCTTTCACTCTTATCTACCCTTTGG

GTTTGTTCCTTTAAGTACTGTTGATCAGTTGTGACACTTACTGGTTAACTTACGTTG
GTAAACAGCTAAAAGATGCGGCAGAAAAATTGGCTGGAGATACAGAGGCCAAGATAAGA
TTAGAAACACTTCAAGAAGAAAAGCCTGAGCTGACCGTCGTCTTTGAGCCTTCTTGGTAG
AATCATAACATCAAGCCGCACTGGATGTTTGCCTTAGACAGTATCATTGGAAGGCGGTA
TTTCAGTCGTTGTGCTTTTTTGTGCTAACGTCTTACTAATTTAAAGATGCTGTGCG
GAGCCCGGCCTCGGTTTGTATCCTAATTAAGTGGAAAATTAAGAAAATAATAGAATAGC
ATTGGGTACAATGTAAGGAGAGAGGATTACCCATCTCTTCAGTTACTTGTAATAATGAT
TGAGCCTCTGCCTTTTCTGGTTTTGCGAAGCGCCGTGTTCAATTCATTCATTCATT
GAACATGGACTGCATCGTTGCCGAGATCAAGGCACAGTATGATGACATTGCCACCCGTAG
TTGCATGGAAGAAAGTTGGGTTCTTGGCATAGAGTTGCATGATATGTAAGATTTTGTGCA
TGTAGGACTCTAGTGTCTTGGGTGATTGCATGGGCTGCATTATCTACAGCATTGTACA
GGGAAGGTAGAAAGTTCAATTCATCACTTAGAAAATATGTCTTCTCAAGAACAAAAGT
AAAGAGTTGGAGTAGGGAAGGTTAATAGTAAAATAAACGTGGCTATATTTAACATAAG
GGATCGTTTTGTTTTGTTTTAAAGAAAGGTGAGATTGGCTTGGTTCTTCATGAGCACAT
GCCACAAATATTCAGTTTTGTTTTATCCATCATGTCCCCATATGCATGTAATGAAACAT
CAAGTCCAAGAACCACACCACACAACATTCCCGAAAATGGCACAGAAATGGTATTAAG
CTTAAGCCTATGCGAGTCCCCTAGAGAGAGGCATTGTAAGTATATAAATATTATATAA
GACCCAGGACGCTTCTGGAAATTGCTTTTTAAAATAAACCCCTGACATCAGCCTGTTT
AGACTCTGTCTACAAAAAGTTTAAAGAAATGAGCCAGACATGGTGGTGTATGCCTGTAG
TGGAAGTCCAGATGTTTTCCCAATGGGTGTTATCTCATCCAGGACAAGTGGTACTTACT
GCCCTTATATGTGCCAGTGTGGCAAACCTTCAATAATACCTCCAACCTGAGAACACA
GGGAATGTTTAAACAGACGATGTTTCATCAAGAATGTGGGTAAAATAGTTTGGTCTATTG
AAGAATTGGGAGTTTTCTGCTGATGATGCTATGCTAAGCTGGGCAGAGAGACCATGGCGA
TCCCTGGAGAGTGGTTTTCTGCTTTTCTGCTGCTAGAAATGTTGCTGTATGGGAGCTAG
GTTGGAGGCCTCCTCACAGCTGGAGGAAGCCTCAATTTATAGCCGATGGGAGGTGGAAGA
GGCCTGGACTGGTACCAAGGTAAGAGCAGAGTCGATGCTTTAAAGAAAGAAATTTAGGC
AAGAAAAGCTTGGATTACATTAACATTTGTATTAGTCTTTTAGGTGATACACCAGAGGG
TTCACAGAATCCTGGCAGCAGCTCCAGTCAAGAATGTCAGTGGTTGGCATGATATTCTTA
TCTTCATTTACCATGGCTTTCACTGCCAACAAATAAAAAGGTGATGGGCATTTGGGAG
AACCTTACAAATGTGACAGATATCATCAGGGTCCGGTGTCAACATTGTCATTCTCCTG
TTTGAGACCCTGTTACTGTTTAAAATGCATGCATGTTACGATGAATCTCCAACCTGAGG
GTTTTGGTTTCTGTATAGTTTTGGGTCTTCTATGCTGGTTGATTTATGTTAAACCCCT
CCCTGCCTGTGTGGGAGGGTGGTTACTGTGGGTGGAATAGTGGAGGCCTTCAACTGATTA
TGAGAGTGGTACCTCCTTACTTCTCCATTCTCACTTCCATTTATTCCAAACAATTGTG
ATTACAACAATCAGTCTTCAAATTTTGGACCCATGAAGGGAGGAACTTTGGAGGCAGAA
AAAGTTGTTTCTTAACTATACTGTCTGCTATTCTCCTGTAGCAGCCAGGGACGCTTGGT
GGACACTTCTGGATGTTTCACAGCCAGGCAGTTTATGATATTAACAGACTAGACTCCACA
AAGGAACCTTTCTGGGAACACCTTCTCGCCGGGCTGGGAACAATAAATGCAGCCATGTCT
TTTGGCGTGCAGGAATATGAGCAAGGCAGAAGCTGTCTGTGCTGCTCTGCTGGCCTCTCA
GAGTGAGTACTTTGTCCACATGACCAATTGTGAAAATGGAGGGAATAAATGTTTTTATGT
TCAGGGTGAATTAACCAACTATAGGCCTTTTTCTTGGGATGATTTTCTAGTCTTAAGG
TCTGGCCTAAGTACTGGATTTTCATGATGTTCTGGCTATGACAAAACAATGGAATCCATG
TATGATGTGTAATGTGGGGGAGGTTCAATGAGAGGTGGCCAGAATACTTGTATAGGAA
TTCCTGAATTCAGGAAGTGTCTTCTGAATAGCAGCTAGCCAAATAAAGCGGTGTGTGTG

AAATTGTCATATTGGGAACATGTTGCTACCTTCTTTTAGTCAGATACCAAGTGGCTAACT
ACTGGGCCTTTGGGAAAATGAGAGGAGCTTGAAATATATTGAACGCTGCCTCCAGGATT
ATGGCTGGGATCCCAAAGCAAAGCAACGCTTAAAAAGGCTCCGAAATATTCACTACCTC
CATCATAATGCACTGGAACGAAAACGTAGGGACCACATCAAAGACAGCTTTCACAGTTTG
TTCCCAAATCTATGCCCAACTGGGAATCAAATTTTTCTTTGCCAAGAGATGAGCTGAGG
AAAGGGTGTTTTTGGTAGAGCTTGGTTTCAAAGCGCTGGCTTCTCACTTACATTCT
TGTTTTTATCAACGCGGTCAGCACTGCCCTCTTCAACAACAGCGTCCCAATGGAATCC
TATGCGCTGCACATTTCTGAGGCTACTGCATTTGCTTTCAAGGCAGAAATCTTGCTCTGA
GGTGGTGTTCCTTTGTACATTTTTAGTGCAACTGTTTAGTCATGTGTTTTATCTAAGA
GAATTGCCGTCTGGACAGCTGGAGATCCAACCAACATGTGAGAATAAAAGGTGACATGTT
ACACAGGCACATGAAAACCTTGACAGAAAAGGAGTGGAGGATGTGAACTGGATAGATATGG
CTCAGCACATGCCAGTAATGCGTGTTGTTGGCTGATGGAATAAAGGGCTTAGGGACTT
GACTTCCTTCTGCTACTGAGGTGAGAAGTCTTAGGGCAGATGCGGATGTCCAGGGCTTCG
GAAATAATGTGTTTCTGAACTATTGTTCTGCACCTTTTCTAGGTTGATGACCGATTTTT
TTGACGTTTTCTCCCCTTCTTTTGTGCAAGTTGGAAGTAGCAGTGTTCTAAAAGATGG
CCAAGATTGCTGACTCTAAGCGAGCCTTCGAGCTGCAAAAGTCAGCCTCAGTGAGGAGG
TTCTCTTGCTCTCAGCCTGGACCTGTGATGTGATAGGCGTGAGAAGGAAGTGTGGGTTCC
CCCAGGGGCCTTTACCATGTTCTCCCCACATCCGTAATAAACTTCTCCGCTACACTGT
ATGAGCAAGAAAAGCCTCTGGGAGCAGAAGGGAGGCTCCAAGACCTCATCAACAATTAAG
AGTGCATGGCCAAGATGCCACAGATGATTGTGAACTGGCAGCAGCAGCAGCGGGAGAAGT
GCATTCATGGATGCATTTTTCTCTCACAGAGCAGCAACTAGGGAAGGAAGCACCAACTAAT
TAAATATTACTTAGTGTCTTGTGCTTGGCACTGTGCTTGGTCATTGAGATCTACTGTTC
CGAGGTCACTCCTTGCGAACATGAGAAAATTCATTTTTGAGATAACTGTTCCCAATGCA
GCCATATCATGCTAAAATTCTATAGAGATAGATATTGTCCTAAGTGTCAAGTCTGACTG
CAACTGGATGGTTTTTATTGAAGCCTAGAACATCTGTAGAGACAACTCTACCCAGTCT
TTTTGGATGCATTGGAAGGTCCAGATTTGGAACAAGTCTCTCTAGAGATTGAACAGAGCT
GACAAGGGGCACATCCAGGATTTCCGCCACCCTGAATTTAGTAGAGCTAGTAGGCCCTGG
GTGGTAGCTACTGAGATCACCAGATCTTGTTATTTGATGTGTTAATAAAGAAGCACATAT
GCTTACGGTTGAGATACATGTTGCTATGGCAGCAGGAAGAAAATGATGGAAAAGAAGAAA
TCAATGCCAATCCTCCATTCTTCTCTCCAGATATTTTTGGGAGTGACAAACATTCTCTC
CAGTCTCTGTGTGCTTAATCCCTTGTCTTCATTAAGCAAACTAAAGAAAACAGAA
TGTGTATGTTTGAATGGGTGTGATTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGGTCCTCAGAACC
GAAAAGCCCATGTATTGGGGCATAACCTATAAAGATGATAGCAACTAAAATGGATAAATC
CTCAGCGGCACCTTCCCTTTCAACGAGGATGAGGACATCAATGACCAGATCCAGAACGCC
AGCCAAGCATTGTGGCACAGCTGTGTGCAAGAACATCCCAGGAGATTTTGAATGTGAAT
AGAATACCGTCATGAACTTCAACTGCATGCTTTCCAGGAAAGTGGAGAAGTAAAAATAGC
CACAGTCTTCCAGCAGTTCGGCAGTATCTGTTTTCACTCTATGAATGCCGTTACTCTGTT
AGAAGAAAAGGCAGTGACATCACCTCAGCTTGTGGAGAAAAGCAAGAGTGGACTAACA
GGCAGGAATGAGGGTCTCTCCATGCAAGGGGGGAAGATAGAAGAACAAAATTTACCCCT
TAACCCAGACCCACTATCCTCTGGATTTCTTTTATGTGAAACAATAAAATGTCTTGAT
AATCTACGAGGCACTTTATGGCAATTCCAAGAAGGGGCTGAAAGGTATGTGTTCTTCTCC
GATATAGCTGCACCAACAATATCCCGCCTCTCTAATTACATATGATGTTCTCTGTTCAA
AAGGGGGAGATATCATGCTCTGGAATTTTGGCATCAAGGACAAACCCACCTTCATCAAAG
CCAGCGTTTTTCAATTTGGTCCATAACACAATGTATGGAAATGTGAAAGACAATTTTGTACA

AAACGCTGTGGAAACATCTGTCATATTGACCTGAGGTAAGCAAGTCACCAAGGAA
CCCTTGGTGAGGATAGCTTCAATATGCAATTCCTATTTACAGTCTTGCTATGTCTAAGC
GTTTGCCCTATTATAATGATACCCAGCTATGTCCAGTAACATAACTAGATTGTTCTGAAT
ATATATCTTTTGGCCCTCTTAAAGTCTTCAGTAAACCAGTAAATGAATTCAATAAACCA
CTTCTGCTGTCCCTTTGGAGGGTGTCTTCTGGGTAGAGGGATGGGAAGGAAGGGACCCTTA
CAAAGTCTTTCTTACACACTCTATCCTCTGCACTGTTAATAGTAACCTATGACATAATTG
AAGGATGTCTTGGTGACTACAGATGTGGCTGGTCATGGTATTGACATCCAAGATGTGTCT
TAAACTTTTGGCCAAGAGAATGAAGGAGGCTAAGAAGCACCAGGGACAAATCGTGAAGAG
GGCATCATACTCTTCAAGTCTTTGTCTTATTGTATCACCCAAAATGTCAGTTTTCAAAA
GTTGTACTTTCATGGCACTCTGATGCCTGCTGTCTCAGTGTGGTTATTATGCAAACAAG
TGAAATCCTGTTCAGACCTGGTCTAATTGGTTGAATAAATAAAGAACCGGAATCTTTC
ATGTGTGTGGAGGAAGGAGGGAAGCAAAATGGACACTTTATCCTTTAAAAGGATCACATA
GCACTCAGCAACTTTCAATGAAGCGAAGAGACAAGGAGCAATCCAATGTGTAATAAAAAA
AGATGGAATCAGCTTGAGTCTTCTGCAATTGGTCACAACACTATTCATGCTTCCTGTGATT
TAAGGAGGCTTCTTCAGTAGCCCTCGAAATATGTTCAAATACATGATTACATTTATGTCC
CTGCGTGTGCCACTGAGGACATTCGATACCATTGAAGCCGTCAGATAGAGGTGGGTTAT
CTGAGCAGTGAGAAGGTCTGAAAGGAGAGTATATAGTTAAGATCCTTGAGAAAGGGCTGC
TATCCTTTTAAAACACTCAGGCAAACTGGGTGTTTGTCTGTATCCTGTCAGAGGAAACAAT
CATCCCACCCAGACGGTGTCTCTTCTTGTCTGCTTTTTGTTCATATAAGGAATCCCATTAA
AAGGTGGATGAGGCCATCGCCCTATTCCAGAAGATGCTGTGATCCACCACCCAGCTTCAC
GGAGGCGAGGGTGCAGGGTACGAGTTTGAGGCCAACCTGGTCCACATTGGTTGAAAAAA
ATGTTTTTATTACGATTCAGCAGAAGCGATGTGCCAGGTCAGCAAATACAACACTGCAAAAC
ATAGACCACGTCTACACGGGTTCCGATACCGAATCCGCGACTCCGAACTGCAGAAGATC
TGGAGGAATCTTGAGGAATTAACGGTAAGTGAATAAAGCCAGTCACAAAAAGGCCAATAC
ATGAATGTGAGGAAAGTTCCTTTCAAACCTTGAGATGTATAAAACTAGAGCTGAAAAGAAG
TAAGGACTCCAAGATGTACAAGGACCGCATCGAGGCCATCCTGCTGCAGATGGAGGAGGT
ACTGCTCACAGTTGCCCTGACTCTGGCTGGAGCCTCCTATGAGGGAGTTGCTGTTAAT
TGTCACCAGTTCGCTTGCATTCCTCCAACCCCAACCTTTGTGCAGATATTGAATTCAGA
CCTTCAGATGGCAGAAGTGGAAGATGAGCCTACTTGTGAGCGATGTGACTTTAAGGAAAT
ACTTTTCTAACTGAGTTGTCTACATGCAAGTACATGTTTTTAATGTTGTCTGTCTTCTG
AAAGGCTAAACATCTGTGGTTGGGCAGTTGGTGAGTTTATAGCCTGGATAAAAAGTCAGGT
ATAGGTCTGATAATGGGTGGGACGCTCCTGGCTTTGCTAAGAAAGCGTTTCAGACAAAAA
CCTACTCTGTGTAATAGAATAAAGGCCTGCGTGTGTCTGTGTTGAGCGTGCGTCTGTGTG
TCAGTTCCCAACTTGGCATGAACATTTGAACCAAACATAGGAACTACCATTAGGTTGA
AAGCAGAATAGATGTTTGTCTTCTAGTGGTTATACCAAGCTATACTTCTGTTTTACAG
ACTAAGGAAAATAATATTAACTCGCTCCTAGTGTCTTTTGTGGTCTGTGTACC
AACTCAAGTCAAATGTGTGGTTACCGGGATTAAGAACAGAAAGAATAGAGGGGACTCCTG
GGATCGCAGTCCCGATTATCCTCCCCTCCAGCCTCTCCCTTTCTCGTTGAAGGGTTAATA
TATATGAGGCTGGAATTTGATGAAGCAAGGAGCTTCTGGAATAAAGGAAATTATTCAAGA
TTTCTAAGGCTTTCGTTGCTGGTTGGGGGTGGGATATATGAAATTTAGTTGAATTCTA
TGTGTGATGGTGCAAGGAATGGATTCAGGATGTTGTTGGAGAAACAAGTTTGTGATTAGT
CGAGGAAGATTCTGTTTTGAGTATAGCCAGAGAAGAAAAGGATGGAGAAAAATCTAGGAC
CGTTCGCATCATGGTCTCCATGTGTACCGCCAAAGTCAATTATGTTTGAAGCCTTTGGT
AACTCTCACTTTCAGGAGGCCCCAGTGAAGAGCCCACTCGGGGTACAATAAAGTT

TTCTTCTCCTAAGAGAATAGACAGTTTTTCCAGATTCATCATCATTGACTGTCAAGAAAG
TTCATTCGCCAGGCTTTGAGGCCATTTCCCTATTCATTAAGACTAATGTTTAAAAAGTC
GATGAAGAATGCCATAAAACATCGGAGGAGTCATGGATTGAACAGCAGATGCTAGAAGA
TCATTGGAGAGTTAAGCTTTGAAACAGCTGATGAGAGCCTGAGGAGCCATTTTGGCAGT
CGGGAGAGAGAAGCTGAACATGGTTATGCCTCCATGTTACCATAACAATAACAAGGACAGA
TAGTTGTATCTGAAACTGTTATGTATCTCTCTACCTTCTGGAAAACAGGGCTGGTATTCC
CAACAGGGGCCCTTCTTCGGCTACTACTTCTTCAACGGGCTTCTGATGTTGCTGCAGCT
CTGTAACATTCATCTCCATTTTTTAAAAAGGTTTCTCTGACGGCCCCACGGCCCCGAGCC
CATTCTGCATTTGAGATAGGGTTGGAATATAGTACTCTAGATGATGAATGTGTTTGCTT
CATCAAGCAGCACAGAATACAATTCGCCAACAAGAAATGGCAGAAAAGGATCAACGGCAA
GGTTACAGTCTACTTCTGTGTGTAGTCTCCAAACACTCAGAAACCTCAAATTTAAAAAA
TTGAGAAAAGTCCACTGTGGGGAGGAAAGAGAGACTTAAACAAGCCCTGGAAAAACAAAGA
AACTTCCCAGCGATGATAATGTACATGAAATTAGCCACGTAACAAGAGTCTATTTGCCTT
TCATTCTCAAGTCGGAGCAACACATACCAACCTTGACCTTATCCTCAAGCTCCAGGGCAG
AGAAGAGGAGAATGCTAAGGAGTGTGTTCTATTACTCAACAGGAATCTTTAAGGGTGCAG
TGAATAAAGGCCTAGTACCCACGCATATTTCAACCATGCATATATCAAGTTCAACCGAGT
AGCCTGGTTCACAAATCTCCAGACCCCTTCGGAGCAGTAGCAGCTCAGAAGTTCAGCCTG
ACTCCACACTTCTTTGCCTATAAATCTTCCTAGCAGCAATTTGAGCTACCTGAGGAGGA
ATTTTTACACACTTTTCAACTTTGTTTTGTTATAAGAATGTGTATGATTGTTACATGT
TTCCGGGAGAACGAGCAAAAAGCGCATCCTGGGCTTGTCTGGAGAACTTCTAGAGGCACCTT
TATTCGGCCATCTTGCTCCTCCCAATTCCACGAGTCTTAAAGAACCTTCAGGATAACA
TCCTCAAGTTTCAGTGCTCAATATATTTCCGATCAAGACTACAAGAGATCAGTCATTAC
AAACTCTGATGGGGAGGGTGTCTGGGGACACCGGGGCAAAACAAGAAAGTCTATTTTTCC
AATGATTGTAACGACTTCATTTTCTAGACCCAGATAAAAAGTCTCGCTTCATTCATGAAA
TGGCTGCACCAAATTGGAGGTGTGGGTTCTCCAACACAATTTGCTTCTGCCCGTTGTCT
ATGTAAGTACTACATGTATGCTGTTATTGTCAGTGTTCCTTCTATAAACTGTTCTTTGG
AGCCTTTGCCTGGGAAGTGGTCTTGTGGCCGGCTTCTCGGAGGGTCACTGTACATT
AAGAATGGGAAGTCTCTTTGGCCATCAGAAAGTACGATGAAGCCATCCAGATTCTCCTG
CATGTGCTTCTTGTAAGATCCTACAAAACCATGTTGGACCTTCGGATTAGCAACTCC
TGTTTCTTTGAACAGTGGGATTTTTCAGTGA AAAAGTACCCTCTTTTTCATTTCTATTGC
GCCCTTCTTGACACACTGTGATCTCTCTCTCTCATTTGTTTGGTCAATTGAGGGTTTGT
AAGACTGTCCAGGATAGCGGATGACAAAGTGGTGTCTGAGATCAACAACACCAAAGTTCT
ACTGGAAGCTGCCTTGAAGACCTAAGTCATAGCAGTTATTTCTTGGGGTAAATGCTTTGA
TAGTGCTCAGGAGTTTCTTCTTAAAATGTTTACTGCTGAAAGATGAGCAGGACCAGGG
GTTTTTAACATAATTTTTGTTTTATCCACAACCTTTCAAGTATTGAAAGTAGAATAAAAA
AGAACAGGAGGTGTGAGCCAAGAGAAGGTCCTGCCAGGCCTATGTTGCAGGCTATTTGGA
GACAGTTTAAAAGCATTGTAAAACCTCACATAGCTTACTTCTCTCTAAAGTGCAACAAG
ATTTTACCCATAAATATATAGGGGAATAGAGCTGGGAGTGCTTAAGGTATGGGCAGGGT
ATTGTGAGCCCGTGGACACTTCTGTACAATAAATCTGCTATTATTACTTCTAGA ACTACA
CATTATGGACCCAAGTGAAGATGGCACATATGTTGGTTTTCCAAGGATCAGATGGCATT
GGGCTGTTTAAAGTCACTGACTTATGAGAAAGCAAAGCACTGGTACAGTTATTTAACAGGC
AGCATGAAAGTCTGGAAAAGAGGCTGAAGGACATGGGGTTCCAGTACAGCTGTATTAAT
CCTGGGCAGCATTTTCCAGCAAGATATACGAATCTTTTGCCTTTATTTCAATAAAGTTTAA
CAACAGTGGAACAATGCCACATGGACAGAGGTCTCCTACACCTTCTCAGACTACCCCGG

CTTATCTTAAGTTTATTTTTCTTGGATATACCTAGATTCCATACAGTGACAATACAAAT
GTAGGCGAGGGTTCGAGGGCACGAGTTCGAGGCCAACCTGGTCCACATGGGTTGAAAAA
TGGGAAACAAAAGCATGTCCTTTCCAACCTGGAAAGTCAGACAGAGGCTTCAGGTACAAC
GCTTCTAAAGAGACCTGCTCATACTTGCTACCTCCTTCCAGTGGGAATTTGGAGACTTTT
TACTAAATCAGCATAGGACTAATAACTGCCTCCCGTGTAACCTGGTCTATCCGGAGAGTG
GTTTCATGGCCATGAATGGTGCCCTTATTAACAACAGTGTTTTTTGTGTAATTCGTGAAT
GTCTCTTCTCTGACATTTTTCTCTGGACACAGTTTTTGCCTTATGAATCTGATCAGGCTG
TTAAAAGTCTCCTCACTGAGAAGGTTTGGGCTTCTTGGGGCTATTTGTGAGCATGTTCA
CATCTCTGGTCTATGACGACGATGTTGGAGAGTTCCTACTCCGTGATAACTCAGTTCTA
GCAGACGGGATTTCTCAGGTCATTTGTATGGTCGACATGATGGCTGCTGCTTTGGCTGCC
ACCAAACCTAGCTACGAGCATGCACAGAGCATGATTGAAAGCCCAACTGAGAAAATCCCT
AATATGATACCACAGGCAGCTAGGATGACACGTCAAAGTAAGAAGCAAGAAGAAGTGGAG
AAAGATTAAGCCCTGAAGGAAAGGACTTCTTTTCTACTGCCTTGAGAGTGACCCAAAGA
ACAACGTGAAGTTAGGAAGCTGTCAAAGCAAGAGATGGCTAGTGCTTCATCCAGGCAA
CAGTGGAAGTCAGAAAGAGTAGAATTGTACATTCAGAATGCTGGCAGAAAATAACCATCA
CCTGGTAGCCTTCTACTAGAGTAGCAGGTGGTGTGGAAATTACCTGTTGGATTTTAGT
AGGGGAACATCCTTGCCAGGGAGTTTCTGAGGGTCTGTTTTGTTTACCTTTCGTGCGGTG
CAACAAGTGAGGGGAAAATGGGCACAGGACGCTTAAGAAACAGTTTACGGAAGAACCAAT
AACGGTAAATGGAAGGCCATGTTTTTTGAGTGACACCATTAGAGTAAAAACTAGCCAGA
GGGCAAATTGAATGAAGTATTATTATCTGTCTCTTGTAGTACAATGTATCCAACAGACAC
CTATAGCAGAAAGAACTTTAAAGCTCAGGAGGGTGACGCCCAGCTCCGCTGCTGGGAAG
TTCAGCAGAATCATCTTAAAACCTGCCAACTTATCCTTCTTACAGCTTTGCTTTTCT
GATGTGAGCTAGTTTGTCTGGTTGAGTTGGATGTTTAAATAGAAGGCAGAACAACAACAG
TCAGATTACCAGCGCAAGTATGAGGCGGCCAATGTGGCTGAGCAAAGGAGAGCCTACCT
AATTCGAATATTCGGGCAAACTAAAGGGGCGTGATTCGGCACTCGTTCCCTCAATAAC
CCCTTACCAAGATTCTTCTCTGATCCACAAATTC AATTACCAATTTATTTGTTCACTGC
TGGTGTGCTTACCATGGAGGACAAAGTACCCATGTTTGGCCTGGAGGCCATCTGGAGGA
ACAGAGTTGACAAGGCCTATGGGAAATGCCTGATGGGATTATCTTCAGCTTGTTGAGCTT
GCTAAACTGTGAGTTCTCATGGTGTTTTTGTAATTACATCAACAGTCATGTGTTCTATG
TGAATTTACTGTCTGCTTGGCCATGATCCTGGTATGTTCTTGCTCTCTGCCAAAACAT
CTTAATTTGTGGATGATACAGAAAGCCAGGCTTTGGGATACAAGTTCTTTCTTCTTCAAT
AACCCCAAGGGTAGGTACCTATTGTGCGGAGTCTCGGAACGCCTGCCTGGAAGAAGAGTT
TAGCTGTAGCTGAGGCTTAACTGGGAGGGATGCCGAGCTTGCTGGAACACTGAGGACCAA
GCAGATGATCAAACTGTCTGACACAATTTGAGCTTGCTATAGCCAGAAAGTCTAACCTA
TATATGAATCAAAACAAACGAGCAGGCATTTCTGTGATGTGTTGGGCGTGGTTGGAAGGT
CTATAGATATGATGCTGAGTGAGTAAGAGTAGAAATGGGAAGACTTGGTTGTGCAGAAAC
CTGTCATTGAAGCAAGAATTGAGATGTCAAAGAGAACAGAAATGGGACAATTTAATACT
TTCCTTCTGGTTCGTTGTGGGGCTCAATAAATGGCTCTGTGAACTTCCCCTGCACCCCA
AAGATGAGGACTCAGAAGATCCGAAGATGATGAAGACTGGGACACAGGTTCCACATCTT
GTAGTTCATATTTGTAATGATACTGAATGGTTAAACAATCCCTTTCTAATCTGTCTAGC
CTACCCAGCTCCGTGTGATGCCAGTAAAGCCTGAACCATGCCTGCCATGTCTTGTCTT
TAAAAACAGAAAAATGGCGACGGTCACGTTGTGGCGAGCCTTGCTGCGTCATTAGATAAT
GTCACTGTGAACTATCCTCCCACTATCACAGAATCCAAGAGCAATGAAGCCACCACAGGA
CCCCTGCGAAATTGCCTTATCAATCTGAGTAATGTGAATCTGTAATCTAGAGTTTTTC

CACCTTCAGACAGGCGTAGATGATGTCAAGGGCGTCTTCTTCGCCTGGGCTCAGAAGGTT
ATCCAACCTTATCCAAAATCAGAAAGGATATACTTGATAAGGCCCGTGCGTCTTTAAGAC
TCCTCCTGAAAAGAGAATTTTTACAACCACCCATACACCAAATTGTTTGTCCAGGATGT
TCTCGGTGAAGGAGGAGACCAAGGAGGATGCTGAGGAGAAGCAATAAATCGTCTTATTTT
TGGGTTTATTGCAGATTAAAGCCATCTCAGTGAAGATATGCGTGCACGCACAGACAGACA
GGAGCTACCCAACCTGTGGTTATATGGTGTGGTTTCCATTTTTTGTGGTTGCTTGT
TGGGGTGTGTTTTTGTGCTGTGACTTCTAATTATTGCTAAAGAACTACTGTTTAGTTG
CCATGCAAATACCAACTCTTCCATCCATTTGCATCCTCTATTGTTTATTATTTTGAAA
AGGAAGGAAGTGGTGGTACATTTGCAGAAGGCACTAAATTAAGCGACTCTAATGAACCAG
AATCAGTTAAATTGTGCAGCAATAGATTTTTAACTTTAACTGACCATTTAAGTTTTTAA
TATGCAACAAATGTGGGAAATCTTTAGGGGTAGCTCAGATCTTATTAACACCATCGTA
TCGGGGATCAGAACGATGTCAAGTGAAGAAAAATGCACGGGGCATGCTGAGCCACTGGA
CTAAGACTCGAGACTTCACCTCCAGCAGGATGGTGGTCCACGAGAGTGAAGAGTGAGCCA
GTTGTTTTTGTACTGTAGGTCTTCAAAGTTAAGAGTGTAAGTGA AAAATCTGGAGGAG
CCACACGACATGAGCTGGAAAATCTCTCTTAGAGAGTTGGAGTAGCACAATTGCCTGTT
AAGAAGTGGCGGTTCCGGCCGAGGTTCCATCGTATCCAAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACC
TGAAGAGAGAGAGAAAAGATCTGAAGAGAGTGGTTGCAGTTTGAGCTCTGTCAATGGGAC
GAATACACATGGTCTACAGTAAGCGGTCAGGAAAGCCCCGTGGCTATGCCTTCATCGAGT
AAGTCAAAGCCGTCGGTTACAGAGGAGACTGACAGAGGAATTCCAGAATGTAAGGATCAT
AGTCCTCTCTCCCTCCAGTCTGATTTTATAAAGTGCTGACGAGATTGGGAATAAAGAGGC
ATGCGAGAAAATTCAAACGACTGTAGAGACCCTCCGGATTACTGGACAATACATGGACT
GTACATGTTGGGTATCCTACTACTTTGTGTTTTTTCATCTCCTAAAAGTGGTTTTTATTCC
ACTCATTCTTTGAATGTTCTCATTCTTTTGTATCATGTGACTTATTA AAATCAGTTTCTA
TTTTGGGCCTTTCTGTGATCCTCAGTCAACAGATGTGATCTTCTACCCAGAGCAGTTA
ATAGAAGATGATGGTTTGTGTCGGTGAGTGTGGATGAAATACTTCTTGCACCATTGT
AATCCTAAAGCATAAGTTAGTCTTTTCTGATTCTTAAAGGTCATACTTGAAATCCTGCC
TTGAAACGGGCAGGAAATAGTCTGGCAGCCTCTACAGCAGAAGAAACGGCAGGCAGTGCC
GGTTTCTCTCCGTCGACGAAAACGGGAAGTACTAGTAGAAGACATGGTATCTCAAGAAGA
CACAGCAGGTCCCTGTGGACAGACATATCTGCATATTTATCAATAAAGCCTTTTGCTCCT
AAGAAGCACTCAAACAGTTTAAGCAAAAATTTGATGAGGCGCTCAGGGAAAGCTGGACTA
GAATGAAGAAGTATATATATCCATTCTGTATTTACGTGCAGCAGAATTATCTTCCGTAG
TAACTTCCCTTCCGAATAAAACCACCAGAATGCGGTCTGGCCAATTTAGTCATAGACC
AGGAGGATGAGCACATGAGGCCTGAAAAATCTTGGGAAGAGTGATAGCGATGGTGTTC
ACACATGCCCTCTCTGTACATCTTTTGTAAATGATGAGAAATAAAGGAAGTGGACGCAA
TCAGTTGTATTTAGCTTTGAGTTTCTCTGCATCTGTCCACCCCATGTGTATATAACCCAG
AGTGGAGAAGTTGAAAACAATTACAGCAACTCGGGAAGGTACCAAGGATTGGAGCACAGA
TGGAATTCTACACAAAAAGAGATGAGATTAACAGTGCAGGGTTGGGGTCTGCATTGGAG
AGTCTGATTTAATTGGGCACTATTTATTTACAAATGTTTTGCTCAATAGATTGCTCAAAT
GAACCTCTTCCCAGAAAGGAGACTAGATTGCCTTTGTTTTGATGTTTGTGGCCTCAGAA
GCGAGGTCAGTGTTAGGCTTGCAATAGGGATTTTAAAATACACTAACTAGTTCCTTAGCT
AAGATGCTATTGGGATAAGTTTATTAAGAAAAGTGGTATTGAGGTGAGGCTAATCTCAG
TATCACCTACTAAATACAAATAGATGTCTAGCTTGTCTGTCCACAGAGAGGTGAATGATG
AGTCGTTGCGCCGTGAATCTCTACTGTAGCCATGAATTTATGGACAGTTAGATGCTTACC
CAGGAGTGAGGTTTTTATCTTTTAAAGGACAGGCCCTACTCTCCTACGTAATGAGTTT

GACAGTCATGTCAGAGTGAAATCTCTCAGGAAAAGTGTAAGTACTAGTAGTTACAAAGTAAAT
CAGCTTCACCCTCCAGTCTGAAAGTGAAGAGCAGAGTATTTATTTAAAAATAAATGTGA
CACCTTCCACAGGTGAATGGGACGGATTTCGAAGTGAGCAAAGGGATTACAAATTATGTA
TGAAGCTCTGATGGGAAAACCTGGTGAAGTACTGATATAGTTGTTTCAGCAATAATTCATAGTCT
GGGAGGAGGACTCAGAATGCTTGAAAGAGGTAAGCTTATATTTTAAAAAATTGTCTTAGT
AAGAGAGCCAATATGTGATGAAAATTGCCAATTCCTTGTTTGCAAAATGGATTTTCATG
AGCGCCAGGGACGCACCCTTTATGGCTTTGGCGGTTAAGGTTGCTGATTTCTCCACAGCT
AAGCTGGGGAGAATTCTCTGAGAAACAGGAAAGCTGGGGAGAATTCTCTGAGAAAGCA
GGTGGTTCTGCTTATTCTTCAAGTTTATCTGAATCTGTGGGGAGTGCATGATCCCCATGT
GGAAGTCCAGAGCTTCTCTACGGCTTGAAAGCCCAAGCTAATCAGTAACCCGTGAGA
CAAAGAGTGTGCGTCATCGATGAGATTGGGAAGATGGAGCTCTTCAGTCAGCTTTTCATT
TGCCAGCTATGTCCTCTAGGAAATGACAGACCCAACCACCAGCAATAAACATTTCCATT
GCCTCTCAGGAAGGCTCAGAGGAATAACGAGGACATTTCCATCATCCCGCCTCTGTTTA
CCAAGAGATCCAGGCTGTCATGTGATTTATGGTGGCATGTGTTGTGTATTTGTTGGCTA
CCATGATGAAGCCAAATCTGAACCCATGTCCTCACTTCAAGGTTATCAATCTTGGATTGT
TGAAGTCTGACGACCCACAACATACATGAGAGTAATGGGATTGAGCATTATGGCA
CGAGGAAGATGTTTTGAGAGTGTGAAAAAGACTACTCGTTATTAATAGCGTTGTTTTAG
TGGATGATTGGGACTTTAAAACGACCCTTTTCAGGTGGATTCAGAGACCTGTCCTGTAT
TTCTTCTCATTCTTGATGGGGAGAAGTACATACAAAGTTTGTCTGACAGGGCGCGGTG
AGGCGTCTCTAGATCCTTCTCTGTTTCCCTCTCTCGCTGGCAAAAGTATGATCTAAT
TCTTCAGATGCCACGTGGGCACTGCTGAGAAAGCCACTTGGTAAAAGTATGATGCCGGAAA
ATCTCTAGTGTATCAGAAGTAATGAAAGAATCTAACAGCCTGCCTCACAACCTCCAAAA
TTAGTTGTTCCGGTTACACAAGGCTGCTTAGAATGTGGGAGCAGGAAGGCTTTCTCTAAA
GGGTATTGGTGAACGGTATAAATTTTGAAGAAATGCGAGGGTATGTCCAAGACTTGCT
GTGCTTTGGTTGTAGGAAAACCTGAAAATCCAAAATCCTTATTTTCTATTTGAGAGGC
TAGAGCATACCCTGTATAGCTTCAGGTGCTAGAAATTAATGATCTGTTATCACAAGA
ACAAAACCCATGTAGACTCCCAGCAAGGAGCTGAAGCACAGGAAAAGGAAAGCATCTTTT
TTTTAAAAAAGTATCTTCTTGGCCAGGGGAAAGGACCACAAGGCAATCTGGGGTGTG
GGCCATGAATTACTTCTCACTTTTGCAGTTGATTACTGAAATGTAATCACAAGAATT
GCCTTCCAGAAGGGGATGCCCTTGGACCTCTGCTTCTGGTGCAGAGCTCAGATTTCAA
TGAAGAGTGAAGCATGTTGAACACCAAGATGCTCTCAAAGATGGAGTCCTTCTCTCT
CATTTTCTTATCTCCCTCCAAGGGGCTGTTTCTGTATTTATTGACTCCCTGTTTAAA
GAAGAAGAGTCCGGCGGCTCCCCGAACGCTTGGAGAAAGCGCTTGGATGCAGTTGCAGG
TTTGCCATCAACAACCAAGTCTTTTGGAGACATCCACCAGTACAGGGAGCAGATCAAA
TCCGTACCCTAAAATGTCACTGAAAGAGGTGTCGGAGGCCGTGGAGAAGGGGTACCGCAT
TGGTAGAATGTCCAGATGAAAGCTTCATTCAACCCATCTGTGAGAATGCCACCTTTCAGA
GCCCTTGATTTCTCCCTCAAGCTGTTTGCCAAAGAGGTGGCTCCAGTGCCCAAAATCCAC
GCCAGGACTCCTCATTTTCATCTCACAGACACAATAAAAAAGCATATTTGTCCTGCCTGGG
TGCCGTGACTTATCCAACCTGTGAAGTATTGTGATCTGCTTGGTAACTTGGTTTGGTGT
AATGCTTACAACACTGCTACATGTACGAGCTCCTGAGCCTGGGGCTGCCACTCCTCTGG
TGAGATCAAGAACCTAGACCAGGCTTTTCAAGTCAAGAAGCCCCAGGCCAGGCTGTGCC
TGAGCAGTGCCTGCAGATTCTCTACGAGTCTGCCCAAGTACAAGTTCATCTCCTGCC
TAGACCGGGAGAACAAGCGAATGGCTGACAGCCTGGCCTCAAAGTACCAGGCTCAAAT
TTTTTTGTTGGATATGGAGTACTCTTCCATGGCTTACAGGTTGCTGAAAAGTAAATTG

TGTAGATACTGTAGATACTGTAGATACCGCCCCGGCGCCGACTTGATAAACGGTTTTCGCC
GGAGAATAAAATGAGAACTCTGGAGTGAGCTAAATTGATCCCAATTAAGTTTTCTGCTT
TTTCCCAACCTGGATCTGGATGTATGTTTGAAAAATAATGGCCACTTCCTTACTTCCTGA
GTTCTTGGAATACAGTGCCCTAAAATGGTGTCTTATGACCTGCAGAAAATATTTACACA
GAGCCCACAAACAAGCATCTCTTCTATGCCGAAGACTTCAGCACAATGGATGAGATAAGT
CCTGCCCGCTTTTTCTCAATCAAGCTGTCAGATTTTATGCAGCCCGATATTCCAAAAA
GTTCTCCAGTTTAGCTTTCAAACCAAATGAGCCATGTATAAAGGAGTTGAGAACTTAA
TTTGGGTTGATGCTGAATTAGGGAGTGATATTTACCTTGATGGTATCATAACTATTGTGG
TGATGGAAAAGTTTTAATCTCCTGACACTTGTGATGTCTTCAAAGGAACCACTGATGCAC
ATTCAGACAAAAGGAGTCCAAAACCATAAGATCCTCTCAGCATCCTGAACTAATGTCCAG
AATGCTTCGGTTCCCCACTGTCTTTAGATAAGACCATTGTCCAGGGTATTGGTTCCTCAT
CCCCATGGAACAAATGGGATCAATTTGTGAGTTTTTCTTTAATGATAACTAAAATCCC
GATCTTTCTACAGTCTGGTCTTACCCATGTTCTAGCAACCCTGAGATGATTTTCTTCCA
TCTGGCTGAACTGCACGGACAACGACGTGGGCCTCAATGCAGAGCTCAGCTACTTCATCA
GGTACTAGTTTGTATGTATGTTTAAAGTATGTATTGACCATGAGATTTCCAGTGTTTGG
ACATTCTCCAGCTGCTCTTTTTGCTCCATATGGTGCTGTTCTCTATGTGTTTGCAGTAA
GCCCTTGACCCCAATAAGATTAGTGCTCTCCGAGGTTTGTACACATAGAGTATGTCTGA
CAGGGAAAGGCATCTGGTCTGTCTGGAAAGCAAACATTATGTGGCCTCTGGTAGTTTTT
TACCTCTGAAGATAAAGTGGGCCAGTCTGAAGCTCTATCTGGAGTCCTTCAAGTAGCTAA
AGATGACGAAGCGACACACTGTAGGCAGTGTGAGAAGGAGTTCTCCATTTCCCGGAGAAA
AATTCATCAGCACTAAAGCATTAAACATAGAATAATGAGCCAAAGTACTGAGTCGAGATG
TCAATGTCATCTTCTCCATGAAGACCACTGAATGAACACCTTTTCATCCAGCCTTAATTT
ACTGTGGCGCTCCGTGAAATTAGACGTTATCAGAAGTCCACTGAACTTCTGATTCGCAAA
TAGCATTGTGTGTGTCTGTGGGTGTGTATGCATGTGTGTGGAAGCTATACAAGGAAAGC
CAGATGATTGTTTGTAGATTTTGTCTTCTACAATCAAATGTTGACCTGCAAAGCAGTG
TGTGTTTTCTCTGGAGATAGAATGTAAACCATATTAAGGAAAAAGTTTCAGACAAGCA
ACTAACCAAGACCTCTGTAAGAATTCTGTCTTTGATTCCACAATAAAGTGGTGTGAAATT
TCATTGGGGCCATCTGCATCATCATCATTGCGCTTGGCCTGCTCTACAACCTGCTGGCAGC
CTACAAAGGTGTAGCTAAGAAGATGGCCATTGGTGGGAGCAATGTCACCCTGCCTCCAG
ATGGAGCAATTCGAGTCTATGTCCTAAATCAAATGATCCTTCATTGACCAGTTTGGTGG
CTCTGCAGCAACATAGAGTACAAATATTGTTCTTTTTGTTTCTTTTTTCCCTTTGGATAC
GGTGATGGGTTCCAGTTTTTTGAACTTATTTTGTGGCTTTCATATTACTTCAAATGGC
CACACGCCCTTAGGCCATTTCTACTTATAAGATCCTATCTGCAAATAGAGATAATTTTAC
AGGATGCCACCATGACTAAAGAGAGTGCAAGTATCGCCAGGGATGGTAAAATCTACAAA
ATTCGGTTACTGCCCTTAATACTCCTATCATCAGCACTTCCACCATGTATTACAAGT
GCTGCTGCTTTAAAACAGCACTTTCCATTTGCCTTGTTAAATGGGATTGTATATGAATTA
TCTCCCTGACCAAATTAATGTCAGCTATTTAAAGAGATAACCAGACTTCATGTTGCCAA
GGAGACCTCCCTACCAAGTGATGAAAGTGTGAAAACTTAATAACAAATGCTTGTGGG
TTTCTGCCAATGACCAAACAGCCAAGATTTTCTTGTGATTTCTTTAAAAGAATGACT
TATCTTCAAGGAGAACGGGCAGTTTGTCTTTCAGGTAGAATATATTCCAGTGTCTCA
CTGGACAAAGAACACAGATGTATCGTCAGACATGAGAATAATAAAAACGGAGTTGATCAA
GATGTAAGGAATGTGGTAAGTCGTTTACTTCTTCCAGTGCCCTTCGAAGCCATGAAAGGA
TCTACCATTTACAACCTGCATAATGTGGACTCTTGACCAGTATTCCTGTTGATATTA
TAATACTGGATGTATGTAAGTGTTTTACTGCACTGTATTGAATTGGTGTCTTTTGCACAG

TTTCTGGAAGAGATTGCATCTGAGGAAATTCAGGAAGGATCTTTGTAGATTGGGGGGAGA
GAAAGAGCAAAGGAAGTATTCGTTATATTAATGATGCTGGCGACCAGGGAAATTCAAAC
AATAATGAAATGGACGACTTCAGCTCTCCAGCATCACCAACGAGTTTGGGGTACCCCC
TTGTAAATGCACTTCAAACCAATTGTGGCTCAAGTGTAGGTGGTTCCCAAGGCTGGTA
AGTTTTGTAAGTTTGTAGCATTTCGACTTAAGAAGTTATTAAGCTTAAAAGTCACTGA
CATTTGTCATGAGTTTTTGGATTTGCCAATGATCTGCTGGACATCATGCCCCATGTCAT
TAGATCCAAACGTCAAGTCAATTTTTGTCACCTGTGGAGACTGGGACTTAAAAGTCATGC
CTCTGATCGACCTCATGACAAACACTCCAGACATGAATAAAAATGTGGCCAAACCTTCAC
ACCTGGACTTCAAGCCTGAAGACCAGCCCCATTTTGACATCAAGGATGAGTTCTGATGTT
TCCAGCCGGTCTTTAAAATGAAGATACGTAAGAAGGGAGAGGTAAGTATAGCACAGATC
AAGTTTCTAAAAGGCAACAGGTGGATCAACTGCCTAGGATGCAAGAGAATCTAGTGAAAA
TTGTTATTTACTAAAGGAAGGAGGAGAGAGAGATTTTATAAAAGGCATGATCCATG
AAGAAGATAAAGGAAGACCAGGAGTGCCTGCCGAACCTCTATGGAGGAAGTCTAGGAGAG
ATCTGCAGCGTGTGCTCTCAGGTAAGGGAGATGGGGAGAGAAGCAGTTACTCGGGTGCT
CTTCCTGGTGATGACTTTCCACACGGAAACAGGAAGCATGCTTTTTCTGGAGAAGATTGT
GTTAACACCTCCGCCTGCTTCTGGTGCTTCCAGTACCACAGATGTTTGCAGTGTATTTGA
TCATCGCCAAACAGCTTTCAGAGATAGATGCTTTGTTTCCAATCGAGCATGCTATTCCAG
AAACGATCATGCCAAAAAAGTGGCAAAAAAGCTAGAAGCTCTCTCGGTGAAGGAGGAGAC
GCAGTATGGGGCATGGCTCAGCCTGGTGGACCGTGCCAGGTGAAGGCTTTTGTGGATCT
TTCTCAGCATCCACTAATATTCAGTCCTGTATATTTAATAAAAATAAACTTGACAAAGGA
ATCATTATAAAATTCACATTGAAGAGGACTCCTTAAAAGCCGATTTGCATGTGTGAAAGC
TGGATTAGTTTGCAGCAACTCAATCCCAAAGGAACCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCTA
ACCTAAATTAATGAACCATATTTTTAAAATCCTATTTTTCCCAAACAGGGCCCTCTGCAG
ATACATCTGGTACAGAAGCTTGGGAGGAGCTTGTTCAAACCTCAAAAACCAGACGGCTGAA
GGGATGTTACCTTGCCTTTTGTGTTTTGAGGGAAGTTAATCTTTAAACTCTTTGGAA
CCAGCTTGCCTGCCGGTTTTAGGAATCTAAACTCTCATCTTGTGCAATTTATCAGGTGT
TTTTATTCTTTGATGTTTATTTCTTTTGTCCATCAGATCTTGTGGGATCCCATGGAAG
CCTTCCTCTGTCTCCCTGTCACTAATGTGAGGTTTTCTTTGTGCACATTAAGTCTTCTTT
CACCACAAATATCCGGTCTTTGTGCTTCTCAGATGGATGGTTTGTAAAGGCTCTTGT
TCTTTTTCTTCTAGGTGTTGGAGTGTGGATATGAGTCATGGAACCTCTGGGGCTATGTTG
CTCCAGATTCACAAGCCCCACCAAGAGGATCACCCAGGAACGCTTGGAGGCTGAGGAG
ATCCAGAACTTGGACCAGAGCTGCCAAGGGACGTATATATGCCAGGCCCATGGACCTTGG
CAGGGTCATTTGAACACTCTTCCTCCTGACAACCTAACTTTTCACTGTTTCCCATCAT
GCACGTCCTCATTATATGTAAGGAATCTATTTCTAGAACTCTATAAAAAGCTCAAGTGA
CCCAGTCATATCTCATGATTTCCACAGTTGTTGTATTGGTGTGGAGTTTTCTGAATTGGC
ACCATCATTTGTTTCTTTGGATGCTTTTCAAGAAATCCCCTAGAAGAATATAATGGAG
ACTTCCCTCCATTACAATTCTATCTCAAGATCAAGGTCATGCAACAAAACCAGCAGGTG
TATGTTGTCCAGCCCAACACCACAGGACCATTTCTGTATGTAAGACAATTCTATCCAGCC
CCCTCAACTGTCATTTATGGACTGTCTGTGCAATTACGTCCACCAAAGACCCGTGTTGG
CTGGGAAAGCAAAGCTGTTTTATCCTATAAATTGAAGTAGTGTGGAGCATTAACTTGTGG
AGCTACTGACAGAGATCTGATGGAGCTAAAAGCTGAGCATGTGAGGCTTTCAGGGTCTCT
CTGCGTTCTCCCATGAACTTACATACTAGGTGCCTTTTGTGTTTTGGCTTTCCTGGTTCT
AGATAGAGCAAGGAACAGTAAGAAAATAGTTGGGTGCAGTGGCTATGCGGTGGCACTATA
GTTGGTCACCTGGAACCACTACCAATCCATGTTTCATGTCAAATTAATGATCACTTTGAA

AACACCAAACCTTCTTGTGGAAAAACAGCAGAGCAGATCTTTGTTCACTACTCTCACTACC
CCCATGTCATCGGTTCTGGGGTGACCCTAACATTTTCATCTAGCAGTGATTGTCTTCTAAA
AGGCTGTGGAGGGCGAGATTGACCTGGCCAAGCTGAAGAAGTTTATTGCCTACTGCCGAG
ATTACTTCAGAGAGAGAGAGAGAGAGATTGAAAGGGTTTCTGTGAATACCTCCACAAC
GGCTGTAGGGGCTGACGGTTCTCATGAATATTACTGCTCTTCTTTCCAACAGTTAAAAGA
CCCATGGTCTGATATCTGACTACATCCCTAAAGAATTAAGTGATGACTTATCTAAATACT
GACATGGGGTAATGTGAGAGAGTAGAACACCCCGTACCTAATAAAAAATCTTTATTTTT
TGGTAGTGCTAAGATGCTCATGTTTGTGAACATTTCTCCACTGGAAGAGAACGTCTCCGA
TTAATACTTTAGGGTCTGATTTGTGGGAACAGACCTTCTTGTAATAACCACTATTTG
TGTTAAATGTTGCCCTTTGCCACGTTAAATTGAACACTGTTTTGGATGCATGTTGAAAGA
GCAAAGTGTGTTTGTAAAGGCTGATGTTTGAAGTGTGCAAGCATTCTCTTATTAAATTC
AACCCACTGCACAAATTTTGGCAATGACAGAACTTCATCTGCATTGGCTTCGGCAAAGC
ATTGTGTGAGTTGTTGTGTATCCCCAGACCAACGTGACAATAGAAACAAATTATTCCTAA
TCTAGTACCATTCTTCTCTTAGCCCCAGGAGCAAATTAAGGTACAGTTAAAATCCT
TGTGGGATGATTACTTTTTTAAGGAGGATTAATTCTGAGGTAGTATAGTAACTAAAGGGG
GCAGGAGAAGACTTTGAATTCTAACGACGAGCCGTGTTGAACTTCTTTTGTATGTGTGT
CTAGACAAAGCCAAAGCCAAAAGTTTTTCAGCAGTCAGAATATCCAAGGGACTGAGTGAA
GTTTTTTGGTATAAGTATGTCCGAAATGCTGCATGGGATATACTTATACCAGAAAGCAAA
ATGGCAATTGAAGGACCTCCTGCAAACATCCTTCTTGAAGCCTAGCACTGAAATGGAA
CATAAAAACCTTCTGAAGCAGGAAGTAGTTCAGAGGTTCTTGCGTCTCCTTTCTACTCTG
GGAGTCTGGCAGTGATGCCTGGAAACAGTACATGAGAAGGTCTACTTGTACTATCAACTA
CAATTAAGCACGTGTTAGACTGCTGACGCGGGTGATGCGAACTGGAGTCTGAGCCTGCC
TGTTTTACTTTACTCACAGGACTATTGTTAGATCTGTGGGAAGGAATTACAAGACAGTT
ACAAGGCCAACTACTGCTCCGGCCAGTGCGAGTACATGTTTCATGCAAAAATATCCGCATA
GCCTCATTTCTTATCCCCGCCAAGGGTTTCTCTCAGTCATTTGTTTACCAGAAACATGA
CAGTGGCTACTGTGTTGGCCAGTAGAAATTGACAGTATTTTGTATATATGTGCCCATTT
TAAAAAATCCTACCGATCAAGATGAGTTCAGCTAGAAGTCATACCACCTCAGGAATCAG
AGGCGAGGGTGTGAGGGTACAGAGTTCGAGGCCAACTTGGTCCACATTGGTAGGAAAAAA
TAATATGTAAGGAATGCTTGGAAATATCTGCTGTATGTCAACTTTATGCAGCTTCTTTTG
CTGGTTTTGGTAAGTATTCCTTACATAGGTTTTTTCTTTGAAAATCTGGGATTGAGAGGT
AGCCCCCTCCAGGACCGGGCCCGGACTGCTCACCCCTGACCCTCTGCACTCTCCCTGCC
TCGATGAGACAACAGCAGATGACAGGAAGGTCAAGTCCATTGTGACTGATGGAGGGA
TCTGGGAGCAGGAACTCTACTTCGACTCATGCCTTAGTGTGCTTACTGGAAGACAAT
CCTAAGCCCATATGTCTAAGGAAAGGACGCTATTTGGTAATGAGGAACTGTTACTTGTAT
ATGGAGACTGGAAAAATCCTGAGCAAACAAAACCTGGCCCTTAGAAATAGCTTTAAC
AGAGTACCAGACCGCATCATGAACTCCTCAGCGTCATGCCCTCACCAAGGTGTCAGA
GCTTTAGTTTTTTCATCTGTTTTGTTCTTGGAGTCAGTGCTGTTGATGACGAGTTGTCTT
GGTGACCAAATTAAGTACTAGTACTAGTTCACTAACTAGGTCATTCAGGGAAGTCAAGTTAAC
AAGAAGAAGCTATGGAACTCATCTGATTTTCAGATACGATGACGATGGAAGAGGGCCACC
TGCATGTATGTTGCTGCGTGACTGGTGCCAGGTACACGGTCCTTCTCGCACAGCAAT
AGACAAGAAAAGAGAAGGTAAAGAGTCAGTGAGGACTGGTGGACGTATTTCCCCAGATT
CAATCCTCTACCTGATCACCTCCATTGTTGTCCTTGTGAGAGAGGAAACCACTCCAAAA
ATTCTCTCTACAGTACTGGGACCACTGTAACTTCTCAGATGACTTGTATTTTTGTAGT
AGAACAGCACGCTCAACTGCGCCAGCTTACGGCGGGCATCGTGGAGGGCGGTGCTCACAC

GATCAAGAAAATGAGTGTCAACATGAAGCTGTTTGTAAAGATGAAATTAATAGACCCAGG
GAAGAGCTCCCCTACGGACCAGGTATAGAGAAAAGGTCTATGCAGAAATAGGTTAGAGTTT
GACTTGGTGCCACCGCCAGCAATAATTGACAACTTTTCTGGACACTTTACCTTTCTAA
GAACTCCTTCAAAAAGTTCAAGTGAGAGCCCATTCTATGAATGACCATTTACATCTAATT
AAAGATGGGATCGGATTGAGAAAAGGAGAAGGGAGAGCATATTCGTTCTCTTTCCACCTC
AATCCATGTTGAAATGGCCTCTAATTTGGAGGCTATTTTTGAAGGTAGCGAGGACTTAT
GGACCATCTTTATGACCTGCTTTCTGTTTTTCAATATCATACTGGTGTATGTCAAAGA
AAGATCAAACCCTGCTTTTGTGTAATGCTGACCTCCTTGCCTACATTTTAAAAACCTAG
TAAACCCAGATGCTAAATCATTCTACAAAGGTTTACTGAACTGTGGCAGATGTCTCA
ATTATGAACGGATACATGCCTTAGGTCCGAACTACAATCTGGTCATTAGCGATCTGAGGA
AAGAGACCTTCAGGCTTGAATTAAGCCCTCACCATGCTCACGCCCAAATGGATTATTT
CATTTAGCTCCAACCTTGCATCCTGAGAACACTTAAACGTTTCTGCAGGTCCATTTTAT
GTCAAGTGTATTTTAACTGTCTGGTTTGTACTTTTATGACTTTTGTACTACCAAAGCGG
TGAACAGACTGACCTTGTAACTTAAGCCTGGAGTCCATGCCTCGTCTTCTTTTGTTC
TCCAGTTCTCGCGCATCAGTCCAGATGGTGAAGAAGGCTACCCCGGAGAGTTAAAAGTCT
GACAAGGCAACCATCTGGCTTATGCTATATAATACTTCATTTAAGAAGAAAGGAAAAGC
CCCCGAGTTGTTTCTCGCTGATCGATTTCTTCTCCAGGTAGAGTTTTCTTTGCTTAT
TGGGGAGGGAGGTGTTTAAACGGCACTGTGGCCTTGGTCTAACTTTTGTGTGAAATAATAA
GGTGCTCTTAAAGTGAGCTTAAATTTATCCAAGACGTATATCAAATTTGTCCTGTAGT
ATGTGGCAATGCCAACTGGAGAAAAGGGAAGAAGGACATATTACCTTGGTTTGAATCCCTG
TATCCCGCTGACTGAGTCTCTGAGGGGCTACCAGGAAAGCGCCTCCAACCCTAGCAAAA
GGGAATAAATGTTTTAGGAAGCGCCTTCAAATGCCTCGCTGATTTCTCGTGACTTCAAC
AACGACTTGGGTTTCAATGTCCCTAATATAAGTATCTTGACAATTATGAGCTTTATACCTAG
TGGAAGAATTGAATATATGCCATGTGACCCCATGGGGAAAAGACTCTTGGGAGCTTTCT
GGGTGTTAGAACCTAGATTCAAAATGGCTTGTCTTTGCTACTTTTGTTCACATTCTCTC
CTATGAGATAACCAGTCAAATGTCAAAGATGGAGGGAGATATACATTTGAAGACGCCCCA
CAAACCGAATACGGTCAGCAGTCAACTCCAGGGTTTGGGCTTGATTCCTGTTGAATAATA
TTTTAAAGAAGCATTATTCTTGTGTTCTGGATTTAGAGCAATTCATCTAATAAACAGTT
CCCTCTTAAAAATTACAAACCGAAGTGATAGAAGCATGTCAGAATTGAGAAGACATTTTG
TGCTTCAGAATGAGATTAAGATCAGATGTTGGAACGTGCTATGCTGTAGCGTGTCTGGAA
TGTTGTTTGTGACCTCCCTGCCCTGCTTCAAAGGAAGAGAAATCAAAGAGTTGACGAC
CTGATTTGCTCATTCCACAGTGTATATACATGTATCAAAAAGTCACATTGTACCCATAA
CATTTTCTTAGAATCATTGCTACTGTTTACACAGGTGAAGATTAACACCCAGTAAGC
CTCCACTTGTCTGGAAAACCTCACCCTTACTTCCAGAGCTTTCTCTCAAAGACTAAGA
TTAACTTTGATTCCCTCATCTCCACACAGAATGTTGTTGGTTTGAACGTGGGGAACTTC
TCTATAGTGTCTCTGTGGACCAGAAGGAGCGCTGCATCATTGTCAGAACAACCAACAAGA
GCTCTTTCTAGCAAATCAGGCAGCTCTGCCCCATCGGTAGGGGCACCGATTAGTCTACT
TGATAATATATTCTGCACGGTAAGAATTCCTTTTACAGACATTCTTTATCAAGAGGTCGG
GTTTCTGACGTTTTACATTTCCACTTTCTATTCCATTATTAAGCTAGCCAACAATCC
TTATGAGAAAATGCCAGAAGAATTTAAGAGGGCGACTTGCCAAACGGGAGAGAGAAGCAAA
ATGTAGAGTCTAACTTGCATGAGATGCATGAAGCCACTCAGAGAAGAAAGTTCCCCGT
ATACATTCCTCTAGAAAAAAGGGTTGGAGAGAGCAGCCTTCACTGAAGAGTATCACAGG
CAAGCATGGAATGAAAATCATATAGAGCATGGAGCTTATAGCAAAGGAGAATGTAGAGGC
ATGCTTCAGAGGACTTATAATTGCTTGGTTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT

ATTTCCAGGGAAAGGGAAAGGAAGACATGCAGTCTCATTGAAGTCCTTGGGTCACTTTAC
CCTTCCTAAGTCCCATTCTTGGTCATAAATATTGCATTATTCACACTTTCAAAGTGTGT
TGCACGAGTACCTGGTCGCCTGTATCAAGAACATCTTCGGGGACATGCTGTGTCCCTCGTG
ACTTGTCCAATAAAGTACATCCCAGACGCCACACCTGCTGTGTCCCGAGAGTCTCCAGAT
GAATCTGAACAAAATGAGTGACCAAATCATTCTGTGCCACTTCTGTGAGCTGAGGTCCA
TCCTCCAGTTTCAAGTAGAATATATTCATAACCTCAATAAAGTTCTCCCTGCTCCCAA
CCCCATTGTATTTATTTGCCTGCTGGAAAATCACATCCGGAAATAAAATAGAAATATGTC
TTTTCAAGAATGCATTATGCAATGATGTAGAATACTGTTTGTAAAGTAGTTGTCTAGACT
TTGTAATTTCTTCTGAAATCATTCTAACCTTTAGTAAAGACATTAATTTAAAGATGTT
GGAGTGTCTGATGCAACTTTGAATTATGCAAATGGGAAATAGTGCACCTTGTGTACAATCT
CGACCACATGTATATGTGTATATATATATATGTGTGTGTGTGTGTGAGTTTGTGTATGTG
TCCACAAGAAGAAGGCGGTGAGGGCAGTGGAGGTTGAGGAGAATGTATATGCTGTCATGG
CCAGCCAACACACAGAATTGCAAGCAGTTAAGCAACTAAGATTAAGACAACAATTTTAAA
AAGGCAAACCATATCTGGTCTTTCTAAAGCTTCATAAAGGCATCTTTGACTATTAGACAC
GCAGCAGGTGATTAGGAGAAGGCATATGACAGTAGAGAGGACTGGAATATAGAGGAGAAT
TTGGGACCTGTGCCCGGGAACAATGATCTCCGACACATTATTTGTGTAAAATCACTTTT
TCCATATCTCATAATTCATGTACTGCTCCTGATAAGACATTAATATTAGATGTGCCACCA
CTGTGGCTTCAGGATGAAGACATGAAGAGAAAGTTTCAAGATCTTCTGTGTGAGGAAAAT
CCCTGACTCTGAAATCACCGAACTGAAGTTTCCATCAATAAATCATGACTGATCTTGTAG
AGTGTGAAATGGTAGCGTTTTGTCCCTGTCTTCACACTATCATAGGGAGAATCAAAGAG
AGACAATATTGAACAACCCCTATTTTGTGGGGATTGAGAAGGGGTGAATAGAGGCTTGA
AAAGGGTGATTACTAGAGATAATAAGGGGGAGAAGCCTTGGTGAGCATCCTGGACCATT
GAGGTACCTGTTGAACAACTAACTCTGCCACTGAGAACGATGAAAGCTGTTTAAAAA
TTCTGGGGTTTGGACTTGGGGTGAGTTTGTAACTGTTGCTGCCACACCACCAGGAGCACC
CTAATGTAGCTATTTTTCTTGTTCATCTTTTCTACTTCAGTACACTTGGTGTACTGGGT
AAGCCTGAATCTAATGCAGTCACTAAACAGCCGGCCCAATTGCAAGTGCACAGAAACAA
ATGTCAACCAAACATCAGAGGAATAATGTGGGGAGGCCAGCCAGTCGGTCTAATTTGAAA
TATGAAGCTCATTCTGCCACCCTTCTAGAAAAGTGGTTCCTGACAGAGACATGTGGAA
CCTTGATATAGAGGGACCTAGACGGACAGGATATGCTAAAATAATTTCAAATTCTAGCAC
GAGGGTGATAATTGCAAAATTGAAACAGAGCATGGGACTAGCATCTTGCAGTCTGTAAAG
GTTTGTGTGTTTCAAAGAAGGGTGCTGACCACAGTAGTGCTCCCCCAGCAGATGGAGAC
GGCTGCACACATTTTATCAGGGAAAGTTTTTGTATCTAGGATTTATTGCTAACTAACTGA
AGGTGACTTAAGTCACTGGGATTCTAATTTTTCTCTGAGAGCACAGCTGATTGAGAATT
CACAGCAAAGAAGAATCCTGTGAATGTCCAAAAGCCTTCCAGAAGTCAAGTCTCTTAAGC
AGGTTAGTCTTTCAGTACACGTTACTGGTAAGTAGTTTCCAAGTTACGTGTTGTCACTGG
CCTAAGACCCTGTGCAGGGAATCTGTGAAAACACAGAGGAAATAAAAAAGTGAGGAAAATA
CAGGAGCCCCGGCCACACACAGCAAGAAAGATACATCTGACCAGCCTCAACGTCAACGTA
GCCAGTGGGAGCACCAGGATCTCGGGCTCGGAACGAGACTGCACGGATTGTTTTAAGAAA
CATTCTGAAGTTCTGGAAAGAAGTACTGGATGGACTGAAGTCCAGGACAACGTTCCAAG
CAACATATACTTCTTTGCTGAATGCTAATAAACTTCTGGGTTCAAGAGGGAACTCCTCAG
ATCATTCAAGGGGCAGCCATCCAGCTTGTCTGTCCCGCCGACTCCATTCCAGATTAG
ATGGGCTCGTGGGGCGGGATGGGACAGGGCACGGGCTCTCAGAAAATAAACTGCTTTATT
AGCCTGAAATCCGCTCAAGTACATTTCTCTTGTCAAGCGGCTGAGGTGAGACAGCCGGA
ATATTCTCCGGATGAGTGCATCTCTTTGCCTGTTTACACAAGTGCTGAAAGGGATCGTGT

CTCTGTCAGGTGCAGTGGACTTAAGACCTTTTTCTCTCTTGAATAATGTCCTTAAAAAT
GGGGTCAAATCCATCCCTAGTCATGGCCCCCTGGAGAAGTGGCAAGCCTTGACTCATGA
TTGCACACTGTTGATATGGAAGGGAGTAGGAATTAGTGAAAGGGGAGTCTAGTTGGTTTA
GTTCACTTCATGCGGTTCTTGACATGTTTATTTCTACCCTTAATGCAATGAAATGTTTCA
CGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTCTTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAA
ATAGTGTGCAGACTCACAGATAATAAAGCTCAGAGCAGCTCCCGGCAGGGGCACTCACGG
TAGATTTCTCCCAAGGGGATCACTTAGCTTCTACTGACACACCCTTCCCAATTGCCACA
AAGGAGGAGCTCTTTCATGAAGAAGAACCACGAATAGAAATAAAAGGCCCAAGCTCAG
TATCCCAAGACCTACCAGCCACATAGGATTATCCTGGATTGTGAAGCTAGAACTGTGAG
CACAGGGATGTTGTGAGGGTTTGATGAGAGAATGAATGTTAATAGGAATTGGAAAATTCA
ATTGGCCTGCAAATCTGGGGTGTATTTCCTTTACAAGTCTATCATAATTGTTCTACAT
CTAGCTAACGGCAAAGGCGTTTTTATAGGGAACTATTTATATGTAACATCCTGATTTAC
AGAGGACGAGGAGGTGGGCACTCAAGCGACGTAAGATCCACATCAGCTCAACTGCACTTG
AGGCTTCTGAATCCCTTCTGAGTTAATGTCAAATGACAGCAAAGCACTGTGTGGCTGAA
GACTCACTTCTATAACCACGACGCGTTGAATCAAAATTTTCAAATGTTTTCAGCAGTGTA
GAGGAGTTGGATGCCATGATGAAGGAAGCCAGCGGTCCCATCAACTTCACCGTCTTCCTG
CTCAGTGA CTGTGGTTGAGGACGACGAGGATGAGGATGGAGATGACCTGCTCCATCACCA
CTCCCTGTTCCATATGCTCGCAATCTCAGCTATTTGGAAGCTACCAGGAATGCTTTCTAA
TAATGAAATGCTGACTAAGGAACAAGGTGATGTAATAGGAATACCATTTAATGTGGATGC
TTCTTTTTTAATTTATAATTGTAGGTCATTAGCGTGCATATCGAGTTTGCCCTTACGTG
CTGATCATAACCCTTTAAATGCCTTGTGCATCATTTTTCATAGTTCCTGCATCCTAGAAAA
CGGCGCTGCAGAGGGGCCCTCAGTGTGGCACTCCTCGTCAAAGAAAAATAAAGGCTAGAA
GGTATTGACTGGACTTTTTGTATGACCTTAATAAAACATCTTTGAAAATTGGGCTGCATT
AATGTTTTGTACATAGTACATACTTGTATAGTCCTGTGAGATGAAGTATGGCTATCAGAC
GCTCGTCTGCGCACCTTGTGTCTTGTAGGGTATGGTATGTGGGACTTCGCTGTTTTTATC
TGACATGTGTCTCTTGTGTGTGTGCATGTGTGCATGCATCCACCCTCCCCCTGCATCC
CTCATGGATGGGTACATATGGAACCAAAAAAGAGCCCAAATAGCCAAAGCAAGACAAAAA
CTCTGATGGACAGAATTTTTCTTTAACTCAGCTTTTGCTACTTTGGCAAAAAGTACGCA
GGTAGGATGACCTGGGGTTTCAATTGACTTCTGTTTCTTGTCTTTAGTTTTGATAGAAGG
CAGATAGCTGAAGAGAGAGAGAGAGAAGAGAGAACGGCTTACAGCTCAGGTCCTCTCTCC
AAGCAGCTAGGTTGCAAGAACATTCTCTACTTTCTGCTAAGCCTTGGAACAGTTGGGA
CAGTGCCTTAAGGTTTTGGTGAATTAGCCGAAAACACTTCTGTGATTTCTTGCCAGG
CTGCCTGTTACATGTGCGCCAGGCGGGAAAAATGGAAAATAAAGTGTATTTACACAGTC
CGGGTAGAGTCAGCCTCTGACAACCTCCTCCTGAGACGACCCAGCCTTACTGGTACTTTT
TTCAGTCACTAACTGTACAGTTTTATGTGGGGAACAATTCATGCAGGCTACTGGAAAATT
AAACAAACCCTCCAGAAACCTGCCTTTCACTGGTACAAATAAATCGACAAAGAGGGCAAA
AAACAGCAAACAACAATGCTGTACAGGTGATTGACTGGGTATTAGAAAAGACAAGCAAGA
CATCGTCAGAGAGTGTGTATGACAGAATAGCACAAGAACTGTGGATGAAACTGAAAT
CAGCCAGAGGGAGTCTGACTGAAGTTTACTTGGAAAGAAAGGGCTTGCTAAGAAAAAAGG
GGCGGATCTACAGACATAGAATACCCTCTACCATCTGCTTTGGTCAGGGTGCCGCTCGAG
TTGGAAGCTTTTTGGCAAGAGCTAAATTTATCCTCTTATTA CTGTAAAACCATGCCTAG
ATTCCTATATTCTTCTGCAAATCAAACGTTCTTTCCAATCCAATCCAGCCTTGGTTTTA
GCCAGTCGGTACTTAGCCACCTGATGACTAATGACAACAAAGAGGCTGATGAAGATTTCT
TCTGATTCCCACCCACATAGGAATAGCCTGACTGAGGGGGAAGGGGTGGGAGAGAAGAT

ATGGACAGTAACCTGTTTCCTGAAAGATTCTGTGGGTACTTTTTGAGCTGTGATAATAG
CCGGTGTCTGCTGAGAGAAAAGGTCAGCTTTGTGAAAGAAGCTATCATGAAGGTGTTGAA
CTCCATGGTAGGCCAGAGAGTCTAGACTTTCTCTGCCAATTTTTCCCTTTCCATTCT
GACTCTTTCAAGTTTTCTACCCTCTGATAAGAAAATTTGGGGATATCCAGTGCCATCTC
TTCGAGACCGGTTCAAGAGCTTCCAGAGGAGGAATATGATCGAGCCTCGAGAGAGAGCCA
CAGACTTTTTGTAAACCCCAAGTTGTGAAAAGTGCAGTTTAGCAGTGACCTCAGCAACC
CCCAATGTCTTCTTTGACTTTGTGGTTGATCCTCATTCTTTCCCCGTACAGTGGAAAA
CTGTCACAAATCCCAGAATCACTGTGTATTTGTTGTCTTAGTCTTCATCTTAATCAGTA
AAGCATTTAATGGGATTAGCTGTAGTCACTGCTTATGGGAAGAACCTCAGATCAGCCCCT
AAACCATTGGTCCCTTTTACCCAGGGAAGGACTCAAGAAGCCGAACGTGATAGGAGATGG
TTAGGCTCTGCTCTTGAAGTACCAAGTATTTCACTCTTGGGTCTGCCCAAGTGCTTAT
GAAAGCCCCACTGTTAGATGATAGCCTCGTGAAATTCATGTTTCTGTATTCTCCTATTT
TTCCCGCTCCGCTAAAGATTTCAAATCCAGGGGATCCATGCTCAATGGATGAATGTAGA
GGAGAATCGTGTTTGTAAACGAGTTACAGGATTGTTTCTTTCTGGATTTTAACTTTTGT
TGGAAGAGCAGAACCGGCAGGAACCACTCATCCCGGTGGAGCAGATTGTGGAGGCGTGGA
CACATGTGTCAGGCTATCTCATAAGTTTAAAGTCCTTACAGACAGGCTGACACAGGCTTGT
AGTTAAAAACAGAATGCACATTCGAAGGAAACGAATTGTGGGAGGAAAGCGAGCACAAC
GACATTCAAAAGCACAATGGTTTGAAGGCTTTAACTGGGAAGGCTTAAGAAAAGGTACC
GAAGAGGACCTCTTTTTGCAAGTATATGAAGATCTAATACAAGAACTAGCAAAGCAAAG
CTGTATGCATTTGGAAGGGTAAAGATACAGGCTAGAGTCCTATGTTATTTAAAGATTATC
CTCCTTCCCCTCTTCTGGTAACACAACCTTTATTTATTTGTGGGGAACCTATTCCCTGT
GGCATCTAGCTTATGAGGCCAAATAATCCCAAAGTGCACTTTATATAAATGTCTTGATT
AAATCAAGAAGTGCATGCCATCAGCAAATTTAAATGTGGACTGGCTTTGAAGACTGTTAA
TGATCCTTTGTGGCAACACCATTGTTTCTTCTTTCTTTGTCATCTTGAAGCAAGGACC
ACCTCCCTCTGAAAAACACAAAGAATGGACTCTCTCCTGGGATGAGGACTTGCTTTCTTT
GTTATACATTTAGGTTGTAACCATATCTGGACAGCCAACGAGCCGCATGCAGGTGTCAT
CTGGCATCTGAGTCTCATTTTTGTACCGTGTATTTGAGCAAATAAATACATTAACCTGC
CACACTTGTCGAAAGGCGTAGTCATGCAAAAATTTAGGCATATGGATTTGCATAGAGATG
GCAGTTCTTCATAGATAGCTGTATTTTATTATGGTTGTAATCTTCTTGTCCCAATCA
ATGGGGAAGTTCTTCAGACCCAGTGGTCTGTGACTGCTGAGGACCAAGGTGGCATCCTA
ACAGAATAACGGGCTCCAGATTCACAAGCCCCACCAAGAGGATCACCCCAGGAACGCTT
CAAACCAACATTTCCAGCTCTCAGGTGTACAGAAATGCGGTTTACTTTGTAGGCCACGTT
TTAGAATTCTGAGAGGCAGGAAGTCTCTGTCTTTGTAAGTCAAGGCCAACTGTCAC
GAAAGTGATTTCTAAAATGCCTCATAATGGTCTGTGTGGGTATACATACATATACACAGA
CTGCGTTTTCAAATATTTGAGGAAAGGTGTGCGCTCTTTTTCTGTGGAAAGAGGAAGCTC
CGGAGAACATCTGGAGCACCCCTGCGTTTGGCATTGTCTATGTTAGGCCAGAGCGATGCCT
CCAGAACCTAAGATATACTACGTCACTGACAGCTTGAACATTTGATTTATTGTACAGAA
CTGCCATATAACCTGACAGGAACATGCTACTGAAGTTTATTTTACCATTGACTGCTGCC
AACATTGCTCCACGGATGCGGCACCGATCTTTAGCCAGAGATCTCACTGGAACCATTTAA
GGCAGACTCAGAATTGTCCACTGTACCTTCTGTCACAAAGACCCAAGCTTCTCCAGCTT
ACCCTTGACAGACATGTTGCCAGCACACAGTAGGCCCTCAATAAAAGCCATTTGCACTTT
ACCCAAAATAGCTGGAATTACCGGCAGATTGTGTAGTGGTGAACCTATGGTTTTCTGAAG
CTGCATATTGTCAAGGTGGTGGCCAAAAAATATCGCAACTTTGATATTTCAAAGAAATG
CTCAAGACTTTGATCCTTGGAACCGTGTGTCCAGCATTGAAGAGAACTGCAACTGAATG

AATAAAGGAAGAAGGGGAGGAAGGAATCCCTAATTCTTTTATATGCTATAGATGTGTACA
GCCACAGGTAACCTTAACCTTTAACATCTGCTTTGGTTTCTTGTGTTTTCTACAGTGTCCG
CTGCCCTCAGATCCCTTGTGAAGCCCAAGATCGTCAAAAAGAGAACCAAGAAATTCATCC
CTTGGCCTTAAGCTGACTTAGAAGGGTTTTCTGAATTGTCTAGATCCATGCATTATTTT
TATGGAGACAAAATTCTTGATGATTCCTTTATAGAAGGTGTTTCAAGAATAAGGGGTGG
CCTTTTCTGCTTTGAGGGTTTCCATACATTGCTGTTTTCAGGTTCTACAATAATTACCTT
CTGAGAGTGAGGACCTCATCCGACCATGTAATTACCATTGCTTGCTATTAAGAGCCTT
AACAAGCAGGAAGTGGAACAGATGGAGATAAATTGGATCCTGAATTGTGGAAAGCTTACA
CCGACCGGCACTGGCAGCACTTTCCTGTTGAAGAAATCTTCTGGCGTGTGGTTTCAAAG
CAAGATAGAATGGGATACGACCAATGGAAGACTGAGAACTACATTAATGAGAGCACAGA
TACCTAACGGTGGCTGCCATTTTCAGGGGTCGCATGCCCATGAGGGAGGTGGATGAACAA
CCTAGAAATCAATGGCACAAATGTGACAAATCATTAGTGGATCAGCTGCAGAAGGCGAT
GAAAAATGTAGAGTGTGCCCGTGTGTATGCCGAGAACGCCATCCGCAAGAAGAACGAAGG
TTCCAGCGACACATGACTGACTGACTGGTGGCTTTCAGTTTCAGGTCTTGGAGACAAAT
TGTCCAGTTTGGGCAAGTAGAAGAAAACTCCTGCAAAAACTGAGTTAGTCCAAGGATAA
GACCAATTCGGGAACAAATACTACTACATCCCGCAGTACAAGAACTGGAGAGGACAACT
TACCTGACTAAGAATGGCTCAGAGATACCCTCCACCATGCAAGATGCCAAAGACTTGATT
CCTGCACCAAACCCTGCAGTCTATAACCCTGAAGCTGTAATGAACCCAAGAAGAAGAAA
TTCCCCTAATGCGAATGCTTGTGTTTGTAGGGAAGGGCTTCTCCAACCTTCGTGTGAAAT
GGAATTGGTGACCTATGTTTTATATTATCAAGGAAGCCTTAGATTCACTCTGATCTAAGA
TTTGGAAAGTTTTTGGTAAGTAAACATAGTTAACTTGTCTATTACAACTTTTGCTGTGA
TGATCCTTAACCAATAATGGTCAGTCCTCATCTCTGCTGACTTCATAGGTGCCACCTT
GATTTTAGGGACATCTTCCATGGGCCTAGGCTAAAATAGTCATTGTGTTTTCTTTATATT
ATTAACATTTTTAAAAGCCCTTCATCTCCCTCCACAAGTCATGTACTGCCAACAGGGACA
GTCTGCCTGGCGGAAGGTCCTGGGCAAAGGATCAGTCTTTGTA CTCTGAGAGCAGACTA
GTCAAACAGAAGGTAACAGTCTTACGAATGTAATTCCTTAGGAAGACTTGTACAACTT
AGACCCCAACAGGAAGAGTCTAAAAATCCAGTTTGCAACCACTTCTGACCTACAAAAA
AGTCATTAGCTTTAGAACTGTACAAAACGACCTAAGCCAAACACAGCAGCAAATAAAGG
CCCCACTGGTGTCTATTACAGGCCACTTTGGTAGTTGTGTATCTGCTCATGTATGTGATT
GATGAGTGGCGTCTTTCCTGCCTCTGATGATGGACTCAATAAACAGCACTGGACAAGGCT
AGGGCTTGGTGACTCTCTGGAAATCAGGAAAACTGTTCCAAGATGTGTGTTAGAGAAG
AGACTGTAAAACAAAAAGTTCTGTTCTGCCTCAGATGACGCCTATCCAGAAATAGAAA
GGAACATTGAGAGCAAATCAAACCTCTATCCAGACAAGACAAAATAAAACTCACCATCT
TGCGACTTAACCTTCTGGGTGTTCTGGATTCTCTGAATTTGCCCTGCAGACTTTGCTAA
AGGGGGTGTGTTGGGCACTTAGATTTCTGGATGCAGATTTGTTTGTGTATGAAACAAATT
ATTGGATGGCTTCTTCCCTCAGAGCTCCAGCGACTGTACCCCAATGGGGTCCCCTTAA
CATGAAGAGCTAGCCCCTAGCATGACACTTGGCCTACTTTTGGTATTTAATAAACGTCTT
ATTGGAAGTGACAGAAACCTTGGGAGAAAGCAACCGCATACCAAGGATAATTATAAGAAG
ATTCCATATATCTTCCCTGCATCTTGTCACTGTGTACCATTCAAAGTGTGTTATAAACTC
CCAGCTGCGCTCAGACGTGTGCACCCCGGGTGGCACCACCATCTATGGACTCCACGCCCT
TTACCGAAAAAGTCCAGGATACAAGTAACACAGGTTTAGGAGAAGACATTATACATCAGT
GAAAGCCCATAATGTATTTAGAAACAGGAATCCTCAGAGCAATTCTCTGTATTCTCATAT
TGGTCTGTTGGCTATTAGTATTCCAGTGCGAATTGCCAATTCAGTTGGAAGAAACATAG
CAGATGGGATCCTGGATGTCATTCTCCTTGTCTTTGTGCTCTCTTCTATTCTCCTGACA

CAACAAAGGAGCGTCACTTGGATTTTTGTTTTCATCCATGAATGTAGCTGCTTCTGTGTA
GAGAGAATTTTGAGCTCTAGCCATCTCTCGGTCACTGGCAATAAAAGAACTCCTGAATTA
AGCTTCGTATTTTTCTTGGTTTCACTCAGCTACATGTGACCTCCAGCTTGGTGAGGTT
TTCTGAACAGTTGCCTTCAGAAGTGTGAGCTGCTCAATAAAACCAGTGACTTTACTC
ACATGTGTGCATGTGTGTTGGGGATGGAATAATTCTGTTTCAGACATGAAGCTGCAGGGTT
GGAATAGGTGGAAGAGAAGGCGGAAGATGATTTATCCGGATACAATCAAAGAACCATTT
ATGGAACATACATGTGGGATGAAGAAGGCTTGGAAACCCATTGGAAATGCCATCCAGTTG
TGTACCATGAGGTTCTCAATGCCATGGAGTGCAAATGCTCCCCAGGAAGTGCAGCAAGT
CATGGCAGCAGTGTCTGCTGCACACTGTGTCTTACTGTAAATCTCCTGGTTTATAAT
CAGGGAGAAATTGTACATTACAGGAATGCAGATGTGATTCTATGGATGAGGGTAACCTA
TCTAAACAAATAATACCCCCGTCGGAATGGTAACCGAGCCAGCAGCTGAAGTCTCTTTTT
CTGTGATATGAAGTGATGTAATTGAACTTGCCATGTCTAAAATTAATTTTCATATTTTT
GGGAGAAACAGCAGTGAAGTGTGGCAAGTGTGGCTACTGGGTCATTTGTTTTAAATGA
ATAGTGCAGAGCCTCGTATGTTTGTGAGTTCATGCCGAGATGAAATAAATCACGCAGAAA
CAGCCTCACTGCGGCTTATACAGTACCCTAACCTGCTACTAATCACAGAGAAAAATGTGA
TTCCAGCCGGCTAGCCTGCGCTTCTGGTTCTGGGAGGGGGAGGTAATAAAATGGTTTCGAT
CTGAGCAAAGGAGTGACCACAGAAGTGCATGGCAAAGCAGAAAGGTGTGACGTCTTGGAG
TCAGGAAACATCCAAGAAAAATGTCCTTAAAGCAATTGAGCAGGCTGATCTACTGCAGGA
GATGGTGGCTGTTGTGGTGGAGTTGATGGAGGTGATAGAGGTGGTTGTGCTGGTGGTTGT
ATAATGCAACAATAAAGCATCTTCAGCCAAACATCTAGTCTTCCATAGACCATGCATTGC
CTGGGTCTTTCTCAGCAGAAGTTGTTTCCAGGTGTGCTCAAGTGCCTTCTCTAGCAGAG
TACCTGTCCGTCAGTGTGTGGATGTATGTTTACAGTTCTACATAAATGGGATCATTTTAT
AGAGCTGAAAACACCAAGTGCCTATTTGAGGGTGTCTGTCTGGAGACTTAGAGTTTGTCA
CACAGGAAAACCTAGTGGTGGGATTTCAATTTCCATTCTACCAAATGAATTTAGTTGATTA
CGTGGAGCAGACGCTGCTGGGGCCCCTCCAGCAGGAGCGGTCCTTTCCATTACCTGAA
TTCATAAGCAAAAAGTACCTCTTAAAGTGCATTTGCAGACGTTTCACTCCTTTTCC
TGGAGCAGACTCTAGGATCTGCAGTTACTGTATGATGAGCCCTTCTGAGTATTTGCTTG
CTTTGAGGTAACACACACACACACACACAAGGATTTTAGATTTGAAAATGATGT
CCACTTTTCAATGGGATTTTCATCTGTTAGTTACTGTGAGTCTTATTTTCCCATGTGG
GAGGGGAAACCTTTTTCAATCAACATTGTAGGGGGCAAGCTTTGGTGCGCCCCCTGCTGA
TCATGGCAGGCTTTGGCCAGTGAACAAATCCTACTCTGAAGCTAGACATGTGCTTTGAAA
AGCACCTCATCTTCTCCAGCACCAGTTGAAAAACCATATTTTCTATCTGCATGCGTTTG
TTCCTTCACTTCAATCTGTGACATAGCATTAGGCATTTAGTATACCTTATTTGTGAAACC
AAGAAGACGCGCATCATCCCTCGCCATCTGCAACTAGCCGTGAGGAATGACGAAGAGCTC
TATGATGTTTTCTTTTCGAAAGGTGAGCGCTTTCGCGCAGTGTGACCCTCATCTATCACC
AGAACCATAAGGTCCGCCAGAACTGAAGGCCAAGGAGTGGGACGAGTTCTGGCTAAGG
CTTAAAGACTCAGAAAGACTTGGACCAAGGAGTGGGGATACAGTGAGAATTACCACTGT
AATGTTCAAATGAGAAGACAATAACTGACAAGTCTGTGATTTTTGGGTTAGATGAGACC
CGTTGAATTGATGATGCAGTTTTCATATATCGAGATGTTTCGCTCGTGCAGTACTGTTGGT
GTTAGCATTTCTCCTGAAGTGTCTGTTGGCAATAAAATGCACTTTGACTGTTTGTGT
ACTTTGACAGAAATTGTCCGTATCCTTAGGCAGTTATGTAGGCCACGGTACATCTCCAA
GTTGATGTTCTTCACTCCTGCTCCAGATAACTTTGACCAGGAGCCTATACTGGACTCTTT
AAATTCTGATCATGTAGGACATTCTTCTTTGCCCTGGGCCTGGGAAAATGCAGCATGTTT
TTGAAGGAGATAGCAGGGGTTGGGTATTGAAGAGTAGTTCAAGTCACTTCTCTGAGTCTC

AAGTGTGGCAGGCTTAACATGTCCAGGTTCTCCCAATAACATTGTCCAGGTTGGTTTTA
GCACTTTTCATTACTTTCTGCTTGACCGGAAGTTGAGGCTTAGCTATGTTTCCATCTTCA
CAATCAGCCATCTACATCAGCTCGTGCCCGTCTTATTGATCCTGGCTTTGGAATATATAA
TGTGTTTGAGCTTCTCAGAGTGGAATGACTCCTTTTCCTTCTGGCCCTCGGGGGCCTCT
AGTTGTTGATACCACTTAAAATAGAAACCATCTCCCATGAAGACCTTCAAAGACAACCTG
ACAAAGGGCATCATTCTAAAATATATACAGAACCATAAAAGCCCCAAATAGCCAAAGCAA
GAAAAGGAGTTGACTTTTGCTGATGGAGCCTCTCTGAAGGGCAAATTCAAAGTACAGCTG
TCTGTCTGTAGCCTAGCGCGTTGCGTTTAAGGGTATATCTGAACTTATTTTGTTAAAAAA
TTTTTATTGTTATTAACCTGATGGGACTTTTTGTGTTTTTATATTGACTCTGCGGCGCGG
CAGCAGATCCAGGATGCCAGAAACCATGTGAGCCAAGCCATTTACCTGCTTACCAGCCGG
ACCTAACACAGAGGGTAATGGTAGTGCTGTATCCATTCATTCACCCAATAAATATTTGCT
AAGACTTTGTACACACTGTCACCAGGGTATTTGCATCCAAGGGAGCTGGAATTGAGTAC
AGAACCTGGCCAAAAGGAAGACCTCAGAAGCGTAACATTGACTCACGTTATGATGGCAT
TGATGTGTTTTTAAGAAAGCTGAATGCACAAGAGGATCTGTGACACTGACATGGCTGTGG
GGAATCTTAGGTGTTTATTGCTCCAAGCCATGTGCAGAATAAAAAGAAAACAAAAACAA
CTGAAACGGCAAGTCAGTGTATCGATTTCTAGTGCTGTGAAGTCAGCCCCTGAAGAAAAT
GAAAAGCTGAACAAAATGAGTGAAAACCTATACCGTCATTCTCATCGGAACTGAGGTCCA
CAGTGTGTCTCTGATGTCGGCTACGACAGATTTGTTCTGTATAAGGAGGGAGAGCGTGAC
GGTTTTCAAGAAAGTTTAGGTGAGGGGATAAGAGCAGCTGCATTTTCAAATTCAGTGAAG
GACTAAGGAAAGGAGAAAATGGAAGAAGAACCCCTCCTGCTTAGATGCAGTCATTTTTT
AGGTCCCTACACTTGGCCTGTTTTTCCAACCTATTTAATAGACATTAAGCTAAACACAC
CCTCCTCCAAGGGAAAAGTGTTTTTGTATATAATGTATTTTTTCACTTTTGGAGGATTCT
CTCTCTGGATTACCTTGAAGTTACTCCCCTTCCCTCAATAATAATGGCATTATGAAAAAA
TGTGTTCTTCACTCCCGCTTTGCCAGCTGATTTTTAAATAAAGCTAGCACTTTAAGCATC
TACCCTGGAGAAACACATGAAAAAATGGCACAGTGATCGAGTGTTGAATAATGATATAAA
GTTAACATAGGCTTATACAAATTTAACTTTTAAAGAATTCTTTTTACATCTATCCCAGAG
GTGCATTTCTTTACTTGCAAGGGGACAGAGTGTGGGCTTAGGTTTGGGACTAGAGGGGGC
GGATCCTTTATGGAGGAGAAGTCAAGAAATGCAAAACAATCTAAATCAGGAAATTAGCAA
TATTGACTGGTTTGATGGTAAAGAATTCTCCGGAAATCCTATCAAGGTCTCATTTGCTAC
GACTGCAAGTCACTCTCTCTTTTCTTTTGTGGGGAATAACAAGTATAATTACAATTC
GTATAATTGGCTTGATTTTTCTTTTTCGTTTTTATAGGACTGGGTAACAGGATCATGCAGGA
CCGCAGTCACTTTCTTTGTAACAACCTCCGTTGCTGCCATCGTAAACTGACACAGTGTTT
ATTGGTGGCATTTTTATCGTGCTCATCTGTGGCCTCATCATTGCTGTCTTCGTGGCGGTC
GTACAGAGGATTTTTCACTATGTGCCTAGCTTGGTGTCCATTCAGCTAAAATTGAAAAAA
TTGGGCCTAGCTGTTTACATGATAGTATGGAGATGCTTAGGTTAGAGGACAAGGAAATAA
TCATGAAACAGTTGTGGTCTTTTGAGTTGATCTTGGCAGAGTAAAGGGACGTGTCCTGGA
TGCCGGATATGAGAGAGAGAGAGATTTGACTGGGCTAAGAAAGAAATGAACACGATTT
GTGAAGCAAGGCTTTGAGCCTCCCTCCTTTGTGGGCTGGTTCCTTGGCTGGGATGATGAT
ATACCTGGCTTAGGAGGGACTGTCGAAATGAATTTATCCAGGCCCTCATTTTGCAGAGAA
GTTGTACTAGACTTTGTTTCAAGGCTGTTTCTCATCTCAGTATTGCCCTTCCCTTCACTTTT
GGCGGATTATGCAGAAGTCAAGTTCCAATGAGGGTCTCTTAGGCTTTAGGACTGGGACTT
AGGGAGTGGTGAAGGCAGAATTTACAGATCTCAATGGCGGGAACACCTTCATGGCCCCTT
CCAGGCCCAAAGTCTTGGGCCTTCATTAATTCTGTCAATAAAATGTTTCAAGGAAAAAA
TGCCTCCACAGAATCTATTTCTGATGAATATGAAAGGAAGATTGTTCTTCATGTTGGT

ATGGCTGCAATCTCAGTGCCTGAGGGAAGATGCCTAGTAGAGGAAAGCTTAATACTCTTT
TTGTCAGAAAGCTGGTTTTGAGACTGCAGCTTGGACTAAATTCAGTCATCTGGCTGTCTG
ATGAAGGACCCCTCTTTTTGTGGAGAGCTTTCTTTTGCCTAATAAATTCTGCCCTCCTC
GCCAGCCTCATTGTACTTCAGTTTGAATTCTCTATTAATAAATCTAAGCATCTTTTC
GGAGAGTGATGATTCTGTGAATATTGCTGAGAATTCAAATAAAAAGAGGACTGAGAAGCTG
ACAAAGGGCTGTCGGATGCACTGATCTGCACAGATGACTTCATTGCCAAAGTTGTTCAA
TATGATGACAACCTCGGTAATGCTGCATACTCCCGAGTGC GCGGTGGGGAAGCCAACCTTG
AATTGTTGGAGGATGTCAAGCAGTGCCCCAAAAGCTGTCAAGGCCGTCTAGACCAGCG
ATCCGGGACATGATCCGCAGGGCCCAGAGTTACCGAGTCTCACTACTTTTCTCCAGAC
TAGCCAAACATGATCTAGTTACCCTCTTTATTCTAATTGTTCCCTCAAATCTTATATGGG
CTAGAACGTTTTGGTACTGGAATTACAATTATTATCCTCCTGTAGAGGTAAGTTTAGAAA
GAGGTAGCTTCATTTTTCTAGTGTTGAGTAAAATGTGTGTGTGTGTGTGCTTTAGTTTAA
TGAAAATGCTCAGAATTCACACCGTGAATCCACGTTTACAACCCTTACAGGTGGGCCTT
CTTCTGCTTCTGCCCTCGAAGCCTTCAAGGAACCAAGAAATAGAAAGAAACAGGAAA
CGATGTGGTGGTCCAGCCTTACAATTCCTCCTCACACTCAAGAGGCTGACGCAGAATGC
CTATAGCGAAAACCACTGAATTATATGCTTATGATAAATTGGGTTACCATAATCTGGAGG
ATGCTTCAACAGCAGGACTGAGATGGGGACATTTACAATAAACAGAAATGTATGGGCTCG
CTTGGGTCATTGACCTCTCAGGGCCTGGCAGGCCAGTGTCTGGGTTTTTCTTGTGGTGTA
CTTACCTTCTATAAAAATGAGGATTACTGTTGGTGAGGGAATAAGGAATGTAAGTAAAGG
ACTTGTCAAGGTCACCGTAGGAGTTCAGACTTTCTTTCATAAGTGTGCATTATTTTACAT
TCTCCACGAGTTTTGAGCAGCCTCGGTTTTCCACCACCTCCAAATCATGGAAGACACAG
CCTGGTAACTTTATCTGCTTTCCTATACTGGGTATTTTGAATAAACAGAATCATACTGT
CTTCAGAGTGATCTCACATTGTGCCCGTTCGGAGTAAACACAGAATGCTATCGAATCTAT
ATATTTGGGACCACAGTATGTGCGAGGCATTAATACTGAAAAAGTGCTCAACCTCCCC
GAATCGCTCCAGAGGGCAAACCGTCCAACCTAACGTTAAGGAAAACACAATCAAATTTGA
TCCCAGTCCCAGTAACAAACAGGTCATTATAAGAGAAGAGGCAGAAGTATCTCCACAAAA
AGGAAGAGAACACAAGGAATGATTCAAGATCCACCTTGAGAGGAATGAACTTTGTGTTG
GCTCATTGTGAACGGATTTTTTAATCCAGAAATAGAAGAAGTTCAAGCTTTGGATGACA
TCAATGAGCTCATGGCAGAGCTCTACTCCAGAAGCAGAAGGTGTGGGACAAGGAGGAGG
CTCACCTCATCCATGAAGCTGGTATGTACGATTTTTCTTTCTTTCTCAATCCTTTAAAA
CAGATGCATCAGTTCCTTAATATACACGTGAAATTTGAAAAGTGTACATTCCGGTGAGATT
GAATCACTGTAACTGTTGGGAGTATACTGAACTCTTAGTTAGGTTGCAGAGAAGTTGA
TAAATGTTACTAAGCAAGAGACTATTCTCACTTTTTGCCACCCTGAGCAGGGCAGGGAAAG
CCTGAGGGGGCTCTACCAGGGTTTCAACGTCTCTGTCCAAGGCATCATTATCTATAGAGC
GCCTTGAGCTTCTAAATCTCTGTATCCGTGAGATCTCTGTGGTTACAAGAAACAGCCACT
CCTGCCCCCTCAGTCTTCCACTTTTTGGGGTTTTTATTGTGATTAACTGATGGGACTTT
ATGACGAAAAGAGAACTGTCTACAAAAGCATCTATGGTTCTGGTTTTACTCAACTGTGT
CATTGTGGGTTCTGAGAGTAGGACACATTGCCATGGTTTTGTGGGAATCACGCGCCCT
GTTCAAGGTCTGTAATTGTATTTCAAAAACGATGTCGTATTCAAGTTGTGAAGGGATTTG
GTAAAGACTTGGTTATGTTTATCTAATGTTGGGTCCAAGAAGGAATTTCTTTCCATCCCT
TGAATGGGAAAGCCGATTGCGGAGGTGGATGCCAGTGTGGTACGTGAGATCTGCTCCAA
AATGTGGCTTCTGTTCAATTCGTTAATTAAGCTACCTCCTAACTATAGTGGCTGCCA
GGCCGTGCTGCTGCCTAAGAAGACTGAGAGCCACCATAAGGCCAAATAAGGAGCGAGGTT
GCCCATATCCTGTGTAAAAGAAGAAATACAAGAGACTCAAACACCTACACATTACAGAA

AGTGACCTCGACGTTGCCTTTAGACTACAGTTGTGTTAGCCTCTTGCGTATTGGCTTTTT
GAGTTTCTAAAACAGACAATAATTTAAACAAGCTCAGCTCTGCTTTATCTGAGTTTAGTGG
TAGGGCAAATCATGTTTCTGTGTACCTAGCAATGTGTTCCATTTTATTAAGAAAAGCT
TGTATGGAAGACCTTTGAGACTGAGTAGATGAATTATTGAATGTGAGATAATCCGTTCTA
ACACTGGCCCCTATGCAGAAGGGCAGACAGTTCTTCTGGGGTTGGCAGCTGCTCATT
CTGATCAAGGTCATAGAAAAGTAAAGATTATGGCCAACAGTTAGAAATCGTAAGAGTCAA
AGATTGAGGTTAACTTAGAGTTGGGAGTTGATTTATTAAGTACAGTATACCTCTCAACAG
GGGTTTTTAGTCTTTCTTCTCAGCTGTATGTTAAGTTGGTTGACAAATGCAAATAAACG
ACTTGTCTATGATTTACAAAAGTAAAGCTCACTGCCCCACCAAAGATGAAGTGGCCC
CCAGATGCTTTTGAACGTGAAAGGAGAAAGAAGCTGTGAGAGATCAGGTTGAATGTGGTG
AAGAATTCCTCATGCCTTAACCATCACACTCAAATTCACACTGATGAGAAACCTTTCTAA
TTGGTGTCCAGTTTGTGGCACTGTTCCAAGAGGCCTTACACACACACACAAATATACAA
CTCCTCTGGGCAGCTGTATAGGATCATCATGTGGTTACAAAAATACTTCCCTCAAAAA
GGGCCTGGGAAATGTCTGTACTTTGGGAAGTCACAGAAATACATTTTTGTGCAAATGG
GCCCCAGTGACCCGAAGAAGAAGACTACCAAGGTGGCCAAGAAGGGAAAAGCAGTTCGTA
ATGACCTCTAGCAAACCATGATGTTAAGGGAAAGAAGCCAGAAACAAATATATAGAG
ACTTCGTGAAGCTGCGCAACATGCTCATCCGCACGCATATGCACGACCTCAAGGACGTGA
CAAATGTGGCAGTGCAGACATTTAGCATATCAAGAGCACTTCCAAATTACAGGAAAA
ACAAGTCAACAGTCTAGCAGATCAGCCAGTCTTTTCATCATCAAGCAGACATACTCAAG
AGAAACTCTACCAGGTGAAGGGGAAGAAGAACATCCGTGCCACCGAGCGGGCACTGAACT
TTCTCAGAACTCAGATGTGGCTAGACCAACCAGTGGGAAACTGCCCCAGCTTCTCCCACC
CTTTGGCTTAATGAGACTGGGACCATTGGTGATGAGAAGGCAAACATGTTTCAAGTCAA
TTCAAGGCAGGAAAAAAGGGTATTTAATGCTCTGTCAAGCACATCAGCAATCATAGATTA
CCCCTGTGGCCTGCATAGAGCGGCGCTGCCTGCGGAGGCGATGGGGGAGAAGAAGGATGG
GGAAACAGGAAGGATAGATTTGGGGCCAATTATATTACTGTTTGGTTTTTTGTTACTATA
ATGAAGGAGTCCCTGCTGCTGTCAGAACAGAAGACCTCGCTGCCCTGAGGACAAGCACTT
CTGTGATATGGAACCAGAAGGCTGTTTGAACTTTTGAAACCTTGTGTGGGATTGCTGGTG
ATTTGGGAAACGTTTTGGGAAAGGGATATTTGAGAGCTTCTTTTTCTTTTTGTGGTTTAG
CCTCCAGCACATCGTGACGCTACTGAAGACCAGGCCTGAGGACTATAGACAGGTCAGCAA
GTCAGAGCTCAAACCTTAGTCAACACCAGAGAATTCACATGAGGGAAAACCTATTAATGT
TCAGCAACTGCAACTTAAACGCGCCCTCAGGAAGCCCTGGAATCTCGCTCAGAATTTTTT
GTTCAAGTGTCTGGGTTTTTAACTTTCTATAACCATTCTCCCTCCTCAATAGCACTCCC
AATGCCCTTTATCCATCTGCCTCAGACAGTGTACAAGAATCCCCACTTTTCTTCTGTTT
TTGGGAATAGGGAAACATTCTTGGAAACAATTTGAGAAATACTTAGCGGTTCTACTTATG
TGCAAACGTGAATATTCTGATGATGCCAGTACAGTTTGATTTATTAATGTAGGTCCTC
ATCTTTTCTGGAACGAACATCCATCCTTAAGGCCAGATTTCTCCCATCACCACCTTAA
TGTAACCATGGAGTCTTCTGTTTCTGGGGAAAGGGGCATTATGACCTGAACTTTTTA
GTTTCGTTCCCTTTAAATGAATCAACACTGCCACCTTCTGTACGAGTTTGTTTGTTTTTT
AGAGGGGGGTGGGTTTCTAACTGCATGAATTAATCCACAAAGCAGTTTTCTTTGGGAAG
TGCCTGTATAAGGACCACAGCATCTACATCTGGGATGTCAAGGACATCAATAGAGTGGGC
ATGCTGAGTGA AAAAGAGTAGAAATGGGAAGACTTGGTTGTGCAGAACTGAGTTCTTAA
GCCTGATGGAGTCTCATGGCACAAGAAGATTA AACAGTGTCTCCAATTTAATAAATTT
TTATAACCTTCATTTGACACCTCTTCCCATCATTTAAAATAAATCTGGTGCTTCCCTGAA
GGGGTGGTGGTTGCCCTACCTGTTTTTGCCAAAAATAAATTGTTTAAACTTTTCTTATT

ATTAGCCAGGCCACCAACACAGCCACCACGTTCTGCATCTTCTATAGCATGGTGGCCACA
GGAGGCAGGGGTTTCGAGGGTACGAGTTCAAGGCCAACCTGGTCCACATGGGTTGAAAAAA
TTCTAGCATTGTTAGGGAGATTAATGTGATCATGCATTCAAGGGCTTAGCACGGGGCCA
AGATATTTTCCGACGAGCATTGCTTCCCGAGTATTTCTCCAGAGATTGTGGAGCAGAT
ATAAACTACTAGATGGCGACTTAACAAGTGATCCTTCTTACTTCCAGAATGTTACAGGAT
ATATTTATATGCTCTCTGTCCGATCTGTGCATGTTATTTTTCTTTTTCCGTGAGTCAAAG
CTCATGGACAAATAAGCAGCAGTTTGAAGCAACACCCTAGATGGATGTACAGCCATCAAG
CACAGTGTCTGTTCTTGGGGAGCTTGCAGCAGAAATGAATGGGGTTTTTGGACTACATT
TCTCTGTTGCACAGCTGACTTGTGCCATTCTGCTGTTGCTGTATAGAGTTAAGGAACATG
TGTTTGTACTGATACTAGACCATTTAGAGCCCAATTTGTGGTCTACCTTCCAGCAAGTGTT
ATGAATTGGATGGGAAAAGGAGAAAAGAGGGGTGGAACCTGGTGTATCCCATTTGTTCCCT
GCTCACCTTGGGGAAGGAAACCTCATGCCTCAGAGTAATTTCTTGTGAATGCAAAGCCTG
CACCTCAGATCATTGTTAGTCTTACTTAGCAGAAAATGTATAAACACTTACCAGGTAGTA
GGGGATTAGAAGTGCCAGGTAAGTGTGTGCAGAAATTTTGGCCATATGACAATTTAAATA
TAATGACAAATCGAAAAAGATCAGCCGGAACCCCTGGCAGCCAAGAACAGATAAGGAAG
GTTTTGCAGAGACAAAATCCATGAGTGAATAGCTATCCTAAGTCCATATTTTGATGCAT
GGAGTCTAGTTGCCTTGTCTCTCCTATTTTTAAATAAGTGAAATTTGGGAGATTGAAA
AAGGCCTCCCACCAACAGCCAGCAAAGAACTGAGACCTTCTGCCTACAGTCATGAGTCCT
TATGTAGACTGTGACACTGTATATGTGTGACTCGTACAACCTTTGACGTGTTTCTGAAGTG
CCTGATGTGTTAACAAATAGGTGAAGAAAGTCTTGTGCTGTATTCCTAATCAAAGACTT
AGGAAAGATCTGTGAAATGCTCTTCTGTCTGAAGCAATACTGTTGACCAGAAAGGACAC
TTTGTGATGTCACTTGACCCATTTATGTGTAGGAGCACTACACCATTGGTTTCCAATAC
CTAGTTAATCCTGTTGTTTGTCTGCCATTGGCATGAAATGGCCAACCTGTGGCTGTTACAGT
GACAGTTTAGCGTCGGTAGCCGCGAGAAATATATAAAGAACACGAGTCAAATGACATTAA
GCCCTCAATTTTCCCCTTTCATTTGAAGGACCAGTTTTTTCATGGTACTTGTCTTGATCT
TATAAACAGTTTGTAGGCTCTCTGGGTTAGGGACTCTGCATTTTCTTCCCTCTCCTACC
TTTGTACATTTTTACAGGGGTGCCCTCCCAACAGTTCCCTTCCCTGGTTAATTAACCCT
TGGCCCGCAGCCTCCCTGCCAGCACGCCTGGCTTCCCGCCTCGGAACTTGATCTGCTCC
TTGGCATGTTTTGACTGGCAGGGCCTTACCAACACCTATCTCTTCTACGGTGCGTACCG
AGACGCATCGAATCACATGGGACAGATGTAAAAGGGTCCAAGTTGCCACATTGCTTCATT
AGGAGACTCGCGGGGTGCTGAAGGTGTTCTGGAGAACGTGATCCGGGACGCCGTGACCT
TGTCTTTCTTCTTAGTATTTGCTGCATAATTGAGAGCAGTTCACATCGATTTCTGGTA
TCTCTGCAGCTTAAACTCGGTGGTACATAAAGAAGATGATGAACCCAAAATGATGGACAC
AACTGATACAAATGAATGAGGTGCATTGTGGCCAAAATCCAGCAGACAGAGCGAGAGTGT
ATTTGCCTGATCCATCATCTCCTCTGTTATCTCTGCATTTTTCATCTGCCATTTCTTGAGG
CTCTGAAAACCAAGTGTGAGAGCCCCTTCCCCTGTTTTTATTTTACTGTTATAATAATT
TCTGCTTGAGGACCAGAGGAAAATGGTTGTTGGACCTGACTTGTTAATGGCTACTGCTTT
AATTTTCTTCAAGTGTTCAGGCAATTAATATTTAGAAAGCTCTTGTGCATGAGATGGCTCTG
TGAAACTGGAACACAGACTCCTCCAGCAGCTCCACAGGTCCCTTGTCTCAATGAGCAG
AGCACATGAGATAGACAAATCAGAGGGAGGCAAGCACAAAGCTGATTCTGATTCTGAAGA
CTGGTGACATGCAGTTTACCTATATAACAAAACCTGCACATGGACTCTTAAACCTAAATAA
CAAACCTGGAATAACAGACATCAAACCTGGAGACAGCAAGAGCTAAGAGTGAGCTAGAAAG
GTGGGTTCCCTATGATACTTATTATAGAACACAGTGGATCCTTTTTGAATGTTTCGTGGAAG
AGTGCATCATTTTACTACATGATCTTCCAATTAGATAGCTTGAATCTGTTCCCTTACAGC

CAGTATGTTTTAGATGGCAGTGGCCACATACTTTCTCAGAAACCTTCACATCTTGGTCAA
GCTGCTAACCTTGAAATTATCAGACACTTAGGAGTTATTAGTGCTAAAAAGGGGACCGTG
AGTCACAGTTACCGCGTGTACTACAATGCCGGCCCAAGGATGAGGACCAGGACTACATC
AAGCAGAACGGTGAAAGTGGGAGATACATTGGATCTTCTCATTGGAGAGGATAAAGAAGC
TCTCGCATTCTGATTGATCATGTGAAGGAATCATTTATGGGCCCCGTCCCTAAGAGAAAC
GGCCACTGTTGACTGCTGAGCAGAACCACCTCCTTCACCTCGTTCTGCAAGAAACCATCT
GCAGTCTTCCCTTTAGAATGACTGATGGTATGCTAAGGTTTTTCATAGCATATCATTATT
TGAAACATCTAGTCTTTCTAGGTGTTTAAAAGTGTACAACGGCCTGTGCGAGTGGCGCAT
GGGGCTTCACAAGCTTGTAATGTTTTTAAAATCAGAGACTGTTATAAGTTTGCCATT
TCCTGGTGGTATCATAGTGTAATTTTAGTATTTGAAAATCAGTGTGATTCCCTAATGGCC
AATATTTTAGCCCCCTCAGATGTTCTGCAAGTGTGAAATTCATCCTACGGAAGTAACCG
ACCTCCAGATCCACCCTGGAGCCCACAGGTGGATTTACATCTAATATGTTACAATCCTGA
GAGCTGCAACTGCTGTTGTCATTAATACCATTGTGTCTATTTTTTGAGAGAGATAAACTT
AGTTGAGCATCTAGGAAGTATTAAACTGTGAAGCTTTCTCAGTGCATTTGAACCTGGA
GTGACACTCAGTGTCTGAACGACTCCGATGCCAACAGTGACGTGGTGGATATTGAAGGG
GTTTTGATGGCCTTTTAAACAAGACTCCAGTATGTGAAGGTTAATTGCTGTGCTCCACA
ACACTGGGGGCAAGGGTCTTCTTGCATGTGGGGTTTATACCCCTCCCCTGATGAATACA
ACCAACGAGCTCATGCTGTCCATGCTTTTCAATCAGTTCCTGGCTTCAAGGAGGTCCGT
GTCCCAAATGCCGAAGAAATTTCTGAGCCTTTGTACATAGATGAGGCCAAAACCTGCCA
CGGCAGCTCTGAAAGAGTTTGAAGAATTTATTGTTACAGATGGTATTTAAATGGACTTA
GTGTGACCATGCTGGGGGAGGGGGACTCTGCTTGGAAATTAAGGTTGCATTGGGTCCCT
ACCTTTATGCATGACTGCAAAGCCAGCTGGAGCATTTTCTATGGAGCCTCCGTATGTTTT
TGTAAGAAGATGGAATGTCCCTTCTATCATCCAAAACATTGTAGGTTAACACTCAATGT
AGAGGGTTCCTGTAGACCTAGGGAGGACCTTATCTGTGCGTGAAACACACCAGGCTGTGG
GGATCTACTGTACATTTAGAATAGTGTCTGAAAACGGCATCATGGAGCTATTATTGTTAT
TATTGGAGGTGTTAAATCTACAAGCAAGACATATGTTATAAGTCGAACTGAACCAGCGAT
CACTTAAAGCTTTCAGAATATGTCAGTGTGATGTAGCATGCTTGTGCAATTGCCTTTT
CAGCAGAAAGCAGCTCAGAAGTATTGTTGCTCATGGTGTGGCAATGGACTGAACTGTAAT
ACAGCCAGAAACAAATATACATTTGTTTCATTTCTGACTTTCCCTAAGCAGATAAGCAG
CTGGAACAAAACCTTTTGGTTGTGGAAAGTAAGTGGGATACTTGGAAATCAAGGCATCTCTG
CATGTGTGTGCATGTGAGAGAGAGAGAGAAATAGGTTTTAATCCTTTGTTCTTTTCTTAT
GGTATGGCTTTAGCAATTGAGAGAGTTCAAAATGCAGATCTTGCCACATTAGAAAGCATT
TGTTACAGACCTGGTCTAATTGGTTTGAATAAATAAAGAACCGGAATCTTTCTCATCCAAA
AGCTCCGCGTGAGAAGTACTGGCTACAATTTTTTATCCCATTTGTTGGTGGTGATTCTGTT
ACCTATGTCAGACACTACATGATGACTCAAGGCCAATAATAAAGACATTTCTACCTGCA
TGCTGTGCCATCTCCCTGTGCGCCTGAGCAGATCAATCCACCAGTGCAAAACAGGGCTAA
GATGCTGGGACCAGTAACGTAAAACGGAATACAAAATAAAAAGGCACTAATCTGTTAAG
CCTACCTCTGAAGCCATTTTATGATCTGTCATGTGCCACCTGAGCCTCCAGTAAAAACAA
TGTGAGTTCACTTTTAGTGGTCATTTGTCATTTATAAACAATATGCATTTTGGTTCAC
AAAGATGCTATGTTTGTGTTTTTATCTGATGTTTGGTTGGACCAGGTGGAAGTATTGGAA
GGGGTATTTCTTCTGTACAGACAATTGGCCTGGTTATTGTCTAAAGGTATTTAAAATTA
GTTCTGAAGGTGTTCTGGAGAACGTGATTCGTGACGCTGTCACTTACACAGAGCACGCC
AAGCAGCAACAGTTGAACAACCTGTCTATGTGGTAACAAATCAGGCCAAACCTGGTGAC
AGCTGCTGAAATCCACGCTGAGGTTATCAAGCTCATCTACAAAATAAAGCAAGTCTTC

TATTTCCAATTATGGAGAAAAGCGATTCCCTCCCTGGTCTGGCTATCATGTGTTTTGCAGT
TG TAGTTCTTGCATCCTATACTGGATAAGCCTGTTTTAACCTGCTATGATGGGTGCTTCC
AAACTCCAGTATGTAAGAAGAGGACATGCACAATGGAAGAGGGAAGCCACCATGCAGAAT
CATTGTATCTGTCTTGTGGTGTACATTGGCACCCAATAAATATTTGTTGAGTGAATG
AATAGGTCGTTTCCAAGTCACCCGTTTTGGATGTGCATTTTCATGTGACAATACAGATGAC
AGAAACTGATGGACCAGGCCTCTCGAGCCATGATAGAGAACTTCAATGCCAAATATGTCT
TGTGTTTTCTTAGGAAATAGAATGTTATGCTTTGGGGCTCCTGAAACACCTCGTTTTGAAG
GTCGCTTACTGGAAATTATTGTATTGTCTTTATTTTATTAAAGCAACTATGTTTTAAATG
CACCAGTGTGTTTTGAATCATGGTTTTGTTTTGTTTTGCATGCAAAAACCAGAACATGACT
CATTTCTGGCCTCATCTATGAGGAGACCCGCGGAGTGTGAAGGTGTTCCCTGGAGAACGT
TTTCCAGACCAAGTTGGGATCCAAATGCGAATCTGAGAAAACCTGCTCCCAGGAATCAAA
GATAATCTATGACTTTTGCATGTGCAACCCTCCTTTTTTGCCAATCAATTGGAAGCCAA
ACAGTCCTTTTTACATCCTCTTGAATACAGCTTTTTAGTACAAGGGGTCTTCAAGAAGTT
TTTATAGCTTTCTTAACCTACACATAGTCTATACATAGATGCATATTTTACCCCCAGCTG
GTTATGAGAAAGATGTTGGGAATAAAACCACCATACGCATCATTAAATTCGCAGATTCTGA
TTGAGTTTTCTCACTGATTGGTTTTCTTTCTTTTCTTGGATTAAATGTGAAAGCAAAG
ATAACCTTCATCCCTAGAAATAAACGGTGACTTACCTTAACTACTACAACTGCAACCAA
TGGAGAGACTGATGTGCACAGGATCACAACTTTTACTCTCTTCCACCAGAACTCAAG
GGAGGCCTGTTCAGTGAAGACGGTGCACCCTGGATGACATCCGGAAAATTGAGCGGAAT
GGTCTTCTGCGATCAGTTAACCCATTTTACCTAGGAGGCCAGAGATGTGAGGGCTCCTT
AGGAAGAGACTATGCTGTTCACTCTGATGACCCAGGACCCAGGAGTGTCTCCCTGCGT
GGAAGGACCATAACAATTGAAAGGGGGAAATTATAAGATACAGTAAATTCCTCTTCAAAG
TACCAGATAACTGAGGAGGGGAGAGGTGGGCCGTAACGGGCACGGATCACGATGTAAATT
ATATTCCTCTGTTGATATTGCTGCTTTTGGAAAGTTCCAACAATGACTTTATTTTGCATC
TTCCACAATCATGGGCCGACCCAGCCTGGGCCCTGTGTGCCAGCACTTACTCTTTTGTAA
AGGGGTGGTCCTTTCTACATTCCCATTCACTTAACAGCTCTTTTGGGATTGGGTGTTTCA
AGAGACGCTGTTCCCTCCAGGGAGATAAAAATATAAAATATGAATCTTACCCTTAAGCATA
ATGGGAAAGAGAAATTTGATTAAGACAGGATGCATCATTGAAGGCAAAGTAACTGTGCC
GGTTTCAAGTTAGAGGGTCTCCTGTTATTTTCCATTTAAAAGTATGTCCTCATAAAAC
TTCCAATTCCAAGCTAAGAAGGTATTGGGGCAGAGGCTCCCCAAATTGGGGTGATCCCC
CCATGAAAGCACTACTCAGCAATATAGAGAAATACAAGCCCAACATGATTAAGGTAGCCA
AGAGATATGAGGAAATTGTTAAGGAAGTCAGCACTTACATTAAGAAAATTGGCTACAACC
CAAGTTTGGGTTTTTAAAGACAGCAAGTCTGGTCATTAGTTTAAATGAATGGTTATACT
AGTTTCTGTGGAATTCTGTTTGTAAATCAAATTAGCTGGTCTCTGAATTAAGGGGGAGA
GTGGGGCCAATGAAGCCAATTCTTCTTTGTACATATGCAGTCCTGTAAGAATGCATTCA
ACTCGATTCTTTTTGCTATCAGGGAAGAGACTGGTAGATTGAAGTGGCACAGAATAAATG
TCTGGGATCTTCTGCATCTTTGCTTCTAAAGGGGCACACCTTTTATAGAAGTACGTCCA
ATGTTCTAGATGCACAGATTTGGGGGCTTGATTGACAACCTGACACCTCACTCTAAATCC
AATATCTGGACCTCAATATTGCCAAGAACTGAGGCGGCAATTCTAACTTTTTCTCTTCC
TGTGGCCATGAATCCTGTGGAGCATCCTTTTGGAGGTGGCAACCACCAGCACATCGGCAA
AAACACCAAAAGGATAAGCACAAAGCAGCACAAAAACACAAGGAAAAGGCTGTGGCTGCA
AGCCCAACAACTTACAGATTACTCAAAGACTGTCTGGTTTCGTGTTTACCCCTCGATCA
TTAAAACCTTGAGTGGCTGCTTTTCTGGGTGGAAAAGAGCGGTATCAGACAGGATAAGTGC
CGGGGACTGGCCCTCCCTTGCAGGTCGGTTTTGTTTTGTTGTAATAAAAGTATTTAATTA

CTGTTGATTCTGCTGTCAGTGGCCTTGCTGGCCCTGAGCTCAGCTCAGAACTTAAATGAA
AAGATCTCTTCCCCAAGAAAAAGTGTACAGACAGCTGGCAGTGGAGCCTGCTTTATTTA
GAAGACTGAAGAACATCACCTAAGAGATTATTTTGGAGCAGTGTAGAAAAATTGAAGTG
TTGATCAGATAGACGAGGCCGGGCTTGCCCCGGCCACTGATTATCGAGGCGATTCTGAT
TGACAGCCTGCATCTGCTTGGAGGAGGAGGCAGAGACTCAGAAGAAGAGATGCTGGCCTA
TGTATACCCTGAGGTCACCACCGCTCGATCTAAATGTGCAGTTGTGTCCTTAAATATGCA
CCTATTGAAGACTTGAACACGTTTGTCTTGATAAAAGTTGGATGACGTATGGAAGATTCTG
GTTCCCTAGTGCTGGGCATCCAGTCAGCCCTCAATAAATGCTTATGAATGGATCAACAA
TGTACCAAGTTCAATTCTGCCATTTTGTCCAGGCCACCTTGGTTCTTGTAAATGGTGTGT
TTTTTTGGAATTTGGATCTTTTATCTGAGTTCTTTTTTATGGGCGGGTCTGGGGTCTGAT
CCTTGAAGATTCACCATTGTTTAAATAAAATCAAGCAAATGCTTTTTTACCAAGAGCCCC
AAGCTTCCCTCTTATGTTTAAATTTGGCTAATAGGATTTGTTTTTGTTTTTGTTTTT
CATCCACAAAAGAAGACCAAGCTTTGTCCAAAGAGGAAGAGATGGAGACTGAGTCAGATG
CTTGAAATCCTACCCTCTGTGTAATCAGTATCTGTGAATTTTTCTCTTGTAGTACTG
ACCGCTGTCTCTTGTAGTCAGGGGACCTTGGCCAAGTCTCAATAAATGTTTCTTCTATCT
AAATGACTGTATTTTTAAAGGAATAAATCCCAGTGTGCCTGATTTGACATTCTTGTGAGC
CTGGAGCACTTGGCTCTTATCTACTTTGGAGGCCTGTCTGGCTCCTTTCTCTACACAGGA
ATTTAGTGCTTGGCACCACCAGATGAGAAGTTAAGCAGCCTTTCTGTGGAGAGTGAGAA
GCTGCTGTCTCCAGTGGTCCGAATGTCCATGAAAGCGGTCAATGAGCAGATGCTCAAAGTG
ATGAAAAGCTTTCCTGCTTGGCTCTTATTCTTCCACAAGAGAGGACTTCTCAGGCCCTG
ATGAATGTATCTCCCGATGTCCAGAATACGCCATCTGCAAACTGAACTCGTCCTCTTT
ATTGAGACCCGGTGTGGAGGGACTTGGCTCCTGGTGAGTGAGTGAATTGAGATGAGGTAT
AGGGCCGCACCCTGTATGGCTTTGGCGGCTGAGTGTTTTACTTACTTACACGGTTCCTCA
ATTTCTCCACGAATGAATCAGATGTCATCCGGAGGCGCACAGCTCATGCTTTTAAAT
TATTGGAAAAGCGTCTGTGAGCCCCGTGCTGTATTTTGTAAATAAAGTCTTTTGCAGATTG
CCGGCGTGGCCGAACGGCAGCACAGGCTCCCAGCCCCGCGCTGCTCTCGGACTACCGAG
CTTGAATCAGATGGAAGCTACCAAAAAGCCTTCTTACATCCTTTAAGTTCAAAGAATCAG
ATTGCACACGGTTTCTTACAGCTCTATGGCATGTGTGTGGACACGCTGTTCTCTGCTTC
CAGGATTCAGGGTTTGCAGAAATTCTCAGGACCTCAGACCTCTGTCCTATGACTAATGTT
GACAGGCAACCAAGACTAAGGGCAAACCTGAAACATAAATGAGTTAAAACCCACAAAAAT
TTGAGGAGGCTGAGTTATTTGAGGGCTGCTGCAAAGTACGCTAGGCTCAAATTCTTTTT
GTTACTCCACAGCTGAGCAGAGCCCCATCCAGGCTGCAGAAAGTAGTCCAGCAAAGAA
CATGACCTGCAGAGCCCCTGTTATAGAACTCATTTTTATATTTTCTTAGTATAACAGTT
ACTGACTGTTGCATTCTCTCTTCTTGCTGATTGTGATGATTTCTGTGCCATAGCCA
GGAGTAGAACTAAATGAGGGGTATGCAAAGGAGTTTTTATGTGTTTTATTTTTACCCTAC
TATGTGGGAGAGTCAGCTATCTTGTCTGGTTTTCTTGGAGACCTCAGATGTGTGTTTACGA
AGTGGATATAAAGTTCTGGGGGAAAGCTAAGTTTGGGGGGATGAGTAACTAAAGTAACG
GCATCCACAAAAGGAAAGGCAAAAACATGCTAACTGACAAGAAAATCATGGGTTTTATA
TCTATTTTTTGTGGTAGTCCGCATACCCATACCTCTGTTTTTGAAGGCAAAGGCCAA
CTGGAATTTGTCAATGGCTGGTACATCCTGCTCGTACCAGCGATGTGCTCACCATCTCG
ATTGAATCTCAGTCCCTGGCCATGTGGTCAAGGTGGCTTTCTGTTAAGCTACCCTAATTT
TGCCCTGGACTGCTCACTCTCTGGTCTCAATTTAAATGATCCATGGCCACAGGGCTCCT
GTTTTATTTCTTATAACTGTACAGGAATCTACAATGATTGTAACAAAAATTTCAATTAAG
TCAGCTCTCTGCACTGCTTGTAGGAAGTATAATGATTTGGCAGATAGGAACAATGAAGAG

TTGGATTAATTTGTGAAAATGTAATTATAAGCTGAGACCGGTGGCTCTCTTCTTAAAAGC
TCTCCTGACTCCCGCATCGTGGCTAGTGCCTCCTTTGACAAGTCCATCAAGCTGTGGGAT
TTTTTTGCCATGTTCTTCTCTATACTTGAGGAACAGCCCATGGACATGCTTCTGGGACT
CAAAGAGGGCCTCCTCCTTTCTCTTTTATAAAAATGTTTTTTGAAGAGTTAGAGTATA
CTGATGGATTTACAACCTGAGTGACAGTAACTTTGTCGACACATCCTGTTGCAGTATCTC
TGGAGGACGCCATGCTGGACACCTACGACCTGGTATATGAGCAGGCGATGAAAGGTACGT
ATCCATCTGCATGAACCCAATAGGGGTAACTGGCCCAATATTTTGAATGAATAAGGAC
GGACCCCCACCTGAAGTAGAACTTAAGAGAGGGGCCAAGTGTAGGATTGGGGACCATGGT
TATTTTGTGCAACACACTAGTTAATTTAACCTGTGACTAGTTATCTCTACCGAAGGTG
AAATTATTATAGGCCAGCTACATCTAGTAGTAGTTTGGGGTACAGATTGGGGGTTGTGC
TTTAGACAACATTTGTAGACACCTCAAATTATATCACTGTTCTCTAGCGCCAATATTCCC
CAGCTTAGCCGATGACCTGCACATCGCTCCACTGTGGTCCAGAAAAGGAGGCCTTTCGAT
GCTACAATGGAAGGAATTGGGGCAATTGGTGGAACTCCTCCTGCATTCAACCGTGCAGCT
ATGTGATTCATTTGGGGATGGAAGGAATCTGTCCCGCATCGGGAATAAAATTTATGATGC
GGCTGATTAACCAAGGCTAGAACCACCTGCCTATATTTTTTGTAAATGATTTCAATCA
ATTCATCACTCTCTGAAGAGTTCATAGACCCCAAATCTCACAATTTGTCCTTCGCTT
TCCTGGAAAGTGAACCTGATGAAAAAGAGAATCTCCTGGAATCTGTTACAGAGACTGAAGG
CTGTGATGCTGCTGGTTTTATCTCTAGTGAAATAAAGTCAAAGTTATTTAATTCCCGTC
CTGGGGCTTCCATCTTAATTTATTCTCAATAATAAAGACTTCATGATGATCTCTGCAGGA
GGTGTCTTATCCACTCAAATCTAGCCACCGAATGCAAGTGATTAGGTATTAAGGCCTAC
TATAACGATCCCAGTTTGGCACAAGCTGTGAGATCACTGGCTTTGGAAAAGAGAATTCT
GAAGCACAGCTCTGAGAAGAGGAGCTCAGACAGCTCAAGCAAGTTGGCCAAAAAGAGAAA
AGTCTACAACTCGATTTTTTAATGTTCAATTAAGTCAAGTACCTGAAATTGGA
CTGGGTAGGCAAAGTCAAGTTTTTGAAGAACCTTTTCTGATTTGAAGTTTTAATTACCT
GACACAAACCCCTTTTAGTACTGTTTTGAGTTTTGTCATTAACAGCCACCTTTGTATT
TGCAAGGCCTTTTTAGGCACTAGAGATATAGCAGTGACCAAACAGACACAAATCCTGCC
ACTGTGTGACGGGCAGCTTCGCGGAGTGCAGTACAGCACCGAGTCGCTCATGGAGGAGAT
TGCTGGGTTCAATTCATTCCATAAGAACTTAATACCAGCAAATGCATTAATCCCT
TCCCAGAAAGTGAAGGAAAAGAGACCTTAGGGATGTTGCTGGTCAAGTCTTGATTTGA
AGAACAGTGGAAATAGGAGGAAACAGTATCATCACGTTAAAAGCCTTGAACAAGTCTAA
GTACCAGTTAAGAAGTGAAGAACTTCTTCACTGACTGAAATTTGCATATCAATCCAAATC
TGGTCTGCCATGAATTCTGCCAGTCTGATGATCCACCCATCATTCTTCAAGAACAGAAAA
TAATGTTTTTCATGTTACTGCCTAGGGCGGTGCTGAGCACACAGCAAGTTTAATAAACTT
CTGACACCAGCATTTTTGGTCTGTGTAGGATCCTCTCCTTTTTGCAAGAATTTTCTCCGG
GACTTGGGTCTTTGGTGCTAGGAGAGGGCCTGTGCTCCACACAGCCGTGGTTTTCTGATT
GGCAGCCAGCGATCATTGATGGGGAGCTCTACAATGAAGTGAAGGTGGAGGAGAGCTCGT
CTGGGCGTGTAGGACGGTGAGAGCACTTCTGTCTTAAAGTTTTTTCTGATTGAAGCTTT
GATCTCTTCTTCCCTCCCAAATCTTCTCCATTTAGCATTTTTCTATGATACAAACTGG
CTCCTGTGGGCAGGGTTCTTAGTGGATGAGTTACTGGGAAGAATCAGAGATAAAAACCAA
CCCTGCAGGGAGACCCTGCCCTCAAAGATGCTGGTGTAGCAGCAGAAAGGAGTACTTTA
GATGGTTGAGGGGAAAATAATGTTCTTTGACTTGCAGATTTTTTGAAGTTTGAGATGT
ATATTAGGAAAAGAAAGCATACTACCCCATCTCAGAGCTGGCCTCTTGAGGTAGCCACA
GAATGTGGTTCTGACAAACCAGCTGGAGAAAAGCATTTCTGAAAAGAAGTGTTTAAGTT
CTACAACTATTATCCTTTTTCTCCGTTACTAAAATGCTATTAAGAGAAAGTAGGGCTGG

CTCCAAATTTTACCCAAGTGACTTCTACACTGTTGAACTCTGCTTACCCATTCATAGGAC
GTAAGCTGTTGTCAATTATCTAAAGCATGTTAGTTTGGTGCTACACAGTGTTGATTTTTG
GAGAAGAAAGAACAACACTCAGATGTGCCCTGGAGACTTTTCCTTTTATTTTTAAACAGTTTTT
ACAGGAGACGTACGATGTTTGTGAACAGCCTCCACCTCTCAATATACTCACTCCTTATAG
TGGCTTCTGGTGTGGCAACTTAATCACAGCCGGGTGCTACATGCTCTTAGGGCCTGTC
GTCACCATTTGGCTTCGGCCTGGAAATAGTGTGATTAGAACACTGATCGTGTGCGAGGCC
AGATTAATGCAGAACAAGGTCGTTAGTCTCATTGTTTATCCAGTTACTAGCTGCATAGAT
CCTGGCCTTGGAGGGACCCTCCAGCCCCAGGAATCTGCTTTGGAGGGAAATGTCTATTTT
TAGGCTTCAGAACTACAGAAAGACATAGAGATGGCAGAACGCAATGAGGATCACCACCT
GTTGGTTGTCCTGTGAAAGCTGTGTCAGAATAAATATTCAACTGCTCTTTGGAGGCATAA
GGTAAAGTGTGAGAGCTTGCCATCCAGCTCACGAAGACAGAGTTATTAACCATTCAAT
AGACATCATATTCCCCTAACATTATGTCTCAGTCTGATCGTCTTTACCAGTATGAAAGTC
GACTTGAGGATTTACACTTAAGGAAGGATGGGGAAAATGTGGGTGAGTGTAAAGGATCAAA
GAGTGTCCGCATAAAGTCGTTTGGAGTTTTAACTTCTAGTCATGGCGAATGATCGCAGGA
TGCAGGAACCTGCCTATATTTTGTGCTGTTCCAGGAATCCTACCCTCCAGCCAGCCACC
CCTTTCAGAAACCCATGTTCAAATAAGAGATAAGATACTGAAACACATAACACCTTCACT
AAATCTTCTCCAGATTTTTCGGAGGCCCCACTGATGCTGTTCTTCTTCTTATTCTATCAA
AAATAGAATTGGTAGTGAGGGTATAAAGTGTAAAGCATCAGTTAACTTCTCCTGTCATTC
TGAAGGGAACCTGGAGAACTCAGCCTTCATCTTCCCCACCCCCATTTGCTGGTTCAGCTA
GGTTTTGCATTTACATTTGTGGACCATGTTACAGTTAAGAAAAATCCTGTTTCAGTCCTT
TCTATAACCTTAGCTAGAGTGTGCGCTTGTGGGTTCTGTTGCTGAGACTTCTGGATGG
TCAACTACTGTTACGACTAGATTATAACAAATACTATAACCAGGCTGGTGGAACTCTGGG
TACCTGTAGTGTATGTTAAGCACCAGGCACAGATTGACCAATATCTGGGACTTGTGAGGA
AGGTTGTTTGGCTTGTAAACAGCATATACCATCTTCTATGCATGGAACTCATTATGA
TGCAAAGTCCCTACTTCTGTGACTTCAGCTCTGTTTTACAATAAAATCTTGAAAATGC
ATGCATGTGTGTGTGTGTGCATGTGTGTGCATGTGTGCCTGGGTGTGTGCACGTGCAT
AGGGCTCCTTCTGTGCGACTGGATCTTGCTAACATTCATGAACAAAAACAAGGTCTACA
GGACAAGGAGCTGGGTTTTGAGCCTGACACCCAAGGCTGAGATGTTTGTGCTCCGTAGCT
GAAGGTCAAAAATCTAGCAAGACAATGGAACAACCTGTGCATTCTTAGATTCTTCTACAAA
TGAGTTTTAGGTGAATTTATGTGGTTCCTGCTTGAAAACCTTCCCCTCTCCAGGTTCCGT
TGTGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGGACTGCGTTCGCGCTTCCCCTG
TCAAGGTTGCCTTGGGAAATACCTGGAAAGAAAACCTAACTGAACTTAGTGGTGGTCAGA
AAACGTTATCAAACCTGAAGCGTGAGGAAGAGACCCTGGACACCATCAAGCAGTACTATGT
CCTTTTGGAGTGTATGAAGCTGGCTGCCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
ATAAGGCAGGGGTCTGCAAGCAAGCAGAGGAGGTGGTGGTCACCCTCAAAGTCCTCATTG
TTCCTAATGAAGAACCAATATGTGTAATAAATATTGCAGAAAACACCCTGTACCTGGAG
AGTGTGGCTGGTGTCCCCTTCCCCTGCTGACCTGGAGGAATGACAATAAATCCCATGAG
CTTAATGCTCTAGGGACCGTAGTGGGAGATTGTTACATTATTCTTTTCTAATCCTATTTG
TATCGTCCATACCATTACTTCTTGTGAACAGTAACATGTCACCTCCTGCGCAGGAAAGT
AATTGGTTGTTTGGAAAATCACATCATGCCTAGAATCTGAAATTGAATTAGCAAGAACCG
CCTGCCTTGGCCAATGCGAGGTCCTTCTTATCCCCACCATGGGGTCCATGGTCTATTTA
CATTGTTGTTAGTTTACCAAATCCATGATGCCACTTACCTGTGTGTTTGGTAACAAAAAA
TGAGTGGAAAGGCTATTCAAATAAAGGACCGGGCAAAGTAGAATTTAATATCTGAAAACC
CACAAGCAGATGACCAAGATATGATAGACTCTGTCTTTTATACAATCATAATTCCTTTGC

GAGTATGTATAATTTGAAGAGATACTTTGTAACATGCTTGGGTGATATTGAGCAGTTCC
CTGAATCTGTCTCCCAAATTGCAATTCCTAAGACCTCAATAAAAACACCTTGTCTTGCTG
CCTGGGCTGTTTCCTTAGTCTTCATTTTATAAAAGTTGTTGCCTTTTTAACGGAGTGTC
TGCTATGATGATTCTGTTTATTGGAAGGTCCTAAGACGAGATAACTTGACAATCAGTTC
CAGTGTCACTCTAATCTAACTTAGTTCTGAATACCATTGCTTTTTTACTGTGTGATCTG
GGGAAGTAGAGCTGAGAATCTCATCTTCATCCAGGTGCATTAAGTCTGGGAGATACTTGT
TGATGTGAGGCTCCAGGGAAGAGGATTAAGTATATCGGAGCTCTTGTTCTTTGTTCA
GGGCGAAAGAGTGAGACTGTCTTAAACAAAACCTTGTATATATTTTTGGTGTACAACATG
CTCTATCCCTAACCCCAAAAATAGGATGTCTTATTATTGAAGATATTTTTAAAGCAA
CTGTTGTTCTTTGAGGGCTTAAGGCCTGATGAACGTAGGCACGTGATGCATAATAGTCTT
GGAAATTGGCGATGTCACCCGTGTACGGTACGCAGCCAGAGCAGACCCTCAATAAACGT
ATGTGTGGATCTGCATGGAGCTCATGGACACATCCTTGGACAAGTTCTACCGGAAGGTGC
AATACAGGAAAAGGCTTCTGACAGCTAAGATCCTGATCAAATTGGAGGAGCCAGTTATTA
TGCTCTGAAAGTTGGAATGAAAGAGACCCTATAAGAGCACTGACATGTTTCAGTGTCTC
GTGCATCTGTATGTGTATGTGTGCATGTGTGTGTGCACTTGTGCTTTTGTGTGTGCATGT
GAGTTGCTTATTTAGTCTCTCTTTGATATATCTGCCTTTTTAGTGCTGACTCTATCATG
CCTCATCTACTAAAGTACAAAGGAATTCTTTGGAAGCAGATTATTCTAGTCTTATGCTAG
TCTGCTATTTACCTTCCGTCTGAGCAGAGCCTGAATTACGTTTTTGGGCAATTTCATG
AGATTTGCACATTAAGAAAGAGAAGCAGGATATGCGTTGGGTAGAGCAGCTGGAGTGGA
CTATCCAAAAGGAAGAAGTGTCTTGAACAAGATGAATGGAAAATTGTGGTTAATTCTGA
CTGGAGAGTCAAAGCCTCTTAACAAGGAATGAACAGGAATAAAGACAGCTGTGAGTGTG
TAACAGACTACTCAGTACCATTCCACCATACGCCAATATCAAGCATGTCATCAGATTTGC
CTGAAGGCATGAGATGCCCTTTGAGTGTACAGCAAATCAATGTTTTCTGCTTGGGGCTC
GGATTCAAGCAGGGTCTTGAAGGCTGTGTTTTAATTAAGAGGTGGAAAAGAAGGGGAAT
GTTGTGTGAAAAGCTGATAAGAAAACCATCCAGAAAAAGCTCTTCGTTTTACAAACATG
GTATTTGGGGACGTTGGATGCATTCATTTCTGTAATAAAGTTTCTTAATCACTCTTCCC
AAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGCAGTGGAAGT
ATGTTACGAGCCTTAAGGACATTGAAGTCGTTAAGGTCCCTGAGAATGGCTATAACAAT
GATCTCATTCTAGGCACCAGCAAGTGTGTTAGCACGAATCAGTACTTCAGTGGAGTGAAA
CTCCTGTTTGGGGATCGTGAATGAGGAGTTGCCATCTATTAATACTTATTTCCACAAAA
ATACCTGGGAGGAAGGCTTTTCTTCACAATTGTATACAGGGGGCACCTGTGGCCAGGCC
TGCACAGGAAACATAGGCTACACGCTGTACTCATCCAAGCCTGTGACCATCACTGTCCAA
CAAATGGTTTGATAGTTGATGATGGCAGCAGGCTGGGTAAGAAGCTGGGTTGTGTACTTT
CAGCTCATGCAGATTTTCAAACACATTAGCCTTGTTATACAAAGTGTTCTTTCATCATT
GAGACCTGAGTCCTCAAGAAAACCTTTTCTGGAAGTATCTGCTCCTTCAGAACATTTTA
GAAAAACAGTGGACCAAGATGAAAAGAAAAGAAGCGGCATCTGCAGGATCTCCAGCT
CTCCTTAGTTTGGGCTCCTTTGTGATAAGGGGTTATTTTATGCTAATTCACAAGTTTTTT
ATTTTTGATTGTGAGCTCACCTATTTGGGTTAAGCATGCCAATTTAAAGAGACCAAGTGT
ATTGACAGCCAGTTTGGAGCACTGTCCCAGCATCTCTAATGGAGCCTGTGCCGGTGTGA
TACACCAAAGTGCTCAACTACGTGGACTGGATCAAGAAAGAGATGGAGGAGGAGGACTGA
TGGTGTGTAGTCCATTCTGTACAGTTTAAAAGTGATTACGATTTGCAGGCTTTTTATCA
TTGATTATAGTTCTGTGGTCTGTTTGTCTTCTAGAGTCTCCATGAATTGCAAGGGAAAAC
ATTGCATCCCATGATGTGCCAGGTTTTGAGATGCTCCTCGTGAATGAAAATAGGACTGT
TAATCCCGACAGAACATCATGTGAGATTTCTTAAATGGATTAACGATTTCTTCAGCC

ACCTTGATGAAGTTCTGCAGACCCACTCAGTGTGGTAAATGTTTCCTAAGGTCAGGTTG
GAAGGAAGATGATGAAGGCGGTGGTGATCAAGCTATCATTCTTGATGGTATAAAAATGGA
AAGGAAGAAGAGAAGACAGACCAGCATGGATGCAAATCAGGGACTTCAAGGGATTCCA
AAATAACCAGTTAAACCAGCTACTCAAGGCTGCTCACCATACGGCTCTAACAGATTAGG
AGGACATGGTGCTGGTCCCTCCCTTAGCCCAAGGGAGAGGCAATAAAGAACACAAAGCTG
GCATGCATTTCTTTATTAGCAAACATAGCTGGATTAAGACAAAAGTTGTTGGTTTGGAAA
AGTTCAACATAGGGCACAGAAAATTGCAGAACATCGGAGAAAGTATGAGCGAAAATGTGA
CAGTCTGAGAAATAAGGATGTAAAAGAAGCAGTCAACAAAGCAATCACCAAGACATATGT
GGCCGTTCTGTTACCAAAGAAAACCGAAAGCCACAAAGCCAAAAGCAAATAAATGCAGAC
TGTCTGACGAGAATGATGCCAAAATCCTCAATGACGTCCAGGACCGTTTGAAGTTAATG
AGCAGGGACGGGGCCCTCTGAGACCCATCTCACAAAGATGAGTGGTGAAAATCTGATCAC
CTAGAACCTTAGGCATTGGGGAGTTTTAGATGGACTAATTTTATTAAGGATTGTTTTT
GTCGATATCCTTTGACTCTCCTCAGGTCATGTTTACTGGTGAAAATATTCTGTTTCATC
TATTC AACATGCGCTAGCCAGACACTGGTCTAGGGCCCAGGAATTCAGCAATAAATGAAA
ATGACGAGAATTGGGTACCACATATCTCTATACAGCCTTTCTACTTCCTTTCCAGACGG
AAAGAGGCCAAATCCTTCTCAAGCAGAATGAGAAAAGAAAACCCACAGGCTAATGTTCT
GACTGTACATATGTTAATAGCGCAAACCCGACGCCACATTTTTATAATTGTGATTAAC
AGGCCCTAGCTTTACGCTCATCACCTAACTTGTACTTTATTTTTCTGATAGAAATGGTT
AGTTATATGACATACCAGCCAGCCCCAAGAAGGCAGGACTCCATCCCCCAGACAGCCAAG
CTCTGCCCTTTTCCCTCCAGAAAACAAAACCAAGATAATTTATCCTGAACACGGTGAAAA
TACACGACAGCATGTGGGGAAGGACTTATGGTGGGCCAGGTGGACCTCATCCTGCTTCT
TTTGTGCTCTGTGTGTGTCTGGGCTGTGCCCGGGGGCTTACAAATAAAGTCGTGTGGCA
TAAATGTTTAAGTCAGGATGAACTACTTTTCCAGGGATGGTGAAGCCGGAGCTCTGGATG
GTGTGGCATTCTGGAGTGTGCTGTGAATGTGCTTTTTAAGAAATTA AAAAGAGATCATT
GGAATGATTCAACTTCAAGCCTTAACCTGGAATTTTCTGGATTTGAGGGAATCCCAAGC
GAAAGACAGTCCAAGCCCTGGATAATGCTTTACTTTCTGTGTTGAAGCACTGTTGGTTGT
GCAGCAGCAGCAGCTGATTGAGCAGCAGCATAAGATCAACCTCCTCAGCAGCAGATCCA
GGTGGAATTGCTCAGTGCTCCATAAATATACATTTATAATTTTCATTTGCCACATGGTA
AACAGATGTGATCTGATCATAGGCAATTAGA ACTGGAAGAACTTCCAAAAATATCTAGG
AGGTAGAATCTGAAGATAGAAAAGGGAAGAAAAGTAAAAGTTGCTTTATTCGTGGTTTGT
AGGAATAAAGAAATGACTTCCGGAGGGTATTATAGATATGATGATATGTTAGTGGTACC
CCTTTTTAAAGCCTTTGAACAGTTTAAACGACCACTCAATAAAATGGCTCTGCCCTTCA
GCAGTACCGCCTCCTGGAACGGAAGCATTTCCTTTTTGTATAGGTTGAATTTTTGTTTT
AATTTTCTCTGGGTGAAAAGTTATGTGCTGACGGGGCTGTTGGATCAGCCACAGTTGAAA
CCTTTCAAACACCACCCGTCTCCCTCCTTTCCAAAATAAAACTGAAATTAGATTTTATTA
GTTACTCTCCTTTATGTTTCACTTTCTCAAATGAATGTCAAGCAGGTGATTTTCAGATTC
TCTATGAGTATCGCCGGGCCAGGAGGCCGTGTGAGGATCCCGCAATAAAGATGCCTTAA
GTTGACTTTAAGGTGAAAACAATTTCAAGTGGATGGAAATAAGGCTAACTTGCAATATGG
AAGGAGCGCGGGTTCGGAGGAGACAACTCTTTGGAAATAACCTTTCAAGACTTTCTTTT
CAACATCCCCGAGAAGATCGAGCAGACCTCCACCAAGTCTCTGGACGGCTCCGTGGACGA
CTTGGCTGTTGGAGATTTGACTTGAGTATAAATGTACACCAGTTTTTGTATTTGTGAAC
TTCATGTGATAAAATGAAACAATTGCTCACACTGATCTCCTGGGATCTCTACTAAGATGT
AACGTGCTCACTGTGTATAGGAATTTGTATTTTGGAGGTGCTTGATCTATCTACAAAGAA
CATGTTTCATACAGGTATCAAAGTATCACATGTACCCCAAAGTATGTACA ACTATGATA

GTTTCGAGGAAGACCTAAACAACGGTGTGACACCGAGAATCCTTACACCAAAGCTGATGGG
GGAATGGATGAATTGTCAAAGAAATTGGCTTTATCTTGAACCAGTCTTTCATTCTTCAGA
TTTGTCTCAGAGCTGCCAAAACCATCACTGGCAAGATTGAACGGAAGGAAGTTCGGAAA
GAGAGGCAAAGAGGCCTGCGCCTTGGACACAGTTGGATGGGTTTCAGAGGCACAGAAAAAT
CTTGATACAGCCCAAGATAGAGCAGCCATTCAAGCTGGTGGAAAAAGTGGTTCAGAATGT
TTGATTTTGTACATAGTCCTCTGGTCTATCTCATGAAACCTCTTCTCAGACCAGTTTTCT
AGTGGGCGGAGCAATACCTGAAGATCATGGGAAGATCTTAGACCAAGGGGAGGACTTCC
ATCACAAATCCCCTGCAAGCTATTCAAATGGTGTGATGGATACGCTTGGCATTCTTATTAG
GTGTTGTCCAAAATACCTGTTTAGTTTTTAAGATGGAAGTCCACTCTTTGCTTGGTTTT
GAAAAGTCTGTCCAGTTCTGCTACTGAAGGGAGAGAGATGAGAGCCTTTTAGGCTGAGGA
CTGGTCCACGTGGATTGTCTCAGGGAAGCCTTGAAAACACGAGGTGGATGCCAGGAAA
CAACACGGGTACCTCTTCAAAGTATACTACACGCTCGAAGAGTCTAAAGCAAGACAAAA
GCGGGTCAAAGCTCCGTCTTCTGAATTCATCTCTACAGGCTCAAAACTCCTCTTTGATAT
GCCACATTTTTAGAACACTGTTAACATTTTTGCAAACCTTCTTGTAGGAAAAGAGAGC
TTGATGAGGTTCTGGACGTGAGACCCTCACAAAGACCAACCATTCTCTAATAGCCATT
GGGGCCTTTTCTGGATGTTTCGCATCAGGATAACTTTGTTAATGGGAGCTTTTTTCT
ACTCTGCATTTGTCTGTTTGATATCACCAAAGTGGAGGATGCCTATGTATCCCTGGGA
GATGAGCAGCTTCTACACTGGGCTGAACTCCCGCCTCCACTGCAACATCATCTACGACTA
TGTTGCATTTTTGCAATCTTGTGTCCCGCTCGGTGATGTTCTACAAACTCTGTTTTAAGG
CCATGCCTGGAATGACTTTAATAACCAAGAGTTTTATTTTTGAATTTGTAGCTGTCGTTT
CCTGCACATGCAAACCTCCAGTCCCTGCCTTCAGAGAGCTGAAAAGGGTCCCTCGGTCTT
GGCATCGTTGGTTTTCTGGCTTTGTGCTTGTTAAACCTGGTATTTCTACTGATACAGTA
AGGAGGCAACAGTCTCTCTCCTCCACTCCAGTACTAATAAAAGCTAACATTTATGTAG
CCTCTGAATTTCTGGGCTTGGTCTTCCAGTTGGCATTGCTGAAGTTGTATTGAAACAA
ATTTTATAGCGAAAGAGCCTTAGGATCTGCTGGATTAGAGCCTGTTTCCCAGGTAGGAAC
CTCTTCTATAGATCTAATGTGATTAACCACTTCTTCTGTGATCTACCCCTCTCCTAAGT
AACGGACAAGTGCATCTATATGAGGCCACTACAGGAAATCTACATGTCCAGATCAATGCC
TGTGTTCTGTACATGTGATGTTTACTGTACCATTGACTGTTATGGAAGTTCAGCGTTGT
GAAAGGCCCTTACTCAAATCTCCATTTTCATTTTTAATGCTTCTGGACTTCAGTTATTT
CCAATCCCTAGCAACTGTGACTCTGTATTTAGCACAAAGAGAAAGCTGAGAATGTGGGTCT
GGACCTGAAGATGCTCTATTCATCCATTTGTGCTGATTAATAAAGTGAATTCTGAACATC
CCTAAGTGACGTTTTTGCAGGTATTTCAATAAAAAGAAGGGTACTTTGTTTCATCCATA
CCAAAGGATTTGTGTGAAGTTATTTGAAAAGGACCTTAAGTACTGAGCAGTAATCTTTTTTC
ACATTGTCTCCACTCCGAAGCAGTTGCTATTGGTCCAAGAGGATGCTCGGGTAGTCTTCG
TTTAGTTCATGACCCATCATCAGCTGCCTTTTTAATACCTGAACGACTAGTTTCATCCAA
TGAAAGCAAAGCCTTTGGGTTATTTGGGATAGTTAGGAGCTAGGGTAGAATATAATT
ATAAATTGGCCTCTCCTGGAGACTGCCAGAACTTTCTCAAAGTTGTAACATCCAGAGGGA
TTCTTTAAGGATAATATTTCTGTGTTGGCAAAATTTGAGAGTAAATTGGTCTTGAATGGA
GCTTCAGTGGGGTTATCCTAGTGGCTCTTGTGGAAGTGTGTCTTAGTTACATCAAGATGT
CGCTGAAGGATGGTATCATCATGATCCAGACGCTGCTGATCATCCTCTTCATCATCGTGC
TAAAGCTCCCCTGTAAATGGGGGCTCCATTAGTTCTGCTGCCGAGACTAATAAAGATTTG
CGAATATGAAATTGCATGTGAACACGAACACTCTAATTGCCTCCTGATAGCACACAGAAA
ATCAGTTTTCTCTAATGCCAAGTGGAGACAATAAATTGCCCTTCCAGGGTCCCAACAAG
CCAGCACACAGTAGGCCCTCAATAAAAGCCATTTGCACTTTAAATATATATATGTATGTA

GTCGAGATATTGTTTAGCAGATGGAGTGTTTTCTGTTGAACACTAAGTACTGCCACAAGT
TTGTCACCATGAGAGAATTTGGGGAGTGCTTGCATGCTAGCCAGCAGGCTCCTGTCTGGG
GGCGCCAGACTGGCCGAGTACCACGCCAAGGCCACCGAGCATCTGAGCACGCTCAGCGAG
ATTCACCTGTTCAATCAAGTATTTATTGAATACCTGCCTCAAGCTAGAGAGAAAAGAGAG
CTGCAGCAGCGTTCAGACCAACTCCTGGATATGAGCTCAACCTTCAACAAGACTACACAG
CAAAGCTCTGGAGAAAGGTTGGAAGGTGAGAAGGAAATGAGCTACCATGTTATCCTGATC
GGGAGGCGAACCCGCACTTCCAGGCTTGGGAGGACCATGGGGCACAATGCGGTCCAGACC
AAAGGACAGCAAACAATTTTATAATCCTTAAAGTGTAATAGACGGTTACACTAGTGCAGG
TTGTTATTAGTGTCTGTTGAAAAAGACCCTGAGCTATACCAGCCCTTGTTCTCCAGCCT
CACACTCCGTCCCCTCTAGTCTGGAGCTGTTAACAGAATCTGCTAGAAACTAGCTTTATT
TAGGTGGCCTAGATATCCACAAAAAGATGGTGGTAGATGTGTGACTCTTATCAGAGAGTA
CCACAAAAATGTTCTTGCTGGGTGAGTCGGAATGTATTAATTACCTATCAAACAATTGAA
GGTGAAGAATAAAAAGAGAGAAGGACATTAGAGAGCATTAGCAGAGACAAGGATGTCCAC
AATCAGAGGGGCGAGAAACCAAAAGCAACAGAGCAAGATCTACTCTACACATCGACAT
CCTAACGTTGACTTTTTTCCCTGGTGGGGCTTCTTCTGTAACATGACTTGCGAATATTTA
TTGGAGATTAACCTTCATCTCCAGCAATGGCGAAGCTGGGAACTGAAATGAGGCTAACGT
CATCTGTGATTGACCATCTACCCTTTCCCATGATTTGTTGTCAAAATCCTTGCTAA
ACTGATCCCTGCGAATTACGAAAACACTACATCCATGACTGCCCAACCCCTTGGGGT
GGTAGAGAGGTGCAATATGTTTTTGAACCAGCTATAAAAAGAAATTAAGAGGTACATGTG
CTCTGAGGGAAACAAAGACAATGTGGAAAGAATAACTTAATTTAATTCCATCTCCAGAG
CTGAGCCGAAGCTGGGTGGGCATCTGGGAGCTAGATTCAATAAAGCTGTTCTGACCATGA
GATTACCAAGTTTGAGAGCGTGTGTAGAGTGTGATGTTGCAGCTTCAACAAGGTCTGA
ATTTCCGAGTACTGGAGAGATCCTGTCTGTGTTAGGAGGAGTCTACTTCTTTTTCCGAG
CTGGCACGGAAAAAGGCAAGGCTGTCTTTGGTCATCAGGAGTCCCAGCCTGCTCAGAGT
TAAGCAATACTTTGGGAGTTACAGTGCAAAGATGAACCTAGTGGTGATCCCAGACTCCCT
TCTGGGATTTCTGTTAGCTAGATCTCTATAAATCCAAGTCTTAGTTTGGGATGGAAAG
ACACTGACTGTATAGAAAGAGGAGGTAGAGTAAACCTACCCCATATACACCTCAGCTCAG
GTGCGAAACGGAGGACCTTTGTAACGCCACGTGTTTGCTTTTTTAAAAACAAGAATA
ACTGAATTATGCCAGGGCGCACTTTCCACTGGAGTTCACCTTCAATTGCTTCTGTGCAAT
TTTGGTATGATCATTACCATTGGGCAAGCCATTGTGTATGTCATGACGGGGATGTATGGG
TGCAATTTCAAGGTTCTAACCTATACTGTAGTATTCTTTGGGGTGCCCTCTCCTTCT
GGAATCAAAGACCCATCTAACTCTTCTCCAAACCTAATAAAAAGGAAATCTTTTTCCAAG
AGGAGCAGGCTGGGATCCCAACTATCGCTTGTGCTCTTTTTCAAGTGGAAATTTGAATT
CATCTTTCCAAAGAAGAGTGAGTAGCTTGGTTGGTGGTACCCTAAAATTAGGGCATGATT
ACTACAGTGGCAGACAGACCTGAAAATTTTCTCTGAAGCAGCAGAGTGAAGTGCAGAGT
AAATGTCCCTTGCTCAGAAGAAAGATTGGGTAGCTCAAAGAAGGCAAGCTTCCCTCAGAG
GGTCCATTTTTCTCTGTTCAAACTACCTCTGGACAGTTGTGTTGTTTTTTGTTCAA
AGCTATGTTTCCAGTGTCTCTGGGTGTTTCCAAGAGCAACAAGAAACGAATAAATCTCT
TCCCTGCAGGGCCATCTGACTGCCAAGCCAGATTCTCTTGAATAAAGTATTCTAGTGTGG
ATGAGGAAAATGGAAGATAATCAATATTCTGAAGCTGAGCTGTCTTCTTTTAGTACTTCC
GGAAGGGCATTCACTGCGTTATATAGATATATATATACACACACACACACACATATAT
TGTTGAATTCCTTAAGGTGTCTGGAAAAAGAGAGAGAGAGAGAGCCAAAGAGGAAGAGGGGA
TCACAAACAAGTTCTGAGTTTTTAGCCAATTGATCCTCTACTTTCTTCTTTAGTCCCTC
CCTAAAGTTGCTCAAGGCTGGATGGTCCCGGGAAGAAATTACGATGGAACACCTGGAGCC

GATCGCTAAGAACTTTGCCGATACCTTAGGATACAACATAGAACCTATTATGCTCTATCA
TGTTAAGAAGCAGAAGAAGCTTCTGGTAGAAAAAGGGGCAGCAGCTACCAAGAAACCAG
ATCTCTCAAATCGCTGACTTACCTAAGTATCCTAAGAAATCTGGTAACCAATAAGAAGCA
CCTGGAGTTTGCGGTGATCAGGGTGAAGGGCCAGAGCTTCATGATGCATCAGATCCGGAA
TCACGCTGAGCAGAGGCAGCCCACCAAGAAGATGTCCAAAGTGAAAGGTCTGGTCTCCAG
GCTCCACCAAAACCTGAACCCAAACCAAGAAAAACATCTGCTAAGAAAGAACCTGGAGCA
GTGTAATTGTCCACCACTGTCTAATCCAGACCCTCGATTACTATTCAAACCTCAGCAGAA
CAGTTGTGAGAAAATTGAAGGGGAAACGGAGAATGTCAGTGTTAAAGATATTTGAACTTT
GCAGATGTCTCTTTCTTTCCCTTTGTTCACTGTAAAGAAAACTTACACTCCCCACAG
TGGAACCACTTGCCAGCTGCAACTTTGACGCATATTATCAGGATAGGTGAGATTGATGG
GTTTGCATGTCTAAACTTACTAAATCTCTTCTGCTTCACCTTCCACTTCAGACTTTTGC
ACTATGTGCCAGCATTTCGGTATGTGCAGAAGTTCATCAATAGATATAGACTCAAAGAGC
CAGGGACTAGAGGCTTTCCGGCTTTTTGGGACAGCAACTACCTTGCTTTTGGAAAATACAT
GATATAGACAGGATCTGGGACAAAGCCACCAATCTTTTGTCCCTTGGACACTCGATAG
ACTCTGGAGCAAAACAAAGGCAAGATGGCCAAGAAAGAGGAGAAATGTGTTCTTCAGTAG
CCAAACAAACAAAAGGGGAAGGATGAAAATAATGCAAGAGAGTAATTCTTCACACTTAACC
GTGACCTGGAAGAAGAACTCAAGAATGTTACTAACAATCTGAAATCTCTGGAGGCTGCAT
ATTTTACTGTGAAACGGCCACCTCTAACAGAAAAGTCCATTTTAAACATTGTTTTGTTGT
GCATTGGAGAACTTTAACTTGAACATTCTCATCGATACTTCTGGACATATTTTGTGTTT
GATCATGTCTGAGACCTTCAACTCCCCATCCATGTATATAGCCATCCAGGCTCTGCTGTC
CTGTTGTACCTTTGGGGAAAATTTGTATGTAAATGTACAGAAATAAAAACGTTGCCCAT
GTCTCCAGACCCCCAGTAACAAGGTCACAGAGAAGGGAAAAGATGTAGAGCTCAGGTGT
ATCTATAGCCTGAGAAACAAAGATATCAAAGAGGCCTTCAGGAAATTTACTAAGAGCGCC
AAAGTGAGAAATTAACAAAGGGCAAGACTGATGGGGGCCACACTACTAAATTTCTTTTG
TTATTCAGAAGTTACAAGACCTGGAGAAAAAGTACTATGAGGAACCGAGGAAGGGGATAC
GACATCACAGCATTTCAGTGTGAGTACATTTTAAACTGATCAGCCTTTGTATAATGTTT
ACATAGGTAAATTTCAAGAGGAAGCCAATATTTATGCTGCCAAAACAGCTGTCACTGCTA
AAGGACTTTGTGGTACGGCAGAGGCGGGGAAAGAGAGTTTGCGTAGCAGCCCTCACAAA
AAAGGGGCTGTCAAGAGGACAATCACTCAAAAAGTCTTACAGAAGTTAGATGTGTTTTGA
CCTGGCACAGTGAAGCGAGGGTGGGGGCAGGAATGAGGGTCTCTCCATGCAAGGGGGGA
AGACACCTTCTACATGGCCAGTGTGTTCTGGACGGCAGCAACCTCAGCTACTTTGGGCA
CGAACTTTGCCTTTTCTTAAACACATTCCAGACCAAACTGTTCACTTTGTTAAAAAA
TAAAAAACTATTGCAAAAAGTATTCTGAACTGTCAAGCTGCCAGTCTGATGGGCTGTTGC
ATAAAGTCTGTACATATTGGAGCTCTGGGAGATGCTGGAATAAAAGACAAGAGTTACATC
ATATCTGCTCAGCCAATGGAAAATCTGGGTTCAACCAGCCCCTGCCATTTCTTAAGACTT
ACGTTCAAGCTACTGGTATGTAATAATAAATAATCAATTGGTGTGGGTAGGCCAAAGATT
ATAATTGCGAGGGAGAATCATGGTCTGCAGTCTGGTGTAGACACTGGAATAACAGCACA
CCTCTTTCCTTCTTTCTTTCCCTTCTTTATTTATTGAATCATAATTTATTGAGCATCT
TTTAGAACTAAGCCTATTTGAAACGGTCCGGTGTAGGCTTACTGAGATCAGGAGACAGGGA
CTGGAAAACAAACCATTTTACTATTCTAAGGAGCAATATACTATCATAAACAGAACAGC
AATGGACCAAGAAAACTGCTTACCATAGGACACTTGTGGCAATATGGCACCGATGGCT
GTCTTTATCTCTAAGAAGAGAAATACATCTGAACTAAAGGGTAAAAAATGGCATGTTTTA
GGACTTCTTGCTTTTCTTACTTCAAATCACAATTTCTTACAACCAAGCTTTGTGCTC
CCTGCACTCTTTTGTAGATTACTTTTGGGGGATATATTTTGAAGATGATGAAACGGGAATA

GGAGCACATGTTACTGCTTCATTTTGGAGCTTGTGGAGTTGATGACTTTCTGTTTTCTGT
GAAACCTATCCCGAAGCTGATAACCTGAAGAAAAATAAGTACGGATTCCGGCTTCTGAGAT
AGGTCTGATGCAGTAGCTTTTACTATTGGTGGAAATCGATGTTTTTTCCTTGAAAGTCTA
CTGTGAACTCGACCCCGTGTGGATAGTCACACTCCCTGCCGATTCTGTCTGTGGCTTCTT
TGGATTTCTTCTCCTATAAACCGCCTATTGATACCTACCCACTTCTCTATGGAGCACAGA
GAATTAGTGGAAAGCTGTTCCCTTTGAAAGCCAAGATATTATTTAAGTTGTAAAGCCAGCTA
TATGTTTGGCTGCTAGAACATGGTTACCATGTCTTTCTCTCACTCCCTCCCTTTCTAT
ATAACCTTTTTAGTTTAATAGCATCTTTAATTAGATCACAGCATTGAATTCAAAATTTCT
AGTGTTATCTTTAATGTTGTATGTCTGGGATGCAAGTATTGCTAAATATGTTACCCCTC
CTGGGACACTTTGGGTATATTCATGGGCATTGTTTCCATCTGTCTTTTCTACCTGTGCCA
TATCAGGACCAATTATGATGACAGATACGATGAGATCCACTGTCACTGGGGAGGCAATGT
CCCAAATGTAACCTCTAGTTGCGGACGCGGTTGTTCTATCAATAAAGCTGCAGTGTTCTA
TGTCTGGAGGAGCAGCTGGCTCTGCTCTGAGAACTCTGGCAAGTGGACGCCATTCTCTT
TGGTATAGATTCTTTTTCTGGCTCTGTTTTGTGACATCTCAACTTACTGGGCTCTTATT
ATTTACTTGCATATGTAAACCATTGCTGTGCCATTCAATGTTTGATGCATAATTGGACCT
TTTGCCTGATTTCCTTTTGGATAATGAAGGCATCTTAGTCACTACCTCTTCTGAGACAC
GAGAACAGCCTAAGCCAAGGGAGGGGAGATTCTAAAAGAAATGACTGTAATTAAGGTAG
CATTAAAGCAAAGTAGTTCAGTGATTTAAAATACGGTTCCAAATACGCTAAAACCAACT
TCAGTATTGGCACTTCAGGTAGGACTCTGGTCCAATGGCCCTTCTCCAGGAGGCTCCCTA
GTTTTCAGAACCTGACATTGTTAAAGATACTGCTTGCCCGGAGTTGTGTATTTTGTAAA
ACCACTTTTCAATGTCTAAAACATTTGTTTGTGGTCTATAAGATGAAACATCATTTCAA
TTGCTGCATTCTTTTGCTTCCACCACCACTAGCTTCTTTGGAATCTTGGGGTGGGGGTC
ATGTTCCCTATTGAGGCAGGGGCGATCAATCCAGAGAACAGGATCATCCCCACCTCCCA
ATTTTACTTTGTTGCAGATAGTCTTGCCGCATCTTGGCAAGTTGCAGAGATGGTGGAGCT
AAGTGACGTTGAAGCTAAGCTTGAAAAGAAAGAAGCCAGTGGACATCTTCTGGTGAGACC
ATCACCTTTTAAACAAGAAACCGAAGGCATTTGATGCAGAATTTTGCATGACAACATAG
TGGACTGTGGAGAGGAACGGGCAGCGTGGCTTCGTCCCTGGTTCCTACCTGGAGAAGCTT
AAGAGCAGTATAAAGAGTTTTAGGATCTGAACCAAGAAGTCATGAATTTGGATGATATTC
TATCATGTCCATCTACTTCCGAGACCCCGACAGAAATCTGATTGAGGTGTCCAACATACAT
TTTGCTGCGGATGTTTTTTGATTGTCTATATGACGAGGAGGTGATCTCCGAGGATGCCTT
AACTAGAAGATGAAAGCATCAAATAAAGAAATATACTGTGGGTATATGGATTACAAAAAA
TTTCAGCAAGGGGATGTGATTTTGGTTACCAAGAAAGATGGTACTGGTGGACAGGAACA
GCTGAAGTGTTATAAGATAACAATAGGCTTGAATCTCCAATTCAAATGAATGTCAAAGC
TGTTCACTTGGGTAAGCTTCTGCTCTTACCGACAGTGGATGACACACTCCCCACTCCCA
TTATGATTTCTTAATGTAAAATGTTTTGTTGAAGTATATGGCTATCATGACTAAGTGCTA
TGAATCCTTGGTGATGATTTTGGCAACTTTGGGAATAAATGGCAATTCACACGGGCTTGG
GGACGTCTACGGCTCGCTGCCCGCTTCTCAAGCTCTGGATCGAGCTGCTCGTCATCCG
CCCTGGGTCAATTATTACCTAGGGCCTCATGTCCACTTGGGGCTTCAGTGTCAACCTT
TGTCAGGGAATGAACCTGACGAGAAAAGACCAAACATAGGACTGTTACAGGGAAGAAAA
AACTAATGATCACAGCTATTATACTACTTTCTCGTTATTTTGTGTGCATGCCTCATTTCC
GGCTGCAGTGCCATGCAGACACCTCATGGCACTTCAAACATTTAAAATGCATTTTATCTT
TTATCATCAGCCTATCTGTAAAGACTTCTTGCTGGTCCCTCCCATCGCAGAATAAACAG
AGATGATGAGGCCTTCTGTGAGCAAATGCAGGTGCTATACTCAGCCAGTTTGGAAAAGT
TTGTCTATATCACCGATGATACATACACAAAACGACAACCTGTTAAAAATGGAACACTTGC

TCTCACTCTTGTCACATCTGCCCAAACCAGCATAGTCTGATCTGGAAACACGGCCTCAAT
CTAGGAGAGGAACAGTGTGGAGCTGATTTTGATTTAAAGAAAATGTTTCATGGTTAAATGA
GTGCTTTATGGTGGTGCTTAGTCAAAAGATCAAACAACAGGATTGGTGTGAGTGAACGG
AAAGAAGGGCCTCGTTAAGAAGTGGAACTGGGACCCCAAGCGGTGTCTCTCATCTGA
ATCCGGGCAATTCTGAATGATACTAACTGACAGACATTAACCAGCTTCCTGAGACATGA
CTGAGCCCAAACTCAAAGCCAAACCTGTCAGCTCTCTGAATGAGTGCACGACCAAGGAT
CAGATGACCTACAGGATTTCTGTTCTTTCCAGCTTTTTATTTTACCATTGATGCTTCCT
GTCCGAAGCTCTAAATACCAGAGTATTGATTTTAAAGTCTGCCAAGACAATAATAAAGT
GTAAACCAAAAACCTTTTAAATTTCTTCAGGTTTTCTAACATGCTTACCACTGGGCTACTG
AGCTAGGAGTTTGTAAGCAAGGACTTTGTGACACATTTGTCCCCTGGAAGTGGCTTTT
CATCTTTTCCAACCTTAATGAACTGTATCCTCAAAGAACAATATCAGACTGGCTCTGCC
TCTAAAGACAAGGACTCCACATGCTTTTCTTTTCTAATAAACAGGGTCCATCTGACCC
CCAAGATGAAGTCATGCTGTGCTTTGGAATGGTAGATGCTCATTTATGTAAAATCATAAT
ATTAGTAACTACAGCTGCAACAGACATCCTCCACATTGTGCACACTGGTTTTGCCTTTGT
CCAAGGGCCGAACCCGTCTGACCTCAGCCCTGCTCACTGTGCCAGGGACCAGCGACCAG
CTCACTGCCAGGTGATCAAGTGGCTTTTCTGGGACCTGCCAGCTTTGAGAATCTCT
GAGTGGTTTTTGGTCATTGTTTAGCCATATAAATATTGTCTTACCTTCTGCATTTGAAG
ATCCGTAACAAGCAGTCAGCTCAGGACAGTCGGCGGCGGAAGAAGGAGTACATTGATGGG
GTGTTTGTGGTGATGTGCTGCTCCATGCTGGTGCTGCTCTACTATTTCTACGATCTCCTC
GTGATGAAAATGTAACCTGAAACCGCTCCATTTCTACAATGCACATTTACTGTTTCTGTT
CCTGCCTGTATACCCAGACTTGCCTCTGGGGCCTGATTAATAAGGCTGTTTTGATAAA
GGAGGCTTCTGTGAGGAATGTGAGGCACATTATTGGGGAAATTGAGGAGACAGCCTAGAC
AGGGGGAAATAAGGGAATAAGGCCAAGGAAGATGTATAGCTTTAGCTTTAGCCTGGCAAC
GCAGGAGAAAGAATAGCAATTACATTCCACCATGGAGATGCTCCTGACCTTTTTCATCTGA
CTGTAAAAACCTCCCGAACCATCAAGATCTTCACAGAGAACTTCTTATGAATCAAAAAA
AGGAAGTTGCAGCAGGAGAACTTGAAGCCTCAAGAGCAGCTGACCCCTGGAGCCCTATGAG
GATCGGCTTAAAAAGACTGCTTCTCATTACTTACTGGCTATACCATCTGTATACTAATA
TATCCATGTATCGGGAATTCTGGGCAAACCTAAGCCTTAGAAGAAGAGATGCTGTCTT
CCCTTGAAGATGAATTGCATTTTATCAGTTATCTCAGAGAAGCACTTTGAAATGAAGTA
TATGACAAGGTTCTGAAAAAAGAGGACAGCACCTCCTATGAAGAGCATGGAGACCCTAAC
TGGGGACAGATATCTTGTACTCCCAGTGACCTCAATAAAGTACTTTTTCATGGTCTCTTG
TAGGATCTTTGTCTTCTGGCTGGAGGTGCTTTTGGAGGTTGGGTGCTGGGCATTAGTCG
ACAAACATTTACTGCTGGGTCAACCACAAAGCAGATGTGGTTTCTTAGGTTCTCTGGGA
TCTCGTTCAGGGAGGGACTTGTGATGACTCATGGTTACATTCAGGATACTTGAGCACTTT
GTGCATATAATGTCCGATAAATTACACCCCTCGGTGATAAGATTACATACCTCCTTCAT
GGCCCTGGTCTGGAGGCACAGAATCCTCGACCCACACGACTATGTGACCTCTTTATAA
TGATGGAGAAACACCTGACCCAGAAGACCCAAGCAGGAAAATATACAAATTCATCAAAA
GCCAGGAGCTTGCCTTCCGCTGAGTCCAGATTGGCAGGTGGACTACGAGTCATACACAT
ACGAGTCCGTTTCGTGTTTCGTCGGGAGATCTCTCTCATCTCGCTCGGCTGCGGGAAAT
CCTCTATTGATTCAGTTGTTATTGCAGTGTCTGCTTCATCCGTGGAAGTTGAGGCTCAGA
GCTCTGGTAAAAGATAGATTTGTAGCTCACTTGATGATGGTGCTGGTGAATTGCTCTGCT
CTTCTCAGGGTCAAGGCTTTATGTTAAAGCTTCTGTCGGGGCTGCTAGGTCAGCATTAA
GCCTATGAAAATTTTTAAGGGCTTGTAGTTTATGTGGACCTGAATAAGCATTGTCATG
GCACTTTGTGAACCTGTACAGATACTTCGGGGATAAAATACAGAACATCTTCTCAGAGGA

GGAAGAGCAGGTCTTGATGTGTCCTAGAATTTTGCCATTTCTGAGATTGAGCCATTGAAG
AAGAGTCTGACCCTGTTTCCTTGGAGAGGGAGGACAAAGTCCCTGGCCCTCTAGAGATCC
GGTTTTCACTCAATCTTTCCTGTTACAGTAACGTGAAAAGTATTATTCTTTACTCCAAG
CTGTTCAACACCCTCTTCATGAACTCTGGCTGCCTGTGCTTCACAGCATTGTGTACTCT
GTGAAGAATGAGGAGCTGTAGATTTTTAACGATTCTGATGTATTTGCATTTTTCCAATG
AATCAACATGGAAGCACGACCCACATGGTTTCAATAGAAGTGCCTCCTGAACCTGACT
AAAGACGTCAATATCTGCTCACATCTTACTAAACACCAGAGAGTTCATGCTTAATAAAAG
AAATACACAGAAAAGGGAAAGAAGCCGGAGTCTGCCTTGTGTAGGAGGGATAAGTTAGA
TCTTTTTGTACCCACAGAGCTTGTCTATGGCACGCCTTTTCTGGGCTTTTTGTATCAT
AATGATGACCACTGGTGGCGTATGAGTCATATGTGATGAATACGTGTCTGGAACCTGAG
TGAATGACAAGGAAGTGATTCCTGAAGTTCAGAGGGAGGAAGGGATTTGCTCAAAGTCA
GTATTGATGGCAGTCCACTCTGTTTTCTAAAAATGTATTTACTGTGGTGCTTAACTTCT
TACTTCTGTTCACTCAGTAAAACAGAAACAAGAATGAGGTAGTGGCAATGAAATAGAA
TTATCAAATGACTTTCGTTCTTCTGAGTTTGCTGAAGCCACATTTAGGTACTGAGAAGG
CCTCCATCTCCCTTAATCAGGACCTTGGTATAATTTATCAGGTATTTTTAAGGTTCTA
CTCTGACTGAATTTGACTCTATTGCCATTAGATCTTACAATAATGTTCCACTCTGCAA
TGTGTTTAAATTATGGATAACTCGAAAGACAGCTCAGGTGAAGGCCAGTAATGATTTTT
TGGTGTGTAGGACGGCAACACACAAACAGTTTGTAAACATGTGCTAGGACGTCTCCATT
ATGATAAGATAAAGAAAGACGCCGAAGAGAAAGGTACCTGGGTTCAATTGAAGCGCCAGC
TAGAATGGACTGATCTATGTGCACACACCCCCATCACATGGAATGGGCTGGTCTAGGCTG
AAAGCACTTGCTTTCATCCTCTGGCATCGGAAACTCCCCTATGCACTTGAAGATGGTTTA
AGTCCAACCGCTGATTTCCAGCTGCTGCCAATAAACCTGTCTGCCCTTGGGGCAGT
GGCTACAAGCTCTAACACTTCTATGATTCACTACAGAGCAGGCATTGAAGATATAGAAA
TCTCTGTTGTAACTTGTGACAAAGAGGTAGAAAAGATTGGGTCTAGGATATGGTGGG
AGCCAAAATGTACCACCAACTGAAGAAGTGTGAGACTCGGAAACTGTCTCCTGGCAAAAA
AGAATCCTTTATGCCAGCAGGTCTCCATGTGTGGTGATCCTGCCTGTTATCATGATTAT
ATTTTACCAACTTATTACTTGAAATTATAATATAGCCTGTCCGTTTGCTGTTTCCAGGC
GCTAGCTTCTCAAGTTCTTGTGAAAAACAATTTACATAATGACACAGTAGATGTGGAACA
TTCCAGAATGCTGCACTTCTTACAGCTGTTGTGGGCTCCACTTGTGATGTAAAGAAAAG
ACACTACGACAGGGTAAGCGGCCTTCACCCCTAAGTAAAATGTTAGTGAACATAAGGAA
AGCTTATCCAGAACGGTGGCAGAGTCTCCTTGGCAATCAACCAACGTTGCTATGAAATAT
CCCCAAGGCACATTCACAGGCAGTGAAGAGTTCAAAACCTTCTGACCCAGGTGAAAAC
CCCAGATCCAAGGGGAAACTGCAGGTCAAGGGCTGATAACGGCCATGCAGGATGCTTGAT
ATCTCCTGCTACCCTCTTGGATTCTAAGTGGTCCAAGCTTAACTTGAGACCTTCCCTT
CAGATGCTAGGAAGTTAGTCTAATAATTCAGTGCAGAAAATTGATTAATGGCTGTCCTT
TCAAAGGCCCTAGCTAATAAACCTGTAAGCCCAGCATTGAGAGAAGGTAGGGTGTGTA
ACTGCGGCTTCTGGAACCTGATTTTGAAGAGTGCCCCCTCCTCTCCACCCTCCTGGAAT
AGACCCTGCTGCGTCTCCCTTCAAACCTCTGGTGTGAATAAACCTTCTGATCTGGTCT
TGATTTCACTTCAATTCGGAAGAAAATATCCATATCATTTTTAAAGACGCAAATGACT
ACAATTATACACATTGGAAGGGCCAACCTATTAGGGCTCAAGTATGTATATGCAAAAAA
TCTGGCTGTGGGATAAATGTGTGTGGGAATATTGAAACATCGCCTAGGAATTGTGGTTTG
CGAAGCTACACCTGCAGAATAGGCATGGTTTTGGCCTTTTGTGTATATTAGTACCAGAAG
TATTGTCAAAGCTGCCATCCATGCAGGAATAATTGCTGATGAACTAGGTGGCCAGATCA
TAGGTTTGATTGGAAAAATCTATACGACGAGGAAACAGCCTGTCAAAAAATCATATGCT

AATAGGCCTGTAAGATGAACTTGCCACTAGTAAATGTTACTTTTAAGGACATGAATATGG
GAAAACCTCGAAGCAGCTGTTGGCAAGTTGGCCAAGACTCCCCTTATTGCTGATGTTTAT
ACACGGGCTGGTACTGGTGTGGCATCCAGCGGGACTTTGCCAGGGATGACATGGATTTTA
GCCTTCTGCATTCATGCATCCATGTTCTTTCTAGGATTGGATAGCATTTCATGCCTATGT
ACACTGAAAAATATTCCAAGCTTCATATTAACCCTACCTGTCAACGTAACGATTTTCATGA
GTCTGATGTTTACGGGGGAGAGTGTAGTTACTAAAAATGTTTAAACATAATTTGGAAGAAG
GCTCATCGAGTTGCAATTTATCATCTAAGGTAATGAGTTAAACCCAAAAGTAACAGTGAC
CCCCGTGATGAAGGGAAGAGAGTTTTGTGATTATTAAGGATCATGGTCATTATCAGGG
AGAAGAATGAGATACTGATGTCCACAGTTCATTGGCAGAATCTAACCCCTTCTGTTATCT
AAAGGCTATGAAGTTACTGCCTGAGCATAAATCCTGGCTCCACCATTACACTATGAC
AGCTTGTTTTGTTTCATCCTGTCCGTAAGGGGTGACGCTCTTGCTTTGCTTTTTCAAT
TCTGTCATTTGCTTTGAAGCCCATTGTGCCTTATGCCAATAATTCAATTGCTGCAAACAC
AAAGTGAACCAGATGGTGCCCAATCTCCCATCCTGGAGAACTCTGGATTTCAATTCATAA
AATCGATCATTGTAGGGGAAAATCATAGAAATCCATTTTCAGATCTTTATTGTTCTCACC
CTCCACCAAATGTATTCAACTTAAACTGTGAGAGAGAGAGACTGAATGACCTTCCTCAG
AGGCAGACCTGAGTGAGCTGGTGAAAAACAAGAACTTCGCTTCATTCAATACTGGCAAG
AATCACAGGTTCCCGTGCCACACCCAGCCTCTGCTTCCAGAACACACTAGAGGGTCCCG
TAAACACATACATGCACACATACACATACACACATACGCACATATACACACATACAGA
TTCTGTTACTTAGAGCTGAAAATAAAAGCAATGTAGAGTTACGCTTTTATAAGTATTTCA
CAGCTTCATTGTGTCACAGTAGCTTCTTTGGGAGGATGATGTGATAGAACACTCAGAGA
TGAGTGAAAGTGACATCCTGGCCACCTCACGCAATTTGATCACAGACTGTAGAGTTTTGAA
TATCAGCACTTAAGTCAGCCTTATCTGGCCACCTAGATGTGGCTTTGGCCTATTAAAGA
AAGAAGTGATAACCTTTCCGGGAGAAGAACCAGGCAGCAAGTTGTTAATCACCTGTCAG
AGGGGACACAGGCTTCTTAAACAACCCGGCTTCTCACCCCTATGTCCTTTATTTACAAA
CTCAGGACCTGAGTCTACCCTCAGGACCTGGGGTTGGTTGGACTCTGCCCTTCCAAATAA
AGCTCCACAAGTTTGAAAAGAAGTTTTCAGAGAATTTCCGAAGCCTATGAAAGTCTGGTCA
GCCAATCTTGTAAGTATTCTTGTTGATAACATTCAGTGAAAAGCATGAGACAATTAG
TATGTTTGCACTGAAAACAGAAAATCAAATTTAATGCATTAGTCATCTTAAAAATGTCC
CTGGGACTACAGGCTGATATGATCTGAAAATGCTACGGAGATTATGAGAAAAGAAAATGGG
GAAGCTTGGAGGAGGGTTGTAAGCATATTGTACCCCTCATTTGTTTATCTGATTTTT
CGTGAGGTGATGGATATGTTAATTAGCTGGATTGTGGTAATCATTTTGAATGTATATGT
CACCTACTTCATTTTCAGAGTGACACCCAAGAGGGCTGCTTCCCATGCCTGCAACCTTG
AGTCCATGGCCGACCAAGAAAAGATCTCCCAGCTGCCCTTAAAGAAGACCCTCTTAGACA
AAGCCATGACAGCAAACAGCCCCTTTCTCCTAAGGTTCTGATTTGAAGTGGCAAACAA
GGATGCCAGTATTCTCATCCCCTCACAAATAAAGAGCCTTCAAGCTCTTGCAGTCAACAA
CAAGAAGCGTCTGCAACCCAAACCTGGCGTTCTGTGACCGAGTTAAAGTTTCTCTTGGG
CTTAATGCCACACCACTATTCCAGCGAATTTATGCTACAACCTGGTAACAATGACCAGAAG
TTGCAGAGGCCAAAACCTCCTGCGTCTGGTGAAGGAGAGGCCACAGACAAATGCGACTGTG
ATTTAATATCCTTTTATGATCCCTCCCATTCTTGCCAAGATAAACTCCAATCATGTAAGTT
GTCAATTAACACCTTTACTCTTAGGAATATAGATTCCGGCAGCCTTCAGTGAATATTGGT
ACAGAAAAGGGGCAGACACACCGAGGATGCGATTTAAAATAAATGCAGATGTTTACTTGG
TGGTATGCATGTGAAGCTCATGGCCACCATGTTCCAGAACCTGTTCCCCTCCATCAACGT
GCACACTTTCTGGTCACTTTGTACAATGTAGATTTGAAGTACAGTGGTGAAAACATTA
ATAACACATGGCCCTGGATCTCAAGGAACCTGCCGCCTGATGGAAAATAAAGAGAGAGT

AAAGAGAGAGAGATGAAAAGAGTAGGAAAATGAGAAATCACCTTCGTTGAATCTTAAATA
GCTCTTCTGCTACTTCAACATTTTCTAGCTTTTCCGTGTATCTAAACACAATTTGCTACA
CAGGGCCACCTGTGACGTCTGCATCTTCTGGAGAGAGAATAAAGTTTGTATTTAAGTGG
AATACATTGAGAAAGTTTCCATCTTATTCTTTTATATGGGACTGATGATGTGTGTTGGGG
TTCTCCAGATTGGCAGAAAGTTGATATAGGTGGACTTTTTTACAGGTCAGTTGAGGCAAA
CCGGGGAGAAAAATACATCACTAATGGCCAGTTTTCCATATGGTCTGCACGGGTAAAGAA
TTATTCCTTAGAAAGGACTTGGGGTGTCTCTGATTCTTGTAAAGGGGACCCAAGGTGGAT
GGTTCCAAGCATTTTGGATAAGGCAAATTCACCTTTCAGTCTCTTTTCTGGGGGAAAAAA
TGGGAGTGGACCATGCTTATGTCACCAGTATTGGCAGACTCATTGGAATCGTTACTCTAA
CTCAGGCACTTCAAACTAAAACCAAATTTAGCATAGGAAAAAGTTGTTTAATGCTCAGG
TTTCCGATCAAGACTACAAGAGATCAGTCATTACAATAGCAACTTCTGTTGATAAGTTGG
TTTCTGGTCACCCTGTGAAGTGGACTTAACTTTTTCTTGAATCATGTGGAAGGATTCTGA
CTGTTAGAAGTATCTGAGCCCCTGATGACAGGAATTTCTAGCCTCTACTATTCTTCTAA
TTTACAGCTCTGTAACCTCCCGTTGCGTCAAGTCTAAACCAAGATTATGTGACTTGAAT
TTTTTTGGACTTTATGGGGTGTGAAAACCCTGCCTGACAGACTCAGAGTCCTTAACCAGA
CACCCCAAAAAGAAAAGCTCTCACGTTGCTCCACCAATAAACGTTTCGATCTTTAAAT
GAAGATGTCTCAAGTAGATATTCTCGAACAGATAGAAGTGGGTCCCTAGATATAACAGG
CTGTGACGTGTACCCAGTATTTATTGGAGGGTATTTCCCTAGCAAGAAAATGAGGGCGATT
GCACATACCGTAAGCTTGACTATTTTTGAACTTTTTGTGTACTTGGTGATGTTGCAA
GTCCGGGGCTGTGGCCGGCCGGGAGAGTCCAGTGGAAAGGTGCTGTCTCTTCTTTTTATAA
TTTACCAGCTGCTGACTAATCTTCATCACCCTGTAGATTTTGTGTCATGTGCAGGTCCT
CCCAGCTAACTGGCAGCAGCATCCTCCAGCTTTGGATAATAAGAAGTACTACTGTGATA
AAATATACTTCGAAAGCTGCTCTTCAATGAGGAAGCCATGGGGAAGGTAGATGCTTACC
TATGAAGACGCTTTGATAGATGAGGTAGAGAGAGCATTGAGACTGAGAGCTTAAGGCAGG
CCAGCCTTTGTTTTGTTTTACTTGCCTACAGTGCTGTACGCAATAAGATGATGATCCCAA
ACGCTGTGTTCTAGGCCCGCCACCCCAACCTTCTGGTGGGGAGAAAATAACGGTTTAGA
CCTCCTCCAAGGGAAAAGTGTTTTTGTATATAATGTATTTTTTCACTTTTGGAGGATTCT
TCATGCTTGCATTCTTCTGGGGTCTTTCTTATCTCTTTAATTATTAGTGTTCCAAAGA
AACAAACAGATATGTGTGACTCCACTGTTAGAGGACTCTGGAAGCTTATACCTGGTTTCCC
GTGCAGAGTTCTATATAGGATGCTGGATTAGTTCCTTTGATATTTGTAATAAATCCCCA
AAAGAATTTTCCCAGATAGGCTAGCCAGAAAAAATTCAGTCCTCTGTAACATCTGAGG
GTGACACCACTTGAGTGGAAATTTCCATGTTCTTTTTACCTCTAATTTGGATCTTTTTG
GAATACCTTGTAATTTTTCTTTAAAAAAGAAGACTTGTGTAAGTCTCTGCATCAACGCC
TCTCCAAAAAGGTCTTGCAGATTACGGATCCACCATCTCCGGCTGCTCAACATCCTGG
AACAAAGGACGTAAAGGAGGCAGTGAAAAGGGCCATAGAAATGAAACATTTCTCTGTAA
GGACATTTGCCATTCCAAGAATGAATTAACACTCTTCTAAGTGATCTATAAACTGAGATG
TACAAAGAGAAATGGGAAAGGAGGGAGAGAGCTTAACTCTGATCCCCGCAATTAGTTCC
CTTCTGCTGGATGGGCACCTGGGGGGTTCTGGTTTTTACTTTTTTAATGTAAGTCTCAGT
AGAATGCACTTTGGACAGCGATATGCTAAACAGTCGTTACCTGAGTGCATCAGAATCA
AGTTCAGCATGGAGCCAGGTGACGAGGACCTAGACTGTGACAACGACCACGTCTCCAAAA
GACCTAAGCAAGTTTACTTCAGTCAGGAGAGATCGTAATGACTTCTGGGAAGGTATTA
CATGTACCCTGGCATCACCACAGGATGCAGAAGAAGATCACCGCCCTAGCACCCAGCAT
GAGCAACAACAGATACAACCTGTACTAGAGGCTAATGCAGTTCTTGGGAATCCAGGAGA
CCTTCAGTCTCTGCTCAGGTATTAATGTGTAGTAATTTTTGGTGCTTTCTTTTTAATCTG

CATCCTTTTCAATGCGGATGGTGTACCCCTCCCGGCATCTGTCACCAGTGATCCGTAGAC
GAAACCCTATAAGTGTAGTGACTGTGGGAAAACCTTTCAAACAGAGCTCAAACCTCGGTCA
CTTGAGGAGCCAAGTCGTGTTCTAAGTATTTATTTAAAACAAAAGAATCACGTTTTCCC
TTTTAAGGTTACCTAAGGGTTGAAACTCTACCTTCTTTCATAAGCACATGTCCGTCTCTG
GTGGATGAAGAGAGGAGAAGTGGTCTTCAGTGTGAGACAGGGAAAACGACATTCCATAAA
ATGGGGGATAAAAAGGGAGAAATTCATGGAGTATGCCTAGAACAGGCCTTGTATGCAGCAT
AAAGGTGTTTGTGCCATTTGGAAAACAGCGTGCATGTGTTCAAGCCTTAGATTGGCGATG
ACTTGGGTGTGAATGGTTTGGGTTAAGGATGAGACGTCTTCATGCTTTCTCCTCCCTATT
ATGGCATCATCCAAGGAATAGACTCCTTCGTGATCTGGGGATGTGCCACCCGCTTTTTCC
GGTCACTGTCCCCATTCTTACTGATACTTTTGTGAGATATCACCCCTGTCCTTAAATCATG
GGAGGAGATCAAGAAGTCGGTCTTTTGATTACAACATAGAAAGATCGTATAGTCTAGAA
AGGCAGTTGAGTGAAATGAAGAGCCACGTAGAGGATGGTGACATAGCTGGGGCCCCAGCT
TGGTATCATTGGGGCATTGCATTACCAAACCTGAGATGATCTTCAAGCTAGAGCAAGGAG
GTTCTCCCTCCAGGTCTGATCATAACAATTACCAGGAACTAGCATTGTGGGACATTAGG
CTACATTTCTTGCAAAGTACATTCCTTTCTGTGGTATTTTGTCTGTAAGTGAAGTATAG
TGTGCATGTGTGTATATGTGTATGTGGGTATGTGTCCATGTGAGTGTGCATGTGAGTGTA
TGAGTTTCATGGCCATCTCTAACTAAGGACAGGACATCGATGTCATCTGTAAGTCCGGT
CTCAGCAATCTTTCGTTCTAGTTATATTCGGTCTTTGAAACTGACAATCTTTGAAATGTG
CTGCCACTGACAATCCCACAGCATCAAGCCTGTTTGTCTCAGCGACTAAAGACACTTCGGG
ATGTTAGAGAAGTACAGTAACCTGGTCTTCCTTGGTATTACTGTTTCTAAGCCAGACCTG
TCAGGACACCCTTTGAATTTTTGTTTGACATGAACTATTTAGGTGTTCCAAAACCTTGGG
TGACTACTGTTAGTGTATGAGTTACACATGATGAATACATGTCTGAAACTCTGAGGTCCA
GAGAACGTCGCTATGGAACCTGCATCTACCAGGGAAGACTCTGGGCATTCTGCTGCTGAG
AGGGATCTACTGGATTTTAGAGCCAAGATGCAAGGAGTTTATGGGCATTATGACACTCGG
TCTGTTGAGTTCCTTCTGAGGAGGATGCCAGAATTAGAGACTCTGGAGATCATGAAGTT
TAAAGGGAAGCTGATTGATATTGTGAGCAGCCAGAAGATTTGGCTTCTGCCACATGATC
TGGTGTCTCCAACCTCCTACCCATTGCATGGGTTGTTGCGGACATCCAATAAAGATTTTT
TGCTTTACTTCGTTAACAATTACAGCAGGAGTAGGGCTGATTGGAGCCATTGTACAGTGT
CTTGATTTCACTTGCATTGTGCAATAAGCAAAGAAGGGTTGATAAAAGTTCTTGATCAA
GTTATTGTCATGGTTTATAAACAATAAACTGTGATGCCAGGCACATCTCTGCCTTCCCTG
CCTGAGACTATTTAACTAGGATTGGTTATCACTCTTCTGTGATGCCTGCTTATGCCTGC
GGCAGCACAGCACAATGCTTTTAGAATTGTATGAGAGTTGATATATCTCCATTTGTTTTG
TTTGACACGTCATGTTTATCCATGTACTTTCCCTGTGTACCCTCCATGTACCTTGTGT
CTACATGGCACTAGAACCTTGAAGCATTATGTTCCAATTAAGAAATCTGAGTGATTT
ACCAGTAAGGTCTGTTCTTAAACCTACCTAGTTGATTTTCATATCTTCCATAAAGTGTC
TTTTCCCCTCCTGCTGCCATACTCACCCCTGGGAGAGGCTGAAGATGACGGAGGCATTGAA
AAGAGATAGGAGACATTTTGCTTATGTTTTAAGAACTGTTGTGGTTGTCAACTGAGTTG
GATGCCCTTCTCCATTCCCAGACAGCAGTGTGAGGGTGCAGGGACCAAGATGTCAAGCT
TTAATACTGAGGAAAAATCTGTTGGAGACATAGGTCTAGGATGTGTGAAGTTTGGAAAAA
AGATGACTGTTTCTACCTCATTTGACCATAACTGTACTTGTGAGCTTCTTTCCTTCCATT
GAGTTCTAAATCATGGGACTGTTGACACCCTTTTGAAGTAAAGAAATTTGTAACAATTTGG
AGAGTTTGAATCCGCTGTTTGCCTTCTTACTGGTAGGATCCTTTTTTGTTCCTTTTT
GGAGTTTGGGGCAACTGGTTGGAGGGAAGGTGAAGTTCAATGATGCTCTTGATTTTAATC
AGCTCATCACTTCCATCCTTCTTCAACAAAGGGGCCCTGCTCAGTGTGGGCTGGTCCA

GCCACAGAGTTTATACTCCAGTTGTGGGAGGGATGAGAGGAAAAAGAGAAAAACAATG
GACTTAATCTCCTTGAACTTTATCTCCACCTTTCAAACAAAAGCATTCTGAAGTTAG
AGTCATGAATATACAAGAGCATGAATAAGAGAAGAAAAGATGGAAGATAAAAAGCAGAAG
CTCACAGGGCTGTTGTGAGGATCAAATGAAATAATGTAACGTGAGAATACAGTATAAATG
AACTACAGATGATAGTTTAAGAGAACATTTTGAGAAATGGGGCACACTCACAGATTGTCT
CTAAGTTACTGTGCTATCCAAGAAACCCAGCTGTCTCATGATTGCCTTCTCTTTCCAG
TCAACCCTTGGAATAACAGTCTAGCTGATTGTTCCACCAAAGAATCCAGCCTGCTGCTTA
TGGAATCCATGCCAGTGTGAGGCTTTTACTTCTCAAGGACAACCTCTGGAAATGCAATT
AATCAGAGCCAGCTTCTGGACGAAATACTGTTCTCAGCAAAAAGCGCCACCAAAGAAAAAG
CCCGTTCTAGGGCCGTGGCCTTTGCCGAGACTGTAGCAGAGAAAACGTATTTATTATTCC
AGATGGAGTTTTGCTCTCACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCATGATCTCAGCTCACTGC
GGAGACTCAGGGTGAAATGATCAACAACATAGAAAGAAATGTTATGAATGCCACAGACTA
GATGGGTTGCTGAAAGCCAAGTATCTTTATACAGAATCATCATTCTGTCTTCTGCTGCT
AAAGTCATATATAGGGAAGTGGGGACTGGCCAGCATTTTAACTTAATCCAGGCCATGG
TAAGTGAACAGATTATTAACCTGTAGTAGCTTTGAACCGTTTGTACTTGAAAATGGGG
TTTTTTATTTCCACAACCTCTAACACATTCAAGTCCAGGACCAAGGCTCAGGGATGAGTG
GTGAGCCCAGGTGTTGCTTGTCAATATCCCAAGCCCAGAAAGATGAGTTCATCCTTAAA
CCAGACCCACCAGAAAGACAAGTGTCTAGCAATGCCTTGGTACCTGATCTTTTTCAATTCA
GGGACAATTCTCAGCATGTGCAAACATAGGTAATTCTAGCCTATGTTACATTAAAAAACA
TCATCTAGTTCTGTCTACTGAAAGGAATAACACTTCTAAAGATCACCATTTCTGAG
TCTCCTCTTAGCATTCTTCCAATTATTACAGTCCTTCAAGATTCCATTTCTTAACAG
AACCTGACATCAACAACAGGCTGGAGTCGTTGTGCCTCAGTATGACCGAACACGCCCTGG
CCCATCCCACACGCACTGCACTGCCATTGTCTTTGGTTGCCATGGTCACCAAACAGGAA
TTCCCACTGTGTGTCCCGGACCTGTGGTATGTGTCCCTTTGCCATCCCAAACAGGCAACT
AGAACACACCAGAAATTTGTCATTACCTCAACCAGAATTGATATCAGCAATGTAAAAACC
AGAAAAGGAGACTTCGGCTACCCAGAGAAGTTCAGTGCCAGCTCTACTGAGAAGAATGC
GCTCTAGGAAAAGTTTTATCCAAATACAAGGACACCTTTTATGTTCAAGTACTTGTAGCT
TCTGTATTTCTGAGTGGTTACCCTCAAGCTTTGTGCTCAAATAAACTCTATACTTAATC
AAGTAGTTTGTGGGATTTGGGGTAGGTGGATGCAAATAAAAGCATTTATACTTATGCATA
CAGTCAGTCATTTGGGACCATATTGTCTGTGGTTTTTCAGGACAGGGAGCATCGGGACTCA
TGTTTTGCTTAGGAGTTCAGAGTTCCTTCATCATCGAAATAGTGATTAAGTGATCCAGA
ACAACTACAATCACAGAATGCTATGACCCTGAACAAAATGAATGGAGAGAGATAGCTCC
TGAGTACTAACTGTGCTCCAGGCAGCATGCTAAGTGTGGGAGATTAGAATGAATGGAAAG
GAGTTACTCCGTTATAAAGTTGATGAAGCTGTAGCTATACTACAAGTCCATCAAGTTAAA
CCCATTTTCTCACTTCTGTTTGTGTGTCAAGGGGTATTAATAAATCTTTGCCTATTTAA
ATTCATGAACAACGGGCGGATCAAAGCTCTAGACATTGAGTGCTACATTAACGGAGGATG
AGTAGGTGCTCAAAACATCACAGCCCGGATTGGCGAGCCACTGGTGCTGAAGTGTAAGGG
GGCTTTTAGGTTCTGTTGATGGGTGAGTTCAGATATAGCTTTCTTTTGTAGGATATTTT
GGGACAGAACTGCTGGGTTGTCTTTTCCATGTAACCTTAAGCATAGTAATATAAATAAAG
AGCAAGTGGAGTTTCTGAACTGTGATGGGCTGGAGGAGGCGGTGCTGCATACCTGCATAG
TATCACAAGTGGCCTTTGGGGAGAAAGTCATGTATTTGTTGCAATTATGCTTTCTCTG
CTTTCTATAATAACTAAAGTTAGCTGCCCTGGACTATTCACCCCTAGTCTCAATTTAAA
TGAAGAGAAGAAGATGACGGTGAACAACATATCGTCCACTTCAACCCCTGATGAACTGGAA
AATCAGACCTATTAATTCTGAGAGGAAGGAGGTGTCAGGATTTTCACAGAAGAAGAGCAC

TACAGTCCCAGGGGAAATTCAGTTTTGGCTTCCAGTGTATCGACTGTGCCTCGGGGACCT
AATGAGACAGTATCAACTTGATGCTGCTCCTGCTTAGTGTACAGTGATCAGAAGCGTGTG
GGGGAGGTCAGAGGATGTATGTGGCCGACCAGCTTCCCCACCTTCATTAGGACAAGAAA
GGGAAGCAGAATACGCTGCCATCAACTCCATGCTGGACCAGATCAACTCCTGTCTGGACC
CCCCTGTGATGTAACTTAGATATCCCTAGAGTTTCTCAGCATCTTTCTTCTGAGTGGA
CAAGCAGCCTTGTCATCGACAAAGAATCTGAAGTTTACAAGATGCTTCAGGAGAAACAGG
GATGTGAAGACCTGGTTTCTGAGACCATCCGCCGATTTGGCCGCTGGATTGTGTTGTC
GTGAGCTAGTCATTCAGCCTGTGTAACCATGTGGAATAAAAATTGACGACCAATGTATT
TTTAAAGTCCCCAAATGTGTAAGTACTTAGCCTTCTGTTATTCCCTATTCTTTAAGCAGTGTTG
GAGGGTGTGGCTACCCTCGCCACCCCAAATTCATGTCAATAAAGAACAGCTAAATTCTC
GCACCAAGCTCTTTACGGAGAAACAGCGGATGAAATATTTTCTCAGCACTTTCCTACAA
CCAATGATGTGAATAAGGATGAAGAGGTTGAAGATGGTCACAGGAATTGTCAGAGGAGGA
TCCAAGTGGCCCCACACAGCAAGGTGTTTTTGACATCCACGTGGTGGCAAACCAACTAT
AGCCTTAGGGGTGCACTCTTAAAATCGCATATTCAACAAACAAATGCCTTCTAAGTACT
CCTGCAGCACACCACGATTATCATGAGAGGTCAAGATTTTGATTTACTAATTTATAATCT
AAATCTCTGCAAGCCAAATTGCTGATACTCCTTCATGCAGATCAACTTGGTGTCCAGTC
CGTAAAGAATCTGTTATATCCTAGAGGACTCTGTCTTTTATATTCCGGGATAATAAAGAC
GGTGTCTTGATTTCAAGCCAGTGCAGATGCATCTGACTTACGAACTTCAGTGACACCT
TGTTCCAGAAGGAGCAGCTCGTGCTGGCCCTGTATCCCCAGACTACCTGCTTCTACCGCG
AGGCAAGTGTAGAAGTTACATCTCTATTTCCACAGAGAGGAATATTCACATATGTGCAG
GATGGCTTACGTTTTGAAATAGAAAAAAGAGAGAGTATGTTTGTCTTCTTTCAGGTAA
TAGACATCAGAGAATTCATACTGGACAGATGCCTTACAAATGTAAGGGTGGCAAGGTCTT
GAAATGGCAGCAGTTTCTGATGCTGAGGCAGTTTGAATCCCATGACAACCTGGATTTAAA
GATATGTGGGAAATCTCTACTATTTCTGCAACTCTCCTGTAAACCTAAAAATGTTTCA
TCAAGATACAGCAAGCAATTGGCGATTGGAGGAAGGCAGCATATTTTGGGAAGATCTCAT
CGTGTGCTTATCCAAGGGGTTTACGCTATTCCTGACTTCACGGCTTGCATGTTTGATTTTT
CTAAGATTTCCAGTGGTCCGAGCAGAATCAGAAAATACAGCTACTTCTGCCTTATGGCT
TAGGGATTACTACTGCAACTTAGCCTAGCATTAAAGTTGCTTGACTAATAACAAGTTT
TTCTTCTCAGACAATGCCTGTGGAAGACAAGTCAGACCCCCAGAGGGGTCTGAGGAAGC
GTCTGCCCCGCAAGAGTCCATTCTCACTGCTGGGACACTCATGAAAATCTCCACGTCTC
AGATTTGTAAGAAATGCCCTCTGGGAACCAAACCGAAAAATGCATCCAAAGTTGCCTAT
GGAGCCATGAAGAAAAAAGACTCAATAGATTTGCTTTTGTGAAACAACAACACTTCCAT
GGGCCTGGCGAGGCCCCCCAGGGCTGGCACTGGATCGACGAGGCCCACTCCCGCCCCAGC
AAACCTACTGCAAAGAAAAAGGAAGATGATGACCATTATTTTGTGATGACTGGAAGTAAG
GTGAATAGAGAGAGAGGGAAACAGGGAAATATCTAGATCTGTGTGCTGATAACCACTTTTTT
GCAGCATTTTTCTTTTCTGATATGCGCCTTTTTCTCATCGTGGGGGCTCATGTTTTT
AGTTCAGCGAGAGTTAATGATTCTGGAGTGTTTATGTTTATGCCAATAATACTTTTGGGA
TCAACAGGATCCCAAGGCAGAAGAATTTTTCTTAGTACAGAACAAAATGAAAAGTCTCCC
TGTCTGTAACCGGGATCATCATGGAAGGAAGGAAGAGTTTGTGAGGTCTGAAAGCT
CCTGGAACGGTGGGCAGAGAGCCTACTAGGAAATGTGCAGAATAAACTATTTTTTGAAGG
CCCATGGGACTGTTATGGCCATATTCTACAGTATAGTAAATTTTAAATTGGCCACATT
GACTTGATGCCTTTTGAATAACTTTCAATAGAATTGTCTAAAATTATCTTACTGGTTGTT
CTCGAAGGGATACTGGTTCGTCCTTACTGCGGAAAGCTTGTCTGGTATAAAGATGATGA
AAACCACAGGAATTCACGTTCAAAGGATGACGCATCTCAGAATCAGGTGGCCTTTAGTGA

TTTTTGGTACCACAGTTTCCCTCTTGAATGTACTAAAACACAAAAAACTGACAGCTCTGA
TTGCAGTTGATAAACTGACTTATAACTCTGTTTATCAATGTCTCCTATATTCAAAGCCC
GGGACGTCAATGCTTACTATTCCGGTATCTGACCATGTGGTAGTCTTCCAGCTGGACTCC
TATCGTTCTTGATCATAAGCCGCTATTTATATCATGTATCTCTAAGGACCTAAAAGCAC
GGCTGTCTTACAGGTCTGATGTGAAAATTCAATCACGACGTTAACCGGCTCGAGAGAGC
CCAGCGGGTTCCTCTTTCTTGAACTATAATAATACCCTACACATGTGCGTAGAACAT
GAGTTAACTATTCAAGACTTTCGACTTGCAAAGCTGAACCCCTTGTTTATTGCAAAGTCC
ACACTCATCTGACTCATTCTTTATTCTATTTTAGTTGGTTTGTATCTTGCCTAAGGTGCG
AGAGGGCAACACATCTGTGTAAGCTGCTTTTTAGTGTGTTTATCTGAAGGCCGTTTTCCA
GCTATTTCTTCTTAAGCATTGGAAAGAATTCACTTATTAAGCCATGTGAGACTGTAGT
GCTGCTTTTGTCTTTGTACCTTTGCATCCTTTGTAATGAAACGTAATAAAAATCCAACGT
CCTGGCTCATTCTTGTTCGCAAGTCTGCTAAAAGATTCACTCAGCACAGCAGGGAAA
CCCACCTCTGTTAAAACTTGACTACTCTCCTCTTTAATAGAAAAGTCACCATCATCTGTA
AAGAGAAGTCACATCTTCCAGGGAATCGCAATGTTGTGGCGTCTGACTTGTATGTCACAT
GGAATCCCAGGATTCAACTACTGCTCTTCAGACGGCGCTGAGCCTCATCTCCATGACCTC
TTTTTGGAGATGTCTAGGAGAGGAAAAAGCTACCAATCATACTCTTGATATCCGTCTGGC
AGATCTATTGTAGAAGACTAGAAAAACATAGGATGTGCCAGCTGAGGCATTGATCCTGG
CAGCCTGACCGGTGCCACATGAACCTGAAAGGAATCAAGATATAATTTATTTTAAAAATA
AAGACGCCAGGTTACAGCATGGGAAAATGGGACTGTGGAAATAAAGTATATGTGTGGAGAG
TTACCGCCAATGTCCAAAATTACGGTTTGAACATAATTGGAGAACCTTTCCTTCAAGCA
ACGGTGCCACTTGCCCAAAGTTACTATGGTGCTTAAGATTGTCTTGATCTGACATATA
AGTTAAATGGACTGTCAGTCAGTGAAGGTCATGATTCTGAAGATATTTTGAAGAAAAGTA
GGGTTATAGAAATCTGGAAATAAGAAAGGAAGAGCTCTCTGTATTCTATAATTGGAAGAG
GAATTTACAGTCTCTCTCAGTGATGTTTTATTGACATGGAAATACTTGCTCCATGAGAAA
AGAAACCTTATGAGTGAAAACATGTAGGAAAGCCTTCGGTCATTATGATAACTTAAAGG
AGAGCTCAAAGGCAAGAAATCAGCAAGAGAGAGAGATGAAGCATGAGAAATGAGCAAAA
TTGTTATGCCTTGCTATTTAATAAAGATTCTATTTTCGTATAACATTGTCAAGTGAAAA
TAAGTGAACCAAAGTCTCGGAATTCTACAGAGAAGGAGGGAATCAGACTGAGGAAG
GAGCTACGAAGTGAAGAGTGTCTCGGAAAGGAAGTGGGGTTGTTAAATTGTTTTGTCCA
ATCTTGCTGACTATACATGGGAAGAGGTGTTTCGAGTAAACAAGCCAGAAAGTGGAGTTC
TTTCAACTTCTGCCTTTCTGTGTACTCCCTTATCCCCTGGGTGATATTATTTGGCATGG
AATCTGAATGAATTGTCTGATGCATCGTGACTAAGCTTGAATGTGCCAACTGTCCCCA
TGGTATTCCTTGAACATGCATACCTTTCCAGCGTGAGGGACATGGACCGTGCCGTGCGA
GTCACCTACTGAAACCCAGATTTTAGACCTGGCCTGTCATTCACTGATCATGAAACTAAG
ACAAAAATGAACTGAAGTTTACATGAGCTATTTCCATTCCAGAATATCTGGGATTCTAC
GGGAGCAGTGAATCAAGGCAGACTTATGAAATCTGTATTATATTTGTAACAGAATATAGG
GCAATTTAAAGACCTCTTTGACCTGAACAGCTCTGAAGAGGACGACACTGAGGGATTCTC
TTTTTAAAATTTGATTCCAGTTAATAACAGAGGTGGTGCCAGAATGCCTGGACTGCAGTG
TTGTTTTTCCCATACCAACTGCTTCTACCCTCCCCTATTACATACATCTTTCAATGTCC
ATTAGCAGTGATATAAAGAGTGACTGAGAGAAATGTGAGGGTCTCAGTGTCTGAGAAGGG
AATTTGTCCTTTAAAGCATTACCTGACTTTGTGGATAACATTACCTGACTTTGTGGAT
AAGAAGGAGAAGGAGAAGAAGATGACGTAATAGAACACTGATGGATTCCAACCTTCCTTT
TCTGTGTGGGCTGGGCTGGTCAGAATCAGGGTGTACCTCCCCGACACCTTCTTTTTCAGT
CATGACAGCGTCTGCTTGCCTTGTGTCTGTTTTATGTTTTATATCTACATCTATATATC

GACAACACTTCTGAACTATATTTTGACAGAGCAACATAGTAAAAGAGTAGCGGTCATTTT
TGCATAACATGCTGAAAGTCAGGCACTTTGAAAGCAGAGGAACCTGAGTTAAAATGTAAG
ACAAGCACTTTTTTATGATGTACTAAAAGCCACAGTATGTGGCAACTGCAAAAAGGATCAG
GGAGTTTTACCCTAAGTGGGTGTTGTTGAAATAAACTCTTCTCGTAAATGCTGAGGGG
AGGACAAAGGGTCAATCCACAAATTTGTCCCTTACCTGATTGCTGGCATCCAACACTCAT
CCAGAACTTTCTCACGTCATCGTCACCAGGCCTAGCTTCTGCATCTGGTCAGCCTTTTAA
CAGCATTGTGCCGTAAACCTGAGTCAGAATAAGATGTAACAGAAGCCAGATAAAGACTC
AGAAAGCTGCCAAAAGTGCTGCTAAGGCTGTGAAGCCCAAGGCCGCTAAGCCCAAGGTTG
GGACAGCCTTCAGACATCAGTAGCACTTACTGAACATCAGAAAATTCATACTTGGGTGA
TTCTGTCCATTTTTCTGAGTGCTTTTTGCCAGACTTACACTTTTTCTGAAAGCTACTCCAC
CCTCTGGTTCAAACCTTCGCGTGGCATTTCACATTATTTAAAAAAGACAAAAACAACCTT
GAACAGAAACAGGTGATTTTCTCAGCAGAACAGACTTATGAGTTGATGCGGTGTCTGGAG
GTTGGTTCAGTCTTCTGATTCCATAGATTGGAACGATTGAAGAAGGACGCTAGTGG
CGTAAATTAGTGAAGGAACTCCGATGCGTTGGACAAAATATGAAAAAATCTTCGAAATG
TGTGAGGATGACCTGCGTTTTGAGATCTTCTTCAAGAGACGTCTGATGAACCTCATGC
CAACTCTTGATTAGAAGTCTCAGTTGAAATCCACTACAAAAGACATCATTCCAGACTA
AGGAGCTGACCATAGTGGCAGGTGCTGTTTCCAACCAGCTCTTGGTCTGGTACCCAGCAA
CCACGGTGTCTTGAATACCCAGTTGCTACCCAGATTTGTATTTTTATGTAAACAAA
GCTAAAACCATGTTTGTCTTCTGGTACTACATGCATTAGCGAAAGGTTAAGTAAGTTTTG
TTTTACAAAATACCATTGCCAAGTTTTGCAATTAAGTGACATGGAAATGTTATGTTGA
CTTGGCTGTCGTTATCGTTTTCTGGTGATGTTGTGCTAACAATAAGAAGTACACGGGTTT
AAACAAAGTGACTGTTTGGCTTATAAACACATTGAATGCGCTTATTGCCCATGGGATAT
CCTGTGCAGGGTATCCTGTAGGGTGACCTGGAATTCGAATTCTGTTTCCCTTGAAAATA
GAAGATTTGATCATATGCCTACGTGTGTGGTGAATACAATATTTCTTTAATCGCAATCAG
CAGATGATGAACTTATTGACGGGCGGACAGAACTGTGTGCTGATTGTCACGTTCTGATT
AGATGATAAGTCAGTTGTAGCATCCATCACCGAGAGTCTGCAGAAGAAATCAAAGCACCT
ATCTTGAGAACTGGCTGCCAGTCTCCTATGTCCCCTATTATCTCCCCTGCCAGAGATCT
AGGCAGCCAGTGTGACACTGCTTAACTGCATTTTTCTAATGGGCTAAACCCAGATGGT
ACAGTGCACAAAGAAGAAAAGCGGTCAAACCTAACACAAAGAAACGCGGTTTAAACAGGT
GATAAGTACCTTCAAGCCAAGTTTGCATAACCTACTTTCAATAAAAACCCTCTATCTTG
TTCTACATGAAACATTTTCTCAACACACATTCTCATGAATGGTCTCATTCAAGGTGTAA
ATCTTCCATGCTATGCGGCACCCTATCATATTCTTCTCTGGCCTCATCAGTGATATTCGT
CTTCCCAACATCAGGTCTGCAGAGCTGCAGGAGAAGATGGCCTACTTGGATCAAACCCT
AGAAAGTATCAAGGAGTGAGCTGAAGCCACTGCCCTTGAGAACCCTCTCGAGGAGTCTGG
TTCATCGTGCTGTGGAAGAGGAAGAAAGTCGCTTTTGACGGATTGTGGTGTCTTTCAA
AAACCTGGGCTTGTCTCCACTTCACGTCACAAAACGTTTGGAGCTAAATGCAGATAACC
ATCTTCTATCTGGGCAGACCCCCACCCTGCAGATGCTTCTAATAAAAAGCTCTTCTCAT
AGATTAACCAACAAAGAAAGATTGGGAAAACATAACCTCAGCAATTTCCAAGAAACTG
AACCAAGACCTGAAAACCAAGTATGCAAGGTTTCTGAATCTCTCTGGTAGATTAACCTATT
GAGTGCTTGTGATCAGGTGTTTTCTTAATAAGTAGGGATATGATCATTTACAGGAATTA
CTGGAGTGGGTCCAATATGAAGTCTCCCCCGTGGAACGCAGCCACCATCAGAAATCTCT
CGAGCTGGAATGTCTTCTGAAAGGTTGAATTGAAGCTTCTCTGTATCTGAGTCTTGA
GGCTGTCTGCTTTTTGTAACCTGAAAAACTGGACATCTATGTTATATGTAICTCATGGATA
TTTTAAAACAACCTCAGAAGCCTCCTGCTCCTCTCTGAAGGCATCCTTGGACCAGTTGT

GACCACTACCCAGGTTTCTAACTTTGTAACCTTGCTTCTGATGTGGGTCCCTAACCTATA
AGA ACTGGGGTTGTTAGAGCTGAGATGACTGTACACATACCCCTGCCAATTTATATAGC
AGAGTTAGAGAAAGCAGCAAAGACTACAAGACTTCAGAGTCACAGCTGGCTACAAACCCA
GTGGAGCGGAAGAACAGCCTGAAGAAGGGCTCCCTCGTGAAGAACCTGAAGGACACACTA
GCTCGTTCGGTGGTTATGTTTAAAGACTATAGTATATGACTCTCTTCAAAGTATATCAAGT
AGCAGTCCACAAAGCATTTCATTTCTAATGGCCCATGGGAGCCAGGCCAGAAAGCAGG
TCTCGCTATAGCCTGTCTATCTACAGGAGATCTCGCTACAGCCGATCTCCCTACAGACGA
ACCCCGCTAAGCCTGCTTCTCACCTGCACAATGGGGATAATAAAACCTACTTCCAAGGGG
TTTACAAAAGAACATTAATACTCCCCAGATGCTCACTGCTCTGATCATTCCCCTACAG
ATTAATACCTGATGAATGGGTGATAATTGCTAACACTGTGCAAAGTACATTAGCTTCACT
TAGCTCAGTATCATCTCCCTTCATGTAAGCAGCACGTTTTAACTCTTAGGAAGCTGAATG
ATGGCTTACAGTTCTGGCCTCCAAATGCAGGATTTTAGCTACACTGCCACATCATTCAAC
GTGAGGGTTCATCTTACGAGCAAAGAGAACCAATAAAGTGACAACGAACGTCTGAGGCTT
ACACAGTCCACGTACCACGAATCACACAACAAAAGGAGGAGAGATATTTGGGTTTCAG
CCCTGCCCTTCCCATCTTAGGGTGTGCTCTGAGACAGACTCTTATTCCCTCAATAAAGAG
AGGAGGCATGGAAACCAAAGGCCGTGTGTTAGAAGCCTAATTGTCACATCAAGCATCA
CATCTCTGAGACACAGGGGCAGAAAATGACATTCATCTTTGAGTCCTCATCCATGGAGT
ATATTTGATACGTAGGGGTTCCATGAGAGATTTTGGGTTTTAAAGGAATGGTTTTACTGC
GGATCTGGTTATTGATACTTAATAAATGTGGTGTAAAGAAAATCCATGGCTACAGTCTG
CAGGACTGATCGATTTGCACCCACCTTTCTGCACATAAGTTATGGTTTTCCATCTTATCT
CTCTGGAGCTATGAAAGGCCCACTTTCAAGTCACCCTTGCCACTGAGGACCGAGGACTA
TACATTGCCATAGTTAGTACGACTGTGGAAACCAAGGAGCCTGAGAAGGAAATCAGACCA
GCAGATCTTAGGGATGATTAAGGCAGCATTGATGATAGCAGACATTGTTACAAGGACA
GCAGAAACCCATCATCTTTGTTAATATTTTCGTCATTACAGGAAAGAAGAAAATACAGAGAC
TTTCTACTAATGGAATCCTGGCCTTGAGAGGATGTTACTTTAGAAGGAAAGGATTTTTT
CTGCCCTCTAACTGCTCGGATATCTGGCAGGTTCTGAATGTGAACCAGATAGCTTTCCCT
GCATCCACACGGGTGAGAAACCCTACGAGTGCAATGGCTGTGGCAAGAAGTTCAGCCTCA
CTGGGAGCCATCTTATTATGCCTTGGTGTAGCACTGACATTCATCTTCCGTTTAAAGAAA
TTTACTAGCTGAATGGCCAACAATGGAATTCAACAAATCCATCTTGAGCACGGCAGCCAG
AGTAGCCAGCAGCTCCAGAACCTCTTCTCCTTCTTGGCCTAACTCTTCCAGTTAGGAT
GCAGACCTGGGTGTGCAACGGCCCCATCAGCGTTTGTTCATGAACAAATAAATGTCTAA
AGTGATGGGAGGCAATATGACAGAGTCTTTAAGAAGATGAACGCTGGAGCCATACTTCCA
GGAGGGATCACATCTACCAGTCTCTTGGCCTCTTCCCTCCACCTCCTACAATGCACGG
CTACTGGATGAACTTGTACAGTCATTGAAGGAATACGCCAATTATGAATCTTTAGTAGAA
GATAAGTTGAATAGTGGCCAGACGAATCACTAATAACTCACCATGGGACCCTCTGAAGAG
AATAGAGTTTTCTGCAGTATGCTTTTAGTCTAAGAAAAGCACAGATGGTGCAATACTTTC
GGTAATCCGGAGTGAGCAATGGAGTGGCTGCCATGGAAGGAAGAAAAGCTGCCATTTCCC
GCCAAATGTCTGATAATAGACAAGAGAGTCAGAGAATGATAACGACATCTCAGGAAAATT
AGCTTTGTGTCAAAGGACAAATAAAAAGGACCTATAAAAGGCATACCAAGCCCAATGG
AAGGAGCTTCTTTTAAATTTTGTCTGTAGGAAATGGTTGAAAACCTGAAGGTAGATGGTG
CGGGTCTTTATGTCTCACTGTTCTTACACATAGGAGGAAAGAGATAGGAGACTGAGGAA
TGCCGCATCCTTTTTCTGTGTTACGTGGCATTCTCTAACCCAGGGCAGTGGTTCCTTC
CCGTCTTGAAACAAGAAAGTGATAGAAGCAGAATTTAAGACCTGGAGAGGAGGATAAAGC
GCCTGTGGGATGCCTTGTGGGACGTCTCTTTCTATTCAATAAACAGATGCTGCAGCCTCA

TTTCAGAAAGTCCTTAGTGCAAACCACCATTGGAATCTAGTCAGAAATGTCTGTCAGATA
TGTGTTGCATGGCCCTCCAACCAATTCAGTATTTTTCTCCCATTTTCCAGGGAGAAAT
AATATCGGAGATGGCAAAGGCTTGTGACGGAGATATCTCTCTTAAGCCTTTCCTGCATCA
ACCTAGAAGATGCTGAGCCAGATGACTCAATTACTTCTCCAAAATTCATCAATTAGGTA
CAGAGTGTTATGGGTTTTGGAATTTGTGGACACAGATTTAGAAGATCACCATTTACAAAT
CTCTGCCATGGTGTAGAAATTGATTGCACATTGATTGGATGAGCCGGGGTTTTCTCTAA
GCAACCTCTTTCTCTACCTACATCGTGTCTGGATAAAGGTTTTGGCTCATAATGTC
GGCCTTTTGATTGCACAAGCCTTTGTTTTCAGTCCTAGTGAATAAAGTTGTGTTTTCTGG
TTGTGTAGAAGCTACGTAGGTAGCACTGAAAGTCAGAGAGAAAACCACCAACGCTTCGAT
ATGCTCGTTTTGCAGAGAAGGCAGTGTTCTCTATTCCCTTCTCCGAATTAATAATACC
TATACTCCCTTTTTGAATACCATTTGGCGTTTTGAAGAATTAACAGCTTTGTGAACGTG
GAATTTGACCTTCTAAGATCAAGTAAGGGACACTTGAAGGCTTATTTGCTTCACAGTAA
GAAGTCATGACAGAAGAATGTGGATTGTGAAGATTTTATGGACATTTATTAGTTCCCAA
TTCTTAACAAGTCTCAACCCTTCTGCACATAATAATTCATACTGGAGAGAAACCC
ATGTGATTGAGTTCTATCTACCAGAAGCATATGCCTCCTGGAAGCCTGGTTCTAACACCT
CTGCTACTGTGTGTTGCTGGTTCCAATGATACATAATTTGTGCTTTTCGTAATTAAGT
CTATGGCTACCCACTCCAAAACACTACAGCAGGCTACAAGGAATCCCTGAAATGAATAGAA
CTGGTTGGCATCTGTCTCTGAGGAATATATAATTTTCAGTGAAGAATGTTCTCATTTTTAG
GATAGTGGAACTTAAAGGGCTTCATCTCAGTGCTTTCATAAGTATGAAGTGCATATATTT
GAAATAGATAAAGGCATGTGGAAGAACTGCAGGAGAAGTTTGCCCCAAGGGTCTGAG
GTCCAACACAGATTCTGCCTGGTCCAACACAGATTCTGCCTGAGCCTCCTTATTTATTTT
AGGTTGTCTTCTAGAATCAGAGCCATAGCCTTACTTGTGGCCTTGGATCTAGGTCTGTTT
ACAGATCTAGTGAACATTAGTTTTACCTACATGGTGGCTGAAAATCCAGAAGTAACTAAG
TATTATAAAGGTTTGTACTGTCTGAGTGCACAGCTACTGGAATAAATTTAGGGAATCTCA
ATCAGATCTTAGCTGTGCATTTGTTGCAAGCAGTCCTTCGGTCATGGGACAAGACCAAAA
CTGTGTTTGAACAAAGCATCGTAATGCAGGATAACTTCTACTTTATTCCCTGTAGTTAAA
TTCTCTGATAACCTACTTGCTTACTCAATGCCTTTAAGCCAAGTCACCCTGTTGCCTATG
GAGCAGGCTATTTCTGCTCCATGAGTCAATTTTGCCATATAAAATACTTAATTTAGCCA
TAATGCCACTCTGAGAAAGCTCAGTACGGGTGCAAGTTGGATTAAGTAATTGCAGTGCGA
TGATTACGGCCTCAGAGCTGGTCTTGACCCGGCTTCGAACATCAAGTGGAGCAGAGGAGA
TATGCGTTTGTGTGCAGCTTCTTCTGCTCCCTGCACATTGAGGGCTTCATGGGGGGT
GTCAAGAAGTAAGAAGCACAAAGCACTTACCATCAAGTAAGAGGGACAGGACTCCCAGTA
AGAGAAAAGCTGGAAAATGCAGCCAGTGGTCTCAAGGCTTTCAAAATGAGACCTTAATA
TTTTCTAGTCCTTTCACCCAGGACTCTAAATTATTGGGGTAAAAACAGCCTTGCAAGA
ATGTGGGAGGAAACAAAATGCAAGTGGTTAGGTAAGTACTGCTCTATTTATCGATTTATCTCT
AGATGGTGAAAACAGGAAGACCTTCTCATCCCACTATCAGGAAGATGAGGAAAGAGATC
CCTAATGTGTTAAATGAAGATAATGCCTATCTCACTGTTTTGTGTGTGTGTGTGAAAA
GAAAATGAGACCAGAAGATGGAAGAATCTGGATCTCAAAGGTAACCTGCCAACAAAGAA
TTGCGGTGATAGGGCCAAGGGCCTGGGCCTTCAATTCTCCAGACTTGCCAAAATGCTCAG
TGAAGCAGTGCCTGCTGGCCATCCTAATCTTGGCGCTGGTGGCCACTATCTTCTCGTGT
CATCTTGGAGTTTTAGTACCACATGGGAGATAAAGGGTTTTGAACATGAAATGACAAAA
ACATATCTCACCAGTGACTTCAACATACTGTCTTCCCCTCGACAGAAAGAACTACAAAA
CCGATAAGCCCATCATGACTATCAAATTCACCTGTATAATAAACAGTTTTTGGAGGGATT
CAACTGCTGTTTGTGTGCTCATAAAAGTCTTGTTAGAAATTAACACCTTGTGTGAATAA

TTTTCCATGATTAGGATAAGTAGCCAGGGCTTGGCTAGTTGGAGAGTTACTCGAACCTCA
CACATTGAACTGTATCATTTTTCATATCCACTTCCCACCACTGAAATATCTTATTTACA
AATGTCCGTGTTGGTATAGAAATGTCTAAATCCTATACTCTAGTTGAGGAAGATCTTCCA
CATGGAGAGTGTCTGCGGATACTTCCACAGGTCCCACAACCGCAGCGAGGAGTTTCTCAT
GCGCGGGCGCCGCCACCGCCATACTAAACGATCGAGGAATAAAGACACTTGGTTTTTCT
GCAAAGGGAATCTCTTGCCTGCTCCATCTCATAGGCTAAGTCAGCTGAATCCCGATAGTA
CATCAGAGATAACCTCGAGTTCTTGGTGTAGAAATTATGTGAATAAAGTTGCTCAATTAG
GTAGAGAAAATTCAGTGACGTACATGGCTCTGGTTCTGGACACAAAATCTGTACTGGAGA
GGTAAAGGATGAGGGCAATTTTATGTTAAGTGTATTTTACCACCACTTAACTGATTTTTG
GATGCAAGGATAAACCTTTACTTTGACTACCAGCCTGTGTTTTTGTCTTTAAATCTCTTA
CTTGGTTGAGGAATGAGTATGTGACATTTTATGTTGGGCACATTTTGATACTACTTTAAA
ATAACTCTTCCCCTGCATATTTCCATCTTGAATTGGTGGTTCTAAATTCTGAACTGTA
CATTTCTACTGGATCAGTCAACAAGATTTGAGTACTTTCTGTGTGCTCTGCATCATTCT
AGGACTTCTGCTTTCTCCGTTGTAAAGTTTTGTTCTCTGGTTTGTCTTACCCTGGCC
GATTTATTTCTTCTAATCAAAGATGCATAACAGCTATTATCTAGGGGACCACCAAATGTG
GCTTTCGTTGACTGCTTCTCTGCAGTCGTTGATGCTAATAAATATTGTCCTGTTTCTTCA
AACACACAGATCTCCAAGACCAACACACAGACTTACCGAGAGAGCCTGCGGAACCTGCGC
CTCTGATACTAATGTACTCAACAGCCAGGTATAAACTATATCTCCTAGTAACATTTTCCA
TCTTGTACTGAACTGATTCTACCTCCCTCCTCTAGACTCAGTAAACAGTGACTATTCAAT
AGACATCTTTTTGATTGTTCTGTCCATCTGGAAACACTGTGGCTGACTCTGTGTTGGCA
GTTTAATTATGTTACTTTTTATCCCTTTAGGAGCGTTTTTCTAGATTTTGGTTGCTAAGA
AACATCTCTACAACCTGGAATCTCCCTCCAAGACGGATACTCTTTATAATAAGATTCATTA
AAGTTTTCATATGCACAGAAGAGCAGTTGGAAATCTGGTCTGACTGCAATAAAAACAAGATGA
AACATGTGATTGATCTAGAAACATTTTTACAGTGCTGCTGTCAAGTGTTAAAACCCGGTG
AATGAAGACTGTGAGCTGAAGATTCTGGATTTTGGACTGGCTCGGCACACAGATGATGAA
GGGACAGATGGATGGGCAAAGAATAGTTTTGTTAACATATTAGGTCATAGTTCTTGATT
GTATTTCCGCCACCCAGATAAAATGAGTGTTCACAGCTGCCGTTAATTTCTTACCCTGA
CACTCTCTTATCCTGGGGGCTCTGTTACACTAATTTGAATAAACTCTCCCTTTCTTTG
CAGAGGAACAAGCTGCTCTTTATTGAGACCCAGGATGGTGCCGAAACCAGTGTCGCCCTG
TGAATGTCAGCTTTTGGCACTTCTGGTCTGCTCTGAGCCTCCTACTCGCATTCTGGAGCA
GTGACTCTAGTGATCTTTAACATACACAGAATGATCTACAGTGATCTTTAACATACTCAG
AAGACCATGCATCATAAAATTGCCAGTCTTCAGCGGAGCAGTTTTCTGGAGATCCCTGG
ATGGAGAAAACAATGAAGACGTCATTGCCTAGAGTATTGGCAAGCTTGCCAGTGTACCTG
AGACCTTCTATAATACCTCCATTGAGGAAATGCCCTCAATGTTGCTGACCTCATCTGAG
ACAGGTAAGAGAATGCAACTGTTTGTAGAGGAAAACTAGATGTAGTACATGTGAGTTGA
AACATTCCTGAGAAGTGGACCCAGAGGTGAAGCACTTCTGCCCCAACGTGCCCATCATC
AGAAAAGGGAGGACAGCCGGAGACAATCGTATTCTGATCGATACTGATGTAACTTGTG
TTGTAGATGAACTCTTCTCAACTCTGTTTTGCTATGCTATAATTCCGAAACATACAAGAC
ACTAGAATATAGTGCTTTCACTACTTGATTGTTAACCTGTTTTCTTCTGATGCCATCAGT
GGGTCTAAGTGTCCGAGACTTAACGAAAATAGTATTTTACAGCTGCAATAAAGATTGAGTTT
CAAAGTGTGCTCCTTAAACACTCATGCCTTATGATTTTCTACCAAAGTAAAAGGGTTG
TTCCTCAGAGCCTTGAATTCTATTTTATGAACCTAGAGAAGCAGAATCCTTACTTTTGT
TTGCTGACTCCATACTTAATCTGTTTGGCCTGGGGCTCATTGGGCCTGAGTCACCCAGCG
TGTGTCAACAGATGGATCACTGGAATGTGGGGATTCTGAAACAGAAATGAACTGTCCTT

AAGCAAGGTCAAGAAATCCCACAGTTTGATGTATTAAGAAATGACTTATTTCTACTCAA
CAGGAGTGAAAGCATATGAATGCAACCGCTGTGGAAAAGCCTATAGGCATGATTCATCCT
GGACCACTCTTACAAAGTTGGTTGTGCTGTTACTCCATGTTCAAAAATTGGACATATTAT
AGTCAAGATCAGATTCTAGTGTTCAATAACCCTATGTGAATCAGCTGTCTCCTGGATAAC
TATCTGGTTGGCCTTTTTGAAGACACCAACCTGTGTGCTATCCATGCCAAACGTGTAACA
GACGCTGACAACCTGTGAGGAGGTGGTGAGAGAGTGCGCCATCATGTGTGTCCCAACCTT
GGAGGTGTCCGAACTAAAATGTGGTGACGTGAAAGAACTCAAGAATGTTACTAACAACT
TCCAGGATGAGTTACTTGAAATTTGCCTTGAGTGTGTTACCTCCTTTCCAAGCTCCTCGT
TTCAGGTACCAGGATGCAATGGATTTATTTGATTCAGGGGACCTGTATTTCCATGTCAA
TAATTGTGTTACAAGAGGCAGCCATAGCAAGAATGGAAAATCCAGATCAGTAAAAGATT
TTCCGTA CTCCGCTTGC GGATGTACCCGCCGCTATTCAGCTTCCGGGCTAATTAGCAGT
AAATAAAGGCTTTGAACCTCTCTTTCCAAGGTACCTGGACTATGCCAGAGTCCCAATAG
GCCCCAGTGCAAACCCCTTCTACTTAAATGTTATCATGTGAACAGATTTTATTTGCAT
TACATTGATCCTGACACAAAAAGTTCCTGCCCTGGACAGATAAAGTGCCTCCTTTGAG
CACCGTGAAACAAACGCCTCTTGTATTGTATGTACATAGTCCATACCTGAGTGCTGTA
CTTGTTCACTCCACTGCCTCTATCCATTGAGTACTGTATCGATATTGTTTTTAAGATTA
GAAGGAAACAAAACAAAACAAAACACTCAAAAACCAGCAGTGCTGCTATCAGATAAGTA
AAACTTTATTAGAGGATGCCATAGAAGTTTGCAAGAAGTTTATGGAGCGCGACCCTGATG
ATATTCTCATCGTTAGTGGGGATGTTAATTTGGCAGAGAGTGATTTGGCATATACCCGGG
GAGTGGCATTGTGCTGCAGCCAACCTTTGCCATTA AAACTCTTTGCCAAAGTTTAAAAAA
GGAGTGTGCTTTGATATTTAATAGAAATCACCTATTGCCCTCTAGAAAAGCTGTACCC
TAGATTGCTATGGTTTAGGCTGTATATACAGTGAAAACCTATGGGTTTTAAATGTTTGGG
GCTGGTATAGGAAGTTTCTTTCTTCTTTTGTGTTACATGTGCATTAACAGAACAAAGT
AAACAAAATGCCTACATCCAGGCACACGACCAAGTCAGCGAGAGCTAGCCCTGGTAAGCA
TTCCCGGAGAATCCAGCTGGGCTAGAGGCTGAGCACCTTTGGAAACAACATTTAAGGGAA
AAGATGGAGTGCTCTTTCTAGGCCCATGTTCTGCCAGCAACCGGGATGCGTGGGCAACT
TGAGGACAGGGACTTTAACTTCATTATATTGCTGTTGCTGTGTTTCACCTTTGAATGAT
GAAGCCCATGGGAGAATTTTGGGGATGTTTTGGTCTTTTCTTCTTTTGTAAATAAAAATT
TTGAAGAGGAGTTCCCTGCTGCCTTCATAAACCACCCATTGGGACAGTGACCCCTGCT
ATCTTCCCTGGCAACTGGGACAACCACTCCCACAAGAAGA AACTTGTTTGAGACGCCCATC
CCCTCAAAGAGAAGAAGAAGAAAAGGACAGTGGAGGAAGAAGACCAAATATTCCTTGATG
GGACTTGAACAATGGATGGAGCAGAAGGGATAAAAAATTGCATCATTTTATCATGGTTTT
AAAGACAGACAAGTAGTAAGA AACTTTTAAAATGGAATGTGGATGTTGAAGCCTTCCTTCA
TGTAACCACATAGCCGTATGCCAGAGAGGAAGCCTTGTTATTGGGCATTTGATGAGGTTT
CAAAGGGCAGGTGTGGGGGTGGATAGGAAGATCAGGATCTCTGAAAGGGAAATTTAGT
AACAGCATTCTATCATGGAAGGAGGAGATGAAGGGCAAGGGCCAAAATGATGGATGCATC
TTGCACTGCGATATCATCGGGGATGCTTTCTGGAAGGAACATCCAGAGATTCTAGATGAA
GGGGACTTGTTCCAACCGGAGCGAGGACTGTATCATCTGAACCTGACCGTGGGAGGTATT
TAGTTACCTAGATTGTGAACGATCTTGTGAAGCTGACATTTTGAAGAACACCAGTTATAA
GCACCAAAGACTACATTGTAGTTGGCAGTGA CTCTGGTCAATTGTTATTTTGAATAACC
TCACCAGGACCTCAACGGGCAAAGTTGTGCACACTAAAATATCAAATCAAGGTGCTTGGT
AACAAACAATGGTCCAAGTCTAACAGGATTGACTACTATAGCAGCTCATCTAGTCAAGCA
GCTTGATTTAATCCTTCCACATTGTATACATGTATCAGAACATCACATTGTA CTCCATCA
CATGGAAGGTTTTAGCTAATGCCAAGTGGAGATGCAGAAAATGCTAAGTTGACTTAGGGG

TGGCTTAATGACAATGTGCAACATTGAGGTTAATTAATGAAAGAGATGTAGTCTCTGTGG
ATAGATGAGAAAGCACATATCCCTCCCCAGTAAGACGCTGTTTTCTTTGGGCCTACAA
AAGTCAGTCAACTGAAGAACACCATCAAATCTTTGAAACAACAGAAGAAACAAGTGGTAC
GGAAGGAAAGCAGTTCTCCAGTGCTGATGAAGCGGCTTTAAAAGAGCCCATCATTAAGAA
AACGAAGCTCGAGCGGAAAGACAGGACCGCGACCGCTTGTGAGGGGATTCGGCTTCCAGT
GTTAAGAGTGAGTATGAGTGGCAGAATGACAATAGCTTTGTTAACCGCACTGTAGATTAG
CTCCCTGGGAAAAGTGGCGTATGGCCCTGAGCTGGGCTTTATATTTTATATCTGCAAATA
CTTCTTGTTACCCCATAGCAGCCAATTCTCTTTGTTACTGCTTAGCAGCCAACCTTTTT
GCCTTTGAGAAAGTTCAAGAACTATGGTTGGTCACGTCTATCTACAACCTAATCCTACTC
TGCCCTGGTGGGTCATACGAATACCGATTTTAATTTCCATCATCGTCAATTTTGTCTTT
GAGGGTGAGGGATTCTGTGGAAGTTTGTAATAAAGCTCAGTGCTCTGCAGCTCAAGTCC
TTGAACAGAGCTGCGCCTGGATCCCGCCACAGTGAGGAGACCTGAAGACCAGAGAAAACA
TAGATAAAGCAGATGGGGAGTTACGGAGTTGTTCCCTTACTGGCTGAAAGATATATTCGA
AAGCAGAGGCAGTCTATTGCAAGGGACCTTCTTTGCTGCCAGTTATCATAGGCTGTTTTA
AGCACTATTGGAATTATTTCCCGCTGTTGCCAATGGAAATCAAAGAAAATGGATGTGACG
ACGAGTTTTGAGCAGCCTCGTTTTCTACCACCTCCAAATCATGGAAGACACAGGGTAA
GATAAAAAGGAAGAAGATTTAGAAGACAAAAACAATTTTGGTGCTGAACCTCCACATCAG
TAACAGCAAAGAGAGTTACGAATTACATTACTTCTAGATTAACCAGGATGAAGAAGAGGA
GGCTGGCAGGCATGATTTTAAAAAATGTAATCATCAGTAAGAAGTACTTCCATGTTAAAG
CTCAGAGGACCAGCTATATCCAGGATCATTTCTCTTTCTTCAGGGCCAGACAGCTTTTAA
ATAGCCATAAATAATTGCTGGAAAATTGTATTTTATAACAGTAGAAAACATATAGTCAG
GTCTCGCTCCTTCAAACAGTCTTAATTAACCTTTCATATTAGCAGATTAACCTAGCAGAG
GTGTGTGTGTGTCTGTGTGTTTCCCTACTAGTTCATCCACATTTCCCTATGGTCTTTTTT
GCTAGATAATACAATTCTCAGTTCATATTTTCTTTGGAATATTAAGTATTGCTATAGA
CAACCAGCGATACGTAATCAAATGTAATTTTCCCCTAATAAAATTATGGATATGGGCAG
TAAAACAAGTCCCAGTTCTGCCAAGCCTAGCAACTGTGTGATTTCTGAGCTGCGGGATG
CCTGGCTGACAGAGTAAGACCCTATCTCAAAAAACAAAAAGCAGAAAGAACAAGAAGTA
CAGGAAGATCAAGAAAGTGGGAACCACTGAGAAGGAACATGAAGAGCATGTCTGTTTCGAT
CAACAACCTGTATGACACACTTAATGCCTGGAAAACAAATCTGAACAAAGTAAAAACAGC
GGCGGCCGGGAGGCGGGGGCGGAGGGGGCAGAGGAGGAGCGGGGAAGGACCGACGGT
GACTGGTTTGGGGGTGTCCTGTCTCAGTGGACACAGGACACCACGGTTTTTCAGTACAACA
TTTGGGAAATCCAAGGAGGAATTCTACAGCATGGCCACGTGGAGGCAGCGGCAGGAGAAA
GTGTGCTGTATTATACACCGTCTCCATAGTATTCATTGTTATGGCTAATCATCCATAGTT
GCTCTCTCAAGCAAAGCCCCAAGTCCCAGTTTCTCATCTATAAAAAATAATAAAAAATA
AATGGATGAACTAAAGGAATTGGGAGGGGGAGTAGGAAGAGCACACTTAAAGCTCAGGCA
CTCAGCCTCAGCAACCCAGGGAGAGGACAGAAATGAACCGATGGTTGAGGGATTGTCACG
TGGCTGCACAGAAAACAAGTTCTTCATCAGTATTAACCTGATCCTTTGCGTTGTGGCTTC
GTAAGTCTTTCTTCAAACCTCTCAGAAATCCTGATGACGTCTGGCCACAATTAAGGACTCA
ACAGATGAATGTACAATTGGCCGCAAGATTCAACACCTTGAGTTCAGCTGCTCTGAGAA
GCTGCTTTATTCTTGAGATCACATTCAACTACCTTGCCTTCTCACCTTTCTCTGATTGA
TTTCTGGCCCACAGCTCCCACCACCACTTCTGTATGGGCTCCTTGAAGAGGACCAGAAA
CATTCTGATTGTTGTATGGTAGTATATCCCTGCAATTTTAACTGGTGATATGGAATGCTT
CTCCTCTTATATCCTGAGACTTTGACACCAGATGTAGATATTTATCTGGAGCTGGAAAG
AGTGGCTGATTCCCTTAAAAAATTAACCTATGTTAGAGTCTCCACTGGAAGAAGAGACAGC

CTATCTGCAAAGTGGATTTTATAAGGTAGGATTTCTACATATTGAGTCATTTTTGGGGAG
GGGCGAGTTTCAGTGCCTCGCTGGAGATGAGTGTGCCTACTTCACTGTCACCATCACAGA
TCTCCTCCCTGATGAGCTTCAAGCCATGGAAGGTAAGAAGGGCGAGAGTGGAGGAAAAA
TGGCAGGAGGTGACCTACAGAAAATGGAGTAATAGCCTAGAGCAAGAAACACAGAACAAA
GTCCCTGAACTTCTTTATTAATGGCCAATATTGTATGGTAAAATCGAGAGTATCATCAG
CTCCCGTTCTTGGGAAGAGGGTGCCATTGGACCTTTGGCACTGGATGAGCCAATAAA
CTATGGTGGATTACACAAAAGAAATTAGTAGAAGAAAGAAATTTTGCTAAATTTCTTTTC
AATGATGATGAAAGTCCAAGCAAATTTTTATGGTGGGAGAATCTCCACAAGTGTCTTCC
TGGAGCAGACCATAGCTGAAGCTGTTATTTTCAGTCAGGAAGACTACCTGTCATGAAGGT
TGGTTCTCTGCCTTTTACTATACAGCATAACCACGCCACAGGGTTAGAACCAACGAAGAA
GCCAAGTATATCCTCAAGCATACTTCTAAAGAACTGCCCTCTGTTTGAATAAGCCAAT
TTTTCAATGGTTCTTTTGTGATGCCACCGCCTTTGTAGATCAGATGGCCAGTAGTGGT
TTATTAGAGGCCAGGTTTACTGGAGTAGGTGTTAGTAAGGAAAAGTAAAGAGGAGGA
GAAGGCTTTATTGTATCAGAGCAGTGCTAAAATTTCTAGGACAGAACACACCAGTACTG
TTGTTTTTATGTTCAATTTGCTGGAGCGCAAGACGTGCTGACACAGTGAGTTTTCTCTGAT
ATCATTGTTATAAAGACACATGCACGCGTATGTTTCGTTGCAGCACTGCCCATCAGTGACA
TTAAGCAGAACCAGCGAAACCAAGCCCCTCCTTCTGTTTACAATAAAG
GCTAGCGTTGTATCCCAAGCATCTTTTGTATTTGTCTTTATACTTTGCTGAATTTCTG
TGGGCTGAGGGGAACAAGCATTGCTGAAACTTGAAAAACAAGCAAATCAAAAACAGG
GTTGGGGAGGGCAGTTCACCAGCATCCATAGAGTAATAAAGTCACTGTGTGTAGACCCGG
GTAGGAGTGATCCCAATGCTAGAACCTTTGGTCAAATATAATTCTAATCCAGTCAAAA
ATGTCATTAGGCAGAAATTGGCACCGACCGTGTCTGAGGTGCCAGCGTTGCCACAAGACC
GAGGAAGTGACCTCACAGACCAGCTCAGAGATGTTACCAAGAATATCACAGCCCCAGGG
TCCATGGATCAAATAGTGTATCTCAGTGGTAATTCTAGAGGGCCATTAACCCTGATGG
GCCAAATTGCTCTTCAAAGTAAATGTGAGTTTTTGTGAATTACATGAGTATGGAATGGTG
GCAAGAGGAACCGAGGGAGAGAAGAAATCAACTTTGTGGAGATCAAAGGTGATGACCAGC
TTTGCTTAATGGCTGAGAAACACAGAGGAGAGACCCAGAGAGAAGGAGAAGGCCGCATGA
AACTCACCTGTGTGATGCTGAGGATTGTAGTCACACTTCTGAAAGGCTCGGTGAGGAATG
TTGCATGACTATTTGTCAAGACTTACCTGGTTAGGTCTCCAATTAAGATGTACCACCT
TATTTGACTGGACCCCTGTAAGTACTGACTGACATAACTGTGCAGGTCAGTGATTCCAGT
GACTTGCTGCTAAGTGTAAAGTGAAGTACTTGCATTACTGCTACTTTCCAATCAATT
GTTTTATATGCTGGAATCCAATGCAGAGTTGGTTTGGGACTGTGATCAAGACACCTTTA
TTGCCTCAAATTATGTTTGCCTGTCTTGTGTGAATGCCTATTCAGATGCATTATTTGA
TTCTTCACCGATTACTTCTTTTACTTCTATCGACGCTGTGCCTAATTTGTTCAAGTTTGG
ATAATGCTACAAAGACATTTTCGAGAATTTTGTGGACCTGCTGATCCTGAAATTGCCCGC
GTGGCCACAGTTCTGGACTTCATCGAACTCTCAACCAGGGTACGGCCTTTCTGCCTT
CACTAAACAAGAGGATGTGATTATACTATGAAACACTTGTGACCATAGGAATATAGCAG
GTCCCTTCTCAAAAATAAAACAAAGCAGTCAGGACGATGAATTAAGTCCATGTTGA
GTCTGTTGGCTGTTCTGGGACCTCAGTAGGGAATGGCTATTTCAATTTGGAAGAAACAACC
TCATCCTGGATGAAATAGGCGCCGACATTGAGGACAGACACATTGTGGTGTCTGCGCGG
TCTTGCCACCATCGTCAAGACCATCATCACTTTTATTGTCTCGGACGTGCGGGGCCTGG
GTTGAACCGCTGAAACTTGTTCCTGAAACATTTTAACTTGCATTAATGCTTTACGTCTC
ATTCCTGTAAATACTGCGATTTTCAGATCCCATGACATGACCAATTTGTGGGACATATGA
CACTGTGAGTGCACTAAATGCTATTGAATTGGACACTTTAGAATGGTTGAAATAGTGATT

GCCACATACTGCCGTCTTGCCCAGTTTATTGGAAACCGAAGGGAAGTGAATGAGGACAAG
GATAAAGCAAAGCGTGTGATCTCTTTCTACCAAGGAATAAAACGTCTCTGAATACCA
AAGTGAATCTGGAGCTTAGATGGAGAGAGAAGAGAGAGATTAATTGAGGCCCCAGGTACT
CAAAGCAGCCAAAGACTGTATCCTGCACCAGCCCTGTGGGCCGACACTCCTGTTGTATCT
TCTGTCTGGAGAAAGAAAAAGAGCCCTGGAATATGAAGCGAGATGAGATGGTGGATGAAC
AGACAAGAAGCACGTGCGCCATTTCTCATCAAGGCCAACCCAGACCACGAGAGCGCTTT
TTAATAACACGTGTTTGAAATGGCCCCTGATTCCCAATCTGCTGCAGGATTCTGCAGATG
TCACGATAATCAACGGCTGTTCTGGAATACGGATTTGTTTCTGCCATAATCCTCATGC
AGCCCTGGCAAAGATAGAGAGGTTTGAGTTTTATGAACGGGCTAAGAAGGCTTTTGCTGT
ATCCAGGTTAATCACGCTACCCTTGTTATCATCACATGTATTTCTGAAATTGTCTTTTA
CATCCTGTAGAAACAAGGCATGCTGGCAGATTGCAGGGCTGAGATGTGTTTTATCTGTTT
CAATAGCAACAGAAATATAAATTATATTCCATTCCAGAGAGAGAATGCGCTTTGGATTG
CAGATTCAGTAAAGTTGATCTGTATGCATTTTCCCATCTCAAGCATATAAGTTGACCTGC
AACAAAGACTGTTGGTGACAGGGTGTGTGTATCTGTGCGTGAGTGTGAGTGTGTGTGA
GATTGCTATGCATTCATGTTTTAGATTTATCCTCTCCAGGCATGATTTATGCCATTCAAT
GCATGGTTGAATCTGAAACCCTCCTTCTGTGGCAACTTGTACTGAAAATCTGGTGCTCAA
TCATGTAGAAGTTGGGGTACGTCGGCTACAGATAATTGTTGGTGTGCAAAATACCGGTTT
AAATTGTGAAACTCCCTGTTGTGTTCTGTACCAGTGCATGAAACCCTGTCACATATCCC
TCAGTGACTTACAGTCCCCCTTGGCATTAGTTGGTACTAGAGCCAGTCATCCTTAACAA
GTGGTATAGACCAGAAGTTAGAGCAACTATCTGCATTTTACTTGACAAGGAAATGTTTTT
GGTAGATTGTTGTATCTTTGCGTTGTCTCTATCCTGCTTTTTCCCTGGCCATTTTGCTA
GCATGGATGCTTCTGTCTCATCAGTCCTTAGTAGCACTATCAGAGAACTGGCAAGAT
AAGTGTTTTTTCATAAACCCATTATCCAGGACTGTTTATAGCTGTTGGAAGGACTAGGTCT
AGTGAGGATTCTGCACGTGGATGGTACCCTTCTGTGCTGGGCTCCTGTGGAGGGAGAAT
CTGTGAAAGACACAGTGGGAGAGCTGAAAATGAATCAGAAGCTTTATGTATATGATTTTT
AGGCTCTCCGAACGCCTTACTGTGTTTCTGTTTACATTGCGCTCTGCAAGACCCGGCG
CGGCCTGTCTCATCTTCTGAAGAGGAAAAGTCAAAGTGTGCTGTGGCTCCATATTTCAA
TGGTGGCCAGCGTGTGTTGGCTGCCCTTCTGGTCTTCAATTGCCAGACAGTGTGCGAA
AGTAACTCTCGTGTTATTTGAATTAGGTAAAGCGTGTTACATTTGGACAGCATTATTC
AGAAAGTTTCAGGATTTCTCTGGACAAGATCCTAACATTTTACTGAGTCATCTTTTGCC
CCTGCCATATGTTGAATGTTTACTATGTCTCAGCAGCATATAAATGCTTTAGTTTCTTAC
TTGAAGAGCTTAAATGTGGAGTCCAACCTTATCACGGGAGTTGGGATTCTGGCACTGATT
GAGAAGATTGAAACATCCATAAACCTTGCTTGGACAGCTGGGAGTAACAACACCCGTTTT
AACCACCCATATTCAGGAGAAGAGGACAGACACGGCACCTCTGAGTCACCCCTCTCCTGT
GGCATGACTTCTGTATTTGTGCAATCCTATTCTACAATTACATTCATCCTATTACAACCT
ATTCAGATGTCCCCTCATCAGCCCATGCAGGTTTCTTCGTCGAAGACAATTTTATGGTTG
ATTATCACTGTGTGATGGTCTCAGTCAGTCTCCTCCCTGTCTCCACTCTTCCCTCTATT
AGACACTCTCCAAAAGCAGAGACAGCAGGAAGAGGGGAGTGGAGGCAGCCCATTACCT
AGGCCTTCGAGTGAAAGAGCCTGGTTGGTTTCGCTTTGTCTTCTCAGACCAGGTCCACC
AGTGAAACGCCTGAATCAAAGCAGTTTTCTAATTTGACTTTAAATTTTTCATCCGCCG
ATTCCCAGAAAAAGTAATTTAAATTATGTCACCACTAGTCAATGACTGCTTTTGCCCTG
GTCTTCTGAATTAATTTATCTATTCAAATGCCTAACGAGACTCTGTTTCTGGGAGTC
CCACCAGATACAGAAATGTGCTTTAACATCAGTTGAAACCTAAATTTTCTTATGTTGTGG
ACCCCTTCCAGAAATCCCAGGACTCGTGTGGGAAATACTGTCATAATTAAGCCTTCTGA

AGGAGGAGGAGAACATTGGATCTGATAGGTGATTCAAGTCTAAAAATTGACTGAACTAAA
TCTGGAAATCAGCTGTGTTTGTCTGAGGATAATGGCCTCAAGATCCATCTGTGTTCTACA
AGCTCATGCTGCTCTTGTCTCAGCCTCTGGTTCTCCTCGAGTCCTTGGGGACGTGGCAGATG
AGGATGCCAGAGTTCATGGGTTTCTAGAAGACAAGTTTTCAACTGCAGATACAAACATCA
AACTCATTACGCTGGGCATCTTCAACAGCAGGAAGGAGGACGAGGGCCAGTATGAATGC
TGGCATCTGTTTTGCAGGCAAGAAGATAAAGGAAGGACAGAGGTTAAACTAAGAGATGCA
GATTCTTGGTTGTAGCAAAGTTCATGTGAATGTGGGTGAGTTTCTGTTATGAATGTGGTC
ATGAGTAGTACGAGAAGATGGCAGAGAAGAACCGCAAGGATGCCAAGGATTGGTTCTTCA
AGGGGCTTATCTCTTCAAGTGTGGAGAGGGCAGGGTCCACGCCTCTGCTGTAGCTTATGA
CAGACAAGACACTTTTCAGAAAGACAGGTAAGTCATTTGTTAAAATCTCACTACTGTTGT
GGGCCCTGATTCTGGGCATCCTCATGACCATTCTGCTCATCGTCATCCCAGTGCTGATCT
CTATAATACAGACTGGTGTCTTAGAGGTAGGAATAATACATGATTATGAAGCATCACCT
AAATGAAGAATTTGACAAGGACTACCAGAAGAAGATGGCAGGAAGCACCTAACCTTCCG
GTAATCCCGGCTTTAGATAAACCACATGAATAATAATCACTAGTGTCAAAGGTAGA
CTTCTAGTGAGGATTCAAATTCTTCTTGTGAAGTGATGCAGCTGACCTACCTGCCAACCT
TGTAATTCCAATAGATCCTTCTGACCCTCCACTGTGGACTCAATAGCAGGGAGATGAAGA
AAGCTGAGACTGTGGCAATGTGTTGAGTCATATACATTTACTGACCACTGTTGCTTGTG
ATTAATGTTCTTTCCAACCCCTGCCATGTGCATGTTTCATATGTCCTAAGTCTTCCTTGAT
TGCATTGACGCTGCAGACGCCAGCAAGTGCTACAAACCAGAGCTGGCCTTTAACTCAGAC
CTGACCAGCAGGCGGATGTGGGGTGTGGGGCAGGGCATGGAGGGAGAGGAATAAAGAGAA
CCTAAACAAATAGAGAGAAAAACCTGTGACCCTAAGGTAATAATTTGTGAAGAACATCGAT
CCTCCATCTCCCTAATCAGGACCTTGGTATAATTTATCAGGTATTTTTTAAGGTTCTA
TCCTAAGTGCCCCCAAAGTGTCCCCCTAAGTGCCCTCCAGTCTCTTCTGCTGCAGTGT
CAATGGGTGCTGCCTGTGTGTTCTTCCCCTAAGCTTTAAACTCACTGATATTAAGGT
CTACGTTTTGGTTAATGGACTGAAAGTGAAAGATGGACTGAAATTGGGGGATGGAATAAA
AAATTCTGCCACTAATTTGCGCTTTGTTCTTGAATGGACGTGGAATAAAGTGGTTCTCAC
TGGTTTTTAAGCGACTGGTTGGGATAGAACCCTAAAGAAATAAACTTCCAGTGGATACCG
AGACAGAAGGAAACACCAAGAAGAGGAGAGGCTCAAGGGCTGAGAAAGGCAGACTCAAGT
GGAAGGCTGGAATGGGAGTGATGATCAGCGGGGACTCAGGAAATCTAATTTTTCTCTCG
GTTGCCTGGAGTATATGCCTTTTTGTATCCTTTGAATTTCCAGCCATGTAAATGTATTAT
AAGACTTCCCTGAGGAGGACGACCCCACTGGCTGCGTTGCTACTACTACGAAGACA
AATTGCATGGCCATCATACTTGTACCCACCATCCTGCAGCTGGCTGGCTACCAGTGA
TCGATGACAGTGAGATGGAGAGCCCTGTTGATGACGTGTTCTATCCCGGGACAGGCCGT
ATTTCTATGTGGCTTCAGACACCAGAAATCTCTGTGATTTTCAGAAAGGCAGGGACAGCT
GCGTGGGACAGCAGAGCCTTGTGGCCATTAAGTAATATCACAAGTCTGTTAAGGTTGG
GTGTTTCTGTTCCAGATTGTGAAGTGGCCATGCCTGGCTCTAGGCTTTGGGACAGTTCAA
TGACATTTCTGCAGAGTCTGTAGCAAGAGGGAAAGTAACCATCTATGCTGAAATGATCT
GGAAGCCAAGAAAGGACTAGCTGCTATAAAGTTTGAGGGAGCAATTTATAGGAAAGACGT
CTCTACAGACAACGTGAGTTTTCTAATATTAACATCCATCTTCCCTCCCAATTTTCAA
CCCATACTTACTTCACTTGTATACATCACTGATTATTTGGGTTAAACTGGACTCATTC
AAACTTCGTGGACATTGTTGATGCCAAGTTGAAGATTCCTGTCTCTGGATCCAAATCAGA
AGGTGGGGTTAGGTTCCAGAGGACTGAGGGAATCCTGTACAGGATGTCCAGGGTAGAT
AGTTTGGAGCAGCCTCGGTTTTCCACCACCTCAAATCATGGAAGACACAGGGTGCAGG
AAAGTGGGAAATAAAGTGAACGTCTGTTAGAGATGGTTGCTACACATGTTGGGTCTGTA

ACAAAGATGAGGACTGAATTGGAGTTACAGATCCCAGTTGGTTGGAGAGACCATTTTCTT
GATAGTGAGCATAGTCCCCACCTCCACCCCTACAATTTATTTGAATACTTCAATTGTGC
AACTGGCTGGAAGGAGATAAGAGCACTGGGTTTGAGATTCCCTCCATTAACAACCAAG
TCACCTACTCCTTGCACCTGTATTCAGTCAATGGGAAGTTGCGGGCTTCACTGCCCTGG
ACACCTGCTTCGTCTGTGCGATATGTCAGATCAACCTGGAAGGAAAGACCTTCTACTCCA
GGGAAGAGATAAACTTTATGCATAACATTAGGGTAAATCAATAAAGATGGTCTGACACA
CTCTGGTTGCTATATCTCATCAGGAAATTCAGATAATGGCAAAGAGGATCTGGAGTCTGA
GAAACCCAGTCCTTCAAGCATCAGCTTCCCATCTAAAGATGCACGTTAGATGAAGATAAT
ACACGTGGTGAAGAATGGTCTACTCTGGGATGAGTTGTATATAGGATCCAAACACGGCT
ACTTGACCCAACTGAGAAGGAAAACTTCTGTATGGAGGAAAAGACAGTAAACATGACAG
AAACTGCTTTGGAGAAATACCACGACGGTATTGAAAAGGCAGCAGAGGACTCCTATGCTA
GTGGAACGGTAGGAAGCTGAGCTGGACTCTCTGCCACATCGTTCGGTCCCAACAGCC
GGGGTTTTCTCTTCTTCTTGTGGTTTCTGTTTTGTAATTAAGAAGAGCTATTCAT
TGTTCTAGAATCCCCAGAGGAAACCAGAATCTACATTTGCTCAAGTCCCTTACATAAAAT
GGGTCAAAGGGTTTATTTCTTATGATTTCCATTTGTGCCATATATAAAACAACCTCTG
GAGGCAGGCCTTCAAGGAGGGATAGAGGTACAAGGCTTCGTCTCATCTGCTGTCTGAGCA
GGCTTTATAGGAGGAGTATAATGTATGCACTACTGTTTTAAAAGAATTAGTGTGAGTGTG
TGTTTGTGGAGACCATTGCAAAGATGCCTACTGTTGCGCTCAGCAGGGAAAAAGGAAAA
GGCCACCATCAAAGACATCGACAAGAAGTCGGACATTGCCACCATCAAGATCCATCCCAA
ACATGTGACCACAGACTGAATGGCTTAAACCACAGAAACCTACTGTCTTACAGTGCTGCA
CTGCCCGCCACTTTTGTATGATTTCTAATGTATTTGTAATTTACCTAACAAATTGCCTA
TGAACAGATTTTGAAGCCGAGTACGAGTTTGACTCTCCTTACTGGGACGACATCTCTGA
TATCTCTGTGTATAAACTGTACAGACCGTGGCCGCCCTGCCTGTGTGTGTGTGTGCGC
TTCTCAGAAGACAGAGGGTTTTCTTTGAGATACTATTTCAACAAATTAGCCCAGTTTTG
ACTTTTGAATAAGTTGCATCTCTGGATTTGTGATCTGTCTCCTGGATGATTATCTCTGT
TGATGGCTGCCTGTGACCCGCATGCTGGCTGTAGTGGCTGTCTGTTTCTCTATCTCAGAG
AAGGCCAGAATCCATTTTAGGTTTCAAACAGACCTTTCGTCCCTTCAAGGTGTAACCA
CTAAAAATAGAAGAAAAGGTTTTAAATACTTTAACCACGAAATACTTTAAAGCAGGTTTA
TGTCCTCCCACATAGCTAGAGTGAATGAACTAAAAAGAGAGAGAACACACACAGCCCA
ATGTCACTGTGTGAAGATAAAGACAGAAGTGCAGAGCTGCGCTTTGTGTGTTGTCTATGT
AGTTGCCTGGATCATTTGAAATTTCTGGGAGTCTGAGGAGTACTGACATAATTACCTGCT
CGTGTTACACAGGTGCCAAACATCGTAATTAATGGATAAGGGAACTTCAATTCGGTTT
ATCGAAGAAGAGGACTTTTTAGACAGTTTACGTCATTAGAGCAGGTTGTTGCCAGTTAC
TTGGGGACAGCCTTATTCCCAAATGTCTCTATCCTTTTACTGGAGCATCTTCTGCACAA
TGCAGAAGCAGCTGGACTATGCAAAAAGTATTTCTCTGTCAGTTCCCCACTCTATACCAA
TTTTTTGTTTGTCTTTGAAATGTCCTTGTGCCAAGTACGAGATCTATTGTTGGAAGTC
ATGACAGCATATCAAATTCCTATGGGAAAAAGTCTGGTGGGTGGTCAGCTGACAGATTT
TTCTTAAGCAAATATTATCTTCGCTCAAGACATGTGTGGACGAGATGCAGAAGATTACG
AGACATTCAGAAAGTTTTTAGCTCTATATTTGCATGGTGCTGCGTGAGCAGAGGACCCCT
GTTCAACCTGTGAACTGAGATGTTTCTAGAATGAAACAGTAAATGTGCCTGTAATAACT
TGGATGATTTCCCTTCATCATGACCATTTCTTCCCTGGCTCTGCCTTTACCTATGAATCT
AAATCTCATTGAGAACAGAGTGTGGCCTGTATTACTCCTACTACAAGCAGATGCTGCAGG
CCTCCTCTCCAGTCACCAATTATAGATAATGATCCTTTATTAGGACAGTCGCCGTGGAGA
GGTTGACATAATACTTCTCCATGCAGTAAGTCAGTCATTTTTTCCACTTGAACTGTAAT

TTGCTTCTGAGCCTCCCAGTCTTTCAAACACATTAGGGAATAAGCAGTATTTGCATGG
TTCACCTTCCACCAGTTTTCTCAGTGGCTGAAGACACTGACGCTGCCACTGTGTGGCTG
ATTAACCAGGGAGAGTTGTAATTCAGAAACCTAGTTAAAACAAGTCCTCAAAAAGTAGAG
TACCCAGCCTTAACCTGTTTCACAGTTGATTATACTTCATGCTGTTTTCCAGCATGGTAT
GGGCAGACCCCGACTTCAGAATTTATACAAATAAATGCAATGAAAAGTGCTGGCAACCTG
CATTGAGATGATCCTTACGGAAAAGGAACAGATTGTTCCCTAAACCAGAAGAGGAGGTTGC
CTGCCAAGCTCTGTTGTTCAAGCTGTTTGAAAGCATTCAATAAATTTCTTTTAGAAGCCA
GATGCAGACGACTTGATGAAGATCTTAATTTTGTTTTGGTTTAAAATAGTGTTCCTTT
AATGAGAAGGAGACACACAAGTGCTGTTATGACCTGGGTTGTTGGTTGGCAAATACAGCA
CAGGCTGGAAAAATGCCATGCAATAATCTGGTTTGCTTTTCAGTAAGTAGGCAACAAGTGA
GGATGAAGGTTATTCGACTCTCTCAATTCCTCCTGAAATGTTGGCCTCGTACCAGTCTTA
GTGTCCCTTCATACTTGAATTGTGGGTATTTTACACTGTTTGGAAGAAAGCTAAACCCT
ACCTGAAATGCATTTAGTGTACACCAGTCTGTAAACTTCAACCTGTAATGAAAGTGTAAT
GAATGGGATTTCTGACGAGTATCACGTGATCCGGCACGCCATGAACCTGGAGGCCGTGAA
GCCAGATCTGGAGTAAGAAATATTTATCACCTGGATTTTGAGAAAGAAAATAACTTCTC
ACTGGCTCCCTCTACTGAACTGCCATGAGGAAACTGCCATGTCACCCTTCTGACTACAGC
CTAAAGATCCACAGACACAGTTCTCCTGGATTTGGGAAGCCTAGAGATATTAGCACAATA
AAACTAGCAGATGTTCTGGAGAAATTTGAAGAAAGCAGCTCACAAGTCAAAGAGCTG
TTCAGTGTTACTGGAGTTTTCTTCATTGTGCACACAGGACAAATCTGATCTCTTTGGGAA
AGGAACTAGACCATTAGCTGTTGCCGTACATGCTTAGACACCAGTTTACTTAGCGTGTT
CAGAGGCCAAGTATACCATGCAGTGGGAAGATGTATCTAGAGCCACTGTCCTCCGCAAAG
AAAGCTTTCATAGGCGTGCTGCACTTGCTTGGTAAATTAACAGCTTTTGATCTTCCC
GATGATCAAATTGAAGACACATTGAGAGTTTGATTGGTTGAGATTAAGTGGTGTGGTG
CTTCCCTTTTTGATGTAGATGCAGATATTCTATACAGTTCTGTTGTCTTTTACTAGGAC
GTCCCTTGCTATTTCTGCTTTTATCTGGATGCTGAGTTAATTATTTGATCCAACAATA
ACCCAGTTCATGGTAATTTGTTACAGCAATCCTAGGAAGCTAATACTCTGACAGAAAAAA
ACTTGTCTTGTGTTAGGCCTCACCTCCCTGCTCCTGTGTCTTACCAATAAACTTATAAAG
GAAAAAGGGTAGAAAGAACTTTGCTTCCTTTCAGAAACCACTGAGGGTGTGCTGTTGGGT
TTGGGGAAAGGAACGAACCCTGGCTGGAGGGGATAGGAGGGCTTTAATTTATTTCTTT
CTAAAACGTTTTACTTCTTACGTCCAAGAAAAAACTGCAGGAAAGCCTATTTTGTCTAG
AGAGGAGAGCAGTGGGTACATTGAGAGCATTGAGGGTTAGAAAAGATTTACATCTTAG
AGGACGATTCACTGCCATGCCAGTCAGGCGGGCTTGCCATGTTCTGTGAATCTCGAGTGA
ATCCTTGGCGGGGTTATGGACCTCTGATGTCATAGCCAATCTAACGGTAATGGTAAAT
AAACATGAGAAGCTAGGCGAGGACCGGATCCAGTTCCTCGTGTACCAGATGCTGAAGGGG
AAACCTTTTTCTAATTGGGAGTAATGGCGGGCACTTTCACCAAGATGTTCTAGAACTTC
AGCAAAGTAGCTTGTATATTCTCATCAGCACTCAGGAATCCTCTGCAGGCATACTGGGAA
GAATAATAGATGGCTTACCTCGTCTCACAGGAGCCTTGCGTTCCTTTTCAAATGTCACC
TGTGGAATGGAAGAAATGTCGATCCTGTTGTAAGTATTGTGAACACTTTTATGAGCTTT
AAGGCCAATAAGGCAGTGTGAAAGGTGTCCACAGCCACATGCAAAAAGAAGATCCACAT
TTTTGGGGTAGATGCGGCCCGATCAGGCCTGACTCGCTGCTCTTTTTGTTCCCTTCTGT
TCTCCTACTATGCTTTGTCCTTCGATGACAACACAAAAGCAAGCCAGTGGGGACTC
TGTGAGGTGATAGAAATGCTGATTCGCTTGATCATTGTGGCGTCCACAATGTATATATAA
GCACGAAACATTTCTCATCAAATAAAAGCAAATGCAGAAGAACACCTGATCCCAAACA
ACGCTTGGTGATACAAGATAAAAATAAATAACAACACCCAAATACAGGATGATAGTTCCG

TTTCACTTCCTCAGCCTCAGCAATGTTCCCTTTTCAGTGTTCATGGAGCTGGCTCGCCTCA
GAGGAGATGAGAGGCTCCGGATCCCTCTGGGAGGTAGATTTGAGGACAGATTGGAATTGA
CTCCTCCATTACTTAGCTGTGTCATGTTGGGCAAGTCACTTAATCTCTGTGGGTCTT
TTGAGCATGACTTTTCTTGATGTCTGAAGCGTTATTTTGGGTACTTTTTAGGGAGGAATG
GGGAACGTAAGCTCATTGTCTTAGTTATGGACTATGAGTCCTTAATAAATGTA
CTATTATACCTGACTTTCAGTAACTGTTAGCTGTGATTAGTTAGCTGGTGGATTTAATTG
TTATATGCATAGCTCTCTCAGCACTTGAATGGAAAACTGTTACAGCATTGGGAGTTGT
ATGTAGGAGAGCATGGTAACCACAGATAGAAGTGGTATTATCCCAAGTGGTCTGCAGACT
TACACATTACAGTGCTGAACTCCTACATCCTGTTCAAGAAGGATAATCCTGAGCACACGA
GGGGTTCCCTTTGGGCCTCAGTGTACAAATTACTAGTGCTATTTTCATTATTATTGTA
GAAGAAAAGGAGCAGGAACTACCCCGCACAGAGTTAAGCAGGAAACAACAACATCA
AACGGAACAGCCAAAAGTCTCACAGAGGTTAAGTAAATAATAGCATTTCATACGAGTA
AAGTTTGAGGCAGAAGCTGCAGCCTTGGGCCAACGCATATCAACTGCAGAAGGGCAGC
GCACAATTTGGGCCACTCACAAGAGTGATACCCTGTGATAAACAGTTACCTACATTCTC
TGAAGAGTCCATTTAACAGCATAATTTGTGGGAAGACTGGAATAGGGCTGAATAAATGTG
GACTTTGTTACTCAAGTCCAGAGTTCTCTGTGCACTTCTGCTAGATAAGGAGTGTAAGCC
CGAGCTCCTCCCATCATTTCTCCTTGGCCAACGACGAGGCCAGCCAGAATGGCAATAA
TGGCTGCTGCTGTCTCCATCTTGACACAACGAATCTGTGACTGCCTCTATCAGGGCATCC
TTACAGTGTCTCTGTTAGTGTCAAGGGAATGAACCTGACGAGAAAAGACCAACATAGG
CACTGCTCAGACTACTTTCTGCCCTAATGGCCATTACTATCCAGTCTGTATTGCTACAAG
GAATGATACTAATTTCTAGCATGGCTCTGAAGGTGATTTTAGGTAGAAGAGTTTTGAGG
TATGCTTATGCTGAACACCTTTCATATTGGAGAATCATGCATTTGGGTCACTAATTATCT
AATGCCTCAGAGTATTCACACTGTGGAGAAAGCCCTGATGACATCCTGAATGTTAGTAA
GGCTAGAGACCATGTTCCGATTTTTCAAACCTCTGGACACAGATCTGGATGGAGTTGTGA
TGCCCTTCTCTGCGGAAAGGGTGTGTTTGAAGTCTAATACAACTATCATCACAAGGTCCCT
GACATAAACTACCACTTCTAATCAGTGTATAGTTGAGATTCTATCCAGGGCAATAAGAA
ATGCTTAAAATGGATCAGTGGTGGGGTAGAGATGGAAGGAGTCACACACATACTGTACCT
CAGGAGTATATAACCATGCAGCACAGACCAATTAGTCACATGTAAAATAAACTAGATTCT
AGTGAGGAGCTCACAGTTCACCCACTGTCCCTCAAACAATGTCATTTCCAGAAAGAAAT
AAGGACAATTATCCCTCACTGTCAACCCTGATCTCTGGCTGCAGTAATGAGTAGAGGAA
CATTTTCTTTTCTTTTGGGTGGTGGGGCTTGATGTAGATTTTACTCTATGTACAGAATTT
GTGTCTCTTCCATCACTCTCCATACTTTTCTGTGATTCTCCTCTAGCCATATATATGG
GACCCAGGCCCTGCTTTGACTGGGAGAAAGATGCATTCAGTTGACTAAAACCTGAAGTAA
AACTTCTACAAAACCTAGTATGGGCTTCTGACTTTTTCCAGGGTGTAGAATTTGACTC
TGGCTGTTAGGGACTGTATATCTTGTAAGAACAACCTGTACATGCTTGATCAGTTACA
ACAAGAATATATCCAAGAGTAAAATGGTCACGAGGGGGACCGTCTGTGGCTATAATGACC
TATTTTCTTACTGACAACAAGACGTGGGCTGAGAGTGAAAGGAACTGTTAGGGATG
AAAGGAAAAACTTCAAGAAGAAAAGAATCGTCACGACCCCGCAGACTGTCCTCCGGATAA
TATGATGAAACCCTGGAAGATAGGTAGCAACTAGACTGTCGTTTTTGGTGGAGCGGTTCA
GGTGATTTGTTTGTCTTTCTGATAGGTTGAAAATTGTGTAATAAACTTGATGACGCTGTC
CTAAACGCCCATGATAGTCTTCAAACCTGGAAATAGCGAAATAAAATAACTCAGTCTGC
AAGCTACTTTGAAAGTCTGGCCAGTGTCTATTAGGCCACTGGGAGTTAGGAAGTATAA
TGATGTCTGGAGGCTGATTTTCTGTTCTCTGTTCTCCACTGGAAAGGTTGTTTACGACA
TTTATTTCTGGTGCCTCCTCTCCTGAGAGTGTAGACCAAGGTGCGCTAATAAACTCCTC

TATGGTTCACCTTCCACCCTATCCATGACAGCCATTTGACACACAATTTGACGACATTTT
GGTGGTTTTTGTACTGAACTAATAAGACCAAACAATTCGAACATGTCTATAGACTAGA
GTGCTTTTATGCAGTGGACTTTCACTGAATGTCCCCTATTGGAATTTTAAACAACAATTT
GTGGCATTGTCGCTGCAGCCAACTTTGCCATTA AAACTCTTTGCCAAAGTTTGACCTGT
CTTAATTGTTTCATGTTTTCAGAGTTCTTGCCTATTA AAAATTTTATTAATTTGGTTAACAA
TACCTAGAGATCTACCAGGAGAAGGTGAGGCCCGTGCTGGTTGGGAGAGGAGCAACAAA
CTCCTGTCTCCTCTGTCAAGTTTGTGAAGTGATTGACATTTTGTAGCTAGTTTAAAATTAT
TGAATAAGGAAGATATGGAACCCATTTCTACAATTTCTTTGCCGCTTCCTTGAATTGGA
ATTTACCCAGTGTTGCCAAAGCTCCTGTCCCTCCTTCCGTTGTCTGTGAGAAGCGGCTC
TGACAACAAAGGGCCCCATACACTTATCCCTCAAATTTTAAAGTGATATGAAATACTTGT
GGGTTGTGGCAAGATACTTGTGTTGTTGTTTCTTTCTTTACATGACTGCCCTTGACATG
TCAAAATCAGTGATGGGAGTAAGAGCAAATTTATCTTTCAAATTGATGGGTGGGCTAG
ACGATGTGCTGTATTTCAAGTGTCTATCCAGACATACGGGGTGGTA ACTGAGTTTGTGTT
AATAAAATGTTGCCAAATTCAATGTAGAAAGAATGTGACAACACACCTTGGGTAGTTCTG
AAATGACAGACGCACTCGGGACAACA ACTTGGCTCTTATGAAATAAACATATACTTACCA
CAACTAAAAAGGTCAGAGGCAGAGAACTCACCTGGTGACCAGAGTACAGCAGTTGCAG
TTCTCTGAGAAAGCAAATGAAATGCTACAGCTATACCCAGACCTTTTATAGGTAATGAAG
TGTGTGTGTGCGCGCGTGCGTGTGTGTTAATCTGTTTTTGTACATTCCTATCCCTGT
CTTGGAGTTTTGGGGAGGTGGGAGGTAACAGCACAATATCTTTGAACTATATACATCCTT
GAAACGGTGGCTGGGGACGTGTGTA AACCTAAACACCAGCAAATGAGGCCACAGGTC
CACGAAATCCCTAAGAGGTGACAGGAAGAGAGAAGTCTGAAACGTTAAGTGAGTTAACCA
GAAGCACATACAAAGGCAAGGGA ACTGTCCAGAAGAGGAACGCAGCTTGATGTTAAAAAA
TCAAATATCCCAGAAGATCAACCATCAAATACCTGTGGAGAGTTTATCTTTCTCATGGA
TTCATTACAGGGAAGGAACCCATGAAAACATCAGTGTTAAGAGCATGATGAAAGGTGTCA
AGCCTTGTGCCGTGCACTATGACTTTGTGGGCTCCTATGAGAGGCTGGAGGCTGATGCAA
CTGGTTGCAGGGTCTTCAGGATGCCTATTTTCCAGAACTTCAGTATACAGGTTAGAAA
AGGAAGTTGTAGATTTCAATCAAAGATCAGCCAGCGTGATGAAAATGGGGAGCTTC
CCTTGGGGCGTGGAAGGGCATTAGGAGTGTTCATTTGATATGTGAATGCTCATAAAAAA
CCCCGCCTCATCTGAAAATAGTTCCGTTTGTCTCTAAAAGACTTGAGGTGGGAAA
AGCTTTCTCATCTGTACGGTTGGGACAAGTACAGTAACCCTCGCCGTCAAGACGGGCCA
GGGAGAATTATCACAAAATCTCCTTCCCCAAACAGTCAACACCAGAACCAACATGGAG
TCTTGATCCTGTGAGTGTAGTTGATGACTGTTTGTAGTCAGTAGAGTAAAATGCTGTGT
AGACAGGGCTGGGGTTGGAGAGGAATTCCCTAATAGCTGTTATAAATGGAGATATGACAG
AATAAATGTTTTCTGCAAGAGCAGAGTCATGGGCGGGGTGTCTGTGTAATATCTACTCA
ACCCGGGACCCTCGGGACAACGGCTCCAGGTCCGGGGACCTCCCCTATGATGGGCGGCTA
GAAGCATGAAGCTAAGAAAGCTGCAAAGCAGGAAGCAAGAAGTGACAAGAGTCCAGATTT
GCAGAATGAACTGAAGCGCAGGTTTGAGCAGATGAAGCAGGACCGGCTGAGGCGTTACCA
GTCACTGTTGAAGAGGATGACACCATCATGGAAGAATTGGTAGATAATCATGGCAAAAAA
TTCCTTAACTGGCAACCCATCTCTTAATCCGTCAAGTATCTCTCCAGGGTCATTAATAG
CTTGGCTGTAAGATTATACACATCCCCACATTGCAACTGGGAGGAAGAAATATAGAGAGC
GTATACTTCAATACTTAAAAAGTACCCGTA CTCACTCAGTACTCAGCCGGCAGCATAATGAA
CACAGTGACAACACACACCATGACAACGACACCTATAGATATGGCACCAACATCACATGC
CTGTTCTTCGTTGCTGATTTTCTTCACTTGCAAGCAA ACTTGGCTCTCAATAAACTTTT
AGGGCTCTGTCCTTCGTGACTTTATTAAGCAACATTTGCCACATGTTTAAGCCGCAA

TCTTAGCTTTTAGCACTATTGGTAATTTTCAGAGTAGGCCCAAAGGTGATATGACTCCCAT
ATTGAAGAATACTGTTGTCCTATCCCAGAAGGAGCAAGCGGACAACACTGATATCCTGAC
ATGACATAAGTGAGAAGGCAAGCATGTGTGAGTGAAGATTAGAGGGTCACATATAACTGG
AGAGGAAGGAGCTCTTAGTTACCCTTTTGTGTTGCCCTTCTTTCCATCAAGGGGAATGTT
ATTTGGTGTAATTCAGTATTGAGTACTGGCAATGCATAAAACATGGGTAGGTGTCACTCA
ACCCTGGGCCCTGGGCTGGAATCAGGAATATTTTCCAAGAGTGATAGTCTTTTGTCTTTT
TCAGACCTTCTTAAACATCAGAGAATGCACACAGAAGAGGCGCCATATCAGTGCAAAGAT
CAAGCAGATACCAAAGAATGGTGGACATTCTACGGGCTTTGGAGAAATTGAGGAAACTG
CAAGCTACTGGCACATAGTGAAAGATTACTTCTGACATTCCATTGCTCTTCTTTGAAAA
GTGTACCCCGAAATCATTGAACGAGCAGGCTATTCCTTGGAGAAGGTATTTGGGATTCAA
AAATGCAGATCACAAAGTGAAAGGCCAATCTGGAAAGGCTACACACCCCTATGACTCCAAC
AGTCACTCAGTGATATGAAGCAAGCTGTGGTCATTTATCTACTACCTTCCATACCTACTT
GGAGACAGCCGTCATACTGCCGGATAGAGTGGCTCACTTGCATGTATTTGGAACAAAAAA
GACATACGCTCCATTAGCATTCCGATATTTTCAGAGAACTTTTTGGTATCAAGCCTGATGA
TGTCTGGCATAGAGAGCACTGCTTTGTTTTCCACTGTTGTAGAGAAAAGTGGGAGAAC
AAGTTTTCAAACACACTCTCCCTCCCAAGGTATTTGAGATGCTGTTGCACAAAATTCCCC
CACGTTACCTACTCAAGTCATAAGCGTCTGAAGAAAGTGCTCTGTAAATTCTCAGCAGAA
ACAAGCAGACATTCTGTATATTCCAGTAGTGAAGCCCTTGATGCCCGAAACCACTGCATT
ACAATCAGATTGAAGCTTATCTATGACAGATGTGATCTTAACTGTCGGATCCACAAAAAA
GAAGCCGTGTACTAAGAAAAATAAGGAAGAGGCTGCAGAATATGCTAAACTTTTAGGCAA
AGAGCAACATTAAGAACAAGAACCCCGGGCTGGACTACCCCTGAGATTTAATGACCAGAG
GAGCTCCACACAAAGAAGGGGAAAATGGCTTTGTTGGCCTCAAATGGCTGCTTTATTAGA
CCCAGCTTCAAGGTGGCTGTGCTCTGTTGTGAAAGATGTCTGATCTTTCCCGCCAAAAAA
TCCTAAGAAGACAGAGATGAGGTCAATTTCAAATTTTAGCCATCTGTTTGTGATTTCTGTC
GAAAAATTGTCTGCTTATGTCATTCGCTCTGGAGCCTCTGCTACAGAAGGTGGTAGAGAAG
TGATCTCCCTCCCTACTTATGTATCTTAGTTCTGCAGTTCAGAGTGAAGGTTGGGGGTTA
CGACGCCGCTACGTCTTCGAGGACCCTTTCAACATCCACGACTTAAAGGTCAACGTGGA
TTAAGGAAGGTGCAAGAGGTTGGCAGCTTCGATTGAAGCACATCGACCGGCGACAGCAGC
GCCACCATTTCCATTCCCTATACAGGATGTGAAGGTCAGAAGGCAGCCAATTGTTGGTTA
CCAACGTGGAGTGATGAGCCTCGCTTGTCTAGATTGTCCTCTTTGTGCCAAAGAAATAAA
CTTTTTCTCTAATTGGTCGCCTCCCACCAGACTCACCTGCTTTTCACTTTTTAGGAGTG
CGGCGGAGCCTGGCTTGGTTGAGGCAGCGACTGCGCCTTCTTCATGGCATAACAGTGGGCC
GACTTTATGTGCTACAGCCAGTTCATCTCTGTTTGTAAATTCTTACTTTCCATTCCATA
CATAGTAGGAAATAACATGTTAGTTGTCATTTGGCATGAGTGTGCATTCCAGTAATTCTT
TTGGATATAGCAGTTAACTCTGCCTTTAGGATATGTGTATGGGGATATAAGAGTTAACTA
CACTGTTACAGAAAATAAAGACATTCATGGAAATTACTTTGGAAGAGGATAGCATTGA
TATCCCTCCTACCTACCCGCAGGGGGAAGGAGGGAGGCTGACAAGCCTTGAATAAAAACA
CTTACGTACTTTGATAGAATAAGGAAATAGTGGTTTTGAGTGAAGGGAAGGAAACCCA
TCAGGATGAGGCATTTGCCCTGCAGGATGTACCCCTGTCGCTGTTGTCCGCTCCATCAT
TATAGCCAACCTTATGGATCTTCATTTTCAACTCCAGATTTAATTCATATAGTGCCTG
AAGTACTAACAGTCCCGACCCTGCTTAGCTTCAACAGATCAGAGGCGAGCCGCGCGTT
CTGATTTCTCTATGTCTAAGTCACCAACTCATTGTGTTTGTGAGAATTACTAAACCAAT
CAAGTATGTCATTAATGAGGCTACAAGTTAGTCAGCAGATGAGTGCCAGTCCAGCCTT
GTCCCTGGTTCAGTTCCTCCGTCTGTATTCTAGAGATAATTATTTATTACCAAGTTTGA

TTGTAGTTCACAGCCACATGAGATAGTCAAGTGTTAAAAGGGAAAAAGAGCTATCGAAGG
CACACACATATATCAATTCTCATGAGTGTATTATAATCTCTGGTGGGGGCAAGTGTCTGG
TCATTCTGCGACTGGCCATAGCTGAGCAACATGAAAGATTAATGCTAGAAATGGAACA
CAAAGAGGAGATGCATCGCGTGGAGATCCTGCCCCAGCAAACCAGGAGGACAAGAAGAT
CAGATGGTGAGGCAAAGTGTCTCTAAATTCAGACAAATGTAGACCTATTTCTACTTTTT
CTGGAGCAGTTAGTAGAGGAGAACACAGGCTCCTTGTGCGGGCCAGCGAAGGACTTTTAC
ATGGGTGACATTGAAAACGGCCTGCTTTCCAAATGTGGTTAAATGTAATTGGTTAGCCCC
CATACATACTCTAGGGTGAACTTATCACTAGGCAGAACTGGGTTTGATGCTTTGTCAAC
GTGTGTTGTCTTTCCCTACAAGTTAACCAGTTGCACTACATAATCTCTGGAAATTAATT
ATGCGTCATTCAATCACAAAACACAAACCCAGGACTTTCTGCCTAAGGCAGAACACAAGA
CTGCCAGGTGCCAACTCAAACACTACCTTTCTATTGGTTTCTAAGTCAGTAGAGACAGA
CAGCAAATGATGAAATAGTAGAAGTTCTCCTTTCCAAACACCAAGTGTTAGCTGCCTTAA
GCATTGTATCTCCATCTGGTCACTGCAGGTGCCAACCTTCATCCCCATGTTTTCTGG
TCCTCATCACCTTCTTTGGCATGGTGGTCTGGCCCTGGTGGTCTGGAAGATCTTCA
ATGTAGCTTTTTGTTGTTTCAGGCATTATGTATAAAGCAACGATTATTTTATGGACCAAG
CATCGACGTTTGAGTGAAGAAACACACCCAGAAGAGAGATGCACTAACAACTGGGGATAG
GCATCCCCCTCAGAGGACTGAGGCATAGTCTCATCTGCTATTGAATAAAGACCTTCTAT
GGAGCTCTGCCCTGCAGGGAGTTGCCCAACCCTTCCGGAACCTCAGTCTTTAGAAAAGA
TTATGTACACGGGTGTCTGAAGGAGGCCCTGCTGAAATCGCTGGGCTGCAGATTGGAGA
AACTTGACATCACGCTTTCTGGAACCTTCCCCGCATGTCCCACTTTCCACACTTGGTGT
TCTTGTAACACTAGTCTGTACTCCCTTTTCTTCCCAAGACTGATAGGATGCAAGCTGA
GACTTCATCATGCTGCAGAACAACGAGCACAGAATTGCGCAGTACCTGGCCACTTATGGC
TCTACCCCCTCGTCGTTTAGCACTCTGCCTTGAAAATAAACTGCAACTGATGAATATTTT
TGTGCCTTGGAATCCAGATCTTTAAAATTTTATGTATTTATTAACATCGCCATTGGGCC
ACTGTGCTGATGAATTACTACAAAACCTCCATCGCGTCGTGGAGGAGTACTTTGTGGCCC
TTTGGCCCCCTTCCCTGACTGTCAAGGACAACCTGACTCCCCATCAGCTCAAACATTAAG
TTCTGGGTCAGGAGTTAGAAGCTACTGGGAAAATCTACCTCCGACAAGAGGAGATCATT
TCAGCATCTTGGGGCAGTACAGATCAACTAAGGAGGTCAGAAAAATGGTTCTAAGATAG
TGGAGTTTCTGGTGTCTTTGCTTGGAACTGACCTAGCTCGTGGCAGGGGGAACCTCGGCTA
CTGGATAGTCTGTCACCGTGGAGTGGAAGGCACAGTCTGATTCTGCCCGGAGTAAGACA
CTGTTTGTGGGTCTGATGAGGTTTGCAACTGTGGTTTTGGGTTTGGTCAAGCTGAAAAAT
GTGCCTAGCAAGAACAACACACAGACACACACCAATAGATACATGTATCTTACCACTA
ATATAACAAGAAAGACAAAGGCAAAGAATGTGATGGAACACCCATCAAAGAAGATACTCTC
AAACCTCTCCCCTCACCTGACACAGACGTGCCTTTAAGTTCTGTTGAAATAGAAAATCCA
AAGCACACATGGGCATCAAACCAGAGGAACAAAGTCACATGCAGAGGGCTGCACATAGAC
ATCTTTGTATTTTAGTAGAGACGGGGTTTACCATCTTGGCCAGGCTGGTGTGATCATG
ATCACCTCTTGAATCAACAAACAGGTTTCCATGGAGGCAGAAGGAAGATAAGGTTGGAG
CTGGATTGGGCTTCTGGAATCCAATTCTAATCAGACTTGGGTTATGCATTTACTATTTT
GGTCAGAAGAGCGGCTTCTCAGGATCTCCAACCTGCAGAAGCAGGACCAGTCTGTGTAT
AGCTCCGCAACCCACTAAGCCCATCTGCTGATGCTTAAATTTTCTTTACTTTTCTTTTCT
TACTCTCTCTCCAAGCAGTAGCATTCAAGGTTGTTAGAGACTGGTGCTTTACATAG
TTTTTTGTATTTTAGTAGAGACGGGTTTTACCGTGTTAGCCAGGATGGTCTCAATCTC
TGAGTCAGTGGGGGCAGCTGGACTCTCTGTGACATCTAAAGTTATCGGGGGCTTTGCTG
GAGAGAAAACAAGAAAGCTTCAGTCGCTCCTTCTAAGCTGTCACGACTACTCTTTTAA

TTCAGACTTGGGTGGGAAGGTGAAAGATGGCTATTTAGAAAAGCTGGTGGCACGTTTTACA
TGGTGTTAAGGTGGTAATTTCCCCATATAAGATTTAGAATCACTGAGTTTGAGCTAGAT
AAGCCATAGTGGTCCCTAGTTCATTGTTGAGCAAGTTTTTAGCCCTGCAGTTTTACCAC
CGGGAAAAGCGGCCATGGTTAGAATAAGGCCCTGACTGGGAGCGGTGGCGACGAGAAGA
TAGATGCTACCGTTGACCTGAGTTAAATTCATTTAGTCGTGTACGTAAAACTCTCCTTT
ATCAGGGAAAGAGGTTGATGTGAACTCAGAAGTCCATGTTGAGGAAATGGCTGAAGTTG
TATAGGCAGATTACCAGTTTCTTATAAATAAACTTGTACATGGACATTCTGCAAACCC
ATGTGAGCTTACCCAGGAGGAGTGGGCTTTGCTGGATCCTTCCCAGAAGAATCTCTACA
CCTCTAACCACGTGACATTCCGTTCCATGCTAAGCAGTATTCACAGGCCTAAAATAGGTT
ATGCGGAAGTCGTCATTTGACAAGTTTTATAAATGAGTATTTGAAGCTCAGGAATAAGTG
TTTTAGCATCTTCCCTAGCAGCCGTTGAAGCGGAGACCAAGCCACTGTGAGCTGGACCT
CTCACAGTGGATTTTGATTCTTTGTCATGTACAACAGTCACAGACTCTAAAGGGTGTGAG
TCAGCGTTCACTACGCAAGCGGACCAACGGCTTCCCGGAAGCAGCCAAAAACGTTG
GGAAGCCTGGGAGTGTGTCCATCGGTAGCTTGAATAAACGCTCCCCTCAGACACCC
TGTTAAGTGTTCCGGCAGTAACCTACTTTGTTCTTCGCCTCAGCAGCAAATCTTGCTACT
GGGTTGTAGCTTCTTCTTACCAACTCTGTTACTTCAGTATCCCTTTTGCACCTTCAGC
GGAGAAGGTGCGTGTAAGAGATATATTTTTGTAAGAGGAATATGATTAATACATTCCGC
ATAGTGTGTTACTAGAGAAGTTTCTCTGAACGTGTAGAGCACCGAAAACCCCGAGGAAGA
CCTCTCCCAACCCATCTTTCACACAGTTCCTAGAGTGATAGTAAGTAATATTTAATGAT
ATCCCACTGACTCTGTGAGAACATTCTGGTTCATTTTAACTCCCTCCCTGCTTTCTTT
TTGAGTCCAGGAGTTTGAGAGTTCAAGTCCAGCCTAGGCAATATAGTAAGACCTTGTCTC
ACCTTCCCTAGTTCCTTGCATTCGTCCTTAGAATACTGTATTGTTACAGCTGAAAGACAG
AGCAAAACAAAGTGCAATATTAATGTTTGCTTTATAGATTATATTCTATGGCTGTTTGT
GTTCAAGAATCGTTTAAAGTTCAGACTTAAACAGTGGCAAAGAAGAAGTCTATTTGTG
CTGTTGCAGGCTTAGTGAAAAAGGACTGCTGTCTTTCCTTGGTTCAAGTGTTAGAATGGA
TGGAGAGGCTCTTTATGGCTGACTTTTAAACATTGTTTCATGTGATGCATGAGTTATGTGT
TCGGTGGGAAAAGTCTTTCACCCTGGTACTGCTCCACGTCCAGAGTCTGGGTTCTTTGG
GGAACCAAATCAGAACAGCTCAGCAACCCCTGAATTTGACAGTCTCACCAATTTAGAAA
TCATATTTTAGTATGGTGTCTGTTTATGTAACCTGACTTGCTGGAAAAGTTGAACTCC
GAGGTATTTTCTAAGTGGTATTGTACGGTGTATACTGTTCTTCAGCTTGTCTTCTCTG
TTGCTGACCCCTGAGCCAGGAGCCTTGAGAATACTGACAGTGTTAATAAATACTGCAAT
ATTTGTTCTTTTGTCTGTGTATTAGCTCTTTCATTCTTTGCCCCAGCATGAG
GGAGCCCTTATGAATGAAATCCAAGCTGCGAAAACCTTGGTTTAGCAAAACCCCTGAAC
GGTAAGGGGTTGTGAGTTGTGTCCTGTATGTTTAGGATGGTATTGTTATTTATTAATCA
TCTGTCTCAAAAAAGGTTGGTGATGACATTGCCAAGGCAGGTGACTGGAAGGGCCTGAG
ACAAGGCCCTGCCTTTGCCTCACATAAACTGTACAGTATTTTCATTAAGCCTCTTT
TTCATAAAGGTCTGCACTGTGCTCTTTTACCTGTGTCTTCAAGCATGTGCTGTCATAAC
TTTTCTCACCAGTCCCATGCTGGCTGAAGAGGACCAGAGGAGCAGACCAGCACTTCAAC
GGCCACCTTCTGTAGTTCTGGCTCTGTGTATGCATATGGGGTCATGGATCGGGGCTA
ATTTCCACCGAAGGCCAGCAGAGGGAGCACGACCACCGCCCACTTGAGCATGGCAAACCT
CCCCACGTGTCTGTGCTGTAGATACTGTATCAAAGTCCAGCGTTTAGATGGTTAACATA
GTGTCCTTGAGACATTTGTGTTGTGGTTCCTTGTCTTGTCCCTGGCGTTATAACTGTCC
GCTGTAGCCAACATGCAGGGTGAAGTGGACAGAAAATGTAAGCAAGTAAGGAAAAGTGT
ATCATATCATGCTGTTTTGATGAGGAAACATTTGCCACTGAGGAGTTGGAGGGAGGGCAA

AACTGGGTACTTTGATCTTAGATTTGATCTTAAAATCACTTTGGGACTGGGATCCCTTGC
GTGAAATAAACTAAAAATAACAGCACACTGAGCCTGGCTCAGGGCTCAGCTCACCTTTA
AGCATTGTGTATATAGCAGACATGGAGGTCCTGCAGCAGGAGGTGCTCAATAAACACAAA
GCATCATCATGCCTGTATCATTATGTATCACCTCATGCATATATTATAATGTATCACCTC
TCGCATGCTGTCACCCATTCCAGCCTAAATGTGACCATAAAATTAGGGCTGCTGCTTTTA
GGCTGTCAGTCCACGCGGGCCGCCGAGAGGACGCGCCACCCACCCCTCCAAACGCCGTC
GAAGTTTGCCTGGCTAGTGAAAGGTCAACTGTAGATGCTGAAGCTGTCCATAAATTGCTG
CACTGCTAAGCAAGCTGGGAGCTTTGCCAAGGCCAAAATAAATTAAATTATGGTACGGTT
TGTGGCAGATGTGGAGTGTCCCTGGACCCATTAGGAAGGTTAAACCCAGCTTCACCCT
TTTCTGTAAAGATCATTTTCCATACGCTGCACATAAGTGTCCGTTTGCATTCCAGAAGGA
ACAGCTAGATTTGGAAGATGTTCAAGTTAGAGAAAAGTTAAAACATGCCACGAGTAAAGC
GTGGAGATTGAAACCCACCTACAAGATGTACGAAGGCGGAGAGCCTGATGATGTGGGA
AAGCTTGTGGCATCAGTATTGGCACTTCAGGAAAAGCTGCCTCTCAAGGGCCCAGTGCC
CCAGATTGTGCAGATGCAACTTAGGCTGTCTTGATGCAACTTAGAACCACAGAAATGC
TGATGAATCATCACCGTTGTCCCCTTATCTAACTCCATAAAAAGTGGGAATTTCAAAAAGA
GAAATCAGGAAGCCACCAGCTGTTAATGGAGAGTGCCTTGCTTTTATTTAGACAGCAGA
AATATAAAGGACATCCTCATCATCACGGGGTGAAGGTCAGACTAAGGCAGCCTTCTTCAC
CCCCAGCATCTAGTAATGCATAAGTACTTGTATGTTCTTCTGATTACCAAATAAAAACA
GAGTTCACTGAGGACTGCTCCTGTCTTCAGGACCGCTTCCGCTTCAATGAAATCCACTCC
GCCTCCGAGAGGATGAGAATGAGGGAAAAAACTACAAAGAAAATGGTAGCAAATACTAGC
CTGCTAAAGCTAAGGCTGTAAAACCCAAGGCGGCCAAGGCTAGGGTGACGAAGCCAAAGA
CATCCCTCCCTGATATTGTATTGAAAATATTATGCACACTGTTTCATGCTTCTACTAATCA
GGAACATTTGCCTAATTTGTAATAAAACACTGTCTTTTTCAGGGTTGCTTCATGGGTTGGA
AGAAAAGGAACGCCTACAAATCGAGAAAGAGAGGCTGCGGCATTTAGACATGGAACATGA
CTCTCGCTTGCTCCTTTCTCCTTAAAGAACTTATAAACTGATGCTCAATAAATGTTTCA
TCCAGAACATCTTGATAGAGTCATTTCAATTAACACAGGAACTGAGACTTTTGAAGGAAGA
CACTGATTGACAGACTTGTGCTGATCCATTACTTTAGGGCTTGATTCTTCTTGGGGAG
CCACCTCATGCACTGTTGATTATTCTACTGTGTATTTTGTCAACATTGAAGTCTGGGTAG
AGGGTTGAGAACCAGTAGACTAATGGTCGTTTTTCTGTTTAAAGGAGATAACTAATTTG
TAGCAGAGGGAAAGCAGAGCCACTCTCCAGGGAAAATCAATCCCACAGAGAGGGAGGCT
TAAAACAACCTTCTTAAAGATAAGCCTGAGCATGTAGGTGTAAAAGTTGGTGTCCGAACCA
GGGGAACTTGATTTGAGATTTTTATGCCTGTGACTTCTTGAAATCAAATGTAAAGTT
AGAAGTGGATACGGTGTTTACAATCCAATCTCTCTATTTCTGGGTGAAGGGTCTTGGTG
CAGAAATAGAAGGTATAGTAGAGTAGCTTGCCTGTTGGCATAAAAGAAGTAGAAGGCGAG
AGTTTCTTGGAGGGCAATAAAAGTTGTCATGGTGTGTATGTGGTGCGGTGTGTGACTGT
AAAGAACTTAAGGATTTCTGCAAGTATGAGTGAAGACCCACAGTGCACCAGAGCACAGCT
TCTACCTTGATTACATATGTTGTTACAAATTATCATTATAAAATGTTTAAACAATTAGTA
GATTCCTTGAAGGACAAAGCACGGAAGCTGTACACCATCATGAACTCGTTCTGCAGGAGA
CTAGATTCTGCAGTCAAAGATGACTAATATCCTTGCATTTTTGAAATGAAGCCACAGACT
GTTTGAATCATCTGGGTCCCTGGGGAAGCATTGTTTGTAGAAAAAGATCAATAGTAAATAA
GAAGAAAACACAGCTGATGGCAGAAGAAGTCAAGTGTGTTGCAACTTTACAGATGGTGCA
GCAGAAGGCTTTTTGGATTCTCCTCCTTGAAAAGATTCTCAGTTACCAAACGTCTCCACC
AAATGACAAAAGTCCAAAACCTTCCAAGCGTATCTGCCGAAGTGTACCGAACGTACAGCT
TCAATGCTGGAAATCGTTACATTGTTTAGAACATTCTTGCTCATGCCTGTATTTGCACAA

TGAAATTGCTGCCAACTGTAGTAATGATGCTTTTAATAAAAGTGACCCATGATATGCAG
TTCTCCATCAGGGGCAAATGTTTACTTGTAATTTTCTCCTACAGTTCGTGTTAAATTAC
TCAAATAAACCCATCTTGCATCAGCTTTGCCATATTCTTTCCAGCGCGTCGTAGCAGA
TTCACAAAGTTTGTTCCCTAAGGAAATCAAATCCCATTGTCACCTAACTCTGAAGATCTA
ATGTACTATGTGACTCATGCTTCTGGATAAATAAAGCACCAAATATGTATCTGTAACCAC
CTCTGAGTCCCCTGTCACCAGTTGGATTCAATTTCTTGAAGAGCCAGAATGAGCCACTTT
CACCACCTATGTCCTCACAGTTAATTATCGATTTGTGTGTCAGTTGCCATTTTCTCACTTC
GAATGTGTATCCATAACTCCCTGATTTTCAACCACATTCCAGCCTGCCTGACTCATGAAG
TCCTGGAAGGTGAAGTACCCCTTCATCCCTTTGTTACTAACCTCAGTGTATTGTGCAGTA
ATTGATCAGAGACCACGAAAAGAAATTTGTGCTTACCAGAAAGAAAATATCTAAACATCG
ACTTCTACTTCAGCAAACCTTCGTGACATCGAGCTCATCTGCCAGGAGCATGAAAGTGAAA
TTCTGAAGTTTCTAGATGTTCCGAAAGTCTCCACTGTGACTCATGTTACAGGCTGGTCT
CTCTGAATGGAAACATATAGGAAGGTGTAAAAAGCTTTAAGAGACAACCTGACATGCAAT
TCCATCGGTGAGCTCCCGCCTGCCACCTCTGGGCCTGCATTGCGGTGATAGGGCCAAGGG
AAAGCTTGGTGTCTTCTCTGGGTACACCCCAAGCAGCGTCTCCTTTTGGATACAGTTATT
ACCGGCACCCAGACAGGTGGCGACGGCAGAGGAGAAGGAAAATACATGTACAGCCAACCT
ACATTGGCAAATAGCGTGGGATAGATTTGTTTCTAATGGGTGTGACCAATCCTGTTTTT
CTGTTGTCAACAGAGTCTGAAGCAGTCAGGGTGTGGATTCTCTGTTGTTGTCATCAAT
AAATTCTCATTAATACTGTGTTTGTATGGCCTCTGCTGTGTTTTAACATCGTGCTTCTAT
CATTTGTGCAGCTAAAAGACTGGGCTTCTCGCTTTTTAATCACACATTCAGAGTTTATTT
CTGGCCTCTCACCAGGAGTTTAGGCTGAATGCCTTCCACGTGATGGAGGAAAAGGCCAAC
GTCTGTGGTGAGCAAAGTTTGCCTTATTACACTGATAAAGTGTAATTACACTAATAAAGC
AATGGTGGAGGGAGATGCCTGGGTCTGTTCTTCTACATAAAATGCAAGAAAACAGCAT
CCTGAAAGTCTGTGTCCAATTATGCACTGGCCACCCAACAGCACCAATTGTACATTCCT
ACTCATTCTGACCTCTTGTCATTTTGCCTGAAGGCTACAAATTCAGGGTCAGCTGTAT
CATGGATCCCGAGACTTGTGTTCTTGGCTGAAAACACTGAGGTGCTCCCATCTGTGCG
TGCCAGCATCAGTTATGCTCGCTACTTGGTGCATCCGATTCTGATCATCCTTTACAATG
CATACCCTTTTTTCCAGTCTCATGTTGAAGATTTTTATGTAGAAGGCCTTCCCAAAGGAA
GGCCCTTAGACTTTCTAACCTCACTGGAAACAAGTAAAAATAAATGTTAGACTTCATCT
CCTCAGGATCATTAAAGCCACTTCTTTGCTCTGCAGTTTCTATAGTAGTTTTAAATTAT
GGGGAGATAGTAAATGTTTTATTCGGGTGTATCATTACACAGTAAAGACACCAATCTTC
ATGGAGATCAGCAGGAGGATCTATGGGTGAGAAGAAGCACAGTTACAGATGGATTCTAGA
ACAACATGTGAAAACCTCCTTAGCTGCGACCACATTCTTTCATTTTGTGTTTTGTTT
GGAGTAGTTGGGAAATGGAAAGGTGAATTGGCTCTAGAGGCCCTGTATGCTAGTATCATT
TGTGAAGCTGGCAGAAATCACTAGTAAATGCTTCAGTTTCTGAAATGGAATGGAAAAAA
TCAGGTGTGTTTTTCTCCAAGCTTCTAGCAAGGTTTCTACTTAAAATCACCTGTGTGC
GGTGGTGTGAGCAAACCTCAAGTCCCATCCCTTTTTAGTACCATCCAATGGAGCAAGCTG
CAGCATCTTAGAAGAAATGTAGCCAAATTGGAGTCCATTCTTCTTTAGGGCAGTATATGA
GTAAAAAAGCAAGTAGAATAGTTTCTGAGTCTGTGTTGCAGCCTCTGACACGTGGCTCAC
CGTTCAAGGCTATGACAGTCTGCTACGAAAACATTTTTTCAAGTAAAAATAGTAAGAGA
AGAATAGTCAATGGAAAAGGAAAAGGGCCTCTGCAAAACATCCTTCTTGAAGCCTAGC
CTGGTAGAAGGCGAACAGGCGCTGATGCCGATAACAAGAATCGCCTTAAAGTTTACAGCAG
GTTGACTCATTTAAAGAAGATTGGAGGGAAAGGTAGGATTGAGAGTGTTCAGACAGAAA
ATTAGTTTCTGTGAGAAGTGTGTTAAAAAGAGCCTGGTGGCACCTCCCTCCCTTCTTC

ATCAGATTTCTCGTTGGGCTGGAAATGTTTCGCTGTTGTATATTTTAAAGTAAATTGCAC
GAAGATAGTGGTTTCTTATCTAGCCACAGATCACTTGGTCTAGCAAATTTTAGATGCTTT
CCCGATTGTGAACTGCTTGAAAGAAAAACGAACTTCTAAGATGTTTGTCTTTTCATGTC
GCCTTACACAAGAGTGGTCATAAGGGGGTTTGAAGTGGTCCACTACCTCGGGGGACAC
AGAAACACCTTACAAGTTTATAAGGGCTTATGGAAAAAGGTGTTTCATCCCAGGATTGTT
TCTCTGAATTCAGTATAACTGAGTTTTGTCCATGCTGGTGTCTGGGTTATAGGCCTGATG
TGGGTGTGAGTCACAATACTTTGGTTTGTGCACAAGAATAAATTTATGCCCCATACCTC
GTATAGAGAAAAGGACATAGAAGTGGAGTCAGGAACCCTCAGGTTTTAAACATTTATTT
AGGTATCTTGATGTCAGCCCTGAGCTTGTGCTTTTGTCTTCCCTGGGGAATGTTTTCTT
GCAACGCATCGTCAACGAGGGCCCTCCGGGGCCAGCTCCTGCCTCTCGTCAGCCTCTAG
ATAACGTATTAAGTCTTTTAAAGTAGCTTAAGGTATTGTGCAATGGCCTAGCCTAGTAG
GGGCCCTTCTCATAGCTGTTCCCTCATGGCCATGACTGGAACAGGGATGCAACCTCTTTCT
GTTTGGAGGAGTAGTTAGTATTTGGCTCATATAATGTGTTAGGTAAGTATTCTAAGCCAT
AGATCCAGAAGCTTTATGAACGAAAGATAAAGGAGGGAATGGATATGAACTACATTATCC
GGTCTCACCCAAGTGCAGTTTACTATTGCTATCTTTTCTGGATGATCAGAAAAATAATTC
TTCATGCCAGGTGCATCTGTGGACAGGGGCCATGCTCCTGGGCTTCCAAAGTTGGAGAAA
AGACAACCAACGGCATGGCATGTGTCTCTATTTGGAACACAGGGTACTTTATTTGCAGA
GATGGGTGGCCACTGTACAGATATTTATTACGCTTTCCAGACTTTCTGAATAGATTTTTT
AAAGATATGAAGGGGGCTCTGAGGAGACTTCTGGCCAGGATCTGGAGGCTCTGTGGATGA
CCCCACTTACAAAACTATGTGATGGTATCAACAAAATGTTGGATGAAGAGAACATATGA
GCCCTACTTCCACCTCCGCCAGCCTGTAATGTTTATATAAGCAGCCTCAAGGACCAAGA
TATACGGCTATTTCTATTTTACTGTTCTTCAGATTTAGTACTTGTAATAAACACACAC
CAACTGACTTTGGAAAAAGGATTCCTCTAATTGGTGTGTTGTAAGTATCGAAATAAAC
TTCATATTTACACGAGAACCTAATAACTGCCTTGTCTTTTTTTCAGGTAATAGCCTGCAG
AACGCTCAAATTCCTTGTGGGCCATCTCAAGACCATCACTGACCACTCTGAGAAAAACAA
TGTAACATGTCTCAAACACTCATACTGGGTTCCACAATCCACTGTTAGAATACCTATGGT
ACAGGGTCTGCAAGGTCTTTGGTTCAGCTAAGCTAGGAATGAAATCCTGCTTCAGTGTAT
AACTTTGACAACTGACTTCTGTTTCCTTTTCTAAGTTTTATTTTTCAAACCACCCGGAC
GAGTTAGAACCACTTGTGTTGGGGAAGTATTCATGGGTAACCTCTTTGAGGTCTCTTTAT
TTGCGGTGTTTGAACAGTAGTCTGTTAACTTAGTAGGTGGTACCTGGAAAGGTATTTTTAA
TTTTCAAGATGATGATTATTTCCACCTTCTAAGAGACAAAGACCAACGAGCCACCACAG
CACATCCTAAGCCATCCAAAAGAGTTGGTTATATGATTGTCTTTGAATTCTATGACTGTT
TGATCACCCGTATGCTGGACAAGAACCCCGAGTCGAGGATCGTGGTGCCGGAATCAAGA
CTTGCTGTGAAAAAGAACTCCCTACCTGTGAGTTCCTTTATTTATAATTCTTGAAACCAA
GCTAGTGATCTGGTTTACTGCCTTAGTAATATCTAGTTCCTAATATGCCTATGCCTTTTA
GTGAACTGATCCCTTTGCAACCGTCTAGCTAGGTAGTTAAATTACCCCATGTTAATGAA
TTTAGTCTTTGGCATTGTTAGCGTTTGGGAGGTAGATTAATAAAGTATATTCCTTCAAGCC
TTCGTACCTGTAGAGCGTTTGTCACTGTTTCATCTGGTATTAAAGATTCCACATTCTCAT
AGACTCAGCTCTCTGCACTGCTTGTAGGAAGTATAATGATTTGGCAGATAGGAACAATGA
TTCAAGAAGAAAGCATATCAGGCAATTGAGGAAAGGCAGAGTTTGGTCCAGGCACTGCA
ACCGAAGCGTTGACCTGAACATATTAGTGCAATCCAGTCCAGATTGGACCTTTGATCCTA
GGAGGAAAATGGTCCATGGGGTATACAAAAGAGTATCTTTGTTTTCACTCATGTACTTG
CTCAGAACCCGATTTAGGACTCAGAATGACTTTGCTGATCTCAGCATCTCCTCTGAGATA
TACCCAGGGCCTTTGCTCAAGCTGTTCTCTCTCCCATAGTGCTTTTTCTCCCCACATC

GTGGGACCGGATCACCCGCTTGGAAAAGGGCAAGATCTATCGGCAGGGAAACCTGTTTGA
GGAATATTAAGTGTGGCAAACCTTTAACCAATGCTCATATCTCTTGCACATGATAG
TTGAGCTAAGTCTAAGCAAAGGGGTGGTCAGGGCAGCAGCTGCTCCAAAACAGGGGCTG
CAAAGTGTGTTGCTGGCAGACCGAGTAGTCATTAACAGATAATAACATCAAGAAATA
AAGAAAAGATGACTTTGGAATGTTCTGGATTCCCACAGCTGGGAATGTTCTACTTTTTT
CAGCCTCAACAGTATGGTATTAGTATTAGTATTAGTATTAGTATTAGTATTAGTATTAGT
CATGGTGCAGTGTAACTTCTTCTTCCCTATTAATAATTAGAACCTTAGTATAAAT
TGGAACAGACTGCAGTTCTTCTACAAATCAATCTAGACTGGACAGACAGAAGTCCAAG
AAACAGCTGCCAAATGGCAGCCAGCAACCTGGGGTGAAGAGGTGGGCAGTAAATGGATGT
ACTTTGAGAACTCTGTGAGACAAGGTCCTTAGGCACCCAGATATCAGCCACTTTACATT
GTCCTATGAAGCTCTGAGAATTTTTGTACGATCAGCCTTACTGCTAATAAAAGCACTTC
ACAGCGGCTCCACTACAGACCCAGCCCCAGGTTCAATGTCCTCCGAAGAATGAAGTCTTT
CTAGTTGCTGTGGAGGAAATTCGTGATGTTAGTAACCTTGGCATCTTTATTTACCAACTT
CCTAAAAGGGCTCCAAGAAAGCCGTCACCAAAGCCAGAAGAAAGACGGCAAGAAGCGC
CACATTGGAGATAGTGGTTGTTGTGATAGATAACCTTAATTGTGTTTTCTTCCAAAACAG
CCGGCGCCCCGGCTCCATCGCGCCCGGCGAAAGGAAGGAAGGAAGGGACGAAGGAAGGGA
ACCCCCCTCACTTTTTCAGACCTATAGTTGTCCTTTTTGATTCTCCAGTTAAAACACTCAA
ACCACACACAACCAGTCCCAAAAATGGCACAGAAATGGTATCAAGAAACCCGAAGCACAA
CCAATTGTGATGATCCTTTTTGCTCATTTCAGCCTTTCTTGCTGTTAGGGGCTACCAT
GCATGATGAGGCAGCTGAGGTGGCTCGCTTCTCCTCCACCCAGAAAATAAAGTCATAT
ATGTAGAAGCTCAGGAAATATCCATGGTCTGTCATCTCTTTGGTCATAGAATCAAAAAA
TCCGTAAAATCAGTCGACTGAAGAACACCATCAAATCTTTGGTAAGAGTCCGGTGGGGT
ATGATGACATCCATATGGTTTCGCTGCTGGCTGAGTTTCAGAGATGACACCTTTCTCTTG
GCTTGCTGAAGAGACTTGTTTTCTTCTTAAGACAGTGGTTTTGTTTTTGGGTTTTT
ATGTTGGGGCAAGTCAGGCAGGTGCAGAACAACATGTAAAGAAAGTGAAGTATACTATAT
ACCCAGCCCCAGGGAAGAGGCTGTTTCATTAGTGAACCAAGAGGGTACAAAGGTTTAC
GGAGGAAAGACACTTAAAGACACTTTTACATGTCTAGTAATTCTTGATGTTTATCTTAC
CAACTGTAATGTCCTTGAGAATATTTTCTGCAATATTTGTGGCAAATTCAGTGGGCATAA
GAATGTGGGAAGGCCTTAGCTATCATTCAAGCTTCTCACACCATCAGAGAATTCATTCT
TGGAACAATGGTTGATGGATCCAGATCCTTAGAAAAGGAGAGGATGGGGGTAGAGTCT
ACCAAGCTGAATAGGCTACATTTAATGCTATGAAAGCTCTGTATCTATGTGCTTTATATC
CCGTTAAGTTTGTATTCTGAGTTTCCAGCAAAAATTTCTGAAATGTGCCCACTTTGAA
GGAGGGGGAAGAGAAATTTTTATTTTTGAACCCCTGTGTCCCTTTGCATAAGATTAAG
AACAGCTGGGGACAAGTGCAGGATGATGTAAAACCTTCCATAAAATGTAAGAAAAGC
TCCACGGAGATGCTGAGGAATTCATCCAGACGGAAGCTGTGGTCAGCAAGCCCTTACAG
AGCACTGTTTGCCTTCTGTACACTCTGGGTTTTATATTCTCATTTCATGCCTAATGTCT
CTGCATTGCGGTGATAGGGCCAAGGGCCTGGGCCTTCAATTCTCCAGACTTGCCAAAATG
TCTCAAATATATGCTGTGCCTGTACTTATATACAGTCTTTCAAGAGAGATACAAACAAGG
ATGAAGGTGGTGTGTTTTTCTGGATATCACATTTTCATCAGATTATCCATTTAAGCCAC
AAAGAGATGCTAAGCAAAGGCCTGATTATGAGGAATGAGCCAAAGTCATGCAAGGCGTG
GTTTCGAGGTGAAGAAGGAGCCTCCCGAGGCCGAGCGCTTCTGCCACCGCCTGCCGCCAGG
TGAAATATACCAAATTCATCTCCAGAGGAAAATAAGAAATAAAGATGAATTGTTGCA
ATCTTCTCAGACCTGCTGTCCAACCTGCACTCGCGTGGGAACGAGAAGACACTCATGGAG
GGGAGCATCTCTGATGAGGCATGCTGGCGACTGGATGGATAATCCTGTGCATCACCATTG

GAGTGTAAGTTACACAAAAGAGGTTATAATGGACTTAACCAATGTTTGACAACACTACCCAG
AGACTTACTGCAGTCGATTTGGGATTTGCTAAGTAGTTTTACAGAGCTAGATCTGTGTGC
CTTGGCCTGCGAAGGTGAACCTGCCAGATTTATCAGTAGAGGCTGGACTCCCTCTGTGT
AACTACAGATGATGGTTTAAAGAGAACATTTTGAGAAATGGGTCACTCACAGATTGTGT
TTCAAGCACTTTTTCTGTTCCAAGGTTTGCTTATGGGGACCCAGTGAAGTGCTTCAGA
CGTGCACTATATTGCAGTTGGACATGAGAACCCTGCAAATTTCTGATCTAGAGACCCTGA
GAAGCAAGCACTTGAAGAGAAGGAAGGGGAGAAAGGGTCCCCCTTGCTGTCTGCCTCTGA
GAGGCCTTGCAAGTCTTTAAAGAGGCCAGAAGTGTTCCAGAACCTTGCTGTGTCTGTGC
ACATCTACTTGCTGCTCGTGAAGATCTATCCAAGATCATTAGGACAAGTAGTGGCACCAG
GTAGAGTCAGTGACACTTGGAGAGAAAATAAATGATAAAATCTCTAAATGTTGGTGTGT
ATATCTTACCCCTAGATGTTTCATCCAGCAGAAGAAAGAAGAAGGTGTTGGGGTAGGATT
CAAGCAGGAGGCTCTGCCTAATGTGAATTTATTTATTTGTGAATAAACTGTACTGGTGTC
AAAGGATACTGTTCAAAAATTGGCCTCCGACCACAAAGACATCCACAGCAGTGTCTCTCG
CTCTGCCTCTCTCTACGTTGGAAACCACATAAGTGGATTATCAAGCACAAGTAAATTA
ATTGGCCAGAGGAAGCACCTGGTGTGAACTAGGCTTGCCCTGCTGTGAACTTGCACTTG
TGGTCTGCCAGCACGCCATTTCAACTGAGAAAATCAAAGCCAAGTACCCCGACTACGA
GCTCTGCTCTTATAAGGATCCAGAGAAATGGAATAATCTTATTGCTGATCTATGTAAACA
AGAAGAAAGCAGCTCCAGCTTCTACTAACAGGCTGACCGGCGCCAGTCGATGGCCTTCA
ATTCTACTCCTTTGCTATCTTCTCCAGACAGTGAACAAAGGCAGTCTGTTGAGGCATCTG
TGTTGAGAAACGGACTCTGATAAAAGTCTTCGGGATCCGTTTCGACATCCTGGTTTTTGG
AACCAAAGTCGAATATGACGGGGAGAGGAAGAAGACCCTGTGTGGGACTCCTAATTACAT
GCAGAGAAGAAGGAATGGGTTGAGAACTGACTGAAGTTTCTATCAGCTCTGATGCCTTC
AGCTTGCTGCCCGTCTCGAATGACTGGAGTTTCTGCTTCTGTCACTACACCTCCAC
TTTCTTCCAGGATGGTGTACTGCAGTTGAAGGGCAATATGAAGTTACTTTCTAATGTG
CCAGGCCACACAATAATTCGGGGTTGTATTTTCTAAGAACTATGTATTGTTTTTAGCTTA
AGTCTCCTATCAACATCCAGTGGAGGGACAGCGTCTATGACCCCTGGCTGAAGCCACTCA
AAAGATCTCCACAGTGTGGAGCCTGAACAAGAAGAGGCTGGGGAGGGTTTTCCCCACGA
GTTTCTTCATGTTTGCTAACCTATCTATATCTATGGTTTTTGCCAATAAATCACTGTG
TGGGACGTAGTGACGGTCCATCAGCGCTCTGCCTTCCAGCTAGATGTTGTCATTGCAGCA
AAGGCCAGTTATCTCTCCAAAACACGACCCACACGAGGACCTCGCATTAAAGTATTTTCG
GGGATGAATAAGAGGATGAAGGAATGGTATATGTACACACACAGCAATTTCTCAATAATG
TGAAAGAGACTGTAGAGAAAGGCAAATGGAAGAAGAAAGCTTCTGTGCCCCACAGATA
ATGCACAACCTTTGTAAATGTGGTATACAGGACAACTAGACGGCCGTAGAAAAGATTTA
CCAAGCACATCTCCCTTGCCCTGAATATCTGTATATCTATATGAACATCAATTGAGATA
TGCTTTTGCACACGGTAGGTAATATTGCTTTATGTTTATTTGATTTACCATCCACC
GGACTGTAACCTCTGAGTCTTAACCACCACCTCAAATTAGTATTTGTCTACTTTTAAGT
GGGCAGTACTGTCAGAAATTTCTTTGAGCTGTGAGATGGATTTATTTTTAAATGCTACTT
GAGGCTGCGGCTCTTGCTGGAGGGGGGAAGCGCACAGCCCCAGGACGGCGAGGACGGGGA
AAGGTTTGGTTGGGGTGAACATGATGACAACACATACACTTAAGAAGGTGGGAACCGGG
TCCCACACCAGCCAGGCTGGTCTCCTCTAGCCTGTTTGTGTGGGGTGGGGGTATATTTT
AAAGATGCTTACAGGACCTTACACGGAGCAGGAGCGGCTGCAGGGGGAGGCACAAGCATG
GAAAAACATGCACAGATGGTAGTTTTACTGGTGTGAGTAAGTTTTCAAATTTGGAAGT
TGTCACCAACAAATGAGACAAGAAAGTGTACAGTGCAAAGGAAGAAGTGTGAGAAGGGA
GGCAATATGGAGTCAGTCCTGCATTTAATGTCTTGAACATTTTAAATTAATTCTATTCCC

GTCATAGCTTGGGCTGTTCCCTTCTCTGATACGGGAAGAGACCCCAATCAGATTTTTCAA
TGACGGGGATGAAACAATTGAACTATTGAGGCTGCTGAGGCACTCCTCAATATGGATTC
TGAAATGGCCTCCACCTTCAGCGTTCAGTACTGACCTCCTTTGTTCCCTTCCACTCCA
TGTGGGCTGTGGGATTAATTTCAACGAGAAGGCGATCCATAAGGAGGGCTGTGTGGAGAA
ACAACAATGGCCCTGGGACTGTGAATGGTCTTCACCTCAGCATCCACCTTCCGGGACAGT
TCATCCGGCCCAAGAAGCGCCTGATTGTCAGTAAACGGGCAGGTAAGTACTCAGTGCACCACT
ATCACCGTTGATGAACTCATTGGTTTTACAAGTCATTTGTGATGTAAGTGTGTTTGTGATTGG
ATAGCTCCAGACCAAATGTCTGCGGCCACCCACCCAAAACTTGTGGATAAAAATGACT
TTAGGTTATCAGATTCCTTTTCTCTATATCCTCAGTTTATGTTCCATCTGAGAAGATCTC
GAGGGTTGAACTCAATAAACCTTCAGATTCGGTTCGGTAAAGACGTCTTCTAGAGCCTTTG
TGACGTGATTCTAAGGCAGGAATTTGAGAGTTCACAGAAGGATCGTGTCTGCTGACTGTT
AAGAAGGCTGGAAGAAATTTTCTCTGGGTGAAAAGTTATGTGCTGACGGGGCTGTTGGAT
TTTGGTCACTTTTGATAAGTTTGCATGAAACCATTTTGGTGCATTTTGTGTTGGGAATGG
GCTTCTCAGAAGACAGAGGGTTTTCTTTGAGGCTGTTGTACAGTGGCCTGATTATAGCT
CCTATGGCTGGAATTAAGTGTGCTTGGAGCTGTTGTACATTTAAGAATAAACTTTTGT
TGCTGGCGGACTTCAAGGAGAAGCCCCACAGGGGATTTTGTCTAGAGTAAGGCTCAT
ACATGGGAACCTTTGACCTAAGTTTGTATTTACATTGTTGAAAGGGAACCTCCGGGATCC
GAGATGTGGAGAAGAGGCTGCTGGCTTCCCTAAAAGTTGAAATAAAAGATTTTTGCCTTT
AACTCCTGCTTAAGGTGTTCTAATTTTCTGTGAGCACACTAAAAGCGAAAAATAAATGTG
CTGGTGCTTCAAGTCAACGGACAGACTTTCCATATGTTTCTGCTGCTATGCCATGTTTT
GCTAGGCACAGACTCCATCTGCCTCTGCCAGGGAGTTTATTAAATAGTTTATTAAATCTC
TGGAGTGGAGATTCCAGAACCTGTTTTCTTGTACCATAGAACCCCATCACTGTCTAA
TCATCAGCATGATTCTGGCTGTCTCTATAGAAGGAAAACTCTAAACGGGATTACACTG
TAAAAGGCCAAACCTTTGCTCCAACCTTCTCCTTAGCTTCCCTTTGGATCTGGAAAGCTG
GCCTGACCGGTGCCACATGAACCTGAAAGGAATCAAGATATAATTTATTTGAAAAATAA
CTTTTATCTTTATTGTTGAATCTAATGCCTAATGGTATTAATAAGAGTACTAAGTAAAT
CAACTTCTCCCTTTGGACCCTGCCGAAGCTCCCTGCCTTTAATAAACTGGCCAAGTGTG
TCCAGTCAGAGAGCACACCTGGTTCAATATCGGAGCATTTCATACCAAAGAGAACTCATGA
CATACCATTCTGAGAACTCTGGATACCTGCTCAGACAGCTCTGTTTCAGCTAAACAGTAA
TCCCTCATGAAGGTAGAACCAGCTGCTGTTGACACCGAGGTTACATCTGTATGTCTATTT
TGTGCCTTACTGACCTAAATATCCACTCAGTATTGTTATGTGAGAATAAATAAACTTGTG
GAGGTGTTGCCTAGCTGATTTTCTGCTGTGCAGAGCTAATGCTGACATTTTATGTCAACT
ATAGGACAGATCCCATCTCCTCCACCCAATACATTATTAGACTGAACTGTGACCTGAAAT
AAAGCCATTGGGAGGTAATGAGGGTGGAGTTCTCAGGAATAGGATTGGTGTCTTATCAA
AGGTGTGTGTTTCAAATTTTCTATGCTGAGTGTGTGTTCTTTGGAAAACCAGAAAAAAT
GAACTCAGATTTGCAAACCAGGTTTCTGAAACTTTGGGTAAGGTGTATGCTTTTAACTTT
AAAGATTGCATCATCTGACCTAAGACTTTCGGAATTTTCTGAACAAATAACAGAAAGG
TGCAAAAATGCAGCAGGTGTACAAGGAAACATAACTGTAGAAGTAGCTGAAGAGTACTG
CCGAGCATCTCAGGCCGCCGCGGGGACCCCCCTAAGGGACTCGGGAACACCTGCCTACC
AAACATCAAGATTCTGGGGCTAATCTAGCCATTCACAGCTTTAGAACCATGGACAGTAAA
AGAAATGGGATACTGAGAGAGTGTGTTGAGGTCAATGCATCTAATTTAGAGAAACAGACCA
TGCATGAGTTTTTCTTTGTTTATGGAATGTTTTTCTGATTAATGTTGGGGAAATGCC
CACCTCCTGTGGATGTACAGGCAGTGTCAATAAATGCTTCGAGGCTGATGAGGCTGCT
GGAACAGTAATTAATTTTCTGAGATGTTGTGTGGGTTCAAATTTCTCTATGTACAGATGATGT

AGACCGCTTAGCATGGACTAGAAATTTGACTTTGAAGGATCACTTTCCCCTGTCATTGC
GAACACAGATTTTACCAGCTACACCCACACCCTCAATTCTACTTGAAATTAATCTTAAAG
GTCTGCTTGACGCTCTTGTCTTCTCCTCGTAGAAGCCGTGTTCAAGGAGCACTCAGATG
CTCCAGAAAGAAGTTTGTGAAGAAAAGGTGAAGAGCGAGTTCCCGCAGGCAAATTGGAT
TCCTGGGCCAGTAATAGGGAGAGTTTCTTTTCTCTCGTCAAATTGCTTAAAGGATTCTAG
TAATCAGAACAGGAAAGGTTTAAAATAAAAAGATTCTCCCCACCTCCCTTCTTCCACCTG
ACCCCTTGTTGTAGAGTATAAAATTGCGGATATGGGACACTTAAAATACTACTTGGCTCC
GGGAGTGTTTGGAACTGATTCTTCGAAAACATTTTTACCTAAGCAAAGTTACTCATAA
TGTTTGGTCCCTTAGGATGTATTTGTACTATATGACTTACGGGAAAACACCATTTAGCA
TAAAGAATCCAGGGGGGAGAATGATGGGGGCGAGGAGAGGGAAAGTGCTAACATTTATTA
GCTCTGATATGCATTTGGATGATTAATGTTATGCTGTTCTTTCATGTGAATGTCAAGACA
AAATAGCATGTGACACAGGACAGCCATAGTATAGTGTGTCACTCGTGGTTGGTGCCTTT
GCAGTTCGTTCCCTTTTCGAGAGTTCGCAACGCAGCAAAGAGACCTTGGCCAAAGCTGT
GGAGACCCCTGCTTCTAAACTTACACATTTGTGGTGTACCTTTGTCGTAAACGTTTTGA
GAGGCTCAAGTTCGCCACTTTACTCAGACCGATGCACAGTCTTCCATTTTACACTTTTT
AGAGAGAATGGAGAGAGAGAAACATATATTATATATTATATAGAGAGAGGGAGGAGAGCG
ATTGTTCTGGGTGATTTCTAGAATGGTTTTTGTGAGTCTCTGAACATCCTAAATATTGG
GATGGAATCTATCGCCTTTCTGGTGTTCCTCAATATCCAGAGACTACGCCATGAATTT
GCAATTCATGTAGTTTCTGGGTCTTCTGGGAGCCTACGTGAGTACATCACCTAACAGAAT
TCGGCTCGGGCTGAAAAAGTTTCTCCATGGTTCCTTTGTGTGCGCCGAGCGCCCGTTGCG
GACAGGTTTTTGTGCTTTACATTGCTTCTAGTTTACAGCATGATGCAAATGATTTTCT
TAGCATTGCCAGAAGCCACTGTGAGTCAGACAGATGAAAATAAAGCAAGAGCAGAAAAAA
TTGGGGTGAAGCTGTAGGAACAGGGTGAAGCTGGTGGTGTGAGCAAAGAGACCAGCTAT
CTTCAGAACATTCATTATAAAGAAACCCTGCTGATTAATCTCTCTTGGGCTTCTCC
ATTAGGGAAGAACAGAGGGCTAAATGTTTATTGACTTCTTGAAAAATGCTATGTGTCTTG
TGCTGTTAGCGGTGACTCACATTCCCAGTGATTTAGAAAACTGTGGTGCCGAGTGAAAG
GCAACAAAGATTGAGATCACTATGAGAAAAGCTGAACCGATGCAGTGGGCAAGCCTTGAA
GAAGCTGCTGAGCATGGCTTTCTGTAGTCTTTAGCAAGACACAAGTGGATTTTACTTTG
ACAAGTGCATAGGCAGGGAAATTCTCAGTAGTGACAGTCAACTCTAGGTTACCTTTTTT
TGGAACCAGGGCCACCTTCTCAGTCTTGTGTCTGTTATTGGAGTCTGGCCAGGGTTGA
GAATAGGTTCCAGAGACTTTTGGCCAGGAGGAATTTACTTTTACTCTGGACATCAT
ATAAAAAGGACAAGCAGCTCAATGAGAAAATCTCCCTGCTCCGCAGCGACATCACCAGC
TGAATCTTTTTATGAGACAAGCTGAATCTGGGATCTCAAATTGCCTCTGACCTTTTATAA
TCATCTGGTGGATTGTTTGTGACTACATTCTTCCATCCTGCTATTCTGACTCAAAGATT
GCAAAGAATTCCAGGAAACCCAAGAGGCTGAGAATTCTTTTGTCTACCATAGAATTATTA
CCTGTGAGGTAAGTGGGATCGCACCTTTTATAACAGAGACCTGAGGCAGATGAAATTTAT
CCAGCGGAATTGTCAATGAGGAGAACTTCAAGCAGATTTACTCCCAGTTCTTCTCAAG
GGCACCAGGTTGCTCTGGAAGAGCTTGAGGATGTGGTTCTCGATCACCTGTTGCACTGA
GTGCATGAGTTTATGCTGAAGCCGGGTGATTTGTTGTACTTTCCAGAGGAACCATTCAT
GGCTGATTCCTTAAAAAATTAATATGTTAGAGTCTCCACTGGAAGGTACATCATGTTG
TGCGAAAAATGGGCGCAATGGCCAAGCCAGATTGTATCATCACTTGTGATGGTAAAAACC
GAGGTAGTTGGTCCATATGCAATGAGTAGAGCAAACCATCAAGCATTAAATTGACATTAGG
AACTGTTCTAGTCTTGTATGGTTTTCTCCTTATTAACAGTTGGTGTCTTCTCCTGGCC
TGAGGAAGAGGAGAGAGAAGAGATGGACAGACCTCAGATCCATTAAGTGTTCTCACTTC

CGTCTAAACACTTTCAATTTTCAGTTTTTATTTTATGTTCTATATACCCAGTCATAAAGT
CTCCAGGCCCTTACTTCTAGGAAAACAAACAAAACAAAACAAGCAGTTTCTCTAAATTAA
ACAGTGGGAATATCACTTTTGATGAGATCGTCAACATTGCTCGACAGATGCGGCACCAAT
ACATATGTGCTTTCTGTTTGACCTTGTGTTTGCTGCCAACCTAATACAGTTGAATTGGG
TGCCTCCTCTCACACACACAGATGCGCAAGGTCAAAGCTAGGTCTCCATTATGACCCCTT
GGATGAGCAAGAAGATGTGTTATCTTGTTGTTCAACAGTATTGAGTGTGAAGGAAATTTT
ACCAAAACAGGGAGCTGATGGCAGTACACTTAAAAACGCTCCTCAAAGTTCAAAGTTAGA
CTGTGTCAGTACAGGGAGGGATGCACACTTTCCTTTTGACCAAGGAGGGGGCAGCTGAT
CCATCACCTTATTTGACTCTCCCCACAGAAACAACAGAAGAAACAAGTGGAAACATCAGCT
AAAGATTAGAGGCCTCGCTGCCGCCCAAGTTAGAGGACAAGTTCCTGGAAGGAGGAGGA
AGGGCAATCATTCTTCTCACTTGGCCTATGGAAAACGGGGATTTCCACCATCTGTCCCA
CACCACCGACGATGTGGGTATGGAACCCCTCTGGATACAGAACCCCTTCTTTTCAAAT
TGGGGACCGCGGGGAGTGACCACATTCATTATTCCCTCCCTCACTCATTATTCC
CCTAAAGATCCTGTGTTGAAGACAGTGGCACCTTAAATGCAAGGGCAGTATCCTTGAGT
CATGGGCTCTGGCAAATCTCTGAGGCTGGAACAGGGGTCTCCAGTATATTCATCTACCAT
AGACAATGGATGTGGTCCGCCTTGGGAGTCCCCAAGGGCTGTGCAACAAAGTCAAGTCAC
AGAAGTTGGTGACCCATGTATTGCATAAGCTAAAGCAACACAGACACTCCTAGGCAAAGT
TAACTGCTGCTGCTTTAAGAGATCAACTAATTGAGCACTAACTATGATAGGAGCATATG
GCTCAGTATTTTCGCAAACAGCAGCTGTCTAAGTTCAGTCTGAACTTTATTTTTTAA
AGATGGTTCAAGGGTTGTGTGTGTTTCTCTGCCTGCTGTAATAAATTACTACAAACTAA
CAAGAAAACTGGCAATCCAGTGATAAACAGAATGGGAAAGGTCATTGGAGCCAAAAGCA
TGCCTGGCTGCTGGGTTTGGGTGCATTAGAGCCTGAGGCAAGGGCTTGAGTCTGAATTCT
GAGAAAATCTCAATGCTTACTGTTACTACTAATTGATTCCTACTAGTTTCCAGTTTGGG
AGGTTTGATGTCCTTCCAAGAATAAAGTCTTCCCTGGTGATGGTCTCTCGCTCTGTCTT
CTTTTCAGCGGCTCCTTGCCAGACATCATAGGTCATTATTAATTATTGGTTTGCTATTTT
CAATTACCTAGATCTAGTTGGCCTTTGGTTGATAGATCCTCTGCCTCGGAATTTTATTGA
TTGCCCTTCTCTGTATCTGTGCAGAGCTGTCTACTGTTGGCGACTCAGTGCGTGTCTTGA
GTGGTTGGGGAGCTGGTCTCCAGGGAGTGAGTCCGGAGCCCTGCTGGATTGATGCCCAGC
AGGTTCTGGGAGGAAGCAATTGGAACAAGTCTGGGTAGTCTCAGTAGAAGAAATGGATA
ACCTCTTGTACCGTACCAAATGGCGATCCGAGCAAAAAGACTGGAAGAGAGCCGAGCGG
CTTCTCAATACAGCCTGCCCTTGACAGTCCCTATTTCAAATAAAAATTAGTGTGTCCTTGC
GCCACTGGGGCTGAGGGCAAGAATATTTTTTATAAGGAATTGGGAATTTTAGTCTTTT
GCTCAGAGGACTCTATACAGAGACGTGATGCTGGAGAATTATAGGAACCTGGTCTCCCTG
CTTGACACCAGATTCTTTCCATTCTGTCCATGAATCATCTTCCCCACACACAATCATT
TGCCATCCCTTCATCCACCCAATGCCTTCCCTCTGAAGATCAGAAAGAGGTCTTTGAAAT
ACGGAAGGAATCCTGTAGTTTTCAGGCATAGTTTAAATGACACAGAAAACCTTGTGTCATC
CTCCAGCTGGTCATCCACGCAGTGGACAGTCTGTTCAATACCACCTTCGTCTGCACAGT
AATGATCAGAAAAAGAAAGAAGCCAAAGAGAAAGGTACCTGGGTTCAACTGAAGTGCCAG
ATTACTCTTTGCTTGTCTTTCCACCGCCCACTTCTGACATTTTATTCAAAGTAG
GATTTTAGGCGTGAGCCACTGCGCTGAGCCTGTTTTGTCTTTTGAACGTGAAAAATAAT
CTCCAAGAAGCCAAGTCCAGTCTGTTTTCTGGCATCAGACACCGGCCCGTGTTCCTTGT
TTGTAGCCGTAATCTGGAATACATGGGCTGCCAGTTGTCATGACTACTCTCCTATGTT
GAGCAGACAAAGTTGAAATGGATGCAGTCAGAAGTGAATGTTGAAGAAGTGGTAAATGAC
CTCTGCAGGAAGGCCATCCACAGTTATATCTTGCTTTAAAAAAGCAAAACTTTGAAAAAT

AATCAGAACTATTGAACTTCTCCATTTCAGACCGCCACTCACACCTATGGGAAAAGGGTGT
ACCATGGCATGGTGTTCATTTCATTGTCTCCTGAGTTCATTTGGTGTAGAAGAGCTGGT
AAATTACACCCTATTCTATATGTGTCTTCTAAATCTACTCCAGAGACCCAGTGCCTCAA
GAGAGAAGCAAGCATCTTTGCCTCTTTGGAGTAGGAAATTCAGACTTGAAAAAGTGGTGT
TCTGACCGCTTTTTCTTGGTTATGAATCTTAATTTTGAATATAAGATGATAGGTAAGCGC
GGGAAGAAGGTGGTGCTAACCTTGCCTTGTGAAAAGCAGGAGACCATGAAAGTGGTG
TCTCCTTTCCTGGTGTGGACTTAAATCAGTTGAAATGTATTTCTGTACCACAATTTAC
GTGAATATGGACGGTTAGCATTACCAACATGTGTCTGTCTACTTTCTCTTGTAAAAA
TCTGTGGTGTCTAAGGAATTAATGCACTGGAGCTTTAAGAGCTCAACGTGTTCCCTT
TTGAGCTCAGTGGAGCCATGAACACTACTGCCTGCAGTCTGATGAAGATAGCAAATGATA
TGCGTCTGTTTTGTGTCTGGTGCAGAATATGACAATCTACCAACTGCCCTTTGTTTGA
ATCATGAGTTGCTCTGAGTTTTGTTAATGTTTGTGTTGGTGGATTGACGGTTAAATGAAG
AAGACTCGCAATTTACGACACACTTTGATCCCTTCTGTTGGTGTGCATGTTGTAAACATT
TTCCTTCCATCTCTGAAGTCATAGTTTATGCTGCACCCCTATGTGGTCTTTCCTGACGA
TGATGCATGCCCTGCCAGTTAGTACTGTATTTTGCATTCATTAATAAAAGACACCGGTGG
GGTGACTCATGGAGGAAAACCAACACACAGTACCATTAATTCTTTTTAAAAAGATGGAA
CATGAAGACATTTGCAAGTCTTGTATCCTGAAGAGAGTAAAGTTCAGTTTGGATGGCAG
AATACACAGTTCTATCCAACAGAACTGTATCTTTCTGTTTGCAGAAGTTCTCCGTTAG
AAATGTACAAGACCACAATGGATGTCATCTTCATATTAATAGTTGGACTCAGAACCCATT
TGCCCTGGATCTCCAGGAGCTGATTGCACAAGCTGTACAGGCCACGAAGAACTACAACA
TCCCTGAGCCCCAAACCCTCCTCAGGGTGGTTGAGTTCCAGCCATGCTCCCTATAAATGT
CTTTGAGCTGGTGGGAATCAGTGGATATCACAGGCTAAAGGAGGGGGCAGTCCCCACCAT
TCTAGGTTTTCTCTGCAGAAGACAGCAAGATGCCCCAGGGAATGTTTGTGAAAAAGGATGA
TTTCACATCGAGGCTACTTTTACCCTTCTGCCTCCTGCAGGGACGCTGCATGCATAGG
CAAGCAACAATAGCACTATTGATTCTGCCTGGAAATCTGGAGAGACAAGCGTGCGATTCA
CAGCTTGACAAGATGGTGACAGAAAAGGCAGGATTTAAGAGAGCTTTCATCATCACAGGG
CCCTGCGTCATGGATTTCAAGGTCTTTAATCACCTTCGGTTAATCTTTTTTAAAAA
GGGCATCATTGAAGACTCACGTACTTTTACTGAGAAAGTGACATTGATCTCTGTAGATTT
TCGTCCCAGTCCCCTCTCTACCTCAAAGGAGGAGGTGCAAATGAGGAAGCCTAAAT
TGGAATTTTGTCTTTTGTCTTCCCTTCTACCCTACATCTTAACTTTATGGAAGAACCT
CTGGAACAAGGGAAAGAGCCCTGGAATATGAAGCGACATGAGATGGTGGATGAACCCCA
ATGTGGGGGCCACTTTTTGTACATGTACCACCTCCCTTCTCTTACTGTACATAAAC
GTTTCATGAGTTGCATTGTAGCAGACAATGGACAACCTGTAGTTTCTGAATGACTTCTATAG
ATCCTGGTCTGGTTCTGCCCTGACCCTGGCCTTGCTCTGGATCCTCTCTGGTTCTGCTT
GCTGATCGACTTTGTGTCTCTGTTGTCTAAAATAGGTTTTCCCTGTTCTGGACATTTTAT
ACGGGGCTGTAAATTACCATTTACTAGATTAGCCAAATAGTCTGAATTTCCAGAAAACAA
AGAAGTCTTATAGAAAGGACACAAGTTTGTTCCTGGCTTTACCTGGGAAAATGCTAG
AGGATGGGGTTTTGGATTTTGTATAATAATAAAAACAATACAGCATATGGCTAGGGAAGG
TTTACATAAATCCCAAATTCTACCTCTGAAGGTATATGAAATTTAACTATGTATGTATTA
TAGACTTGAATCTACTCTAAACGAATATTTAATCCAACCTCACTACATTGTAGCTCAGTC
TGATGATCATGGGCAAGAAGCCTGACCCCAAGTGTGTCTTACCTATGTGCAGTCGCTCT
CCACCTGCAGATCCCAAGTGGCGGTACAAGGAGGCCAAGGAGGAGAAGAGGAAGGCAGA
ATTCTCCACTACATAGCAGACAAGACAATCTCTTTGGCAAGAACCTCAAGGAGAGAACC
GTAAACCTGAGTTAGAATAAGATGTAACGGAAGCCACGATAAAGACTCGGTCAAATCCTG

ATTTGTCTACAATGGTGTGAGGCTGGAAGATCTACAGCATATGTGCCTGGAAGTACTGACTGT
AGCAAGGGGCTCTTGGACAGTGGAAAGCACTTTCAGCAACAGAATGGCTGGACAGAGGCT
TTGTCAGACTTGGGGGCTGAGGATGGATGGACCATGGATGCGGAAGCAGATCATTAGGA
CCAATGGAAGGGCCGAACAACTCATAAAGTTGTATTGCAAAGTTGTAAATTTTCATAAAC
TTTGGAAGAGCTCCTTATCTTTTGAATCCCAGGAAGAAGAAAAACAGTTATTTACAA
TTTTCTGTAGCTCCAAAGGCTATCTCTTCATATTGACTGCAGACAGACTGAATGGACAGT
GGGTGCAGTAGAAAGAATCGGAATCTGTGCCGTATTGATAAGGAGATGATGTTGAACACA
TATGAACACTTATTTAAGGTGAATGATAAATCCGTGGGTGGCTCCTTCTACCTGCAGTCA
CTCTTCTGCCTGTTTCATCTCTACAAAGTTGAGAGATGATAAATACAAAAAGTCACATGTA
TCAAGCACAGCACTGATTTTAACAACCTGCATTTAATGTGAAGTAACCGAAGTAGGATAC
GGAGAACGAAAGAATCTTCACTATAAACAGAGACCCATTCATTTATTTCCATTGGCTGTG
TCTCCTTATTTAAATGTGGATCCACGATACCTCGTGCAGGTAAGATTAAGATTTTACTAG
ATCAGGTGGTTACATAAGCAAGAGTACATCAAAGTATTATTTGAAAGTCTAGAACCTG
CTTCAAGCAAAGGAGGATTTCTCTGGCTACGACTTTGAAAACAGATTGCATGTCCGCATC
TCTGCCATAAGCTCAAGGCTGTGACTGGGGAAAAAGATTGAGCTTAGTTTTTCATGTCTAG
TTTGCAAGGATTTGACTCTGGCCATCCAGGGAAGATGGAGTCTTTGACCAGGCTGGCCC
CAAGTGCTCATTCCCTGTTTCCACATCCGGTTTCAGTTACCAAGATCAGAGCAGAATTAG
TAATGTTTATCCGTTTAAACATTTTCGTCCTCCTGGTACACGAAGGGAACTGTCTGCCAG
GGAGCCACTGGTCTAATGGAACAAATTGCATTGATTTACTTCCCTTAATATTACTATGTA
GCTGCGGCCAGAAGATCCTCCACAAGAAAGGGAAAGTGTACTGGTACAAGGACCAGGAGC
AATCAAGCTGCTCAAGATGGGGTTTTCAAAGACCTCTACAATATTAATGCACTTCAAT
GAACATAATAAAGGAAAGGCATTTTCTTTGTGCATGCTATGTGTGCATGTGTGTATGTA
GTGAATGGTGTGAAAGATCGGATGTCCGTAATATGGGAAAAAGGCGTGCATAGTGGTAAA
GGCTGTGGTGA AAAAAGCAGAACTACTTAGCAGAGAACAGAAATATGAAGATGGAATTGC
TTGGCTCTTATTAGGTATTGTAAATAGTAGGGTTATATCGATATCAGCTTTTGTGATGGC
TTTGGAACAAAACCAAACCTTTTTGTGGGCGTTCAAGATGGTATTGTGCCACCAGTCA
TTTGCCATCGTGTGTTTGGTTTACTCACTTCCACAGAAAACACTCAGTGTGAAGCGGGTGAA
CAGTGAGACTTTTTCCGAAGAATCCCTTTTAAAATGACCTCAAGCTGACCTTCTGATGC
ATGAACTCAATCCAAATAATTCCACTGCTATGCTGAGAAAAGGGTATTCAATAGCTACTT
ATAACCTTGCAGAAAATGGAGATGCTAAAACAGACGGGGCACAGAAAGCTGAAAGTGCTG
CATCTAGTCTCTAGATGTTAAAGAGGTTGCCAGTGTATGACAAAGTAGTAAAATTAGCAT
AAATGCAGATCTGAACCATAACCAGTTGGGATTGGGGTACACACTTACTCCTCTGAAAA
TTGTGCTTGGTTGTTTCAGGGCCATTTTCAGTTTTGGGTGTTTTCTGGGGATGTTAACATGG
GACTTGAACAGTATGCTATTAAGAAGTTTGTGAGGCATTTGAAGCTATTTCCCGCGCAC
TAGCCCAGGTTCTTGATCGGATGTTTCTGTGGACTTTTCTTTTCGTTTCAATTGTTGGAT
TTAACTTGTAGATTAGTGGTTCAATACCTGTTTAGTTGCTTGCTAATATTTCCAGAAGG
GGAGCATCTCAGACCTTACAGAACGCTCTGTTAGAAGATGAGAAACATAACGTTGCTTG
GAAAGGCAAAGTACTGTCCTGTAGTAATTGGGGACAATGTGATCATCCTTGGAGAGAGA
GATTACTGATATTTGTTTCCCTATGAATGGCAAAGGTTTAGCTTACTACTGCATTTCTG
CATTGCGGTGATAGGGCCAAGGGCCTGGGCCTTCAATTCTCCAGACTTGCCAAAATGCTC
GTGATATGCAGCAGCATTGTTGCTGTTCTGCTCAGTACTTTGATGATCCCTTGTGATCTC
CGTCCCAGCCCTGCGCCCCACCCGTGCGCTTTTACGTCACCTTTACCGGTTCAACAC
CGCTCCACACTCTGCTTCTTTGAGTTTTTAAATAAAATAATCTCATGCGGCAGGAGAGG
CTGTGTATACTCTATGCTAATTGACTTCTGTCATTGTCACATATATTGCATATGTCTCTC

GGTCAGTTACTGGTCTCTTTCTCCGAATGTTATGTTTTGCTTTTATCTCACAGTAAAATA
TTGGCGAGAGATCAGAGTTGAAACCACTATAAGGAGACAAGTTAGAAGACTATTGAAATA
GTCAGATGAGGAACCACTATCTTAATTTTGCGATACACTGCATTTGCTGGTGTCTATT
GCTGATAGTTGTCGTGCTCTGTCTTTACTTCAAATAACACAACGCGCTAAAAGCTGCAA
GGAAAACGTGTCTCTTTAAAGCTGCTATGTGAACAGCTTTTACAGTCATTAATTTACCT
AGCAACACTTTATCCATTTATTCTGAGAATGTGCAGGAGGGGTTAGTGAAGGGGAATTA
CTGAGGGTGTGCTGAGAGCCTCTTCTGCCAGAACAGATTACAGCTTCCACAAGTTCC
AATTCTCTAGTAACACCCTGTCTTCCACTGTCCCAGTCTCTGAGTGTGGCTGGGCAC
TGGTGAGAACTCTGGGAGAGAAAAAGAAGGAAAGAATAGTTTTACCCATGCTGAAGTTA
CCTGAGTTCTGCTTCTTGATGTCATTGCTTAAATATAGTCTTGAAGGGCTTGTTTTGA
TCTTTTATAATTTTACATGTGTGTGAATGGGTGTGTATGTCTGCATGCCTGATCATTAC
AGTATTCAGGCTCAACATACAGTTTGATCCTGAGTATGCTTGGTGTTCCTTCAAAAA
TACAGATGCACATGTTGAATGGAGCTCTTCTGGCATTGCTGTTTCTGTGGTAAACACTC
ATGAAAACCTGCAGAAGAGAACCTCGACAGAAGAGTTCCAATCCAGTGGACCGTAGTTGT
ACAAAAGAACAACAAGATGAGTTTGGTGTCTTGGAAAGTGTGAAAGCTGCTAGTGAAC
TTATTTCCAATAAAGAAGGGCTTCCAAAGGCATGCTGGAGACTTGTGGAGCAGTCCAAA
TTCCCGTGTGTTGAAGGGTCCACTCCTATCCCTTCAAACCTCTGGAGCTTTCGTACATGC
TCCACCCTGAATCCTCACACCTAACCTGATAGTTACCTAAAGTGACACTTAAATGTTT
AAGGTGAAGAACTGAAGTTCAGCGCTGTCAGGATTGCGAGAGATGTGTGTTGATACTGTT
AACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATGAATGACTTCTATCTGGGAATCTTGACGGTGACC
GAATTCCTGACTTAGGACTTGGGGTGGGTCCAAGGTGCTTACATCCCAGGGGCCTCATG
CTCTGGAATTTAAAGTTTATCAACACCAGGTGGTGGCCAACTGCAGGGCTCTGTCTGAGG
CCAAGACTTGTTAAACCCGTGGAATGTCTTGGCCCTTTTGTCTAAAATAGTGATGTAC
GTGATTTACCTGAAAATCTTCACAACTGATCATTATCTCCTTCTTTGAGACCTGACTG
CAACTCAACACAAGGAGGATGAAGGCGAAATTCAACCAGAAAACAAGAAGACAGCATTG
CTGGAACCTGTCACACTATTCAGGGAAGGACCTTCCAGGATGTGGCCACTGAAATCTCCCC
AGAGAATGTATGAACAGTTTACATTTTCTTAGAAATACATTGATGGGATCACAGTTGGC
ACATAGCAGCCGGCGACTTCATCGAGCATGCCGAGTTCTCGGGAACCTGTATGGCACGA
AACTGTGCCTTGTTCACAGTTTTTGTAAATTTTAGGCTGAAAGATGACGGATGCCTA
GTGAATCCTCACCTCTGTGTCTTCTTAGTTTTCGGTGTCTTTTCTTAGCCTGTTGGATT
ACCCGAGGCTGCCACTATGGTCATTTTTTCTCTAAAATAGCCACTTACCTTCAATAAA
AATTTAGTCACCCTTAGCCCTCAGATAAGCCTAGCCAGTACATATTTAGCACAGGCAG
GGGGTTTTCAATCCAAGCATAACTCAGTGACGCATGTGTTTGGCAGCGGGACCCAGCTCA
CAGGAAAATGCTCTTAAACCCAAAGGGGCTTCACTGAAGAGCCACTTCCAAGTCAATAA
TTGGAGCCATTGTACGTGTCGGGAACATATCAGAACACCGAGAATAGCGTCATGTCATAA
AGAACATAAGAGTCCATATTTCTAGTGGATTTGTAATAAAGTGTGTGTGAGACACTTGC
GATCCTCGTCTTACAGCGAATGGTTTCAAGATAAAATTGATACCAGGAGTTTCAATTACT
AAGGTACCGCATGATCAGAAGAGAGAACTAGTGCTACCGCCTTGCTGTCTAGTACATTA
AACAGGAGGAAGGCTGAGGATGAGGCCCGAAGAAGAAGGCTTTGTCCAACATGATGCAT
GATGAAGGCTTTGTGATACCTGATGAAGGCGGCACACAGGAGGAACAAAAAGAGTATTA
TAAGGACTCATGGTAGTTTTAGGGTAAGGAGTTTAAAGGAAATAAATATTCAAACCTGGG
GAGTATGCCTGGGAGCCTCCAGCTGTTAAAAGACAATGCTATTACTACTTCTTATCAAAA
GGGAACTTTTAGGGGTCACTCAATTCTGCAGTATAAATAACTAATGTCTCTACAATTTG
ACCTTGGAGGTTGAGAGGCCCTTCTATGGAGGTGGAAAAGAATAGCACCCCTCTGAG

TTTTCCCTCCCCTTCTGGAGGTTTTAGCTCCTCTGAAATAAACACCTTTCAGTGAGA
TCACTTTGTGACATCTCTGAATTAGGATGCATCTTACAACCTGATGGCTTATTAGGTTAA
GCACTGGCACCTAGACATGTACAACAGGAACCGTGTGGATACATCCCCACACCTGTTTC
GCAGTTGTTAAACCTTATATGTACAGTTTTACATATGTATAAAAACAGTAGTTTGGGCC
GCATCTTTGCTTCTAAAGGGGCACACCTTTTATAGAAGTACGTCCAGGAATAGAAGTGAC
ATGAGTGGGACTTGTCCATGATGATCTGGAAGATTTTTATGACTTGGCTCAGTAGCCAC
CCTTCTCACTTGTATGTTCTGTAAAGTGTATTTCTACTTTGGTAGGAAGAAAGACTTGAT
ACAAAACCATTATCTTTGAGGGAGTTTTAATACCAATGACAGAACAGAGATTTGTGTGC
AATGGTGTAAAGGGAAGGAAAGCTCCTGCCATCTGCAGCACCTTCGGCATCTGCCCT
ATGCTGCTTCTCAGAGCTGCTGTCCAACCTGCACTCGCTTGGGAACAAGAAGACACTCGT
AAGTTCATGGTTGTGGACAATCCCCAGAAGTTTGCATTTTTAAGCGGATACACAAGGAC
ACTAATCGGGTAGGAGACACCAGCCCACCGATTTCTCAAGTCATTAATTCAGTTTTGA
TTTGGCGGTTAAGTTGCTGATTTCTCCACAGCTTGCATTTCTGAACCAAAGGCCCTTT
GTGTGTATAGTTACAATGCTTCCAAACTGGAAGCTACATTTTGTATCTTTAAAGCTCC
CTGCCTGGCGGGGGTGCCTCCCCCTCTGCGGTGGGTGCCTAAGAGCCAGGGGGGA
TGATGATGACCCTGCTTTGAAATCTCGACCAAGAAAAGAAGAATTCAGATGATGCTCC
ATGCAAGATGGCCAGCACTGAACTTTTGGAGATATGACGGTGTACTTACTGCCTGTAGCA
ACAGCTATTCCCATATTCTAGGAGTGGCCTAAGAAATGCGTGTTTCAGTACTAGATTAT
CCATTTTCAGTGTCTCAGCAAGAGGAATGCGGTAGGAGAGCAGGGTGTGAGCAAGAAAAC
AGCTGACCCTAGCACTGGCTGTGACATGCTGCTTGGTGTGCTGCCTCTGGTCTGAGGGGTT
TGTCTCATGAGGCTTAGCATCTAAGGGAGACAGGCATGAATTAACAGAAGTGGCATTCT
AAGGGCACTGGCATCGTCTCACCCGTGCCAAGAAGCTGCTCATGATGGCTGGTATTGAT
CCTGGCGGACAGCAAAGGCTTTGATGCATACATGAAGAACTAGGAGTGGGAATATCTTT
CTGGTTGCCCTTGTCTGGGTAATCTCTGGGATGTGACTGACCGCGACATTGACCGCT
GGAGGCCCTCTCCTACGCAGAAGCTGTGTTTTTTCTTCTTAAACACCGTTTGCCCTC
GGCAAATGTGCTTGTAGATTAGAGACTTCTATTGTACCTCAAATAGTGATCTTTTTAG
AATGTTATGAAATGGCCTCCACCTTCGGCGTTCAGTACTGACCTCGTCTGTCCCTTG
GCTTGACGGAGTTCAACCCAGAAATCCAGGTTTCCCGCATCCGATGTGGACTCAGCCACT
GGGAGGGTGGGCCCACTGCTTTGGAGGTGATGGGACTATCAATAAGAACTCTGTTACGC
CATGCTTTTTCGTTGTTTTGTGGATGTACCCAGGGCTATTTACACACTCTTTCATTA
AGCTTGATTTGCTTTGTGATTGAAAATGAAAACCTCTTCCAAAGGCTGTTTTAACGG
AGAAAACGACTAATGTAATATGCAGAGTTGTTTGGACTTCTCCTGTGCCAGGTCCAAG
TCGCTACCAACATCCGAAGGGAGCACCTAATGCAGATCTAATCTTTAAGACTGGTGGGAG
CTTACACAGGACAGAAAACATGCAAATATACTGAACATGGGAAAACCTGTTATATGTCAT
CCTGGAGGACCCTAGCCATTCTGGTTAACCTGCAGGGAACGGTGGTCTTCTCTTATCTT
CGGTGGCCTGAGTCTCTGAATTTGTCGGGTTCTCCCATGATTTGGGGTGATTTCTACC
GGTTATGCAATGTGGCTGCTTTGACTGTACTGGACATAAAAATAAGTAAAATGTTCTTCA
TAAATCTGAACAAAATGAGTGACCAAACACTTCTGTACCACTTCTGTGAGCTGAGGTCC
ATGAGATCCGTGCTTTTATCTTGTCTCAGACTCCCAATGATAGGCACATACTCTCCTCTG
CGGCAATGGACTTATCGTAGTTGGGGAAACGGGTGTTCCGAATAATATCCTGGAAGTTAT
CTGTTCCCTGAAGGAACAGCAATAAGAACTTTATTCTAAGCTAATACTCATTGATTTTTG
GCCTTACTAAATAAATTTATGTTCAAGTGCTATTTCTTACGACACCGAGGAACAAGCAT
TGGCTGGTGTGATGAAGAGACAGAGTGTGAGAGTAGCCCCAAGCACAGCTCCAGAGAAAGGA
TAGTATTTTTAGTAGAGATGGGATTTACCATGTTAGCCAGGCTGGTCTCGAACACCTGG

TAAAGTCATGTGGGCCACACAAGTGCAGTAGTGCAGTTCACCATGAGGGAAGAATAAAGA
GCTTTTTATTTTTAAAACACACGAATGACCAAGGCTTGTTCCAGGGAATAATGCTCTGTC
GGTGTCTTACAAGTGAGCTGACACCATTTTTATTCTGTGTATTTAGAATGAAGTCTTGA
AGCTAGCTCCAGACATGGGTTGATCACCTAGAGGAGCTCTGGCTAAGGCACAGTTTTCTA
ACTGGAGCAAATCACGGCAGTCACTACGGTGAATGATTCCAATTGTGACCAAGAACTTCT
ATATAGGCTACTGAAAGAAGGATTCTGCATTTCTATTCCCCTCAGCCTACCCACTGAAGT
GCCATTCTGCACTCAATGTATTGTGTA AAAATCCTTAGGTAAAATGGGATAAACCCACAG
CCAGAAAATGAATGATACTATATTTGGTTTCACAATGGAGGAGCGCTCATGGGGGCCCTA
GGAAATTGATTTTGAACCTGATGAAAATAAGAATGGAAAGCTTCAGTGCTGCCGATAAA
TTTCGAGCTCGACTTGTGAAAGGAGAAAGAACCAATCTTTGAAATAGCCATCTGCTATAA
TATAAGATAAAGCACTTCCCAAACCTTAGATGAAGACACCCCTGCGATCGGATGACTGCA
GAATGGTCCACTCCCAAGAAATTCAGGAAAGAAAGACTGAGGAGAAGGTGTGGGAACATT
GATTTAAACATTTGACATCAGAAGCTTTATTTGTAAACCTCACACAGATAAGGACCAAGG
GGAGGACAGCTTGTCTGCTGCTCCAAATCACTTAGATCTGATTCTGTTTTGAAAGTCT
GAAGACTCAGCTCTCTGCACTGCTTGTAGGAAGTATAATGATTTGGCAGATAGGAACAAT
ACAAATTTGTGCAAACACTGCTAGAGTCATTTTGAAGCTCAAGCATTTTCACCTTGTTC
AGCTGGACTGGCCTTACTTCTGCCTTTTTCACCTGTATGTTAAAAACAAAAACAAAAA
GAGAGGAGCAGAAACCAATACGGATCAACATTCCCTACTGATACAATTGATTCATTTTCC
TACTACTGAAATGAATGGCAAAAACACATTCTGGGATGTGGATGGAAGCATGGTGCCTCC
AAACTAGAAGACTCAGAAAAAGAATATGTTCTTGATCCCAAACCGCCGCCGTTGACTTTG
ACCTTTTCTGTTTTTTCATCCGACATAATCCTACAGGTGCTGTGTTATTCATGGGGCAGAT
ATTGTTTGGGACTATCCTGGAACCTACCCTGGTTCAAAGCACATCCGTCATCCTCTTTCT
CCATGCTGTGCTGTGTTATTTAATTTTTCTGGCTAAGATCATGTCTGAATTATGTATGA
AATGCCCTGGAGA ACTCTGAAGAACTATTAGAATTTGCAACAAGGTCATTAGATATAAAG
GTTACCATAGAAAGGCATTTCTTCAATGGCTGGTTGTAGTTAGTTCATGTTTTTCAATCA
CAATGCATTTCTCAGTGATCACTGATTAGAATGAGTTGGTGGGATCCTTGGGAAGCCAA
GAAAATGAGTGAGTCTTTGGTTGTTGTGATGTTGCCGAAGATTTAGTGGAAGGCTGAG
CAAAACACCCTTTGTGAAGCCTCCAGAGATGAACAGGCCTTCTTGGGAAAGGACAAAAA
GCCTGAAAAGGCAGATACATAGGTGACCCACAAATAGGAAGAAAATCAACCTGAACCT
TAGGGGACTTGTCTGGTTTTCATCTTAGTTAATGTGTTCTTTGCCAAGGTGATCTAAGTTG
CACACCTGCTCAGACTGAGTAAACATTTGTGGTGCTGTCAACCTGATTTCTTACTCTCA
ACCTGCAACTGCTGAATAATACTCAGTTTGTCTTCTAGTACTCAGCTCAGTTTGATCT
CTTTTACGGGGCGATTTTATGGAGCTATTA ACTCAGAGACACCATTACTTAAATGTAATT
TAGTCAACCAATCTTGGAGAGGTGCAAAAAGCACTGGGGGCTACCCGTTAGCTGCATCTG
TGTCCAGCTAACTTCAATTCTTGATTAACAAGTCAGTAGAGGAACCCGAAATGTTAGCCT
GTATTGGAGATCACCTCCTATCTGCATGTAAGACATTTTCATTGAGCTTAACCTAAAATT
CCCGGGTTCAAGTAATTCTCCTGCCTCAGCCTTCCACGTAGCTAGGAATACTAGCGTGCG
ATGGAGATTACA ACTGCTTGTGGAGACGATCCTGTGTGATCAGCTTCATAAAAGGGCTT
ATCCAGTGACAGTGACTCGGACTGGGATGGAGGCAGCCGTCTTTACCATTTCTACCCCA
TGACAGCTGGTATATTTGATGCCTATGTTCTCCTGAGGGTGTGACGCATATCATCT
GCGCTAAACATGGAAAGGAACA ACTGGTACCAGCCGCTGCAAAATCATGCCAAAATGTAA
CCCTCCTCCTAGTCCTCATTATCAGCCTTTTTATTTTCTCTAAAAATAAAAAGAGTTG
TGTTGGCATTGGTTTCTCCAACCTTAGCAAGACCCTCAAGTGATAACCATCACAAGATAA
AGCATTCCAGCAGTTTACAAGCAGTTTGTGGAGTACACCTGCCCCACAGAAAATATCTA

GTTTTGCCATTGTTGAAGATAATAAAGAAGAACAGTATTCCTGAACCTATTGATCCTCTG
AGCAGAGGGGATCCAACGTCAGAGCTTTTAGAATTACTTTTTTAAGCAGCTGTCTTCTGG
TCATCCTTCCAAAGGGGCCAGTTGTTCTGTGCACTTGTCCACCCCTGTACCCCCAGGAT
TCCCTACTCCAACCCACTCTGCCTTCTTTTTCAGCTTGTGGCAATGCCAGTGATGTGCA
CAGGTGTGTTCAAGTTTGTACATTCATCAAGCTTACACTTCTCATACATCTTCTTTTCTA
ATGCTCCTCTTGGCTAATTTTTCTTTGACTTTAATGTGCCAATGTAACCTCCTTTAAAGG
TCACTGACCAGGAGTTGGAGGAGTACAAGAAAGAGGTGGAGAGGAAGAACTAGAAGTTG
AACTCAAACAAGTCATTCTCCTAAGGAGCTGGTGTCTTCATCCAGAAGGGACAGTTTGT
TTGCACCTCATGCAGGATAAGCCAATTTAACTTTCTACAATGGGTGCCTCAATAGTTTC
CCACTACTTGTGTTTACCTTTTATTGAGTTTTCTCCTGTGTGATGTACGTTGCATATAT
TATAGCAGCCGGAATCTTAAGGTATACAGATTTTGATACTTTAAAATACACCTGTTCTCC
CATGCTGATGGCAGAGAAGATAAGAACTTGGAGCCATTTCTCACTGGAGAGGAAAAGTT
CTCGACGGGGTCTTCATGCACAAACGAGCTCAGAGGCTCAAGTTCCTGTGTGAGCGGAAT
TGTGGAGCATAACTAAAACCCACAGCCCAACCAACCTTGAGAATGCGAAACATTCCAGA
ATGGACCTGAAAAGTGGAAAGAGAGTAACAATTTACTGGTGGGAAGAGGAAATCATTAG
TGGAGCCACAGCCCTGGTCTTCTGCTCCTTCTGCGTCATCTTCATCGTGTGAGCATTGAC
TTTTTTATTGTAAAAAGAAAAATCAACTCACTGTTCAAGTGTGAGAGGGGATGTAGGCC
CTCTTTGGTGTGGAGCCTTTCCAATAGCCCATGAAAAGAAGCATCACCCAAGGATATT
GTTAAAGGTTCTTGGAGATGAGGCTGAATAATTATGAACCTCACCTTCTCTGATTGTGG
ACTGGGAGGAAATGGAAGATCAGAGAAGTTGAGGTGCTCAATAAATGGTGACCACTTGG
TGGCCAATCTTGTCTGAGTTCTTTGATGGCGACACATGAACTACAGCCGTTTTGTTGTTG
ACCCTGGTTTCAATGAACCTAACCTCATTCTTTGTGTCTTCAGTGTGGCTTGTTTTAC
ACCATCCAAAACCTGTTTAGCTTCTCCTCCATTGGAGTTTATTGGGACAAACAGGAGAG
ATTGGCTTCGAGTGGTTGCATCTGACAAGGAGACCTACGAACCTCGTTACTTCCAGATTA
TTGCCTGCTTAAAAGGTATAATTAACCTCTTTTCTCTTCTACATTGACACACAGAAATG
GAAGCCCGTGGACAAAGTGAAGCTGATCAAGGAAATCAAGAATACATCCAAGGCATCAA
CTTTTCCATGAAATGGGACATGCCATGCATTCAATGCTAGGACGTAACGTTACCAACAC
CTCAATGTTTGGCTTTTTTATTATGGCCACTCGAGTCAGGATGCTCTATTTATAAAGATA
TGTGTGGTAGAACTGAACAACGATAGACTGCTAACACATACTGTCTACAAAAATCTCAAT
GAGGCAGCTGAGGTGGCTCGCTTTCTCCTCCACCCAGAAAATAAAGTCATATGGAGTCC
AACGCTGGGCATCGTGGTGGCTGCTTCGTCCTCTGCTGGCTGCCTTTTTTCTTAGTCAT
GACCTGACCCTACTCCCTTGCCTAGATAGTTTATTATTATTATTATTTGGGGTCTCTT
AGAATGGAGAAGGAACTGTTGGAGATGAGACCCTTCCGGTCTTCTTTTCAGGTTCAACTT
CTGTACATAGCTGTTTGAATGCCAGAATGACTTCTGACATTCCAAGTTTTTCAAAAAT
TGTATGCCTGCCTCTTCCACCAACTGGCCTGGGCACTGCCCCAAATAAAGGAACTCTG
AATTGTTTCCTTGAATGCTTGTTCCTTCAATTTTTCTTAGATTATGTTTCTAATTTTTATT
TGGGAAACCCTGCATTCAATGTAGCTGTCAATTCAGTATTTTTAAGTACACCTGTCAGCT
TTGTATTTTAGTAGAGACGGGGTTTACCCTATTAGCCAGGCTGGTCTAGAAGTCTCTGA
TTGTCTTTCAGCAAGGACTGGTCTTCTATCTTGTACTACACTGAATTCACCCCCACT
GCTCAGGCAAGGGAAAGCATCACTACACATCAGCAGGAATATCACAATACTGTGAAAAG
ACAGAGTCTTGCTCTGTCACCTAGGCTGGAATGCAGTGGTGGCAGTCTCGGCTCACTGCAA
CCTGGCCTGGACTCTGGTGTGTCCGTTTGAAGAAACCCCGCCCTGTGAAAGTTCAAGTT
GGCTGTAAGTCCATGTTGATTAATACAAAGGGATGCTGTAAAGCCTTCTATTAAAAAA
AACTGAGGATGGTGAACAGCCTGGGCAAGGAGTGTCTGAGGCTAAGACCCTGAACAGCA

CCCGCCCTGCTGTATGATATTAATGTGGAAGGTCATCAATAAAGGGGAATTGTGTTGGTG
GGAGAATAACTCATTCTGGTTCTTGTTCCTTTCCACATAAAAGTATATTTGTCTTG
CCTTCTGCCCTCGAGAGAAGCGGTCTTGGAGGTATTGATTTAGGTGGTTGGATTTTTTCC
CCATTAACCTACACACTGATTTTTATGCTACTCCTTGTAGAAACAAAATTCTGGTTTGAC
TTTCATGGAGTGAAAGACATAAAGTGGAGACCAAGATGAAGTTCACCAGCTGATGACACT
ATTGTGTGTGATGTTCAAATAAAGTGGTATCTACATTCATGTGATTTATGGGTCAGCATG
AGCCAAGACTTAACAAGCACTGACTACCGTTCCTTGAGCTACCATTATCACAAGGGTTT
GAAAAGCTGAACAAAATGAGTGAAAACCTCATAACCGTCGTTCTCAGCGGAACTGAGGTCCA
GTACACTGAAATTTGCCATCACGTGTTTGTGTAACTCAATGTGCACATTTTGTATTTCA
GAAACAGCTTGAAAGCTCTGTCTGGGTCAATCATTAAACTAGAAGCAGAGGCACTTAAA
TTTAAACAAGCCTTCTAATAAATACTTGGCGGATGGATTTTGGGGCGGCACTCTCTCAGAG
GCGAATTTGTAATGAAAGAGCTAGAAGCTTGTGTACTTCCTTAGGAAATACAGAGCTATG
CCACCGTGTGGTCTTTTACAGGCACGTTTATTTTGTGAAATAAAAAGTTTTTAAATCGG
TTATCCATTTTCTGATGAATATTAACATGGAGGGCATTGCATGAGGTCTACCAGAAGGCC
CCCCACCGGCGGACTCCTGGCCTGACTGCGGGGCTTTTTAAATGCTTCCCTGGACTGCGG
AATTTGTCCATAGCCTGTGACAGCAAAGATCACAAAATTCTTCCCTCCCCTTAGGGCT
TGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAAAACTGAATATAT
TATCACTTTTGTGAGATCGTCAACATTGCTTGACACACGTGGCACCGATCTTTAGCCAG
GCTTGGTCACCTGAATTGTTTTCATAAAAAGTCACCTGAACCCAATTCCTGAACTTTTAA
GGACTGTGGGTAGATAGGGGAACAATGAGAGTCAACTCAGGCTAACTTGGGTTTGAAAAA
ACCTTATACAGATGGCAAGATATGGACAATAAGTGAGAAGGTATCAGAACAAGTTTAA
ACTAGAAAGCCAGGCTCAGTTCTTACCTCTGGGAATCAGAACTCTTTATGCAACTTGGTT
AGAAAATAAAAGCATTAAATTGCCAATGGGAGGAGAAGCCCATACTGCTACTATAACTTG
CCGTAGGCTTGAACATGTGTTGAGTGCATGAAAATAAATGCTGTTTATGTGTGTAGCTC
TAATTAATACCAGTAAGCTTGGATGAAAGCCTGCACACCTTAGGTGTGTGTGTGTGTG
TGCAAGTGGCAGAAAAGCATCAACATGAAGGGAGACGCCACCCCTGCAGCATGACACT
TGGGTGCAGCTATATGATTAATTCTGCCCAATAGGGTATACAGAGACATGTCCTGGGTGA
CTTTTGTGCTATTTCATCTCTGACCAGAGACAAATCAGAAATGTGTTTATCTGCTGTGGGA
ACTTTGGAGGTAGACCCCTGGTTTAAATCTAAGTCTAGTTTGGAGGAAGTCACTTAACCTT
CAACAGGGACACTCTGGACAATGACATCATGCTGATCAAACCTCTCCTCACCTGCCGTCAT
TTTTTTCTTGGCACTAATCAAGTGAGTGTTACCTTTTCACTTAGTAGGATGTGTTGTTAC
CCAAGTTTCCATTCTCCTTAGAGAGAGAACTGTGCTTCAAACAGAAATCAGGAGTGACC
ATGTCTTCGGCTACACTGGTGAAGGCATCGTGCCTGCTCCACAGCACATTTTTTATTCAAG
ATGGCTACTCTGGAGTTGAGATGCGAGTTACACCAACCAGGACAGAAATCATTGTCTTAG
AATATTAACACAGGGTTGTATTTTTTCCATATAACTTTCTATTGAATTTCTTTTTCCATA
CATCTGGAGGAAATGGCCTTCTTTTTAAAAGCAAAAACACAAAACCTCACAACCTGCCTG
TTATCTACACACCCTTCTCATGGCAATCGAGTTGAGTACTTGGATAGACTTATACCTCAG
CTGAGAGCCACCACAAAGCTAAGGGCAAGTAAGGGCTGAACTTTAAAATGTAACTTAC
CCGCGGTGTTCTTAAGGTGTTCTGGAGAATGTGATACGGGACGCCGTAACCTACACGGA
GGTGGTCACTTCTAACTCGTCATTCACCAACAGCAGCCTAGCGTTGCCCCATTACAACA
CCATCATTTATTCACTTTTCTAAGAAGGCACTTCTGGGCCTGGGTCTGAGGACATCTT
CAGTCATTTCTAAGCTACATATGGCCATCTGACAGTGTTTTTTCTTTTGTGTGTTTAA
GGGTTACCTAGATCATATGAGTTGATGTGATACTTCTAGAACAAAATTATTTCATAGTGC
ATTTATTTACCAGTCAGCTTCTTGCTGTTCCAGTAGAATCGCTAGCTCTTCTCCAGAGG

CTGTCAAATTGCCACGATCTCACTAAAGGATTTCTATTTGCTGTCAGTTAAAAATAAAGC
TTTTTGAATCTTTTCGTAGCCTAAAAGACAATTTTCCTTGAACACATAAGAAGTGTGCAG
AGGATGTGTGCTGTCTAATGATGGGATGACCACACTTTTCCATGTTCTAAAAGTGTCTCT
CGTGTATCTTTTGAATCTGAGGAGGAGACTGCCATTGAGATGTCCCAACACCTTTTCA
TGGAATTGCCGAGAAATCTAGCACCTTGCATGCTGGATCTGGGCTGCGGGGAGGCTCTTT
TTCTTACCACTTACCTATGAGGTAATGCTTGTTATCTTCCATCTAATAAAAATCTGCTGC
TGTGTATATGACAGCCAGTATAATCAATACCCTAGGTTATGCGTCTATATGATACTCATC
CAACAAAATCAGATTGTTATACTGTTGTTCTCACTTTACACCGATATTTTCTCTTGCTCC
TTTAACTTTTCTTGTGGGCATGCCTGTGTTGGGTTAACAGTGAGGGTAATAATGGCTTG
GCTTTGGGAGGAAGCCAGATTCTCCTTATCTTTTAGCTTTAGATCGTGGAATCCAGGAAG
GATAATTCTCAGTAGTTGTCCGTGATAATCGTGTCTGAAAATCCTCGCACACACTGGCT
TTCCTGTTTGGTTCATTGTATTGTATTAGGTTAAGCTCTACTAGGGTAATGAAGGCTCTA
CCTCTACTCAAAGTTAAAAGTACTGACCAAAGTACTGGCTTTTACTTTGCTAGAACAACAA
TCAACTAGCCTTGGGCTTGCATTTAATTGGGGAGCGTTACTTGGATGGTCTGCTATCAA
CCAGCAAAAAGAAGTGGAACTGACTAGTGAGATGGTGGTGAGATTTTCTTTGGTGGCTGT
CATGCACAGTAGATTCAAGTTGTGTCTGAAAATATCTCTTGTGCTTTTTTATTGTTTGTCTG
TTTCTTCTCGGGGACCAGTTCTACTTCTTTTATTTTTAGCTCTGCACTCCATGTGGT
GAGTGAAGTCAAGGCCATGAAGTCACTGACTGATTTCATTTTTAGGCACCCATAGGGATGTT
TATCTGATTGAAACCTGCCGACTTAGTGCGGTGATAGGAAGCTAAAAGTGTCAAGCGTT
TTCTAATTAGAACAATGTACAGAAGGAAAGAAGGTATGAGAGTCTGAGGGGAGTTTGAGG
AATTCTTAATGAATCACTGGCATGAGTAATTTTATGCCGGGAAAATCTGATTTGTGGTC
AGGACTTGTCTATATCTTGGCTTCTCAAAGTGAATATGCTTATCATCTGGATAGCAAAA
TTTCCAATGTACAAGCTGCTGAAGCCCTGCAATGTACTCTCAGAGACAGTATAGCTCAGA
CATCCCCAAGCAGAAAGGCAACCATGGCAGGTGGGCTAGCCAACCTCCAGGATTTGGAAA
GCTTAACTCGAACTTGAAGACACATACTTCAACTGTCCTTATTGTCCATTAACTGATAA
AATGTCTGTAAAATTGCCAACAGTGTCTCTTAAAGGCATAGGTTTTCTCCTGCCCTGCT
GGCCACGTTTTTATCATTAAAGACCTATTTGTTAGCTAGTAGAGCTTTATGTTTCGCTGTC
TAGGAGATAGAAAATAGTTTGGATTACTTAAAGGAATAAGGTGTTGCCTGGAATTTCTGG
TAGAGTTCACAGTGGTAAGACTCATATGCCTGTATGTGTTGCTAATAAATTAGATTTTGG
TCTTATACTTTGTCAAACATTTTCTACCATATTTCCAGATGACATCTGCGCTTGAAGAG
TGGATCCAAGAAGGAGAAACAACAAGGGTTATGTCCAGGTCTTGTTTCATTCTGTTAAG
AGCAATGGAGATGAACAGATAATTCACACAGAAAGAAGGACGAGGGATTGGATCAAGCTG
ACAAAGTCTCGCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAGTGGTGAATCTCTGCTCACTGCAA
CCATCAAATTGGTTCTGGGAAGTGTGAAATCAAAGTTGCACAACCCAAAGAGGTATATAG
GCAGCCTGTCCCAGAATCTCCCTCCCTCTAACACTGATTAATATCCTGCTGCACAAAAAA
CGTTGAGCTGCTTCAACTTTGGAATATATGTTTGCCAATCTCCTTGTTTTCTAATGAATA
ATTTTGGAAACCAAGCTAGCTGATTTTACACGTTTATTGTTTATGATTACATATGGAAAAA
CATGTACACCAAGAAGAGAGTACCAAGTAGTCTTTTGTTCAGCTTTTACTGGAACTGCT
AGTTTGGCCAGGATGTGGGCCGATGTTCAAGCAATTCAACAAGTTAACTGAGGACAAGG
GTCTGTATATTCTATACAAAGTACTTGTCTTTCCCTTTGTAACTACATTTGACATGG
TCTAGCAGCTGCCTCTACGCGCTCTACCTGCTTCCCAACCCAGACATTAAAATTGTTTA
GGCTAAAACCTTGGACAAAAGTTTTTGTATTTTCGTCTAATAGCTACTTTCAAGGGATTC
AGGATCCTGAGGAGACAGAAGGCAGCAAACAAAATCATGCACAATGGTGAAAAGTGTCTCT
GGGTACCCTTATTTCTCGACACGCAACTGGCTCAAAGACAATGTTATTTTCTTCCCTT

AGTTTCTCTGGACTCTTAGGTTTATTTTTAATATGAAATATAAAAACAGTTTCAAATATC
AGTTTTTCCACTGGAATTCTAACCTCACCATTCTGAAAACCAACATAAGTCACAATGGCA
TTCTCACTTGGCCTATGGAAAACGGGGATTTCCACCATCTGTCCCAGCGGATGCAGTGGT
TCATATACACCTCCAGAGAGCCAGTGCCGAGTTACGCTTCTCGACGCCACTTCATGTT
AAACTGGCGGAAAATATTACAACCTACTCTCAATGCCAGGCTGTTGTAGAAGCTCCTGG
CTGGTCTATTGAGCAGATTGAATGTTTCCTTATTGTGCAGGGCTTAATTGACTATGTCTG
GAATGACAAAGAGAAAAAAGATGAAGACGAACTCCTGCACCTGTATATAGGGCCAAGTC
GAAGAACAAAAGGAGCTCCATTATGCCTCCCTTAGTTTTTCTGAGATGAAGTCGAGGGAG
ACGGTACCACAAAAGGTTACTATAGCCAAAATCCCAGAGCAAAGAAATATGTGACAAGG
ACGAACAGCACAGAAGACACGAGCAAGACAACAGAAAAGTAAGAAAATAAGAGGAAAGAA
CTGACCAGGTTATAGATGTGGCTCCCGAGCTTCTGCGTATCTGCAGCCTCATTCTGGCTG
GAAACCCTCTCATTTACTGTGGCATCAAAATCCACAAAAGATGGATTAATTGCACTCT
TGGAACCTGGAACATTCAGAACCCAACGCCGCCCTGGAGACAAGAGCCGCAGAGCAGGGAG
CCCCACCTGCAGAGTCAAGTCCCTCCTCCACCTCAGCACTGCTAGAAAAGAGCTTCAGG
GGATGGACCAGCGAAAAGGCAGAGGTTGAAAAGATAATTGCAGTTGCCTGGGACATTTTT
AGATCATGATCTCAACAATATTCTTCCAAAATGGCATAACATCTTTTGTACAAAGAACTTG
GCCTGTAGCTTCAAGTTCTAAGAAAGATGAAGAAGAACAATACTAGCCAAAATTGTTGA
CAGGCTACTGGTTTGTATGATGTATTAGTAGAGCAACCCATTAATCTTTTGTAGTTTGT
ACAAGCCCCTTCTGGAAAGGATGCAGAAAAGACCCCAGCAGTTAGCATTCTTGTTTAGA
GCATCCTTTCAAGAATATTAGATAATTGGAGCTGAGTACTCAGGAACCTTGACTGTAGTAG
CATCGTTTCACTGTACCAGCTCCTGTAGTGATAATACTCATTATTTTGTGTGTGATGGCT
GTTAGGGGTGGAGTCCGCCAAAGGCCAAAGGTGATGGTCATCGAGATGGAGCTACGAAA
TGGACTTGTATTGGTATTCTAGAGATGTCTGCTATAAGTTTCATCTGTTGTGTGCTATA
ACTTCGCCGACAACCAGCTTTTTGTTTCGGGCCCAATGGCACAGCCGGCATCTTTGCTA
AATGACCTCAAGCTGACCTTCTGATGCAGATTCCACATATGGTATCTGAGACTCACACA
AAGCTGGATTTCCGGAGGCAACAGATGCAGGATTTCTTCTGGCGCACAAAGATGAGGAG
TACATGATAGAGTGGAAGCCACAAAGGAAGAAGAAGAGATTCTATCTGGGTATGGAG
ACAACCGCTGGGGTGAATATCACCTTATAGTAATGTGCTCTGGTTACATTACCTGACAG
TAAGCTGCAGAGCAGGAACATCGTGATGCATCTGCCTTTACCCACCAAGCTCACCCCAA
ACAATTAACCTGTGGAAGAGTGACTGTTAAGTCCCTTTGCTCCACATGCGATAGACCGT
ACTGCGTTTGGAGACTATGTGCAGCCCATGGATGTGGCTGCTTTCAACAAGATCTAAAAT
ATATGTGTAAGAAGAGCTTGAGCCAGAACAGGACATTAAGTTCAGTGGCCATGTTAGCT
TTTCTGTGTCTCAAGACTGGGCTCACATTCTGGCTTTGTCCATAACAATGCTCTGGGATT
CAGATCGAGTCACAGAAAATCAGACAGGAAGAGGGGGTAAACTTGGATTGTATGGAATGA
GACATTCACCTGTGTTTCATGGGATGTATTGTTTCCACTCGTGTCCCTAAGGAGTGAGAAA
AGGAAGGAGTACGAGATCTTTCGCGTCAGCAAGAACCAGGAGTTGTTGTCCATGGGCCGC
AAGTCTCTTTGTCTTCATCGTTTCCGGCACTGATGTGAGCACATCATAAGCACAAAGACCT
ATGATGGAACATGAGATGGGTGGCCACCACCCTGGTGCTGACTATCCAGTTGATGGGCTG
AATTTGGCATTGTTGGTACTTTCAACTCCTGACCCTGGTCAGCTGTTGAGTCAACTTGTG
ACAATGACACAAAAACCTTTCAAAGGCATCATGGTCTAAAGGGCTTTCCCAAGGGACA
CTCATTTACGAGGAGACCCGCGGTGTGCTGAAGGTGTTCTGGAGAATGTGATTCCGGGAC
ACCTTCCAGTGGATTTCTTTCGGAAAGGATGTTGGCGGTCCCTGTGACCTGTGGAGACA
AGGTGAGCACGTCCATCTCAGGAGGCGTGGAGGGAAAAGACATGTCATGAAGGGTTTTTT
AATGCCCGACCGCATGTTGCACAACCCACACTTCAAAGTTGAATGAATTGGGCTATGAA

AATGTGCTGTGGAGGAAGCACTGGATTGGAGAAGGGAGGAACTGTTACTTCTAAAGAAAG
AGTATAAAAAGAGCCCCTGTATTGGTGCCTGCCTGGGCTGGCCTTCCGGAGGATGACAGA
CCTTAGGAAACTGAACTTCGCTTGAACTGAACTACCCTCCAAAATCATCTCCAAGGT
GAAGCTGTTTCTACACTCTCTGAATGACCATTTTATAGATGCTGGGAAAAAATTGTATT
TTTATTTTTGAGACGGAGTCTCGCTCTGTCACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCGCCATCTC
GAGTGCATCATGTACTGGTGGTTTCTCGTTCCATCTCATCCATTTCTTTTCAATGGA
AGAGAAGACATTTAGAAACGAGTTTCCAACAGACAGATCCGTGTTGTACTTCTGATGCAC
AGAATCTTTCCCTTGCTAGACCCCAAGATTTTAAATGCATCCGTCTTACACTTTACAAA
TAAAGATGTGCTCTGCTTTTTTCCAACACGGAGTGTCACTGCTTTCTAGGTCAGTCCCT
TGATGAACTTCATCAGTTAAAGGCCAATAATTGAAAACAGATGGATCCTCTTGACAAGAA
GAAGCTGAATTCTAGCTGTTTATTGTTATTGGGTTTTGCACTATGCCCTTTATGTTGTCA
AGGGTGGACCAAAGCACCCCCTTTTTCTGGGCTTCCCGAGAGTTGATAATTGAAAAAA
GCTGAGTGGCAGAAGTGAGAATTTGTAACCTTATGTACAATGTACGTGTAATAAATGGA
TCAAAGATTCAGAGATTGGCTTTTTGTCATCCACTATTGTATGTTTTGTTTCATTGACCTC
CTTGTCTGGAGCAAGGAAAAGAGCCCTGCAATATGAAGAGACATGCGATGGTAGCCAAAC
TCTGTGATTTCGAGTATCAGGAAATCCTTGACTCTTTATCAAATGTGAAGTTGCTGATTTA
TCTTTAAAAAGCAAGAATGCCGGGACATTCTGCTTCTGTATCACCAAAGAGCTGAAGG
CTTTAGTTAATTCAACCTTATAGATCATACTTATGAAGGTGATAACTGACACGTGTTCCC
AGCAAAAAGTCGAACTTTTTCTGTTGAACAAAATATTCACAACAGGGCAGTTGTGATAC
GGAACCGACACAACCCTCAAGCATTCTATGTATTGAGAATTGTCAGTGCCTAAGGTAT
TTGCAAACCTGGTCTTTCTCAGTGCTGCAAGGCCTATGCCAAGGAGAAAGGAAAAGTAT
GGAGGGAATTTACATTCCCTTGTTCTAGATTCATTTAACGCTTAATGCCTTCAAAGTT
GTTCTAGTAGAAAAACAGAAGACATTACCCAAACTACCTAAATCTGCTCCAAGCATTAG
ACATGAGGATTTAACTTGATTTGAGCGAACACTTCTGACACATATATGAAGCCAATCATG
GTGGATGCCAATGAATATCAAACTGAAAACACATTTGTTGATATTTGTCTTGCTGTCC
TGTGATGACACACATATGATCTTTCGTGTTTCTGAGCGACTCTACTTTCATTGTTTGCCA
AAATAGAATAAAGTGACCTACTCTTGCCTCATCCGGAGTTATTACGAAGGAGCTCCGCAG
CTTCGCGGATCTTTGATATCGTACTGAGGTAACCTCCACGTAGCCCCTTGCCACGCGGCA
CAAATGGTGGCATTGGAGTTATGGACGATGAATGATATGTGTCTGAAACTCTGAGGTCCA
TTCTCATCTGAACTGAACTTTCTGGATTTCTCTGAAGTGCTACACTGCACTGAATGT
GCGAGGGCCTTTGCTGCTCTGCCGGGGCCTGCTGACTGAAAGGAATTTGTGTTTTTGCTT
CGAGAACGACATCATCCCAATGTCCTGGAGGCCATGATTTCTGGAGAGCTTGACATTCT
ACTGGAECTTATGCTGTAGACATTTCTTTGTGGTTTATCTAAAAACCAAAGAGAGTGGGT
GCCTGGCATTGCCCGGACGTGGGGCGTTTGTCCAGTATTATTCAAATGACCGGACATAA
CTTCACTTTCCAAAATAGCTGAGGGTTGTTGGCTTGTTGTAGCTGACCACCAAAGCAGT
TTTTCTGGGAAATTGAGTCCAGTGGATGTTAATGGAGTGGGTTGCCCATCCCTGAAATG
CCCGTTCCCGTGCCTGTTAGTTTGGACACGAATTTAGTCTAAAAAGCTGTCTGGTTGTAT
ATGATCTGACGCCATCTGTGACTTCCCATGAACTTCTGATTTCTTCCCTAGGCCTTTAC
GAATTAGGGAAATAATTTGGTGGAAACCGGGAATGAGTTCTATTCTTAAACAGCCTTTTT
GACTTCTTGTCTAAATGTTGGCCATTGAGTCTCAGGCCCTCTGTTCCATGGAATTGGGAA
ACTGCTAAAGTACAGCCGAGATCATCTCATGCTGTACCCTTACCATCTATCGGATATTAT
TAACTGAGCAAAAAGTGCTGTTAGGTTTGTGCATTTACCCTTTGCCTGGGATGAGAGGA
ATAACAAGAAAATTGAAAGATGGGAAATTAGTGGTGGAGTGTGTCATGAACAATGTCACC
AACCGTCTGAGTCTTGTGCTCTTCAAGACAAAACAGATTGCGTCGCTGACAAGTTCTCAA

GTTGAATTGCAAACAGGTTGGATAGAAGAGTCAGCAAAAATCAACAAAAGCATTCTGTAA
TTTTGCAAATTTGTTTTAGGTGATCATTATAAAATCCCCCACCCGCACCAATCACATC
CCTGTAGACATGCTAAGGAAAATCTGCTTAGTATCGAGATCAAGAACTTTCATTCAAAA
ATCTCATGGAAAAGCTGGATTCTCTGCCTTACGCAGAAACACCCGGGCTCCATCTGCCA
CCTTCAAGCCAAAGTAATTTTGTACAGTTTGCACCTTCTACTACACAATGTTGATAGAA
GAACTCACTTTGTGGCTTCTGAAGAAGGGACCTTTGTGGACTGTCATGGAGTAGTTAAGA
TCCAGACCTCTTAAAGTCACACTCTTAACTTAGCTTTCTCTGATGTCTGTTGCCGCCATT
ATCCATGTGTCCATTGACGGCCATCTATGTTGCTTCTTCGGCTATTATAAATCTGCTGAT
GAAACGGCACAGCTCTCTAAACCAAACACTGACAGCAGTTTAATTTTACAGATATAAAA
TCCAAGCTCTGTTATTGAGTATAACAAGAACTGATTTTTCTTATGTTAGCACTAAGGGCA
CTGTACACGGTCTATGCCTCCAGGAGATGTTTGAAGGAAATTGTCAGTATACAACTAG
CAGGTTATTTAATTCCATTGCATTTTTCAGAATTCTCAATCGCAATCCTCTGACAACTG
CCGTATGGTTGTGTCATCCTCTCTAATCATTTTTACTAATTCTAATAATCAGCTCTAGC
GAGGGTTGTATTTTTCCCGTTGGAGACACATCTGGAATTTGCTGCAATAAATAATAAT
GGGATTTTCTGTTCCCTCCCTGGAGTGGGTGAGGGTGGGAGAAAGTTACATATTTAAAGAA
TGTCATTGATGCCACAATGTTCAATCCTTGTGGGTATTTCGATGAATGGAATGAAATCGGA
TTCCTTGTTCCTGGGGTCAAGCTGTATAAGACTCCAGGCCTTGTCTTGTATGTACAT
GGACTTAATGCATGCAAAGAACATGAAATACCTCATCCATATTTTTGGTATTGATGACG
TTTGTTCGCACTTTTAAAGGCCAGCTCTGTTTGTCTGATGTTCTTTTAGCCGAGGCT
GCTTTATAATCACCTTGTAGCCACCAGTGGATTTTGTCTCATCAGTATTTTTCAGGCAAT
GCCTCCGTATCTCTGACCAGATGGCGCTTACCTTTCAGACTTCATTAACCTTATGACCG
AACCAGGTCTCTGCACCCTACAATACACCAACTGGCAGTTCATCATTGAAAGAAAATC
GGGCCACCAAACAGAGAATCCAGGATCAGAAGGTGCCCTACATCTTCCGGGACAACCAGT
GAGTTGCAACCTGATTTGCTGGACTCTTGGGTTCAAAGCGACTCCGTTTGAGGAAATA
CAGCACATCAGCGAGGGGAAGCTATGGAAACACATCAAGCAAAGTATGAGAAAAAGTAG
TCAGTTTTGGTGGGAAGATCTGGGTCAATTGGAATAGTACACCTTCTCAGGGTTTTAG
GCATATAAAGACAAGAGGGTGGAAAATATCTGAACAAGAAGGCTCTAAAGGAAGTCACTT
TGCAGATACAGTAACAACCTGTGATATTGGAAGTTCAGTCAAATCCCAAATAAGAAAAGG
GAAGACTTCAGTTTTGTTAAGGAGATTTAGTTTTACTGCTTTGACTGGTGGGTCTCTAGA
AACATGTGGTCCTTTGTGTCCGGCATCTTCACTTATGTTTTCTCCATTACTGCCGCCTT
CAGGAATTGTTTTCTTTTTCATGAAACACCTCTCTCCTCCCTTATCTCACCAAAAAAG
ATCTCCTCCAGCTCTCCTTTTCTGTAAGACTTCACAGAACAGGTTCAAATCCATTTG
TAGTTGAGGCTAGTCTGGAACCTTTCATTAGAGCAATATTTGGTTATTGCACCTCATTTT
CTTTCTGCTTGCAAAGCCTATAGACCCTTCTCAGAGCGGTCTCATGGCTGGGTTTTCTG
CCAGTTTGAAGGTGGCGGGCCAGGGGCTTTCTTGTGAATTGACGACTCCGAGAGCCCTG
GTCAACATTGGGCAAAGGACTGGCCTCATCTACATTACAGATATCCTTGTGATGGTCTG
AGGTTGAAACAGTTTGTGTACAGGAACTGGTGCAGAAACATAAAGAAGGGAAGTGATTT
TTGAGGTGTGAATGCGTGCTTGTATCCAGCAGGGCATAGATAATACGTTATTATTGTCT
ACCAATACTTACTTCAAAGAACGTAATTTGTGGCTTTTTAGAGAGAAGGATACTTTGAC
GGTGAAGGGCACATGGAATCTCTGTATTATTTCAACTGCATGTAATCTACAATTATCTC
TCTAACATCTACAGCTACCTGCCCTGAAGGACTTCTGGAAGGAGACTGTATTCACCA
CAGCGTCTCAAGTTGGAGAAAATGTGCCTTTCATTACCTCTCTGGAGACTTCTT
AGAAGCAGGAGTGGCACAAGATCTCTAAAAGCCTCGGTCTCTAAAAGAAAATTGTCC
GCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGATGGGGTTTTGTCAAGTTGGCCAGGCTGGTCTCGA

TCTAGCTTTCTGCTTTTACCTTTACCCTAATCTTTTTATTTTTATGCTATTGTA CTTTAT
ATCGGATCATCCCTGACTCAGCTTATACCTTAATTTTATTTGCAGAGGATTCTTTTCTCA
CTACGGTAGTGCAAATAACTTTTGGTGTGTAGCTAAATAAGGAATACTCATGCCAAGAT
AGCGCAGCCCAGAGACAGCAGCTTCTCGAGGAAGAAAGGACCCGGTTTCAGGAGCTGCTG
TCTGTATTGTGCTAGGAATTTTACAGCTATAGGTTTTACATTATAGTCTTCATTCATTTT
ACAAAATTCCAAGAGGGCCTTTTTCGAATAGACGCATGAACGGTGTGTGTCTGGATCGT
AACAGATCATGATGCCCATCCCCCAGCACAATTAGAAATAAAAACAACCCGGGACAGTT
TAAGTATTCTCATTTATATGCTCATAGAAGTCATCAGATCAACACATTCACTCCAACACC
GTAGGGGGTTGATGCTTAATCAGACATACACAATATATATGTTGGTATGTCTGTTTCATA
TTGGTCCAAGGCACTACACCTGTACTGCAGGGGCTCAATGGAGCTGTCTTCAGGCCAGAA
AGAAAAAAGAAAGAGAGACAGCCTCCAGGAGATTAAGACCATGAACTTGAAGCCATACA
TGTCTGGAGGAATTCATAGCCTCATGGGGCAAAGTAAATAAACAGCTTATTACAATTC
ATATATCCCCTCAAGTTCAATAGATTCGAACACAGAGAGCTTTGTTTAAAATAATGCAGC
AACAAAGAAGGCTTGTGAGGAGATCAAGGAACCTTACATGAAATTGTAGGAACGGCCAGGG
ATGCCTCAGGAGTTGTTCTGTGATGGAAATTGGTCTGTTGTTCTGTTAATGCTGATGGAA
GGGATTTTATAAACCAATAGCCAAGTGTCTTTAAATAGGAGGCACCCCTCCCATTGTGC
TTTTAGAAGCAGCCTCATGGTCTCATGCTTAATCTTGTCTCTCTTCTCTTTATGATG
CTGTTTTCAATTC AACCGTTTTGAACATTCAGCGAAACAGAGGCGCAAGATCACTACATA
AAGACTCCAGCCCCAGTCATTTGATGGCAGCCACAGAAGGAAGCCAAGCAATGCCAGCT
TCTGTGATGACTTGGTATGTTGTTTGGTAGAGAGATCTTGATTTTCGGAGGATCTTGCAT
ACTCCATGTACCACCATAAACAAAGTTTTGTGCTTCAGGAATGAAAGCCATCATGATGGCC
AAGGGAATGTCTTTCTCAATGGCCTCTCATTAGAGGCAGACATCACTGCCAACTTAGACA
ACCCCAAGAGATGTCCTTTAGTCTCTGCCTGAGGCCTAGTCTGCATTTGTTTGCATATAT
TAAATTTCCGAATACTTTT CAGCTACTAATCCCAGTGTACCCAATTA AAAATGGCTTTCT
CACACGGAGGTAAAAATCGTTTCATATTGTGGTTATGTATCTATTCTCTTATGATGTGTA
CATTTGTCTTAAGTCTGGTGTGTGTGGATGACAAGCAGAAGCCAGTTATGATGACAGG
CATCCAGTGAAGACTTCTCTGGATTATTGCAGCAGACACCTCTAACCTCCTTAATCTGT
CCTCCCCACAGATTCTAGCAATGAAAATCTAATATATTCTTCTGTTGCCCTGGGGTT
TGAGACCTGTGCCCCATTTCTGACTAATATTCTTCATGATATTGTATCACTCTGTATCAA
TGGACATCTTATTAGACATGCTTTT CAGAGTCCACTGCTGAATCCCCTTAATGGAGAAGG
ACATGGGGCTCTGAGCAGGCTGTATCTGGATTCTGGCAATAAAAGTACTCTGGATGCTGT
CCCTGGTGAAGCAGTGCCAGTCACACTTTGCCAGTCAAACGGAGAGGCAGCAGTAGTAAG
ATGTCACTCATTCCCCTCTCTTAAACATCAAGCTTGT TTTTGTCCAGTAGAGCCTTTGGA
GTCCTACTAAATATACTTTTTGAGACTGGCCTTTTTACTCACCATAATGCCTTTGTAA
GGTGGAGGGTGTGAGCCTGCCCGCCGAGAGGAAGCCAGTTACAGAATCAA AATGACTCAG
AGGTGGTAAGATGCCTTTGGCTTGTACAGTGTGATTCATCGAGCTCTATCAACACTGGTA
ATAGGGAAGCCATGCCGGAGCTGAAAACCTGCAACAACAAAAAGCATCTAAATACTGC
CCCTATCTGTTTGCACAAGTTGCAGTGTGCTGTTGGCTTCAGCATTGTAGAAAGATACAA
TTGAAAAGAAGTCCAGAATATTCCCTGGTGATACAATTCTGGAGACTGGAGAAGTAATTC
AATGAGTTGGGTGACGCCTCTGCAGAAATCCAGCTGGCGGTTGGACGTGAGTGATACCT
ATCCCATCCTATGTGACTGCATCTTAGAGAAAAATGAACAGCATAACAGTCATGAAGCTTC
GTTCCGATTGTGGCAATCAAAGGGGTGGAAAGTGAATTCTATCTTGCAATGAACGAGGAA
GGTATTTCTTCAACTGAAGACCTTTACAGATACTCAGATGACTGAAATCCTCTTATCACT
TTACTAGTATTAGACTATCAGGAATACACCCTTGCGAGATTATGTTTTAGATTTTAGGCC

AAAGGAGGCCCTCTGATCACACGCAGGACCCAAACACTCAGAAATCAAGAACCTCTGCCT
TGCCAGGGGGCTGTACTTTGCGCATCACGGTGGAGGACTCAGACAAGCAGCTACTCAAAA
AGACCTGGAACCAACCCAAATGCCATCAATGATTGATAGACTGGATTAAGAAAACGTGG
CGGTGAAACTTTTCCAGATGAACGGACCATAAATGTGTTACTGGCTTTGTGCCTGTAGCT
ACAATGAGTCAGAAGATGAAGTGGCTGTTGACATGGAATTTGCTAAGAATATGTATGAAC
ACTTTCCCCCATTAAATTGTGACAAGCCAGGACCATGAGGAAGGGGTAGGGGTCTATCACC
GAAAGGTTGGGAAAACGTATCCTCAGCAATTTCCAAGAACTGAAGAAAGAGCATGATA
TCTAGCAGGCACAGTTGATTCAAGGCTGCTCCTCTCCAGTGAGCTGGGATGGGTTTCTGC
AGATGGAAATAATGTCATAGAACGTCTCTCACTGTGTTATAAGAATGACAGGGGAAGC
CCACTGGTGGCGTTTGTAGTCATGGACGATGAATACTACGTGTCTGAACTCTGAGGTCCA
TTCACATAAGGAAACAGATGTACAGATTCCCTGAAAACGGCATTGTTAACAAGTGGAAAT
ATGCGGAGAATTAGAGTTCAGCTCAGCTGGGCATGGAGTTAAGATCCCTCACAGGACCCA
TGAAAAGTTAGAATGTCTGAAAAGCCTGGACCTCTTAACTGTGAGGTTACCAACCTGA
CCCAGTTAGTGGGCCTTCTGAGTGTGTGTATGCGGTCTGTA ACTATTGCCATATAATA
CCTCCCTCCACACAGACCCGCTCAGGACGGCTTTTCTGTATGGCAGATCTTTCTCAGAAG
CCTGGCACATCTTACACTATAATAAGTGAAATTGCCAGTTATAAAAACGATACACAGTCT
AACAAATTACCCTGTTTTTCCAGGCAGAAGAAGCAGAGTGAAGAGAGGACATTCCAAATA
AGCAAAGGGAAATCAAGAGGAGACCCCCAGGCAGAGGGCGTTCTCCCAAAGATTAGGTC
AATGGAGAAATGCTAACTTACAGAAAGGTCAGGTTGGTGTGTTGAATGGTTTTAATTCCT
ACACTGTCTTCAGAAAACAAGTCCAGCTGGTTAATGACGTCTAAGCCTAGTGCTCTAGCT
GTACCTGCCATCCAGTTTTGGATCTTTTTAAACTAATGAGTATGAACTTGAGATCTGTA
GTGAATCCTGTGAGCTAATACAGTCTATACTTATTTCTTCCCTACCTGTTTCACATCCGT
GTACAGACTTGCCATACCAAGCTGCATCATCAGATTCTTCAGCAGCACCAAATATGCAAG
TTTTACCTCAGAGAATCACAATCCTAGTCTATCTAGCTCCTCACCCAGCATATGAAGCGA
GAAGGGGGCTTTCTTTTAGTTCTCTAGGGTCTGATAGGAACAGACCTGAGGCTTATCTT
GAGCTCTTTTTTCCCTCATAACCTTGTTTTGGTAGAAAATAAGCTAGAGAAATTAAGC
GGATCTGGAGATGGGCCGATAAAGTCAGTACGCAAAGAAGAGTACGAAAGGACTAAACT
AGATGTCTTTTCAACAGTCTGTACTGCCACTTCCATCCATCTGAAGCTTTCTGTTCTGA
ACAAGTTTTCTTTATTGAGTACCAACCCATGTAATGGTAACCTGGACTTTAATAAAAGG
TGAGCCAAGCACAGTGGTGGCAAAGCTTATTTGTGTACAATCACTGGCTTCATACTTCC
AAAGAGTTAGGGTTGCCAATACTTCGTCAATTTGTCTTAATAAAGTTGCCTCATATGGC
CTCCTTTTGGCAAAGGACTTGCTTCCATTGTTGTTGTTCAATTGTCTGTTTGTAAAT
GGGAACAGGGCTTCTCTAGATTATTTAGGGAACGAGCTATTATTTGAATGTTAATTTAA
GCCTGCAACCAAATGAAAATTAATATAGTGAGTCTTTTCAGGAGCTTCTCTGTTTTTCT
GGCCCGAGCCTCCAGAACCTTGGCACATGGTGGACGTGGAATAAATGTTGAAAATTGTG
TTAGGTAAGGACTAAATGCTGGGGAGGTAAATTAAGACAGAACCAAATGAGCTAAGTTGC
TTCTAGCTCTGCCATTAATTATTGGGACATTTTGTCTTTCTCTCCCCTCCTCCAAGC
CCTCTGCCATATGTTTTCTGCCAAATTAATTGCCTTAAGATTTTCTTAAGCTTTTGGAA
AAGACATCAGTCAGGATCATGTGAAGAAAACAGTGACCATTGAAAATCACCTCATCTGC
GAACCTATCACTGAAACAGCTTCACTAGAAAACAGAAGACTCTTTTATAATAACAGC
TGTTGAACGCAGCTTGTCTAGGAAGGGGATGGGACTAGATTCTAAAATTTATTTGGGACC
GCACTCATCTTTTACATGGTTAAATGCATTTCTAATTTGAGATCACCTAAACACTGGAA
GCCATGTGCACAAATCTCTCAATGCTTATGCATATTGTCTGTCAACAGACTATGTGAAAA

GCCATAATCTTCATTTCTTAAACGAAGAAGGAAAAGAAAAGCTGGAGTGAAAAGTTTTG
CTGCTACGCCAAGTATGAGAGCCAGACGTCCTTTGGGTCCATGTACCCACACGCATTGA
TCTGGGCAGATGTTTAAATTTCTGTGACTAATCACTGAACTAGACGAATGTTAAATTTTT
TTTCTGGACTGTTTGTATTGAAACAAAGTGGTGTCAAATAAAGCCCCTGCAGGGCCTGG
ATGACCAAGTGAAGGAACTAATGGACTGTATTGAGGATCTGTTGATGGAGAAAAATGGTG
TCTAGGAATTCTAAGATCCCATTGGAAGGAATGCTCTACCTCACAGAACTCTGAACCCTA
AGATTCTCAAGGAAGCAACAAGATCCTAAGAATGTATCTCCCGATGTCCAGAATACGCC
AGACCTTGGAATGTGGACATAAGCTCTTTCTTTCTTTTGTACTGTATTTAGTTTTGTG
TTGTCAAGGCCACCTTTGATGCTGTTTCTAAGACCTACAGCTACCTGACCCCCGACTCTG
ATAAAGAAGGACAGATCCTCAAAGTACTGCTCGGAACACTTCAGCACAAGAACGCTAC
CTCGCGGGCACTGCGCGCAGCGGTGGGGTGGGGCAGCAGGGTCAGAGGTTGTCCCAAGG
TGGATCGGATGCGGCTTGAGAGGCATCTGTCTGCCGAGGACTTCTCAAGGGTATTTGCCA
TTTCTCCCTGGTATGAAAGGAGGCACCGGAGACCAAGAGAAGAGACCAGCTAAGCCCTG
TGCCTGATCTCACTGCTGGATCCCTCTTCTTCTGCGCAGGAAAATAAAAAGTTCAAAG
TAAAGTTTATGGAAGTCAAGTGTAGGAAGTTTGGCATCTGTAGCTGAGCACAGCAGGGGA
CTAATGTGTTGTTCCATAAGTGACATGAAGTGGATAGATTCTCAATTGTTATGTCCAC
GAAGGAAAGAATAGTTTTACCCATGCTGAAGTTAATTTAAACCTTCACCTAGAGAAGCAA
AGCTGTATTACTCAGCCACTTTGAAACGTGGTTTTATCACCTGTTCTTGTAGGCAGCA
ACATGTCTTCGGCTACACTGGTGAAGGCATCGTGCCTGCTCCACAGCACATTTTTATTCA
GGGTCTCCGAGGTGCCGTTAGGAGTTGAACCCCCCACTCTGCAGAGGGAAGCGGGG
CATCTCCTCCTCCCCAAGTGTGAATCATAGCCTTAGTTTTACAAACTTTCAATTAC
AAGCACAAAATAAAGAAATCGACTAAACAGGCCTTTGCAGGACAAGTGGACCTGGACCTG
GACGTGCCATGGTGCTTTCCCAAAAGTTGTGTTGCTTTTATCAGTTTTCTAACTTAATA
ATCCAAACAGTTTTACCATCCGGTTATCTTTAGATAACAGAGGAAAGTAATATGATTTG
CAGGAATGACTTTGTGACCAGCAGCTTAAGCCAAATAAACTTTATAAGGTAAAGAATTC
ATTTCAAGTAGCTTGCTACTTGGACTTATTGTACTTCTGTTGATCTCATATGTTATGTGG
CAGGGATGTTTATATCTTTACATAAGGGCTGTTGCAACCATATGAACTGAAAAACACGCA
TTGCCGGCATGATCTTGCCAGAATTACATCATGATTCCCAATGAGATTCTGCAGACTCT
GAAGCCATTCTCCAGATCAAATAGTATGTTCTCCTGTTCTATGTTAAGGGATCTGACA
CAGCTTTAGCCTCATAGAATATTATTTCTTTGGACTCAAGCTGAAATACAAGCCTTACAT
TACGTGTGCGACCGCTGCGCAAGCGCTTACCCGCGCTCGGACTTGGTCAACCACCAG
AAAGTTTGAAGCACTGATCACCTGTTAGCATTGCCATTCTCTACTGCAATGTAAATAG
GGTGGACTTTGATATGACAACAACCCCTCCATCACAAGTGTGTTGAAGCCTGTGAGATTCT
CACCTTTAAATCCATCCTGATTCAAGTTCCTTATTCAAAGTGTGTTGCTGATATTTGTC
CAACTTCGACATTTGGGCAATGCCATCAAACAGGTTACTATGAAAAAGGATTATCAACAG
TTTTAGTGGCATGCAGGCTATACCTCAGTATTTGTGGACATGCACCCAGGAATATGTAC
TTTCAAAGCCTTGGTCTCAGAAGATTAACCTTTTCAATTGGGCAGTGGTTCCCTTAAA
GTAGCCCCATCAGACCCTGCCCCAAGCACCATATGGAAATAAAGTTCTTTCTTACATCT
CTGCTACCATCTTAATAACTTTTTCTGGCAATACACGACGATGATTGTTTATGTTAATCTC
AATGACAAGCACTGCTTGAATGCTATGGCTACGACATCATCATCGACGACAAGCTGAAG
TCACTCTCTTTGTCATGAAAGCCAGCTCCTTGTGGCGAGGTAAAGTGAATTTCCAATA
TTCCATGCAAAGGCTTCTGAAATAGGGGAGACTGACTGAGTAGCTCATTCTTGTGACTT
GGCACTGTAAACTTGAACCTTTTTTCCCAATCTAATGGATATAGGCAAGGAAATTATA
TCAGACCGCTGTTTAAAGACTTTGGACCGCTACCATCGGCTGTGTGCAGGCCATGAAAC

ATTGCAATTTGTCAGTGTATAAGACACATGCAGGGTGAAGTGTACAGAGTTTTGTAACA
ATTCCACCGGTCAACCGTGCCCAGAGCAAGCGAATTGTGGGCCAGATTATCCCAGCCATT
TCAAGAAAATCGCAGACTTTCTCAACTCGTTCGATATGTCTTGTCTGTTCAAGACTTGCAA
AATTAGGATATTCCAAATAGTTGCTGAAATCAATTGTGCCATTGACCAATGGATGCACTT
TTATAACGCTAGTTTTACCCTTGTGAGCACTTTGCCAAAAACCTCAAATAAAGACTTTTT
AGGGGACGATAGTAACTTTTTCTAAGGATTGAATAAATTGAGCTTTTTCTTCTGGCACAGAG
CCAGTCAGAGAAGGAAGAGGATGATGGCCTTCGGAAATCCCTGGATAGATTCTATGAAAT
TTCTCCTGGGGTTCAGAGTGTGTAAGTGTACTCGCAAAACAAGGATCACTGATGTTGTCTACGAT
AGTACACCAGCTCCAAGTGAGGCGTTTCTCGGCGTCTGAACCCAAAGGCTCTTTTCAGA
GAGAGCTTGGACTACACAATACAGTATTATAGACAAAAGAATAAGACAAGAGATCTACAC
GGAAGATTTTTATGACTTGGATCTATAGCAACCTTGTGTGGCGTGTGAACTGGTCTGCTG
TGAACCACCAGCTCCAGGAGAAGGCAACTCCAGTCAGAACAGCAGAAATAAGCGTGCCGT
ACGCCTACCAGGGGTGACAAAGCAGTGCAAGTTGGATTGTAAGGAAAAATTCCGGAATTAA
CTTACATCTATTAGGAGGAGGAAGACAGATAAACTAAGGCTCGTGCAAAGGAGAAAAATA
TTCCAGCTGACACAGAGGAATATTTTTCTAAGTGTTAATGTTCTATATGGTAATTAGGGG
CTGGTAATAGTGGCAATCTTGACATTCTTGGTCAGAGTTTAGAGAGATGTAAGACCTTCA
CCCAGGCTTGAAGGCACATGGCTTTCTCATGTAGGGCTCTCTGTGGTATTTGTTATTATT
TCAGCTGGCGATCAAATCTTGTAAAGTCATCACAAAATTCATGCTGCTGGTACATTTTATG
AGGGGTTGGGCCGGTTCAGGAGGCCTGGGGTTGGGGAGAGAAGGGATTCTCAGTTCATCA
GAAAAGGTGCTTAATCTCTCTTAACCTTTGTAATACCATTAAAATTCCCCTTGACTCAGCA
TTTGTGTCCCCTTCATGCCTGTCATGTTCTCCCTGACTTGGAAACATGGCCTGTCCGATT
GGGGGCGGAGGATGGGAACTGGCTAGTGAGCACTGAAATATAAATTCTGAATCCTCTCCT
TTTCTGGTCAAGAACCTACAGGCTCTCCTCATAGATTACTGCATCAAGATCCCAATACT
TGATTACCCCCTTCTTGCCTGTTGTAGCATTGGACGACCATTACCAAATAAATTAECTCCAC
TAAACATAAGGAGCTTCATCTGGAAGAAGAAGAAGAAGATGAAGCAGCAGCAGCTGCAGC
TGCGAGAATTAATGTGAATTGCAGGACACATTGATCATCGACACTTCGAACGCACTTGCG
GTCATTCTGGCACTACATTTGCTTAAATTGCTATTTTGGCAACAGCACAGAAAATAATA
GTAAAGGGGTTTTCTTACCAAGCATCCCTGACCTCCTGGAGACACCACCTGCTTTCCGGG
TCCAACTAGTTCATCTGGAGGTAGGGAGGCTCCACTGGAAAAATAAATATTTTTGTCAA
CGAGGCTGTAGCTGGGCTACTTGATCTTGTGAAAGTGTCTTAAAGATAGCACCCTTT
ACCCGTCTAAGGGAGAAAGCTAATGTTTTCCACAAGACTGAACAACGTGTATTTACACGA
AATGCACAACGAGAAGGAGCAGGAGATGACCAGCCCTGTGAGTCACAGTGAGGACGTCCA
TGATTCTGAAACAGACTCCAGTGATGAAGACACAAAATGAGAGCAAAGACAGCTAAGAA
CTGAGAATGATGATTTTCAATTTTCATCCATGTCCCTACAAAGGACATGAACTCATCATT
CAAGACAAAATTCACTACATGGGTCAATCCATAGTGCAGATGTATTGAAAATGGATGATT
CAGAGGGCACACGAGCAGCGCTTCTTAAAGTCCATTGCTGAGGGCATTGGCCCTGAAGAA
CTATGGTAAGGGAAAGGGACCTTTCCGAAAAACATCTTTTGGGGAAATAAAAATGTGGAC
TTTATGAGCAGGACAGGCCACTAAAGTGTGACGAGCCATCCTCAGCAACCGATCTGGAG
AAACGGGGATGCTTGCCCTCTCCAGGACTATTGAGCCAGAGAGAGCTGTCCTCTCATT
GGATTGCTAAATACCCTTGTCTAGTTACCCAAATATTAATGGATCCCATGGAATAAGGTG
CACCAACAGGATATTTTTTGGCATGGTGGATTTTGTGAAAGGCTCTGATGTATTTAGAT
CCTGACTGCATTGTTACCGGATTATAATGAGCCAAAATGTTTCCCGGTGTTTGTGGTT
CTGAGCTTTAATGGCTGAAGACCCAGATCAGGGCAGTGACAGATCACAGGGACATCTGTG
GGGTCATTTGGCACTTCTCAGCAAGTAGGATACTTCTCATGTTTTGAAATTATATGAATA

TGCCAGTCCAGGGCCCTCCTTTCCTATAAGTTCATATTTTGCTTTGAGCCAGCTTTTTA
TCCCCCTATTTATTTTACATTTCTCTATGTGCAAATGAGAAAAACACTAAGGTTTCAGGG
AAGACCTATTTAGTTAAACAGATCAGGGATTTGAAGAGACCAGCTCAGCAAGAAGCTTAA
ATCGCATCAAGGCCAGGCAACAGAAATATAAAAAGGGTAAGGAGAGGATGCTGAGCTTGA
ACTCCCTGTAAATACGCTGTTATACTACTGTTAACACCCCTTTGCTTTTTCTATGGGAC
TAATTTGTTTATCTTTTGTGTATAAATCCCAAATATGGAATTTTGAATATTGCTACCA
CAGGTCCTAAACTGTAGCTTGAATGTGCCTGTTTCCAGAAACCAAGGTGAAAGTGCTTT
CATTTGATTTCTAAACATTCCTTCATATGCCTTAAATGAAAGCCAGCAATTATCCCATGG
ATTGACAACAAGGATTTGAACGGGCAGAGTAAGTTTGCTCCCACCGTTTCAGACCTCTTA
GTTCCCTGTACTGGTAGGTGACATGGACAACAGCGGCAGTCTCCACGCTCAGGTCATTCA
ATGATTGAAGTACCATTACCATAAATGCTATACATCCATGCATTGGATGTTAAAGGGATC
CCTATCCCTAATTCTACTATGTGGCTCTCAACACCTTGATTTAATAGGTACACAATAAA
TGACATGGAAGCTGGGCTCCCTCTCCACTCTGAGATCATCAGCTGGGTAAAGGTCAGTGG
CGGGGGGCTTCTCCCTTCTTACAAGCTCGGTCATGCATATATTTGATCTGGCGTTGCCAG
GGCACATCGTGACTGTTTTTTCATAACTTATGTTTTTATATGGTTGCATTTACGCCAAT
CAGTCTCCTATTATCTCAATTGCTTATGTGCATATGGAATATGTTACTTAAAACGTGTGC
AGTCCTGCATGTGTTGATGCCACCTGTATGTGCAGGTGTGACCTCAGGTGTGTGAGTATC
CCAGAAGAGCGTGGACGATGGAGGCAGTTTTCCAAAAGCTTCTCCAAGCTTCCCATCCA
AAAGTCACACCTCACCTTACATCAAATGACACATACGGGGGAGAAGCCATATGTGTGCAA
CTCCTGTGTGGGAGGATCTCTAACCCCTCTGATCGTGGCGCATGGCTTGGGGATTAACCT
TCAGGACAAAGCCAGCTCTGTCTCCTGTACCAACCTTGCATGAAAAACAACCAAGGAAAT
TCTTCTGCTTGGCACCATAGCTTAACCTGCAGTTTCTTCAAATGCCAATGCCTTGTTT
AGGATTCGAAATGGTAGAGGAGAGAGAGTGAAGTGAAGAGATCTTGCAACATTTCTCTGC
GTAATTACTCTTTTACTGTTTACCATTCACTATAATTACAATTAATAATTGTGTGACTAA
GCTCATCTGTACATACTGTTTCCTATGACATTACTGTATTTAAGAAAACACCATGGAGAT
CCGGCAGCCTTCACTCACAGATGTGCTGTATTGCCCAGAAGCCATTGTGTCACTGGTCAG
AGTGAGGATGGTATAGTGTATGTTTGAACCCAGAAACAGGAGAACAAGTAGCCATGTAT
AAAGTTTCAGGAGGAGACATGTCAGGTGCTGATGCGAGAAGCAAAGGTACCAATGTTGAT
CAAGAAGCTCTTGATTTCTCTGCACAGTGTAATATCCTTGCTATTTTCAGGATGGCGGC
TGCTATTTACTGCTCTTATTGTTAAGGATAATAATTAAGGATCATATGAATAATTAATGA
TTATCCACAGAAGCAAAACACACCCACACTCCCAGGAAGGAGGCGGCAAAGGACAGCTGC
TTGTGATGAGCTAGATTAGTTGTAGTTCCAGAATAAGAACAAAATTCAGAGTTGTGTGG
GGGCAGATGGTACTAATATTAATAAAAGCCAATCAAATGTTCTGCACCAAATACATTGACT
TGTTAAAATGTACAGGTGGGATTGTGAAGATTTACTGACATCAAAGTTCTTCTGGAAAC
GGCCAATGTCTCTTTTGCCTGCAATAACCCCTCCCTCTGCCAAAGGCAATAGCCTCTGCTT
GGCAACTGAGACTGGGTACCTGGAGATTCTGAAGTGCCTTTGCTGTGGTTTTCAAATAA
GCCATAACTGGATTTCTTGTTCTCCTGTTTTAAAATCTGAGCCTTAATGTAGTTTTAA
CCCCTCGTGACCAGCAAACCTCTAAAAGCCGCCCTTGCCCCAGAGCCCCTGTAGCCTCCA
AGGTTCTGAGGAAAGATGGAATCCTTGTTAGTGACTCTCTGGCAGCCTTTGCTTACATTA
GGTTTCTGTAGTACAAGACCAGTGTGAAGTTATTCTGATTTCTTGGGAATTTTGCTTTT
AGCCAAAGATGATAAAGGGGGAAATGGTTTTTAGTGCGTATATTACTGCCTCTTAGGT
TTTGCCTCTGGGAGCTTTTCTTTTTAACAGTACTTTGTTGAGAGATGATTCACATATA
CGGCCCTCCCTTTGATTTGGAGACAATGTGTTGTAATAAAGCTTAAAGTGATGTTTT
TGACCTCTGAGAGTGAATGACTCCTGTGGAGTTGATCCTAGTCTGGGTGCAAACAATT

AAGGATGCTATCCAGAGGGACCCATGGGAATCATAACAGCATCTGGAACCTTCTGCTCACG
TGTGTATACATATGTTTATCTCACACACATTATGAGCTTGAATTCTTAATTCATCCTAGC
AGAAGACTTTGACTACATAGACTAAAATATTCCATGGTGGTGAAGGATGTACAAGCTTGT
TTTTTTGTTTGTGTAATAGCACATCCCAGAGACATCAGAAACCAGCAACTGATTGAGT
CTACTCGATAGAATCAGTCATCATGCAAATAAAAGCCACCTGAGTCAAAGGCCAAAGCCAG
TGGCTTCTTCGTTGCTGTAATTGAACGGGTGCGAGATGCCGACCTCAGCCTCACAGGCCAA
AGTTTGCCATGTTGAGCAGGACTATTTCTGGCACTTGAAGTCCCATGATTTCTTCGGTA
GATGTACAAGTAAGTGTCTTATCTGTACAGATGTAATGTTGATGAAAATGCAATTGGGG
GTCTCCAGAAGAAGAAGCTGGGCTGTCAACTCCTGGGGAAGTATAAGCAGATCATCGCC
TATTAGGGCGTTTTATTGATAAACGCACATTTGAGGTGGAGGGTGGCCAGTGTAGAATGT
CATATTCCTAGTAAATGATGCATTACTTTGGTATGTTCTCAGATTTGGGTAAAGCCTTCC
AGTATTTGCAAAACCATTCTTGCTTCGCTGGATGGTCACCGTGATGGAGTCAATTGCTT
GTGCCCGGCTTAGCATTATCTTTGTATAACAAACAATCCAATTGTATGCTTTTAGTTA
TCACCAACCTGACAAAAAAGGTGTGCCAAGTGACTTCATCTTACCTATCAGTGATGTCCG
AAGCTGTTCACTGTGAAACAGTCTCTTGCTTGTGCGTGATTTTTTCGAGTACTTCTGAAGT
CCGCACATCTCTAAGTTTTATCTTTGCAATACTCAAGGTTCTCGGAAATTTGCTAATGGT
GCTGGATGCCCTTTTGAAGGATCTGTACGAGAAAAACAAAAAGGAAATGAATATTCAACA
GACCCAATCAGCTAAGCACACAGATTTTGCCTAATTTGAATCAGTCAGGAACAGGGTTGA
GACATGGTATATGCAAGAATAAATGTGTGCGTGAATCAAACCAGAGGTTGTGTTTATTTT
ATTCATCAAATGCACACGAGGCACAAATGGGAATCAAGGGTGGATGTGCTGTGATGAAGA
CCAGCTGCCATATTTTCAAAGATGTAGTTTTCCACAAATTGTCTTCAAAGTTCTACTCA
AGCGACGATTCAGATAACGAGGATGTGACTCCTTTGCTTCGGACTCTACACAAGATTAT
TGACAAGCTAAAATCTCAGTTACTTCTTGTGAATCCACTCAAGATAACAATTATGGCTG
ATCAAAGGGCAGGTGTGGGGGTGGATAGGAAGATCAGGATCTCTGAAAGGGAAATTTCA
CATGGACCATGGTCAGGCAGAGGAAGATGCCTACCACAGGCAAGGGATAAAGCCAGATGA
ACAAGTGCGGGCATGATGGAGCCCATTAATGTTGGGAGATTGTTTTATGATTGAAGT
CAAGGTTCAATGTAACTTTGATATGGTGTTTTACCTCTGAGGAGAGGCTTATTGTTAAT
AATCCTTCACTCCTCCTGGCTGCCTTTTTCTGGGAATTGCCTCAGCTGCTCTAACACGT
GTAGCAGATGAAGAAGGAAGGAAATGAAGTCACTCAATTCTTATATGGCATAATTACTCT
ACACAGACACAGCACATGGAGTCTGAGTCATTTGTTTTCTCTGACAGATCTTTACCATGC
AGAAAACCTATAGACACCTGGCTGCTGGGTGTGAGGCCACCCGCCGTTTCTCTTCTTTT
TTCGCCCTCCCTTGTATTTATATTTATGAAGTTAGTGCGGGCTTTGCTGCTCCCTGGCC
CCATTTTAAAGATGGCTACTTAGGACCATATGGATGTTGTACTGATGTCATTTGACCACG
CACCCCATATTAAGTGAATTTTGAAGAAGAGTGACTTGTTGGTTTAATAAATCTCTAG
CATTGTACAGCTTGTCTCACTGGAAAATATCCTGTAGAATTAGAATGGTAGCTGGTAGGG
GAGAGGAGCATTGAGGTTTTGAGACATGTATAACCAGTGAAACCATCATTACAATCCAGA
TGCTTCTCAGAGATGCTGTCCAACCTGCACTGGCTTGGGAACGAGAAGACTCGTGGAG
TGGCCACAGATCGTGCTCAGCGTGTATGGACCAGATGTGTTCCGGAACGATGTGGTTTGA
AGAAAGCAGTTCTGATGCTTACATCTGGAATCTGAGGCATCCTCTGACTCCACTCAAAGA
TCTATAAGTCGAAAGGAAAGTCTGATGGCGCAAAGGGTCTGCTAAAGTTGCCAGAAAA
CCCAAGAGTTAATCACTTTTCTGACGGTTTATTTTATTCATCTTTGGTAACAAATGGCTG
GCATTCTCTCCAGTGGCAAGGGAAAATATAGCAGGTTAGAAGTTCAAGCCGATGTCCAAA
CACACTCCACAGTGGGCTATACCACTTAGTATAGTTTCGCTACTATTTTGTGGCCTACATG
ATGGTTCAATCTGTCTACCTCCTTTCACATTCCACCAAGATATTCCAAGGTCCAGGGTTC

GGACCTGAGGAAGAGACGGAGGCCAGCAGCCGTTTGATGATTCCCTTAGAACACGAGAA
AATTCAGACCCAGCACAGTGTTTATGTTGGTCAAAAATAGAAAATATGGCGCGGCCGAG
ACCCTTCACAAGTCCTTGCCAGTGCCAACCAAACGGCGGCCTCTGGAGAAGATTGACCTT
CCTGTCTGAACTCATGCTCTTTTGATTATGTTTTGAAATAAAGGGCTGCATTAGTTCTTT
ATTGGACACTTTGACGTGGAGATCGATGTCAAGTGGCTCAACGAGAACGCCGTGGAGAAG
GTTCCAGCCAGTTAGTTTTCTCTGGGAGACTTCTCTGTACATTTCTGCCATGTACTCCA
CTGCAGACCCTAGTTTTAGAGTTTTCACTTCTTAAAGACCTTCATCCTTATTAATAATGGTA
CTGGAAACAGAACTCCAAATCCAAGGTTTTCAAGAAAGTTTAGGTGAGGGGATAAGAGC
AAGCAATTCGTCATCCAAAATATAACACTTCTACTCTTACCACGATATCATGTTACTA
GAAGTGTCTTTAAATTGCTATCATGAGCAAACTGGTTGCTGTAATGCTTGTTTTCTG
CCATTGTTCCAAGGGCTGAGGTTTTCCCCTATTTCAATTTATCCTAATAACAAACATTA
GAGGGCACTGCTCTTGGATTACCAGCTGTTATTTTTGCTTTTACTTTTCTCCACCTTC
AGTCCCTCATCTACGGGATCTGGCAACACAGAGCATTCTGCAGCTCCCAAAAACAGATC
AAGCACTTTCATACGCAGGCATCTCTTGTTACCTACATCTAAGCTGTTCCCGAAAGAGTG
TGTGACTGTGGAATAACATCTCTAGTGATTTCTTTGTCAGTGGTCTTTAACTTACCATAA
TCTTCTCTCCAGCCTTATCTCCTAATCCATTGTTAAATCACCTGCCCAATTCAGTAAA
CTGAGGGCGTGTTGGAGATTACCCCTTGTTTTGAGTACAATAGTTTTGTTTGCTTTTT
CTTTAGGCTTAACTTGATTTAAAAGTTATTAGATGTTCCATCAGTCGTTTCGCCAATAGG
CTGAGTGCAAACTCAGTAGACTCCTCTTTGTCATTCTCTGGAGATCCAGCATTCTTA
TTGTATGTGTGTTTCAGATCAACGTCTTCTTCTACACCATCCCCTTAGCCATAAAGCTAA
TGTGGACAGTTTCCACGAGAGCACAGAAGGGGAAGGTGGGCTACGAACTGAAGGATGAGAT
AGAGACGGACAATACAGCGACAGCGACATGAAGAGAAACAGAATGACTCAAAGACCAGGC
AGCTGGCTCCCCAGCAAAGGCCCTTTTCATGGTCGTCGCCAATGCTTTTGAATGTGCT
AGTTAAAGCAACCACTTCAGGCCCAATATTGTAATTTTCAGGATGCGATGTCTATGCAGA
ACTGTGCCTTAACTATGTTAAGCATCTAGACTAAAAGCCAAAATATAATTATTGCTGCC
GATTAAGTGTCCACCCCTAACCAATTACATCTGCAACAACCCTATTTCCAAATAAAGTCA
AAGGGTCCGTGGACCAGGAGGATTGCCTTTAATATTTTGAATATTCTGTTTTGTTAATA
ACACGTTTGCATAGACTACACACATGTCATGCGTTTATGGCAGGTAGCTGGTATTTATTC
AAGACCCAACCTCCAATTACAAATGGACATATTCCACTGGCAGATCATGGATGGGAACCT
TGCAGATTGCTAGTTTTGCTTATAACCAGATTACTGACACTGAAGGCATCTCTCATCCTC
TAACTGAGCCTCAGAGACGAACCAAACCAGCTGGGCTGAGCTCAGATCCAGGGGGAA
CACGGTCTGCTGGTGGTGGACAAATGCGACGAACCTCTGAGCATCCTGGTGAGGAATAA
TTTTACTCTTCATCTGTAGCGTGACCTCAAGGTAAGATGAAACTATTTTCATGAAAAGGG
CTCCACTTGTGAAAACCGAGCCCCAGAGGCCAGTAAAGGAGGAAGAGCCCAAGATTCCAG
TTCAGAGAGTGTTTTGAGCCATGGCCACGTTGTCATTGTGAGTCTATAGCTTGACTCCTT
AGTGGAAACCCTTCTCAGTTCAAATGCTTTGGTTGCAAATAAGAAACCCAACCTTCGCCAGG
CTTTATGTAGAGAAAAGGAGGGGACGGGACAGACGAAGGCAACCATTTTTAGAAGGAAAA
TTTTGGACCACAAAGAAGAAGAAGAGTTGACTGAAGAAGAAAGAAAAGCAGCTTGGGCTG
AGAAGATGGGCAGATCATGTTTGATGTGGAAATGCACACCAGCAGGGACCATAGCTCTCA
ACCATATAAATGTGATATATGTGGCAAAGGTTTCAGGCAAATTGCAAACCTAGCAAGTCA
CTTGTCATTGGAACACTGCCTTTGTCTTACTGGCAAGTTCTGGAGCTCTTGTGTCATTG
CCTGTCTATTTCTGGGTGTTTACTGGCAACACAAGCCCAAGTGTTCAGTGACTTCATT
AGTTGAGGAACGTGGAAGACAGTGAGCTCTCACCTAACACTATAAGAAGCATGATCTCA
GTTGGTAAATGTTACTTATATTGGGACTAGTATTTCTAATGTTTCTGGGATATGCTCCC

AGCATACTACGGCATGAACGTGCAAGTGGACAGAATTA AACACATGCCAGAAACACTAA
AGAGAGTGGGCAAATACAACAGGAAAGGTCCAAATTCACCCTCTGAGGGCCCGGGGCAC
GGGAAGGGGCTCTGGGACCAGACCCCCACACTACTGCGTCTTTGTTTCTATCAGTCTTT
TTGCCATTTTTCTTGTTTCATTACGTATTTAGGGCATA CATGTTAGCCAAATCTACTC
TGGATATTTGCTATGCAGCACCATGAAGAAGAGAGACTATCGATCGGCCAGGTGTATAAT
CCTGGGATGTTCCAGTTTGGGGCTATTCCAAATAAAGCTGCTACGACTATTCATGTACA
TTCTGGCTGTTAGGGGAGCTTGGGTCCCTGAACACTGTCATTACCCAATAAATTACTAT
GCAGTACCTGTGCCTAGGATTGTTTTAAATTTGTAAATAATTTCCATTTGGGTTAGTG
AAGCGAATGATAAGGGAAAAGTTCTCAGGGAATTGAAGTGTGTTGCTATGGTGACGTCC
ATGAACCGTGGACACACACTGCACGGCGGATGAATATGCAGACATCAGGCCACGTGAAGG
TGCGCCATTCTCTTCTCACGCATATCCATGAGCTTTAATTTCACTTTCTGATCACGGTA
CGAAGATTGAGGACTACTTTCCAGAATTTGCTCGCTACACTACTCCTGAGGATGCTACTC
ATGGAGTAGATGTGACTTGGAAAGCAATGGCCTAAAAGACAGATTGCCATTTCTGGCTG
AAACCCTATACATGCCATGCCTGTGGGAAGGCCTTTAATACTTCTCCACACTTTGTCAA
ATCATGTTACCATATCAAGCTGAAAATGTCACCACTATCTGGAGATTTGACGTGTTTTC
TCTTGCAGCCCCGTGCTCCTGTCATCCATGTGGCCGTCATGTGGTCACTTTTGGGCATTG
CTTTGTTGGTACCGACCCATCTATAAGGCCTTTAGGTCCGACA ACTCTTTCAGCTTCTTT
GAAGCCAGAACTTTTCCAAAAATCAAAGGAGAGTGTTCGAGCTCCTGATCTGAAAGG
CACATGCTTTTGTGTGAATGCAGCCAATGCATTTTCTTACAGTTTACAGAATGTGAAGAT
TAGAAAGTTGGTACAGATGATCTGCACTGTCAAGTAAACTACAGTTAGGAATCCTCAAAG
TCAAGCCTTGACCACTTGTGATGACATCTTAATCAAACAGGACCAGACTCTGGCTGAACT
ATGCAAAACAGTTCATCCTTTTCTACTTTATTTATTGTTCCCTTGAATGACTGACCAGG
TGCAAAGCCGTA ACTTAAAATGCATAGCCTTATGTGAAGTGATCACCTCATCTGACCTGC
CCTTGAAAGCATTAAATGGCTGCAGAGGATAAGTACTCGCAGAAGGAAGACAGATATGAGG
GCCAACATTTTTTAGAGCTGTACCAAAACAAAAAGCCTGTACTCACATCACAATGTCATT
AATTTGGTGT CAGTAGGAACGATGGAGATGAAAACCTCATCAAGACCAGCACGGATTGG
CGGCTCGAGGGGGTGGATACTGTGAGTTTAATTATAAAGAATGACCTGGTACAAAAGCCA
AATGGATTGAAATATCAGTGTGTGAAGCTGAATGATGGTCACTTCATGCCTGTCTGGG
TACCTCTCAGACAGTGAAAAGACTCATTGAGAAAAGCAAACTAGAGAACTGGAATGCAT
TCCAAGTGTGTTGATTTGCCTCTTTTTCAAATATGGCTTGTCAAGCTTGTAGTCATTTGC
GCCCCATTCTCTTTCTACTTTTATAACAGGATATTGGATGTTGTGATTGTGCTTTTTTG
AAACGTCTGTCATACCTGCCACCAGCAGACAAGCGGCTTTGGGTACCTCCTGGACCCAAA
GTAGCTTGTGCCTTTTTTATTGCCTAGTAGTATTCTGT CATATGCCTATCTTACAATTTG
CTTGTAACAATCTTTTATGGAGTAACTGGT CAGTAGATGCCCTTTCTAAGATGGTCAT
CTGGAGCAGATGCGCCGGAAGGCCATGAAGCAGGGCTTCGAGTTCAACATCATGGTGGTC
TTCAGTACCAACTTGTTATCTTTTTCTTATCTGAGGCTACCTGGGGATTGTGGGCAGCA
CCCTGTACACACCTAGTTCATAATCCTCATAATTTATCAACAAACACAAAGAAGTGTCTT
GGCCTGGCCTCTGTAAGCCTGTGTATGTTATCAACTGTTTCTTCTGTGAGTTCCATT
CCTGCATGAAGCAAAA ACTGAAACAAATAAAGGAGAGTATGGTGACTTTGCACTAAGTT
AAACCTCTACATGGATCCCTTGCATGGGTGTTGTACAATGGGAGCTTTTCATTCTGCTTT
ACCCCTTCCAAATCTGTAACACATTGTAATTGGAGAAGAAGGAAACTCTGCAAGGCTA
GGAACAGGGCTTCTCTAGATTATTT CAGGGAACGAGCTATTATTTGAATGTTAATTTAAG
ATGTTATCGTGCCTCTAGCAAAAAGGGTGGACAAGTTCCGGCAGTTCATGCAGAATTTCA
ATTTGGATGCAGAAAACATGCCTGTTGCTTCTGCTGCGAAATCTGCTCTTTCTCTTCTG

AGCTGTGTTCTGTCCTTCCTCCCATCGGAGGGAGAAGGGGTCCTGGGGAGAGAGAATTTA
TTCATTGATGATGATTATTCCCACCTTCTAAGAGACAAAGACCAACGAGCCACCACAGC
TGAGATGGAGAATAATGCCAATGCAAACATTATTTCTGAGGCCAAGCCCGAAGGACCTAG
ACCAGTTTGATCCATTTACTGTTCCGACCATAAGCTTCATCTGCCGTGAATTGGATGCCA
AGGTCAGCAAAGAGATTTTCAACAAGGCCACACTCGAAGTGATCCTGAGGCCGAAGATTG
CCCGACTCACCATTTTACCAATTTCAAGAGATAACAATTAAGTTACTGCTAGCATGGGT
TTTTAGGATGAGGTATAGATGAGAAGGCAACTTTCCTTTGCGAGCCCCTAGGATGTCTGA
TGATGACTCATCACCTTTTCCCTGCAAGGAGTGTACTGTAGATTACCAAACCTGCAGAAG
CGTACTCATCACTGACTTGAAGCTTAGTATCTGGCTTCTTAAGGATGTAACCTTTCATGT
AAGTGGTGGCTACAAAAGGCCAGAGCTGTGTTTAAAAGTTTACAGGAGAGCCGACCATT
CTACTGCTGGCAGCTCAGAGCACTGGGAAGTTTTTTCAGTGACGTCTCTGGGGCACTCAGT
CTGCATGGTCTAGAGGTTGTGGGCAGCATGGACAGTCCCCCACTCAGAAGTGCAAGAGTT
ACAGTGGTGTGATCTCGGTTCACTGCAACCTCTGCCTCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTG
TGTGGTCTCCTTGAGTGGGTGGATGTTTCAGCCAGCTATTGGGACCAAGGTCTCCGACTA
AAACCGGCATTTGCTGCTAAAGGATACCCAGAACCCTCACTACTGTAACATAACAACGGTT
TGAAGTCGGCTTTCCCGTTGATGTCTTGATGCTCCTATCTGTGCACTTACCGTAGGTAGG
TTAAAATCCAAACGAGGTGATCTAGTGTCTTCTCTGCGTCCTCTGGTCTTCTAGCATC
ACTACCGTAAGGATGGTCAGTATGACCCCATATATGATTTTTTAAGGAATGGTTTAGAAA
TGAAACCGCACTGAGAAGGTATTTGTGGCCCGTATGCTGATTGATTGATGAGACTTCTTT
CATTTCCAGCAGTAGCATAAACTTACGGTGACATGGTAGACTTGTCTCTAAATAAAATTT
AGTTAGTGTGTGAACGAGTGGGCGAGTTAGTGTGAATGAGTGGGCGAGTTACTGTATGAA
AAAGGCGGGCCAGGGGACGAGTGGATGCAGGAGCTTGATGAATTGTTTGGTAACCCCTAA
GAGGATCTGTTACCTGCATGTGCCAATTATGGAAATAAAATCTTCTAGTCTTTACTGGAA
AAGCATATTAAGCTCACGTGTTAATCAGTGCATTCTTATGCTCCTACATTAATGCCTT
GACATCAGCCACTGCTGTGATATACTGAGCACCTCCTCTAGAGAGAATAAAGGACTGACA
AGGCTTAAAACCAATGTCACCCTTGGGCTTAACTGGGTAATTTGTGGTCTAGGCCTTTT
GGGCAGTATCAGATAGCAGTTGAAAATCACCTTGCTGCTCCATCCACTGTGGATTATA
CGAGAGGAGTGACGTATTTTCATCACCGTTTTTAATTTGTTTTCTTACGGGTTTACGATT
GCTGCTGCTTCCCTTGCTCACTTGGGTGCTGTGATTGTGAATAAAAGTGATTTCGTACC
CCATCTTCCCTAGACACAGCAGACATCTGAGAAAGCTTCAGCATTCTCTTGCTAACAGA
TAATGAAGAGCATGAATTGGTTTTAAATAGTCTCCTTTGTCTAGATATGTCAGAGACTCG
AAACGCAGACTCTCCAGAGTCAATGTCTACTTCAGCCAGCTCAAGGGCGCGACAACCTGG
CTCACACTGGAGAAAGTCCTTTAAGTTAAGGGAATGTGGGAAAGACTTCAACAAATGTA
AGTTCCAGAAATGAATGCTATGATCATGCGACGGTTCAGTTTGCCTGGAGATGTAGACA
TGGGACTCGGAGGGATTTTGTAAACTGGGGTATATTTTGGGGAAAATAAATGTCTTTGT
AGCAGGGCAGAGATGCTTCCCCCTGAGGTCCCTCCCAGCTCTGCTACCTTGCTCACTCAAG
TTTAAAAACTGGAACGGTGAAGGTGACAGCAGTCGGTTGGAGCGAGCATCCCCAAAGTT
ACTGCCGGGCAGTAACTTCTGGGCTGTGGTTGTAACTGTGAGCACTACAAAATGTTTTT
ATACGGAAACAAATAAGAAAGCTCTTGAAGCAGTATTTGGCTAATATGGACGAATAGTGG
GAGATGGGACAACCTCTGTGAAAAAATCTTCAAGGGTAAGGAAAACATAATACTATCTTGA
CCCAGACTGTATCCATCCAAGTTCCCGTTGTATCCAGAGTTCTTAGAGCTTGTGTCTAAA
TAAGCTTGCCAAGTTTGACGGTGAAGTGATCTGTGAACCTCCCAACAACAACTGGACAA
AATCACTCCTGCACTCAAGAGGCTGACGCAGAACGCAGATTGTGTGGTGGTGTCTGGAC
GCGCTAATTCTGTATGGGAGCACTCAAAGGCATTACTTAGAGATTGAAATTTCAAACATA

GTTGTTGTTGTTGATGTTGTTAATTGCTTGATTTTTCTGCTTATGGGAAGGATCTCACAT
GAACGCTGTAGCCGAACTTCTGCATCAAGCACCGGCATCCACTGGACCATGATTGCTCT
ACGAACCTAACTTTCAAACCTGTCAAGTATTGGGTTCCGAATCCTCCTCTGAAAGTG
CATCTATTTCTGGCTTATAACTCCAAAACCTTGTTTTAGGCTTTTGTATAATGTTG
AGACTTCAGTCCTCTGTTTTGTTTCATAAGCCGTTGAGACATCTGATGGACTTGGCTTA
GTCTTTGAATTTGTGTCATGCTGAATCCCACTCCAAGACAATAAAAAATTCTCTTGCAT
CCCGACATCTGCTCCTCTATCGCCCAATGCAAAATCGATGAAATGGGGAGTTCTCTGGG
GGCAGCCTGTTTGGTCTGGTGTTCGCTGCTTCTCTATCAACTGCTCCACATCCGATGC
AAGGATGCCTGGCTCTATCTGTGGAGACTGATTACACCTTCCCGCCTGCTGAAAAGATCA
ATATTGAACCTGGTTGATCAACTTAAAGGCAAGAAGATGAGGAAGAAGGAAGCGGAGCAG
AAATTTACAGACACCATATTTGTTCTGCATTCCCTGCCACAAGGAAAGGAAAGCAAAGGC
TTGTAAGTGTTGAATCCTCCCTCCTCACTGTTCAATCAGACTGAGGCCTACTTCCTTT
GTTCCAGCTCTGGCCCTGCTCTGTGGCTGCCCTCAAGCCTGAAAATCACCTCATATTCT
GACTTCTGCATTTTGATTGGGTCCTTCAGTGAAAATACAGTAGCAGAATTTCTAATGAT
AAGCAAAGCATTTTGTGCCATGGGAAAGCACAGGAGGAAGAACCAAAAATGCTTGGCTCA
CGCCTTCTACGGTACTGTAATAGTACTCTGTTCAAGTTATATAAAACCACATCAATTTAAG
ACAGCTAATTCTGCAGGGCACAGCCAGAGCCATGTGGATTTGACTTACGGGAGTAAAGC
AATGACCTTGAGCGACAGGAGGATGAGCAGGACACAGACTATGACCACGTCGCGGATGGT
TTGAGCCCAGGAGTTGAGTTAAGATCAGCGTGGGCAACATGATGAACCCTGACTGTATC
AGTGTCCCCTTTCACGCCACCCTCGCCGGGATTCCAATGCCAAAGCGCTAAGTTTTCG
CTTCTTTATTTGAACTGTATTATACTCTCAGACCCTCATCCTGCCTAGAAATGAATAAGT
AAGGGGGAAGCCTCCTCCTGGACGAGGACTCGGAAGTCTTCAAGATGCTGCAGGAAAATC
CCTGCCTTAAGTCAACTTATTTGTTTTGCCGGGAAAGTCGCTACATGGATCAATGGGTT
AAGACAAGAGGACTCTTCGAGACATTGAGACCTTCTACAACACCTCCATTGAGGAAATGC
ATTCTGAGATTCCTGATGTTTACCTACCTAGTCTTCTCTTGCTGCCCTGTATCCTTTC
CGGGCATTCACTCTTTCAGCTCAGAGTTTCTTCTTCCATACAGGCTCTACATGAA
GAAGTGGAGCAATTCTGAATACTGTAAGACCAAAGCAAATCCGGCCATGAAGACTGTCT
CAGCCCTCTAATGCCTGTATAACCAATTTCCCTGTAATAAATAAATTTCTCCATTGAAA
AAATCTCCTATCAACTTCAGACCAGTCTCAACAGCTTGCGGTCCAACAGAAACAGCTATG
TCTGGCTAGAAAGCTCATCCGTTTCCGTTTCTAAGAGTCAGTTCAGTGGCAGAGCCACC
ACACAACGAAAACATGGTGGCCAAAGTGGGTGAGGTGAAGTCCACAATCAAGTTCCAAAT
TTCTATAGTGTGATTACCTGAGGGTGCCTCCAAATGTATATCATTTCACTCCCCTCCCCT
TTACCCCTTATATCTGTACAGTTTTGTGAATTATGACAACTTACTCAGGTTGTGTAACC
TCTACTTGATTGGATTGAGAGACACACATAGCTGATCAAACACAATTTAGCCATGAATC
ATGACAAAAATGCCTTCAACCTATTTGATCCAGCCGTTCCAGTACAACCTCTATACTTGC
GGAGGATTACACTACAAGTTAATTCTGCAGGTTTCTTTGAAAAGAACCAAACCTGTATGA
CAGCAGCAGCAGCAGCACAATTCTGTGTTTTATAAAGACAACAGTGGCTTCTATTTCTAA
TTATTGTACATTTCTCTTCCAGACCACAGACTCAGGCGTTTATTTCTGTGCTGTGGAG
GCGGGTGACTTTTGTGCATTCGTTTTAATTTTTGGAATCTCTTTTTTCTCCCTCGC
TCTGTCTTGGTACATTGGATTACCGTTTATTCCATATCTGGATAATTTGCCGAACCTCA
GCCTTAATTTGCACAGTGTGTGACTTACAGAACTGCATGAAAATCATGGGCCAGAGCC
GAAAAGTAACATTCCCTAAAATGAAGATCCCCAAATTTACCTTCTCTGGCCGTGAGCTGG
GAAAAGTTTTGAGAGGGCACTGTCAACTTGGGTTAAGACAGGAGGACATTGCAAGTTCA
CAAGAAGGTCATCCAGTATCTGGCGTACGTGGCGTCTCGCACAAGAGCAAGAAGGACCA

ACCCTGTTCAACAATCATTAACTCATGGCCAGTCCTGCTTCATCTTTATTTCCATTTACT
GACAAGTACTTTTTGGCTCCTCCGTGTATGCATTAATATGTATATAAGGTGTTATGGGA
CTTTCTGTCATTACAGGTCTGGCTCTTGTAAACCGTGATCAAACCTGTTTCATGTTGTCTGCT
ATGGGGCACTCCTAGCCAGTGAGTCATGGTCATATTTCTGAGTAAAGTCATTCTGAGTT
AATTACATTAGTGTCAAGATATGCCATAACTGAGAATGGAGGAGTCTGAGGCCCTGGT
GAGGGGAAATCTGCTGCTAGAAATGTCTGAACTAAGTGCCATACTCGTCTGGGTAAGATT
ATGTATTCTGAATCTAAAGTTGATTACTACTTTAGCTCTAGAATTACTCTGAGACCT
AAAGAAAGAGAGAGGCAAGCGAAATTCCTGAATGGATAGACAGATGCTACGTCATCGGAG
AAAGAGCCTGGGTGTTTGGGTCAGATAAATGAAGATCAAACCTCCAGCTCCAGCCTCATTT
TCCAGCCTGGCCACAGAGCGAGACTCAGAAAACAAGGGAAGACACTAGATTTTTCATTTTT
ATCCACGACTGGAAGGGACTACTGATGTTCTGTGATACATCAGGTTTCAGCACACAATT
CCGAGGGAGGTCTGTCTAGTTCTTGCCTCCACAGTCTCCCTGTTCCATCCTTCGGAAA
AGGCTGCCATTACAGTATTTTTGCTTTTTGACAGTACAAGATGCTGTGTAAGTGTTTTTAA
CCCCTCCACAAAATAGGAAAATGAAGAAATCTTTCTCTGACTTGTTTACATCATTTTC
TTTATGAAGGCGAGCGTGCCATGACAAAGGATAACAACCTGCTTGGCAAGTTTGAAGTCA
AATCAAACCTTTGGGCACAAGTCATGAAGCCGACAAGCCCGGGAGACACAGTGTGAGAATT
ACTTACTGTGTCTCTGTTTGATTGAGCCTGGGCATGAGATAAAACACGAGGTCATCTGCA
CATTACATCCACACACCCAGCTTGTGCCTGTGGTTAACATCTCAGAAAACCTCTGGTAAA
TTCGTGTGATGACCGAGGTTACTGTATATTGAGCATTAGTGTATGCTGGCACTGTGCAT
TGAAAAGGAAAATGATGCGGTAACAATTCAGGTTTTAAACCAGCTTATCCAAAAGATTCCG
TTGCTTCTCCGTGGATGAAATAGAACTCCTCATTGTGTGACCAGGAATGGTTAAATCAT
GGACCATTGTTCCGTAACCTCGTTTTCTGTGTCCAGCTGACACACCTTCAAAGTGGCAT
TATATGATCCCATTGTGTGTATCTGTGTTAACATTTTTAGCAATAAAGTTCATTTTTATT
ACTCTGCCACCAGCGTGCACCTGTCAGCCGTGTGAGCCGGGAGGCTGCCAACCAGGCCAG
ACTGAGGTCAAACGTTGTTTCCTTAGGTTGAAATAGCAGCCAAAACATTCTTACGCAGG
CTGGACTGTGTCCAGCTGGTTTGGAGTCTCATATTGCTTGCCTGGGCCTATCCCATGA
GAAGGAAGCCTGGGAGAAGGCACCTTTGGGCGTAGGGTTTTGAGACACAGCTGTGTTTTGC
GGCCCAGGATGCTTGTCTCTCAGCTCCCATCCTGTGTACTTCCACATTGTTTAAACCAGA
CTTCTTGTAGTGCATACCATCACTAAAACATAGTTACTGTCTTTCTGTGGTCTTAAGAAA
TGCTTTTGTATAGTTCCACTCTCTCAGATACATGTATCTAATGAACTGAATAAATCCG
ACACAGACTATGTACTTAACCAAATCTGGAATTTGCCGTGCACTGATTTTCATATTGTTCA
AGTGCCAGGCATGTTGATCTTCAGGTGGGAAGGCTGACTTCCTTCAGTGTGTTCAAATTT
GTATGTGTTATATGCCCTCAATGTATTCAGTACTGTTCTGTAATTTAGTGTGCTGTT
TAAGTCATCTAAGAATATCCAGTAAAGGACTCCTGTCTAATGTTATTGATAGTTTGTCTCC
GATGCATGACATAAACATGTACCGGTAGAGACGTAGAGAATTCTTTATAAAAAGTGACAT
GTATGCAACTGAAGATGATCCTGAGATGAAGGCGGAGCATTATAAGCACACCTTTGACTA
AGGGACAATCTCGAGCTAAAGTACTTTCCAGTATGATCAAACAGAAACGAAAAGAGAAGG
CTCAGGGGAGTTCTCAGCTTGGACCCTTATCTCCCCAGAATCCTGGAACCTGCTCCTTCT
ACATTGTGGTAGGGGAAGGGACTCATTTTCTCATCCCGTGGGTACAGAAACCAATTATCT
TTGCTTCAGATTTTTCAGAACTGGGAAGATTTACTGGTGTAACTGGGTTGTTTTTGTGGA
AAAGCTTCAACCATGGAACAAGCAAGCAGTCAAGGAGAAGCCAGAAGAAAAGCTCTGGA
ATCCTCATTTAATGCAAGAACCCTCATACTCAGAAGCTTCAAATAAACCTTTGATACAG
AGGTTTTATGGCTTTTGTGAGATTTTCAAGGCCTTAACAAAGTTAAAGGACCACTGCCCT
AAGCGCAAGAGAAAGTATAACTGGAGTGCCAAGGCTAAAAGACGAAATACCACCGGAACT

CAAACCCAAGATTATTA AAAAGATGTCTCTGCAAACCAACAGGCTACCAACTTGTATCCAG
AAGGAGAATGTAGCAACCACTGATACACTGGAAAGCACAACAGTTGGCAGTTCTGTCTAG
TCCTATTACCAGCTCATGAAGACAGCCCTCAAGGAAGATGGTGTCTCTGCTGCCAGGGC
AGCATTGTAAAGGCAGGAGAAAGTACAGATGCCCTCAGCTTGCCTCATGTCAAAGTAAA
AGCGAACATCTGGCTCCAGCTTTGAGTACAAGAAAGGAAGGAAGAAAGAACATGCTGGAA
GGGTGTGATTGATGTAAAGCGAAGTTATTA ACTATGACTGCAACAAAGATTGAAATCACT
AAAGCAAACGTGGAGAGCTCACTCTGCAGAATAAAAATCAAGAACACCACGGTTGTAGCTG
AAACATTCTTTTAACTTCTTTCTATTTGACTTGTGGTTGAATTA AAATTGTCCCATTGTC
AAACAAGATGTCCTCACGAGGCACAGAGACACAGAGAGAAGACGGCCACATGGAGTCAGA
CCACTTTGCAAAAAGATTGTTTCATGCAACCAGGTGGGACTAAATACTCTCTGATACCTGA
AACAACATTCTCTTCTGCCATTTACTCTTAACAAAAGAAAGGGGCTGTGCGCCATGGCT
GCAATTGCTCTGAAAGAGGCGGGTGCGCAAGTTGGAGACTGCTGAGCTGTCCCCTTACCT
AGTCACTGAGGAGACACAGGCTGACGAGGAAGCTGGTGGTGTGATCACTCCTCAGGTGT
TGGCAGCAAGCTGAGGGTCTTTGTTGGGTTTATTATTACGGTATTTTTGTTTGTAAAGTT
TGACTGGTGGTGTGTGAGTCATGCACAGTGAATATCATGTGTCTGGA ACTCTGAGGTCCA
AGTGGGATCCTGTTCAATAATATGGACGACTTCAGCTCTCCAGCATCACC AATGAGTTT
CAGCGTTGCACTTGGATGGATTGGACCTATAGTTGTTATATATGGATATTGTCTAATTTA
AGGTTCAA AATCAAGTGCCTAGGGAAAATTCCAATGGATGATTTTCTGGGAGCTATCTTG
TTAAA AATGTCCTGCCTTTTAACTAGATATATGCCTTCCCCACTACCGTAAATGTCCA
GTTGATCTTGGCATGTTGTTTTGCAGAATAAGTGGCTGAATATGTAAGAATTGTGTTTGT
TGCCAGAGCTTTATGTTCCGAGCCCTGCCCTCCAGGAGAGTAGGCCGAAAGAGAAAACA
TATGATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCTCCAGGTTCAAGCAGTTCTCTTGTCTCAGC
GCGCGCTCCAGACGCCTCTGCCTTCCCCTCCCCCTGTCGGCCGCCCTCGGTCCCTGGGG
TAGAACTGGAGAAGCTAAA ACTTACTTATGAGGAAAAGTGTGAAATTGAGGAATCCCAAT
ACACAAAACCTTTGTAATCAGGGGGAATTAAAGAGCCTTCTGGAAAATGGAGGTTGCAA
GAGCTTCTATCTTGCTGAAATATTGCTTCATATTTATAGCCTGTGGTAGTGCACATGGTT
TCGTCCACAAATCCATTGCCATTTTCTCACAGTTATTAACCAGACTCAGAAAGAAAACC
ATCAGCACTATTTGAAACTTTTATCTCATCTGGCTTGGCGCCTGAGGTTCTCCATTAGG
ACAGAACAAGATAAGAGGAAAAGATGCTGGCCCTGAAGGACCCTGTT CATA CAGTGTCA
AAGGTGGGAGAGAGCCAAGCCCTGTGTCCCAAGGAGTCCCTAACTTTCTTATCCCATGA
CCCAAAGGTATTTTGTGTCTAGTGTCAAATTGGAGCTATTCTTCACTGGTCTTAACTT
GCCCCAAGTTCTGATTTTTAATTTCTATGGAAGATTTTTTGGATTGTCGGATTTCTCC
TGACACTGTAAAGCGACCAAAGTCTGAACAAAGTGATTGGTACCTCGTTGTCTGATGCAC
CGCATATTTCAACGTGCTCATCAACCTGAGGGACATCACAGACGAGGCATTTAAGGACCA
CACATGAATGAGGCTATAATGTAGAATTACAGTGAATGTGACTAATGTTTTCTGACAAG
AATTATGATCTGACTGGAAAACAATCCTGTATCCCCTCCCAAAGAATCATGGGCTTTTTT
GGGCTGCTGCTGAAGAAGAAAGATTTGCTAAATTTTAAAGTTATTCTCACCTTCTTATG
CATATGTGGGTGACAGAAGCATATGTTACAGTGAACATTAAA ACTACAGCAAAGTGAAA
TGCAGTGCTTCGACGCCGTCTTCTACCTGCAGATGAACGAGAAGAAGCCCACCTGGATGT
AGCTTTCTGGAATGACAGGTAATGGAGAGTGAGGAGATTTTACCTGATATGGTCTCTGT
ACTCCACCATCCTGTGAACCCCACTCCACTCGCACGTGATTACAGTCTGTAAAGGTGTG
GGACCCCCAAATGGAACA ACTTCACTTTCTCTTTTATGTATTGAGCCCTGTGTTAACAT
ACTACTGACTGTGAGGTAGCTGCCACTGTGGACAGGGTGTCTGTCGGCCTATGAGCCTAAT
TACCCGTACCTTAGGATTTCCA ACTGTTTTGAAAGGGAAATAGTAACAGTGATCTGCTTA

AGGGAGACGAGAACACCACACAAGACATTTTTCTACAGTATTTTCAGGTGCCTACCACACA
AAAGCCAGAAATAATGGAGGAGATTGTGATGGAAACACGCCAGAGGCTTTTGGAACAGGA
TGTGCTCTCAGTGCGGTGTTCTGTGACATCCTTTGCTCTCTGACCAACTTAATGACTTTT
CAGGAGAACTGCTCCATGTTGGCTCAGCAGAATGTTATTATAGGTAGCTCAAAAAGAGAG
CTGCTAAACTAAAGTAGATTAATGAGAAGGGAGAGAGAGCCAAGACCATCAAGCAGACAA
ATGCTGACTGCACAAGTTTCAGTGAGCTGGTGGAGAACTTTAAGAAGACCTTGAGCCACA
GAATCCTCAGGATACTCTGAAGAACTATGTACCTTCTTATGACCCATCCAGTCCACAAAC
ACTTGTACAGTGGCAACTGAAATGCATTTTCAGAAATAGGAGGTTTTCGTCCAGCACCTCT
TGTGCAAGGGTGACTACGAGAAGGAGAAGGACCTGCTCAGCTCCGTGAGCCCCGACGAGT
TGGCCATCATCTCAGTCCAGGAGATCGTGGACTTCGCTAAGCAAGTGCCTGGTTTTCTGC
GGCAGGCATTTTTCTTTGTTTGGATGAACATTTTGTTATTGGTCCACTTCTAATTTTG
AGCAGAGACCTGAAAAGAAGCAAAAAGAAACCCTCGGGGAGAAGCAGTGCCCCTCCCGTG
GTTCTAAAATTGTAGCTTTTCCCTTCTTTGGCTGTACAGCAGACTGTTTTAATCCAG
TTCTGTCACTACACCTCCCACCCTCTCCATCACCTGCTCTGCTTTATAAGGATCCGAGT
CAGCTACTCCCTCCACAAATAAGAATTCGTGCAGCAGCAGTTCACTCCTTAGGAAAATGA
GGTAGTTGATCATTTTTCCACAAAGAATTAGGTGTTAAGAGTTTTCTTCAGGCTTTAC
ACATTTCCGCTGTCCGTGAGTAATTGTGTCCTCTTTTATGCTTGCTTGGGGAATGTTGT
GAGGAAGTGAAAAGGAAGTCGCGTTTTTTAACAACCTCCTCACTGATGCTAAGCGCCCA
GCTATTGGAGGAGTCACACTAATACTATCAACTATCAGTCTTCCCACAGCTTCAATCACT
TGCCCCACGCAATATTTGGAACACTTATGTGAAAATGATTTGTTTTCTGAAATTCAG
TTTTTTCTTTGAAGAGTTTTAAGAAGTTGTAACTTTTTGTGCTTGTCATGTCAGAGAA
CTTCCTAAAATAGAGCTCTCAAACCTGGCTGTTTTCTTCAGAGCACTGGCCTCCAATT
TTGCTTTTGAGTGTTAGATAAATGGAATCCTGTGTATGTGCTTTTGTGTCGTTTTGTCA
TCCCCCAGGATCAAACCCCAACCTCAGTTGAGGCCAGGGTGGTCAGGGTGCAGAATAAAT
TTCATTAATTTTCTGACTGTACCTAACATGTGAGGAGGACATATTGGAAGGGAGCTCAAG
CTTTTTCACAGAGAAGATCTTGAAGATTCTTCTTAAGCAGAAAAATGAGCATCATCATGG
TGGTATCCTCAGACAGGCCTTTGACAAACAGAGTTTTGGATTGGTCTGGGAAGGAAAAAA
AACAGCTCACGTCTATGGCCCTGACTGCTTAGGCGGGAGCTGCGTGCAGCTCAGCTTCTC
TTTCCAACAAGTTTGCCAACGATGGTAGCTTCTTGACAGCAGTTTCTGAAGTTGCAGAAGG
TTTTTTGTATTTTAGTAGAGATGGGGTTTTACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTC
TTTTTGAGACGGAGTCTTCTCTGTTGCCAGGCTGGAGTGCAAGGGTACGATCTCGGCT
AACCTAGAATTACAGCTACAATTTGGTCCTCAGGAAAAATTATTTGCACTGGAGCAACAA
TGTTTCTCAGAGTCATTGCCGTGAGTCTCTGCTTTTTGTCCACATTTTGGGATCAGCTT
CAGAAAAGTACAAGATAATAGGTCTTAGCACTCATGTGCTCGTCACCTAACTTAATAAA
AAAGTAACGCTAACTTTGTAGGGACGATGTCTCATGGATTAATAATATTCTTTATGGCA
CCTGCCAGCCCAAGGTGCCTGAGCCCTGCCCTTCAACGGTCACTCCAGCACCAGCCCAGC
CCAGCGGGCGTGTGGACGACAATGAGGAGACCATCAAAAAGCGGCTGGAGACCTATTACA
ACCCCCAGGTGAGTGCAGGATCGCCCCTTTCTCCCCCGCTCCTCCAGGAGCTGGCAGC
GGAAAATGATTGACAAAGCCCAACAATGATCTCAGGAATTACATTTTCCAACAGACCAA
GGGGCTTGCCCCACCTTCTACATTCCAATTTTTATATCTTTGAATTATGTGATTAGATAT
GTTCCAGTAACCCAAATCTTGTTTACAAAATATTCGTGGTATCTGTGAACATGTTAAGAG
TGCACAATTAATTATGTGGTTATTCGAGCACTTAATTTCACTCAAGGTTCAATTGGGCTC
AGTCATGGTCTCTGAAAGTAAAATGTCTATTCTTCTAATTCTGGCACAATCTTATCTAGC
GCCGGTATAAAGGATGCCCAAGGTCTTTGTACGTGTGTAGGAGTTAGCGTGTGGATATT

ACGTTTGCGGTGACTGATGAGCTTGTGTTCAAGGATGCCAAGAAGGACGATGCTGTTTCGG
AGTGGAGGCTAAACAAAATCATCTTCCCTCCCACCGTGGCTCTTGTTCATAAAAACCAAC
GTACTTTATAGACTTTTAATTTTGGAAATTGATGACATCCCTCAGGCATGTATTCTGGGA
GACAGGTCTCACTCTGTTGCCAGGCTCAAGTGCAGTGGTGTAAATCACAGCTTACTGCAG
AGCCAGGTAGTTCAACTTGTCTGTAGAAATTGCCAGAAATGTTGATGCCTTCGCAGCA
TAGCAAGCCTAAGGCAGAAAAGGCTGAAAAATCCTCCAGCACAGACCAAAAAGACAGCAA
AGATTACTCACAGCTCCTCATGCCATTTCTGTCCAGATTGCTATGTATGACTCTGACCT
CTTTCATGGAAGTTTCATTTCTTTTCCCCGATTGTACCAACTGCATGTACTTTTGGCCTG
TTTTATTTATGTTTTCCCTTTGGCTGTGACTGGGTGGGGCAGTGCAGCAGCTTCTGATTTT
GTTTTAGCTAAAATTTTGGGGATATGATTTGGGTCTTTGATTAATGTCAGCTGAACTTGG
TGATGTATTTATCCAGACCTTTCTGCCACTTAGCACTTGTATAATCAGACTGGAAATGG
ACCCTAGAGGACTAGGGTAATCTGACTTCTCACTTCTAAGTTCCCTTCTATATCCTCAA
GCAGGTGACCATTTACTGCTTATTCTGTAATCCTTACTGTCTATAATTAACCTCAGTAAC
CCCACAACCTTTCTGGATTGATAGTTTGTGGTGAATAAACAATTTTAGTTTGTGGAG
GATAACTTTACTACCAATGGCTAATGTGCAAACCTACAAATTGAGAAAAACAGGCAAA
AGAGTGTCCCCCTACTGCAAGAGTCCCTTCTGTCCCTTGCAACATCTTTAAATAAAAT
GTCATCTGCACATTGTAGCTACCTCCTAGAGCTATTATGAGAATTAACATGATAATACA
TTTTGTGGTTGGGGAGGCACGGGGTGGAGTATTCTTTTTATATCCTCAAACAAAAA
TGTTAATATGTAACACGTAAGAACAATTGAAATTTTCTTCTAAGATTTAATACTAGTCT
CAAGTTACGGAAGCAATGGCTAAAGGAAAGTATCTCTGATGTCGGCTTTGGGATGCTGAA
TTAGGCAAGGGTGTGTGGCGTTGGTTTTAACTGCATTAAGTACTTTTGTAAAATCCTG
GGAACAGATTCTTGAAGAATTTAGCAAAAGTAACAGAGGGTCTTACAGACGTCATTTTAT
TCCTTCTGTTTCTAGGTTTAGAAGTTCAGAGGTGACTGTGTTTCTCCATTTCCACAGCCA
GGCAAAATGAAAGGTTCTGCCATTATAGGACCAGTAGCAAAGGAGTATGCAGACTTGTGG
GGTTGGGTTTGCTTTGAAAATGCCTGTCTCTACTTGAATGATAAAGAATTAATTAG
GTGTGTGGGTTGCGGTTCAAGAGAAAAGACCGCATGTCCTACCATGTGCGGTCCCATGAT
AATTGTGTTGGCTTGGTCTGCATGTTAATGATGTGCTTGTATATCGATTAGCTGTGTCA
TACCGGATGGCAGTTATGGCTATGGTGATCAAAGATGACCGTCTTAACAAAGACCGGAAA
AGTACAAGCAGATCTTCCCTGGGGGGCGTGGACAAGCACACGCAGTTCTGGAGGTACTTTG
AGGGTCAAGTGGGAAGAGAGCGGCCCCACCGAGTGTGTTCCAGGCCCGGCGGCGTCTGA
AGAACAAAACCTCCAGACACAAACCTCCAAATTTTTCAGCAGAAGCACTCTGCGTCGCTGA
AGGCAGGCATTCTTCCCTCAGGGAGAGGATGGTGAGAATTAATTGGTTCTTTGCACTGTT
ACTTGGAGAAATGGGGGTTGGGAACCTTATGCAGACATGGATTTATTTTTCAACATTTTTT
AAATGAACTCTATGTTTGGGAATGGGAAAGGATACCGGGGCAAGAAGGCAACCACTGTTA
TTCTTGGAACATTATAGTGATGCCATGTTAGATTACCTTGGAGCTTCATAACTTTAGCTT
CATTTTAAAGGATTAATCTGAGGGACCCACAGACACTTAACACAATCAAATCTCAGAAAA
CGGACTATAGAAGTATACCAATCCACTGCAGAGAAATTGGGAAAATTCAGAAAAACAAA
TTACATGTGTAGAGCTGGAGCAATTCGGACAGATGATAACTGTATTGTATTAAGGTAAG
AGAGCTTGTCCATGAACCCAGGTTCTCACTCTGTTTACAGAAGTGTGTTGAGTACAGTTG
TTGATCCAGTAGGTGTTGATTATATTCTTCAAAAATTGGGCTTTCATCATGCTAGGACTA
GATGAGCACGGGGCCATCCAGGAAACAGTTGAAAATGTGGAATTGAATGTCATAAAGAAG
TCCATTTATCAGTGCCTGCCAGAAGCTGTGTCTCTCATTGGGCTCAAAGAGGTGGGAT
AGTGGACACTCATCCCGTGACAGCGATGGTGACCATGACTGTGGGAGAAAGAACAGGACC
GAAAAATGTGAAAGACTGGGTGCTAGACAAGAAGGAAGCAGGTAAAGGGATAGTTGCTTT

CTGACTCACCTTCCCTGCAGATGGAGGCAAGGAGGCTCCACAGACAAACCCCTGCCTGA
TTGTGTGACCCTCCCCATAAAGGCACTTTACAGCTTCATGTTTCATCCACTGTCACTTTT
AAATGCAGATTTGGAAACAAAGCAGGAAGAAGATGCCAGAAAACCCCTGGCAAGGCTCTGA
TATTTGAATGGTGGTTCAGAAAATGCAGATGTTCCAGTGGTTCGAGGGAAACCCACCTTG
GGTACCGCCATTTCATTGTTGTTATTTTAAAATACGAGTGTGACTGATGTTAAAACACAA
GTCAAAAAGTATGACCTCAGCTCATGGCTCTGCTTCAGGTAAATTGGATCCAGATTTCTAA
GTTTACCGATTACCTCTCAGTAGCCATGCTCATGATCGGCGTGTTTGGATGTACTTTACA
CTTATTGGACAATCTTCTGATGACTGCAGTGTATGTATGTGGCGCTGTTGTTAATGTT
AACCTCCCAAGCTGACCCTGACCCAGCCCCACACTCTGTGTTAATGTATTTAGTCTGTGC
AAGGGGACTTTAGAGGACTTCATACAAAGCTGGGCATTAAGAAAACCACAATGCATGGCC
TTCACAAACCCACCGCAAGTCGCCACCTACCACAGAGCCATCAAATCACAGTGGATGGG
CTGTTCTGCTGCACCTGAATGCTTTCTGTTATCCTAATTCTTGTAATAAATGAATCG
GAAATCTTTGATGGAATTAGCCATGCAGAACAGATATTAATGCATCCTCATTCTTCTCA
AAGCATCCAGAAGAGAAAGCATCATAATGCCGAGAACAAGCCGGGTTACAGATCAAAT
CTGCCCTAATTGGATTTGTGATGTTTTTGCACCTGAAATTAGCTTCAAACCCAACAAT
CCAGGAATTTTCTGTGATTCTCCTGTAAGAATTAATGCTCTCTAATATGATATCCCT
CCTAATATGCTTTACAATCTGCACTTTAACTGACTTAAGTGGCATTAAACATTTGAGAGC
TTTCAAATGTCTCTCCACAAACCAAACCTCAACAGAATACTTTGGCTTGAAGCCGGCACAC
CTAAGTGAGCTGCAGAGGAAGGAGGAAGAGATGAGGCAGATGTTTGTCAACAAAGTGAAG
GCCATCAACCTACTGAAGTTGTGTGGAGGGATGGAAAGTGGGTGAGTGGAGAAGGGATTC
GTACAAGTGGTGC AAAGTGAGAAAAATCTTTGTGGACACCAAAGGAATCCCTCATCTGGG
TATCATCATCGTCTATAAACTAGCTTTAGGATAGTGCCAGACAAACATATGATATCATGG
GTCCCGAGAACCACGTGGAAAAAGACAGCTGGAAGACCCTCAGGACCACCTTCTGAACA
CGCTGTGAGCCGGGGCACAAAGAGCCCTCTGCACTAGCGCCGCAGGACCGCGGACCCGAG
TTACGGAACTTAATTTCCGATTCTATGAAGGCGAAGATTACTGCATATGTGATCATACTT
GGAGTAGATTTGGTGTGGCTAAAAGTGTTAAGACTGGACAGATGATCATATTCTAAATT
GCTGTTGCTCACCAAGTGCTAGCTCTGCACTTCGTGTCTGCTGAGAGCAACCAGACCTT
CACCAGGAATACACCATTTAAACTCTTTTCTGCAGCCTCCTCAGTTTTATGTAAAAATAA
TTCATTGTAGTGTATGGTAATTGTCTCTGAATGTAACAGCCTCTCTTCCCTGAGGCCTGG
GGTCCGGTGTACACACATGCTGTTGCAGGCGTGCAGGTCCGGTGGTACATTCATGCTGTTG
ATCTATTGGATGAAAATATGGGATCCAAGTTTGATAACATTGGCATGAATGCCATGGCTA
TATTCCTGAGCTCTGAGGAGCAAATGTGTGGCACTCACAGGGAGACAAAGAAGATATTCT
GCTTCAACAATTCCAATTAGTCTGTTACAGAGTCATCCATAAGCATGCCTTGCTTTTAAA
GAGGAATTATATCTAAGTTGTGAGACTGAGTTCTGTATTCTGGTGAGTTAATGGGGTTGC
AAGGACAACACTGGGAGGGAAAGAGGACCTGCTTCAGGAGCCCTGGCTGGCTGCCTCCTT
TGAGAGGGGAGAGGAGAGAAAGGAAAGGAGGGATATTCTCACTCTTTACATATATATGA
CCCACGGTGGCCTCCTGGGGCCAAGTCCCTGCCTGCCTCCCGGCAGTCGGCGAGCGGCC
AGCCAGGTGGAAATCCTACAGCGGTCATCGACTACATTCTCGACCTGCAGGTAGTCCTG
TCTTGCTTCAGGGTGACGCAGAACTATAAAGCCCTGTGTGTCACCTTAGAGACAGTGAAAA
GATCCACAATGGGGAGTCCATGTCCTACCTTTTCAGAAACATAGGCTTAGATGACTGAGT
TCCTGGGGTGCAGTACACACCGTTAATTCAGCAACCCTCAGTACATACTAAGTATGCTCA
ACGGTCAGTCCACTGCTGTATGTCAGGTTTGTCTACAATGAGGTATTCCACATAGAAA
TCAAAACTTTTGAAGCCCTTTCCGGTGTCTAGTCTGCAGATGTTTTTGTATGTGTGCACCT
TGAGAAGTGTGGATGAAAAGCTACAGGTAGAGCCCTGGGCCCAAGACGGTGGCTTGACAA

TCAGCACCAAACCAAACCATTCTTATTTAAACCTTGCTTCCTAGCTTATTTATTTCCCAA
GAGCTGCAGGCATTGTTATTTGGGGAGACATGAATTTAACTGCATCCAAGGCCAACTGTA
ATGACGGTAGAAGACTTCTCATTGGGGAGCAACTTTTTGACGCACAACCTTTTGGTGC GTT
GCTTACATTTGTGGATCACTACATAGCCAGATTCAAAAATATTTTACTTGTTCATCCAC
AGGCAAACCTTGGGCATGGGGAGATAAAAAGTGAGAAGAGTCAAAAAGATTGATTTCTATA
TGGTGGGGCTGTTTGAAGACACGAACCTGTGCGCCATCCATGCCAAGCGCGTGACCATCA
CATCGGCAATCCGGTCTGCAAACGGCATCCACCAGCAGGACAAAGCTCAGAAACAAGA
AAAGGAGTGTGAAAAATCCCCATTTCTGTCTCTCTCTCCTCATCAGCAGTGGAAACCGGG
CACAGTAAACAACCGAATAAAAAAGGGATGGGTGGACTACTTTATTTACCTTATATCTA
AACCATTACATTCAAAGGGGAACAGAAATCATTCTAAGCAGGAAAATACTTCCACTTTT
ATGTGGCCATGGTGTAGGCAGTGCAATGTCTTCGAGTGAGAGTGAAGGTGGTAACTCATT
AACTTCTAGAGATAGAGTAGAAGAATGTTTACCAGAGGCTGGGAAAGGTAGTGGGGGCAT
TAGAGAGACTGTGTTTTCTAGTGAGTGTGAGAGAGGCCACAGAGAGAGTACACAATAGGA
TGCCACCTTAGCATGTTCTTATCACTTAATGAACTATGTCAAGAATGTTAAAGGGTGT
GTTGAAAGTTGAATTACCTGGTATTAATTCTGTCTCTCTCTGTGACCTTAGTGTCTGA
TTCTCTTCTCACCTGAAATTATGCTTCTAAAATCTCAAGCCAACTCAAAGAATGGGG
CAGCACTTCCAGTTTGAACGCAATGTTTCTAGAGACATATTGGCTGTTTGTGGTATGA
GATCCAAAATAGCTGATCCAATGGCTCTCTGTTGCCTGTAGATTAAAGGTCAAGTTTATT
CCAGATTAATAACTAACCAATTCATCTTTGATGGAGCTTGAATCAAATAAGGGTATTGG
GAGCAAAGAGGCATCCTGACCCTGAAGTACCCCATGGAACACGGCATCATCACCAACTG
TTCCACGTCCGGTGTGAGAGGAGGGATTGGAAGGTGGAAGTCATTGAGCTGCAGGACGT
AAAGGTCCTCACACCTTACTGTACATAAGATAGTTCATACTGGAGAGAAATCCTACAAAT
CGGAGTTTGATGAGGATTTTCGAGGAGGAACCCACATCCCCATAGGTCAGTGTGTGGCCA
TATGCTGAAACTAATTCTTCTCCTCTGTTTTCGGGAGCTACACTGTCATCCACGTGGTT
TTGCAGATATTGGAATGTATGGAAGTATCTCAGTCTCTGCATAAGAGGATTAAGTATGA
TAACCTATGGGGGGATGGCCAAGCAGCCCGTCGTAGCCTCTGTGAGCCTGCTCATTTTTA
AAGTTTGATAGATGCTGACCCATACCTCAAGTATTTGCCATCAGTTATTGCTGGAGCTGC
ACCTGATACACCAGTCTGTTCAATTTGGAAAAGGGACAACCTTACATTACAAGCTG
AGCACCATACTTTGAGGGTACGCAGATTTTCTGAGGCATTCTTTGTTTTGAGCATCCAA
TTTGAGTTTTGTGGAGCCGATGCTAAAAAATTGGAAGCCAAGACTCAAGAATTAATGTAA
CTCATCAGATACCAGTGAATGTGACACAGACTCAGGAAGAAAAAGAAAACAGAAAGGTTT
TAGTGGTGCATTTAGGAAAAGACAAGTTTTGGGTCTCAGCGCAGGCCTCAGTTCTGTATA
TCCTTGGGGTTTCCGGCTGCAGGGCGGTAAGGATTTCAACATGCCTCTGACAATCTCTAG
GAAAAGGTTTGACAGGTGAGTCCCTTCCCACCCCTCTTGCTTGTCTTACTTGTCTTATTT
ACCAAAGGGTCAGCAGGGAAAAGGAATGGCCGAGTGTCCATCAGGGACAGTCTGCAAAC
TATGGGGACCATAGTATCATTAGTGCATTGTTTACATATTCAAAGTGGTGCATTTGAA
TCAGCCCTCACTGGGTGCACACACTGAGAGAAGTCTATTGTAAGAAACGGAAAAAGT
TCATGGAACCAATGGA AAAAGCATCTTTTACAATGATGAAGGTTATTCTTTT CAGCAGTG
TCTT CAGGGTTTGGTCTATCTCATTGGGAACCTGATGGGTTTGGCATTGGCTGTTTACAA
GGCCCCGCGACCTAGGCGATGGAAGCTCCAGCACTGGCAGCGTGGGCAGTCCGGATCAGT
CTTAACACTCCCCAACAGCTTTGTTGATGTAGCTTGTATCTCTGAGAATTTATTGTATTA
GGTTCTT CAGTCTGCCAAGGAACAAATTAATGGTCGTTATTGAAATGAAGGCTGTGGAT
GCATTTGTGTAGTTTGGTGCTTTGTTCCAAGTTAAGTGTTTT CAGAAAAGTATGTTTTGC
ACAATTCTGTCTACTTCATCGTCTTCTTTGGCTCACGTGGCTTCTCATCCCCAGGCGGG

AAGTAGGGCGAACAGGAATGAAGTCGCACCTACCCATAAACAACTGACCTAAACAGACTT
CCTTATCTGTAAAACAGTGGAGTTAGACTACATATCTTTTGGCACTAACATCTCATGAAA
CTGTTCACAAAGTGGAGGCCTCGTTTTCTGGTCTTGACTGCTCTGTTTGGGTGGGAGAA
TGGCTTTGTCAAGGCCCTGGCCCTTCTGGATTTGGATGTGTCCTGTCCCTTATTTGCC
TTCGTTTACTGTTCTTCGTGAGCTTCACCACATCGTTCTGTTGTTGCTGCTGCTGTTTTG
AACTGCTCTTCCCTGCTGCCCTTCTTCTGCTTCTATGGTGAGTGAGAGTCTGCTCTTGCT
CTGTGTGGGTAGCCAGCATCCTGTCTCCATCCTCGACACCATCTTCCACAAGGTGCTTT
GAGAGAACAGTGCCCTTGTCTCCAGCATAGAACAGTCGCCTTCGAATCCCCGTTACC
AGTTCCTGATCCACACCATGTTCTTGGGCATTAGTACATGCATTAATGTCTTACGAATAA
GCTAAGCACCTTCTCGGAGAGATAGAGATTGTAATGTTTTTACATATCTGTCCATCTTTT
CTGTTAAGTCATCGTCTGCAAGCTTGGCGTTACTATGTATTTTTTCTTCTGGAGTGAA
GACACAGAGATCTCCTTTGACCCCGAGAACCTCATCACGGGCATCGAGGTGATCGACGAA
CAGTGGCGCTCTCAACAGCAGTCATAAACAAATGGTAATTCAATGTATATTTATATTCAAC
GCAGCTGGACCCAGTTTTGAATTCTTTTCAAGTTTCATTTCAAATGGGATTCAGAATAA
TACCTTATTTGAACAAGTTTTCTTTATTGAGTACCAAGCCATGTAATGGTAACTTGGAC
ATGCTTTTACGAGTTAGAAGAGTTGGGATAATTTGCCATCTGGAGTTTCTCTGCCTTGCT
TGGAGAGAAGGTGGATGTCTACATCATGACGCAGCCGCTGTCGGGCAAGTGGATCCACTT
AGAAGAACGATACCATTTCTTAGAGGAGCGCTTAGCCAGATCGGGACTTACAGAAGTCTA
AATGTGAATGACAGCGTCCCCGTGTGTGGAATGTGGGGATTAAAAGCATTATCAACCT
TCTAAAGAAGAATCTGAAGTGAATGACATCAAGAGACCTATCAAGACCTGTATCCAGGA
CTCTGGGAGTTCTATCTACCCTATTTATATTCTGTATATCATTGATGGGATGTTTGTTA
ATCAGAAAATATATGTCATAGTACATCTTCTTCTGCTGCTGACAGATTAACCCAACAAAG
AAGTGTCCACCCCTAGTACTACACTCTGTCTTCTCAAGCGGCAGCGCAAAGGCCTCT
GACTTTAGTCATGGCTCACAAGTTTACATGTGAATTGTCTGATTATTTGAGATCACTATG
CCCACTCCAATCTTACATTCTTGCCATTAACCAACATAAAGACTGTTCCCTATGTT
GGCAAATAGCAAAAGTTGTTGCACTCCTGAAATTCTATTAACATTTCCGCAGAAGATGAG
CTACTGCGTGACTGTGTCTGCTAGTGCCGGCATTGGGAATCTCGTGACATTTGGCCACAG
GGCCAGGGTTTTCTTGCTCAAGCATTTCGGATCATTAAACAAACGAAAAAATCAAAGAGAA
CAAAGTCTGGAGAAGAGGGATCATGCCTGGATATGATCTTTAGAAACAACAAAATAGAA
CTTAATTGTGCTGACAAAATGATGTAACAGCACAATGGAGCATTCTTTGTTTTGTGATTG
GCCATGATCATTATAAGACATAACACTATAGGTGCTTAATTGTGTTGTTTCAGACTATCTG
AGTGTGGATCTTGTGTGAAGCTCACTGCCTCAAGGTGGCCGTGGATGGTCAGCACCTGTT
ATCCTTTCTGTGCTGCTTAGGCATCTGCCCTTACGTGGTTCGTGTCCAGCTCTGTCAAC
ACGTGGCTCTGTGTGTTTTTAAAATTGTCCACCAAGAAGCACTTTGTGCCAGAAAGTT
AGATCATGCAGAGCGAAGCCACCAAGACTTTATGCGGACTGCTGCAAATATTAGTGGAAA
CTAAACCGGGTGTGTGTAATCGGTGTCATCGCTTGTGTCTTGCTGGGCGCACGGTTGCT
AAGATCCTTAATGTACCATGTCCTCTCAACTGCTGCAAATCACTGGAACCAGCAACAG
GCTGGGCAAGCTCATCTACCCCGTCGGTTTCTGGAGGAGCAAGGTGAAATACATCAAGCA
TGGAGGAACATGTGGATGACTTATGACCTCAAATATTGTCCAGTGTTTAGCAGCTATGT
GAACAAATTGCGAAGAGACGCAGACTTTCCTCTCTGCGAGCTTCTACTTCTAAGTCTGAA
CCATCCTTGCAATATTGTTGGGCATAGCATTGCTCTTTTGCATCCTGTTTACGCTGGTCT
TGTAGGGCCCATCTAGTTGGGGATAGAACTTTATAATTACCTTTTGGATACTGTGGTTCT
TGAATTTCTCAAGCCATTAGGAGAGAGAGAAATTGGGAGTGGTCCCCAAAGACCCTTCAA
GCTTCAGTGGGCCTTGCCCTTGTACAGCCTCCACCCCATTAACAACTGCTCTGGACTTG

AGGGTGGGTCTCACTGTTAGTGAGGATACGGGTCTGGTTTGATGTTTTCTAGGCCAAAT
GGGAGCCAGGCCCTGCAGGGGCTTATTTTGACACCACTTGTTCATAACAAACAGTCC
GCCCCGATTTAGTGATTCCACAGTGTATACATATAACAAAACATGTTGTACACCATAAATG
CTATCAGAAGAAAACCTGTTGTTTGCCTTTCAACCTTGTTCACAGTTCTGCAGTGTAAATG
CCCATGTCAAAAACCTGGATGAAAATGGCTTGGATTTGCTCTCGAAAATGTTAATCTATG
AACTTCCTTTTGCTAAATGCATTCTTTCTGCTTTTAGAAAATGTAGACATAAACACTCCCC
AAGAAGATTCCCACCCCTGCCTCCCATGCCTGGTCCCAAGACAGTGAGACAGTCTGGAAA
CCACTAGGAGATTAGAAATTAAGTTTTCTTCACTACTTCTATGGTAGGGTTGTCTGAAAT
TTCACCAGGTGCCACTCTTGAGACTGGACTGAAGCCCCCTGGAGAGTTCCACTTGCCTTT
TACTTGGTTCCCATATGGATGATGAAGAAGGAGAAGATGATAATGAGGAGGAGGAGGAA
CCAATAACAAGAAAGCAGAACACAAAGAGCTGTGATGGAGTGGATCTTATGTAGTAAGA
AAACTCATTTATTCTAGGAGGGCTCCAGTCTTCAAAGAACCAGAGCATGGGTACCAAAGC
CCCACATCAGTCTGATACGATATGGTACTACTTTGAATCTGTTACTAGTACCATCTTGAC
GGACCACACCCTGAAGGAGGTCGCTTTCTACAACCGCTGTTCTCCGTTCTTCTGTCTT
GTACTGATGTGTCACTTATTAATACTTTTGTACCATGAGTAAAACCTTCAGGTGTTTCGC
AGTCCTAGGAACCATTATGGATGTAGTGCATCTTAGAGCCATAGAGCAGGTGACTGGAAA
TATGGCGGTTTCAAGTGCAATGCTGTACTGAAATGGTACCAGAAGAAGACAGAAGGTTAC
CTTCCTGGCGCTCTTCTCAGGTGACACAGGGGAGATCAAGTCAGAAGTCCGTGAGCAGAT
ACGTTTTTCCGCAACTGCACATTCATCAACACTGTGTTCTATAACACTGACCTGTTTCGAG
GGCGGCCTGTGCAGCAATGGCCAAGATCAAAGCTCGAGATCTTCACGGGAAGAAGAAGGA
TTTCAGAAGAAGTGAGCAGATCAGAATTGAGGTCTTTTAAGTTTCTTTGCAAGAGGAAA
TTCTTTCCCATCCTGGTTGGGCTTCTGTACCTCCTTATTAATTTATGAACCTGAAGTTGC
TTTTTGGCATATGTTTTACTCATAAATTAGGTTAAATTTCACTTGTTTTATAAAAT
CCCTGGCGGTTCTTAGTGGGATTACAATTGAGGATGTTAGTTTGGATGAAAGTTGGTGAA
AGAATCACCTCCTCTTGAAGATATTGAAAAAGAAAGACATTATGCCCTTTCTCCACTATA
GAGGAAACAAGAATCCAAGAGGCCAAGAACAGCCCCATCTGACGCATGCCTTCCCATAT
TTCCGCGCTGGCGTAAAATTGGAAAAGGCTGAGAAACAAAGTAAAACAGTATTTTGTGTTG
CTAGGGGTTGTCATGTATGAAATGATGTGTGGGAGGTTACCTTTCTACAACCAGGACCAT
CAAAAGCCACTTTGTTAGGCGAGGATTTCCAGACCACTCATCACATTAATAAATATTTT
CATATCCAGCCCCCTAAAATGTACAATGTAACCTGTTCAAGTCCAACAAAACAGGTTCT
GGCTCTACCCTCACTTCTGGAAAGATCTAGATTGTTATTGCTGTTGAGCTGTCTCAGT
GATGGATCTTCTTACATGCTAGAAGTTTTAAACGGTCCTTAACATGCCTTTGTTCAAGCA
GTGCCGCGGTGGTGTGCTGCACTCGCCGCTCACCTCGGGCATGCGCGTCGCTTCCCCGACA
TTTAAATCAGAAGATTGAGCCATACATGCCATATGAATTTACGTGCGAGGGGATGCTACA
ACCATGCCTGTGTGTTATCTCCCATGAAAAGTCACCTAGGCCGAGCATGGTGGCTCACG
GAAGAAACAGGAAAACCTTCAAAGACAAAAGCTGGCACTGCATTCTCTCTCTGTAG
CCACACAAATGTTTATTAATGGTTGCAATTATATAAGTGACGGGAGAGTGATTTAGTAC
ACTAGGAGAAGGGAATGGTGGGTACACCGGTAGTGCTCTTTTGTCTTGTTCGTTTTTT
TTGGAGGAATGTTGTTCTCAAGATTTGGACGTTTCATCTACAACACAGTCATCTGAAACAT
TGGAAGGCATTCTACAGCTGTGCCACCTAAAGAAGCACGCATTTGTGCACACGGGCCA
CAGCTTGGTCTTCTTTCAATCTTCATTTGCCTCTAAATAAAAGATCTGCTGGCTCGGAC
AACAAGACCCTGGTGAAGAATTGCTTCATGCTCATTGACAGCACACCATACTCATCGACA
TCTTTGAAGCCAAGAAGCTTGTGTAGCTGTCCCAGGCGTCACAACCCATCCTCCCAGGCT
AGGAGAGTCTCTGCACCCTACAATACCAACTGGCAGTTCCATCATTTGAAAGAAAATC

ATGTATCTGCTAGACTCTACATAGAACTGAACATCAAGAACCCACCAAATATTACTT
GAGCTTTTGACCAGAAGCAAGTGGACATGGATTTGAGCTTCGGGTAAGAAGGGAGACTTC
TCCTCCTGTTTTGTTCTCTGTGTTCTGTGTGCGTCTTAAGCAATAAAGCGTGGCCGTGG
TTCTCCAGGCTTCCCCTCCCTCGTTTTCAAAGATAAATGAAATAAACGTGCGCGGACTGT
ACAGGTGTTTGTGTCCAATAAGATCAACGCAGGCATGTACATCCTGAGCCCTGCAGTGCT
CCTAGGAGGAGGGCTCCTAACAGTGTAACTTATTGTGTCCCCGCGTATTTATTTGTTGTA
AGTTATGAGGGATCAGAAACCAGCCTTTCATTGGAGGAGGAACAGGAGAAAAGTATAGAA
GGCAAGTTACATAGCCTCTGTGAGCCTCATCGGTAAACAGTGGGGGTTATGAAACCCACC
TTAAAGATAGTTATTTAGCATTATCTCTCGACAGAAAATGTGCTTACTCAGTAGTACATG
CTGGGTTTCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGGTTTCATACATTAGTGGAATAG
ATCCTATCATCTATAGCCTTCGCAACAAGGAGGTGAAGAAGGCTTTAAGGAGAGTCATGG
TCTCTGAGATGTCAAACGGGTAAGGCCTTGTAGGAAGTAGGCGTTTGAATGAGATCATAA
CGCGTTTTCAATAGCGCTTTATACTTTTTTAAGTGTCTTCTATCCGTTATCCATTTACCC
CCACCTGCACAAGACTGCGGGAATCACAGATCAGGAACACAACGTGGCGGCACTGAA
GGAAGGGCAATGAAGGAACAGGTTAGAGTTCAAAGTAAAAGTACGTTCCACACAAAGGA
GCTTTTGGAGTCTATTGTCGTGCATGTGGGATGTATTTGAAGCACCTGAATAGGCAAGT
ATCGTATTACAGCCAGCACACTTGCGAATATAAACTGAGCACTACTTTTAATATTTACTC
TGGTGAAGCTCTGTGAGGTATTTTTTGTGTGTGGAAGACTGAAAGTGAAGGGAAACAACT
AGATGATGAACTGGAAGTAAAAGAAGTCTTTTATGTAGAGACTCTGCCTATGACAGTGA
TTTGGATATCAGTGTTCCCTCATGAAGATATACATGGATATTCAATTTTGTATGGCTTCCAG
ATATCTCCGATGTGGAGATTTGAGAAGCATGTGTATTGGATGTGACCGTCAAAATGTGC
ACCACGGAGAACATCAGTTCAGAGGAAGTTACAATAAAAACACGTATCTCCCTGCTCTA
AGAAAGGATGTTCCCTATCCATTCTAAGGTACAGAGGAATGAAGAAGGAATAAACAGACC
TGATCGACACAAGTGACAACACCGTAACCGTTTGTATGGATTACATAAAGGGCGTTGCA
CAGTGCCTTGAGAACATAAGCAATTTAGTGAACAGAGTTCTTTTCAGAAATTCCTTTTTC
GTGACTGATCTAGTTTTCTCAGCTGTATGCAAAGTAATCTTTCAAAGACTAGGTTAAGAT
TGGTACTATTGCAGCACTTTTACAGGAAATTGTAAATATTTATCCATCTATCAACCCACC
TTCTTTTGAGGGTTCATTAATTGCATGAATAGAGACGGGTCAAATAAATAGGCCAAAAGG
GATCTTTCTCTGACTATACTTAGTTTGAATGGTGCAGGCTTAGTCTTAAGCCTCCAA
TAATTTTTATGACCAACGGTGACCAGGCCAAGAGCAGGATGAGGTGATGGAGAATACCTT
CTATAATCATGCCACTGCACTTCAGTCTGAGAAATAGAGTGAGAATCATCTGTTTAATAA
AACAGAATAATTCGTAAGTGGGAGAAACCTTAGAAATCCAATGAGCATGGGAAAACTTT
GGAACACATGGACCCATATGTTAGCGGATGTATTTACATCGTTTTATACAGAAAGGGGAA
GGTTGGACTGAAAGCGAGGCCAAAAGTAATCAATTAATGATATCAATAAATCCTCATTTC
ATTCTATCATCAACGGGTACAAACGAGTCCTGGCCTTGTCTGTGGAGACGGATTACACCT
GCACCATATCCACAGGAGGTTGGAAAACCATGCCATTTTCTGGAATTTAAGGGTGTTGC
TAACGGGAATGCTCATGAGGAAAACAGGGACCGGAGGCTGACAATGAGGTAGATGAACAA
CTATGCCCTGGTATTCTAATCCCAATTACATGTAAGTACTTAGCAAAGTGTATACTGATCTT
ACAGGTCCACCTACTGAACTAGAACCTACTCAGGATTCAGTGGTGCAGTCTGAAAATTAC
ATGTCCCATCATGCCCTCAACCACAAAACACCTAAATTTTACGGTTATAATCGCTGTCAG
CTCCAAACTCTTGACCCACAGAACCTGTGAGAAAATATATGGATATTATTTAAACTGCT
TGTTTCTGCTCTCGGCTGGAGAAACAGAAGAAGCATTAAATGAAGGAGAGGGATTCTACAG
GCCAGGTTCTGAAAAGATCAGGAGACTAGTTGAAGTCTTGAGAACTGATGTAATTCGTGG
ATGCCGCCACTGGGCGACAGAGTGAGACTTCGACTCAAAAATAAAAATAAAAAGAATT

TAGGCAGTGCTTGCTTGAAAAGTCTCATTTTTAAATCTCCCTGGCATGAGGTGCCCACTT
CTCTTGACCAGCATTTCAGAAATTAATTCCTTAGGTTTGTTTCTTTCATATCAACTCT
TAAAAACTGATGGTGAAAAGCTTACCGAAGCAACAAAATTCAGCAGACACCTCTTCAG
CTGGTGTCTGTGTACAGGGCGTGTCTGTGTGAAACGCGAGGGGCACACTAGCACTTTCC
GTATGCAATAATGCTATCTTATCCTTTTTAGTGCTATTTCTCAGGTTTTCTCAGTCAACC
AGTCTTAGATTCGTTACTTTACTTCCCTTCCAGTTTGGAAATGTACATGCTCATCAGCTGA
GCCTCTTAGATTCATCTTGAAGTCTTGATTTACAAAATGCAACTTGTTTCTTGATACGCT
CTGGTATAACTGGTTCTGATGGCTGGGAATAAAGGAAGAGGACGTGCTGCTTATACCTTT
CCCAGCACCAGGGCCACTGCTGGCACGTCGTAGACATCCAATAAATATTTTTGGAAGGAG
TCTAGTTCTACTGATCCGTTCCACATCTGGAGAGTTTATTTATAACTCCCTCTATAACTCT
CAATCTGGAATCTCAGACATATGAAGTGTGGAAAAGGACCCCATCAAATACTCTCAGTA
AGTTCGTGGAAGGCTGTATGAGCTTCTAACTCATTGTATTCCTCCTGAGATAATAATGAA
CAGGATTGTTGGTCAATTTGACTCATGCCTTGAAGCAAGGAGAATACGGTCTTGCCAGTAT
TTTGCCATCCAGAACAAGCACCTCTGCCACCGGATGTCCTCTGCGCTGGAATCAGTCACT
TGAGGATGTGGGTTGGGACAGGTAGTACCTAAAGAGGAGCGAAGGGATTTATACAACATT
GATGTCAGCTAAAGTACTCACAAGATTTTGATCAGTAGTAAAACATCCCCTACAACCAC
GAGGGGATCTCAAATCCTGGAACCCCGATTTCAATCTACGTTCTAGTCACTGGCCTCAA
CCGCTGGGGTCTCCCGCCGTCTCGCCGTACCACCGGGTGGAGCCACAGGTCCGTGTGA
AGGCGAGGCTGGTAAAACAATAGGGTTTGAGACAATTCTGTGGCATTAGAAATGAAAGAG
GCCTCTGCCTGCGTCTGTCTCATGTATTGGAATATCCTCTTATTAATTACAGTGTTTTA
ATATGATGTGGTTGGTATGTTTTGGAACATGTTTTTTCAGGTTGCATCTGGAGGTGGTGG
GGATCCTACACCTGGTGAGGAGAGAGAAGATAGGGGTGCAGCTGAGATTCAAGTACCTGA
CCGCTTTGAGTTGGGAGAATTTTGTAGCTCAACATATCAAGTCCCTCGATGGTATCTGAGC
GACAATTCTAGCCAACATTGAGTCACTCAATAAGTCTCAACAGTGGGTGTGTTTGCTGAG
GTCTAAGGCTAACATCAAGCACAAGCCTGGTGGAGGAGATGTCAAGATTGAAAGTCAGAA
TGCTGCATACTCTGGAGATCACCGACCTTGCTGACTTCTCCCCGCTCACCTCCTTGCTA
CAGGCCTACTCCTGTCTTCTGCTTTGTTGTGTGCCTCTAGCTGAATTGAGCCTAAAATA
TGAGCTGAAATGATGTTTGACGCTCTGCAAGTTTTACAGCTTTGCCTAGCATAGCGAATA
GAACGGATGGGCCTCTAGTGACAGATCCAGAGACACACAAGAGCACCAAAGCAGCTCATC
GTATTGAGGACACCTATACCCAGAAGCTGAGCGTTCCAGTGGATTCTCGGTGACTGCCC
CCTGGACACTTCTAGCAAGAGACTTCAACTTCAGAACAAGAGGATCCCAACTTGTAGCT
AGGCTGTGTCTCCCTCCTCAGACTGAAGGATCTTTGTGATCAGATGCTGTGTCTATATCC
AGTGGTGGACTTGCCCGAATCTATGTGTCCAATGACGACAATGTTGGTATGAGTCTTTTC
TCATTCTGCAGCTTGTGGGCGATGCCGTCCACCCCAAGTTCAAGGAGATCCAGAACTCA
AAATTTAATTGATTTCCAAGGGTGTCCATCGCGCTTCTTCACTGCCTTGATCATGTCCG
GGGCCCTGTTTCATGCGAAATCCACATCCATGGTCTCCTAGACCTGCTACCCTGGTACTTC
TCATTGACTGTGCTTCTATTTAAAGTTAACCCTTCTCCTCCTCCCACTAACTGAATGAT
TCTAGTCAAGAAGAAGAAGAAGAGGCAAAGACTATCCTTTCCATACTCATATTAAGCAG
TGGGAGCAAAGTGACAGGCACTTAGATGCAGCATTTACCCTCATGCTACTAATCATCT
TTCCTGTAGAACTAAAGGCTGTTCCAAGAATGTGGGGTGGGGAAAAGTAAATGCTAAGACT
CTCCAGGCCCATCAAAGCTTTATTAGATTTAAAAGTAAGATCTGGTATGAAGAAAGGTT
TCGGGTTCTACCTGCAGCCTACTGAATTAGAATCTCTGGGTGGGATGACCATCTATATTT
TCTTCACTATAGTACAGATTAGTTCTGAGTGATGGTATCAAAGGTGAGAAAGACGTCA
GTTGCATTGTATTGTACAGTATGCATATTATTGTTTGTGGTTGCATATGGCAATGAAGTG

ATGTCCGTGGAGACACTGTGGAAAGTCTGGACCGAGCTCTTGATGTTCTTGGACTTGAC
AGGATGAGCGTGAGCCAGAAGCAGCTGTGTATTTAAGGAAACAAGCGTTCCTGGAATTAA
AAATTATTCTTAATGTCTGTAAAAACGATTTTCTTCTGTAGAATGTTTGACTTCATATTG
CCCTTGGGAGAAGGCCAAAACACTTGATGAAATCTACATAAAGACTAAAACATTTTACCAA
ACGGAAAGTGATCAAGCGTGTGGCACAATGGATACTGTGGATATTGCAAACAACCTCCACT
AAGGCTATCACAGATCTTCTCTCCAAGAACTAGTGCTGATGAAATGACATTCAGAGAA
TTGGAGTCTTCATGTCTCGTAAAGTTTCTCCACATTAGGTTTCTTCTCGGTACAACCTCAA
CAAACAGTTGCTTGTGGACTTAAACCTTGGCACTGGTGGGGAATTTGGTCAGATTTTACA
GCACTGCTCCCTCTGGAAGGGAAAATCTAAAACACAGGATACAGAAATGGAATGGAATCT
GAAGTCATTAGCTATTCTAGCAAAGTATCTGTACAGAAAGGTGCTTCATAAAGGTCTGC
AATGTGCCTTTTGAGTATGAGGACTCAGAGACTGTGGAGCAGGAAGAGCTTGTGTATACA
GAGCTTTCCAGCCTGTGCTAAGAAAACCTGCCCCACATCATCTGCAGTAGGACGGGGGAGT
TGACTCAACAGACCCAATGATACTTTAAGTGTGGCAAAGGTGAAACCCCATCTTTACTG
TCCAGGGCGGCCTCACCGCCTCCTCCTCCTCCTCATCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCC
ATGTCTCCTCTGTGGAAGTCTCATGAAGTATCACCGGGCATCAATGCAGAGATTGAAA
CACTTCTTTTCAGGTGTAGCTACAATTGTGTAATGTACAATATTAGAGAAAGGACAGGCT
TGATGTGGAAATGGATGTCAAGTGGCTCAACAAGAACAAGTGTGGAGAAGGTGAACGTCAA
ACATTCATAGGCTGATAGACTCGACTCCTGGGGACACACTTGGATGGAGGCAATTAATAAT
TGTCTTCTCGTTCCACGCGAGTACAGGTTGGACAGCAGCTCTGAGAAGATGAACTCCTT
CAGTTTACAGACGCTGCTGTACAACCAAGAATGTTATGTGCAAGTTTATCAGTAAATAA
TGACTTCAAGGCCACAGCGGTGGTTGATGGCGCCTTCAAAGAGGTGAAGCTGTGGACTA
AGCTCAAATACGAGAGAAACCTTACAAGGAATTTACATGGCCTATTGCCGAAAACACAA
AACATACTGTGAGAGAAGACTGGGGAAAAATTAATGACTTCCCAAAGCCTAAACCTCTG
CATTGTGTTACTTAATGAATTATTTATACAGAGCATTGTTGCCAACTGTTGTTCCAGCC
TTCAGCCTCTGGAAAGTGGTGGTAGTTCAGATTTATGTGGATGTTACTTTGTTTTTCCC
CTGTGGTCTGCAATGGACAGCTTCAAGGAATTGTCTCCTGGGGCTATGGCTGTGCCCAGA
AGGGGCACACCTTTTATAGAAGTACGTCCAGGAATAGAAGTGACCTGCTTTTTTCGCAAGT
GCACAAGCTTGCCATGAAGCACAATGTTGAGAACTGCCTATCCTGGTGAAGTCTTCTTA
TGATAGATCATTACAATATCTGTGTCGTTCTTGGCAGAAATTATTTTTCCAGCCCCTG
ATGCAGACTCAGGGTTCAGTAACAGTGATGGATTCACCCCATCTCCCAAATAAAGTTT
CATGGCACAGACTTGTATAGAGGAGAAAAATGTACAGAGAGCACCCAGGAGGTACACAT
AGCTTAGTTTTAGAAACCTGTGGACATTCAAACCTGATTCTTTATTCCCTGTGACTATGG
CTGCTGCCGCCATCCTACTGTGGACAGTCTGCTGCCGCCAGTCTGCTGCTGCTACTC
ATGTGGACAATGGAAACACCAATGCCAATGGAAACCTGGAAGAGCTCCCCCTGCCCAGC
GGCCTGGGCAGGAAAGATGGGGTGGTGGACTGTTTTTGCCTACTTTTTGTTTTTGAAAAA
TGACTAATTTGCCAAAAGCTCAATTCCTATTTTGGTGTGTTTATATCCATTTAGGTGTCC
GCTGCATTTTCATGTGGCCATGGGTACCTAGAAAGACATCAGAACAAGTCGGTCAAATTA
AATGGATATTCCAGCTAAATTGATTGTTTGTGGAATGACATCAAATGGTTTTACCATTGC
TCTCATTTTTGTTGATAATTTCTGCATTTAATGGTCTGTGCTTTAAATGGTAACGCTACGG
AGACATCTTTTTGATTGTTCTGTCCATCTGGAAACACTGTGGCTGACTCTGTGTTGGCA
TTTGTTACAAGCTTCTGACAATGTCACCTTTGAGGAAGGCGCCCTGATTGATCCACTTT
ATTCCCGAAGAGATATGTAATAAGCTCTCAGAGTTTCTGTGATGATTTGTTGAGCCTTG
GCAGCGCGCTCAAAGTGGTCACCTTCTGTGGCCACACGTCCAAAACCAATCAGGTCAACT
ATGTGGGAACAGCTCTTCTCCAGATGTTAATAGAACAACCTGCACAACCTGGATTTTTT

AAAGAAGAAGAGCAGGAAAGACACCTCGAGGAACTGCTCGGCCTCCACATCCCAAGGTCG
GCACTTGTTAAACTGTGATGAACTTGTGATTTTGTGTTTTACTTGACCAAACCAAGTGT
CTCATCTGTGCTGAAAGACGCTGAAACTGCCTGGGATGTTTTCGGGAACAAGAATGTATA
CTTGAGGGCTGTCAAAAATGCTATTGATGATGGTAAGATCCTCACCATATTTCAATTCTA
TATTTCCCAGTTGGTTGATGCCAAGGCAAAAAGATAACTTTTAAACAGTTAGAGAGGATCA
GTTAATCTCTGTTATGTACTGTACTAATTCTTACACTGCCTGTATACTTTAGTATGACGC
CTCCCTTAAAAAGCCTGAGCTGTACAACAATCTGGATGTGACTCTGTTACCCTTTTCCCA
GTGCCTAGCCAGTTTGTAGAAAAGATGATGGACTTGGGGAATTCATAGCTTCTGGCCTT
AAATACAATTCAAGTTGCTTCTCATGGATGGCACTGCTTTTCTGAGGACTCAAGGGCCAA
CCCTAATGTCTTCATAAAGTACTTGAGTGAATGTTTGTACCTCCAACAGAATAAATG
ACAGGCAGTTGAATTACTAGGAAAAGCCTCCAGACTACTAGTACGAGGACGTAGGTTTGA
ACAATGAGGTGAAGATCACCATCATCTAAAAGCCGGCCACTGTCAGCAAAACCTGGGGA
ATTTTTGTATTTTCTAGTAGAGACGGGGTTTACTGTGTTGGCCAGGCTGGTCTTGAAGTC
TCTGGATGCAAAAGTTCCTCGAGTCAGCCTCTCCAGGCCAGCTCCTCCTGCCTCCCAGT
CTCTGGTGGTTGAGATCCCGCCATTTCCGAATCAGAGGATAACCAGCCCCGTTACAGTCA
CTGTGGTTCGAGAATGACATGGGGTACAACTCCAGATGATCGAGGTGCCCGTCTCTCC
TGTGTCAAGGAAAGGGCTTTATTTGTGAATTTTCCAGAATACGACTGTCATCTTCCCAT
TTGAAGATTGGCCTTCATTTCTCGATGTTCTTTCCATGATGGGGATGGAGGTGTTCAAGTG
TTTGAGCAATAGGAAATGGGAGGGTAAATTCCTTCTTCTCTCCCTCCTGGAGCCAA
ACCTGAAGTGTGAATGAGTTTCTTGACTTACACTAGATTTTGTTTTGGCTTATAATGAC
TGGATGCCTACTGTGGAGATTAATTTGGCATATTCCAGTGTGAGCTTTCTTTAGCTGGA
TTGTTTACTGGTTCCTCACTGTCTTGCTCAAATGCTCCAACCTCTACAAATCCCGGGATCT
TCCTTCGTGATATATTTAGGATATTTAAATAAAAAGGAAAATGGGGCTTTTCTACATACTA
TGCTTTGCCGAGGAGGGTAAAAACTTGTGCTGCAAGTCAAGCTGCCTTAGGCTTATAA
TGGTGATCTCTGGTGCAGGAAAAATGTTCACTGCAGGTATTGACCTGATGGACATGGCTT
ATGTGGGAAAACCTTCAATTATCCTCTAGATTTGAAAATCCACAAGAGAAATCACACTGG
GAGAATTCGAATCAATGATTACTGATCCAGTAATTCCTTAAGTAAACATTTCTTTCGGC
CGGCAGCGTGCAGATCAACTTCTCCAGGATCACACCAAGCTCATCTTGTGCCCACTGAT
CAAAGGGCAAGAGGTTGCTATGGTATTTGGAACAATGAAAATGGACTGTTAGATGCCAA
CTATTGAAGATTTTATTACCCCTCTAAAGTTCTTGATAAAGCAAGAGAGCGGCCTCAGG
GTAGAAGCAGATGGGCAAACAGAAGAGATTTGGATTCTCAAACTTAAATTCAAGAAGG
TACAGGGGACTCCATATCATAAACAAGCATCTAGGATAAGTCAGCTGTTCCGGTCAGTCAC
TGAAATGATGGCTTTGGTAGCTGTTTACTGGGTAACCCCACTGTGACACTGTCTTTTCA
AAATGTGGAAATGCATGGCCTGTTAAAGCTGCCTTAAGAAAATATGTTGCCTGGGGCTGG
GGCTAGATTTGCATAAGCATCAGATGATTTCCCATATGGGACAGAAACCATATAATTGTA
CCCCTCCTTGCTTTGTCTCCCTGGATATGGATTTCAAGTATTTTGTAAACCCGTTA
GATGACTACTGGTAGCATGAGTCATATACAGTGAATACATGTCTGGAACCTCTGAGGTCTG
ATATAGGCAGAAGGCCTCCTCCTGCTACCCTGAACTCTTCCACTGGCAGCTGAACTCTT
CACCTTCTGTGGCAGTCCCCCTTATGCTGCCCCAGAACTCTTCCAGGGCAAAAATATGA
TGGGAAAACCTGTTTCTGTACCACTGCTCCGATTCCCCGCTTCCAGAATCGGCGCATGAT
TCAGAGGTAAAGAATGTATTGAAAAGCTCAAGAATTCTGAAAGAAGGTTACTACAGGAC
TTCATAGAAGGAAGAAAATGGGAACAAAGGTGCTGCTGATCATCTGAGGTTGCCTGCATG
ATGATGTGAAGAGTATGGAGACCAAGGTTCAAGTCTTAAAGAATTTAAACCTGGGAGGAG
TGGGAAAACCTATAGTTCCACAAAAGGACCAAAGCACCCAAGCAGGCCCGCAAGGAGAGGC

ATGATGTGCAGTTTTGTGCCTTTATGTATTTGCCTTGTTCTTTGTGCAATGTGTGAAATT
AATTATCTTAAGTGAGATGTTAAGCCCACTTTGTTCTTTAATGTAATGGAGCTTATGGG
TACCCAGCCTGATCCTCTCTGATAATCTGCGGCAAGTGCGGTACAGTTACCTCCAACAG
CTCTGGAAAGTGGTGGTAGTTCAGATTTATGTGAATGTTACTTTGTTTTTCCCTATAAA
AGCACGGGCATCGTCTTGGCACGTGTGCCAAGAAGCTGCTCATGATGACTGGTATCGAT
CCTCGTCGCTTTTCTTACCTCATCACAGAGTTTGTGTAGTGAATTTAAAAAGAGAAAAAA
TCTCGCATCTGCCCCGTCCTACGAGGCTGCCGTGAAATCCGAGCTGAACCGCTACTCTT
TTTGCAAGCAAATGAAGTAACTGGCAAAGGAACTTGGATTGCAGGAAAGTCAAAGT
TCAAAACAATTTCAAGGCTCGAGTCATTAGTGTGCTATACCGTAATTACCTTGAAGC
AGAATGCCTGGTTTTCGTTTGAATTTGCTTGTGTAATCAGGTTGTAAGGAGGAGATA
GCTTCCATCGTTTCTACATGAACATTTATTAATAATTTCCAATGCAGACTATGGAGAG
AAACTGTATGTATACATTAGCGCATTGCTTCTAAACGCATTTCAAATGTCAACCA
CCAAACTGGAACCTTATGCTGTAGACATTTCTTTGTGGTTTATCTAAAAACCAAGTTGA
GCGTGTGTTTTGAGTTTTTGTCTAACTGAAGAAATCTGTCAATATTAATAGGGTGGG
CTCAACCTCACCACCTTCACTCAGCCCTGCTGTGAGCCCTGCCTCCAAGAGGCTGCTAA
ATACTGCACAAGAAAAAGCCTTGAGAAAGACAGAATTGCTTGTGGACCGTGCGTGTCCA
AGGAGTCAAATCCTAAGGATCCAGCGGCAGTGACAGAATCAAAGAGGGAACAGAGGCAT
CCTCCTACTTCCGCTATGCTGAGTCTTCCATGAAGAACAGCTTCGGCCTAAAGTACCTC
AAGTGTCTTTGTCTCCGAGTTAACCTGTGTAAGTTGACAGTGGTGCAGGTCTTCTGT
AACCTCACCACAGACCTCATCGTCCAGCGGATCATACCAACAGGTTGGAGTATGAGGCG
CCCTGCTGTTTGTGACATCTAAAAGAGATCTTACCTCCTTACCCTCAAAAAATTAAT
CTGCTGCCCTTAGAGGGAAGAAAAATGCCATGTTAAATCCTGTTTTCTAAATAAAATG
AGTGTGATACTTCTCAGGCAAGATGTGTTAAGAATACCGGGGACTGTAGGCCTATGGTAA
ACAACGCGCACGCCATCTCACGGACGCCACAAAAGGAACATCTACGACAAGTACGGCT
GCGGGGGGTTGGGTGTGGTGAGGGAGGGGACATATCCTAGGGTTTTCAAATAAAACAATC
ATTCTGTGGTTTGGAGGCTCCAGAGACGTGCCTAGTCTGTGTGCCTTGAGTCCAGAAC
TACTCATGTGGGAACCAAGAACACTGATGGAGGAGTTGGCAGAGCAGGCACAGCAGCAC
GAAAGTTGGTGTTTTTGGTTGATGAGAATTTACGTCTGCAATCTAGATGCATATTTGTAG
CATCTGAATGAATTGATGACGAAGAAGTGGCTATTAGGGTCAAACGCTGTAGACATTATC
TTAAGATGTGAAAGCTGCAAGAATGTTGCAGTGAACACCATTTAGAGCTCTCAGTGTGC
AGGAGGGCGGCTGCTCTGTCATGAGAATGTACGGCCCGTGGATGATTAACGGGCCTTTTT
GTTTTAAAACGTGTACTTTTACTGCTGCGTTCAGTTTTTCCAGCCATAGAATATTCTAGA
TTCTCTGGCCTGATGTGAAAACCTCTCATTAAACTGTGTCTGTGCTTTGTGGGCTGAAA
CGATGAAATACATCAGTGATTCTTGAGAGAGACAGGGTTTGTGTGCATTTGGGGAACACA
GCGCCGCTAGTCATATACAAATATAGCACATAACAATTATGTACAGTACACTATACTTGAT
CTTTCAAACAACCATGATTTACTTTGCTGTATGATGGAGTACTTTCCATTTTCTGGAA
ATCAACGTTTGATTGGAAGAACAACCCCTCTTTGTCAACCTCAATAATGAGCTCACTGT
CCACAGTACATATACTGTAGTTCTCTATAGTTTTACATAACATTCATACCATAACTCTGT
GACCAAGAATTAAGCCTATAAATCTATCTTGCCATTCAAGCAGAGAGCACTGGACAACT
TCGTGCGTTGCCTTGCTCCGTTTTTCCAAAAAGCACTGGCTTCATCAAGGCCACCGACG
TTAAAGGAGAAAGAATATTCTGTCCTGAATGCTGTGACCAGGCCGAGTTTTCTGGCT
TGTGTGATGGTGCCTGAGTAGATCTGCTGGCAGAGTAGTTTGAGCCAGCTGGACTGGGT
AATGTGGGCGAAGCTGCCCTAAGGATCTTCTTTAATTTGGAGTAATACTGTGCCATACT
AACCCTTCCATTCCTCAAATACCTGCGCTGCTACCGATGCCTCTTGGAGACCAAGGAGT

TGGATGGAAAGACAGCAAAGATGTACAGGGGTGGCAAATATGCCTGACGGATCATTTCAT
TTTTGAGGTTTAGCAATAGCTAGCTATATATGGTAGGTGCCGCTACAGTTTTTATTTAGC
TGCCTCCTGAGGATTTCTGTGCCTGGAAAATATCTGTAAACAGACTGCTTTTACACCTAC
CCTAACCTCATTCCCAACCACTTCATTCTTGAAAGCTGTGGCCAGCTTGTTATTTATAA
GGATAGTAAACTTGAGAAGCTTTTGGGGTCAGATCTCTGGAACATCATGTGATGAAGCT
TGAGGTTTACAACAAGCCCTACAATTAGAGATTGCTGAACTGCTGCTAAAGTGATTTTTT
CCTCTCACTCCTTCCCAGAAGTTTTTGCACAGAACTTCATTTTAAAAGTGTTTTTCTCAT
GCTTTGTTGTGAGATAACATCACACTGTTACAATGGATTTTAGAGGTTTGTCTTTTTTGG
AGACCAGAGAGCTCAAGTTTCAGAGTCAGAATTAGGCACTTGGAACGTTTTTGTGGCTT
GATGCGAATTAGTAAAAGCTAAATTCAAAAGTAGAATGGGCATCTCAAAGAGTACGATA
TGAAGAAGCCTCAACTACAATATGATGGGAGAACAAGAGGCACAAATAAATAGCCATTG
ATGCATTGCATGGCATCCGCTACAAGAACGACCATATCAACCTGGCCGTGCTGGCGGATG
GTCAACTTTTTATCTCACTTGAAGGGACAGGAGGAAATCAGCAGATGAAAGGAGAATTGAT
AGGCATCCCTCCTGACCAGCAGAGGCTTGATCTTTGCTGGAAAACAGCTGGAAGATGGGC
ATTACCATACATCTGGGTGAGGAGCAGAACAGAGACATAAGTAACAGCAACCGTGAACCT
AGCACTCTGAGAGCTGGGATAGCTTCTGAAATACATGAAGGAAAATGATCAGAAAAAGA
TAGTAGGAGCCTTGGAGGGTGGGTAGGTGCATGGAGGGTGACAGCAGCGCTGGTCCGTT
GCTTGTTAGTATACTGCATGTGACACTGTTCCACATACAAGGCTGACTTCTGAGGATTG
ATTTTCAGGTTTCGTGATGATATCATGGGCTGTGACCCTGGGAGTTTAATTGGAATGAATT
GCTTAAAATGCTCCTCTGTTTAGAGGGGCCTGGTAGAAAATAAAAACCCACCCTATATCTT
CACATTCCTGATTAAGAGTCTGGTTTTTAAAGGTGGGTTTTTCCCATTTCATATTTCAAC
GCAAGAAGATGAAAGTTGACCTGAGCCCGAAGGACAAAAAGGTTGAATTATTCCATTACC
CATCATCCTTCTCTTTTGTTCATAGCCTTTTATAATGCATATATGATGCTGTGAACAG
CTGAAAATTTTCATCTGTAACCTTTTCATGTGTGTTAAGAAACACTGATCTGATCATTGGG
ACCGTGCTTCCAGAAGATTTTTCTAACAGTGTTCGCAAGCTATAAAATAGTGCTTTCACT
CTTTGAAGAAGTTTACAAAGTCTATATGTCAGAATACACATTTCCACCTTGCCCAACAG
TTTGGTATTTACCTTTCTAAGCCAGAATTTAAGAAGATCACAGAACTGACTGAAGCTGGT
CTGGCCTTAAGTGACCTCCTGCCTGGGCCTCCAGAGTGCTGAGATTCCAGGTATGAGC
CATCGCAATTTCAAACCTGTAGTGTATCACGGAGTGAATTTGGACCAAACCTGTAAAGGAA
CAGTCCGTGACTTGGGTGGCACCTATCTTCTCCATCAGGGATGGTAGCTATTTTTCTGC
ATTGTGGTCCTAGTCGTGAGTGTGGGTGTACATGGATCGTGGTCAGCATCCTCCTGGGT
CTTCAAAGGGTTATCCAAGGCATCTACTCAATGAAAAACCATGATCATTCTTTGTACATA
TCACCCAGTGGCCTCGTCCCAGAAGAAGCCAGAGGTAGCGGCCCCAGCCCCAGAGAGTGG
CTTAGATAAGAAGGTTGAGAAGGTGACAATCTCCAATAGACTTGTGTCTTCACCTTGCTG
ACAACAACAAAAAATTATACCCTTTGAACCAGAAATACATTACAGCCCAGTGCTTCTAC
CAACTTGATTTCCAATTATTCCATCATTTCTATTCTGAAATGACTCACTGTCGTAGAAGG
AAATGATCTCTTATCAATTAGCACTACTAATGTACTACTAATTGAGCAACCTACGCACT
CGAGAGCTGCGTGACCGAGCCCGAGTGCCGCGAGGGCTTTCACCGCCGCGCCCGCGCCAG
TAGAGGAGCACTGAGTCAATGAATCTCGGAGAAATGGAGCTGGAAGAAAACCTGGAGAAT
AGAAAGCCAAAAATGCTGTGGTGAAGATTCTGAAGAAACAGAGGAACCCATCAGGCCTA
GAGGAACGGACGGAAGCTCAAGCTCTTCTACGGGATGAGCTCTGACACCGCCATGAACAA
CCAAGATGGAAGACCCCTTGAGCAACAGGGCACCGGATTCCCTGGAAAATGTCATTAGCA
TATTCTCCTTGGTGGTCTTCTTAAGCAACAGACTCTCCACAAGACAGTCTACCTGCAGT
AGTAAGCCCACTATATCTTCATGAGTTGCAAATCCATGGAAACACAGTAAACCAGCCCT

ACTCCCCTAGTCTGTAGACGGAATTGGCATA CGGTCTAATTTGTGTAGTAAGCACCTTTG
TTTCTGGCTCTTATGTTGACTGCTGTATCCCTAGTACCTACCACACAACAGGTATTCAAC
TTTTCCCACCACCTCCAAATCATGCAAGACACAGGGCAGAGCCCCCGGAGCCATGGCCAG
TGCTTTTCATCTGAGTCACCATTTACTCCAAGCATGTATTCCAGACTTGTCACTGACTTT
CCGGGAGGCCCTGGGCTTGGGTCCCCCAGCGGCCAGCTCACTCCTCCCCCGCCCCTGT
CCACCACGCCTGGCTAAATTTTGTATTTTAGGTGGTCTTGAACCTCTGATGTCAGGTGA
GGCTTTAAGGATCTGCAAAAATGTAAAACGATGCCACTCCTACTGATGAAATATATTGTT
CCTAAAACGTGTTTTCTGTCTTGGCTTTATAATGCATATGTGCTTAGAAATAAACAGGG
GTTGCTTGTGGTTCTAATTGTGGAGTGGTAAATATATACAATCAAGATTCTTGTCTCCAA
AGCCACTGAATATTCCTCTGAGCTGGACATATGGGGTGCAGGCTGCATCTTTATTGAAAT
AAAGAATGGCCATAAAAGATATGAGCAACCCCAGCTTTCCAGACAGTCACTTTTCCCAGT
GGTAATGCACAATCCAACCTAACGTACATTCAACAGATCATGAAATTGGGTTATTAAT
TGGGGGCTAGAATGAAAAACATGCATCTCGTAACCAATGAAATCGGGCTTGTCTGAAGA
GCCTAGTAAATGATATCACGCCAAAATTGATAGGAGACAGACCTAATACATACATATACA
GACCCTGGGATGAGATTAATTCAATAGAAAAATTGCTGACTCTTGGGACCTTTCTGTGTT
TGAACCTGAAGAAGAATGTTGAGGGTCTAAAGCTATAGACAGTGGAGCATAACAGGGCAAG
AACTGTTTCATATCTACTTTATAACATTCACATACTAACCTTCTTCAAGATGGGGTGGGG
CGTCAGCCTACTGTGGCTGTTGAGCAAAGCATTCTCCTTTCTGGGCCTCATTGCACTA
AACTGACTTCCACATACAGGAGCACGAAAGGCACAGGAATGGATGCCAATAGACTCATT
GAATCTCTCACTGAATCAACCTTGAAGTGCGAATCCATGAGCTTTTAAACCCTGAGCAA
CCCCTGGGAGTGTCTTTTTGATGAGAAACCTGTGATGATGAAAAACTTCTTGGACCTGGA
CAGAAGACTCACAGAGAGAATCTCCGAGATGCTCTGGAAGAACAATGGCCAAGCAAAT
AGTGGACATTGTGGGATCGCTTTGAGGTACAAGGGCTGCAGCCTAATGGTGAGGAGATGA
AATGCAGGAATCCGTCATGATGTTCATTTTCTGGCCATACAGCCATGACTGAGATATGA
GGGAAGTATAGCTGATTTTAAAAGAACCTATACATTCAAGAACAATAAAAAACAGCACT
TATTTCTCTTCAGTTTTATTAGACTTCTTTTTATAAAGCAATAAATCCATTTTCTCC
TAAATTACCTTGTGTAAGTTATTTCTCCATCTTCTGATAGCAATTTCTGAATGCCTG
TTCTGGATTGTTTTTACATTCAGTGTATAATTTGATTATGCTGATTGGTTTTGGTG
TGCTCAATAAGCAAAAGTGGTCGGTGGCTGCTGTATTGGACAGCACAGAAAAGATTTC
CAGATTCTGAACAACCCCTTAAAAACAGGTCCAAGTATTGAACCATTTGAAATAAAGA
TGGGTGCGTCTTGGAACTTTTCTACACCTTCTCCTGGCAGCATGGTTCAAGATGAGGTG
CGTTTGTGGGGAGGAATCTGGAACTGTATTATAATAGACACCCTTTATCTGATATTAT
CGATGTTTTAGAAGCAGTCTTCAAAGAATAAAACACTAACCATGCATGTGACATATTGGT
TAGAATCTGCTTTGGAGATGAGAGAGCCTAGAAGGATGCCCAATGCCAGGAAATGAATA
GAGGTGAAAAGTGCCATGAAGAACTCTGGATGAAATGGGAGGCTTTGGCTGGGAAATAA
TTCCAACCTCCATTGCACTGCTTCCCCTAAGACTGTGACCTCCTGGAAGGCTGGAGCACA
GATTACCGCTCATGCTAAAAGTATGTAAAGATCCCATGTACAGTATGATAGTGTACTTTT
TAATTTGTGCTTAGGAATCTTCCAGGTAAGAAGAACTAGTTCCTCTAGTTGTTGTTTT
GATCAGCTGCTTGTGCTGCCATCTTATCCGCTTCTGCCTGTTCTGAGTAAATGTATACA
GCAGTCTTTGATCATGCCAGGGCTGATCTCCCAGTAAAAGCCCCATTAGTCACTTTGTA
TGAAAAGATCCTTTAGATCGACCACTTAAAATATACCTTAGGCCCTCTCCCCGCGGATG
TTTTCCATCAGTCTGTGGCCTAGTTTAAATGGTGGGAGGAAGGGTGTGAGATTTAAGGCT
AGGTGGAAAGCAATTAACACAAGAAGTTCTCGAAATGGGAGTTTGAAGACCTGGAATGG
TTGTAACCAAAGAGCTGGGAGCAGCACAAGGACCCAGCCTTTGTTCTGCACTTAATAAAT

GCTGCTTTCAACATTTACGTTTGGTTACAGTTAACTATTTTCGGAGTGTGGTGATTGAAG
AGAAGGAAACCTTGGGAGGAGGACATTACTGGTTGTTCTGGCTGGTTTGAAAAGCACAAA
TGTTCCGGAACCTCCAGTTGGCACAGTTCCACTTCACCAACAGAGACTGCGACTCGCTCA
TTTACTGTGACACTTTTTACTTTTTCAATAAACGTGACTCCCAGGTGAGGGGGCCTGGGT
CCTCGAAGGAAAATGAAGAAAAGGTGTGTCTGGAATATAACGAGGAACTGGAGAAGCTGT
AAAGGCTACTCCTCACTTGACCAGAGCCCTGATGAGAAGCCACTGGTAGCCCTTGACACG
ATTATTGAGACGTCAATGGGACGCATTTTTCTGTTGAGCTATGCAGTCGTCAAAACAGCG
AGATACATATTTATATAGTTCTTAACGGTTTTTCTCTGATCATTTCTCTCATTTTTAGA
AATCAAGAAAGACCTATCAATCTGTCAATCCTGTCCATGTCCGGGCCGGTCCAAGAATTT
TCTCCAATAAACACTCCAATCTCCACACACACATCCCCACAGGTGCTGAGAGGGGAGGG
GGTCTCTTGTGAAATCCGAAATTTCTTGGGTGAAAATATATCCGCAGGGTTCGGATGA
GTCTCAAGCTGTCCTTCCCTCCTAATTTTCTGGAATTTTGTGAGCATTTTACCTTCT
ATGTAGTATTTGGCAAGGTGAAAGAAGGCATGAAGATTATGGAGGCCATGGAGCGCTTTG
GGTGTTCAGCTTCAATTGACCAATCACATAACAGTTATATGTTTGGGGGAAAAGAAA
AGAAGAGAACTTGCACCACTCCAAGAAGTATTGAAAACTCACCTCAAAGACAGATAA
TAACCAGTCTCACACCTTACTAGACACAAAACAATTCATACTGGAGAGAAACCTACAA
GTCCCGCAGGGCCTGGCTGGCTTAGCAATCTGAGCCACCTTCTTAAAGGAAATACTAAA
GATGGAAATGTATTTCTTCATCCCCCTCTACTTCCCTGTGACCTCCTGCAAATAAGAT
TGACCTAACTCAGGGGTGAGCAAATAACACTCTGTGCGCAAATCTGACTACGATCTGTT
AAGATGCACTTTATGGCAATGCATACCAGGCTTTCACCTGCTAGAAACATACTTGTGCC
GTGCGGTTAAATTCCTACTTTGAGCAGTTTAAAGGAAGTTTTGCCTGAGGATTGCCTGCCT
TTTTGATGAAGGACGTGGGAGCTGCCATTTGGAGAGAAGTGTTTTTACAAGCATATGTA
GAATCCGTCATTCCCCTGTATACAACCTTTGGGTGTTATTACCAAAGACTGTCAGTGGG
TCTAAGAGAGAATGGAATGTATGGGAAAAGAAAGTTACTGGAATAATAGGACACGCTGT
AACATCAAGTTCAGCAGCCTGTCCACCTTCATCGCCACAAGAAGTATTACTGCTCCTCG
CTGTGCTGTCTCCTATGCATTGAAACCTCCACCGGTCCCCAAGCATGAATATGAGTAG
GGCAATCCTGATTTAAACTAAGACTGGCTTGTGGTTAAATGAATGTGTTTCAAGTTTTGA
ACCATCTAATATCTGTATCATGCTATTAATAGGCTGTGATGTTGAGTTTTCTCACTTACTC
TTTCAAATTGTGCTGTGATAACCCTGGCTGTCTTCTGCTCCCATAGTGGATAAAAGCGT
TATGATCATTGACAACTGGAAGAGGACATAAGCAGCTCTATGACCAATAGCACAGCTGC
TGTTCCAGGAAGAGGAAGTAAATCTGCAACCCTGGGGAGGACCCCAACTCACCTGGGAA
AGGTGCAACAAGTAGTAAAGAAACCTGGATATTCTCTACGCCCGCAAAGATTGTTGT
CCAGCACTCGCTAGCTTTCCTGACACCTGGAAGTGTGCACCTGGCACCAAGCGGAAAATA
CACCTCAAGCCTCAAAGTACTGATGCATTTGCAAGACTCATGTCTACAGTAGAGAAGAC
TTTGTGCGGGACATTTAACTCATGGAGGTGCTTTAGATTTCAACATCAGATGGTTGAAGC
TTATTTATTTATTGTTTTTGGCTTAAACTTGCTGCTTTCTTTTGTCTTTTATATAAAA
ATTACTGTCTGTGAGAGTTACTACTTTGTAACCTATGGTTTCTGCTTCAAGTATTGTGTTG
GCTCTTAAGCAAAGTCTGAGAAACAAGACAGTGGTTTGAATTCTGGGGCCTTTGTGTAG
CAAAGCATCCACCATGGTGGATGGACTGAAGTGTGTATTTTTCTTGATCTATTTTTTAA
ATGAAACGACGGAGGCAGCAAAAATTGGAAAAGAGAATGCAGGAATTTTCGGAGCTCAGAT
CTTACGTATTTTGTGTATTAGATTGTGCAGGAGATATTCTAGAAGGCATTAATGGTTTGC
CTGACTTGTCTAATTCATAGGGATGTGAGGTTCTGCTGAGGAAATGGGTATGAATGTGCC
TAATGGGTAAATCCTTTAAAACAAGGAGTTGTGGGGGAAGGGTGTGCTGCACTCCTAGA
TTTCAGTTGAAGAGGAGGCCACCAGACCACATCCCAAAGAAAACCAAGAAACACTTGGAA

GAGGCGGCCGGGGGCATTAAGTACCTCTGAGTACAGCAATAAAATAACCTGGGGATCTT
TTTTCTCAACACGGCCTCCTAGTCTCCTTCCCCTTGGGCATCTGTTTTCTTATATAGA
GAATCAGACTTTAAGCACAAGCAGGGAGGGAAAGCACTTGAGCAGTGCCCGTCCCTGCAT
GCATTTTCCGAAAGCAGGGTCAAATTGTCTCTTCCCAGGAAAAAGATTAAACTCCTTGCA
AACCTCCCCCTTATAAATAAGAAGAGTCATTCAGAAATAGAGTGTTGCAATGAAGTCCCT
GCAGAGGAAGAGGGGGTCTAGGCGATAATGTCTCTCAAGATTTCAAAGTCATATGAGAT
CCAAGAAGGCCTTGACCTTTTACGCAAGTGGGAAGGTGTAATCCGTCTCCACAGACAAGG
CTCTTCTCCCCATCTCTACCTTACCCCTCTGGGTAGCAAGGAAAAATAAAAATAATGTCA
ACAAGAAATAGGAGAGGCGAGAAGTACGGCTTCATCACCTACCGGTGTTCTGAGCACGCG
CTGGGGACCTCTCAAAGGAAACAGACCTTATCCTGACTTTTAATATATCAATGCACCGAT
AACTTGGGTGCAGACAAGACTAGGTGACTACCAAACCTCAACTGGAGAACTTAGCAAGGA
TGCCTGTTCAGTATCTCAAACCCAGAAAGATGAAGGAAACAACATTGAGCTTGTTTCAA
ACCAGAAATGCCAGACCAGGGTCCAACAGGGAAACTGAATGCCTAAGACATTCAATCATT
GGGAGCTTAAAAGATTTTACAAGACCTAATTTTGGGTTCTTCTTGGAGCCATAGTTAC
TGGCCTTCTGTTCTGTCGGGAGCCCTTCGAGCGCCTGGCATCGGCTTACCGCAACAAGC
AAGAGAAGCTCACTGCAGAATGGACTAGAAGCCAAAACCTATGACTTGGAGTTTTTACC
CCTGGGGGAATGAATCTTTCAGAGCCAACTAATGCTATGCATGCAGCTTATGATTTTTT
GAATCCTGGGCCTCCAGGGCCAAATGGTTCAAAGGAAAAGCTGGACCAAGAGGAGTGAA
GTCGAGACACCGACGGCGGGGCGCGTGCAGAACACGCAGAGCCGACCGCCCCTGAGCGAC
GCACTGTCTGAACCTGACTGTCAGGATAAACTCCGTGGGGGTACAGGAGCCCAGACAA
TCGCCAAGAACCTGGTTAGAGGCATAAAGACCTTTTTTACCCTTACCTAATTTTTTCCC
GGAGCAGGACTTGGGCTTAGGGCAGGTGGAAAAAATCCAGACTTTTTTAGCACTGTTTT
AATTTGAAGAAAAAATGAATGAGAAGTGGAAAGAAAGAACTGGAAAAACACAGGGAGAAAT
CTGTTAGTTTCTCACTGCTCAGCAGTTGCAGCAGCTTCAGCAGCAAGGTGAGGCCACAC
GGATGTGGGAAATGCTTTACCAGTGGTAGAAACCTTAGAGTACATCAGAGAATTCATACT
GGGTGATATAAGTGAAATGATGTTAACCTTGCTGAAACATTTGATGGTGTATATATGG
CGATTCACCAGCTTGCTTCTCCTGTTCAATCATTTCTTTGGAAGGCAGTGGATTTTTTCT
TGCAGGGCTACTTCATGCTGTATAAAAATGACCCTGTAGGGGCAATTCACAATGCTGAGT
TCACAGATAAAGTAGATCGACTAAAACCTGGCAGAAATTGTGAAGCAGGTGATAGAAGAGC
TTAATGCGATGACTATTTCATAGACTTTGATTTTATTTATAAGCCACTTGCTGCGTGAC
TATTTATTTTTACCTATCTCCTTCTGTCAAGGCAGGCCGGGCTCCAGGGCTCCCCTTG
GTCACCTCTTGAATGATAGCAGATCCTGTAAGTTGATGTATTAATTAAGCCCATAT
TTGCCCTTCTGGTAGACCTGGCTTAGGTCTGTCTGTGTTAGCTTGTTCCATGTTAAGA
AATGCTCAGAGAAAGCGAAAAATGGAACATGATGGTTCACTTTTTCAAGCAGTAGGAATT
TGACAGTAGTCAACCCCTCATAGAGAGAGTGAAGGACTGTGCGCTGATGGTGGAGGGCA
ATTCGGAGAAAACGTTTTGATCAAAATGGAGACTTTTGTAGTCGTTTCAAAGAGCACCT
AGAGACCGGTCTGGACGACACAGTGAGACCCTGTCTCTATCCAAAAGAAGAAAAAAGTTA
GGGCGAATTGTTTGACAAATGGCAACTGACTTCTTAGAATTTTGCAGTTAACAGTAGTA
GCCCTTCAAATTATCTTCTGCATGAGGTGGAAAGAAGAAAAGGCCACCCACTTTGTAGAA
GTCACATGCCTATACATCACTTATTATATTTGGGTCTGAAACTTCTCACATGTTTGGGAG
GTTTCTTATATGACCTTGGAAACTGAAGTGATCTTAGCATTAAACAAAAATGCTTTTTG
TTAATTAGAATCAGCTAGCCAGATTAGTAACCTCTTTGTCCAGCCTTGATTTACAGTGCA
CTGCTCAACATCCGGAGGGAATTCATTGAGAAATATGACAAGTCTCTCCACCAAGCCATT
CACTGGTCATCCCATAACATGTCCTGGGCTAATACATATCCTCAAATCGTCTTGAAAAAT

GGAGATGGCTGCTGCTGCCCATCATGCTACAGAAGATATAGATTCACTGGCTTCTACTAA
TGCAGTGGTGCCGTCTTGGCTCACTGCAAGCTCTGCCTCCCGGTTTACGCCATTGTCCT
TTAGGGCTAATGAGTCATTGTTCTTAATATCGTTTTCAATATGCCACAATTTAGGACAC
ACTTACTGAATGTGACATATTTATTCCTAGTTCATACCTTTGCACATGCCCTACTCTCC
ACTTCCCCTAGTACAAATGGTGCTTCTCCAGTGATGGATAAACCACCAGAAATGGAAGCA
AGCGTGCACTGTTTCGTATTTGGAGTTCATGCAAAATGAGTGTGTTTTAGCTGCTCTTGCC
AAACACAGGTATTTGTGTTTGGCTGTTGGTGCTAAGGAAGGCTGTGAAAGAAAAGAGTGG
CCTGCCCTACACACTCAGCATGGTCGCCACCATAGATTCCCAGCATGGCATTGAGAAGGT
TCTGGCTGGGTAGACTGAGACCTGAACGCTGAGGGACTTAGGACCAGCAGTGCCGTCCAG
GCTGAGACACCAGAGGAGACTTCAGCTCTTTTTCTCCATCACTTTACCCCATATTCACC
TTCTGAGGATGCCCTACCCTGTAACAAAGTCGTTTCTAATAAATTTGCTTCTTTACCCAT
AAACCTTCTCAGATTGATCAGAACTTGAAGGATGGAATTTTTCCCAATTAGCATCGGC
TCTTTGAAGCAAGGGAAGGAGCCCTGGATGATGGAGAGAGAGGTGACAGGTGATCCCTGC
CACAGCCAATGACTCAGCATCTTCACGTCACCTACAAGAAGGTGACCCCGTAAACCTAGA
GCTTGTGGACTACTATGTGAAGATACAAGACACAAATGTAACCTCTGAGGACAAAAAGTT
TGCACTTGTCACTTGCATTGAGTTCATGTCCCTTGAGAGTTTGTATAAATTCAGGTCAGAGCT
TTCTACCTCAGCATCACTTAAATGGTAGGTTTCTCACAGCATGACCCAGTTGTCACT
TAGCCTATCTTGCCATTTAGCCACTGTTACTGATAATTTGGATGGAAAAGAAAAATAAAT
ACAGAGATAACAGTTGCCTAAGCCAGCTCTTTCTCCTCTTTTTGATGTTCTTCTTTTTC
CAGTTATGAGGTGTATAGAAGTACTTTGACAGTATTTTTTGCACTGTTTCCTATCTGTT
CTACAGCCGGGGTGTATCAAGGTGAAAGGCAAAGGGCAGCTCTGCACCTACTTCTGAA
CCTCTTCTACTGGAAGCTGCTGGCTGTGCATGTGCATCTGGGTTTCATTATCGCCTTCGA
ACTCTACAGCCAGGCAGCTGGGATTCAATTCCTGCCTGGATCTCACGAGCACTTCCCT
TGATTGGTCTTTTCAGCTACTCTGAACAGATTACTAAGGCCATCTCCTCATCTAAGGG
GGTCTCGTCTGTGCGCACTCAGGTACCGACGACCTCCGCCAAGCCGGGCCCCCAGTCTAA
ATGTATAGGGCTAAATATATGCTTGTTCCTTGACCTGTGTACTTCCCCTCTCTCCCCT
TGAGTTAATCACAAAATTATGCCATGCTGGGGCTTGAGCTTGAGCTTGGGCTTAGGCTT
TTCTCCATTACATTCAAGCTGGTTTATGTCACTCCCCTGTGTTGTTACTTGTACAGCCAA
AACATCATTCTGACCGTGCCGACCGCAAATCTTCGTACTCTGGAGAACCCTGAGCCGCTG
GCAGATGTGTTACACAGCTTAGCTGTGTCTGTACCAGTTTATTAGAATCAAAGTATTTTT
ATGAGCGGATGGGCAAAAAGTTGACAGAGTTGTCTATGCAGGATGAAGAGCTGATGAAGA
AGAGTCTCCTTATTATCGGAATTAACCAGACAAATCACTCCACCACTAAGGCCATGCA
TGAGAAGTCAACCACATGAAGTTGTTCCGGCTTCAGGAGCCGCAGGGGCCAGACGGTCTG
CACTGTGGTATATGTATGCATATCATCTCAACCAATCCTTAAATCAACCTTATGAGATAG
AACACATAGAGCTGGAAGTGAATGGAAAGCAGTCACAGCTGAGTTTTCGGAGACCAAG
GCTAGGACACCTGTGGTATCTTTAATTGTATCTCCTTCAGAAGTTTGCTTCTTATGGTAT
TCTCGGGGAAATGGAACGTGACTGTTAATCGTTATGGAGCCAGTATGCTTTTGCTAGA
GGACCTGTGGACATTTCTAAAGGTGCACAACAATAATAAATGTGTCCTTCTTTGTTTT
TCTCAAGCTTTACCTTCTAACTTCTGCACCACCAGAAATTAATTGATGGGCTTTTAAAA
GTGTTTTGGAGTTTTGGCCAGTTGAGTTGAATGACACAGGATCTTACTTTTTCCAAATGA
TTATTGGTCTATCAATTTCTCCCGTCTCCTGTCCCAAAGTAATAAATCATGTTTAATAAG
TCAGGGTGGGGCAACAGTGGCATCAGGTGCGGGGCCTCAGGGAAATACATCTTTAGTGAA
TCTGCCTCAAATCTGAACAGTCACTGTAAATCATTCTTAAGCCAGATATGAGAATTC
GGCAAAGGTCTACCTACCACTGGCTATTTCAACCTGACCCAGGCCTACATGGACCTGGT

TGAAGGCTACACTTTCCAAGTTCAGGATGGGGCTCCTGGGACCTTTAACTTTTAGATCAT
ACTGCCTGCCTTTGGGGAAAGACCACCTTTGTGTGTTTGTCTCTCTCTTTCTT
TGATTGTAGCAGCCTCGTTAGTGTACCCCTCCTCCCTGATCTGTCAGGGCCACTTAGT
CGAGCAGAGTTTGGCGAGAGGTCTGTGGCAAAGTTGGAGAAAACCATCGATGACCTAGAA
GACGTTGAAGGCTCAAAGCTATACTAAGAAGCTTTCTGAAAGATTGGGCTTTAAAATAAA
TTACATGCTGCTGCCTGGAAGGGTTATGCAGATATTGTCCAGTTGCTTCTGGCAAAGAT
AAAGCCAAAGTTTCTGTTGAATTATGTTTTGACACACCCTAAGTACAAGGTGGTATGGT
GTTTGTGTATCCTTGCAGTTATGTGACTTAAAGTGACTCAGAGATATCTATGTATGCG
AACTCAGCTGCCACGGGTGAGAGAGCAGGAGGTATGAATTAAGTCTACAGCACTAAAA
CTGCTAAAACTCGAGGGACAAGGAACAGACTCATAAATTATTAATTGGCCTTTGTTTAT
CAGTGGTAGACTTGGGGTAACCTGGTGGCCCCCTTGAGATATCAGTTTCTTTTTTATC
TTACAACCACAGAAAGCACTCAACTGGTTTGACATTGCTAAGTATATCCTGTATACTTT
CAGGAGACAGAGTGGATTCCTGTATTCTCCATGTAGACTTCCATCTTCATGAGTACT
CCGTGAAATCAGTTTCTGTTGGTTGCGGTTGTGTTGGTTTTGTTTCTTTATAAA
AGCCTGAAGGTCTTTTTAGAAGGCTTCCTCATTTGGATATGTGGAATGAATTTTTTCATG
GGTGGTTTTAGTTAATTTTTCTTTCTAGCTCCCATCGACGGTCAGTGCGCACGTTG
AACTGCCCTTATTACATGGTCACAAATAAAGTTGCAGCTAGGAAAGGGATGGGCAGAAA
TGGATTTACAAATGAGAGCTCCTATCACAGAAGGGGCGGTTGTCACCATGGATATTAGAG
CTCTCAGGAAGGATGAGCATTGTTACAGCAGGGACAATAAAGTACAGAGATATGCCGAGA
TCAATCTTTGAAATGGGAATAAAACCATCTGCCTTGTCTTTCTTACAGGGTTTTTCAGAA
CACTGTACCTGACCTTTACAGTGATCTATAGATCTATAGATGTTTGTGATGAGTTAAT
ATCGTATCTGTCATTGTAATTGGTCCTGATAGCTTCCACCAGCTTAGCCAAAGCGCCTTT
TCTGACAAGAGCATCAACCCTCTGGGTGGCTTTGTCCACTATGGTGAAGTGACCAATGAC
ACAGATAGGAATTGAAGGCTTGAGAACTCCTGTGTGAATTAATCACGACCTTCTGATGA
ATGACCCTCTGTGTTCTTTTGGCAAAGGACTTGCTCCCATGTTTGTGTTCAATTGT
CTCCATTAGTGTTCAAAGGTTCTACCCATTGTGGAAGAAATTCTGTGTTGCAAAAATT
TTGGGCATGGACTAATTTGTATCTGTTTAACTCATATTCTGCACGATCTGTATATAGTAC
TATTTGTAATGACTTCTGGCAAAGCACGTGTCCTGGCCGGATGTAAGTCTCCTTTT
CTTAGTGATTGTTACAAACCCCTTATTGCTGTCTGAGAAAGTGAAGATTGTGTATTT
TATGAAGCCTCCTACCCTGGAAGATTACCAACAACGTGTTTTGTGTGGGTTTCCTTGAG
GTAAAATAAATACAAACAAAATAAGCAATAATCTACCCCTTCTTTCTCCTCTGGTCCC
ACGCACAATTTGAAATGGACATCTAATCCAGTGCAGATGACCTGGCATGTGGAGTTACAG
GACCTCATCTGCTTTGCTTTGGCATGTGAGCCTGCCTAAGGGGGCATATCTGGGTCCCT
AGAGTCAGGTTCCAGCTAGTTAGGGCTGCCAGCCTAGGGCTTTGTGCCTACACCTCACTA
AATGAAAATGAAGGGCGCCCTGGAATAGGTTGCCGAAGAGAGAGCTTGCAGGCCTCTGG
GACGTGAGGAATTTCTCCTGGGGCTCAGAATGTTGTGCTCATAAAACAACGATCATCGAT
ACCTGAAGAGCTTCAAGCTGAAAGGAATTTCCACACTGTCCCCTACATGGTCGGAATTA
ATTTTGTGGTACTACATTGCCCTGTTTTGTATATATTCTAATCTTTTATTAATAATTTGC
CCACCCACATCTTTCTTTGTCTATACATGTCTTCCATTTGGCTGTTTCTGAGTTGTA
CCTGTTTCAAATTGGTTTTAAGGCGACCAGTTTTCGTTGTATTGTTGTTCAATTAATGG
TAAGCAAACCCACACAAGTTGTGTTTTCTATGATACCTGTCTGTGATTTTCGGAGCTGGG
GCAGGTGAATTAACCATATTGCACACTTTTTCCCTCTCCTCTCTCAGTATTACTCT
AGTGAAGGAAGAGGAGGAGAAAATAGGATGTCTACAGAAGCAGAAAGACATTACCAACA
TTATCCTCATTGATCCATTCTATGAAGTTATCAGAAGAAATCCTGACACCAGTCGATCA

TCACATGGTGAATGACTACTAAGAGTAATGATTATATCACATTGTGAATGACTACTTGCC
ACAAGAGAACCCCAACATGCGGCTGTCGCAGCTGAAACAGCTGCTCAAGAAGGAGTGGCT
GGGGTCTGGCCTACACTGGTCTTCCCCTTCCCATCAACTCTTTCTGCTTGACAATGTAGC
CCAGGAAAGTGGGCAGAAGGGGGAAAAACAGCAAAGAGGGGATAAAATAGTTTTTGACTCT
TTTTTTAGTGTAGACCTAAAATTATTTTTGCCTATAAACAGTGAACCTAATATGTTTCTG
CTGCTGGGGACTTGGCCCTGCTATTTATTTTTGTATTTATGTCTTAATCTCTTCCACTGA
GGGCCGGGGCGGTGGGCACATAGAGCTATAAATAAATATATATATATATATATATATAT
AGGATTTCAAGGAAGTGTTTGTCTATTCAGGAAACAAATGGGAACAGTTGACTGGTTTAGT
ATATCCATCCTGTCGTAGATCTTAATGTTTTGATCGTTGCGTTAAAGTGGAAGTGCCAC
TGTTCAAGAGCTAGATGAAGTGCTTGTCTAGTACCTTAGCACATGGTTGCTGAATACAT
AATTAGAAAGAGATGAGTATTCTGAACATCTAAAAGGAGAGAGGGCCCGGTGGCAGCAGA
AGGTTTTCTATGACTCAGATGTAAAGGACTTTCTCTGTACAGTATATTATCCAATGCATG
GGCAGTGTATTTGTAATGGTACATAAAATGACGTCTGCTTTATAAGCATTCTCATTCCCTA
AAACAGATGCTCTCCGTCTCATCATAGTTGACATGAACTATAGTTCTGCTGGCTGTATAT
TTCAAATGCATTTTGGGGTTTTTAATCTTTGTGACAGGAAAGCCCTCCCCCTTCCCCTT
TTACCCTCAGGAGAAGCAAACTTCGGAAGACACTCAAGAGAAGAAGGAAAGGAGAAGTCT
AAAGATGCAGGTGCTCGTATCTCGACATTCATTCCCACCCCTCTTATTTAAATAGCTA
TGTATCTTCTCAATTTCCCATAAATGAGGTATCTTTTTGTACACCAAATCAAGGGG
ACCTAATTAGAGTGGGTTAGCTTAGATTGGTAGCTGCTGAAACTCTCGTTGAGTCAGGAG
TTAATAAAGCTGCTCTCTGACCCTCCGCGTCTGTCTGCTCTTCCGCGTCGCCATTCCCT
AAGAGCAAAGAATAATAGCTGGACAGAAGATGGGGTTCATTGAACCTATATCCTAGTTGC
CCTCCCCACAAAATAATAATAATAAAGGCTACACAGTATCTGGAATTTCTTGCTCAT
ATTTTTCCCTTCAAATAAAACACTAGTCAAGTACCGTTTTATCCCAGTCGTAATCTTTC
TACCGAGAGTTGCTGGTTCACCTTGACGATCCAGAGAGGGCCATCCAGGATGCAATTTTA
CCTTTGTGATCTTACATATGGGAGAACTGAGGCACAGAAATAAGTTAGGACATCCAGCAA
TCTGACCCTTTTCAAGAGGAAGGATGAAAACCTACATAGGAACACGATGTGAATGGAAG
CTTGATGAACTACCACCTCTGAACAATTATCTACATGTATTTTATTACAGTTGGTATGG
GAGAATTGGGAGAGGCTCAAATCAGCATCCTGCACCTAGTTATCAAACCATTGTGAAGTC
ACTTACATTAAGGACATGAACGATTAATAAGGGAGACCCCATCTCTACCAAAAAATAG
GAGCAGACAATAAATTGTATTCTACAGATATTCACCTACCACTTCCCATGTTGGGGCAT
CCTGTGTGAAGTTTGTTTTTCCAACCTGTGAAAGAAACGTGAATGTAAAAGAGACCTAA
CTGCAGTAATTATTAGTACCCATTTAATGGCTAAGTAATTATAGCTAACAGTGCTAGGA
CCAATTAACCTCTTTTCTTATAAATTGCCAGCCTCAGGTATTCTTTATAGCAGTACA
AATAAATCTAGTTGGTTCAGTCTTCTGAGTCCACAGATTGGAAGCAGATTGAGGAAG
AACGCTTGGTATTGGGAGATGCCCTCGGACCCTTACAAACACTCGTTGCCATCCCAGG
ATCTTGGCGGTGATAGTGCCTTACTTCTTCTGATAGGTCTTGCCTTTGGTTCAGGAAA
CCTCCAAGGCACTTACATAGCATATTTTTGTGCCACTCTTGTAGTCTGTTGTACCT
TTCGGCAAGAGCTGAACACTCTGGCCAACCCTTCTGGCCAAGTACAGGGACTTCCTGA
TCCAGAGAGTGGAGAGAGCAGGGCTAAATAAAGAGGAGATAAGGTGGCTTCTCACGGCCT
TTCTTCTGACACAGATTTTGAAGATATCGAAGGAAAAACCAAAAGCAAGGCAAAGGCAA
TTTCCATTCCGTGTTACAATGACAATATTTAATGAGCATAACCTTCTCAGTCTCCTGCTC
AATGCTATTCTCATCCAGCCATATTAGTCTTCTGGCTTTTCTTTAGCTTCATCAAATAAG
AGAGAAAAGTACAAGACAGAAATCTTCTAGCACTTTGTAAACACAGTGAATAACCTCTTG
AGAATTAAGGAAGATGAGCTAGGAATCAAGAAATACGCAGAACTGATTCCTGTCACTGG

GGTCTGCTATGATGCATTGCCATCTTGCTGCTTGACAATAGGTTTATAAATAATTAGAAT
TTTCACTCTGGCATACTCTCTCAGTGTGGAAGCTGCTGATTCAGAAAGAGATGTTCCAAA
ATACAGCAAAGAAGAGATGGGAAAGAGACAAAGGAGGGTCCACTTTCTTGACAGAGAAAT
GAAAGTACCAGGACGTCTATGTGGAGCTGAGCCACATCAAGACACGGTCTGAGCGGGAGA
TGGACTCTTAACTGTACGTGTAGTTTCTAGTGGAGAAATCAAGGCTCTGATCATTTTGT
GCCCCAAATGTAAGTGAATGATGACCAGGGATAACTATTTACTAGTGCTTTTATGATTTA
AGACAAAATGTACTTATCCATGAAGCTGAGGTTAAGAAACCAGTGTCTTCAAGAGCCAGG
GCATTCACTTCCAAAGTATCCACCACTAACTTCATAACATTTATTGTGTCTCTTCATCA
AATGCTGTTTTGAGATTCTGAAATTAATGAAAATACTTATTTTCAGAAATGCATTTAATG
CTCCCTCACCTGTACCTCAGAGGCCTTCTCCAGTTACTTCAACAAAGTCGGGGTGGCACA
GGAGAGACTTGATTTTGGTGCTAAAGTTCCCCAGTTCATATGTGACATCTTTTTAAAAA
GGAGACGTGGAATTGAGACTAATAACTTGGATGTTAACTGTTTACTGTTTTTTCACAT
AGAATATGGTACTTTTCACATAATACTATGAACCTGTTTCATATAACTCTGATTGACTAC
TCTGGACCCCATCTCAGGGCCTGCCCTTGGCTAAAGTCAATAAAGTCTATTCTAAGAGC
CGGGCCTTAAATCCCTCTTGGGAGATATGGGATGGGGTGGATCGGAAAATAAATTTTTT
ATCCAAAGCCATGCAGGATCACTCAGGATTTTCAGTTTACCCTCTATTTCCAAAGCCATT
CTCCAGAATGGTCTTTCTAATGTGTGAATCAGAGCACAGCAGCCCCTGCACAAAGCCCTT
GTCTTTAGCATGCACAAACAGTAGTTTTGTGTTTTGGCTGCTCTACTGTCCACTGCTAGC
AATCTTTTATTGTTTTTTTTTTTTCCGCGACAGTCTCACTCGTGTTGCCCGGCTGGA
TAGCAAATTATGTAAGCATGTGTATCCAGCGTTATGTACTTTGCGCCTTGTGACGTCTT
AACGGAGGCCGGGGACTACAAGCTGTGCTTTGACAACCTTTCAGCACCATCTCCGAGAA
TTTTCTCCCCTTACGCACTTTGAAACCCATGCTAGAAAAGTGAATACATCTGACTGTGCT
TTCTGACCTCAATTCTAAAGTAATTGTAGTAGGGAGCTGGAGGACTTTCTTTCCCTTTAT
CTCTGCTGTCACCACTTGGTCAGAAACTTCCAAACGCAGTGCCCTGTTCTGCCGGTGTGT
ATGAGTAGGGTGTGCTCTTCTGTCACTTCACACAGACCTTTTGCCTTTTTTAGCTGCAAG
ATCTGATCTTCCAGACTGTCTGGCACCACGAGTCATGTTGGAACCAGCTGCTGAGACCA
TGCAAAACACCGCAAGAAATGCAACAAGTGAGGAGCATTCCCGCAAAGAAAAACGCACA
TTGGACTTTCTGCTTTTATGTCTTGCTTAAGTCTTCTCACTCAAAGATCGAATGTATTA
AAGCAGAAATGCAGGTGTAATAATCAGCACTAGGACGTCAAAGCGATGGTACCACAGTCAA
AGAGCAGAGGGGACTGTCTCAGCCATGCAAACCTCATGGAGCATTTTGGAAAGTTAAAAA
AACTGGTTGACTACAAGTCTTGTGCTCATGACTGGGTCTATGAATAAGAGGTGGACACAA
GACTGGTATGTCAAAATCAAGCCTAACTGGCAGAAACCCAGAGGTATTGACAATAGGGTT
TTGGACTTTTATTTTGGCAGGCTTTTTTCCAGACTCTAGGGTTTTCCAATGTGACTAATG
CAGCATCATCAAGGACTTCACCAAGCAGAAATACCCGGAGCACGCCATCCACAAGGTGCT
ACGCTTATGGATGTGTGTACCATTGAGATGAGAATGGGTAGATGGAACGGAGACCATCAA
GCATGGAAGGTGACTACTCATGACTGCAACTTAGAGAACAAGGGTTATAATAAAAAATAAA
CTCAGACTGATTTACCTAGATTGTCACGGTTTCTTCATGTTAACTTTGCGTGACTTTG
TACTCACATTCCATGTCACAGAACATATCAGCCTCAAGAAGGATTTGGTGGAGGTGGATT
TGTGGCAGTGGTTTTGGCAAACGCTAAAGAGCCCTTGCCTCCCCATTTCCCATCTGCACC
ATAGTGTGTGTAGCTTAATCCTTCTGAAGTCTTTTTGTCATGTAGCTATTAATCTGTGG
TCTTCAGTCTGTGTGCTTTCAGAAAACCATTTTCTCTGCAAAGAAAGGAAACAGATTTG
TCCAGGAAATTCATCAGCGACTACCTCTGGAGTCTGGTGGACACCGAGTGGTAGCCAGGA
ACTTCTTTGTTGCTTTCTTTTCTATTGAGTCTGGGCTTGTGTTGTTACTGCATACTGTG
ATTCTCCTTCCCTTCAGGATCCGCCACAAACAGACACTTTTTGCTTCTTAAAGTAGGAT

CAAACAAAACCCACACCTGGATTGCCTGGTACTTAAATAAAATGCACTATGATGATTGAAG
CTGTGAAATGTTTTAATGAACCATGTTGTTGCTGGTTGCCTGGCATCGCGCACTGTA
TCTTAGCTTAGGAAACATTTGGTTCTTACCATCACAGCCAGGTTACAGAGGCTCTGATG
AGTCTTTTCTTTCCATTTTGGCTTTGGGGTAGTTTTCATGACACCTGTGTTCTGGC
GCAGGAAACCTCACCAGGAGAAACAATTTTATATGAGGGAATGACTCTCTCCTTTGCAT
TAGAAGAAAATGAACATGGAATAGGCAATTCACAGATAATGGCATTTCATCTGGCGAATA
ACTCCCAAGTGCCCCGCCCTAAATGTCCCCCTAAGTGCCCTCCAGTCTCTTCTGCTGC
TCTGTGCCTCAGTTTCTCTCTCAGGATAAAGAGTGAATAGAGGCCGAAGGGTGAATTTCT
CCCTGGATATTCGACCTCCCCTGAGGCCCCACCCCTGATATCAGGCCACGCCCTCCGAG
ATGAACTGGTAATGTAATTGCTGTTTGTGAGACAAAACCTCAGTCGTGATGTACAGGGAGC
GCATGCAGCATTTTGAAGGAAAATTGAAGACGTGTTCAAGAAAACATGAACAGAAGCAA
ATTGGTTGTTGTTTCATGTCCTACACAGTAAGAACAAGAGTATGTTAACCTTTTTGTCAG
CACCCCATGGAATTTTTATTCTGACTTTCTTCTGCCTGTGTGGCATTATGTTAAATAA
AGAAAGTGAGGCAAATACATCCAAGGAGATGAAGGATAAGACCTCTGAAGAAAAGATGCC
CACTGTGCTAAACGCCTTCCATGTATTCATCTCATTAGTAAACATTTCTGAAACTATTCT
CTGCTGCTGCAAAAGTGGAATGAAGCCAAAATGAAAACAGGAGAGAATAAATCTTCAG
AAATGGTTGGGTTTTCCAGTGGTAAATGCTATATAATAACTGCAAATAAAAGTTTTTT
ACTGCCCATCCCGGGTCTTTCCCTGATGGGTTGGGGCAGTTACCTGGTTGCTGTTTTAA
AAGCAAGATTATCCAGTGGGTAATGAGAGTGCAGTGGATTCTGTCAGTTCAAAAAGGA
AAGGACTTTGATCCTGTCCCCTTGGCATGCGGGAAGCAGCCGCGGGGAGGTAATGAATT
ATAATAATAAAAATGAAACAATCTGATTGGGGCATTGCTGGATCAGAAAATGTGTGAC
AGAATGTTTCATCTCTGTGGTTTATCTGCCGAGAATCTTACAGCTATGGCTGGTACA
CTTGATGGCTGAAGAGCTGCCGTTCTCTTTCACGATCCAGCCCCATTTCAAGTGTCTG
TGTGCTATAGTTTTGCTTCTGGTGTCTATAAATGCCACCTGGGCAAAGTTGGCTAAGT
CATTGCCAAACTCTTCATTTCCACATTTTGTGTAGGTGTCAGGGAACCCCAAACCTGGTGT
TGCAGCAGAAGAGGTGCTATTGGAAAAAAAGGTTGCACGGGAGTCATAACACTAAACAG
ATACGCAAGGGGATGTGGATACTTGGCCAAAGTAAGTGGTGGTAGGAATCTTAGAAACA
GTGCTACAGATACAGAAGAAGTCCATATAATGCTTGATGGCCTGTTACCTCCTGACACCT
AACGTTTGATCTGTACAAGCTGAACCCACAGGACTTCATTGGCTGCCTGAACGTGAAGGC
ACAAAGCCAGGCGCAATGGATAGCAAAGATGTGGAAGTCTCCTCGATTCAAGTTACAAGA
TTGGACATGTAAGAATTGGAGGCAAAGAAATGTGGACTTGGAGAAATCTGGGGCCAGCTT
AGCAGAATATAAAGAGTTTTGAGGAGACCTATGACCGAAAGCTCAAGAATGAACTTCTAA
ATCTGCTGCTCCTAGGGCCATGCTTGTATACATATTTAAATAAACATATTCATTTACCCG
AGTCTATCCTGAGGTGACTGTGTATCCTGCAAAGACCCAGCCCCTGCAGCACCACAACCT
GGAATGCAGGCCCCAGGACCTCCGCCCTCAGACCCAGGAGCCAGGCCCCAGCCTCTCC
TTGTGGGGTGCATGGAGGAATTGGGACCTGGTTATGTTGTTATTCTCGGACTGTGAATTT
GATTACTAACTCCAACACTCAGTGTCTCTCTGCTGAAGCGGAATATCTCCCAAAGAT
ACGAGCAGTTTCTCATTACTGTCTGTGGCTAAGTCCCCTCCCTCTTTCCAAAATATAT
GCTTGTTTTATTAATGTTAGCTTGTGACAGCAGGAGGCCACTGAGAACAGCAGTGTGAT
ACAACCATTTTTAAAAGTGGAAGTGCACAGGATTACCTCAGCCTGCTAAGTCCTTCCAGC
TCTGCAATGAATCCCAAAGTATGTAGTTGAGCTGACTGCAAGGTGCTTGAGATGCAAGA
GGGGTAAAAGTGTGCTGATTGTCAACACAACTGGCTTAATAATATTAATAAGAACCTG
TTGAGCCCTTTGGTAAAATTGATAATATTGTCCTGATGAAGGACTCAGATACAGGCCGCT
TTTCTCTACTTTGTAATTTATTGATCAGTTTCTGTTGGGAGACGGGTGTCCTTTACCCGC

TTAACCACAGTGTTGAACTCCAGAGCCTCAGTAAACCGGACCAAGATCTCATTGTGATG
ATTTTACAGCTGGACCTAGTTTACAATCTGTTGTCTCCAGCTCTGCATATGTCTGGCCA
ATCCTGATTCATCTCTTCAGCATAAACTGTCTAGGGGCCACAGTGAGTCAGTTTGTGGA
CAGCTTGAGCAATATAGTGAGACCCTGTCTCTACAAAAACAAACAAACAAACAAACAAAT
GTCTGGAGCACCCCTGAAACTGTATCAAAGTTGCACATATTTCCAAACATTTTTTAAATGA
GGTTCCCTGTCTGTCTGTGTTAGTAGAAAAATAAAATCCTATGAAATCTGAGTACGTTG
TGTAACCACGCTAGGAAACTTAGTGCCCTTCACTCTGACCCTGCTATGTTTTTGTCTGT
AGGAAGCTATCCTGAACGCTTAGAGACTTTTTCTCATTACTGGCACACCAGCTTTAGAGT
CAGAAGAACTGCCTAACTGAATCTTTCCAAACTGCTGACTCAAAAATTTGTATGGTATA
TTAGTGTATTTCTGAGTATCCTGTTTGCATTTTTTATTATTGTTTTAAAAATATCTCTTT
ATTAAGTGGCGTTCTGTAGGTCGGCACAAAGTCGTGGCTTTGCCATCTGACGGAGGACGC
TTTTTGCAGGTCTGTGTTTGTCTTGGAGTAAGGATTATTCTCGCTTGTGGGGTCATGGT
ATCTCCTATTTTTGGCTTCAAGATTTTTGTGCCAACCAAGTGTCTTTTTCTTGGAGCCATC
GAAGAAACCTGCTTTGATGGTTTTCAAGCCTGAAGCTCCTTCTCCTCCAGCCCCTGCCAC
AAGAAAGATGGGGCTGTTGAGTCTATCTCAGTGCCAGATATGGTGGACAAAAACCTTACG
GGATTAAGAGGCTGAGAACTCATATTTCAACCAATCCAGAATTAGTTTTCTTAGGTC
GTCGATTCCATTAAGCAATACTAACTGACGTTAAGTCATGATTTGCGGCCATAATAAAGA
TCACCATGGCAAACTGGAAGAGTCTACGTTACCCAGCATGCTGTTGGCATTGTTGTAAA
TGATGGCTTCGGCGGCTGAATCTAAGAATACGCGGTCTCCTGAGAACTTCAAAAAACAA
GTATATGGCTTTCTTTTGCATTTAAGGAAGATACTTGGAAAATTCTACTCATGGACTCC
GGCGTACCTGCGGAACCGGAGCAAGCTGTGGGAGATGGACAATATGCTCATCCAGATCAA
GTGGTTTTAAAAGTTCCTCTCTTTTTGTAATTTATGTTCCAATTGAGTGTGAATGTCC
CATCCTTTCCGGAAAGACTTTCTCTATCTGGCTATGTTGAGTTACGTTATGATGATGAA
TCCTCTATGAGGTTACGTACCGGAGCCCCTTCGACACCGAGTGGCAGTCCAAACAGGAAA
ATATATTTCTGGAGAAACACCTGGAGAGCTTTCCAAAACAAGGACCAATTCGCCACTTCA
CTTGCCTGTATGGATGCTCCTCAATTTATGATAGGGTTACATCCAATAAACTTATTTTA
TATGGCTTATGGGTTAATAAATGAATTCATGGACTCCTGGACTACTTTCATTGATGACCA
AAGGGGGTTGTCCACGAGGAACAAATTGTACATTTGCCATTCTCAGGAAGAGCTTGAAA
TAAGTGTGTAGATTGAGCAGGTAGTAATTGCATGCAGTTTGTACATTAGTGCAATAAAAG
GCTCCAACATCTCCTTGTCTTCCATATCTTCCCAGGTAATAAAAAGAATTATTTAACTAA
GGATCTGAAGACATAGCAAAGGACATGGAAGCCTGGAAAGATGTAACCAGTGGAATGCT
AGCAGACTCAATGGCTTCTCTGGCATATCTAGTATTTGTACAGGGCATCCATATTGATCA
GTGACCGACGCGGACAACCTGACCCGCCAGGCGGGAGCGGCCCCACACGTGTTTGCTAAA
ACCCTGAAGAACAGAATTGATTCTTGCCCCTCTCCTGTGTGAGCTTGGCCCCGCTCTT
AAGAGTGGATGACACAACAACTGAACACAACAAAGAAAAAACAGAGTCTGGGACTCATC
AGGAGGTTTTAAAACCATGTTAATTCCTAACCTTTTGTCTACCTGAATAAAGCAGAGTC
TTTTGGTTCTTTAACTTCTGCTGTTGGGGCCATGTGCTCAGGAGCTTTCTTCATTCCA
AGTTTACCAAACAGGCATTATGTTCTGGGTCCCATTCTGTGTCTGGGTTCTTTTTCACTC
TTGGACTTCTTACCCGAGGGGGTGAACAAAGAGAAGATCACACCACTCACGCTCAAGGAA
CAGTCTAGCCTGGATGACATATTTTTCGTTTTGAATTAAGCACTGGCTGTGTGATTTT
ACATCCTCGGGCTCAGGAACAACATCTACTGCATGGCCAGCTGCTGGACAACCTCAGACA
AAAGCACCGAGGGGTTGATGGCATTCTTTCCATTCTAACTCCACGCAGCCAATCGCT
TCCACCCTCTAGTAAAGGGGAAGAGGCTGCTGGTTATGCCAGGAGTCTCAAAGGGAGGA
GGCTTGAAGAATATTCACCTGAAATATACCAAGAAACATCCCAGCTTGAAGAATATTCAC

AGTGATAAAATAGATCAAGAAGATCAGAACAGGCTTAAATTGATGCTATAAAACCAATTA
CTCTGCATCTACTGGACAAAGTATTATGACTTTAAAACCCCATTATTGAAAAGTACCTG
GGAAGGAAGCTTACAAATTCATCTGGGGCCACCAGCTTCCGGGGATCCGGTGACTTTTAC
GGACCCCATGGAAAAGATGGGGAAGAGCAAATACATGGAGACGACGCACCCTCCAGGAT
AACTGGAAAAGTGGCCGTGTGGGCTGGTGTCTTTGGTGATTTAATGAGTAAAGTCTACAAC
ACAAAAGAGGAAGCAAAGCACTGAACACAGAACCTGGCAAGCTGTAATCATCTGGCACAT
CCTCGCCTCTTCCCCTAACATCCCAGACTTTAAAATTCAGTAAATCAGATGTACACCG
TTTCTCCAAAAGGCAAGGAGCAGAAGACATAGACGTTGAAACAGAAACAGAAGGATGAAG
TTCCCAGCGGCAAACAGAAATCCCTTTTGAATTTCTCTGCACTTGAAGGGTAACAAAG
TTGGACTAACTGGCACGGGGCCTCTCTAGGGAAGTCTGGTTGTAGAGCCTGAATAGGCTC
GTGATAATTTCTATCTACCTCATAAATCTTTACATTTCTTCTGCAACAGGCCCTCTTCC
AGAGAGAATACTGGGTCTGTAGGAAATCTGCAAAGTGGGAAAGATACTTCTGGGCTTGGT
ATCAGGTCCCAGCCTCTTTTTGTGACAAGGACTAGAGGGTTTGGGTCTGCAGTGGGCTGG
TCTAATACCTTCCCTTGTATTTTCAGCATTACCATCTATACAGAAATGGAACACTGTATC
ATCTTCCTGACTTCTTACCTTTAACATCCCTGTTAAAGATTACACTGTTGTTGTTTCAGA
TTGATATGGAACAGATACCCCAAGGTTTAAATCAGGTTTCTGGACAGATTTTGCCAGCTT
CTTCTAAAGACTCTTGGTATGTGAGGAAGAAACCTGGAAGAGGAAGAGGAAAGCAAAGGA
GTCCATCATTACATATCTGTGGTGTCTGGCTCATTCTGCTCGTTTTCTGTCATTTTACCT
TGCAAAGTTGTTGGAGCAGTAGGGTCTGATGAAAAGGTTGCCTACCTTCAAAGCTTGG
CTCCTGTCATCGAACGTTTGGAGTTCTCTCTAATGAATTGAGACCTGCTGTTGGTAATG
TCCTTGGCCATTGATTACCATGGCAACAACACCAGAGGTAGCACTTCTGAGCCAGATCTG
CATCAATGCAAATATCATCATGCCTGAATTTGAAACCAAGTGAACAATTCAAAGCCCAA
TCTTGGTCTGACCTCTGAAAATGTGGAGATCTGAAAATATACAGCAGGTCTTGCACAGTT
GGCACAGAACGAACGTTGTCTTCACATGTTTTTACAAGATGAAATAATAGATAAAAGCTA
TGGGATATGGGTGGGGAGGCTATTTTAGATATTCTTTTAGCAGTGTAGAGCCTAAGAAAC
CTTTTAAATAGTCTTCATTGCCAATTTGTTCTTGTAGCAAATGGAACAATGTGGTATGGC
AGTTTTTCCCTTTTGGCGGCCTCTCCAGGCCCAGAACTTCTCAAGTCGGCCTCTTTAGG
CAGTCCCACAAGTTGAGAGAGTGTCTCCCCCTCATCATTTTTCATAAGGAACAGACTTAA
CCAGTTTACATTTGGTCTTAATGATCTTGAATAGATCCTCTCTTCAATTTACTCAGCCAG
GAGTTCTGCTGCCGTTACCATGTCTCCAACCACCGGCCTTCTGCTTCCACCAGAAG
TAACTTACTGTGCTGTCTTCTTTTTTGAACCTTGGCTCTGACCTGGCATCGGAAAATGG
CTCCCTGCAGGCGGCTGGCCAGGTGGGCAGGTGCCAGCCGGAGCTGTAATAGAGCGCTG
CTTCTATTTCTTACCCTAAATTGGTTTCTTTTTTCATCCAGAAGTTAGAACTCCCCAGA
ACTGATATGTCAAAAATTAAGTGTAACTGGCGGAAACCCAGAGGTATTGACGACAGGGTT
CATACTTTGGTTGCTTACAGACTTTATATATTGTTCTTAAAAGTTAGGAAAGAATTTCATG
TTCGGACCATGATAAAATTCAGACTCTCGGTAGTTTTTGCCTTCCAAGAAGTAGAGCCT
TAAAATGTATAGAGTTTTCAAGAACTGCGTTCTACTTCCAGAAGATGGTCACTTTAACC
AGCACAGAATTTTATGTGAGGAACTCAGATTTTTGAAGACTTAACAATTGCAGAGAAAGG
CAAATGCAAGGATAATCTTACACGAGTCCAGGAGGAAGGCTCATTCCACACTAAGTGTT
GGGAGAATCCTTATTCTGGTTAATCACTATGCATATTTGAAATAAAAGAAAGCGTAAGC
GGTGGGATTTTTCTTTGCCATTAAAACCAGAATGTTATTTCTTCTTCTGCTGATAATG
ACTTCCCTAACACAAAACCTTTTGACAATACTGTGGGTGCCTACCGGAGCTTGTGAAGAA
ATGCCTGATCTTGGCCATGTCATGCGCATCTTGTCTGCAGAAAATATCCCAAATTTGCCT
ACGATCCTGAGTCACTGTGATCCCGTCCAGTCCCATCATTGTTAGCCGACATCCAGAC

GAGCCACTGTGCCTGGCCTTAGCTTTGATTTAGTATCCAGATGATAGATGACACTTTTTT
AAGTTATATATTTTGTCTACGATGGGATTATGCACTTCCAATTGGGATTTTACATCTGG
CAATATGCAGAGGATGTACTCTCTGGAAAGGTGTGCGTTGGCCGCTTCCTGGTGAACCTG
GCTTACGAGTATTTTATTATCTTGTCCAGGACCTGAAGTGTGGTCTTCAGTCTTATTG
AACTTTTTATTAAGTGTAACTATAGAAACACATCAATGATTTTTTACAAAGTGGAGCACG
TGAAGAGGCTTTTATTAGGCACCCTGTATCGCTTTCAAAGAAAAAGTCACATTAATTCC
CTCGAGGCCTGCTCTGTTACCTTGTGTGCTGGGAATGAGCTCTTCTACTGCCTCCTCTA
AGCCAAATGAGGCACATAACCGAGTCAGTAGTTGAAGTCCAGGGCATTTCGATACTGTTTAT
AAATTAAGGAGAAGACCTCACTAAAGCCAGAAAAGCCCTACAGACCAGACCCTGTGTG
GCTGACCAAACCAAGAAACTTTCTTTAAGTTGTGTTAAAGAGGAAAGACCTAGAATCC
CGTCCATTTACCCATCTCTGAGAGAAATGCAAGCTTTAAAAAAGGAAATATTTACTATGG
ACTTTAGGAACCTGTTGGGGAGATGAGTTCGTGGGGTCAGAAAGAAGGGAAAAATCCTTT
GAATGGATTGTGGATGTGTTTGAAGGTAGATTTCGATGTGAAGGATGAATCTGGCTTGAC
AATGGGGACTTTGAAGCCTACACAAAATCTGTGACCCAGGCCTTACTGCTTTTGAACCT
GTTTAGCAAAGTAGACAGCCCTGTTCTTTGGTAGACTGGGAATGTAGAGCTAGCCAACAT
ACGTGTCTTAATGAGACTACAAGAGAACTGAAAGGAGTGAAGAAGGCACTGTGCTCAG
GGTACAAGACTTGAATTGTTTAGTTTTAGTCTCATTGGATTACACTTCAAGATTAACCC
ATCCTAACGTGTATGCACCCTACAGCAGCAGTATTACTCACTAGCCACAGAATACCTGTT
CAGGAAATGCATCAAAGACTTAAAGGTAAGATTACCCCTCGTCACTTGCAACTTGCTA
GTGGATGGATAAGGATATTTCACTGCAACAATGTCTTAAATGTGAAAATGGAAACAACCTA
CAGTGATCCAGATATAGAGCCGTTGCTCTTCTATAAGTGAATATTTTGATTCAA
GGAGAGGAGGCTGCAAACCCTTAGCTGCTCTATAAATAATCATTGAGGCTTGATTGTC
GCATCAAGAGTCAAGTTGCTATATGGTCAAAGGTTAAATTTATCTCTAAAAAATGGCAGG
TCTGCCTTGTGGCCACAATGGCTTTGATTATGATTTCCCCTGCTGTGTGCCGAGCTGC
CTCTGGACCGCCTCAAGGTGTTTACTGCATCCCACCGCCTTACGACAAGAAAAAGCGGA
GCCCTGCAGGAAGTTTCTACTGACAGGCCAGTGCGACTTTGGCTCCAAGTGCAGATTTT
AATATATTGCAAAGTCTTGGCGAGGATAATCCAGGAAGTTGCGGAAACCAACGGTAGTC
CTCAGGCTGTAGAAATCTTATTTTGTGGAAAGATTTTAGAGAATCATCAAATAAACTTT
TGCTGACATCTGAGTGCACACACCACAGTGTAAATTATGCCTTATCAGAATCTAAATGAA
CCTATGACCTTTGGCTGACCTTACCGGAAGCCATGACGACAGCAGCCTTTTGCCATTAG
GTAGACATCTTTATTGCTTGGCTAAGAGTAGATTTAATAAATGTATCTGGTTTCCGTGGC
CTACACACTTGTATATGCTCCACACTGATTCATTTGGGGCAAGAATAAAGATTGATGA
GTTCAAGAAGCAATACAGTGTAAATGTCACTTGTGCTTTAAATTAGTCTGTATACCA
CAGATGAAATATTCTTTGGCATACTTTGTAGACTTTGACCACTTAAATACTAAGTGGCC
TATGTGGCAAATGTTACAGAATCTAACTGGTGGACATGGCTGTTTATTGACTGTTTTT
CAAAGGGAGGAGAGAGGACTCACTGGTCAAGAGTGTGCGCTGTGACACAAGGGCCATCAT
TTGGCTTCATATCTAGACTAACACAAAATTAAGAATCTTCATAATTGCTTTTGTCTCAGT
GGTATTCTGGAGATTCCAGAAGGCAAGCGTGAGCAGAGAAGTAATGATGGAAGAAATAA
GAGTCTGAAAGTGTGACTCTCATGTCACTGATTCATTTCTGAAGTGTAAATTCAGAATA
ACCATTTGTAAGAAAGCCAAAAGACTTTTGCCAGATTTTATTTCCCCTTTTTCATGTAC
CTCGAAGCAAGTGTATAATGCCCCAAAATCACATTTAGAAGTCATCACTTCAATAAAA
CTGTTACAGATCGGAAAACCTCTGATTGAACCATTCACTTTATTAGCCAGTAAACTTTCTC
AAATTGCAGTAGCTTGAGGTTAACATTTAGACTTGGAAACAATGCTAAAGGAAAGCATTGG
GCATGAACTTACGTCAAGAAGTGAGATTGGTGAATAAGTGAAGACAGAAGGAAAATTGG

ACAGAGTTTGGCGGCCTCATTTACCAGAAAGTGAACAAGAAGTTGGAGACTGCTGTCAAT
GTCTGAGCATCACAATCACGTTACCATATCAAGCTGAAAATGTCACCACTATCTGGACAG
GTCCAGGAAGGTATCTATGTATTTTGTATGCAGGCTGCAGTACTTGCACATGACATAA
CTTAGATGTAAAACGTCTCAGACAGTTACCAAAATTATTTAACCTTTTAACTCCCTGCC
TCTGTTTTTCCAGATGATTCTGTCGTAAAGTGATGCTATGTTGTCGTTACAACATCAAAG
CATTGACCCATTGAGATACTTTTTTGATAAAGGTCTTATTTCGGTTCTTTAACGATCTGGA
ATCCCAGAAGTTAAGACCAGCCTTGGAACACAACATGACCCTGTCTCTATAAAGAAAAC
GGTGAGATGCTGGAGCTTTTTTCCGCTCCTGATTTCACTTTCTAAATATTTACTTTTACT
GATCATCTTGATATACTTCTGCAATTATAAGATGTTTTTGTATGATGAGAGCTTTCCTA
GTATTCTGTTTTTCCAGGCTTCAGCACAGAAATACAAGTACTGCATGTTCTCACTTACAT
GGAATATACTGATATCCAAGGACTAGAATGGAGTGGTAACTTTTCATTTTACAGCTGCTCC
ATCTTCATGTACTTGAAGCCCAAGAGTAAGGAAGCCACATCTCTGATGAGGTCTTCACA
AAGCTTATAACTGGTCTTCAACCTTGTCTAAACATGAGAAATCATGCTGGAAAGAAACCC
TGTGATGAATGTGGTAAAGCCTTCAGCTATAGGTCATACCTCACTACACATCGGAGAAGT
ATTTTGGCAAGTGTACATGGCTAAGAACAAGTGGAAATCAGAATCAACTTAAGTTTGCTT
TTCGCTGGTATTACATCTTTTTAAAAGCCTATTATAACATGGTTAGCCTATAAGGCAGTG
AGCCTGGGCCCCTGCCCTGCAAAGACCCCCGCCATGTTGAGTCACCAGCAGTAAACTCTA
TTCCAGCCAGAAGTCCCTGCAGACCCAGGTCCCACGGTGCCCCGGCCCCACGGTGCCCA
AACAATTACATTTGTGGTAGCTTGGGGTTACCTTCAGCTTTCAAATACCCACAGGCACGC
AGGGAAATTCTCAAGAATACGCTCTACAAATCTACGTGCGCATCATTTTACCTCGCGTC
ACCCACGGGGCGCTCCAGATGCCCCACCCACGGGCGCTCCAGGTGCCCCCATCAGG
AGAATGCGCTGGGTGGTGAGCCTGGGGACGAATGCAGAGCCCTAGGTCTCCTCTCCAGAA
GCAAGTCCATCTACGGGGAGAAATTTGAAGATGAGAAATTTATCCTAAAGCGTACAGGTC
CGTGGAGTCCAGCACATCACCCAGAAGGCAGATGTTCTATCTCCATTTTACTCATTAAAA
TGCCAAGGAGGAGAACGTTCGAGATTCACCAGACCTTGGACCAGACCCTGCTGGAACCTCAA
AGAAAAATGACGTAACCACAGCGTGTACTATGAAAGCTGTTATTTAATAAAGAACGCTG
GAGGTGTTATTGTTTTCTGTTTGTGCCAATCATTTGCTTAGTAATTTCTGCTGGGTTTTT
GAACTCGGAGGTGAGCTCCTCTACCACTCTCTTGAATAAAGCTTTTTCTACCATTTTAA
TGTTTACCTTTATACCAAGAAGGTTGGGAAAGCACCAAAATCTGCATGTGGTGTGTGCCC
GCTACCATCACCGCACTGAGATCAACAAGAAGATTTATAAGATTGGCCAGGGCTACCTTA
AGCTTGGACGACATGGGATCCGCTGTAACCTGTCTCCCAGGGTTCATTGCAACACCCA
AATTCAGCAAGATATGTGATGGTTCTGAGAATGAATTTAATTGAAATAGACCAGCAGACC
CACTGCCAGTGCAATGCAGGCAGCTTCTCAAGCAGGTGTTCCATTTGGTTTAAAAAATA
TACTCAGGTGCTTGTCTCATCCATATGGCCTGGTGCAGCCTTTCATGTGCATCCCCAG
CAGAGTTAACATAATTGACTACATCTGCTTCTATGAGCTGCTGTTCTAACATTTAACTAG
GATGTGAGCTGGTTTTTAGCTCTCAAATGTTGTCACTTAAATAAAAACCTTCTTTGCCTT
CCTTTTGGGATGTGGGAAAGGTTTGGTGGGAGTTGTTATATTTATCTGTAATATTTCTT
CTTCACGTTAGATTGCATTTGGAGAATTGTTCCATCCTTGAAAGAGAGAGAGAAATAAAC
AAGAACCCCCAAAATGACTTTGAGGTGCACATTGTTCAAGTGGAGAATGATGAGATCTAG
TTCAGTTGTCCAGTGACAAGGCTTGTGCATACACACCACTTTGTTTGTCTCATACT
CCTGTGCCCCCACAGATGACTCCAAGGAAGCTCAGATGCCTGCAGTCATTAGGTTTTAG
CACGTTTCTGTATTTAAATTATTTGGTGATCTCAATACTGGTTGTTAGCCAAAGTACAC
ATAGTATTCACCTGTCTTTATCAAACCCCAATTTTGTCAAATATTAATAAATTTTGCATT
CTGAAACCATGATGTACTTTTTCATACATGAGTCTGTCCAGAGTGCTTGCTACCGTGTT

GAGGGATTGACATGTTTCAACAAAATAATGCACTTCCTTACCTAGTGGCCCTTCACACAA
ACAGGCTGCTAGAACAGCCCAGCCCTGTCAGTGTTGTGATCATGGTCCAGTCTTCGGGTT
CGGTCTCTAGCAAAGATTCAGGCATTGGATCTGTTGCAGGTAAACTGAACCTAAGTCCTT
TTCATAACTTTTCGGCGAGACGTGGTGAGCCTCCTGGTGTAGAGTTCTTTTGTCTTTGTAT
ACTTCGTCGGCAGATCTACAAGGAGCTGTGTCACTGCAAACCTCACTGTGTGAGCCTCGTA
GTATCCTTGGAGTGTTGCTGAAGTTGAAAATGGTGAACATTGTGATTTTACAGTTTTAAG
ATATGTCTATATATATGAGGAACCTTGTGTTTTTAAATGGTGGCCAGGTAGAGGAACTAG
CCACCCAGTTTGGTGCCATAGGTGGTAGGGGTTTCAGCCATGGATGGTGATTTAAGATGAG
GAAAAGTGATGAATACAGATAAGAAGCACAGCTGGTGGAGGCTCATGTGCCAGTTTACTG
CTGGCCTTTGAGGAAGTACTTATGAGATGGGTGTCACTGTCTGAAGGTTCTCCAAATTGT
CATTACTTGACTCCTTATGTGCATGGCAATGTATTAATAATGTGGGATTTCTATTACCGTG
CCTAAGAAGACGGAGAGCCACCATAAGGCCAAGGGCAAGTGAATGATTACTAGTCAAAT
TCAGAGTTTGGTTCCTGTTCTGTAGCTTCCATGACAGTGATTCTCTTTACCCAACCTCAC
ACAAAAGTGAGAAATCAATCCTGGAAAAATGTCAGAAGGACAAAGAATTTGATAAATGTT
GGAGGATCAGAGCCCGACGGGCGGAGGCAACCTTCACCGTCCCCCTCGCCGCCATCTT
CTGTGAGGGATGTTTGGGAGATGTAAGAAATGTTCTTGCAGTTAAGGGTTAGTTTACAAT
ACAAAGTCAAGACTTCAGCCTAGATTCCAGTGCAGGAAGAAGAAGGACTAAGGCTATTTGT
AGGATCTTTGGGAAGCCAAGATTCTGCTCCTCTCCATCTTCGGAGCTTTCCTGCTTCTGG
ATAAGGAATCAGAGGTTGAAGATGTTGAAACAGACAGTGGTAATTCACCTGAAGATTTGA
AATCACAGCCTGTGAACTGGCCAACGGCCATGTCCCCTTTAAGGATATGCCTGCCACCCA
GACAATAAAAGGATGGTGTCTAATTAGTGGGATTGAAGGAAAAGTAGTCTTTGCCCTCA
CTGATTTTCAAGGTCCTTCTAGAACTCCGGCACAAGGTTCTTTCATGTTGAGTGTTGTTT
GGAAGGCTTCTAATCAACCCTGCCCGAAAGAGAGAATTAATCCTTTGCCACCTTTTGA
ATCGGGCCATTGGATTTTTTCCATTATGTTTCATCACCTTATATCATGTACCTCAGATCT
AATCTTCTGAACGGCATAAGTCCTATTTTAGCCTTACCTCCTGCATTTGCAATACGTAAT
TGCTGGAGGACCTTTACAGCAGATGAAGGCCTCTCCCCAGCCAGAAAAGATGGAGCACA
ATTTAGCATTTATATATTTGTGTATGGAAAACACTTGATATTTTATCCCTGTTGCATCTG
CCTCAGGTGGGAGTTTCGGAAACAAAAGGGAAATTGATTAACTTGTATTATACTGGA
AACCATCTGTCACTACTTCATGCGCCTGCTGAAGGACAAGGGGCTACTCCTGCGCTGCTA
ATCTCAAATGTCATTGAGAATGGCCTCCGCCACACCTTTGGAAATTCAGGTGGAGAGAAA
GGAATTTTGTGAAATTATCGAAGCTGATGAAGTACTTCTTTTTGAGAGAGCTACTTTTC
TACATACCAGCACCGACCCCCAGGACTGGCTTACCCAAAAGCAGACCTTGGAGAACAGT
CGAAAAACACGGATGGGATTTTCGTTTTACCTTAAAGCATTAAAGTGCTTTAACTGGTAA
GGAGATCCAAAGAACTCATTACTGAGGACTTTGTGCGACAGCGTTACCTGGAATACCGG
AGATTTCTCCCTTACTATTCTGCTCATTGTCTTCTGTGGACTAATACTGAACATGAAAC
GGAGATTTCTGCTCTGAAATGTTAAGCTCTAACTGATCCATTTCTGTGTCCTTTAGCCT
CTGAATCTCATTGAGGAGTTCACCTTGCAAGAACATTCTTACAGGTTGCCCATGAGGAA
AACTCTCAGGTGTGATCCAATTTGAGTTCATGCAACCCTTTATTGGTATCAACAGGCCCT
TCCATCTGAACATTTGTTTCTTTTCTTCCGTCAGATTTTGGAAAAATTCTCCTCTCC
TGGGCCACCCAGTGAAAGCAAAGCCTGGGAATCTGCTCATTGTTGTTTGGGCTCAGGTAT
AAATAGGAACCTCTGATGTCATTCTTCAACGTTTGTCTGCTGTGTACAATTGTACTTTG
TCTTCTGATGTTATAGGGTTGATAGAGAGGAGTGGAGTGATATCGGACACCCAGCTTCA
CAATCTTCCATCCATAAGATGATCAATACAGATCTTAGCAGAATCTTGGAAAAGCCAGGA
GACAATGGGTAAATAGAATTTTTTTCAGATTATTAAGCTGAAGGATGCCACGTAAGCAA

GGCATTGAGATGACTGACTTGTCAAATTAGTTCGGAAAGATTTTTGACAACACTACTACAAG
AAGTTGTGTGACTCCAAAAGAGCAGAAACCAGGAACTGGAGAATGGAGGACCAAAGATCA
TGCGTGGCATCAATAGCTTCCGCCAGTACAAGTATGACCTGGTGGCAGTGGGCAAGGCTT
GTAAGCGCACTAGTCAAAGACATTTATGTTTGAAATGTCATTTAGATCAAACACAAGGG
CCTTGACCTGGATTGAATACTGGCCTAGAGACACAACATGTTTCATCGTGTCAAGCATTTT
ACGTGTAATTTTTGATATTATTTCCAAAATCAGGTTTTATACATAGCCATTGTATATTTT
GAAGGAAACAGTTACTCAACTCCAAAATATCATTGAGGCTAATTCTCAGCATTACCAAAA
GAACATGAGGGATACTTTGGAGCAGTTAGTGCACTTCTTGGGCTGCCAAATTTTCAAGCTAA
TTACTTGAAATAGCCAAAGCTAATGCAGCTGCCATGTGTGCTAAGGCTGGTGTCCCTTTA
GAGGAAGAGGATTGCTTTAAGGCACTGATTTGGATAAAGGAATAACTCCATCACCACAGAA
TTTCTCATAATTTCCACGTCAACTCCCATGATGATCATGCAGGAAAGCAGCATGATTGCA
TCAACAGGCTTATTAGAAAAATGAACCAAGGTGTCTACCATGATTATTTTTCTAAGCTGG
GTAATTGCTTTTCATGAGTAGTATGAATAAAATTGATTAGTTTGTGTTTTCTTGTCTCCC
AATGACACACTAGAGGAAGAGAATACTAATTTGGAGACACCAACGAAGAGGGTCTGTGTT
TGAAAGACTGTTTTCTTGGAAAGGCATTAACTTTGTGATGGTCAACAGCGTGGCGCTGAA
AGAGAACCATGTCCCAGGGCTCTCTTTTTCTTTTCTTCACTTCCTGTTTTATGCTCAG
TGCTCAGTGACTTTTGAGCAGCTGGATCTCCTGCTTCGGCAGGTGAGTGAGGGGATGGAT
GAAAAGTCCTAAATCCCTTTACAATCCATATGATCTTCAGGTAGTATCGGCTCATACTGC
AGTGAACAATGTAGCCCAGAAGAGCCAGCACAGATCCCTCCCACCTATCAGCCCTGTCTT
ACTGCTGGTCTGTAAGAGAATAAAACATCTGATTTTCTCATTTCCTTGTAAGAGGTG
TGGAACCTTTGGAAGGGCCTCCTCACCAATAGGAAGACCTGGCTAGGAATTTAATTTTTT
ATATTCTGTGCTTTTTCAATCACTAGTGCAGAATAGGCTGCATTTGACACAGACTGTTAG
TATAAGCGGCTGCAATTAACCTCTGTAAGTGCTTTCTGCAATTAACCAAGTTCACCCAGGC
CTCCCCTGCTCAGGCCACTGAAGGGTGTGTTTTAGAACCCTGTGAAATGCACCACTGAA
ACCACAATGCCAACATCGACATTCAGAATGGTTTCTGTTGCGATACGCCGTGATCAAAA
ACAAGAATTGAGTTGATGGTCTATGTGTCACTTCATCACAGGTTTCATACCAACACAG
GCCACCATGATCACTAAGAGACTGGCACAGGTGAAGCTCCTGAATCGGGCCTGGCGATAA
TTCACACCCAGCTCTTGCTCTGAGTGGCCTCTCCAGGAGCAAACTTTCTCAAGTCGGC
GCGCGCGCGCACACCCAGAAGTCTTTGGACCCATTTGGTTTTATAAATACAGGACAGC
GTCAAATTCAAATACAGGTTTTCTGACATTAACCTTATGTGATGACTTGATCGAGGCAGGC
TTAGAAGAGATGGCTTATTAACAGGGGAAGAAGCTTGTATATTCCAGTTGTAAGAATAGC
AAGAGCTTTCTGCATAAGAGAGAGCAAGAGAGATAAATAAACCACATCTTCTCTGAAA
AAGAGGTTGAAGGAACTAAAACAAACAAACAAAGGTGTCTGGACTACAGCACAGTGGACA
CTCTGACTGTTCTGTCTCTCGCCTGATGCTGGAAGAGGAGCAAACACTGGCCTCTGGTGT
GAAGGGTTGCCGTTTTCGGTGGCGCAGTTCTCGCGAGAAGGTGACTTTCTTTCTCGGTA
TTCCTGTGTTTGGACCATTGAGCAGCAGATTGGAAAAGTGAATGGTGTGCATCACATTAA
AGAGCCTGCAAGGCCTGCCAGACCAGGACTCCGCCATGACTGGCCCTCGCCCCACCCGG
TGCCTCAGCCTCCCAGTAGCTGGGATTACAGGCATCCACCACCATGCCAGCTAATTTT
AAGCCTTTGCGAACTATGCAACAGTTTACATCAGTCATGTGAAGTATTTGTCTAAAACA
CAAGGTCAGGGCCCCCTGCCACCAGCACCCCAAGAAATAAGCTATCAAGAGTATTA
CGCGCCGGGGAACCTGGTCTCGGGCGGCGGGAAAGGAACCCTGAGGGGAGCAGAACCCCA
GGTGACCTGTTCTCTAGCTGTGATCTTACCACTTCAAATGGGTGTAATTTGAATAAATTT
CTACGTTTCCACCTAAAATAACAACAAAAAACCTATACCACGTAGAACTCAGATTGGCTG
CATAATGGAAAACCACATTTGTGACGCAAAATACCACCTTGGCGCCTACACGGGAGACGA

GCCGCCACCTAAAGGTTTATTTCTTGTTTTATTTACATGAGACCTACTATGCATTCCTT
CATCATGTGTGCTGCCCTGAATCTCATTGAGGAGTTCACCTTGCAGAACATTCTTTACA
AGGGAAAGGGAAGGAAGACCAGAACCAGTGTTTTATTAATACCTACTAAATGTCAAATTT
ACACAGCAAGAAAGCCCTTATGAGACACTGAGTTCGGGCATCTTGATCTTGAACCTCACA
GTTACAGGTTCACTACTTCAAAGGAAGAAACCTCAAACCCAAAAAAGAATAAATATGA
CAGACTGGGCTGTAGTTAGCTTTTTATCCCTAAAGAAGGCTTTCCCTAAGGAACCATAGA
GCCAAATGAAAATTGTTGAGTTAGGTGAGTAAGATTGAGTAGACAGATCCTTCTGATTTT
AGCATCTCTTTCCCCACGCTGACCTCCCCATAGACTCCGGATGGGAGTAAATGAGGGTA
AGAGAACAAGAGAAAGAAATAGACGCCCTGAAAGAAGAGACAGAGACTTATGAGCCGTAG
GGCGGGCTACCTCTGAGAACGGCTGAAATGGTGCCAGTCCATCAGCAGTGATGGAATTT
CCTGGAGAAGCAGCTAACAAATGTCTGGTTAGTTAAAAGCCCATTGCCATTTGGTCTGGAT
CATGGAAGCTCTGTGCCCTTTTTACCCTATACACCTCATCATCTGTATGCTTGGTAAT
TGAGTTTAAGTTCAGCTTGAGCAACATAGTGAGACTCTTGCCCTAACAACAATAACACC
CTAATATGGAGATTATCCTTTTATTGAGCCTTTTATCCTCTGTTCTCCTTTGAAGAACC
CCAGACCTTTTTCTGTCTTCAAATTCAGCTCAAGGTATGTTTTCTTTTTCAACAACAAA
GAGACTTCTGCATACAAGTTGGCAGGAACATTATACATGGCAGTGATTCTGTGGAGAGTG
GCAGACTCAGTGCAGCACTTCCACACCAAGAAGGCCCTCAATAAAGGCTTCTGAGGAAC
ACCACTGCAGAAGAAAGACACAATGTGGAGAAATCTTAGGACTGACATCCCTTTACTCAG
CGTTTCTCCTGGCTGAGGAAGGGAAGGGAACATCCACATCTTCTGTACTCGTCCATTCTG
CTTGCTGTGATTCTGTCCTAATCATTTTTCTTGAGAATGTCATGTAGAGATAAATGTGTG
GTCTGCTCTCCCGGGAATCTCTAACATGCTCTGTTTACATCGATAAATGCACTTAAGGA
GATGATGTGTGAAACCTGACACCTAGATTTATTTGGAATATTCTATGACCACTTTACAG
CATCCCCGCCCCACAGCAAGGCGGCCCTGGAGACGTGAAGGTCAAGGAGGAGCGCGGGG
TTTGTAGGTAACTCCAGCTGTTGCATTTATACTGGGAATCTTCATAAGAAGCTGAGAGAA
AGTAAAGGCAAGCAGGTGTGAAGAGCAGGGCTCAGCAGCAAGTCACATTTTTCTACTATT
GGTTATTATGCTTACTGTTCTAATCTGGTGGTAAAGGTATTCTTAAGAATTTGCAGGTAC
AACAAGAGCAAACCAACCTACCAAACCTTCAAAGGTGAAAAAGCCCAGTCCCAGATCCTC
AGGGAGGCGCAGATAAAGGAGAAGCTGGAGCGCTACCCAAAGGTGGCTCTGAGGGTCCTG
AATCCCACAGGAGCTGTGCTGATCTTTGTCTCTATTGCTGAAATAAAGTTCACCATG
AGCGAGTGGGTCCTTGTGAGCTAGAAGAATCCTGCAAAAATGTCTCTCTATCCATCTCTT
GCGCTGCATGAGCCTCCCGGGCGGCCCGGTGGAGAGAGTCGCCGCCAGCCCCGGCCGCGC
CCAAATCATTTACTTTTTCTGTGGTCCAGCCCTACTCCTATAAGTCATGATCTCAAAGCT
TGCAAGTCATCTGCTCACACACAGTTGGCAGCACATAGCGTTTCCTTCTTTCAGAAACAT
TCACAAAAATGGAACCCCTTTTTATGCTTCTACAGTCCAGCCAGCCAATCTGAAGATGT
CCATTACACTGCTGAGTCACACACAACGCTTGTTATGTTTTATCACTTCTCTCCAGAAG
ACCGAATCTTCTGTGGCTCTTTCTGATAGTGTGAGTAACAGGCTCGGTTCTGATTTTTA
CATATAGAACAGGCAACCAAGAGAACGCGGTCAGAAGGAGGTGGAACCTGGGGAGTCTCT
GAAAATCAACTTTCACTAAGGCATCTCAGAAACATAGGCTAAGGTAATATGTGTACCAGT
TCCTGGGAAACTCTTGGGAATGTGGTAGAGAGAGGGAAAGAAATGGGAAAATAAGATTTT
GATCTACAACATGGAATGGCTCGCAAGATCAACTTCTTGATGCGAAAGAATCGGGCAGA
TGCAGGACCATCTTGCAGCTCTTTGATGACCTGGCCATGTTTGTCTACACTAAGCAATAT
TGGGAGCCTTCTACCGCTGGTCAAATCTAGGAGTGGCAGTTGAGGGCTTCTGTTCAAA
AATTAGAATATGAAGAACTCCTTCAAGTCAGCAAGAAGACAGGCAAGCCGAGAGGAGGAC
TCCAGATTTCAAAGCTGGATAAGTTGGTCAATTGATTAATAAAGGAGAAGCCCTCTGGGG

ATGTGAACATGGACTCGAAGACATGGCCCTTTCTCTGTAGTTGATTTTTTAAATGTGCCA
TTAGCCCTCTTTGCAATTGCAGTCTTCATTATTATCATCAATAAACTGGCCTCTGGTTG
TTGGGGTGGGATGCCTTGCCAGTGTGTCTTACTTGGTTGCTGAACATCTTGCCACCTCCG
TTGGGGTTGTAACAGCAGAAGAAGCACTTAACTATGGTTTTAGTGGAGTGATGCTTCGGG
CTGCGTCTATTGAATTGGTAAAGTAATACCAATGGCTTTTTATCATTTCCTTCTTCCCTT
CTGGCCTCAAGTTACCAGGTAGCCTGAACCTTTGATTTTATTTTACCATTAAATTGCTTTA
TACTACTAACACAATCCGGAGGCATCAGAAAGTTTCTATAGCCCACAAATAGTTTCCTT
CGGTAAGTAGCAGGTTTTTAGGCTTTTTTGTTCACAGCAACCAGGATTTGAAAAGATTA
GGTCTGTGGTCTGTGTGCTCCTCGCAGCTCCACCTTCAATAAACTCTGAGAAGGCTGCA
TTGATTGATGAGACTTCTTTGCACAGGAGAGCTGCTAAAAATTACTGCGGTGAACAGACG
TTCAGCCCCTGGAAAAGTTGCTACTGCAGCTGCTCAAGCCAAGCAGAGGTCTCCATCCAA
TTGGAGAGCGGGAGGTTTCCCCAATCTCCTCCAAGTTCTTCTCCCTCCAACCAGAGTTG
GCGAGTGATAGTTAAACAGGAGCTATGTACTGGGTTTTCTTTAACTTCTTTTAACTGTT
GAGTGGTGAATTAGAGCAGCAGCAATTTCTAGCAGGGCCTTCAAAGTAAAAAGAATTTGA
AGGAGATCAGTAGTTCTTCCGGAACCTCAGACAGATTCAGCCGAATACTCAAGCACATCT
AATGTCTCCAGGTCCAAAGAGATAGGATGGTCTGGGCCCCACCTGTTGGAAGGGAACAGC
GAATGGAGGAAGAAGATGTGATTGAGGTTTATCAGGAACAAATCGGAGGTCATTCAACAG
GGAAATGCTCCGACTACAAAGCTCAACTTGAATATGATGGTGGTAAATTGAGCAAAGTTT
GTTTCAAACCTGGTGACTTGATCCACTATGCCTTAATGGTTTCCTCCATTTGAGAAAATA
TGGACGAGAGGTTCAGAACCCTGAAGAAGAACTAGAAGAGGGAATGGTGTTCACAGAAT
TGGCCTAAAGCAGACATCCATGTAATTACAGTTGCAAAATGAAAACATTTTGGAAAAGAAC
TGCCACTCCCCAGAGCTGCTGCAGCCCCCGAGCCCGGGCACCGCAACGGCCTAGAGTGA
CAACCCCTCTTTGAAGAGTCTAAAATATCAGATGTATCCCTTGTTCCTAACAGTTTTTC
CAAAACATTACAGGAGTTAGTGGGTGATGTTTGACAAGGGCCAATAAAGAAATATGCAAAA
AACTTACCAAGTAGCAAGACTAGAGCAACCAGCAGAAGACCCTTGGGGGCAGCCATCATG
GGGCAGGAGAGGCTGGAAGCCTGCACTACCTGCTCGCCCCGTCCAGCATGCACCCAGG
AAGATGTGCACGTTTGTCCAAGACACACCCGGAACCTTGGCAAATGAGTTTCGCTGTTAT
CGGGACCCAAGACTCTCCACGCGGCTCACCCACCAGGCCAGGAGGCGACCCGAACCTGA
GAGGAACACCTGGAGGCTGCCAGCCCCACATCCACCTGACTTTGAGATGATGATCTGA
TCTGGGTCAAATCTTCTTTTGTATGTCCAGTCTCCTGCACAGCACCTGCAGCATTGTAA
TGTAAGAGGGGGTGTGCGGCTGCTCTCCATAGCCAAGTGGCTGCAAAAATCATCATACTGA
TGCCCGCCTGTCTCAGGCCCCAGTAAACAAACCAAGAAGAAGAAGGAGAAGAAGGAGA
GAGCAAGTGTCCAATACAGCAACAGCTGGAAGAAAAATAAAGAATTTTGTCTTTACCT
TGACTGTCAGAGCGAGGTGCTTTTTTGTACAGAATCTGACTCTGCAAGAGATTACCTT
CAAAGCCTTTCTCCCTTCTTGACCAGATCGATGAGAAGAGTCTGCAAAACACTTCATCCT
ACCAGCAGATTGGATGCCTTAACAATGCAATCATATTCATTTCACTTGTACATTGTAAC
GAGGTCCCCCTAGAGTTTCTATTATCATTTTTAACCAGATTTTATCGATCTTGAGACACG
ATTACAATTCTTTTCTGCCGGTACACGCTGTCATCCACGTGTTACCTAAGAGAGCTTT
GGAACTGCATGTTTCAGAAAGTTTGTCTTTTTTCTACTCATTATTTGAAGAAGAGAG
GATGAATGATCCAGATGTTCAAGGTAATGTTGTTTATTGTCATTAAAGAGAAGATGGGA
CCTTCTACAATGCCAAAGTCAAGATAGAGCAGAAGCATAATTACTTGAAAACCATGATGG
TTCATCGTGGGGCTCTCAGTTCCGATTTCCAGGCTGAATTGGGAGTGAGATGCCTGCAT
GGCACAAGCTGCAGCACACCTGCACAAGATGCTGCGGGAAATCACAGATCAGGAACACA
TCAAGATTTCTGGTGGACAATGAAACCTTCTCTGGGTTCTGTATCACAACCTCTCTCT

TGAATACGTTGTGGAATAAATTCCTTAATTTCTAATAAATCAGTGTTATATTAATTGGAA
CTTAGAAGAAGAAAAGAAAAAGACGCCAGTTTGAAGAGCAGAAGCAAAGCTCAGACTTTT
TGTATAAACTGTCTTCAGAGCAATTCCATGAGGCAGCCTCAAAGATGGAGAGCACAATAA
CTCATCTTTTGTCAAATTGAAATGTCATCGAACTGTATTTCTCAAGTCAATGGTCTGTA
CTCCGTGAGAGACGACGGGAAGTTTCTGGTGGAGGACTATTGCTTTGCTGACCTTGCTCC
CCAGTGTGAAGAGTATGTGCTCAAACATCTGAAATCAATCACTCCACCGTCCCATGTTGT
GGAATGCAAAC TAGGAATATAAATAAACTTTCTTTTTCTCTGTTGCTCTCCTTCTTCC
GGCTATGGAAAATATCTTGGTATAAATTCAGATGAACTTGTTGGGCATTGAGATGCAATT
GCACTCTCGGTGTGATTTATCGTATGTATCTGATAGGTTTTATGAATTGTTTTGAGTTGT
CTATTGTAACCCAAAAGACCTACCATCGCATCAGTGAAGTCCGAACACATCTTTGTTTGA
CCTTAACCCAGTCAAGTTGACACATAAAATTAACCATCACAGAATGTTATTTGGATTGAG
TAATAGGCATATTGAGCACAATGAAGCGAGAGATGATGTAGAAAGTTTGTAGGGCAGAT
CTCCTTTTTGAATCTACAGATAATGCATGTTTTACAGTACTCCAGATGTCTACACTCAAT
CTGCTTCTACATTGGTTGCTTTGTTAACTCTACCTGATCTTCACTTGTGAGTAATTTGAG
GAGAAGCACCTCATCTCAGTCTGTGCCGACAACAACCACGTGCGGACATGGTCTGTGACT
TTTTCTTTTAATAAAAAGGCACCTATAAAACAGGTCAATACAGTACAGGCAGCACAGAG
TATATGGCGGCAGCCAGAAATTCACTTTGTCCATCAGCTCTCTGCACAACAGGAAAGAT
GTGCAGCATGAATGAGACATTATCTAAACAGAGAGAAGAGATTGACACACTAAAGATGTC
CAGTCCCGAAAATGGCACAGAATGGCATCAAGAAACCCCGATTGCAAAGATATGAATCTC
AGAGGACTTGATATTTTGTATTTGGCAACTGTGGGCAATAATATGGCATTAAAGAGGTGA
AGATTTGTTTAAAGTCCCCTACACTTTCTATTTCTAAATGATCAAGAGTACACTTCCTGG
ATAGCCAGAAAGCGGCAGTTTCAGTCCATATCAATTGTGTGACCAGGGCTAGTCACTTTT
CCGGACGAACTAGGTGTTAATTTTCACTTTCATGTTCAATTAGCAGTTCAAATTAAG
CAATTTCACTTATGGTAACGGCTCTAGCATTTTCTTTTCTGTGCAAATTTCTTTGAAGC
AGTTTCAGATCCTGATCTTAAGAGGCTGACAGCTTCTACTTGCTGTCCCTTGGAACTCTT
GGGTATCTATCAATGGTATTTTCAAGTAGATCTCTGTTTCTTAAATTATTGGTGAAATAA
TGCCACCTCTGGGCTCAGTCTCATGCCTCCAAATGGCATCTAGAGTTTGGAGCAGCCTT
TATTCTGTGCGTGTTTCAAGGATCTTATTGAAGGACATCTTACAGCTTCCCAATGAGAGGC
ACAGCTCTACCTGGGAGGGTCTTCTTCTAAAGTTTCCCTCCGACTACCTATTCAAAC
TTTCGCCAAGGTCTTGACTCATCGCTGCAGATGACTAAATCCCATTGAGCTAAATCTCCT
CCGAGAATATTCTCTAGATGACAATATGCAGATCCGACTTTCAGATTTCCGGTTCTCCT
AAATTAACCATCCTTCAATATAGTGCTTTAACTTCCCGTGTGAAACCTGATCCTCCAC
GATCTGCTGGTAGTGTTTAGTCTTTGTTCTGAGCTGATATGTGTTAGTAGCTTTTTGTTT
GTGTTGCAATCATTGACAAAAATGGCATCCATGACCTGGATAACATTTCTTCCCCAAC
TACTGACTGTTAGGTATCTATGCCAATTTGTTTTCATACTTCAGTTGGTTTTGGAATCTG
GTGGACCTGGTCATCAAGGTTTACTTCAAGGACACCCATCCCAAGTTTCCCGCTGGAGGG
ATAGCAAGGCAGAAATAGTGTATTGAAAAGTTGTTTCACTATTATGAAGTCCTTGAGTGG
AAATCGTGTAATGTCAGCAAATTTCCCCACTTAAAGCTTCTCTATTTAAAAGCTTCAC
CTTAGTATACCACCTAGAATCGAGACAAATACATGAAGTTATGAATCATGCCATTTTTCAG
ATTGCCACGCTCAATGAGTCCTTCAAGCCTGACTATGACTTCAAGCACAGCCCGCAGCCAT
CAAACACGCTGGATTTCATACATGGACTTCTGATTAAAAGTGGCAGGTTGTGCATGTT
TCTGGTGTCTGTCTTTGGTGTGAGAACTTTGGGGGCCGGGCCCTCCCCACAATAAAGAT
CTGCTGCGTTCCCTTCTATAAAGCTCTAAAATTTCAAATAAAAAGGTACAATGAAAGC
CTGTCAGAGGAAGCCCATCACTTTAGCCTTTGAATGTAGTAACAGACGTTTATCTAATAA

TGTAGCAGATGTCAAACCTCCATCTTGGCATCCTTGATGGCCTTGGCTCCCCGCTTGGCCT
ATCTTTTCCTCCAGAGGTGGGGCTGCACCAGACTCAGCACTAGCACTCCATCAGCACTAG
AACATGCGGTGCCATGAAGGGACCCCTTTGGGGTTGAATAGGAGTTAACCCCTGCGCTCT
TTCGAGGTCTCTTTGAGAAGTACGTGCAGCGAGCAGACATGGTGGAGATCGCAGGGCTGA
AGCCCGACAGTCTCTCCATATGCAGCCTTTCCTCTGTACTTTTCTCCATGGTTGAAATAA
ACTGATATCTGAGAACAACCTTAAACGGCGATTTTAGTGAAGTTGACGCTCAAGAGCAGGA
GTTGAGTGTTAGCAGGTACTAGGGACATACTAGTGTTTTCTTAATGTATTTAATCTTC
TCTCCCTGGGGAAGGTACGGGACACCACTCAGAGGAAGAGGAGAGAGCCCCAGGAGGAAA
ATTTGAAGAATGCTTGAAGTCAGCGTCTTCCATTCCAGAAAGACCCCCATTCTTCCTTG
GGATGATGTTGGATTGCTTAATTAATTTTCATTTCTTTCTAGGTTGGAGGTAGTCTAGGA
AGGGAGATATTGATTAACACTTTACACAAATACGGGATACCTATCGGAGCAAAGCCTACC
TTGTTCTGTCTGGCACAGCCCTGGCCCTGGCCCTGCCATATCACTGATTCTGGTCCTGC
TTGTGTCTGATGCTGCGCCAGCCCGGCTCTGAGCCCTGCCCTCCCCAGCTCACACTTG
TGCAGTCACCAGCATCTTTTCCAACCTTAATGAACTGTATCCTCAAAGAACAATATCAG
GCAGAAGGGCTAGGCAGGGGGCAAATTGAGCCCCTCCCTCCCCAGTTTTTCTCTAAGAT
AGGGGATGTGGTGGGGGAAGAAATGACTCGATTTCAAACAAATCAAATAAATTACTTTGA
GATTCCACAGATTCAAAAAGTGTGTGAAGTTGTAGATGGGTTTATCTATGTTGCAAATGC
ATTTTCACTATCTGGAAAATGGGCTCAATGCAAAGGTGGCAGACATTTATGGACACCCGC
CTGAGCTACCTGAGCGTAAGGGGCGGGTTCAACATGTCCTCTTTCAAGTTAAAAGAATAA
AATTTCCAGTAGGTTTTCTATCTGCTACTTTGCTAGCAATCAGCTTATTGGGAACAGTT
AATAACCTACAGAAAATGGAGTTGCCAAAAAAGACCAGGCCAGAAAGCTGAAGGTGCT
TCAGGAGTCCAGGAAGAGCAGGAGCCGCCCCGCGCTCCTACGGAGTCGGGCAATGCAGA
ACTCTCGGAGGAGACCTGGCACACACACCAGTTCAACTTCATCAAGAACCACGCCTTTG
AATGACCATGATGGTGTGGCTTCATTTCTCCCAAGGAATACAATGTATACCAACACGAT
GAGAAATTTTCTCAGCATTTTGCATGTTCTTTCTAATCTTTGTTGGTCTGAATATATTGG
GACAATGAATTTAATCGGGCCCTTGGTGGAAACATTTATATATTTAATGCAGATGCATAG
CAGCCTGGATCCCCATCTGCCATCTCCCCGCTACACTGAGATGCTGTTGGTTTTCCCG
CAGGATCTGGTTACAGCTGAGAAGCCCATAACCACTATTTGTTGAGAAATGTGTGGAATTT
TTGTTTTTCAAAGGCCTCACCTTCAACTGTCTGTCTTAGAATCCCCTCTGGAGGGCTAT
TGGTTTTAAGAATAGCTGACGTGAAGGAAGAGGATTTATTGCTGCAGTACGACTGTCTGG
CCGCTTAGTATTCTTATCTCTCAAGGTTTTTGCTAATAAATTTCTGTTACGCCTCAAC
TTAATCCAGGGCTGACACCACTTGAAGATAAGCCCGTTCCTCTCTCTGGTATATTCTTTG
CAAGCCTTAGCATTAAAGAATATACAATATGCCGGAATTGGGGTTCGTGCCTCCTAGCCTA
ATTCAAGATGCCCTTCTAAAGAGGATTACTTTGGTGAATTCTCTAATGTTTGGATTTCTG
TCAAGATGTGGAGCTCTCCTTGCAGATCGGTGACACAGTTCACATCCTGGAGATGTACGA
CCTTTGAGGGGCACTTAAAGATGGAGAAATCAGTTGTGGTTTTAGTGAATCATGGTCACCT
CTTCAATGCCAAATATGTCTCCCTGCATGTCAGGAAGAGTAACCGGGCCGCCCTGCACCT
TACTTGCAGAATCTCTCAGCCTCTCTCAGCTGGACAAGTATGCTCCAGAAAACCTAGA
GAATATTTAATACTTCTGCTATTGGCCTCACCCAAAACCAGAAAGTGCAGGGAGTCGTG
GGATAAAGGTTAGGTAACACACATAGGGCTGTTACGGACTGAGAAGTGTCCCTGCAAAAT
TGTGTCCTCACATGGTCATCCCTCTGTGTGTGTCTGTGTCTTAATCTCCTCCTTATAA
CTTAGTGACTGTCATTTGTATTGGTATTAAGCCATTTTATGAGAGGAGGACTTTTAAGAC
ACTTAAGAACATTCTCATGATGACCGTTGAACTGGAAAAACTCCCCAGCAGACCACAGGA
GAAGCGGAGATCCCCGGCTTCCGACGTCTTGGGCACCGTCGCCTCCTTCCCTCCTAGGG

CCCTGAAATGGAATTTCAACGTGTGTCTGTATGTGCATATTTAACAGGAGCTTAATAAAT
AGTGCAAAAAGTGCAAATGCACCTCCTGCAAGAAGAGCTGCTGCTCCTGTTGCCCCCTGG
GAGAACAATCCCCTTTGACTGTAATTTCCCACTACCTACCCAAATCCTATAAAAACGGCCC
TAACCAAAGGCGGAAATATTGGGGCTAAGTGGACTATTGACCTGAAAAGTGGTTCTGGAA
TAAACAACCAGTATATGTCGTAGATGTATCCAAAGGAATTGTTAATGCAGTTAAGGATCC
CATCCTTAGGAACTGAATGTAACAAAAACCCAGGACATTTTTGGAAATTGTATGCTCTC
CTAATTGTTCTTAAGAACTCATTTTCCCATGTTTATACTCTTCCACACTGTAGATATG
TTACAAGAAACAGTTCTCTCAATACATAAAGAACAGCGTAACTCCAGACATGTGGGGGAG
AAAGAAACAGAAGGCAAAGCAGGAACTAGGACCATTTTGCAAAAAGCCCTACAAGAGAG
AACATCTTCGATAAATCCCAGAAGTCTTTAAGTGACAGTAGAGAGCCTACAGAGAAGCCT
ACATGGCTGTGAGGAGAATAAAGAAGAGAGCCTGACTCCTCCTGAGGCCCTTCCCCA
TACCCTGCCTCCCGACGTACTIONTGTGATTCATCAATCAAATACAAGTGTGGGATGAAGAA
GTTATAGGTCCTTTAGAAACACATAATTAACACTTAAGGTTGGGTGCTGCTAATTCTTTG
CCTGTGAATCAAGATTTGGGCATGTTCTTGGTCACCATTTCTGCTACACCAGAGGTGGC
CCTGAGCCACCGTGCCAGCCAAAATAACTTTAAAAACTTACATTTTTAAAAATTGACAA
ACAGACATCACCAGTTGACTTCTGCATTAACCTGCATGATCTGTTTCTACTATGGATTGG
TTCAAAGACCCACACACGCACAAGACCCGGTGCTGCGTTATGTAGCTCAGGACCTTGGCT
TTGCTGGGACCCAACTGATCTCAGAGATGACTCCTCTATTGAGAACTTGCCAAGAACA
ACTTTGTTGATTCTCCAAGGAATGTTATGGACTCTGGCACCGAGCCCCCGCCAGGCTCCA
TTTATCTTACCCAAGACACCAGGGAATTGAATTTACAAGATTTTAGTCATCTTGACCACA
GGAAGAAGAAATAGCCAAGATAAAAGAAAGTGTGAAGTCCTATGGTGTGATCCATGTTGA
AATACCAATGCTGAAGAGGCCACAGAGGAGAGAGAATCTTGAAAACATTTCTAATATCTG
GAATAGGATTGCTCTCACATTAAGATAGTTACTTCAATTTGAAGGCTGGATTTAGGGAT
TTTGAAGAGAGGATGAGGGCAGTGCTGAGAAGCAGATTATCCTCCAACAAAGACCACCAA
AGGGCTTTAGCAACCTAGAAGGTACCGTGCGTCTATGAGGTAGTTCTAATTATTTTAAAA
CCCTATAATGCTGGAGCGGCTACTAAAAGGATAAAATGTATCACTTAAATGTTACCAA
AGAACTTTCCAATCCTGTGCAATGCCTGAGTGGTACATTGTATTCTATGAGAATGGCGC
AGTGTGATCCAGCTGCCTTGTGACCAGGACACTTAGAAGAAGCATGGACCCTGCAAGAG
AAAGGCAGTACCAGAAAGGGTGTAGATCATTCTAATAGGAACCAAGCAACCTTAAATGAA
CGCTCCCTGCATGTGTAACACCCCTTCTTGTCTCTTAGTAAATAAACGACCCAAAGC
AGTGTGGTGTGTTTTCTCCCTAAACTAACATTAGGGCTGTGCCACGGGCATGACTTTAT
GGCCAACGAGATCGAGGATGTTTGGCAGCTGGACCTCAGTTCTCGCTGGCAGCTTTATAG
CAGGACGTTCTCTTCTTTGAACCTTATCCCAGAGGTGAAAATATCCAATATGTTGTT
CGTACAGGCAGCACTGGTGGCCCTGATGTCCCAGGAAGAGCAATAATACTTCTGGATGTA
CCACGGTTTTGATTCTTTCCACAAAAGGTTAGTTTTGTCTGTTTTACCATTTATGTAAG
TGAACGACACCCTGTTCTCCCACTCTGTTCCCTCCTCAGGAAGTCCTTTTATTACCAGGA
CACAGAGGCGTTCCTTGTATTGGTGGGTGACATGGACAACAGCGGCAGTCTCAACGCTCA
CGTTGCTTTAGGGCAGGATTCTATTTTGGGGAAAAGACAGTATCCTTATTACCTTTTGT
GGGCCCAGGGCACCAGGCTGCCGCGAAGGGGGACTGAGGACTGGCAGAGCTGCCGGCG
TTGCTTGTCAATCAAACAGATGAAGGCAAGAGTATTGCTATTCGACTAATTGGTGAAGCT
CCCTGACAGTTCAGAGTCCCTTCGAATTGCACCTTTCTGGTTTCGCTTATTTAATTA
GTGAAAGAAGTCTGACCTAACCAACTCCATCTTGCTTCTAACCTCCAAGCTGTCCTTGT
TTCTAATACTGTCATGTGACTTATGAGGAAACGGTTTGAACCTGTCTCGGAGGCATGGT
CAGAAGAGTGAAGCTTCTGTCCGGGAAAACAAAACGGCCGTGATTGTGGGGAGCATAAC

CAATAGTCCAGGAACTGCAACGACCAGAACAGGGAGGTGGTCACTATCAAATAAACACA
CCTGAAGCCCAAGTTCATTTAGTATGTCATGGTTAATTCAGAGTAAAATCAAGAGTTAGT
TCAGGGCTAAAGGAAGCGGGAATTGACTTTCTTAAGCTTTGTTTTGATTACAGTGTAAGA
TACAACTATGTGACTTAGTGCACAACACATTTGTGAAATAACCTACTCCTATATACTGAC
TACCTTATTGTAGACCTACTTTTTCCAACATCAAATAATCCCAGAGATCCCAGTTCCTCAA
AAAGTGGAATCGCCTTCCCCGGAAGCTGTTGTAAAAATTAAAGGATGTATGTGAGTGCA
CATTTTCTCAGAGTCCTATGGAGGAAAAATGGCAGCTGGCATTGGTCTAGAGCTTTATAA
AATGTTTGATGTAACATCAAGAGTTACTTACATGTGCCTATGGCATAGAGATCAGGTGAG
CTACTTATACAACTTTCTAAAGAGACAGAAGGCACCAAGATCAAATTGATAAGTGTGCT
ATCCCAGCTCTGTCATGGTGCTATCTATGTATTAAGTTGGGTCTAAGTTGGGTCTTTTG
CTTTGTAAAGTCCACCTACACTTTTGACCAGCTCTCGCTGCCCGCATGTGTTTGGCGCTG
TCCAGCCCTCCCACCAGCATGCAGTCCCAGATCGCCCGCATTCCGGAGGCCTTCAAGTAA
TTGATCAATGAGCACAGGATCCTTAGTGGCCGCCCTTGGCTTTCTCAACCCAAGG
AAACAAGTTCTCGGGTGGGAATCTATGTTTCACTCAGATTTATATGTTTGGAGGAAAAA
TGGCTTTAGGAGAACCATAGAAAACCAGCACTCTCGTAATGATGTCATGGTTTCTGAGTG
GGGTGTGAAGAGGAAGGATTTGAATTCTGACATGGATAGTATTTAGCGAGTCTGAAGCT
CCTGTGAGTTTGTCTTTGTAGCATTAACTCTAATTGCAGTTCTCATTTTAAAACTGGC
GTTTAGTTACTGAATTGAATGAAGACATCTCAGTACACTCTTTTAGGTCATAGTAGTTGC
ATCATGAAGTGTGATATTGACATCAGGAAGGACCTCTATGCTAACAAATGCCTATCAGGG
TTATTTACTGCTGCGAACATTCTTGCACACATGCCCTGGTACGTGTGTGTGTTTTTAGGG
ATACAGTTGCATGTAAAGGGAGCTTCTCATTTAATTCAGCGGATGTGGGTATTTTTAGGG
CAGCCAACAGCAGTATATGGGTCTTATCGGAATATGAAATACTAAAATGTGGGGAAAAAA
AAACCAATCGTCCCCCACCTGATTCAAAGGAATTACAGAAAAATGGAAAGCCAGGAAC
AGATCCCAGGAAGACAAGTGCTTCTAAACCTCAAAGATGGCAAATTGTTTACACCAGT
ATGTCGCCTCTCCAGCATGACCGTATCCAGATGTGGCCTCTCCAGCGTGACTCTGTTTTC
GTCAAATCTTTTTGCATTGTTTTCCAATCTGTTCTTGGTTGCCATTGTATAGAAACAGA
GACCTTCTGCTTGAGCTATCAGAAATGATTGATAGCTGAAGGTGGTAGTGAGGACACTTT
TGAAAGTCTTCATCGTGCCGGTGGGGAACCATTCCAACATCCCATTACAGCAGGGTGAACC
GGTGAGCAGGGGCAGCCCCTGGCAGTGGGTCTGGGCCAAGGCTGTGGGTGGCCACCTCAG
CCAGCCATGCTTTGCAAGATGGGCTTTGCGGTACTACTAGTGAACATATCGTGGCTCCACG
CAGTGGTCCCAGATACTTCACGCATCTATGTGGCCCTGGGATATGGTTTTTTCTGGAGT
AGGTTTGAAGTTGGACAGGCCACTCCCTGGAGAGACACCTGGTCCCATGCACACACAAA
AAGAAAGTGACAATGTGGATTCTGCTGATGCGGAGGAGGATGACTCGGATGTCTGGTGGG
GTTGTGTGCATTAGAAATCAGTTGCTTGATAGTAGCTATTAACCCAATATTGCTGATAG
GGGGCTTGCCTTCTTTGCAGCTGTTTTGAATGTAGTTTTCTTTTCTATTTATTTGCA
AAAGCCTGTTTAATAAAGCTGAATGTTAAGGTGTATGTAGGTTATTGCAGGAACTTTAGG
GTCCATTTATTAGGTTAAAGTTGACCCATTCAGTGTAATAAACCATAGTGTGTGAGCT
CTTCTCAATCCCTAAATGACAAAGGTTTGGGAAGGAAGACTTGGACCGAGGCTTGCATTT
GAAGGTGTAGGCTGCTGTGGTAATTCTATTTGTATATCTCAACAGAATTAATAATGTCTAG
AGAACTTCGAGAAGAGAAAGACCGACTCTAGCCGAGGAGACAGCGGCCACCATCTCAG
AGTGTGGCTTTGAGAAAATAAAATGGCCACCTTGCTCCGCTGTTCTTTCTTTGTAATAAAA
CTGCCCCAGTCGTTAGAATATAGGTCTTCTCCCAGAATCCCAGCCGGCCAATGGAAC
ATGATTTGGACTCCAAGTTAAGTCTCCCTAATGGCAAACCGGTTTCAGTGGTTTTGTTGG
GAGCTGCGCCATCTTTATCTGGGGCTATTTTGCTTAGTGTGGGGTGAACCCAGGGGTCCA

ACATTTGGCGTTTGTAGATCACTCCTTCCCTTTTAGTGGCATTCTCTATTAGGTGTCCAT
CTGCATGGACCTTCTGAGATGGTGGCAAGCTGCGTCAGTACACACATTAAGCCAGCATT
CTTGTTCAAGCCTTCAAACCATAAGAGAATTCATACAAGAGAGAAATGCTACAAATCTG
TTCTGAGCCATGGTGAAGAAGGAATAATTTTTGGAACAAATGGACCTGTTGACCTGAAAA
AACCTTTGCCTTCATGTCATTGATCTCCTTCTGGCTCCTTCTGGACTTCTGTGAAGAT
TTAATGTTCTCCATGAGAAGGAGAGTGAATTTTTGCCCAGTTTAAATTTACAGTTCTGC
CTGGGGAGGGGTTTCAGAAAACATCAAAACACTGCAGCAGTTCCTAAATGATTCTCACAAG
TAATCAGACTGCACCACAAGTGCAGCATAACAGTATGCATTTTAAAGATGCTTGGGCCAGG
CCATGGAGTTTTTTCTTGGCTTTTGTACCAAATTTAGGGGTCTTGCATGTCAGCAAGTGA
AGATGCTGCTCACAGAACCAAATTTCTGTGCTGAATTGTCACTCATGGGCTTGAGAGTA
GGTGGCTTTCCTTGTGGCAGAGGATGTCTCAAACCTTCAGATGGGAGGAAAGAGAGCAGGA
AGACCACCAATCTTGTTTGTCCATCTACATGGTTTGTCTGGGGACATTTAACTCATGGAGG
CTGTTGATTTTATTTATCAGTTTATTTTTCTATTTATTGTTTTAAATGTAATTTAACATA
GCATATTGGCTATGATTGACGAAGGGGAAACCGACTGGAAAGTCATTGCCATTAATGTGG
TCTCTGTTGCTGTTGAGTCTCTGCTCCGTTTTGTACAGTCACAGGGAATTCTGATCTGAA
GTCTGTGCCTCAGCTGATTCATAACTTCAATAACAATGCCAGCCAATATACAGAAATG
AGGAATTCAGGATGCATACAGCTGTAATTTAACCCAGAGCAGCTCCACGTGAGAGCATT
TCCCTGTGAGATTTGTTTCATGTTGTTCTCCCCCTCCTTAAGCATTGTGAACCTAGGAAA
CCCGACGGAGGAGACGGTTCCGCCGTCCGTGCCGAGACCCCATCAACGTGGAGGGCCTGCT
AACCTGCAAGACTCACAAGAGGGGGAAGCAGACAGAGATACCTACAGGCGGAGTGCTGTGC
AGTCTCATTGTAGCTCTAAAAGCCTAATGTATCCAAGTGGAAATAAACTCCATAGACTC
ACGTCATCCGCCTATTTTTAATCCATTTCTTTGCCACCCTATATGTCTGTCAGAGATGGG
CTCGTGTGGCACTGACTGGGACATCGTCAGGAAGTGCATCTGTGCTGCCTATTTCCACCA
CCATAGTTACCAGGAAAGAAAAGGAAGCTGAGTGTGTAAGGGGAAAGAAATCCTTTTT
GGGCTGGGCAAATTTAGTGTAACAATAACTTCATGATACTTTGGTATAAGAGTAAGTTC
ACCATCCCTGAGGACTTCCAAGAGTTCAAACCCAGAATTTCCGACCGCTTCGATAATTAA
ATTTAGTGGCTCTTTTGGCCTTACTAGGGGGGATAGTCTTGTTTCTAGCTTAAACAA
TGAGTCGGTCTCTTTCCAGTGGATCATAAGACAATGGACCCTTTTTGTTATGATGGTTT
TTGTCTGCTGGACGATATGTCGCCAGGATGTTTCATTTTCATCCCACTTCTGGGATTTTTG
AAACTCAAAGAGAAGGAGGGAGATCCGGTGTCTTATTACATACAAGACTCAGGAACCCA
AAAGGCACGTTTCTTAAAACGTGGCGGGACCTATGGAAAGAAGGCTATGATTCTTTGAA
AGAAACCCTACCAGTGTGTTTCAGTGCAGCAGAAGTTGTAGCCAACCTCTGAACTTACTA
TGGCGGAGAGGACTCACAGGTACCGATTCTCTAGGCTGCCGCCCAACCCCATTTTCGTA
GGAAGGAGGAGGAACAGAAGGAAGATTTTCAACCCCAATTCATTCTTTCAGTATACAC
TTTTGACGACGATCTTCTTGAAGCACATCCAGAGTGAGACTTTTCTATGTTTGAAGAA
TCGCTTTGGGATCATGGAGAAGGTTTATTGCCATTTTTGTGAAGTTGGTGGAAAGGGCC
GGGAAGAAAGTGAAACTATCTCATGAAGAAGTTATGCAGAAAATCGGTGAACTCTTTGCT
TCTCTGGGGGGCTGGAGAAGCCTCCCTCATTCCCTCCAGGAATTAATAAATGTGAAGAGA
TTTGAGTTCTTTGGCTCTTCTGGAACCATAAACATAATACATAATGCTTCTCATCCTTT
GATGTCAATACTTTCACGATGAAGAGAAATAGCGATTCTTCATGATCTGCTTCAAATA
GTGTGTAGGACGGGGAGGTCACGATGGCGCGACGTCTGCAGAAATTTTCATGAGGAGGTAT
CTAAGGGACTTTGTTGAACTTTATGCTGAAGATTCTTCAAGTTGATTGAGTGTACTG
GTTCTGTTAGGACAGGCATACTGTTACTTTGCAATATCCACTTTATAAAATAGCTCCTGC
TTGAGTTTGAATTGTGTAACATCTTTGATCAGTGGGTGTATCTGTAATGAAGGAGGTTCA

TCTAACCAAGGGCCTAATGTTTGTACAGAAATGATCCCAGAGACCTACAAGATGTGGGA
TTCAGCAGGTGGATCCATTCTTCGACCCCCAGATGTGACTCTAAAGAAGGCTGAAAATTT
ACCCCGCCATCTCAATCAGTCACTGACTTTTTGTTTATTCTGTCTAGAAATACCTTTTTT
TAAAATGATGGAGAGTTATATTGCAGTTCTACAAAGGGGATATGCCAGAGTGAAGAAAA
GCTTGGGCATTTAGGGATTAATGTTATTCCATAACATTCTAGTGGAAAGACTTAACAAGT
ACACCTATTAGCTTATTTTCCCCCTTGCCCTTAAATTCATGGAGATAAGTGAATAAAC
CTCAACTCATAGAAGATGAACCCTCAAGAAAACGTGAAGTAGAACGGGTGGGCCAGAAA
AAGGAGAAGTAGAAAACAACGTGTACAGCCAGGCTACAGGGGTGGTCCCCCAGCACAAGT
CCACCAGGCCACCTTCAACTCCATAAAGTGTGATGTGCACATCCGCAAGGACCTGTTTGC
GCACCTGTCAGATTTTCATCTCTTATAGTTCTCACATTTCAAATGTGCATGTTATGGTAA
TGGGAAAAGCAGTAAACCAACTAATATTTATTGAAGACCTACTTTGTCCTCTACATAGGG
GATTTGTATATTTTACTTTATATTTCTGAGCTCTCCTGACTTTGTGAAAAAGGGTGG
GTCCTATTTTCAAATAAGAAATGGTAGCATAAGCTGTAAACTGTAGTCTTCTCTGCAGA
TCAACTGCTGTATGCTACAATGGCAAAGAGGTTACTTTTGACAAATGGGTGGTTTGGT
GTACTCTTTTCTGTATCTGCACTGTTATTTGAGATGTCATACTGTACACTGTATTGTA
TTTCTGGTATGACATGGAATACGACCTCAAGTATAGTTACTTCCAGCTGCTCGACTCCCT
GTTGCAATATTGCCTTAAAAGCACTTTAAGCATCAATTGTGAAATAAAAAGCCCGAGC
ATCTATATTGTTCTCCACAGTTACTGGGTCACCACATAGCAGGCATTCAATAAAAACGTG
GTGATCAACAAGCAGACGCCAAACAAGCAAATCTGGCTATCTTCTCCATCCAGGTATGTA
GCTGTGCCAAGGATCAGAGCGTCCGTATCTGGAGAATGAACAAGGCTGGCCAGGTGATGT
TTCTTACTTAATGCCTGCAAAAACAGTCAAGCCAGGTAGAGACGAACCGGAAGTCTTGC
GGAAAGAGGCTGTTATTCTATTTATTTGCTATACAGGATGTAATAGGTGAGGTATTTG
AAGCCTGTGTTGGTAGGGACATCTGACAGTAATGATGAATGCCAACCGCTCTGATGGTGG
TTATCATTAAACAAGACCATCTTGTCTGTTCTGAGTGTAGCAGCCGTTTTAGTGGTCCCTG
ATCAGTTTGA AACACAGGCCCCCCACCGGCAGATAAAGAGAAAATCCAGGCCCTCCCCA
CTCTGTTACTTTACCATCTTAAATTTGGCACCTTCAAAGGTTGTTCTGTGCGTTTAAA
TGAATTCAAAGAGTTCAGGACTTCTCCAGTCTGCCCAGACTCGCAGCGTCGCCTCTGA
TCAAGTACCTTCTGCCTGGCCTGGAAGAACAATATCTCTGTCTCCCTCTTCCACTGGC
CTGCCCCAGCATAACCTCCAAGCCTTCTTGATGCTAGCATCTACAAAATAAGAAATC
GGTTGTTCTGTTGAACTCCTTGAACGTTTAGACCCTAAAAGGAGTCTATACCTGGACACC
AATCTGTCACTTGAGTGTGATGTCATTTAAGTCTATTTTAGGAGATAAAAACAGCTTTGGG
TCCAGAAGAAACATGTGTCGTTCTGACTGAGCCCCTGCCTGTCTGTACCTTAAAGAGCCA
CACTGCTGGGTTCTCTATGTGGATGTGCTGCTTCTGGAATGTGGTGGAAATTTGTTTAT
AAGAAAAGAGCTTTGATTAACCTCACAGTTCACAGGCTGTACAGGACACATGGCTGGAGA
TGCACCTAAGAATGGCATCCATAAGATTCTGTATTTGGCATTAGACTAACTTCTAGATG
TGTGATGTCACAGTACTGTGAGTTCACAGCGAACCTTCCCTCCTTTTCTGTTGACTTT
TTTTTCTGGCTGCTTTTAAAGTTTTCTGTCACTGGTTGTAAGAAGTTTGATTATGATGT
TTCGACCTGATATGCGAATGCTGTCTCTCCAAGTATTCCTCTATGAAGTGCATGTCA
AGAGATGGCGAGTGGGTGCACTTTGGATCATCGACAGCAAAAATTACGCAGGGCAAGCTG
TCTAGGGACAAGAACCCTCTACACGCCATTCTTGTTCCTCTAAATAGGGAAAAGCTA
AAGCCTGTCTTTAGAAAGATGTTATTTCTATTTGCTCCAGACTATGTTTTAGCATAAC
AGAGTTGGGTCCCACGATGAAACTGAAACGGCTCACAGTTTTGGAGAAGTACAAAGGTAT
GTTTTCGTGATGATCTTTGCTCTGTTTCCAGTGGGGTTTGAAGCAGAGTTCAGGGAAACC
AGGTCCGTATCTGCCCTGTGGAGTTCACCCCAATTTATGTGGCATCATACGTGGCACG

AGGTTTGATACCCAGCTCTTTCATACATAGGTGTGGAATTTTTAAGTAAAGATTTGGAAG
AATTAACGTGGAATCTGGTGAACAGTAACAACTTTGGTGAATTTTCAGGAACCATAGCC
GAGCTGAAAACACATTTGTTGATATTTGTCTTGTCCACATTGTGATGTTTCAGTATTTGAG
AATGTTGCCTTTTTCTAGGAACTGTCAGAAATCCTCATGCCTTTCAAGACTTCTGTGAAT
GAAAATTGCAATTTGCAGTCAATTCCAATGGGGCAATGAGTGAGGGTAGCGAAGAAAGAA
GATAAGAACTTAGTGATGTGGAGGGACTGGGAAGAGTACGGCAGATGGTGGGAGCTCTA
GATGATGAACTGGCAGACTCTGAAGATGAGTGGGACTTGTTCATGATGAGCTGGAAGAT
TACCTACTATTTGGATGCAAGCCTTGCCAGAACTACCACTGGCAATCAAGTTTTTGGTGC
CTCTTCCTTAGAAATCCTACTGTCTGCAGCTGGGAATGAATGGAATGAAGGTCAAGGATG
GTTTGCTCTGCTCTGTCCTCACCCCTCAAGAGAATTTCCCTTATTATTATGAAAACTTTT
TGTTTTAAGATGGTTTACAAGGAAGGAGTACGCTCAGTAGGAGAAGATAAAATACGTGAA
GTCCAATTATTGGTGAATTTGCATTTTCATGCTATTGGCTATTTGAAATTCCTCCTCTAA
GTTGTCACTATTGGATTAGCATTTTTTCCATTCTTACATCGACTTTTCCGTGAGAAGAGC
CCCTAGGTTCAACTATTCCAAGTCTTCAGAATTCATTAATGGATCTTCTGCTGGCAGGT
TGTTCCCATCCCATGTCCCTGTGGGTAGTGAAGTGTCTCGTTTCTGTCATGGTGGTGCCTC
AACTATGTACACCTGTGTCCTTATTCCAGCACCGTTGGTTAGAGACATGTAACGCACCT
GGGTTTTATATGTTGTTGCTAATTTAGTAAACATAGGAGAGAAATCAAAGTTTTTCTGAT
GAGCAGTAGACAGCCCTGGACACTCTGAAGCAGAGGCAAGACAAACACAGGCGCTTTGCA
TGGGGCTGCTTGGTTTTCAGATTTGCTTAGGCTCCATTCATAAATACAGATGGCACACTT
TTGTAATACCTTAAAGCAAACACACTAACTTACACAGCTTTGTTAATCAGCTCCCAGTTC
TGGAAGTTATCAGTGGCTAGTGAGGTCCCAGCTCCCTGATCCTATGCTCTATTTAAAAGA
TAAAGGTGGTCAAGGTGGCCGTTTTGGCCATAAGGGTGTGGCTATTAACATGGTGACAGA
GAACTTTAAGCACTTTTCCAAGAAGAGTGAAGGGCTGGAGAATAAATTGTGAACTAAAAT
TCACCTTAAATGTTTCTGCCTGGCTATTATTAAGTGGAGTGAATATGTTTTTGGTTCTT
ACATCAGGGAATACAGAAGGTTCACCCGCAGCGGAAAAGGCCAGCTCAAGTCTGAAGCC
CTGAGCTGGTGTATACTGGTTTCTGGCTTTCCGGCACAGCCCTGAGTGTGAATTTGTCCG
GTAAAATACGCCTATGAAAACCTGGGGGAGAGGAATAAAACAAGCTGGCAGAACGTTTTTC
AGCTGGTTTCTGTATCCAAAGACATGAAAATTATGATGAACACATTTCAAACCTCCACTC
TTGTCTCATGACCAAATCCACGCTCAATTAGAGCCATTCAAATTCCTAAGATCATGGG
GTCTGGGGTTGCTGGAAAACCTTATTTTATAACCTGGGTGATCGTTCTAAGAGTGTTTG
CAAATGATGGCAAATGCTTGGTAATGATGTCTAACTGGGGTTCCTTTCCAAGGAACCTT
TGAGGATGTACTGTGTATTAGGTGTGGTGCATATAAAAAATAAATAAATGTGGTCCCTG
TGACAACCTTGCTTTGAATGGAGAAGAGAACAGGAACGGGGCAGGCCCTAGGTGAGGGT
AGACGTGGTCGCCGTCTCCAGGAACATGCAGAAAGAGAAAGTCAACCTGCTACGGCAACT
ATGTTTGCCTCTGAAGGAGGTGAGATTTGTGCTACTTTGGGAGATTATGTTCTTTTTTCA
CACATTCCTGAGTGTACGATATTGACCTGTAGCCCAGCGTGAAAAATTTATAAATAAATT
GCCATGTTGCCACATGAGCAAGCTTGGGTGCTCCAAGGTTCAAATACTTTTTATTAGAC
TAAAAGGTTTGCCAAAGGAAACAACCGTGGGAGCCGTCACAGTGACACACAACAACCTTA
ATTAGCGTGTCAACCTTTACCACTGAGGCTGGAAATTGGCATGCCAATACCCTGTCTGTC
GCATGTACCTTTTCCCTACCTCTTAGGGCTGGTGTGAAGATTAATATATGTGAAGCTCT
ACAGATCTTGCCGTGGACTAGCAATACCTGCAAGTGTGCTGCCAATGGGAACTCAATTTATT
TGAATTTGACTTTTGTGATGGAGCCTCTCTGAAGGGCAAATCAAAGTACAGCTGGGTG
GGATAAATGGTACAATCTTAGTGAATGGGAATTGGAATCAAAGAGTTTGCTGTCCTTC
CAGGGCCACTCTTGGCAGAGACTTTGGGTTTGTAGGGGTCTCAAGTGCCTTTGTGATTA

ATACAGGCCAAAGAGGTGCTGAAAAAATATTTGGAGTCCAAGGAGGATGTGGCTGATGCA
TAATTTCCCTACAGAGATGATGTCATGTCAGTGAATCCTACCTGTTTGGTCCTTATTAT
GCAGCTGCTGTCTAGATTTATGTGTGCTCTGACAAGAAATGTTTTGTGTAACAATAAAAA
TAGAGGAGATAAGACAGTAGGGAAAGACAAGGGCCCATGCTTTTAGTGGGGAAAACTCTT
AGCCCACTTTGTTCTTTAATGTAATGGAGCTTATGGGTAGAAGACCATGTCTACTAATT
TTTCAATGCTGCTAAAACCTGTCCAACAATGCGAGCATTGTTCTCAGATCACACCGTCAG
CCTAAAATATTTGCTCCTAAAATCTTGACCACCTGACTTTCCGGATTGGGATGCCGTTCT
AGCGCTGCTCTTTCTGTAGGTTATTTATTAGTATTGGATGAAGGCGAAGGCTGGGAGTGT
ATTTGGGCACAGAAGGACTCAGACAGGCACTGTGTGGGCACGAGGTTTTACAGGGGTGGT
AAACAGATCGCACAGAGTAAAGAAGATGATGATGTAATAGTGAATAAACCTCATGTTTCG
CTAACCATCCAATGAGAAATCAAGCTCAGATTTCTTTATCCAAGATATTGGAAGGCTC
ACTTATGAAGAAAGTTAAAACATGAATCTTGGGAGTCTACATTTTCTTATCACCAGGAGC
GTAAGAAATATCGTCAGTCGTCCTAATGCATATTGTGACTGTTTGCATATACTTCTGTTT
AATTCTGACCTCAGTTCTGGAATTGAAGTTTCAGTATGTTTTGCCTCGGGTTTCGTTAT
TTTTATTATTTTACTAACATGGTGTGATGGGCTCCCTCCCCTAACCTTGGTGCCTGATCCAT
ATTGGAAAGGTTTATCATGAGTAACCGGGTGCTTTGCTTCTGTGATTCTTGGCCAGTGTG
CGTGACGGGCACCGTGTGCCATGTGGGGAAGGCGGAGGACCGGGAGCGGCTGGTGGCCAC
GGCCATTGTATCCATTCTGAACTTTGTTGCCCTAAAATGTGTTGCTGCACTGGAAAGAAA
TGCACGACCACGATGAACGGCTGCATGAGGCTGTGTTCCCTCCGTGGGGTGGACATATATA
TTCAGTATATTTTCTGCTGGGGCTTAATAAAGCAGTAGACAGGGCTTGTTCATCCCTCT
ATTGAGCAGCGACTACAAGGTGTAATCAAGACTCGAAATAGAGTGACAGGACTGCCGTTA
CCCATGTGTGTTTTGTTTTAAGAAGCTGTAGTCTCTTGTACATGTAGTTTGGAAGAAAT
CTAACTATTCATAATGTGGGGTGGGTAATACTGTCTGTGAAATAATGTAAGAAGCTTTTC
TGGCCACTGGTGGCTTATGAGTCTTATACAGTGAATACATGTTTGAAACTCTGAGGTCTG
TGTGAACATGTGTCATACAGAAGGTCAGCACTGCACTGTGTGAACACGCTTCATACAGAA
ATGTTAACATGGCAGCAAACTAGGAAAATGGGAAGAAATTACTTGCGGGGTGTCTAGA
GAGCACCAGTTTTAATTTAAATAGGAGATTTAACTAGGGATCAGGGAGTTTAGTATG
AAAGTTCTGGCTGTCCATTAACCTCCAACCTATGGTCTTTATTTCTTGTGGTAATATGATG
TTTTCGATCCTTATGCACCCAAGTGAGTTATTTGGGTCTCCGTCTTCCCTCCACTGAGAA
ATTCTGCATCCATATACACCCTGTGACAGTCAGCAGTCTGCTATTAAGTGGCCTACTTCA
GTCAAAGAGAGCCTGGGACTGAACGGTGACTTCAGTGTCTCAACACTTTACTAAATTTT
ATGCTGCTAAAGATTCTCTGACCCCAACGAAGTGTACGTGAACCACAAAGTGTATACCA
ACAAGTAGAGCAGCTGGAAGGGGAAGCGCTCAGTCTGGCCAAGGAGCTGGTGGAGGTGAG
TGCTGAGATTACAGGCTTGAGCAACCTTGCCAGCCAAAAGTAACTTTTTAATTCCATC
TGTTTGTGGAGACATCCCTGAGACGGCCACAGGACAAGGATGCCAAGGGTGACAAGGATG
ATGCAGAAACTAGGGTATCTCCTTCCCTTCGCACCGATTTTAATTCTCATGGATGGCAGT
GGAAAGTAGCTAAGGAGTTCCATCTGGAATATGACAAATTAGAAGAACGGCCTCACCTGC
CCATGGTTGGACTCCTAAAATACTCAAGATGAGAGACATGTTACTTTTCTTACTATAGT
CAGGAAGTGGGTCTTCTAGGGATGTGGCATTCTGCTGGATGGCTTTTTAAATGGGTTT
CAAAGGGACAATTGAGTGTGAGGTATGACAGGGATAAAGGGAGAACTCAGAAATAATGC
ACTTGCCAGCATAAGTCCCCACCTGCTGACCTGCTGCCTGCTATCTTAACACGAATTCTT
TGGGTCTTATAACACACACAGACTCTCCATATATTAGAGCGCTTGGATTTATGTATATAA
ATGTATGCCAGCATTTGTTTCCCTGACGTGCATCAGTCTTCAAAGGTGCTTTTTTCTCCTC
TTGTGGACTAGAAGTGTAATGTTTCTTTGTGTGTAGCATGCAAAGATTTCTGTGTGAG

CTTCAGAGAGAGATGGAGCTGGAGAAAAGATCTGTGGATGGCCCCGAACGGAGGGAACCTT
TAGCCCCCTGCACTCTTTGATATCTTAGTGTCTGAGGTTGACTGTGGGTAAATCTTTAA
AGACAGTGTTGTGTA AAAATGATCATTCAAGAAGAGCGAAACAGCAAGGTGATTTGTGAA
AAGCTCCTGGGTTTTCTACTTTACTGTGCATTACA ACTCATGTGTCAAGTTCAAAGAC
TATTTTTAATAGAGATGGGGTTTCACCATTTTGGCCAGGCTGGTCACGAACTCCTGACCT
ACGCATATAAGATTGTAATTTTAAGATGTTTTGTGTCTCAGGGTGCTACATTCCTTG
CTAACTGACCTGGAAAGAAAAAGCAATAACCTCAAAGTGACTATTCAGTTTTCAGGATGA
GATCCTGCTACCAGGTTATGATAGATTTTATGGTATGTCTCAAGATATTGAGATAAAGGT
TTAACGCATTTACTAAACGCAGACGAAAATGGAAAGATTAATTGGGAGTGGTAGGATGAA
GCCCTAAAAGTTCAACTTTTGTAGAGTTTATTGTTCCAGAGAGGTTTAAATCCTATGTGGTA
TGTAATCGAAGGAGTTCTGCTGGTCTGCTGCTTAAGTAGGAAGGTTTGAATTGGTTTCTC
ACATGTCATAAGTGGTACCCACTTCCCCTTTTTACTGTAGGGTGGATAACTCTTAGGATT
CCAGCTAGAGATAATGGTGTGAGAATATATTCTTTCTAATCTGTTTTCTATGCATGCAC
CCCTCACGTTGTGGCAGAGGAGTTGTACATTCTCTAGATTTTAAAAATATATAAGTTACT
TTATGTGTTAGTATTCTGTGTCTACTGTTTTGTTGTTGTTAATATGGGTAAAGTGAGCC
CTGACATTGAAATTCCTGCAAGTCTAGGAGCATGTGAACTCAAATGGAAATTAATTTGA
CCA ACTGCTATGACCAATAGCAGTTCAGCTAGCAATGATTTTAAAGATCTTTTTGGGTGA
TCTGAGGCAGGAAGGAATTTGGGTCTGGAGTTCTGGCTACTTGAGGACCAAAGGCAGGAA
CCTCTTTTTCAAAGAGTTATTTCAAGAAAGAAAGGAGAGGAGAGGATGTTACAAATTCCA
CCACTGCTAGGCCTCAATGTAAATTCAGTTGAAATTTGCAATTCTATCAGCAATTTAATG
GAAGATACCAGAGGAGGGAATGAGAAGGGCAAAGCAAAGAAGACTGTACCATGTCCTAA
CTTTGAACAGCTCTGGGAAATAGAAGACTAGGGTTGTTTCTTAAATTTAGCTCATGTTAT
CAGCCCTATTACCTGAACCTGATGGAGCTCTCCAGCAGAATTCTTATCAGACTGAGATT
GGTTTAATTAAGAAGCTACTGGTTTATTCCCAATTGTTGATGCCTTTAGGTATGTTGGAA
TGGACTTCTAGCCTCCATAACTGTGTGAGCCAATTCCCTAAAATAAATCTCTCTGTAC
AAGGTGGAGGAGGACCTGCTTACAATGGAATGTAACTGCAGCTAGCCAGTTTCTTTCAA
AAATCCTCACCCTAGTCCATCAGATTTCTTTAAAAGCCATAGTTATGTGCCAATGGGTC
TTGTGTCAAATAGAAAGGTA CTGTAGGCAGTGCCATTTGACCACACCGATCATGTTTCCC
GGGTCTGTATATCACAGAGCCAAAGACAATTCAGGAACTGCTGTGCAGCCCCCTCAGAGTA
ACGCTGTTGATGCCGGCAATATTGCTACTTCGCTTTTTTTGCAAATGCATTCATTTGACA
TTTTAGTAGAGATGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGATGGCCTCCATCTCTTGACCTTGT
GTGTTTGTGTCATACAGTGTAAGCATTGTGACCGCAATAAACTTCAATGGTTTCTACTG
TGAAGATTACTTCTCAAAGACAGATGTTTCATATTAGCTTAATTTTCGGTTTAAATATGT
CTCAGCCACTCTGTCTGAGAGATGATTTTCTAATATTTATCCACTAATAAAGAAGAGTGT
CACTGATCTGCTAGTCCAACGATCTCTTCAGTGT CATCCAATAATCCCTTCATTAAATTC
TAAATACAGACACTAAGTTATAGTATATCTGGACAAGCCA ACTTGTAATACACCACCTC
AGCAGTCTACTGGCCCCACTTTGCTACTGCTACTGCTCTTTGCCTTAGTGCTTTTCAG
ACGGGGTCCCGGGGCAGGGCTGCAGTGAGGGGCTCCGGCCAAGAGCCCAGGTCGGTCTC
AGAAGCTGTGGTCAAGGATTTAATAGATGAGGGTCATGCAGCAACTCAGCTCGTCAATCA
CTAATCCACAGAACAAGTGAATACTAGTTATCTGTTTCATGGAGTGATTGTGAGGATTA
GATGGCCCAAAATACAATGTATAGTAATTAATCAATGTATTTAACATATTCACCTCAA
ATGCACAGAACAGGGCTTCATTTATTTAACGAATCGTTTCTGAGCTCCTGCTGTGAGCCA
GAACGTTTTTAAATTTATTTGTGATGCCTCTTCACTGCACCAAGTGAGGAAGAAGCTGGA
CAAGGGCTGAGATTCTTCGTGTATAGCTGTGTGAACGTGTATGTACCTAGGATATGTTAA

GCTTGA CTAACCC CAGATTATCTTTCAAGACTTTAATCTGATCTTGTGTCTTAGAGAAGC
AAAGATGCCCTCTGACTGCCACCATTTGAGACACTCTAATTAAGAACTGCCTCATTGAGC
CACTTAATTCCTGAATGTTTCAGAGAAACAGGAATCAGAAAATAGCAGATATCATGTAGG
CAGCCCCCAGCACCTGCTCGGCGCCCTACACCGCCTGAGCCCCTCTACGTCAACCTAG
AAAGAGCAAAGATAAGAAGAGAAAAAGAGAAGAAGATGAAGAAACCCAGCTTGATATGTT
TTCAGAAAAGAAAAAGAGAGAGCAAGAGTTGAGAGAAATGGCATGGAGCACAATGAAGCAA
CAGAAAAACTGTTAGTTCGGGGCCATGGGAACCTCCAGCAAGGCCAGGAACACTCTTC
AGAAGACACTTACTTTTTATACAGTGTTGTCTTAGTCTATTTATACTAAATGTGTA C
GCAGACATTTTAAAAATGGTCACGTTTGGTGCTTCTCAGATTTCTGAGGAAATTGCTTT
AAAGATGGGCTGATCATCCGCAAGCCTGTGGGTCCATTCCCCGCTTGATGCCGAAAAA
TATCTGGTTATTATCAGGTTACGCGCAACAGTACCTCATTGCTCTTTGGCGACTCTTATT
GGGCAAGACGGGCACTCACAGACAGAGGTTTATGTATTTTTATTTTTAAAAATCTGATTT
TAGAGCTGGTATGTGGAATGCCATACCTCTGACCCTACTACTTACCTTTTTACTGACAGA
CGTGCCCTCGGGAACCTCAGAGATTCCGCAATTTGCCATGAAGGAGATGGGAACCTCTGA
GTCGGCCTACTCAGGTGTCATTTTGTATACAATTTTATGTATTCTTAATAGTTTTGCTG
CCTTCATATAGTATATTATCAAATGCCTGTGCATGGGGAGTAAAAATTCTTCATATTGAT
TTTCTCTTCTGTTTATGGAGAAATAATAGAAAGTAGTAAGTCGTTAACTTAGTGTAAGA
GAGGACAGAGAAAGGTCAGCAGGGTCAGAGTATGTGAGGTCAGAGGGCATGAGGGTCACA
CTAACAGCTGCACACTGTTGTTTCGAGTAAATCAATGTATTTACATTTTAGTATTTCTG
CAAGATGATTAATGAGGTTTCTGATGGATGTTGAATGGCGTGGACTCGCTACTCCGTT
AAATTGTTTATTATCCTAGGAGGAGGCCCCCTGGGGCTCACATCCCAATAAATAAGTGT
AACGACAAGAAGCTCATGAGCAGCCTGCCAACTTCTGCGGGATCTTCAACCACCTCGAG
TTACCACATTATCCCAACTGGTTTAAAGCCCTGAGGATAGTAGTCACTTTATTGGCCACT
AGCTCCTCTCCACCTGTCTTCCAGTACAACACCTTATTTTATTGGAGAGAAAGGTTCTA
TCCAGAGTCCAACAGCAGA ACTTGGGGGAAGCGGTGCGGGTGGCCAGGAACATAAACTAT
TAGAAGGACAATGTGCATATTACGACAAACACAAAGAACTATAACCATAACCCAAGGCTG
AAGTTTCAGCCAAGTCTGTGACAATCTACCAATAAAGAATGAAATGGGCGGGGTGTGGT
CATAAAGTCAAAAAATCCTAAAACATAAGTTGGTGACCATCTGTAATCATGATGTGGTGG
GGGTCTTAAGGTGGCAAGTCTTTATGGAGAGAAA ACTTGACATTCAGATGATTGTTTT
ATCTGAGAAATATGTTACTTTTTCTTCTCGCTAGATGTCAACACGTTGGAAGGCAGGG
TGTTGCGGCAACAGAAAAAGAAAGATGAATATCAATACCTATTATATCTGTGTGGAGTAG
GAGGTTAAGACAAACTGCATATGTA CTTCAATTGCTTTGCACTTTTCCGTTTCAGCGGAA
CCCTGATAGTTCTTTGCACAGTGATCTTCAGATCTTAAAAGAAAAAGAAGAGATAGGAGA
ATATTTTGGTCCCGATCTGTACAGCCACAATAAGGCATCACCAAGTGGCTTAAAGTCAGC
AGAGAACCCATTTCTCCAGACTTTTACCTACCCGTGCCTGAGAAAGCATACTTGACA ACT
GACCATGTAAACCTACATTGAAATTTGTGTGACTCCCTCCCCCTCAACCAGCTTAGAAGT
ACTGGCTTGATGGATCACCC CAGGAGGGGAAAATGGTGGCAATGCCTTTTATATATTAT
TTGGATTGTCTGATAAGTCTGCCAATAAACTATCCAGAAATAGCAAGTGTAATAGTCCCC
ACCCATCCTTTATGGCTTCTCTCTACCGCTTCAAGCAGGGCTTCCGCAGGGTCTCTGC
CGAGATCACATTTCTCACTGCCTTTTGTCTGCCAGTTTCACTAGAAGTAGGCCTCATCC
GGAATGACCAGGAGGAGACAGCCGGTGTGTGTCCACCTCCCTCATTAGGAATGGTGACT
TCCTTTTCTGTACTCCCAGCAACAACTCCTCATGATAACTGCACACAATCTGAAA
TGGACTTACGATGATTTCCGGAACGTCTTAGACAGTGAGGATGAGATAGAGGAGCTGAGC
CTTTTGACACCTGCTTGACCAGGATTTGGATAAAAGGAGAATTTCTGCAGGAAAATAACT

ACTTACCCTTTAGGTTTTAGGAGGCTTGAGAATGGAAGGATCCTCATTCTGCCCTTCT
AAGAGATAACAGATACCTTTTTCGGAATTCATATATTAGGGCTGGGTGGGGTGGCTCACG
CACCGCCCCCTGCGGATGGTCCCAATTCACCTACCTGCCCCCTTCCCCTCTCTCCGTC
CCTCTGTTATGGAAATTGAAATGGAAGAGCTTGATAAATGGATGAACAGCATGAATAGAA
TTGCCCTTCTCCGGTTGTGTGTACAGTATGTGTGGAATAAAAAAGGGAAACTGTTTTAC
AGGCAGCCATCATAACCATTGAATAGCATGCAAGGGTAAGAATGAGTTTTTAACTGCTTT
ACGTGCACACACACTGGAAACATATGCAGTATTTATATTTGTAATGCCCTTTTTTCTATC
ACTATTCTGTTGTTTTTCTTACCTACTAGCCTTAGTTTTTAACCAAGTATCCAAGGATG
TTTGTACATCCTGGCCGTGTTTGACATCTTTACGGGTGGAGCCCCATCACCTCTGCTTCC
AAAGTCGTGTAGGCTGTTAAGCAGTAGTTGATCATGGATACTTACACTGAAGTGTTATTG
GCAAAGAACGCCACAAAACAGTGAGCTCAACTTCTTGAAAGTCATAATGTGTTGCTAAGT
CGGTCTCACGGCCATTGGTGCAGAGCTGGGATCCACGACCAGATTCTACCAATTAAAAA
CACGGACCAATGCCTTTCCCCATAGGCCCAAGAAGAGCGGCTGTCACACTCATTGAAA
AAGCTCACAGTTAACGGATTGTAATGCCCGGCTTTTCTCACTCCTGGTAACCAATACAA
GAGCCGCTGTCAACAGACAGTTTATTCTATATACAAACACAATTTTGTACTGCAATTA
GCCATAATGACTGATTTACCCATGAGCCAATTGCAGAGGCAACAGAAGACCAGTGCACC
CTGACATTGAGGAGGGAGCGTGGCAGAAGGAACGATGGCCATGGTGACTGAGGAGGGA
TGACCGTGGGCACATCATCAGCCTCAAGCTCTCACCCAATTTGCGCAAGATGCCAAAGGA
ACAAAAGACCTCGGGGCCGCTCGCAAGGCGCTTCCCCTTTCCAGAGAGCCAGAAAGAA
AGGAACCCTGCGGAGGGACTTCAATCACATCGTAGAACTCAGTCTTCTTGAAAGAAAAA
CCCATTTTCATCGACGATTGCTGTTAGTTGACAAGTGACATCTTGAAAATGCCACATTC
TGCCCTGAGCCTGAAAGTATATTTCTCACTGTCTCTATCATAGGACCTACCTCATGTTCC
ACACTGTTGGGAACCAAACCTCTGTCTTGGAGCCTCCTTTTAGCTCACTCCACAAGTAAAT
TCGCACATGACTGTTTATAGCAGCTTCATTCATAATTACCAAAAACCTAGAAATAACCCAG
GCATGTATATCAATTTATATAGATAGGTAGATAGCTTTTGGATGATTGAGGCATGCTTAT
CTGTCTTTGTCCAGGTTTCAGACATTTCTAGGTTGGGGAAGATGCTATTGGGAAACCTCT
GGATGGGAATTTTCATGTACATGTGTGGCATGTGGAAAATTTCAAATAAAATGGACTTGA
CATGCTCAAGTCGCCAACAGAACCACGGCGGTGAAGCAGTGGGAGCAGCGCTGGATCAA
ATAGGGAAATGCAAGAAAAAATGATTACAGGCTGTGGAGATCCCTCTCCCCGCTCTCTAA
ATAGCTACAGAACAAATGGGCAGAATTTCACTAATCACTAGTATTTTCTGTAAGCTATAG
GACACGATAAGCAAGATTCGTTAAGACAACAACCTGGAAATGTATTCCATTTCAAGAAAG
TGGCTTATCTGGTGCATTATGTGTGGCAGAACCGAGATGAGACCAGGCGCTCCCTCAAGC
GCATTGAAGGACATTCACCTGGAAACTTACCAAAATTCTGCCATGAGTGTGGGACTAAAT
AATAATTGCCAGGAGTACAGTGCTCTTGTTGATCTTGTATTAGTCAGGTTAAAACAACG
CAAGGAGATTGACTCGGTGAAATACCTGGAGTGCTCAGCTCTCACCCAGAGAGGCCTGAA
ACAAGCCTAAGTTGCTGATCAGCCCCTCCCTGCTTCCCTGTGTGGAAGAGGAAACAGAGG
GTCTTGGGGACAGCTCTTTCCACCCCTGGAAGATGGAAATAAACCTGCGTGTGGGTGGAG
ATGGATCGCTAAAGGTCAGAACCAGCTAAGAATGAAAATGAGTACCATTTATACTTACTG
ATGATGCTCAGTTTTAAACATTTAAAGTGTACAAGTTGCGTTGTTACAATAAACTAAAT
GCTTACTCTTCGGAGAGAGAAGTGAAGTATCTGAACGCCTCAGCCTGAGAATGGGTCATT
CACACGCAAGAGCAGCTCTATAAATGTGAACAATGTGGGAAGGCTTTTACCTCTTCCAGA
AGGCCCTGTGCTTTGGAGTCCTGGGAGTCCTTTCATGGCCGTCAGTCTAGGCTTTATGT
AACAAGCCTAACATGAATTATGACAAACTCAGCCGAGCCCTCAGATACTATTATGTAAG
CTTCACTGGCATGGGCTAACCCTTCTTTTTCAAACCCTCTGAACACCTTTTTTCTGATGG

GTTTGAATTCTTTGCTCTACTGTTTACATTGCAGATTGCTATAAATTTCAAGGAGTGAGA
TCTGTGAAATCTGTAACAATGGAGAGATCCTCTACCCTTTTGAGGATATTTCAACAAGCA
TTGATGGTACAGAGCCCATTGTTTTGGACAGTCTCAAACAGCACTATTTCAATTGACAGAG
GAAAACAGATAACTGACGTAGACTCAAAAACCCCAAGCAATTTAGGAGCCACTGGACTC
TTCGTCATTGTGTTTGGAGTAGCCGAGGCACCTGCTGGTTCTCCCATCCATGGCATGAGG
AGGTCAGTCCCCTCCATCTGCATACACCTCCCTGTCTTCAAATAATGAGATGGAACTAA
GGAGACTGTTTGAATGTGACCAAATGTGGTTCTAGTTGACTTCTTTTCACTTTGGCTTAT
TGAAGCAGAGAAACATTCACACACAAAAAGCAACATAGTCATGTGGGTCCAGATGGCCTC
CATCTTGGTAGATAGGGGCACTGTGCTTAAACAAAATGCCATTAATGGGATTATAATAAA
CAAGACATAGCAAGAGAAACAAAATTTTGTTCGACATTTCCACTGCAGTTTCAAGC
GGACAGTCACAACCTTGGGGCCTGGGCTTCTCCAGGCCTATGCTCCTGGAATGGAAA
GTCTGATGGTATATTTGTGAGTTGTGTTATCTGTAATATACATCCCAGAATAAAGGAGTG
CTGCTTCTTTTCTAAGAGTCTGAAACCATTCCATTTCAATTTGGTGAAATGTGTCTGTT
CCATTTTGTTCACATGGGCGTTTTCTTTGTGCATTGATTTGCATTTTTAAAGGTATTCC
TTATTTTTCTATGTGTATATATTTTCAAACCTTTGTTTCTGGGTACTGGGCATGTGCCTG
AATGCATGCTGGCTGTTGATATCGAAGACAGACTGAGTCCAAATCCGTGGCAAGAAAAGA
CCAAGGGTTTGTGTGACACTTCCACATCATTCTTCAGTATGTAGTCCAGAGATTAGCTA
AAGGAACTAACTGTTGATAACAAGAACTTGGTTGTACCTCAGGGGTATTATGGTGAACAAA
GGTCCCTGCATGTATAGTGTCTTCTAAAGAATATGCATTCTTGAACACTTAACTTTTT
CTATTTCAAGTGTACCTGTGTGCTTGGTCTGTTTACTTTACGCCATCTCAGGACACTT
TTGGGCGATAACTTCTAGATTATTCCTGGATGGCCAGGGAGGCTCTCTGTCTCAGCAGGT
CTGCAGTACCTCAAGATCATGGCAGGCAGCAAGTGAAGCCCCAGCTGGACTCATGGATGT
CACCACAAGGCCAAAGGCCAAATAATGTCTCCATAGAATCACTTTCCAATACAACGGCTCT
ATGGCCGAACGGCGTAATGCCCGCTGCTTGGTAAATGGACTCTCCCTGGACCACTCTAAA
CCCTGGACCCTTTTACTTTATGGCTAAGGAAGCTGGCATTGAGAATGTGAACAGCACAAA
CCTCAGTGGAGCTTCTGAGTTTTATACTGCTCAAGATCGTCATAAATAAAATTTTTTCTC
CCATTTGGGCCACACTGAGAAATTGTTTTTTCATGGTTCTATAATGCATCTTGGCAGAAAA
ACGGACACACAGCAGAGCAGGTGACTGGTGGCATCAAGGCCATTGTGCAACTGGTGAATG
GGTATATGAGTTTACTAGGGGCTGCCACATGGCCATCCTGGCGGACAAGGCCAATGGCAT
CTTCCTAGCCCTCTGCAAATTGGGCGTCGTCTATTTCTTGCAGTACATACGGGAAACAAA
AGATTTACCAAACAAGCTCTATACTTCGGTTGCCTACGTACCTGTTACCACTTTAAAAAA
TTTGATGAGACGAACTTCGAGGGTGACCAGCACATTCTCTCTGAGGGCGAGTTCCCCACT
CCCTCCCTTTTGCATATTATTCTGAAACAACATTAAGTACTTTGCGTCATTGAAG
CATCCCTTATCCAAGATCACAGGGAACCTCCGGGGAGAGGTTGGCCTGTGGCATCATTGCA
TTGCCGTGGTTCTCAGATTTATTTTGGACTATTTTGTGATGCCAAGTGAGTATAAGAGCTTG
CCATCTCAGGGTTGCACAGAATCCTCCAAGATACTTTGCAGCCTTTTTTCCCCCTGGTC
TTTCTGCTGAGTAGGAGTTGAAACAGAATGGAGGGTGGAGAGAAAGGAACCAGAAACAT
TGGACATGACGTCTGTGGTTAAGCTTTGTGAAAGAATGTGCTTTGATTCGAAGGGTCTT
CAAAATGTTTCGCTCATTAAAGACTCATCAAGAACAGGGCCGTTCTTACAAGGAGGTCTGCA
ACATAACTAGCTTGTGAAACCAGCAGGTAAAATGAATTCTTAAGTTGACGCTTTTGGTT
AAGAGCTTTGCCATCCCCTGCATGTGCCCTGCCTCTACCTGTCCCCAAATTTTTATATT
ATCCTGTTTCAAGGGAAGTACCTAAGAAGATATAGAGTGTCTTAGGGTAAGGGACCTGC
CACCATCTATAGCACCTGGTACCTGTGTGACATTTGTGGCCCACTGCCTGTGCTCTA
AGATCCACATGTACCTTGAGGTGACAGACTGGCTCTGCCGCCCCAGCTGCTCAACTTAT

AGACCCGCCCTCAATGCCGAAGCCTCTCGGAAGCAATCTTTCGGGACGGAAGTTAAGTAG
TGAAAGTGCAAATGCACAATCAACAAGGGAGAGATCGACAGAGAGTTTCATAATAAACT
ACTGTATGCACCGTGGCCGCCCTTCTACCAACGATGAGGAGCACTGCGACTGTCTGCA
TTAATGTGTGCAAAGCCCAAAGTTCTAAGCCTGGCTGCAAAGAAGAATCAACAGGGA
GTGGCGCTCTCAACAGCAGTCATAAACAATGGTAATTCAATGTATATTTATATTCAACTG
GGAGTTGTGGAAGTATGTTTAAAATCATTGGACCATTTAGTAAGAAGAATTCCAGTCTT
CAGATCACGGGTGTACCCAGGGTTTTTCAGCTCATTACACTAAGATGTGGATTTCCATAA
TTTGAAGTGGGCTGGGGTTGTGGGTGCCTCTTCTGAAAGGTCTAACCATTATTGGATAA
TTCAGGCATAGGCAGTATTTTCTGTGAGCATCTGAGCTTGAGGATGGTAGTGAGGAAAT
TTCCAGGAATCGTACCAGCTTTATCCGCTTCTGGCTTTTCTGGAAGTACCCCCAGGAGC
CAAATAACTTGCTGTGGCCCTTCAAATTATCTTCGCCATGAGGCGGAATGAAGAAAAAGA
CCTCCCATTTATTTACTGGTGTCTCTGGGAGCCTTTCCTTAATAAACCTCTTATATCTGA
ACTTTTCCAGTTCCCATCTTTAGGCTGCAACAGCATGGCAATGCCCAATAGAAAACAAC
CTGGCCACATGGAAGGATATTTCCAATGAGAATGAGGCCAGTTCCAGATCAGAGACTGC
TGCAACTGAGGAAATAATTTATTTTTACATGAGGAAATGCGTAGCTTGTAGAGACGGCT
GCTCTGGTGGTGGTGTCTTCTCATTACCGGAGGAATCATTTATGATGTTATTGTTGAAC
AGCCAGGAGCTGAAATGGCTCCGGCTTAGCAACCCAGTATGGCCAAAGTGGAAGGTTCT
TCTAGATGCTTCTACTGTTATGTTTTATCTGCCATTTATCTTTCTTAGTTACCAGGAGA
AGCCCCGGTTTCTTGCAAGTATTGGTACTAATAAAGGATTATGAGGCAGCTGAGGAGGA
TTCGTGCTGGGCCTGCTCTTCTGGGGCCGGGCTGTTTACTTCTCAGGAATCAGAAA
ACATTTTGTCTTTCTTGTTCTCCTACTGCCACCCTTTCCCTTGAAATACTGGAGT
ACATACAGCAAGCCCAACGGCAGCAGGTAAGCAGTACCTTTCTACCACTTTAGCAAATA
TAATCTCTACAGGGGCCAGTACAGTTGTTTGGCCTACCTGATGCTATCTCTAAACTACT
TAGACTTTTGTGTAAGTATTTGTACCGTAGGACAGAATGTGAGGAGGAAGTAACACACAG
TGTGAGATAGAGAAGATCGTGGGCTCAGAAATAGACAGTACGGGAAAATTCGTTTTCT
GTGTCTGGCATGGTTTTGCTCTCATTTTGTGCTTTTATGTTCTTTGATATGGTTAAAC
TCTTCTTTATAAACAATTCTTTGTAAGTTTTGTATTGACAGTTTCAAACCTTACAGT
GAATGGTATCAATTCCTGTTTCTTGTAGCCAGTTACTAGAATAAAATCATCTACTT
AACGGAAGTACAAAACCCAGCGAAACTGACCAGAAAGGCTGCGGCCGACCCCGATCCTTT
ATTACTAGCCAACAGAGTTTTACTATTTTGATTGTCTGGTTGGTTTAAACAAGAGCCTAG
AGTCTCAGACAACCTACTACGCACAGTGCTACCGCCACATGCTGGACTTGCAGAAGCAGC
TTGAACATGAGATGACACACATACTTATGGTGTCTGAAGGTCATGATCATGTTACCATAT
CTTCTACAGGAAAAGAAAGCAAACAACAAGAAACAGAAAGCCAAAAGGGTGCTAGAGGT
CATAGTAGATGCTTCTACAGCAGTTACCCAAGTGTGCAACCGAGATCTGATAGACAA
TAGACAGAGCTGGATTTATAGCACACAGACCTGACCTGGAATGAGACTTGCAAGTATGT
TTTTATGCTGTTGGGAGGTATGATGGACAGGCATACCTGAATACAGTGGAGGCTCATGAT
AGTGAAGCTGATGAGAGGACTACTGCACTGCATGATCAGACAGGTGGATAAAGTAGAATC
CTTATTTTGTGTGGATGGTAATTATGGCATGCACGCTGAATGCAGTTCTGAGCATGGCAG
TTGGGGAATATCTGTGGCCTATGAGGCCATCTCAGGTTTGGGGATCCCCAGTCCCTAT
ATGCCGAGACTTCACCAGTCAAAGCGAATTACCACGTTTAATTGATCCAATAACTTGACC
CTGTTGAACTCTCTCAGCTGAGTCAGGGGACACCTCAGGCACTGGGACAGTTGGGCATTT
GCATCGCTCTTTCAGACCCAGTTGCAAAGAAGAGCTGCATGCTCAACCTGCTGTCGTC
AGATGGAATCACAGATTTAGTACGGCGCATAACAAATTGATCAGTGAGTGGCTAGGCA
AGGACAGTACTGTATCATACCTCTGTGAATGTAAAATATCTTGTACCTGCTTTATGATAC

TCCTCCAACCATGAGATCCCAAGGATGGAGAACAACCTTACCCAGTAGCTAGAATGTAA
CAGGATGACCTTTAGTGTTACATGATGTTGAGCAAATTTAATTCAAACCTTGATATGCC
GTATCTGTCAGAACCCGTGGATGTGTACAGTGATTGGATAGACGCCTGCGAGGCCGCCAA
CAGTGTGTAGGGTATGCCATCATTGTATGATATAAGGTCGTATATCTGCCATCTCAAAT
TAGAGAACACCGGAAAAAGAGAAACAGAATACGGCAGGAGAATGATATGGTTGATTCAGC
ACTGAGAAGCTACATTTCTTCTGTGCTCTGGACTGCTGCCCTTGCCCCGAGGAGTGT
AAACACCGTCAATTCCAATCTTATTCTTTGCAAATAAAATGGATCTTAGAGATGCAGTG
GCAAGTGCAAGACGGAATCGAGGGCACCTCTGGGTGTTCTGTACCTTTTTCTTTGCA
GGCCTGATGTCCGTGTTTCTCCGAGTTTCAGTCAGAACTGTTTGGCCTACAAAAATGATA
TATTCTAAAACACAATCAGAGTACTCCATTCCTGCTAACAGTTTAAAGCCAAACACCTAG
TATATAGATTGGAAGTCACCAGAAATTGTTTTAGTTTGTGAATTCCCCAGTGATGTTT
GGAATGCTCTAGTTCCACTAGACCTTTGGTTTTCACTTAAGGGGAATCAAGGACCATTG
TACTTTTTATACAAATCTCCTCTAGACTGTTCCAGGCTGCCTGCGGATTAAGTGGGGGT
AGCATTTTCACAGCCCTGCCACATAAGATCTAGTTTTTATTCTAGAGTGCTGCTATGAA
CAACACATTCATCGACGACCTGTTGCTTTGTCATCAAGATGCCCGTTATGTACCGGAT
AGCTGTGCAGCCAGTGATTGGGATCAGCCAGCGGGTGCAGGATGAACTCCAAGGAGAAAAA
TCTGCTGCTGCTCCTCAGGCTGTGAATCAACCTGCTCCCAGTCCAGCTGCTGCAAGCCCT
ATCATAACAGCAGTGGACACAGGGGAAGCAAACCTGAGTGAGGACACAAGAGCCTGGTCCG
AAACCACAAAATGGGTAATATACTATAGGAGGCAGAGTTTGAGATCGACGTCCCCCTGCA
CAGTCTCTGCCAGACCAAGGCGAGTTTCCCCTAATAAAGTGCTGGGTGTCAGCAGAAA
TATAGAAGAACATTGTGAAACTCCCTGCCCTGTTCTGTTTCTCTGACCACTGGTGCAT
TTCTGTTTGTGAAGAAGTAGGAAAATTGCCTGTTACCCTAAGAAGTCTACGGGCCGTGGT
GTGCTCAGAGGTTGAGCTGCTAACCTTAGTGAGACTGCTCACTTGTCAATGAAATATT
CAGGAAGGGGCGAAAGATATGTGGGATAAACTGAGAAAAGAATCCAAAAACCTCAACATC
TAGGCTGAGACATCCAATTGCTGCATGGAAATTGATGTACATTCAGGGGACGGCAAAAAT
CAGTGATGGATGTCTGGAATCGTTGTGATTCAATTTGTCAGACCATTAACAAGATTCTG
TGCCAGGACAACCTTTCTCCAGATGTAAACAGAGAGACATGTACAAACCTGGATTTTTT
ACTCTTATCTCCGTGGGTGGCTCTCCTTTTGTTTAATTAACCTCTTTATGAATATGAAC
GAGCAGTTTCATTGTGATCACTGTAAATGGTAATCAGTTGGAATTCTCCTAAATGTCTT
GTGAAATGCTTCATGTTTTACAAACCAAAAAGTCGGGTAGCAACAACTTATTGTATGTC
GTTTTTACAATGTACAGTCGTGATTTTGTATGGTTTCCATCCTAGTTTTAGGATGTCT
CATGTCCTACCGGAGTATGTTCCAGGATGTAAGAGATGCTGTTGACTGGGTTCATTACAA
GTTTTCTACATCAGCAGGGGGTCAGCAACTCAATAAATGCATTGAAATTCTTAATGACAT
TCCAAGTCTGGCTAGTACGTGAATTGGAGAAAAAGTTTGGGAAGCATGTTGTCTTTATTG
TGTTTCAGGAGTTAGGCTTTGTAATCTTAGACTTGAGGGTTTTCTCAATTTCTCTTTGTT
CAAATTTCTCCTTCCACTCGTCCGCACGGTACGTCTTCATGGGAGTCATTTTATTCTTA
CGTGGGTTGAGGAGCTGTGGGAGACGCGACGCAGGAGCTCCAGGCAGGGATCCCCGTCC
TTGAGGTAATATCTGAGGTGGCATAATTTAAAAATATTTAGCAAATTTGTTTCATATATA
AACTATATCCACAGAATCAGTCGAGGTGGACGGTTTGGCCGTAAAGGTGTGGCTATTAA
TCTGAATTGCATTCGGCGAAAGGAGTAGGAAACTGCGTTTATTCTTACCAGATTTGAG
TTTTTTCCAATGATTTGTAATATACATTTTATGACTGGAACTTTTTTGTACAACACTCC
ATTGCTTCCAGCACGTGGTCGCTGTGGAGGCTTATACACGGGAGGCGTGTATTGTGGAAG
GAAAAATCTTGTTATCTAGGTGAAAGCCAATGCTATCCTAATGACAAAATTGTTGGGGAA
CAGAGCTGCTTACCTATGTTGGTTTGCCAAAAAGAAGTGTTTAAGATATGTTTTCTGTAT

TTATTCATTTCTCCAGCTCTGATCCGCTGTTGTACCAGGGGTCTAATCAGGCCTGTGTCT
ATAGAAGGGAAATTGCGCTTATTGGGAGTAAGAACACTGAATTGACTGAATATCTTAAAG
TTCTGAGGGACAATGTCTGCTACTCAAGAACACCTTGGAAAGCTGTATCACTGACAGAGAG
CCTGAGGAAGAATTACAGAGGTTACAACGAGCCAGACGACTATTCTACACAGTGGAACCT
TTAACAGTGTATGATGCCTGTTACTAGCATTACATGGAACAAATTGCTGCCGTGGGAGG
TCACCATCTCAAAACCTGACAAGACATTTCAAAGAAAGTATTAATTCATTCACGAGTGC
TCGATATTAGCACCTCACGTACTTTGCAATTAAGCTTCTGTAATGTCATGTGATTTGTTT
GTTACCCATGTACGTGTTACCGTTTTCAAAAATCTACAGTCAATGTGGATGAGAACTAAC
AAACAACCTCAAGCATTCTGGTGGCAACATAGAGATTGTAGGCTGCTTCTAAGAAAGTTAT
CTGTTAGAGCCAAAATTGTGATGAGCAATACTGATAATTGTCCAGTTTATGTCATCTTTC
TAGAACAGCAGCACTGACTCCTCCCATATCTCCAGCTCCATGACCATCAAACCTGAAGA
ATAGTGTCAACTAGATGTAGATTCCTGAGGTCTTTTATCTGTTGTAGCTTTGTCTTTTTC
TACTATAACCACTTGGAAACCACTGTGTTTCTGGTCCATCTTGTGAGGCCCATCTTTGGTT
AAGTCTTTTGTGAGAGGTATTTAAAGTGCTTTGAGACCTGATTCATGCCCCCAAAGGGT
GGATGGCCGGCCAGAAGGGAGGAGGAGGAGGACGTCCCTCCCGAAGAGAAGAGGCTGGG
CTTTTGATTTTGTGGGTAAGTTAAATAGTCTGTAGTAGGTAGAGTACTGGGTACAAGTG
TAACTGGTATAAGACCCCTGCCCTCACCCAACCTGTGATGGGAATCAAGGGGTAAGGGC
ATTTGGATGTGTCCTGTCCCTTATTTGCCCGGCCCTTCCCTGGCTCTGCCATACCCCTT
AGCACACTTGTAGGATAAGTGAAATGGATACTACATCTTTAAACAGTATTTCAATGCTG
GCATCCAAGCATGATGAGCCCTCTCACGGTGCAATGGAGTGCACGGTCTGAATCTGCACA
GTTTTAGAGACATTTAGAAAAGTGAAGGAGAACTCAAGATTGACTCATGAGGACCTGA
AACTTTGAAGTGGAAAATCTGGCGTACATGCTGGTGTGCATGCAGTGGGCGGATTTGCTC
GTGGCTGGTGCCTTTGGCTACTTCCAGCAGGATACCAAGGGTTTGGTGGACTTCCGAGAT
TTGCCCTCTCCTTCCATTCAGTAGGATCGCATCGTCAAAGATTTTTGCTTGAATAA
CCGGAAGAGCAGCTGCCCTCCGACCCCTCACTTTGTGCCTTTAGTAAACACTGTGCTTTG
GTGAACGAATCCTCTGTGTCTAATAAAGACAGGTCTTGTGCTTGTGCTCCATGCTATTAC
TCCTCCCTAATTCAGACCCAGCCTCAAGAGGAAAGGGAGTAAAATAAACTAACTTGT
GGACAGTGGGTTTCTACCATTAATGAGTTATTCTCATTATTAAGAGTTATTCTCAAGC
GGCATGAGTCTGTTTCCAAGCTAGACTGTGTCTGAATCATGTCTGTATCCCCAGTGCCC
AGAGGAAAGGCACCGTTACCCAGCAGCACGCCAGCCCCGGGTGACTGTTTCCTGTACTAA
AATAAAATCTTTTGTGAACTCTCCGGTTATGAGACAAAGACTGTAACCTGAACAGGAG
GGACTCTGGAGATAAAACCTCATTGCAAGGCTACCTTTGCCACTGTATCTTAGCAGCTTT
TGGCCTTTTAAATCAGCAGTCATTGAAGCGTTCCGCTAATCAGATGGGAGTATCTGCCAA
CATCAGATGGGGTTGTTTTATTGGTATCCAGTTATGTTTGTCTTTCCAGATGGGC
TGAGACTTTGTGGTGGTGCCAAGGAAGAAGTATTACCACTCCCAAGAAGAATACGCAT
TTTTCTTCCGCTGCATTTGCCCTTCCCAACGCAGTTCAAAGCAGTGTGAAATAAAG
ACTTAAATTGCTATATCTGCTCAGAGCTCACAAATGCCTTTGAATTATTTCCCTGACTTC
TGTGCTGGGATGAAAGGATATCTGGAACATGAAGGGGACACAGGAGAGATCAACTACTTT
AAGAGAGATGGAGAAGACCAGGCATGAGACTGTGGAGAAGCCACACCACCAGAAACCCCT
GATCCAAGGAGTTGGGAGGGGAATCAAATAATAAATCAGCGATTCTGCAATATAACGCCA
CAAACAAGGAACTGTTAATGTTTTCAAACAAGAGCACCACCAAGAAGCAGACAAAAGA
GGTCGGTTTTTATGGTCATTCAGTTCCACAGATCTGAATGATTACTGTCTGTCTGTGTCT
AAGGTGTGGGCTAATATCAGGCTCAGGAAAAGGTAAGCAAATCAAAGGTGGGCATAGAG
ACATGCCTGGGTCTGGCTGATGACTGATTAGTCTCTTCTGTACAGGGGTGCCTGGAGA

GCAAAGGCACACGAAAGAAATTAGCAAGAGAAACATGGAAATGGGTAAGACACACTTT
GGGCTGTT CAGAACATT CGAAATGTTTTGGTGGATGCCAGTGCCAAATTTAAAGAGCTTG
AAGACCAAAGGGAAAAGAAAGCAGCAGCTCCACCTGTTCCCATTTGAGAAGCTGTGA
GGGCACCTCTAGTGCTACTGCTAGATATCACTTACTCAGTTAGAATTTTCCTAAAAATAA
TGGGAAGAGGAGGCTAAGTACATGTAGGCCTAAAAGTCTCTGCCTTGGGAGATTTTTAAC
TGATT CGGTTTCTCAGAGTCTCATGGCATCATAGTTTTTCCAGAATGACACAGTAGCCAC
ATAAGTATCATTGCTATTCTGAGAAATCTATATACACCAAAGCCCTCCCTCCACAAAAAA
TCGGGGATGGAGAGACTTACATGGCATTAAATAGAAATCAAATGGCAGAGCTCGGGTTTTCT
TTTGA AAAATTCCTATTGTGATTTGACTGTTTTTACCCATATCCCCTCCCCGCTCCAAT
TGCTGGAAAGCACCTTTTTGGTTGTTTTCACTTCTGTTCCCTCTCATTGTAGATTGAACTT
AAACTTTAAAAGGAAGGAAGTCTTCTTAGGGATCCAGTTCAAAGCTATTTGGGGGCATCA
AGATGTGGAAGCTCCCACCCTCTTCAGCACACAGGCTTTAAGATTCTTCTCCGAAATAG
AGATTAAGAAACATCCTATCCCCTTACTCCCACCAAATAAATACATTTGCCCTATTCT
GGGGAGAGGCATGGAGCTATCCGACCTGATTGTTTTCAATGGGAACTCTACTCCGTGGA
TAGCTTAGAATTGGGAGGATACTTAACATCTGGAAGACAAGTTCATTT CATCTTGAGATC
TTGCTCCCAGGCTCCTGCCTGAAACTATCTAGCACACTAGGACCCAGGTGGTACCCTACT
CCA ACTGAGTTATTCAATAAAGCCTGCCTGTTGAATCTGTTTTCCCATGTATAGTTTAT
CCATTCTATTTAATTGCAGTGTACAAAATTGTGTTTGTATATAGAATAAACTGTCTGTTG
AAAGTCCACAGTGTATTCAGAAATCCAAGTTGGTGT CATACATTTCAATTTGATGTGAAC
TGGAGTCTGGCAGATTGGCAAGATAGGGACGGTCATGACTTTTTTATGATTGGGCACGG
TAAGGCCATGATGATGAACGCAGCCTTTCTCGTTTATTTCCAATCCCACAACAAACCGGA
AAGTCGATAATGAGGAACACACCCTTGTCCCGTCATTCACGTATAAAGAGTGGCTACCT
GTCTGTACCTGAGCCTGGATACTTGAACAGAGGCAGACACTGCGGCTCAAACCCCAAGG
TCTTCAACCTGCTGTATCCTGTGAGCACTGGTCCCATGGGGACCCTATGGCTCCCTCAAT
ATTCCTCCTGCTCATATTGTGATTCTCACTTTGGGGACTTTTCTTAAACCTTCAGTTATG
TAGAGTGCAGTGGTGTGATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCTCCTGGGTTCAAGCGATT
CTGGGCCACAGCCACCGGCCGCTGCACCGCCACGGCTCCTGCGTAGAGACCTCACTGTGA
TCGACATCTAAGAAGTCATAGTGTGGAGAAACCATATAAGGAATGTGGGCAAACCTTTAG
CTCAATGTGTCCAATCATATTCAAGTTTTCTTTGGTATGCTTTTCCCTCACTGTAAAAC
TAAAGTCAGAACAGGTTCTCCAAGGATCCCCTCGAGACTACTCTGTTACCAGTCATGAAA
ATCATATGAATGCCCTCTGCAAGGGTGAGGGGCTGGCAGGATGGAGGAAATACCAGAGA
GACCAAGGATAGGTATAACATCTGATCTTGATGGTACTGTTTCAAAAACAATCTGATC
GTAGAAGGACTCCTGCAGAAGGTGCTGGATAAACTGGAAGATCTAGAAATAAAAATAA
CCACAGCTGTTTGTGTTTACATATGTTGTGAATTTTCTTGGTTCTTTTTAAAGGAATG
GCCAGTCCAGGTGGCGCTCGCATGGTAGGGTGCATGAACCTGTGTTGGAGTACAGGCCTT
CCCTGGCCAGAAGTACAAAGACACAGACCTGCTAATACTTTTCAAGAACGATTGCTTTGC
AGGGTCATGGCGCTTCTACGGGAGAACGAGGACAAGATCTGCTTCTTTGCCTTCGGAGCA
AGCCCAGCAAGAAAGAACTTGTGTTGCATCCCTGCTAGACAAAAACCTACAAGTTAACCTT
TTTGAAGAACTGCCTTGGGGTTCATGTTGCAGCATCAAACAGGGATGGAAGATGCATCTT
TGTTCTTTCACGGTGGAAAACACAGATCCAGAGTGTACTGGCTTACAAATTGGATTGA
GCACTTTAGGGCTGTAAAATGCATGATTTTGTAAACCAGATTTTGTCTGTATATTTGTGAT
ATGTGCTGGTCTCATCCTCCCAGTTTATATTTTTGTGCAAATGAACTTCTCCTTTTGAC
TGAACAGCGTGCTGGAGAACTTACCATCCTGCAGGTGGTCAACAACAGAGACACACAGG
TTCTACAACCTCCAAGACAGTACTACATCAGGTACAACAATAAACTGTGACTCCAAC

CTGAGCCTGGAGTCTTCTTTGTGGAAAGGTTTAAATTATCAATTCAGTTTATTGAATGGT
TGTACTIONGGATAGGCTGGCTAACTCGTAGGAAGAGAGCACTGTATGGTATCCTTTTGCTT
TGAGATGCAACATTCACACTACACAGGTGCTACGTTTCTGCAACAACTGCAAAATTGTCC
GATGGGTGAGTAAACAGACGTATGTGGCAGCCAGCAGAGCCCCACATTTGTTCCCTGAC
CATAAATTGGTTATGTTGGTGGGCAAGTTCTTTAAGCTGGAAATTGTAAATTCCTCCTGA
GCCCCTGCAGTCAGCGTCAGTGCTCATCTACGTTAATAAAGTGGTCCTATTTATGGCGGC
ACGCATGTCAAACTAAGCATAGTAAAGAGATGCCATTCAAGTGTGACATTTGTCTTCTG
CGACTTGATGTGAGCATTAAACGGGAGGAAGGAAGATGAGAACTGGTAAGATTCTTCTC
GTGTCTTCAACCTGTGAAATGGGATCATAATCACTGCCTTACCTCCCTCACGGTTGTTGT
TACATGCATTCTGGGCTGTTCTTCTACCTGGTGGCTTTTGTGATCTGACCTCTGCCTGC
TACTCATTCTCGAAAAAGAGACAACCTCTACAGTGCATTGGCTAATAAATGTTGCCATGT
ATTCTTCTCTCCTCAGTGATCACTCGAGCTTTCTCCTTCTTATAGACATTCCGGATGGG
ATGATAAGTACATAGTCACTGGCTCGGGGGACAAGAAGGCTACAGTCTATGAAGTCATCT
GTTTATACAATGTGGCCTGAAAGTTTCCCTCCTTTTCAAATCAACCATAATATTCTGA
GCTTTTTAAAAGGAGTGAGCTATCATCAGTGCTGTGAAATAAAAGTCTGGTGTGCCAAAT
ATCAAGTTCAATGCGGATGAATTTGAAGACATGGTGGCTGAGAAGCAGCTCATCCAGAT
GGGCTGGGGTGGCTGCAAGGACAAGAACCTTGCCAAGTACAGTGCCATCTACCACAAAAG
ATTACCAAAACAAAAGTGATCCTCAAGGTAGAGCAAGGACAAGAGCCATGGATGGTGGAG
TACTGTTATGTGCGTCATATGTCTGTACGTGTGCTGGGCCAACCTCGTTCTGCCTCCAGC
TTTCAATAAAAAATCTGCACTTTGTGAGTTGAGCCCCCTCAAAGAGACCTACAGACCCTGC
GGTCCCAGAGATATATAGACACTGGAGTACTGGAAATTGAAAAACGAAAATCGTGTGTGT
AAATGTTCTGTTACCATCCTAATGTAATACTGGATTTTTCTGTCATTTAGCACCATGC
CCACTTCTACCTGACTCCGGAAAGCTTCGATCAGAAGGTCCACAATGTGTCCTTCGCCTT
TTAAGCTCACAATAAGGAAGAAATAACAGATAAGTCCATTGGTGGACAGCCTTCTTCTCT
CAGGACTACCCAACACTACTTTGCCTAAATCCTGATTCACAGAATTATAAGCAAATAAA
TTCAAGTGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAGCTGGGATTACAGGCATGCACCACCA
ATAGAGAACGAGACACCACATGAACAAAGGCAAACCTACACACAAAGACACAGAGCACAC
TTCAGGGATGGAGCCCCTCCAAGGCAAGTTCAACTGGGTTCTTTGGCAGCCGAAGTCTA
ATCGAGGAATGCATCTTCCGGGACGTTGGAAACACAGACATGAAGTATAAGAACCGTGTA
TCATTTTAGAAACATGCTGTTTTTGAACAGATGTGTGATGGATGTTGTACATCCTTTGC
TGTGATGCGGTTCCAAGCACAGGGCTTGGCGCACCCCACTGTGCTCTCAATAAATGTGT
ACACTTGGGGTCCACAATCCCAGGTCCATACTCTAGGTTTTGGATACCATGAGTATGTAT
TTGTTGTTTTGCCTTCTGTCTTGGAACAGTCATATCTCAAGTTCAAAGGCCAAAACCT
AGACTATGGTGAATACATGGATAAAAATAATGTGAGGCGACAAGCAACAACAATCATAGC
GCTGAAGACTCAAACCTGGGTGAATAAGGTCTTCAAGAAGAACAAGCAAAAGACAAGTGGC
CAAAGTGAGCTTTCTGCTGCCATCTGATAGTCTTTTTCTGCTAGTTTTGTACAATTC
GGTGGTAAGTACAGGAAAAGGAGCAATGTCTACCATTTTCTTCTAACCTTCGATTTAAC
TCCTCTGAGTTAAGCATCGATGAATCCGAGACAGTGATACGGGAAACCTACTCAGAAACA
CTTCATTCCCCTCACCTCTGTGGTGTGCTTTACCACCGCGTCCATCCTGAGGAAGTCAC
TGGTACCACAGTCTCAGATGGTGCAGTGATTCTAGCCAGGCGTCAAGATGCGCTGCT
CCATAGTTGGGGTAAGCACTTCTAGATTGAGAAAAAGCAGCTACAGTCAATCCTGCTCT
ATACTGCATTTACGCATACTCCAACATCAATTACTTTAACTGCTTCAAGAGTTTCAAAG
AAAGTAATTGCCTGTGTAGAATACTTGTCTTTTCTAAAGATTTGCGTAGATAGGAAGCC
TGAATTCAGATGAGCTAATATCTTTTCTCTGAAGGAGTACTTCAAGCAATATGAAGTAG

AAAGTGGTTGTTAGTTATAGATGTCTAGGTA CTTCAGGGGCACTTCATTGAGAGTTTTGT
CCTTGGCCTATGATAATGGCATCAACCTCTTCGATACAGCAGAAGTCTACGCAGCCGGCA
CTGTGCTACTCTCTTCACCTCTCTGAGTCTGTA AAGGATTATTTAAGAATTAATGAAAC
AGTGTGGCGAAAAGGGACATTATGCTTATGATTGTCATCGTTACAGCCGGCGAAGAAGAA
TTTGGGAGATGTTGTTTACTATAGTCTGCCTGAAGTTGGGACAAAATTGAACAAACAAGA
GGGCCTAGACCCGCTGATAAACTGGGTTGAGGGATGCTGGAACCAAGTTACGACTGAAGT
TTTCAAGTTCAGCATTGTATTCGGACAGAAGCTGTGACTGAAGACTCAGTGCCAAGGAAA
ATCTTGCCTGTTGACTTTGTCACTGCTGGCAAGTTTGATGAGAATACCAAGACTGGCCAA
CCTCCCTCACCTGAGAATATAAATTAACAGCTGGTCTTCATGACATGGGACAAAATGAG
TTCATGTGTCACAACTGTGGTGTGGGAAATTGGGTTTTTCAATGAGTGGCTTTACTTAT
TCTTCGTGGAAATGCAAAGGAACAATTAATATATATGCTACTGGACATTCTAGCAAGGT
TGGGGCAAGCCAGGGAGGCTTCCCGGAAGAGGAAATTTGAGGATGAGCAGCAGTTTTCCA
CCTGGAGCCCACCTTAGTTCTGGAACCCAGCCTGTTTCTGGAACCCAATCCAGTTCCAGA
CAACGGAGGAGGCTACTACCACTATTCCTACTCGGTGGTGAGGGGCTGCGACCCGCATCGT
TGAGGTTTTACAATTGTTTCTTACAGTCATGTGCACTAAGTACTCTTTTTGTAAGCAGAG
CTGGTTGGATTTCTACCAGGATTGTCTATAGAAGTAACTGATTTATGATTGTTAACAC
CTGCCATTGAAGTGTGAGAGTCATTGAGCTGGAAGTCCAGGAAGCAGCTGGTGCTGCTGT
GGGTGTGGAATGGTGGGGGAATTTGTTTAAAAGACATTTTATTATAATAAAGTCTATTT
CAGCTGCCTAAGCCCTCACCTGGGGGAGGATCAAAGGGAATAAAGAGA ACTCTTGGCTG
AGTATGCTGTTGTATGAATCTTTTACTGACCACCCATCCA ACTATAAAAAATATAACGGG
AAATAGTTTTAAGTAACTTTTTATAGCAAGATGATACAATGGTATGAGTGTAACTAAAC
ATTGATCTGTCACACTCAGGCTCATGGGCAGGCACAAGAAGGGGAATAAAGGGGCTGTGT
GCCAAGGATCCTCAAAACAGAAGTTTCATCTTAGGATAGTGTGGATATATCTAAGAAAG
TGCCTTATTTATACTTCATTGTCTCCAGCTTCTCAGATAAAGTTTTGATGTGTTGTACAG
CCATGTCACTGAATATTCTTCCACAACACGATTTTAATGGATATAGTCGTCCATTGTTTA
GCCCTGTGAGGTGTGGGAGCCCTGATGCTGCCGTGTGATGTTTCAATAAAGGTGGATCTC
GCACACGAGAGTGAACAGCAGAAAGAGGCTTCTTGAAACATAACCAGGTAAATCATTAA
CTGCCACTCTTCATGGCGGTAGCAGCCCCCTGCCTGCTGCCACACTTTTAAGTTGAGAA
TG TAGGAAGCATGCTGAACTCTGCCTTATATAATGTGGATGCTGGT CACAGAGCTGTCAT
CAGGGTCTTTATTGTTGAAACTCTTGCGTAATGACATCTTTATT CAGGTGAAAATACAGG
GAAAGGCATACGATGCTACTATTATGCTCTGTTTTAAAGGTTTTACCTACCCTTGAAAA
ATCCTAACTAACAGTCACGCCGTGGGATGTCTCTGTCCACATTAACTAACAGCATTAA T
ATTCGAAACTGGACAGTGACATCCCAGAGATATTCAAATCTTCCAGCTATCCCCAGTAG
CTAGAAGAATAAGAGATGTGATTAATGTATTCCACCACCTCCGCCAGTTAAGAGGAAAAA
CCTCACTCCTGTATATTTTGGTTTACTTACTCCTCTATTT CAGAAATTGAAAAAGATCCC
ATCCACTTCCCAAACAGAGCCCCACGCAGGTTACCATGAACCTCAGGGTCAGGGAATGA
TTCTTTGGTTTTGGAGGAGGGGTATGAAGTATCTTTGACATGGTGCCTTAGGAATGACTT
GCCACCTCATTACATGTTCACTCCCGACCCTGGAACCCGGATTT CGCCTCCGGACAG
AGAGGATTTCTTATGTCATTGCCGATTTTGGCTATAACAGTGTCTTTCTAGCCATAAT
GGCATTCTATCATTCTAGCACCACTAGCATTATCGCCTCTTCTCCCAT TGACATATTTT
AACACTCCAACAATTGAGAGCATTAAAGATCAGCCACAGACTTCTTGGCCTCTCAAATG
CTGTCATTTTCCATTTCCGTTCTGGATCTACGGAGTCTTCTAAGAGATTTTGCAATGAG
CACATCGTGCCCATCTATGAAGTTATGCCCTGCCTCATGCCATTCTACGCCTGGATCTG
CTCTCGATCTTTCTGTGGACACAATCTATTTTGTCAATTGTGTCTATATGAATCTCTTAAG

CTCCTTTATTTAATTCATGTTATTTATTCGCGGAGCTCTGTTTCGTGTTGGGGAGATGCC
GAACTTGGACTACTGATTATTAATTGACTGTGCCTTGGGAAACAGTGGGAAGTAACCTGG
TCAGCTGCAGATCTAGAAGTCATTAGCTATTCTAGCAAAGTATCTGTACAGAAAGGTGC
TCATAAAGTCTTGCCTTGTGAACTCCCTCTCTGCAGGCAGCCTGCCTTTAAAAATAGTT
ATGGCTTGCAATAACATCCCTCTGTACCTTTTCTGGCTTCCCCGCCACAATAAACCTCT
GTATTTAGTTGTGATTACTGATTGCCTGATTTTAAAATGTTGCCTTCTGGGACATCTTCT
CATCCAACCAAAGGTTTTGCCTCTGTTTCAGAAAAGGCTCATAAATCTACTGTGTGGCAG
AACTGCATGAAACAGCAGGCCAGACCAGGACATCCAGACTTTCTCCATCGTGAGGCCTG
TTGTCAGAATTAAGTGACTCAAAGTGCTATCGAGAGGTTTTTCAAGTATCTTTGAGTTTC
TCTGCTGCAGGGGACAGCAGAGGAAGACCATGTGGACCTGTCACTGTCTTGTACCCTTGT
CATGATGGCTCTCATTGACATCACTGTGCGGCACATCGCAGACCTGTACCAGGAGACAA
GTGGGGCTATTTTTAATGAGAGAAAATCTGTTCTTTCCAGCATGAAATACATTTAGTCTC
CCCTGGTAGCGTATCCACAGAAGTTATTATGAGGTAATTTTATTTCTTTCCATTTTAGGT
AACGATAGGTACTATTTCTGTGAAGGCAAAGTCTTTGAAAGGGCTCCTAGAGCGTCAAG
TGAATTGTTTACATCGAGATCTGCAGGGTGGGATAAAGGATTTGTCTAAAGAAGAAAGAT
TTCTCAGCCAATGGAACCTCCAGAGAATTTGTCACTGGAGCCTAAAGACCAGGATTCAGT
TTTCTCAGACGTATCAACCGCTGTTTCGATTTGTGATGGATGCATCATTGTGGTAGATG
TTAGGGATAATATTCATTTAGCCTTCTGAGCTTTCTGGGCAGACTTGGTGACCTTGCCAG
ATTTCTGAGCCCATCTTCTGACTGCTACAAGTTCCTTTGGCAATGACCACTTTGCTGTA
GAATTGTGATCCAAAGCTTTTCTGATGAGGCACAAAGTTGGAGAAACAAAACGCAAAC
GCCCCCGACGCAGAGCTCGCCGCTTGCCACCCGGCTGCCTGGAGTCGAGGCCCGCTCC
AGAGACTCGTGCTGTCTTTGTCCCTTCTGATGGTGTTACTTCGATTAACTACTTCA
AGAGAGAACTGGAAGGAAAGACAATCAGAACTTCAACCCAAAGCCAATCTGACTGGTC
ATTCAACGTTAACTACACCCAAGACCTGGACAAAGTCATGTCTGCAGTGAAAGGAATTGA
CTGTGGAGAGAATCTGATGGTGGTTCTGCACAGGTTCTGCATTAATGAGAAGATCTTGCT
TAGTTTTTCCAACAGTTGGTTGGATCTAGGATGTAACTGCAAGTGTGGCAGGCCGACT
GGAGCCATTTATGATGCCATTTAGCCAGGAAATAACTGTTTCTTGTGACCTGGAACTAA
AACGTAAGAAGAAGAAAATGCCAGAGATCTTGGTGAGTGAGAGGCAGGGGTTTTTCTCTG
TGTCCAAGAAACCCCAAAGCCTAAGCACAGCAGCCCTGGGAAGAAACCAGCAGGGAGGA
CTTTTGGGTGATAGTCAGAGAGTGGTGTTTTTGTTTCAGGTGGGAAGGATTGGAACCTCT
TACTACGCCAGCGCTTCTCCATGATGCTGGGGCTTTCATCTTCAGCATCGTCTTCTTG
TGAGGAACAGAGAAGTCCAGAATGCATTCAAGAAAGTGTGAGAAGGCAAAAATTTCTAT
TGCTCTTCTTCTGTGGCTCAGAGCTTTTACTTGAGGTGCTCACCTTGGCTGCTTTCTCCA
CATTAGACAAGTGTGTGACTCTGAAGCCTAATGTTACTCATGACGTTTGCCTCATT
ATCCTGTTTCTCAGAGAGGAAGACAGACACTCTTAGCATAATGAGGGTCAAAAGTTGGGC
GTACTACTCCTGTGTTCTTCCCCTCTGCCTGTAGGAATTATTTCTTTTTCTAAAATAGT
TCTGGCCCTGAGGAGTCTTGTCAATGTATTGAAGGAATTGCTGCCGTGTGAGTTTTGAAT
GTGCTATTCAAAAATTGTGTCCTTGATCATCGTTCTTAATTCTCCATTAGTGAGTTCTGA
ACTATAAGTAGTTGGTTTGTATGAGATGGTTAAAAGGCCAAAGATAAAAGGTTTCTTTT
GGATCCTCAGTACTTTTGGAGGGGTGTGAAGATATGTGTAAGTTATCTTCTACTTTTCC
AAATGCTGCTGAAGAACCTAGAGTCTTATGTATTATACAAGATACTACTAATTCAAAGAC
AGTGAAGAGCAGATTATTCATACGGTGTAAATAAGCATCTGGAATGGACCCATCCGTGTAC
GTGTGTTATAGAGATTCAGAGCAGGGAGGAAAAGTTAGGGTAGATTATTATTAAGGGTT
GTGACCCAAAGCTCTTCAGACATCATAATAAACTGCGACTCTGCTTAAAGATTTTACTA

AAAGAGCAACAACTCTAGGTAGATTGAAGTCTTTGGAAGCTCTTATAAGGCAGCTAAAG
CTCCATAAAACAGCCTTGGTAATAAAGAAGTTATCACACCAAGACATACCTTTTAGATT
GACAGTTGGAGAAGCCAATGCAGAACTGATGGGAAAGGACCAATTATTTATAGTTTCCCA
CATTGTTTGCATCTCTCTATGAAGATACGTCTGTCCAAACTTTTAAAAGGCATAACTGTA
TTGATATGCCACCTGCTTGCTGCTGCACTATGGATAGTCCTAAAATCATTGTATTTGA
AGCCCTGCTGCCGCCGGTGTGCTGCGACCCCTGCTCCCTGCAGGAAGGCTGCTGCCGCC
GACATGAATGAAAAGCTGCTGTTTTAAAGTGGTTTATTATGTTCCATGGAAGAACTGGTC
CCAGAGCTATACTGTGAGGATATTTAAAATAAAGATATGTAAACATGGCACCTTGAAGTC
TCTTGTGGTCCCTGCAGGCCAGTCTGTCCTCCTTCCCTGTTCTGCCACTCTGGGGA
CTGCTGTCATGGCCAAGGGGTTGATATCCTGGGAATAAAACCTGTCCAAAGGATGTAAT
GTCATTGGGGTCAGTTCAGAAGAACTCTTATTACCTGCCTGGAAATTGCCATGAGATAA
GCAGCCAGAGCCGCGCCGCAGGTGCCGCGATGTCGTCCTGGCCGGGGCGCGAGGATGCGA
ACCATGTGGGAACAGATGATGTGTCGTATTAATAAGGACAATACCTCCAGCATTAAAAA
GCAACAGAAAGGATGAGACAAATGCTCGAGATACTTATGTTTCATCCTTCCCTCGGGCAC
CTTTGTTTGAAGACCAAGTGAAGTTGTTGGTGTGTTGTTAGGGGCCATTTTGTAAAAA
AATCTTGTCTTCTTTCCCGCTTTTTGTGAACACAGAAATGTAAGTCTTGCAGAAATA
GCCGAACTGGAAGTTACATTTAGTTCAGGATATGAAGATCATATAAGGCCTGCACGGT
AGGTGCTGCAATCATGTTATTTGTGGCTGTTGTGGATTTTTACAAGAAGATTAATAAAC
ATAATTTGCCATCTGGAGTTTCTCTGCCTTGCTGATCTGAGCTCAGACCTGCCAATTTAC
TTGGTGATTATTCTGTATCTGACATAATTGAGAACTGGTAAGCTGTAAAGATTCCAGTG
GGAAGTGTGTATCCTCAACACTAGTATTGTAAGTGTCAATACATGTCCACTTAATAAAT
AATTTCTCCTTGTAACAAAGAATCTCCATGAAATTCTGTTTCATCTGTTAACCGTCACTC
CATCAAGGGGGTCTTGTGTTGCTAGAGAGTTTGGGGTTTGGTTTGTGGATTTCAATTGTGA
TCATTCCTTACCCTGGTTAGGTCACTACTTTTGCAGATTTTGTGGCACTGATCTGGAGA
TGAAGGGAGAACGAAGCTCGAGCGGAAAGACAGGACCGCGACCGCTTGTGAGGGGATTCCG
GAACTTGAAGGGATGCTTGGAGTGAGTAGATTTGAGGGTCCAGTTATGGAGTGCTACTAA
CCCTAAGGAGAAGAAAAAGAAGGAGCAAATGATCGACCTACAGAACCTCCTAACACACA
TTTTGAAATTGACTTAAGAGAATGTTGGCTGTGTATGTCTGTATCTTGCATTTCTGTTGG
ATGCTCTGAAGTTTTGTAGAAGCACAATTAACATCTAAAATGGCTTTGTTACACCAGA
TAGGATCCTAGATAAGCAGGTGAAATTTAGGCTTCAGAATATATCCGAGAGGTGGGGAGG
GGCGAAGAAGTTCTGAGGTTGAAATCTTTGTGGACTGTGAGTGTGGGAAAACAGAATTCA
GTGTGTATGTATATGTCTGTGAGCTATTAATGTTATTAATTTTCATAAAAGCTGGAAAGC
CAGGAACTGGGGGATCATATATGTCTTAGTGGACAGGGGTCTGAAGTACACTGGAATTTA
TAAACGCTTTTACCCAGCAGAGTGGCAAGACTTCCTCGATTCTTTGCAGAAGAGGAAGAT
ATATTACCTGAAGCCTCAACATCCCATATTGTGCAGTTCCTGAAATACAACACCTACTT
TTGTGTAATGGCTTGACTTAACGCCTGATACCTGAGTAAAGTTTGAAGCATTAAACATAG
GACCTCTACATTCTTGAATGCTCTTCTCATGGGAGACATTAATAAGCTTTGAATTAAC
CATATCACAACACAACATTTGATTTTGTCTTTGCTCGCTGGACAAAACACAGTCCGT
ATTGAGATGATCCTTACTGAAAAGGAACGGATTGTTCCCTAACCCAGAAAAGGAAGTTGCC
TGTAAGCCTGTGGACAAATCCTCTGATGCCTTGATACCTCGGTTTTCCCCACTATAAAT
ACGTGGATCAGCGCAGCACCTTTGAGAAGTCTCTGTTGATGGGCAAGGAGTTCCAGC
ACTATGCTTAAGGGACATTATAAAAGTGTGACTGCTGTGTATTTCAAGTCAAATTTCCAG
TACTCTGGGAAGGTAATGGGAACAGATTTTGGGAGATCGAATTGAATCCTCAGCATGT
ATCCTGAGCCTACTCGAATCCAACAAAGACTTGCTGTTGACTAGCTCATACCTGTCTGAT

GTTTAGTGATCCCCAGTGTCCCCCTTCCCTATGGGAATAATAAAAAGTCTCTCTCTTAATG
TCATTGTCATTAATAATCATAACAGGATAGTAATTCCTTTCCATCTGCTACCATGCCTAGCC
AAGCATAATGCCCTTCTGATAAATAAAGCCCTGCTGAAGGAAAAGCAACCTAGATCACCT
GGGCACCTTCCCACTTTCTAGCTCTGGAGAGGTTGGATTTTGCTTTTGTAACACATGAA
GTGAAATGGTTAACTTCTGCACTTTCTTAGTTACCACAGTCTTCATACCAAGTATTGGG
TACTATTATATGAACACCCCCAGGTGTGGTCCCACCCCAGTGACCCCCTGGAGATTCTG
TTCTGGATTCCAGAAGGGAACAACACTACAGTCGCCGTAGTTTTGTTTCTGTTTCAGTCT
GTGTTTCTGCATGGTAATGTCATGTAATGCTGATATTGATTTCACTGGTCCATCTATAT
TGCTACATTCCAGGCATTGTAAGTATGGGGAACCACAGAGAAGACATTCCCTCAGAA
GAATTTACTTTGTCAGAACAAAATATTTACGCGTTGGGTTTCAGGAATTTCTTTTAGCTCC
GATAAACATCTCTCTTCTCCTTCCCACTACTGCATGAAGAAATTCTACTTCCATTATA
ATTTTTCTAGAGATCTGGGTGTGAATCCTTTTGCTTCTGAGGTGGGTGGTGAGAGACA
ACTGGAGAGTAACACAAATGGCCAATTGTCCTAATAGCCACCATGGATTGGATGGATGCT
AATTTCTCCTCTTTATCCTTCTCCTGGTTTGGATTTCAAGGTATACCACCGCATCTTC
TTTTATGGGATTGATTGTTGCTTTGGATGACAATGGGACAGCTGAAGGCCAGGTGTTCTG
CCAAGGACTCTGGCCTCTCGAGTTCTCCTATCTTCTCCATTCTAGATGCTTCCCTTGTA
GCTGATACTGCATTCCATTCACTTGTCTGAATTCAAGTTTGTGTTTTTTCATGAAGGC
CTTTGGGCATGTTACTTAACCTCTCTGAGCCTCATTATTTTCATCCATAAAATGGAAATA
CTAATTGTCCGCTCATTCTTCAGATTCTACTCATTGTTTTCTTCTGGGCATTAGAAAA
CTGCACACCTTAGATAAAAAGAACATTTTAAAAGCAGAGTTCACCTTCACTCCAGTCTCC
GAAAATCAAAGAGGAACCAACCCAGAAGTATCCCCAGGACAAATCATTAAGGGGGAAAA
ATGCTTGAAGTTGCTAATCTGCTTTAAGTGGATTTTAAATGTCAGGCAATTCTAGACAGT
TTTGCGCAGTTGGGCTTGCCTGGAACTTGGCAAACCTTTGGTCCGATCCTCCCCTGCAGA
TCTGAAGGCCAGAAGGGTGTCCGCAGCCACGGAGAGAACAAGTACAGTTAACCTGGGAA
GACGTGGAAACATCTTTCAAAGCGAAGATAATTTTCTAAGTTGAACAGAACTTTGTCCT
CGAGAAGCTAGATCTTAACTGGTACTTAGGAATTTATTCAGGTTTAACTGTAGCTACCGT
GCGACAAAGCATTCTGCTGCTGTTGCTGCCACCTACCTTCCCTGCTTTGGGAGGATACA
TATTACAGTGGGAGCACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTA
TGGGGAGATTAGGGCCTACATTGTTTATCGCAATTACTTGTATCATTGATACGGGATTTT
TTGAGAATCTTTTGATGACTACAGCAATGATGTATGTGGTGCTGTTATTAATGTTAGAG
TGATGATTTTCAATTTTCATCCGTGTCCCTACAAAGGACATGAACTCATCTTTTTTATGG
TTTATGACATAGATCTTGATACCGAAACAGAACAAGTTAAAGGCTTGTCTAAGTGGACA
TCAAGTAACTTGAGACCTCACAGTAATCTTACACTTAACCTTAGACACCTATGCAGTCA
AACCTGAAGAGGAACTCAGTAGGTGTTGGGCAGGAATTGGTGAGATTCCTGACTTGATA
TGAGAAGTTCAAAAACAGCCTCAAGATCATCAGCGATGCCTCCTGTACCACCAACTTCTT
CCAAAGAGCCATGTGTCATGTAATACTGAACCACTTTGATATTGAGACATTAATTTGTAC
GGAGGCAATTTGAAACCAAGAGAATAAGCGTCTACTAGAAAAATCTCAGAGGGTAGAAG
ATTATTTACACAGAATTTATTTGTATATGAACTCATACCATAATTTAATTGAATAAAT
CTGGATGTTGAATTGCCACCTGTTTGTGCTGTGACATAGATATTTAAATTTCTTAGTGCTTC
AGCACCTGTCACTATCGGAAAGGAAACATCTGTTTACCGTTTGTCTCCCCCTCTCAAAAA
CAAATGATGTGTAATTATCTAGGTTGTAATAAATAAATACTCCCCCTTCCCTTGAGGA
CAGATCAGTGGCTGACTCTGCCGACTTCTCTTTGGCACCTCCATTCCCTGTTGCTGAA
TAATCCAGCTACTTGAGAGATGACGAGGGGAAGATCACTTGAGCCCAGGAGTTAAGAGGC
TTAATGAAGCTGCCAAGTATCGCTATCGCTCTGGGGATCTTTTAACTGTGGAAGCCTCA

TACTGTGGAGTCCTGTGGGGATACTGCAAACCTCTATTGCCAAAGGGATGCTTTATACACA
TCTTTGCAGATTACTCTGCCTCCAAATGCAGGGCCTTTTCAGAGATGCATTGTGATTGTAA
AGAGGGAGGAGCCCATGGCCCTTTCTTCTGTGACTGATTAATAATCTCGATGAAACAAGA
TGGAACGTCGATGAGGTATTAAGGAAACCACTGGTCTTGTGAGTCATGTACACACAGA
CTAACCACTTGTCTGCAAGTACTGACTTTCTATGAATTCTTTGAAGATTATTGAGTCAG
ACACGAGGACCCTAGTAGAGATGAAACGGGACCTGGACAGCATCTTCCGCCGTATCAGGA
TTTCCAAAACTTGTAGAAGGTTGTGAAAAACTACTAGGATCACGCGGCATGTATTGAG
ACATGTCTACACGGGTTCCGGATACCGAATCCGGGACTCCGAACTGCAGAAGATCCACAG
TCATTGCCTTTCTTCGTAGCACCTTTGCTGTATTCACACACCTTCTGTAAAGTGGCAGTT
ATTAGTGTGAGCCTTGCCAAAGATGAGCCTGACACAAATCTCGTGGCCTTAATGAAGGAA
CTCCCCTCCCCTGCTGCAGGGGCTCTGGAGAGAAACAATAAAGAGATTCACACACAAGCC
GTAAGTGTACAAGAGGTATTAAGGTGCTGCTTACCAATTTGCAGTTTGTGTTGGCCTAA
TAATTCTTATGAAGTTAAATCTTCTGCTTGTATGCAACTTATATGTTGAAATTTTTT
AGAAACTTTGTACTTTTAGTCAGAGGTTCCCTCTCCCGTCCATGTACCGTGCATTGGTAT
GTTATGCACCTTAAGAAGCAGGACCTTAAGAAACATTCATTGACAGTGGTGTGATGTCT
TCTAGTCTGGTAATGTCTCTGAATGCCGATCTCTCTCTCTTAGAAAGAGGTGCCTTGT
GAGATATGTAGAAAGACTCTTTGGTTCACATTCCGATATTAATAAGTACATGAACTGG
TGAAAGAAAGAGCCACTTAAATTCTTGTTTAAAAATACCAATTTGCCTCCTCCTCCTCA
ACACCTGGGCAGAGGGGAGTGTGTGCTGCAAAGAACATGGGGAGTATCTGGACTATCAAT
AGAAAAGAACGCCGGGGGATTTGGCTTAAACTCGTTAAACCCAATGAACCCTCTTGCCGA
ATCGGAGTTGGGGAGAAGGACTGGACTTCTGATGTTAATGTGAAGAGCAAAGATTTGGCT
CCATATTAGCAGACTGGAATGAAGATATAGAAGCATTGAAATGATGGAGAAGGATGAGC
AGGAGTTTATAATTATGTGCTGATGTATTGAAAGATGTGTTGACAGTCGTGAGTGTGTAT
AATTCTTCTGCCTCAGCCTCCTGAGTAGCTGGGATTACAGGCATGTGCCACCACGCCCAA
AAGCTCTTTGTCAAGTTAGTGATTGCATTTGATCCCAAACAAGATGAATGTATGCAATG
TAATGATATCAATGATGTCAAACAGCTGAAACCTGGCTACTTAGAAGCTACTGTGGACTG
ATGAGAGCAGCACATCCCACCATTACAATATTCGTATATCTTTCTGCAAATATGGCTCT
TTTGACAGCCTTCTTGTATGATTTCTCCATCCTGCAGATACTTTGAAGTGCAGCTCATGT
CTGCATGTGGCAGGCTGATGGGGAGCACTTACATGAGACTGTTGCCTCAATCTGAGCCTG
AATTTATTTATTTATAAACTCTCTGCTGCTGAGCTTGGGGCCTGGAGCCCCAGGAATGAG
TACCACCTTGCATTTCATTGTTCTTACAAGTGCTTTGTGCCCTTTAATTAACAACA
GGAACTGGATTTGGATTTCTTGAAGCAGGCAGCTTCATATTATACCGATTTGTTCTCTGT
CCCAGACGCCTACAACAAGAAGCAGACCATTACTACTATGAGCAGATCACGCTCAAGTC
TGGAATCTTCTTCTCACTGCTGTAAGCAAAGCCATGACCCTCTGCCACAGAGATAGTTTT
AAATCTCAAACGCGCAACATATCACTTACGCCCCACCCACTAATTATAAACACCAGCC
CCCACAAATGCACCAAGAGACAAGCCATTTACATACAGATATTCACAGTCACACATAGA
ACCTTCTATTCTGTATGATGATTTGGTTAAACACTGTCAAATAATAGAGATGTGCCAGA
ATCTCTGTCCATTCCCTGGGATCTGGTGGTCAGCCCTAGGATAAAAAGCCAGGGCTGGA
TAAGACCTTGGATGAACTTCACTGACATCATTCTTCCCTAAGCAGTCACCAAAAAATTTA
GTCCTAACTTCCACTATTCTAGAAAGTATAGTGGTGAATTTGTGTGCAAAGATTTGAAGTT
AGTAGCTGGGATTACAACAGCTGTGAGCCATCGCGCCTGGCACAACCTTACAATTTTTTTGA
CCTTTCTTGGCCCTTGTCCCCCAAATGTCTGACTCTGACTCTCGGACTGAGAAACGCAA
GGCGAGATCGCCACCATCCTTGTGCTGGAGACATCAAAGTTAAGAAAGAACGGGACCCCTAG
AAACTGGCTCCGTGGGCAGTTTCTAAAATGTGCCTCCTCGAGTTGCCCTTCTCCTCCA

AGAATAGTCACTGGTCTTGGGCTAAATGGTGACTTCAAGTGTAGTGGCTGCATAGGTGTT
GCTGTTACCTTCTGAAACTGTACCTTTATAAATCAATTGTTTTGCAAAGAAGTTATGGCC
CTCATGCCAGAGGAATGCCAACAGTTTAAAAACAGGTGAATAAAGAAATCCAAGAACAT
CTGCCATAAACAGCCTTCTCTCAGATATTCTATTTAATTCAATGATATATTCCAGGT
AGCACGGATTTATTTTCTCTCCGTCTTCAGTACTTATTTTAGCATCTAGTCATACCCCAG
TTCCGTGCAAGGTGAAAAGAAATAGGTCCTCCCAGTTTACAGCTTGAAATCAGGCTAGTG
AGTCAGGAAGGGGCTCCGTGAAGATCATGGGCTACAAAGATTTTGTATCTTGTGGAAA
CCATGGCAGCCACAGAAAAAGAATTTTTCTCTCTGAGCCAAGGTTGTTTTTTGTTTTT
TGCTGCTGTTTCAGCCGAGCTGAATTTGAGAATGCTGAATCTGAGGCTGATTTAGTAT
ATAGTTGTTAAACCATCTTGCAAACCTCATTGCCTGATGTTTCAAGTCTCCCAGGCTCAGCTG
TGGGAAATGTTTTATGATCTGTAAGTCCAAGGAATCCTCTCCCACCATTTCTTTCCCCC
TCTTCTGCCGGCTGCCCCAGAGGACAGTGGGTGGAGTGGTACCTACTTATTAATGTCTC
CACTTAATTGAAATGTTTTCTCCATCTCCCTACCAGACTTACATGTAGTGAAATAGAAT
GGCCCCGATGGATGACTGGTGGAGCAGGGGCTATTGGATAAGCCTGTCTTCTCCTTT
AATTCGGAATTAGCCTTGCAGACTCACCCATCGAGACTTATGACTCATGACTCAAGTGA
TTCCAAACATCCCTCTTTGGAAGGGAAATACTCTAATAGTTTAAACGTTCTAAGCAATGT
CCCTCAAGCCTCGCACCAGGGTAGCAAACCTCCTTTTTATAAAGATTCATACCAAAAA
ATCAACGAGAAGCTTTGGGCCAACACAGAGATGCATCTAGTCCCATTCTTGCCACAGCC
ACAGCAGCCTTAGTTTAGGAGAAGAGCTAATCACAGGTGACCACTCAAGTTCTTTCAATG
GTCAGATTCAAATACAGGTTTTCTGACGTTAACTTATGTGATGATTTGATCAAAGCAGGA
TAATACACCAGGCTGTACCAGGGCAGTTTCTTACTTTAATCCTTTAACCACAAAACCACAG
CCTTGTGCCATATACACACAAAATTTGTGGAAGGCAGTTTTAACTTTCTGAAGAATATC
CTTCATTATCCACGAGATTGATAGTATTTTGGGCAATAAACCTACAGCAAAAAGGACT
AAACTCTCTGAACAAGAATTACAATTTCTGTCGTCTCAGTCAAGAGCAAGTTGACAACCTT
CGGCTACATCCAGAAGATCAAGGCAGGAGAGAAGGACTTTGAGTCTCCGGCCTCACAATT
TGAAAAATCTCCACTAACAGAGCCCACTTTGAAAATAAACATGGACATGGAATCTGTCA
GGGAAAGGGTCTGCTTCTCCTCGTTCTTATTTAATCTCCATTTCTACTGTGTGATCAG
TCTGTGCCCCATAGCACTGTGTATACCGTACTACCACTGCAATTCACATTATATTGGA
GAATACGTTGAGTTCTTAGCTTGTACTAATGCAGACTATACCACTGGTCAGGTCTT
GCGAGGATGAACCTGATTGTTACAAGGGTTACACCAAGTCATGCTAATTCTATCTCCAAG
AAAGGGGAGCACTCCTTGCCCCCTGTTCTGGGTTTATGCAGTTTTCTTTTAGAGTTTA
TGAAAGCATTTACCCTCTCAATGCCTCACCTTTCCGTTCCGAGATGGAACCATCAGT
CAACTTGCTCTTTCATATGAGTTGGTCATAGCATGTAAGAACCAATCTTGAAATATCGTT
AAACACAGGGGTCCAAAATGCCCTTCCCAGACACCCTGAGGAGTAGAACAGTGCCAGCA
GAAATAGAGACGCATCTTCATAAACAGGCATACAGGACAAACAGCGAAGCTGTTGGTTGA
TTGTATCTGTCACTCAAGGGTTGCAATAATTACACACACGCCTGTCTTTGTCTCCACT
ATAACACTCTTCTCCTGTACAGCTGGCTGTGCGTGAATTAACCTTTCTCTATTGCAA
TTTGTTTAGAAAGGCTCTGGAAGTATTGACTCAGAAACCGGCTTTGCGTCTTCCAC
ATTTCTGAACCTGCGACGGATGCTGGTGCAGACACACCTGCAGGACCTGAAAGAGGTGA
CCATTGTGCCAGTGTCAAATGCTGAAGTTACAATTATCTCTTAAGCATGAGATCAAATAT
TATGTTATCTACGGGATTCGATTCTCCGTGATGGCCGAAAATGCTCAGTTCCTAAGGGT
CCGGGATCCCTCACTGCTCATCAATGCTTGCCTCAACAAGTTGCTGCTCTACAGGGTGGT
AACACAGGTCTATTGACTCACACACATGTTTTAAGATGGAAAACCTTACTTCTGTTCTTG
GACCTTCAGCAGAAAAGTATAGCGTGGCAACCCAGCTGTTTATTGGAGGTGTCAGTGGAT

TTTTGGGAGGGGTGCCGTTTTTATTTTCCTGAACATTTGCTTGAAATATTTTGTTAGGGC
CATTCTACCCAGCCCTCTGCAATGCGGATGTATTTAATTCTTAAATTCTTTATGGAACA
AAGCCAGGGGAGCAGGTGCGCTTCTCCATAGGTCCTGGTTTAAAGCAAGCGGAAACACCA
TGAGTACCCTGGGGTGTCTGAATCTTGATTTTGATTAACCCTATAACTCTGAGGTCCA
CTGGCTTGTCATGCCTCATTATAGAGTGTATCAGGTAAAGAAGTAATATTTAAATCAGGA
CAGAAAGGATAGTATGGGAACATTACAAGGGGGATACTTACTGTGGAAAGTTCTGCTAG
CCTTTTAATAGCAGAATTCCTATTTTTCCCTTGATTATGTGTATTGATCACCTGCAATC
AAAGAGGGTCTGTGTCCCCTTCCCTTTGCAGAAGCACATCAAGCCCGCACACAGGCTCTA
GGCCAAATATCCTACTGTGATCACTTCAGTCATATCCTGGACCGTCTTTGGTTTACTGTG
CCTCTGCGTCCCAGGTTCAAGTGATTCTCCTGTCTCTGTCTCCCGAGTAGCTGGGATTAC
CTACTTATGGTTTTACATGCTTCGGGCTGCTACATCAACTCTCTCAGTGTGTGACTTCT
AAGGCAGCTGGGCCGTTTCTGTCTGTGTCCCATCCTGCTGTCCTTCTGTCCTGGATGTTT
AATTTTTGTTGCTTTAGTAGACACGGGGTTTCATCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGATCT
GCTGGAGTTTGACGAGGAGACCCTTTATACGTGAAGGTGTACCTGGTGCTCGGTGACATC
AGCTTGCAAATACAGAAGAATACATAGATGGAGCTTTGTCTGGACATCTGGGTGAAGTTT
GGCTCCATTGATTTTATTAAGCCTTCCCTTACCTTGAGTACAAGGTGCTTTAATGGGAT
GGGAAAAGTTCAATCTCTATTTTGGTCCACAAGGATCAAGTGCTTATGAACCAGACCAAA
GTGAGAAAACCACACTCTTCCCTCAGCCTATTATAGTTTAAAAAGTACTTTCTCATCCATA
CAGCTGCTTCATCATGGTGGGCTTTTTTTCATATTAGGTTTTGTTACCTTTGAGTTTTTAA
TGTCGCTTAATGCCTATGCACTGGATTTCTACAAACATGGTTCCTTGATAGGATTAGTCC
AGACATAAACGACAGTCTTGCAACAGTGGACAAATGGCAAATATTTTTCCAAATCCCTA
CCTGGGGACTTGATTAGGTGCTATGCATCAGTAGCATTTTGAATGCAAGGGATGATGGAA
ATCATGGGAAAAGCTGTTTTTGTATGGCCAGAGTTCGGCTGTCGTATTGGAAGTGGT
AAGACAAGAAGCAGTTGTTTCAGTGAAGTGGCAGGACTTGGTTGAGAAGTTATTCCGATCGT
AATGCATCGTTAGGGGAGTAGTGGTAAATATTCCAGAATCCATATGAAATTCATGAGTTT
AGGGGAACATCTGGCTGTTAATCACTTGACAGTTGAGAACATTTCTATACATCGGCTT
AGAGTACATTGACATGATCTGTGCCATTCTAGACATCCCTGTCTACAAGAGTCGGATCCA
TGGAGGCATATGAAATTCCTCATCGAGGAAACACTGGAGATGTTGCTGTTGAGATGATGT
GGAGAGAACCAGTATGAGAAGTGGGGGCAGGGCACACATTCATCTTTGTAGGAAGGTCTG
AAAGTTTTAGTTTTGATGAGTTGTGAGTTTACCTTGATACTGTAGGCACACTTTGCACT
TCAGGTAGAGAAAGCAAAAATCTCTGGCCGTAAACCGTGCTCTAATTTATCGGCAGC
ATGGAGGCCCATCCTCAAGTGGTAATGGATGTGAAGAACAGAAACCCAGAGCTATAAAT
CTTGCCAGTTTTTCTCTAGGAAATATACAGTTAGTGTTCAGTACCTTCTTTTCGTA
CCTGGAGCGCCCAACGATGATCAAATATGGCATCAACAATATCCGGGAGCTGGTGGGCCA
TGTACCTGAACAGTCACATGATATGTTGGTGCATGTAGACAATGAAGCATCAATCAACCA
GGATGCCCCCGCCCAAGCCCCTGGCCAGCGCGCTGGCGGACCGGGCTGCGGCCAGG
CAGAATCCTGTTTGTAGTAAGAAATCTTTGTGGAACCCAGTGTGTGAAATAAATTGTAT
AGGAAGTGACACTTATATGCAAAGCTGATTTGGAGAACCATAATAAAGATGGAGGCTTCT
GAGGATGCTGGAAACAACGTGGAGGTAGATGAGTCTTTGTTCCAAGAAATGGATGACTTG
GTGTATGTGTATCTCACACTCATGCATTGTCCTTTTTTATTTAGATTGGCAGTGTAGGG
ATGGAACCAAAATTGATTCTATTCTTGAGGTTGTCCAAACTGGACGGACTTGCAATTCTGG
AACATGAACAGCTGGAAGAGAGTTTTTCAGGAACTAGTGGAAAGATTACCGGCGTGTTATTG
TGGGCTCATATTGTGCATACCATTTTGTAACTGCTTTTTTCACTTAACAATATATTGGG
AGTAGGAACGTTTCTGTTTCAGTTTCCCTCACAGCAGCCTGTGTTAGCATGCAGTTGAAAA

GGAAATGCCTCAAAAACAGAACTTCAGTTTATAGTTGACTTATCTGAAACTTGAATACGG
TTCCCTCTAGGAAGAAAGGATGCGAAAAGGTCCTGACCCACCCACGTGGAAGATTTAA
TCATGCGATTATGCCATCGACCTTTATCCCTCTCTATACAATGGTCACTTTTTCCAGAAT
AAGAGGTGGTACTTCAGGCAGGAGGCACCATCTATAGAAAGACCTAGAAGTAACTTGC
CGCCGCAGTATGCTTAACATGTATTTTCTAAGTTTGTATTATGCCTTTATCTTGGTACTT
TCCAACCTGCTCACCCCTGTGGCTCTTCTCCAACAACCTCTCCACCATCTACCCGGGCACT
ATGGGGGTACCCAAATCCGAAGTCAGTAAATGAACTCGTCTACAAGCGTGATTATGGCAA
GCTTCTCTTAGTTGAAATAAGTTGGACTGTGAAACGGACAGAGAAATCACCAGGCAGCA
TCTGCCCTCCAATCTGAATGACCCCTAGAACCTTACAAGTCATTCTGGGGTTATAAAGA
AACATATAGATGAAAGTCAAAATGCTGGGCAGAACAGTAAGAGGCACACTGAGGCCAGT
TCTTCAAAGCAAAGCTCTTTACTTTCCCTTGGTTCTCATAACTCTGTGATCTTGCTCTC
ACGCCATGTATAAGTACCGCAATCGTGATGAGGGCTCCTACCAGGTGGACCAGAGCCGAA
ATATAAAGAAGTCCCCATTCCAACAGAGGCCTTCATGCCTTTCTGAAAAATATGACA
ATTAATACAGTGTGTTTGTGCTCTTTCTGGTTTATCTCCCTTTTCTCCTCTCCCAAGAC
CCTCTGTTTTTTCCCTTTAAAGGAAACTTTGAAAGGATTGTGAATACTGGAAAATGACA
ACATTGCACTTCAGCCTGGTGACATGAGCAAAACTGTTGTCTCAACAAAATGAAATTATG
CAGACATGGATGATCCAGCTTATATTGCAGTTTTGGTACTTATTTTCAATGCTGCTAAAA
TCTCCATGTGAAGATGAGTGGGAAAGCAGATTCTACTTCCATCCGATTTCCGATTTGCCA
ATCTGGAGCAAAGAGAAGGATAAACAGAAAGGACACCCTCTCTAGGGTCCCCAGGGGGGC
ATGATTCCTTCCCTCCAGAAGACTTTGGCATTGTGTCTGGAATGCTCAATGTCAAATGGG
TAAAATAGTTGCATTCGGTTAATTTTTACACATTAGTGCATTGCGTATATCAACTGGCC
TGAGAGCAACTCTTTTTAAAACCTGCCCTGTTGTATATAACTGTGTCTGTTTACCCTG
TGTTTACCTTTGGGCATGTCTCAAGAGGATAATCAGCTCAAGCTAGTACCTGTCACTCCT
TCTAAGGCAGCCTTCTCCTTGCCGCTCCCGCCTCCGAGCGTGTGCAACTCCAATTGTC
TCCACCCTCTCGATCTGTATATCCTCCAGTCCAAGATTAAGAGGCGGACTGTGGCCTG
TTTTGGATGCACTGAGACCCCGACATTCCCTCGGTATTTATTGTCTGTCCCCACCTAGGAC
GAGATCTAAAACCTTCTGTTGCTTTTGCCATTCCAAAACCTTTGTCTTTGCCAGAAAAGTGT
TCATCTGCACTCAACATTTAATCGTGTCTTGTCTTTTTATTTTCTTTTTGTTTGT
TTCCATGATGGGAATTCAGACCCCGAGGCTCAGAGGGTGCCTCGCTGGAACCTAACGTGA
CAAAGTCCCCCGCTTGCTATGATGCCTGACAATAAATATCCTTATCCAAATCAATAA
GCGCCGAGCACGAGACAATGATGCACATTTAAAATAAAAGAATGATGCACATTTAATA
GGATCCTGAGAGACATCACGAGGGTGGGAGAGACTAAAATAGCTTTTCAAAAAGCTGAGT
GGATCTCTACTTGTGGGTGTTATGAATCCTTTGAAGAAATATATTTTGAAGAGGTGTGG
ATCCACCTCGTGGCCTCAAGATGGCAGTCACCTTCATTGGCAATAGCACAGCCATCCAG
ATGTTCCGTCTGTGGGAAACGCTTCAATCAGAGTGCAACCCTCATTAAACACCAGAGAAT
TTGAGGAAGTCTGTATAGGGTGACCCATTGTGTCTCAGTACCACGTTTTCTTTCTTTTT
CAGGTTTTTAGAAAGTCAAATATAAACAATCTGTCTGTTTGTGTGTGCATGTGGTGG
TGTCAAACTGTACTATACACATCGTGACAGTCAACATTAACGGAGATGATGCCGAAAACG
GGCCTCAAATAGATGCTTTATTAGATACAATGAAGCAGGGGACATAGAAGCAAAAAGTAA
ATCTGCGTCCGGAAGGAAGTCATCCGCCGTCCTCATCTGCGTCCGGAAGGAAGTCATC
GCCACACCCTTATTAGCTGGAGAGTTGGTTCACAGCTACAGGCCAGACTCGTGTGACTG
TGTTGAATTGTAGCACAAACCTGAACCTGGTCACTGACTGCATGGAACATGCTCTGACAT
TTTTAGAAGCAAGTAAATCATCCTTTTTCAAGAGCAGTGTCCGTGGTGTGCAGTTCCTC
TGATTATGGGACGAGGGTAGAAAGTAAGAAGCACTTTTGAATTTGTGGGGTAGAACTTCA

AAGACCGGGAAAACCACCACAACCTCTGGGAAGGAAACCAAGGGGAAGACCCAAAAAACTG
CTAGTTTGATTAATTCTTGCAAAGTATCCCTACTGTAATTTGTGATACAATGCTGTGCC
CCTCAGCCCTGAGGTGCCCTGAGCTCTAGGCTGCTGTCCATGCCAGCTTGGGACAGCCC
AAGGCTATTGGGCAAGTTTGGATGCATCTACTCAAACCACCCATGAACTCACCATTCCAA
TGAGTCCGCCATGAAGAAGATAGAAGACAACACCACACTTGTGTTACGGTGGATGTTAA
AAAGACCTGTATGTCCTCCGGTATGAGTATAAGGATGGGTCCAGAAAGCTCCTTGTGAAA
TAAAAGGAAAGTAGTTCCATTCCCTAGAAATAACCAGTGTTAACACTACTTGTGTATCC
AACTCTCTGGCCCCCATTGGATCTAGCAAAGATAACTTGGATGCTAGATATTTGCATAC
GTCCCAGTGATCACTACTGAACCTTTAAGAATCCAGATGCATTTCAAGTTTAATTGAATA
TCTACAAGTCCATCACTCGTGCCCCGTTTTGAGGAACTGTGCTCAGACCTCTTCCGCAGCA
TGGTGAAAGACGACTTGGTGCCCAATTTCTAATAAACACAATGCTATTAGCGTCACTCCA
ACACATTACCTGATGTGAAAGCTTTGGGGTTTTGGAACAGTTACTTACAGGCTGTTGAAG
TGGTCATCCCGTCTCTCAACCCACTCATCTACAGCCTCCGCAATAAGGAGGTCAAGGAGG
ATTTATTTATTACTTTAGTTACGAATTCCAATATACTTTAAAATGGTATTTGTTTTACAG
TTGTGGAGCATGCCAGCGAGAAGCTGCAGCTTGTATCAGCTACACTGGCTCCAAGTCA
ACTTCCAAGTCAAATTTGAAGGTAGAGTTGGGAAAGGTCAGCGTGGAGACATTGCACTTG
AAGGCGCAGAGATTGGAGTGCCCTGCGGAGTTGCACACTGGGTGGGAAGCACTCAAATAA
AGTACAAGTTCATCTACGTGGCCATCGCCAGTTCATTGAAACCACTAAGAAGAAGCTGG
AGAAGAAAAACACAAATTATCATCAGAACAGAGAGAGGCTGCCCCCACCACAAATCTCCC
GGTCCATTTTACAATCCATTATTTTTGACCACTGCTATGTGTTCAAGTAGTATGAGAATG
AATGGAATACCAGTCGGGCGTGAAGTGTGTTGGTGGAGAAGGTCAAGAGTGCTGTACGGT
TAGAAGCTGAAAATTAAGTTCACACTTGTAGATTTTGTGTGTAACAGTGTGTACCTGG
CTTCATTTTTCTCCTCTCAGTTTTACCGTTGTTGGCAATAAAGTTATCTGTTCTCAAAGC
TGCTTCTCAGGGAATCCGACACCAGCCAACCATTTAAGCCTCTAAAAGACCTCGGGCAA
GACCTGGCTTCTGCTGTTTCCAGAAGTGTCTTTTTGTACCTTATTCTGTAGTAGACTGTT
AACAAGAATAAAGGCAGCTGTTGTCTTCTCCTTATGGGTAGGGCTCTGACAAAGCTTC
GGAATTTATGCTGGTAGGAACTTTCAAATGTGAAGAATATTGGCAGGTCTATTCTCATC
TGGAAGGCCATAGAAGAAGGGAGAAGAGGAAATAATACTAAGTCATACAGTTAATCCAGC
TCTCCCTTATTAGAAATGACCACTATATTATGTTCTAAAATATCTGCGTACTTGTGTCCC
GAGTTTGAACGGGAAACAAGAGAAATTGCTCTAAAGGAACTGGAGAAAGAACGTGTGCAA
GTCTGGAATGGAAAAGAACACGATGAGAATTAGACTGGAAAATATGTATGTGTGGTTA
TTCGAGGTGGAGCTGCTCAAAATAGAGCGACGAACTGAGCTGTAACCAGACTGGGGAGGG
TCCGAGGCCTCGCGACCGCCGAGCCTGCAGCCTGCCCCGCGCCAACATGAGCTTCTTGT
CCCTCACTGCCCTCCCATTAACACACTCAAGGCTAAGCTAGTGAGGGGAGAGTATCTTT
ACTTTAGTTTGTCTTTTGTAAAGTACTGAAGAATCAGAGTGGATTTAGAAACTGCCTTG
ATATAAGATGATCATGTGATGTGTACAACTATGGTGAAAAGTGCCAGTGGTAGTAAGTG
TGCTCGGCTTTTCGCTTGAACATTCCCTTGATCTCATCAGTTCTGAGCGGGTTCATGGGGC
CCCGACTTCCCTGCCAGCCCCGCTCCTGGCTGGATGAGGTAGACCAGCTCAGTTCTGA
CATACTGTAAGTACAGAAATCAGACATTCCCTCCCTACCAAGGCCACTTCTATTTTTGAGG
CACAATCTCCTCAACTGTTTCATGATGACACCCATTCAAGAATAGAACAATATGCCACAC
TTAGTGACCAGATACTGCCAAATTGATGTGTTCTTGTCTTCCAGGTGAGCTTTTTGTTCT
AATGAGCATTGACCAGAGGAAAAAGATGCTCAAAAACCTCCGTAACACCAACTATGATGT
TGATTTCCCATGGCAGATCTGCTGCTCATCCTTGGGACCTCCCTGGAGGTTTGTGAGCA
AATTGATGCTGAAAATGACAAGGAATGGATGTTGTACATTAGAAACTTCTGAAGGACA

GTGTGTGCCTGATTTCTGTTTTCTGTCAAAGAGATACAAAACAATCAACTGAGTTATCTT
CAATGAGTTCAAGTTCCTGAAGCCGATTATCCCCAACTCCCTCCCCAGTGCCCTGGGAA
GGCCATTTATAATAGCTGCTTTCTAGCTTTTTATTCTATGATAAAGAAGGATTGAAGC
AGGAACTTCTACGTGGATGGCCATGTCCCCAAGCCCCACTGACATGAACACCTGGACCAT
TACAGTGACAGCCAAAGTACTGTTTCATGGCATATAAAAGAGTGTACAATCTGACTTTTTT
TTTGCTTGCCATGTGCCACCTCTGTTGAAGTTGGCCTGTGGAGACGATGTGCTGGTGGTG
GAAAAACGCAAGTGAAGAGACTTCTCAGATCAGCAGGAAGTGAATGTGTTCAAGTCTT
GAGAATGGAAGATCAGGGTCAGAGTATTATTCCAATGCTTACTGGAGAAGTGATTCTGT
CTGCTCGATGGCACGGCGCACTTTCTTCGCAGTTTCTCAAATCTTTCTTATTGTT
CAAACCTTGTTAATAACAACCTGGATGAACAGTTAGGTCGTGTTTCAAAGAGAAAAACCTA
CCCCCGCAACTCTGATCCGGCTCTGGCCTGGACGACGCCCGACGCGCCTGCAGCGCA
ATTTCTAGACTTAGACTTGATTTCTTAACATTAGGGTATCGCATACTCAAATGGTAGAC
TTTTCACTCAGCAAATATCTGGGTATGTCCTATATGCCAAACATCAGTGGACAGAGGCC
ATCGGAGATTAGCAAGAACGTCGAGAAGATCCTGGCCGAGGTGCTGCCCAATACGTGGA
TGCCACACAGCTCGGATTTACGCCTCTGATGTCAGATCTTGGGTCCACTGGCTCCACTGA
TTGCAATTCTGTCTGTATACTTTATGTCAATGTGAGGTTGAATTAAGATAGCCATATG
GGAAAAGGAGAAAAAATTCAGAAGGCCCTACCCCTTCCAATGGGTCAAGTCAGGAATTT
TGTCCACACGATCAAGGCAGGAAAGATAGGCAGGAGTCCCCTCACGAAGTCTCAAGT
CTCCTCCCCAAGCACTCTCCTAGTATGGTAAGAGAATAAACTGAAGTCCCTAGAGGCCAA
ATGCCTCGCTCCTCTAGGACGGGAGGAAAATCCACAAATCCTGTCTACTCCAAGCAGC
CTCACCTGTTGGCCATGATTGATGACGTGACTGCTTCCATTTTGCAGATGAGGAACTA
TATGTAGAGAAGATTGACGTGGGGGAAGCTGAACCACGGACTGTGGTGAGCGGCCTGGTA
CAGACTGCTTCAGACTTCTAATCATAGGCTTGTAACCTACTAATAGGCTCTGCCCTCT
GGACAGAAATGGAAGGAGACTTATTTTTACTGGATATGCTTTTGTACATTTTATGGCT
AGTATCCCTGTGGAGGACAACCAGATGGTGGAGATCAGTGCCTGGTTCCAGGAGGCCATA
AACTACGAGAACACCGTGGTCTTCTCTGTCCAGCTTCCAGTACCTCATCCTGGCTGCA
TTTTAAATCTCTCAGCTTGTGCAGCAGGGCAGGTAAACATGAAGTTTTTAAGGATAGAAG
TTACGAAGCTCAGAATCTAGAACAACCTCCAGGTCAACTTCCGGAATGTGAAAGCCGTCAA
GTCCTTGAACAGTAGAACATGCATGATATGCATATAGCATAAACAACCTGTTAGTTGTTT
TGCAGAGACACCACCAGAGAGACAATAGCACCCACCACAGAGACAACAGCACCCAC
TGCACATTCTCATGCTTTCTATAGTTTCTATTTTTTCAGAGAGTTGATCTTCTTATGGGC
TCCTTCTGTATCTTGAAGTTTTGTACTTGGGATTTCTGGACTGATAAATGAATCATCAC
AAGCCCACACGTGTGTTGAGAGCTTCTGACTATCCTTCTTGGGTTGTTTTGTTGTTTCA
TCAGACATCTTCTGCTTATTAGAGCATCCCTAGCAACAAGGCTAAACCTTCATGACAGT
CTTTAATCTGTGTTTCTGCAAGTGCCATCCTTGTACAGTGTTAAGAGGGTAACATGGGT
AAGGACCCTGTTCACTGCTGCACTTTTCAATGAATTAATTTATTTCTGTTCTAGTGGG
GGATTTGGAAGGCTTGTGTTGTGGTTGACTACTTTTGATAAGCAAATTTGAAATCATT
GCTGAGATGCCCCACCCAGGTTTCCCCATCAGAGTTAAGAGGAAAGAAGGCTGTTCA
TCTACCACATGCAAATCTTTGCGCCTAATCATGTAGTCGCCAAGTTCCACTTCTGGTACT
TGAGGAACAGCCTTTTAGAGACATATCCCCTACAAATAAAGCATCAGAATTATTATCCT
CGAATGTGGGAAGCCTTTCTGTGGACAACCTTACTCAAATGAGAAAATTGATACTGATGA
TGAGGATGTGACCCCATCTGGGCATCATTTAACCAATAAAATTTCTCGAATGGACCATAA
TATCCTGAGTGGAGACTTTCTTCTAGCAAATGCCTGCAATGGACTAGCTCTGCTACAGAA
CACTTCGACCTTTATGCTCTCAGGGAAAATAAATGGCTTTGTAGACACTGCTAGAGGTCA

ATAAAGAATCTAGTAGCTCCAGCTCAGAGGAGGAGGAAGGTGAAGATGAAGCTTCTGAGT
TGAAAGAGATTCCAGTGGGACATGGTGCCGTTTTCTGTTTGCCTTCTTGAACAACAGT
CAGCGGCATATACTTGTGTTTTGTGATTATTCTGTATCAGAAATGAAACAGACCCTCAAAT
CCCTCCCCTCTGAAGAAGAAGCTGTTCAATTCCTGTAACATCTGTCACCTGAGGTTCAAC
AGAAGTGAGTTGTATGCCCAAACAGTCTCTGAACGGTTACAGGCCCATGGAAAGGAAAAA
CTAAACCTTGATTCTGCTTATAAGTCATTTATCTAATCTATATGATATGCAGCCGCTG
GGAGTCCCCGCTGTCTTCATGAGGTTGGTATTTCTTTTGTGGAGTGCCTCATCACAGGA
TCCACACGATCAGGGAGAATTATCCCTAAACCCGAATTTCCAGAGCTGATGGCATCGTC
GGTCTCTATGAAGATTTCCCTGAAGGCTACTTACTTTCTCTACTCATTAAAATTTTTGCT
ATGACTTGCAGGCACAATATCTAGTACTGCAACTGCCAGAACTTGGTATTGTAGCTGCTG
CTGGCAAAGTCGATGTGAAGACAGACAAATGGGATTTCTACTGCCAGTGAGCTCAGCCTA
TCATTTCTTTTTGTTTTGTTGTTGATGTGACCGCGTGTCCACAACCCTGGGATTCCCT
GCAAATTAACAAAACCTGTTCTTCAGACCTTTTATTTGCATTCTGCTTGGTCTGTCTTTC
TGGGCTAACATGAACTCATCATGGTAACACTGGGTATTTCCAGCTGATCAGAAGCTCAGCA
AGAGGTGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAAATGATCC
GTCTGGACGCTTCTTCATCATGATCCAGATTTTATTATGGCATTGTTGTCTATAAATCA
TCAGTGATAACTGGCTTTATTTAAGTTGGTAACCTATACTGAGTATATGTTTACAAAGTG
ATACTAGTAGTGATGAACTAGTGCAATTACATACTGGCAGCAAAGAAGTCCTGGATGATA
CAGCAACTGGAAGAAAGGTCTTTGCTGAGATATACAAAGAGGCAGAATGTGTGTGGATCA
AGAGAGAGGGTCTGTGGGTTTTGTGGAGTGTGGGGATCAGTCGCTGACTCATTAGATGAAC
ACACTGGGTCCCGTTACCGTCCCCAACAAGCTAAGAGTTGAGGTAAGTAACACACTGGG
CTAATTTTTGGTGCTGATACTGTATTGTCAAATCCACTGAATATGTTACTTAGTTCCAG
GTGCCATAAAATGAGACTTTTTACGCCTTTATAAGGCCTTAGATGTAAATAAACTCACCC
GCACATTAGTTCCAGAAGAAAGATGGAAATTCTGAAAACCTGAATGTCAAGAAAAGGAGTC
GGTGTAGTACCAGCCTCTCAGTTTGGCAGCGTTCCTCTTGGCTCGCACGGTGTCTTCA
TCCAGGGAAGCTGGGGGAACCTGCCACATCTGAGGAACTGGAATAAAGATGAGGGGGCTTC
CTAGGAGGCAGGAAAATGTGACCCAGATGGGGGTGCTATTTGGCTTTTATCCCTGCCTT
CTAACACCTCTTGCCATATTAGAATTGCTATTGCTCTGTCTTTTATTTCATGTATCCAAC
AGATGAACTGTTCTCATCAGCAACATGCTATTATGTCATCTTTTAGGACTAGGTAATGCT
GGCAGTCTCTATCTGCAAACCTGTGTTACCCTTTTGTAAAAATAAAGGAACTGGACCTGT
GAAGATGCGGGAGCAGGAAGTGAGGCTGCGGCAGCAGGAGGAGAAGATGCAGGAACACTA
AAGGAACAGTGATTCACTTTAAACAACCCTGAAGTTCAGGCATCGCTGGCAGCAAACACTT
GCTCCAGGGAGGAGATGCATTTGAACAATCCTGAAAACTTTTGGATCCCAAGTCTGACT
AATTTGGCCATCTACACACTGATATATATGCACATCCTTGGACCCAGCAGTTGCACTCCA
TCAGAAACCATTTTACCTTCTGTCTCCTCCATGTCTGCACTGTTTGGGAAAGAAAGCAC
TGAAATTATTTTATTGTTTCATGTCTGCTTCTAGATCTAAAGGACACTAGCATTGCCCC
CTCCCTGGAAGCCCAGAGGCTTTTCGTAATCCAATTGGTGGCAAATGCGCTTGAACCTG
ATTCTTCAGAGAAACCCTATGAATGTAGTAAATGTGGGAAGGCATATGGTCGGAGTTCAT
AGTGGAGATTATCATGGCCATGGAAGACGAATTTGGGTTTGAATTCCTGATATAGATGC
GAACTAAATGAATTCGGGAAAAGCACAAACATTCGTCTCATGGGAGAAGATGAGAAGCCA
CCTTTCATGGCAGGGCCTCATCTCACCTCTCGCAAGAGGGTCTCTTTGTTCAATTTTTT
AGTGAGTCAGGGTACTGATTTGCTATAGCTGAGCTACATGCCCTCCCCTCCCCTCAGTC
GTGGGATGATTAAGTAGATATAAAGTGATTTAAAAGACAGCATGGTACTTTCACTCAGCT
AGGACAAGGACCCTAGAGTCCAAGAGAATCCTGGTGATCAGAGAAGGGTCCCCGAGGTCA

GCAAATGTGGACTGAATCTGCTTGTTGATCAGTGTTGAAGAAAGTGCAAAGGAACTTTT
AGGCTCCCCGGCCACCAACCCACACCCAAAGCAGCTGGGATTCCAGCCAGTAAAATGTG
AAGTAGAAAGTGGTAAAGATTCAACATGCAAGATTGTACTTATTGGGCTTCAGAATATCC
CTGCCCTCAACCGCAAGACTGTTGCCGTTTTAGTGTGGAGATAAGTTTGCCATTACATTA
AGTTTCTTGGGTGAGATGCTTGATGAACTTGCAGTCCTTTGGGTTCTGATGTGTGCTTTG
CCTTGCGTCGCGTCCGCCCCGCGTCTCGGGCCACCCGGCTGCCCCGGAGACGCCCGGC
AAGAGAGCGATCCGGACCCTCTGGACAGTGCTAGATGCCATTGATCAGATGTGGCTGCCA
CTGAGTGAACAGAAGAAAAGAGCATTTTACCGATGGTATCAACTTGAGAAGACAAACCCT
TTATGATGAAGAGGAACAGGGGTATGACAGTGAGAAAAGAGAAAAAGAAGAGAAGAAACC
GGTGCTAATGACGTCAGGACTAGGGGACAGTCTGTTGGCTGAGACCGAGATGTGACTCTC
ATAAAAGGAAGAGCTATCAAGGAGTACCAATCAGGTCGGGGCACTCAGGTGTTTGTACT
GTTTGACGGAGATACCGACCGACTCCCGGAGTTCATCGTGCAGACGAGCTCCTACATGTT
AGTGAAAGTTATGCTGCATCGAATTGTAAGTAAAGTATAGATCCAACAAATAGAGACTG
TCAGTTAAAAGGATTGTGTGGAAGGAAGGATAAAAGGCTCTTGACGCAGACCAGCTATT
AGGCTCTGAGACTTTACTGGCCTATGCCTGAGGCCTCTTTTCCTTAACTCCCTAAATTA
TTTGAGTTTACAGGAGTGAGAAGTCTCTCTTGCATGGTGAGATGGGGAACATTTAATTC
CTGGGAAGGAAGGTAATGTCTTTATATAATTATCCCTCAAATCTGGGATAAGTTACTTG
CCCTGCTCCGAGCTCCACACCCTTTACAAATGTTCAATTAAGTTATCTATATGGTATGTT
TGTCAGCATAACTTTTGTTTTACAGTTCAGTGGCATTAGGTATCCATTGTCTGTTTGGAT
TTCACAGCTGCTAACCCTGCCCTCCAGCCCCACTGCCTCTTCGGTAACGGGGCTGTGA
CCTGACACAGGCAACTCCAAAGGTTATGCCTTTATTAATTTTGCTTCATTTGATGCTTCG
ATGGTTTCTGTTTCTGTGTCCCTGCAAAGGACATGAACTCATCCTTTTTTATGGCTG
ACCATAGGGCTATGATCTGCAGTAGTCTGTGGTGAAGAGACTTGTTTCATCTCCGGAAA
TGCACTACATGATTCACAATGGGTATTATAGGTCTCTATATTTGTTGATTAACAGCAAGC
GAGGCAGTGGCCAAGGAAAGATTGAATGAGCTGGGGCTGCTGCCACTGCTGTTGAAATGA
ATGTAACAAAACAAACCTGCCTCTTTTGACCCTGTGCTGTACAGCATCAGGGCAGTGATTG
GCATTTGCTGTGAGCTTGCTGCTTCCGAATAATCTCATTAAAAATATTAAGAATTTTGCC
CGTGACCTCACTGCCGTCCATTGCAAACCTCGCTCAACTGGAGGGAGTTCAGCTTCGTTCA
GATAATTCATACTGGAGACAAACCCTACACATGTAATGAATGTGGAAAAGCTTTTAAAGTG
GGTTCAGGCCTCCTTTATGATACATGCCACAAACACAATATCTTTGTATTAAGGATTT
CATCTGTGGATTGTTCTGTCACTTATTTTCTTAAATAAATGGGTTTCTGAACCTCTGTTG
AGTTTGACTTCCTCGGGAAGGACTCCATCAGATACTATAACAAGGTCCCTGTTGAGAAAC
AGCCATGCGCATGGCTGACTTCTGGCTCACAGAGAAGGATTTGATCCCAAAGCTGTTTCA
CTTTGGAGAACTTTTCCGAACACACTTCTTTCTCAACGCAGGAAACCTCTGCAACCTCAA
ATGTGGGAAATTCTTCAGCCACATTGCCAGCCTCATTCAACATCAGATAGTTCACACTGG
CAATATCCAGCGAGAGAAAGAGTTTCTGCGGAAGCTGGTGAAGCTCGCGTCATCACTGA
ACTGCTGGATCCCTCTTCTTCTGCCAGGAAAATAAAAAGGTTCAAAGGAAGTTGCTGC
ACCCAGGGATTTGCCACAGTAGGAAGACATGACCACTACTAGGATAGAGAGGTAAAAAAT
GGGGGGAAGATGGCTTTTCTTCGTTGAAATCAAGTCTGTAAACCTTTATATGAATAAATA
ATCTCACCCCATCACAGTTGGGCCAGTGAGGGGAAGGTAGGGAGAGGGTAAACAATCCT
GAAAGTTGTACACTAATGTTCTATGTCAAATCAAAGTATTTAATGAAATACTAGTCT
AGGAGTCTACAGTCTCACAGTGCCACCCAGCAGTGCCAACCCAGCAAAGGTCTTGAGAA
ATCTCAGTTAAAGAAGATGAAGAAGTTTTTCAGGGGAGATTGCCTACTCTGGGTGGGTGTT
TTCTCCTACCAACTCATTGTTTTTCAACGTGACAAAATAAAAAGCCCTGAGCTGGGCGCG

TCATGTGATGTGTACAAACTATGGTGAAAAGTGCCAGTGGTAGTAACTGTGTAAAGTTTC
TTTGTGTTGAGTTTCCTCTTAGTGTGCCAGGAGTCTGATCTGCTGGGGTACAGGGCTGG
CCTCACATGTTTTCAAAGATCTTAATGAAAATCACAGATCTCCGTAGCATCAGTGCTAAA
AAAGAGGGACTGTTTACCATTCTTCCACTGTGCTGTTATAAAGTTGTATTTGAAAGGTAA
CAACCCTGCCTGCAGCCGCCTGCCCTCCTAGCACGGCCGCTCTCCTACCGTTCTGGTGCA
CGTGAAGAAGCCTTCAAACCCTGCACCATAAATACATGTGTCCATATATTATTATATGTT
TTAAATTTCTACGGAAAATCTGACCGGCGCGGCCACCGCCCTGCCATAGGCGGGCGGAG
TTTTTTAAAGGAGGTTTTTCTTGTTACATGTGATGGGCATTGAGCCACACCTCTTCTTAG
TCAGCCTGGAGCAGGACCCAGAGGAGGCTCAAAGGGTGAAGGACCAAAAAGCCATCATCA
CAGGTAAGGGATAGAAACTGGTTAAGATCTCTAGAAGATTATATGGAGGAGGGAACGGGT
ACCTGCAGTGCCAGCTCCCTCGTCTTCAGCTGCATTTACATGCCTTGCAATGGATCAGC
CACTTTTAAGCATCAATTGTGAAATAAAAAGCCCGAGCAAAAAGCCCTCTTTGAGCGTGAA
GACACAGCTGCAACACTACTCTTGTAGTTTTAGCTGTGGTGAACATGAGTTCCAGCTAGT
CTGAAATCGGAGTGGTCAGGGTTGGGACAGCTGCCCTAATTCACATCCTTCATTTGGAGA
CATCACTTGTCTGGATGTTTCAATCAGTTTAGTGGAAGGAAAAATAAATGGGGAAACTT
ATACTAGTGGTTCGCTACAGGAGGAACGTGAAAAGAACATCTCCAGAGGAACTGGTGAAT
GCCCCTTAATTGGCAGGTGTATGTGCTGACAGTACTGAAAGCTTTCCTCTTTAACTGATC
CCCCGTTACACTGGGAATGATAAAAATATGCCTTTTGAAAATATAAGCTGTCATGTTAT
GTGTATTACTCTAGGTTCTCCAGAGAAAGAGCAGAGAGACAGAGGTAGAGCTATACACAT
AGTCATGTTATCAGGAAAGACCAACCCTAACCCAGTTCATGGAGTAAAGATTAATTA
GCAGCAAGGCCTGGAGAAGAGTAAGCCGCCATGTGACTGTTTAGAATATAGTCTGAGCAC
ATTATAAGGCATGTCAAAGAGTGGGGACATAAACCAGACATGGGAGAGAGAAGCTGTCTC
CTAGGACATCATAGCTCTCTTCATCCCTCTTAAAAGTTAATACCATTATCAGTTAACAG
CAAATAAATGTTGGAATACAGTGCAGCCCTTACGACAGGCTTACGTAGAGCTTTTGTG
AGCTGAAGACGGCCAAGATCAAGGTGAAGGAGAACATTGATGCCCTGGAGGAGCTGAAAA
GTGACAAGAGTTTCCCTATATAACAAACCTTCACATATACCCCTGAACCTAAAAGTTTT
TTTCACTTCAGTCTTTCTTGACCGTATAGATAATAGGCCTTTTGCCATGTCTGGGCGTGG
TTCTAAAACCCATTATCACTGTATGAGAGATTCTTTGCGCTGCATCCTCGACAGTGCTT
ATTCTAACCAACGTGAAGTCTCCTGACCAGAAATTCGAAAGGGTGTGAATTGGGTGAG
AAGTCTACTGCAATTATGTACACATTTTGGCAAGAAGAGGGGATTTTGTAGTCTTTGT
AACTATTTTTGTTTGTATTCACTGTCCCTGCAAGGGGGACGGGGCGGGAGCACTGGTCA
ATTTTTCAGGTCCGCCACACCTATGAAATCCCCTGGTGCTGGTGGGTAACAAAATTGAT
TCGGGGGGTGCCCTGTCCCACTGCGGGCTGCCTCCGATCCCCTGCTCTCTCAGTGTCC
CAGGAGGAAAGAACAGCAGTGTTTCAGGAATTTTACATTCCAGAAGAGGCGTCCTTCTT
ATCAGGACTCAGTCCAGGAAAGTATTATACTCATAACCCAGGAGGTGGAGCTGGATATT
GTATGGGGAGATTGAAGAGATGAATGTGTGCGACAACCTTGGGGACCACGTCGTGGGCAA
AGCAATTAAGCAGATTTTCTTCCACTCCCCTCCCCAAAACAAGAATAAATCAGTTC
GAAGAGAACTTTCTAGGAAACGGTTCATGTGTCACTTTTTCAGGATGTGGAAACACTGAG
CCCTGGCAACTGGAATAATTTATTTTCATCGTCTTATATGTTTCATTCTTCAAGCAAT
TTTTTATGAAAACGAAGAGAGATGTTTAAAGTTTATTTTTCAGCAGGTGAGGTGGCTCAC
AGTCCCCTCCCCAGTGGGGCCCCACTGCACCTGCTGGCAGGAAATAAATGAATGTTTACT
GATTTTCTAGCATGTTGCTGCACTGTTCCCATGCACATTATTCTAACTTTTTAGTAACTC
GTCCAACCTGTTGATTATGTGATTTTTCTGATACGTCCATTCTCAAATGCCAGTGTGTTCA
TCCTTCGACTTTTCCCGACACGGCAAGACCCTGGTGGAGAAGCTGTACGGCGAGGCAAGC

TCACTAGGAAGAATGGAGAGTACTGGACCTTGCTCAGAGAGTCTTGTACAGGGATGTAAT
CTCGATCCAATGAACAATGCTCTTTCATTGAATATAAGGATTTTAAGCTGATATATCGGC
TTCTCAGGATGGTGGTGCCATTATGCCAGCTGAATCTATGTGCAACAAAAAGAAACCAAG
GAGGTCATGGGAAGCAGATTTTTCAATGGGATTTTTGAGTTGCGTACTTGCTGGGTCCA
GAATCAGTGCTAGAGGGAACAGATTGTGAATTTTGTTCACAGCATCCAATATTTGGATTT
GTTGCAATGTTCTGTGGTTGGCAGATGCTTTTTGTTTTGTTAAAAAGTGCAACAGATAAA
AAGGGAGTTTACTGATGAGACTAAAATTGAGCAGCTAAAGATGTATGAGATGTTGGTCAC
CAGCTCGGCTGAGGCCTGAGGAGAAATGATGAGAAGTTTTGTTTCGTTCTTGGGCTGGGG
TTGGACATGAGAAGATGAGGGAAGGAGGCTCTGGGCAAAGGGAAGAGAGTGGCAAAGAAA
AAGAAAAGGCAACTCGAAGAGCCTCAGAAGGTAAAACCTCAGTTGGCAGATAAAGTGGGT
TCCCCGGCGCGACACCTCCTGCCGCCGCTATGGAAACGGCCCCCGCTCCAGGGCGGCT
ATAAAGGCTATCGTAGAGGTGGCTGCAATGTGTGGAGTCAACATCATCTGTTCCAGGAA
AAGTTCTAAGTCCCATGGAAAGTGGCAGTGGTTGGGCTGGACTGTGGCTGGAGGATCACC
TCCCCATGAAAAGAACAACCCAGTGACCAGGAATATTCACTTCGACCAAAAAGAACT
CATCATCCACACTGATGAAGCAGATTCAGAAGTCTTGTATCCCACTACCAAAGCTGCTG
GTAGTGACCAATGCACATATAATTTAAATCTTGTGTTCTATGTGAGAGTTTATGTGGAGG
GGAGCGGGACCTGCGAGACGTGGGTGACTGGAGGAAGAACATCGAGGAGAAGTCTGGCAT
CATTTTCTGTCTGTTCTAGTCTAAGAATATTGTTATAGATGGAAGTTAGGACCATTAGCC
GCCACTACCAGCCTAACTTTAGGAACTGTCGTCCACCTGGCTTTTATTATACTGCCTTAA
CTAGGGATTATAGCCAGGACTCTAATCTGCCTACCATGCCATTTAACAAGAGATCCCCT
CTGGATTCAAGGCCAGTAAATGCAATTTAGAGAAGCAGTTTTATGTTTGCAGATATTCTG
GGATATGCAGTCTGTGCCTTTCATTGCCTCCTGGAAAATAATAACTAACTCTTCTCA
CATGGATGAGGCTAGACCCTAAGAAGTAATTAAGTCAATGTAAATCAAATGGAAGTTTTT
AAGCTTCAAAGCCCGTAAATTTGTTAATCTAGAGCAGGGTTCAGCAAACCTACCACCCAT
TGATGTCAGCTACCTCTGACCCTGCCCTCCAGCCTGGGACAATAAAAAGCCTTTTTTCTAG
AACACAGGGATCTTCGAGACAGTCAGTGTAGGCGACCTGACTGAGGTCAAAGGGCAGACC
CATTATGGCTTGGCAATCTCTTTTATTTGTTGACTCTAGCTCCCTTCAAAGTCGAGGAAA
ATTTTCAAAGGAAATGCTCCAGGTGAGATGGAATGTCTACCCAGACTGGTAACCAGTCA
AAGGTAGCCACACAATAACTCTAACTTGACTTCTAACCATTCTATCTTATTGATTTGGAG
GTAGCTCAAAAAGAGAGGGAACAGGGCTTCTCTAGATTATTTAGGGAAACGAGCTATTAT
CCTTAGTGATTTCAAATGAAGTATAAGAATATCAGATCCAGTTAGCAAAGCCTAGGAC
TCCCAGGACATCATCCCCAGCTGAAGAAGAAGTATGATGTGGACACACTGGACATGGTC
TCACAAACACCTCTCAGAAACAACGTGGGATGAAAAAGCAAGACAGTTCATACAGTATGA
GTAGGGACTAGCTGCATTAGGAATAAGAACAACCTTTCCCTCCCTTGTTTCAGTATGATCTT
CTCTAAAATTTGGAATTAACCTCTCTTGCCTTAAGAGCTGCTTGTACATATGTGGATAGC
CTTCAACTGAGAAGCCTAAAACAAAACAAAACCTTGTGTGTTATCCTGATATAGTTGAC
GGGACCAAAGGCTGATTCTTGGAGATTTAACTCCCCACAGGCAATGGGTTTATAGACATT
GACCAATAATTGTTGTTTTGTGTCAGCTCCAGCCATTTTTGTACATGTTGTATAGACAAT
AAATGCAGCTGCTCAAAGGCCTTCTGAGCCGGGTGGTCCTGGAATTAAGGAGCCACAGG
CCTGAGTTGGAAACTCAGTCTACTCTATTGGTATCAGGTTGCATTCTGTATCATCATT
TCCTCAGAGAAGCGCTGTGCTAAGGTGATCGAGGACCAGACATTAAGCGTGATTTTCTT
ACCAGGAAGCTGAAGCTGGCCGTCTGAACTCCTTCTTCAACCTGGAATGCTGTGTGAGC
CGAAGAACAGAGAACCTGTACAGCTGGAAACGCTGAGTATTCGAGGAAATAACATTCGGT
ACTTTGAGGATGTCGGGCACTCTACAGATGCCAGGGAAATGTCCAAAACATTCATCATG

ACCCCTCCCTAGAAATTTCTGCATAAACCGCCCCTTAATCTGTATGCAATTAAGTGT
TGCTAGCTAGAATTCTGTGTACCTTGCAATTTGGGAGAGGGGTTAGAATAAATTTGTAA
GACAAGTTGGTTTGAGGGAGAAAACCTTAAGTGTTAAAGCCACCTCTATAATTGATTGGA
TAGACGAGAAATTTCTCAACTCTCTGAAATGGAGGCTTATTTAGAAAACAGAGAAAAAG
GCTCCCGGATTTTGTCTCCAGCCTCCGGTTCTCGGTCTCCAGGCTCCTCACTCTGTCCA
CCAAATCCGGAAGAAGATGATGGAAATCATGACCCGAGAGGTGCAGACAAATGACTTGAA
CAGTCACAGCCTTGGCTGGGAAGGAGGGACGACAGCTGAAGGTCGACTAAAACAAAGTCT
TGTGCTTTGTTGGAGATGGCTTTACAAGAAAACCACCTAAATATGAAAGATTCATCAGGC
CTGCTGACAGACACTAACTTTGTATCCGTTCAATAAGCATTTCATAAATAAAGGTGTAGA
AAGATGAAGAGACGAGCTGTGAAAATCAGGCACTGTAATTCCTGCATGAAGACAGTGGCT
TCCAACCTCTGAAATGGAGGCCTATTTAGAAAACAGAAAAAGAAGAGGAACGAAAAGATG
GGGCCAAGGAACCAATTTATCACCCATGACTGACGGAGTCTGAGAAAAGGCAGAAGAAG
AGAGCAAACGCAGGATGAGGAGTACTGCAGAGGTCACACGGAAGTCGCAGAACAGTAATC
ATTTGACTTGGATTGAGATGATGAGCTGCAGATTGACGAGAGATTGGGAAAGGAGAAGGC
GTACTGGTATGTTGCTCTGTATGGTAAGAACTAATTCTGTTACGTCATGTACATAATTAC
ACTGGTTGAAAATGGGAAGCAATAATTCATCTGACCAGTTTTCTCTTAAAGCCATTTCT
TGCTCTCAAACATACTCAGTTCCAAACTTCTTTTCATACCATTTTTAGCTGTGTTACA
GGCCTTCCCTCGGGTCCCTGGCAGAAAGACATTTTACCCCTTCTTGCCAAAATAAAAAA
TTAAAGTACTTGTCTGTGATTGTCCCCACACTAGGCACTGGGAATCTGAAGAGGTGTCT
CATTTAATGGACAGTGATTCTAACAGTATAAAGTTCACAATATTCTATGTCCCTAGCCTG
CCTTGGAACTCTTTGAACAAGCTCTGCTAAAACCAAACCCATGACCACTGTGTTGGTG
AGCTGTCAAAGACCTGGGGGTGCTGCTGTTTGAAGTGTGGGGCTCTTTCTGGCTTCTC
GTCCTTTATTATTGACAACAACGAATTTCTCAGAAGGATTATCCATGGGGAATTACATAG
ACGGTTATTAACCAGACTCAGAAAGAAAACCTCGGGAAATTCTACAAGGGCAAGAAGTAC
GAGCCACCATGCCAGCCAATAATTTCTGATATAATAAAAAATGCCAATACTATACAATT
AGTTGACACTGTTGAATAAGGCGGCTGATAAAGGAAGCAGGAAGCGCTATGAACCATCAG
ATCATGAGGTCCAGATTACATCGATCTCCATGTCTGTGTCCCGATCGGTGCCCCCTGCA
AACATTGTGTCTGGATTGTGACTCTTGCTTAAATTTGGTTGAGGGGTAAGTGTGTTGTTA
AACACCCCTGGTGTGCTGGGACATCTGTGAAGCCTGGGCAGAGAAACGTGGTTACAAGA
AGCATCAATCCAATATGGTGTGGGTACTGTATGTCAAATTTAAAAATAAAAGTGCTATAT
GGTGTCTGCTCCTTACAGAATGCCTGAACAGTTCATTGACTCAAAGTGAAGATCAAA
CGATTCTAGTCATAAGAAGGAACGGAAGGTTTACAATGATGGTTATGATGATGATAACTA
AGAACCTCACCTGCTCATGACCAGAGAGCATTTAGGATAATAGAGGACCTAACTGAAGGA
GAGCTTACTGCACTGTTGTTACTTGATTCTACAATTCCACTAACTGCTTTTTAAGGTATT
CAGTAGAGTACTTTCCATTTTCTGGAATGTTAGATGAGTGATGTAATAAAGTGTTCCTC
CTACTGAGCTGTGGACATATGTACGTTGGTACACTCAGTTGAGACGTGTTTTAATCATCA
GCACAACCTTGAGCACATTGTCAGCATTCCATTTCTTTTTGAATAAGAATATGCAGTTT
AATGGATTTCCAGTCAATTCAGAAGCATTTTACCAGTGAAGCCCTCATTATTCCAGTTCA
TTTTGTATGGATTTTTTGAAGAGAGAAAAAGAGTGTGGGCTGGGTGCCGTGGCCGAGA
CTTCTTTAGCTGAGACCAAATTAACCTTGGTGCATAAAGTGAGCTTAAACTTGCCACT
CAACATCTTCTCAGCTTATTAGCTCTATTTCTTTTCTGTCTGTAAATGGTTGTTGTGG
TCACAGCAAACCTGCACTACAAACCAATCGCTACTTCAAGTGTGAGAACTGCCTCCTGCG
GGGAAAATGTGATCCTTTCATTCTTCTCATTGTGGTGATACTAATTACATGTTAAGC
TAACTTGAGGCAGCTGATATGAGTGTTTTCTTTATTGCATGTTGTAATTGACCTGCTGT

TGGTTTTTGCAGACAGTAGAGGGAGATTTTGTAAACAAGGGCTTGTTACACAGTGATATG
TGGCAAGCAGCTTTTGGCTTTGGTTCTTCTAAACAACCAGAGGGATGACTTGGGTTTTGA
AGCTGGAAAACCAAAGTGAAGTGGCTGGCCACAACGTGTCCAAAGACAACAGGCAGTAG
AGTCACGTGGAAGCCACGGGACTGCTCCGAAGCCGCCATAATAAAATCTGATTGTTACAGC
TCCATCTACCTATGCATCCATCCATCCATCCATCCTTCATTTTTTAGTTTTATTAATGA
ACTTGTACAAGACCACACAGCAGGCAAGGGGTAGGATTAGAAGTCAGCTATGCTTCATTA
TACAGATGTTATTGATGGGAAGAGGGCTTTGGTTGATGGACCGTGCCTCAAAGGAGGAG
CTCAGGCCTACCTCACCCATTTCTTCTTGCGTTATGTGAACCAGAGGACCCTGGGCACCT
ACGGAAACAGGCCGAGAAGAACGTGAAGAAAAACGACAAATACACAGAGGTCTCAAGAC
GTCTGCTATTGAACTATAGAGAAGAAGATCTTATTCTGCAATGAAGACAATGTGATAGG
ATTTTTGCCAGGCCACTGGGGAATTTGAGGGGAGATGAGAGAGAAGGAAGCTGGAGTG
CAGAAATGTCAATGAGACTAAAGTGGTTTTGTAAATCTCAGCTATATTTAGCAACTCC
CCCTCACACTAGAGTGTGGTCTCTTATAATGTAAGGGAAGGTACTTTAAAATTCT
TTATGCTGCTCCTGATATAACACTTTCCAGCCTATAGCAGAAGCACATTTTCAGACTGCA
TGGCAGCAAATATGTATGTTTTGTGGAGCTTCTCTCCAGCATAGTGAACATTCTGGGTC
CAACCTTTGCAAATCTTATAGACTACCCATCCATGAAAAACGCTTTGATACCAAGAATTA
TCTCCTCAGATGAAACACAATCCTGAATTGGCATGGTCGTCTAGCTTTTATATTCAAACC
TAGACTCAGCCCCTCATTGCAGGTGGTCAAGGAGAAATGGCCATCAAGCCTGCCATCAGG
GACTTTTTGAAAGTCTACCTTCTAAATTGCCCCGACGATCTAGATTCTACATGTTACCAT
AATCTGTGTGATTGTTTGCAGTATGAAGACACATTTCTACTTATGCAGTATTCTCATGAC
ACGTTGGTGTTTACGATGAACATCGGCATGATGGCAGAAGGACCAGGAGACCCGCGCAGA
TCCTTTGCGTTTTTCTTACTGAAGGTGAGATGTTATTTGTGGCATGTGAACTGTGGCAG
TTTTGTTATGCCACCCTGTACCAGGATTGCTGCCGATTCCACTGGGTATAACAGTATTT
GCTGTTCTGCCGCCGAGCTGAAGCCCGCGCGGATCCCGGACCCCTGGACCGCCAAGA
GGTTTACAAAAGACAGACTGTCCCTATGCTTGTGCAGCTTACAATCTATTTAACTATTAG
CTACAAGTCATAAAGTCAGATCTTGTGAATGAAGAAGCAACTGGACAGTTCATGTATAC
AGCTCAATAGCATCTTAACGTGAAGATCAAACAAGAACAACAAGCCCCTACTGATTTCT
TCTAAGAATACAGGACACCATTGAGATCACTGGAACTTTTAAACACCGCAAATGACCCT
GCATCATGCTTAGAAAGGCTTTCCAGATTGTAATAATTCTCCCATATTTTCTGTCT
AGCGCAAGGAACGGAAGCTGCGGGAGAAGTTCCCGTGCATGTGTGGAATGCTTCACTCAA
CCAAGGGCTACAATGGGTGTGGGTAATTTCTAGTTGTTTCTTAATTTATTTGTAGAAG
ATGCCAGCTCATTTTACTGGCCACATGTATCGCCTCTCCTCTGAAGGCATGTATTTTT
CTGTGACTTGTAATAAACCAAGCTGTACAATTTAGTTTATAATAGCAGTATCTGAGCTGC
GGTTTTAAATAAAGTGCACGCTATTTTATTATCTTGTCTGAATAAAATGTATTTACTCC
GTTAAACATCTGCTCATCGACCTCCTTCATGGACATCCGACCACGGAAGTCAGCAGCCAC
ACAGCAGACCCTGTCTCCAACACAGACTAGGCCTAGTTCGACTTCCAGAATGCCGTGGT
GTAAATAGCATGTTAGGCAATGTTGATATACTTCTGAAATATTAAGATTAATTGAAAA
CTGCAGCATGCCAGAACTATACAATCCACCCCTCTGAAGGAGTTTGTTTCAATTAATA
TTACATGTGGTGAACATGTTTCTAGAAATTGTTATGGTGGAGGTGGTCTGGGTGAGTCTG
ATGAAGAGAATGTTGTTTATTCTTAGTAGTATAGTTTGCAATTCTTAATGGCAAATAATA
ATGAGGATTCCATGTTCAAGAAAGGCTGGGAAATCTCTCCCTCCTAGGGATTCAAACA
GCTAAGCAAATTGATATTTGAAATGAAAGATGGATTAGGTGAGAGACTTAGTTTATTCAG
GCTGAGCACAAGAAGAATAACCTGTTTATTCTTCCAGAAAGGACCCAGATCTCTTTACAGC
GTAATTTCTGTGCAAAGACGGAGTGAAATTTTCTGCAAGTGGAGAACTTGGAATGGA

AGACCAGCCCGGGCAACTTAATGGAAACCCATCCCCAACCCCTAGTCCATCTCTTAAAAAA
AAATGATTGAGTGATAGCTGAGAAGTGGAAAGTGTGGGATTTTTGGCAGGTGCTCTCTTT
GGCAAGTGATTGAAACATCTGAAATTCTGCTGTGAGATTCCCATCTCTAAGGACTCCAA
AATAACACCTTCCAAAAACCTGGAGTGTAAAGAGCTTTGTTTCTTTATGGAACCTCCCTGT
AATTACAGAGGATGACCTCCGTCTTATTCATGAGAGAGAATCTTCTATCAGGCAACTTGA
ATGGAATATAGCATGGCCTCTTCATGAAGAACTACTGGGAGAGAAGACAAGCCGGAA
ACGTTTCACTCAAGTTCTCCTACTGAGGACTCTTGACTAACAGCATACTGGCAGTTTCAC
AGAACCCGGTGGACCAAGTATAGTTGATCTCCATTCATAAATGTTATCTCCTTTAGGCC
CCAGGGCGAAATTGGCCTTGGGGTCCCGGGTGCAGCCATGGAGGCTGAGGCAGCCGGGC
GGGGTTAGTCCTTGCTGTATTATGCTTGGTTATAATTTTTTCATCTTCCCTTGCGGTACT
ACTTTGAAGGCAAGAAGACTGACAAAAAGTACCTGATGATCGAAGAGTATTTGACCAAAG
ACTCGAGGACTGTATTTGTGACTAATTGTATAACAGGTTATTTTAGTTTCTGTTCTGTGG
GAAGGAAGAGAAGCCAGGAGGAGAGTATGTTACGAGCTGTGAATAATTGGGACTTGATTC
CGTGAGCGGCTCTTCTGCTGACTGACTACAGCTAATTGACAAAAGGCAGTTTCAAAAA
ATGTAAGTAGGCCTTCCCTGAGCTCTGTGAGCTGCTCTAGCGAATTATTCAAGTGTTAG
TTCAAAGCCAGCTTGACGTGGTTGTGGCCGTTGGGCGAGATGAAGCTACACTGTGAGGTG
CAGCCCCGAACACAATTCCAGGCACAAAGGAAGTTCTCAATAAATACTTGTGAAATGAAA
TTCTCAGATGACCAAGATGGTGCTGCAGATGGTGCTGAGGATGGAGAACCCACCAAGCCC
ACTTGATGTTCTCATAAGTTTACCCCTTACATTGGGCAGCACATTCTGGAAGTTTGA
TTATCCTGGAAGTGTATTCTATTTAATCTTCAATTATAGCAGAAATGTGCCACCATGGCT
AACAACACACCCGCATCAACTAGAGCTTTTGCTTATTTTGGTGCAATTTTTGGAAAAAT
GTTTTTAAGTGACTGATTGGGATAGAACCCTAAAGAAATAAACTTCCAGTGGATACGAA
CCTTTTGTCCACCATGGATATATCTGACTGCTTATTTGATGGTAATGAAAATGGAGACCT
TTTGATGTGCTTGTGATGCCCAATCTCTATGGGAACATTATTGACAATCTGGCTGCTGGC
ACCAACAGAGATCGTATTGATATTGCCAATGCCAGAGCAAAGAACTCATTGACAGCTAA
CTTCTGTCTGGATGTGATCAGGAATAAGTACGAATGTGAGCTGCAGGGAGCCAAACAGCA
CAACAGCCTCTATGACGACATCGAGTGCTTCTTATGGAGCTGGAGCAGCCCGCCTAGAA
AAAGGGCACCTGCCAAGGTGGAGATGCCCAGTTTCAAGATGCCCAAAGTGGACCTCAAG
TAACCAGCTAAAGTTTGTGCTCGAAGCCTTCAAGTCCGTTGCAGAGGAGCGAGCTGGACCCA
CCAGCCTGGGCAACAGAACAGGACTCGGTCTAAAATAATAATAATAACAATAAAGAA
TTCAGCACGGGATTTCCCCACCCATGCCCAGAAGCCCTGACCTTGCTGTTTCTGGAAAA
TTTGTCTTGGGCAAAAATACAGTCCAATGGGGAGTATCATTGTTTTGTACAAAACC
GGGAAAATTACACTGGGTTTCTGGACTGTAGTATTGGAAGCCTTAGTTATAGTATATTA
ATATCTTGAAAGCCTCATGGTCACTAATTTTCACTAGCATCAGGTATTTTGAAAACGT
CACCACGCAAGAAGATCCATCGCAGAGTCCTAAAGAAGAACCCACTGAAAACTTGAGAA
AGAAACATGGACAGTGAAGGCCAGGCTGAAGAGGTCTCAGAGAGAAATAAGAAGCTTCT
GTTGCACACTTGGATTTTCAAACCTCGGTGAAAGTTACAAGTTTGCATGGTAAGAATAAA
CAGGGAAGTTTACAAGCTAGAGCGAATATCTGGACTGCTAATATCTGACAACAGTAGGCG
AAATATTAACATTTCCCTGGACCATAAGAGACCTTTGATTAAGGTTTTGGGAATTAGCAG
CCATGTTGTAGCATGTGTCAGAATTTCAATCCTTCTATGGCTGAATAAAAATTCATTGT
CTAAAGGGGGTGGATCCCAAATCCTGAGGAACATGCCCTTGCCAAGAAGCACAGCAAG
CTTGCATCTAGAGCTACGTTGTAAAATCTTTTAGGCATGTGTTAGATTTCTGTGTAAC
ACGTGTAAGTAATGTTTCTACAGGTCTTTGCAACAACTGTCACTTTCGTCTCCAGCAGA
GTGTTGAGTCAGTGGGGACCAGCCTGCCACAGGAGAAAATTAAGACACAAAAACAAA

TATATACCGAGAACTTGGGAGCAGGGGAAAAATGATTTGACACACCCAGCTACAGTAC
AAGAAGACTCCCGTTCAGCAAGTGGAGACTGGCATTGAGATTCGCTGGCCCGCATGCTGA
GCCCTACTTGATTGATGGGGCTCACAAAGATCACCCAGAGCAACGCCATCTTGTGCTACAT
AGCCGGTGACCAGAAGGAGGTGGACACTTCAGAAAAGAACTTCTCGAGCGGCTCCCTGA
AAGCTGACCATGCTCAACACAGTGTGAAAGATCCAGGGCCAGGTGAAGAACCCCGGCTAC
ATGAGCAGTGACTTTCTACTCTCCATCCAGCAGCCAACAATAGACTTCGTCATTGAGATG
TCTACACTGTCAAGGGAAAAGGGAGACTAATGAGGCTTAACTCAAACCTGGGCATGGTT
AAGTAAGGTCATATTTGGAATTTTATGTGTAGCGGAAGAGGGTGTATATATGTTGAGTAG
CAAGAATGTGCCAACCTTCATGTCATGAAAGCCATGCAGTCTCTCTAGTCCCAGGGCTA
AGATGCACGGCAGAATGGTTCCCGTCTGAGCCAGTACTGAATAAACTCAAACCTTTGAA
GCCTTTAATTCTGTTTTGCCTGCTAATAGTATTGCCATTGCCACCTGGACTTTCTGTTTG
GAGAGGTGGATTACCAGTATTGTTCAATAATCCATGGTTCAAAGACTGTATAAATGCATT
AAGTGAAGATTGTCGTATTCCAAGTCTAAAATACACCTGGATCTGTCTAGTCAATCAACA
TCCTGCCATGTAAGAATCCTGCTCTCCCTCTGCCTTCTGCCATAATTGTAAGTTTTCTGA
GGACATTCCTGTATGTTGTATGAGGCCCTGTCTTAACAGAAATAGTGATGTCATCATCAT
CAGGCCCTGGCCTGGCCTTCGTGCCCTTATTGATTGTCATAAATCCGCTCAGACCATT
CTGATGGCGTACACTGTGGCTCTGGCTAACTCCTACGGACGCCTCATCTCTGAGCTCAA
TTAGAGCCCAACTCCAGGTCAAATCTGGAGCTCAAATCCCAGTGCTCCCTCCCCAGGAGT
TGAATGAACTGGACACACAGGATGAGGAGGTGGCGTCGGACAGTGATGAGTCCTCTGAGG
TACAATGAATGGGTGCAGTGGGAAAAAGCTAATGGCACAAGTGTCCACATAGGCATTAC
AAGATTCAAAGCTCGACCAGAAGTGGAAAGACGGTTGGCCAAGTTGAACTAGCTACTGTA
CTTACAACCTGCCTTAAAAATTACCGAAAAACCTTAATACTGCTATGGAGGACTTGGG
TTGACAGATGTCAGGGAGGTGGTGCAGACCAAGTTCCTATGCAGTGGGACCCAGGAGGAT
TCTTTCTTAGTAACCTGTTTTTTGATTACCGTAAGACATCACAGATTACCTGAAACCCCT
AATACATTTGAAGAGTTTCTAAGCTATTTGTCTTGATTATATTTTAATATAATTCAGTGT
GTGATCCCCAAGTCTGTGACACCAGAACGCATTGCTGAGAAGTTAAGGTCTTTGACTTT
AACTAGATCTCAACGGATACCAGAAGTCTGGAGCGTCTTCTGGAGGAAGGCGGCCCGA
ACCAAGCAGTACCTACGCTATGTTGCTAGTGCAGTCTTTGGCGTTATCGGCAGCCAAAAA
GGTTCCTGGAACGTGGTGTGATGTTGTCACCTATGAGCAGCTGAAACGAGCCCTCATGGCT
ACCCTGACGCTATTCTCAGAGACCACCTTGACACCAGGCACAAAACCTCTTTAAGCTGTTG
ACAATGGCCTCTTTCAAAGGCCAGTTTTCTTCTGTTGGCGGCTCTCCAGGCCCAAATT
AAGCAATATAGGCCAGACTTGGTCTAAGCACCTGCCTCAGCAATTGTCTACATTCAGTT
TGCCCTGTGGGTAGCATCTGTTTCTCAGCTTTGCCTTCTTGCTTTTTTCATATCTGTAA
AATAGAAAGTAATTCTCCATGTGTCTTCTCCAGCTCCAATCTAGTTTAAAACCATCCCC
GCTTTATATTGGAGTATCAAGATCTCAGGTTCAATTAAGACCAAACCTGACTTTTCTTTGT
TCCATGAAGTTCCTCTGGCCTCCTCCGATTCTGTGGCTGCAAATCCACACCTAGGAGCTC
ATCCAGTTCTGCACCTATACCCTCTGGTGTGCTTTTTAACCTTCTGGAATCCATTTTC
AGGATAGATGCCACAGCCCCTCTCCTTCAACCACATATGTCCAAGTAAAACCTAGTATTT
GAGGGTGGTATGATGCTGGTACCCATGACTTCAGACTCATTGAGCAGGTTGCACAGGAA
TTCTATAGCCAAGACGTATGTTGGAACAAATGCTTATATGGCGCCTGAAAGGATTTGAGG
GAGCAGGCTGCTGCTGAGAAGGCAGTGACCAAGGAGGAATTTGAGGGTGAATGGACTGCT
ACTGGAGACGCAAGAACAAAAAGAACCAAGTAGAGAGAGTGGAGCTGCTTTATTGCCCTT
CCACCTTAGAGAACTGAAATAAAAATAGAAGTTCTTACGCTTTTTTTGTGGTACAGATGCT
CCTGCGCTGGGGTTCAAACAAGACTGTCCTAAGAAGCGCTGCAAGGACTGTTACCTG

GTAGACGGGTTTTAGGAGCAGGTATCCTTCTTTGAGCAAGAGTGTCATGCAAGTTAGGAA
AGTGCTGGCATTACAGGCGTGAGCCACCGTGCCTGGTCCTGTCCTTCATTTCCAGTTAA
GGGCTCCGATAATCTGCTTCTACAGTTGAGAGACGTCAACTGGCACCTCTGAGCCTCTG
TGCTGCGTCATGTGAAAGCCTTCCCCACTATCATGGCCTGCCCTGGATTCTCATGGAATT
TTCCCTGCTTCCATGGAATGGGTATAACCACCGTCTATTTGCAAATCATCTACCATGGAGA
TTTGTGGTTCTTATTTGTGGCTTAATCGTGGCCATTTTTATGGCTATGTTGGAGTTTTTA
GTCCTCTACGAAGGAAAAGATTGCTATTGTGCTACTCACCTCCGACGTACTCCGGGGTCT
TATGTTTACAGCGACAGCCTCCATCTTCCAAGAAGAGCGATGGTTCTGGGACATATACTA
CCTTGATTTTTGTTACCTGTGAGTGTGTCTCTCCCTATTAGACTGTAAGCCTCTCGAGG
TGTAGCCCCCTCACCTTTCTGTTTTCACTTTGCCAATGTACATCGGGTTTGGTTTTCTT
GGTTAGTGAAGGGCTTATTAAGTTGTAGGGGAAGCAAGCTGGGAAGAATCAGATCAGATA
CACCCTGCACCCAGCAGAGACCTCCGCCTGGCACACAGGGAATGCTGGAGCAATACTT
CTTGAATACATTGGCAGAGGTGCTAATCACATCTTCCCTAAGGCACCTGGAAGAATTATT
CTTAGCTTGACTTTGGACGCGTTTCTATAGAGGTGACATGTCTCTCCATTCTCTCCAA
ATTGGGACTTCTCCCCAGGATGTAATCAAGGAAGCTTTCTCTAGGTGTAGCAGAA
GTGGACTCTGCAGATTATATAACCTTCTAAGCACCCGAATGTTGAGATGCCAGATCAAC
GAACGCTTTGTTTTACAAAAAATGATGAGAGAATTCTTCCACATGTACTTCTGTGCTTAG
TTCCGCAAAGTGTTCTCTCCTTGTATTATTCTAATTACGGTATTTTTAATTTCTTAAAA
TTGTGCATAGTTGCTAACAGCAAAGAGAGTTACAAATTACGTTCCCTTCCAAATTAACCAG
ATATTTTGCAGTACTCAACACCAACATCGATGGGCGGTGGAAAATAGCCTTTGCCATCA
GGGATAGATTACATAGGAGTATGGAGTATGCTGTAAATAAAAATACAAGCTAGTGCTTTG
TATTTCTACAGTTGCTGACTCCTGCGGGAGCTGACTGAGTGGAATAAATGTTCTCTCAA
ATATATTGAAAAGAGCAATTTTAAATTATTTTGGCTTATGTTGCAATATTTATTTTCTT
AGATCTGCATTTAGGAGGCGACGGGTCCTTTCATCGTTTTATTCAATTAACATTTATCGA
CAGCTCTGCCCTGTGTGCTATCTAATCACATACATTAATTTATCTAACCACATAAGTTAT
ATGCTTCAAGTAATGCAATACAAAACATAACCCATTTAATGATGAATTACTTGAATGTAT
TGTCTCAGTTTCTAACCCTCTGTGCAAGTAAGCATCTTACAACCTGGCTCTTCTCCCT
AACGGGAAAGTAACTGGGTAAAAGAAGCAGGACTACCCACTCTAGGAGACAACATAGAGA
ATTCAATTTGCTGTACCTGCTTGGTGGTTAGAAGGAGGCTAGAAGATGAATTCAGGCACT
CTGTGTGGAACCACTGACTACTGGCTCTCATTGACTTCTTACTAAGCATAGCAAACAGA
GGGTAAATATTAAGGAGATGGCCTCATGGGAATTTGACCTTACTAGAAATAGAGACTGA
AGTGACGTGTGCTTCTGAGAAAGAAGATTCCAACCTCTCACTCTGAACCATGAAGCTGA
TTTGTCTGTGCTGGTAGTTTGTGAGAAGTGACCCGCACGCTTCCATTTGATGCATTTGAT
ACAGAAAATAAGGCACCCATCTGTCTGCCAACCTAAAACCTTTTCGGTAGGTGGAAGCTA
AGATCTGCAGAATCTAAGACTATAGAATTTGGGAAAACCTAATTTTGTTCAGCCCATGCCG
CCAGGAAGAATGCTTAAGATGTGAGTGGATGGATCTCAATGACCTGGCGAAGACTGAAAA
TGTATATGGGAGAGATTCAAGTGAAGATATGGACTGGAAGACTCCAAGGCCGCTTGTCTTT
ACCACTGCGCAATCTGAGTTTTGGGAACCAGGTGATGGAGTATGTTCTGAGAACAGACTG
GAGGAAGAAGAGGAGGAGGAGGGGGCCGGTGTCCAGCTTGCCCGCCCAAGGGCCCA
AAGCTGCAGAACCTGCCACCTTATTGTATAAGAGCCTGAAGGAGGGAGCCAGGCCATC
CCATTTGTGTTGTGAAGGGGTAGAAGATCTCTGAAACTTGTCTTTAGATTGAACTCATTC
ATTCTGTTTTGTACGCTGAGGCTCGGAGCCTTCGAAGAACGGGACAGCGGGGCCACGGA
TTCCTCCCATCATGTAGGTCTTCTGGTCAAGTACCCCTCTTTCAGAGAACGTTTCTCCC
TTCTACAAGGCCATCGTGTGCGGCAAGGAGATAATCCGTAAGTGGGACTGTGCCGTGTTT

CAAAGTTCTGTTTCAGTGACAAATTAATGCCCTGTAATGTGGTAAGGAAATCTTATTTGTG
CTATCATGATGAGCTTTAATCTCCGAGCCTGTCTCAGTAGAGTACTGGCTCCTTTTATAA
AACTTGGCCATGTAGTTGATGAGCGTGTGAGTCTCACAGTTTCGATATAGATCAGCCAG
AACTCCCAGTAAAAAAGACTTGGGAGACATGTTAATAAACTCAAGCATTTGATCGACCC
TAAAATTATCCTGTATTTTTAATGATTATTTATTAATTCCTCTCATTAGAGCCTGTTAT
TTTGCTTGCCAACTTAGCTTTGCCAGTGATAGTCAATATTAAGGTACTTTTTTCCCC
AGACCTCTGTTATCTTCTGTGAAATCATCTACAAGCAAATAACCTGGAATCCCTTCAC
ACAAATACAGACCCATCAGCCACACCCCGTCTTACTGTGATGAGTCGCTGTTTGGCTCCC
AACATTCAGCACAAAGACAAAACAGACCAGACCAGAAGAGTCCCACAGAATAGGGGAAAC
CAGCGCCGCTGCAGCTGGCCGTGCGCCCTACCACCGCCGAGGCTCCGAGGCCGCGCC
CTGTGTCCGCTGCATCATTTATTGAACCAACGTGGCCTACAAAGTAAACCGCATTCTGT
ACCTCCCCAGCCCGCGCCCCCGGACCTCCGCGCGGCAGGGGCAGATGCAAGGCATCCCGG
CTTTTCTCCCTGGCTTTTGGTTCACTTTTTGACTTTTAACAAGTGGGTGAATTATTTGA
GGCCCTGAGTTTTACCCAGACTCAAGGAGTTGGTAAAGGGTTAATAGCCAGATAGTAGAA
GGATGAGCCAAACATCCGAGTGCTCCTTGAGCACCGCTTTTACAAGGAGAAGAGCAAGAG
AATGATAAAGGCTTAAATTGAGGATTAACAGAAGCAGATTAACCTCAGAAATCCTGTCTG
CTACAAGAAGAAGAAGCACGTCTTTAAGCTGAGGCTGAGTAATGGCAGCGAGTGGCTCTT
GCCCCAGATTTAACCATTCCATAATCATGTTAGAGTTACTTCTATAAAGTGAACAGATT
TCAAGAAAGCAAAGAAAGTGGAGAAGTGAAGGCCCGTGACCTGCCAGAGATTCCGGGGTC
CAGAGGCACACATTCTGAGTGCACCCGCTTAGCCTTTACATTCTCTCCACCGACAAAAG
ATGCATTGCGGGTGCTGTCCAAGCTTGGCTCATCTGGGGTTTGCTGGGCTTAACACCCAA
CTCTCAAAAAGAAGATAAATATGAGGAAGAAATCAAGATTCTTACTGATAAACTCAAGGA
TCTCAAATGAGTCTGAAGTCACTGCCCTATCTGGACATTCCATAGACTACCACTTTTAC
TGGCTAGAGGTATCCAGCTCTGGCAGAGGAGGAGCCGGGCGGGGGCAGGGTCTGGCTTGA
GTAACATTGAGCTGCATGGACAGGAGCCTTGAGCTGGCGTGTGGGAATTGAGCGCCATGT
TAAAATCTCCCGGGGAGATTCCGGTACGAAAGCCAAAGACTCAGACGCCCGTTCTCCACC
GGATGCTCTTCTATCCGCTCGTTTGTGAGCAAGATGTCCCCGCTAGACATGAAGGATG
ATCACATGTTAAGGGACCCCTCCCCAGGGCCACACCTGGCAGAAGGTGGCTTATGATGTT
ATATGTAGCATATCATGGGGGACTGGGAAGTTGGGAGAGGTAGGACCTGACTGGTCTTGG
TCGGAAGTTCTTGACCATCACACCCATCGTGCTGTACTTCCTCACCAGCTTCTACACTAA
TCTTTTCTATTTATTGACTTCTCATGTTCTAGAGAGTAGGACTTTTATTCCGTGTACCTG
GTGTCTTTTACTTAAGAAGAACTTGGTAATCATTGTGGCACCCACAGCAAGCAGTTGCC
GTGCAGGCCAAGCTGGAGAACCCGAAGTGCTGGAGCTGACGGTGCAGCGGGTCCAGGGT
AAGATGCTGCAGCACATTGACTATAGAATGAGATGTATCCTGCAAGATGGCCGAATCTTC
TCTCTAGAGGAGAGTGGTACTGGCAGTTTATGGCTGAAATCCATTCTGATTGGTTGGAGT
TTTATGTGTTTTTCCAGAGCTTTCTGGGATGTGGGAAAATAAATTACTGAAGCAGTTG
CCACGTCCCAAACATTCTAGTTAGCTGGTAAAGCAATCAGAACAAGAAAATGATAAGAGT
GGACAAGAAGCTGCCAGGCATAATAGGAAGATACCAGAATTGCTGTTAACAATAAAATA
AGAGAAAACAGAGACAATTATGTTCCCGAGATCTCAGTCCCTGGATCAGGAGACCGTTGAA
TGTCACCTCAGGAGACTTATTTGAGAGGAAGCCTTCTGTACTTGAAGTTGATTTGAAATA
CATCGAATATCAGCTAACACCTACTAACACTAATCGATCTGTAAACCACAGGTATAAGCA
ATGCTATCATCAAGTTTACGCTGACCACTGAGGCCATGAAGAAGATGGAAGACAACAACA
GGCTTTCTCCCTAGGACCTTCTGTGTATATAGTTAGTTTTATAACCCTGAATGCCCCAC
TGCAAAAGAACAACCTTATCACTTTTTATTTTCAAGCCACTTCCCTCCAGCCATGTACATT

GAAAACTCTTAAAGATTGAGCCCCTGCCCCCTCCATCATTTTTATTTTTGGCTTAGAAG
TCCAGCACTTTTTATATTACGTATTCTCAAAGCAGTGTTACACGGGAGCCAGCCTGT
TGACCTTCTCCTTGGAACAAAATTAGTTACCAGTAGACTTAGGTGATTGCTGTACTGCAT
GGACTGATGGACTTAAGTATGGAAGGAAGAAAAATAGGTGTATAAAATGTTTTCCATG
CTCTCTGCCTGGATCGAAACCTGCCAGACATGATGCAGCTATGGAGTAAAATATTTAACA
AATTAACGCTGGAAGAAGATGAAGAGGAACTTTTAAAATGCGGGCAAATGGTTGCG
TTTCAGTCGGAGAGTAGAAGGCAAAGCACAAAACCACTTTGAAGAGACGAACAGCAGTTC
CTGAGGATGGAGAACCCACCAAGCCCCGCTAGGAGCCACCTAGACTGGATGCAGAGCATG
CTCCTGGTTAAGTACTTTTTTGTAAGTGTAAAATCCCTTGACATTCATCATATACTGA
GACCCAGCATCCCCGACGACCCAGCCGGCCGGCCTGCCCCCTTGCTGAGCACCCCTGCT
ATGGAGTAAACAACCTGCTACAGTTCAGCACCTGTTTTATGTGCCGAATCACTGTGGGGA
GGTGTGTAGTGACTATGTGTCATTAATAATTTACTTGACCATGGGCAACAGATGTCCATG
ATCATTGAACGAGACAGAAAGCGACCATCCTGGTTCACCCAGAATTGACACCAAAGATGT
CCTGATTTAGAAAATTTGGATGAAGATGGATATACTCAATTACACTTCGACTCTCAAAGC
TATTTCTGTAGATTGTTTTCAGGAGAAAGTTTTGCTTCTATGGTAAGAGTGAGCACTTTG
GTTACAGCAAGGAAGCAGGACGCATGTGCTACGCCATCATTAGGCAGAGAGTAAACAAGC
GGATGCCAAAGCCTGCTCAAGTTATGGACATTGTGGCCACCATGTGGCTTAAATGATTTT
TGTGTCCAAGAATGAACTGGTCCGTACCGAGACCCCGGTGAGGAGCTGCATCACACTCAT
CCAGGTGTTGACTATAACCAGATTTACTCTTTGCTTACTAGGTTTTCCATTGTCACCATT
TTGTTTACTAAGCATGTGCCGTCTAGGTATTAGTGCTAGTCTCAAATAGGTGCTTCCCC
CAGTAGCTGGCAAGAAGAACAGAACCTGGAAGAACCTGAAACAAATCCTCGCTTCTGAAA
ATCCCCAAGTAAAATATGTTGCGGTAGAGATGGAATGTATAAAATCCGCCAGTAGTGTGA
TCTGCTCCTACTGTATCAATGAATGGATGAAGCGGAAGATAGAATGCCCATTTGTGCGGA
TCAAGGACAGCTTGCCTGACTGCAGCCATAAGGATGAAGCCTCTTCAGGTAGAGAAGGAC
TCCTGTTTCTGAATGCCATCTCACCAGGCACACGAAAGAATAAAAATTAAGGAATCAAGA
TCATTGTGATGAGGGCGTCAAACCTTGTTGGCTTCCCTATGAACAAACGTCCCCAACACCT
TTAGTGGGGAACGCAGAGAACTTTGATCCATAATGAGGATTAAGTTTTACAGATTTTAC
TAAAAATCAAACCGTCACCCTTTAGTTTTGCTTGAACCTTTAGTAAACCACCTGCTTAGGGA
TGCGCTTGGATCTGGGGTGGGAGTAACAGGGCAGAAATGATTAAAATGTTTGAGCACAA
CCTAAACACACAGAGGAGAATTACTTCAAGTATTTTTAAAACACAGTCACTTGTCTATGC
TGGAACCTCCTGAAATGCGCCTACATGGTGTGACCTACCTCTTCGTATCCTACAACAAA
TCACGTGTCCCGCTGGCCCCAGCACCCAGTTTTTGGCTGTTACAAATGAAGCCTCTGTGA
TGGCAGTATTGTAGCTGATCGGGAATGTTTGATATCTCAGCAATTTTGCATTTTTGTGT
TCAGCCTCTCCAGGCCAGTTCTGGCCTCCAGCAAGCAAGCTTTTTGGCTCAGCTCCT
CTCAAGACTGGATTATTTGATCAATGGGATCTATGTGGACATCTAAGGATGGAACCTCGGT
AACCCAGCCCAGTTAAGAGGAGATGCCGAATTTAATGAACCCTATTTGAATTGCAGGGCT
CAGGTCATTTTGCCTTCTACATGTGCCTGTTCCAGATGGCAGGGCTCCTTACTGCAAGG
CAGCAGGCCCTCCACTCCTAGCACACAGGCCGGATTGAATCTTCAGGAAAGAAGAGCACAA
AAGTGAATCGCCTTACTTGCCATACAAATGCTCCTAGGCCTCATGCTAGAGGCTTTTTAT
AACGGCTGCTATTTGAACTATTACTTTTTTTCTTCTGGCTGCTATTCAAGGAGCTACCCTC
AGGATGCAACACTTTTTCTTCCAGAGCTGCAACAACCCGTCGCTGCGCTTCTCCAGCACG
GGACCTTTTCATTCTTTTCTTATATTCTAGACAGTCTCTGTTGTCTCATTGTGTTGCTG
CCCCTCTTGGCATATATTGTTAACATCAAAGGACAGCGCATCAAGAAAAGTGTGGCCT
ATCACCACGGTCTTTAGCCATGCACAAACGGTAGTTTTGTGTGTTGGCTGCTCCACTGTC

CTGGTGTTTTGAGAAGCCCTACTGCTGAAAACCTTAACAATTTTGTGTAATAAAAAATGGAG
CGCGCTGGGGGAGGGCGCGGGGGCGGGGGCGCGGCGGGCGGTGGTCCCGAGCGGCAGAG
CTTTAACCCCAATAAACGGATCACAGTGGAGGAAGCGCTGGCTCACCCCTACCTGGAGCA
CGTCTTTATAGGCAGTCACCATGTTGTCAAACCTTAATAATGCACCTCATGTATTAGTCA
GCCGCCTGGCGGAAGGATCAGCTCAGCCTCCTCGCTCTCCAGGGACGACAGTTCCGTGT
GCTGTGGTTACCAACAATCCTGAAAATGATGGATGTATAAATGCAGTCTTACTGGTCTGA
AACTGCAAAGGGGTGCGAGAGAGAGGACAAGCAAACCACCTATCATCCCCATGAGCAGCC
TTGGAAACCAAGAGAATGGCTGATGTCTTTTCTTGGGAATATGTGAAATAAATTTAGCAG
ATTAGGAAGACTGAAAGGCAAGGCCATTTAAATGTGTTGACCCTGATAGTTCTTTGCACA
AGCTTCAGACTGGTCTGTAAAAATGGCGGGTCCCCTATTTACCACTAACTAGCAAACTG
TTCTGTTTGGGAGCTCTCTGCAAGTGAGAGAATTCTTTGGGAAAATAAAAAGTTTAAATCC
TGTGGTAACTGTTTCTTTGTGCCATTTTGGGGTGGAGAAGGTGGATGTGATGAAGCCAA
AAGCTTATTTGAGTTTACTTGAGCCCTTGGATCCAGCCGTGCCTGAAGACTTTTTAATAA
TGTTCAAATTGACCACTGTCTAAGGAGCCTAGTAATCGGCGTGCCTTAGTGTGTTTATGT
ATACATATTTGGGTTGGTACTGGTTGAATCCTTCAGTTAACTGCTTTGTTGCTTTTTGCA
TGCAAAAAGGAAAGAACTATCCCCCTCCCTTTCTTTCAGCATTTCCTTCAGAAAATGG
TTGTCCTGCCACTGTCTGGCTGCCCTCTAACCTCTACTAATTAAGCCACCATTTGCTA
GTCAAACCTAGATGGCAGCCGGCTCATAAAGGTTCAATTTGGACAAAGCACAGCAGAACAAT
CAGTCTATAGCACTTGTGAGCTCTGTACCCCATGAAGTCCTAAATTCTGACATATCTGT
AGGCTTTTGCAGGCATCCCCTGGCCCCTCCATTCTTATTGAATACAAGCCCTGATCTT
GTAGAAGTAATGCAGGTACAAGATCTAGAGTTTTTCTTAGACTCTTTAGTCTTTTCTGA
TCAGCACCTTACCCCCAAAAAGAAAAGAAATTCAGGGAGGGAGCAAAGAAACATTCCT
CCAGGGTGTGGAGGTGGTGGAGCGCCTTCCGATTCCATTCATGGCATTGTTGTGATGTGA
GTTTGGACCACATCTTTTGGAAAATAGTTTGAACATATTTAAGAGATACTTGATGCCA
TTACAAGTTTATAATGTATTTTTCTATCTTGTTTTATATGTATGTTATATAACATTCAA
CAATCATCCCATGCTGGAAGAAATGTCAAAATACCAATGGGTAATTATCTTTTTCTGAT
AACTGCATAGGTACATCTAACTCTGGACTGGCATGCACATTGTCATGTGCAGCTTTCAT
TTGATTTCTAACGGTCTAGTGGAGTACAGTTAATGTTGTGTTTATTTCTGTAAGTGTAGG
CTGGCGGAGTTTCTAGTCCCTCTTACTTGAAGCATGTCTTTCAGAGCCCAGCACCACC
GCTTGCTTAATTTCTACAGGCTGTCTTGTCTTTCATATGCTAACCACTATCTTAAAATGA
TTTACAATAAATTTCTTTTAAAATATACTTTCTATTTTTCTGTAAGTGCATATGCAATAA
GGGGTGCATTTCCATCCTTGTAACCCTTCATAGTACTCAGTCCGTATCGCTCAGTAAA
TCGGAGCGGAAATTGTCTATAAGTAGGCATTTATTTTCATGATTGATATGTCACAGAAATC
CACGGGAGAAAAGAAGCCATTGCTAACTACTTCAACTGACAGAAACCTTCACTTGAAAAC
TTCTGTAGTGTCTCAACCACTCAAGTGTCTGGGACTGGGTGGGGGCAGGATGGAGTTAGA
AACCATCTGTATTAGCCTTGTGCCTTCTCAATTTGGAAGTGGAACCTTTGAAATCTGTTG
AAGTTGTCCAGGAAATTCAGAATAAGCAGAAAGTAGGACCAAGTGTGACACCCCTCGAA
ACCTGGGGAGTTTACTACCTGGGGACCCCCCTGCCATGCCTCCAGCTACAAAACAATT
ACAGCTAATCCGCTGTGTGACAGTCGTTAGGAGCTCATTCTCCCCTCTGGGTCTCCCTGA
TATCTGAATCTATTGCTGATGTGTAATAACACTTTAGCTCTAGAATTACTCTGAGACCTT
GCAGTATTTCTAGAAACATCCCTTTTTGTTGAGAACCCTCCCTTGAATGTCTGTCACTC
GAGGTGACCGAGTTCGGCAATAAGTACTGGCTCATGCTCAACGAGAAGGAGGCCAGCAA
TTATCTTTCCCTTTTACTTAGGCAAATCACTCACCTCCCCGAGTCCGGTCACTGCGGAG
TGATCTTAGGGAATGAGAAAGCAAATGTGATGGAGGTGACCAAGGGGTGACAATGCTTCA

GACCTAATTCAAGTAAAAACCCTTTCTCCTTCCTGGGGCCTCGGCTCCTGGAGGGCTGGA
GAAGAATCTTCTCCACTAAAGAATTTATTTCTCCCTCTGGATTCCTTGAATAGAAT
GACTCCTCTGGCAGAAGTTGGTTCTGGGAAGATGGCTCTGTTCCCTCTCCATCCTTGTAC
ACAGATCATCCAGAACAGCCAGGACGGCCACAACCTCCAGCGAGGACGCAAACGCCTGCCT
GCGTTTCTGGCCAGCAACAAGCTCCAGATTGTCTTTGATTTTGTAGCTTCCAAAGGATT
TGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCATCGAGA
CCGCCACCCGCGGCCACACCGCAGGGACCCTCGCCAATAAACAGCCCTCCCACCACCGCC
AATGGCAATGGTGAGGGAAATTGCCAGAGCCCTGCCCTCCAGGCCTGTCCTTATTCATGG
GCTCTCCCCGGCCCCCTTCCGAGAGCAGCAAAGCCTCGCCGGAGAAGGATTCCCTGGGTAA
ACCCATGGAACAATATGCTTAGGATTACAGGAAGCAGTCCTTACTTACACTTCTTGTCTG
GGGACACCCTCTGCCCCAGCCGAGCCTGTCAGAGCTCTGCCTGGCTGTTCCAGCCCCA
TCGGAGAGTGGGGAGCATATTGGGCTGGGGTAAGCACTAGACCCAAGTAGACTGGACACA
GAAAAGGTTTTACTACTGATCTTTGTAACTATGATGGTTTCTACACTTGACCTGAGCTCA
TGACCCCCCACCTCCCTCCTGGACGAGGCAGCTGGCCGGGCGGGGGGCTGACCCCCCC
AAACAACCTGAACTAATGGAAGATATGGATACAGTAATTAACCCCGTCCTCAAGTAGTA
GAGTTATCAACTCTTAAATCATGGAAATGAGCATTGAGGACTGCCCTTTGGATGTTTAA
GAGAAAAAGGATTTGATTATGAGGGTACTGCTTTCACAGAATTATTCCAGGGTTTGTAT
GCCCTGCGCTACATCCAGCCTAAAGCCTGTTTCTGTAAATAAAGTTTTATCAAAACACC
GGTAATGGCTCTGTATCTGAAAAACACCACCTCTGGAGGAACAGGCAGAAAGATAAGAAA
TTTATCATGTGTATATCGTCCAGAAAGTATTAAGGCTTTAGGTAGATGCAACTGGCGAAC
GGAACTTTCCTCCCCGCTAGTCTGCGCTGGGTAAGTGTGTTATTCGTGACTGTCCCT
TGTAATTGGAGTCAACCAGGTGAAAAGAAGTAACTGGGGGATCTAACTGGCAACCAAA
AACACTTCTGTATGTCAGTCAGCATTTAATGACCACCTACTGTGTGCACAGCACTACTGG
GTTTGTCAACAACAAGAGTCGTAATGTGTCAGTACATTGTAGCTCCTTTGAAATTTAACT
AATGTGATCACTTCTCTGAATACCTTCTACATTATGGGTCAAGCTTTACAAAAGCGAA
AGTCCTGCTCGGGACATTTGCCCTCAGTGGTGGGGTACTGCTGTTTCGGAGGTATTCT
AGCAGTGCCTAGAAAGGTGGCCTTGGAGATGCTCTTACTGGTGAGCCATTTCTGCCCA
TCCCATGCACAGGGCCATTCAGGAAGGGCTGGGGGAGTGTGTGTGGCAATAAAGCTTGAA
AAGAGTCGACGTCGGTGTCTCCAGTGCCAAACCAAACTGGAGCTGGTGCAGCAGGAATTG
GGCTGTGCGGCTATCCTGGAGACAGATGACAGCTCTCCCTTGGATGGCTTTGCTGGTTCC
GAGCAAGACCCTGTCTCAAAGAACCAACAACAACCACTTTACAGACAGAAAAGAAAT
GTCGGGGGTCAACGCCGTCATGTTCTATGCAGAGACCATCTTTGAAGAGGCCAAGTTCAA
GCATGCATATGCGGTGGTTAAGGATACAGTTAAAGGGTCAATCACGCGTGTCCACGACAG
GCCCTCCTACACTCCACCTTGGAGAGACCCAGAAAAGAACAAGCTTCATTTGTAAAAAAG
ATTGATACATAACAGACACCTGCACAGAGCGTAAACAGAGGTGGCATGACTAGAAACCGT
TATGTGTAATAATGTTTATTAATGCCTGACCTCCCACCTTGATGTTTTTGGACAGGTTAA
TGACGGAGGTCTTCATGTTTGGACTCCATCTTTTGTGTTTGTAAAGTATTGAGGGGTGGA
ATGATGCATTATCATCCTTCTAAGGCAGCAACAGCTGCTTCTGCTTGTCTCAGAAGGTT
CTGCTATAGCGGACTTTCCCTCACCTCCCAAATGTTTATTATGAAAAATTTCATTTTAA
CGTTGGCAAATGTGAACCATGAGAATATCAGTGATACTGATGAGAATAAACTAAACGCCT
TCCAGTTGGGAAGCTGATTCATAAGTGATGAAAGTTAAGCACAGACCTTGGCAGTGTGGA
AGTTCTCGGTGCCCTTACGGAAATGAAGCTGAGACCAAGAACTTTCGCTCCCCAGCGG
AAGGAGATGGTTAAAAGAGAAAAGCCTTTCTCCGGACCCACCTGCAGCATTAAAGAACCAT
AAGTTACAGAGAAGAAATGAAGAATTGGAGGAACAGTGTGTCCAGCATGGGAGAGTACAT

GAGGGTCACAAACATTGTTTTGAAATATCCATGCTTTTCATTTTGGAGTGAAAAGAGGAAA
ATGGCAGGTCTAGTTTGGGCATTGTGATTGCATTGCAGATTACTAGGAGAAGGGAATGGT
CTGCACAGTGCAGAAAGTGAATAGACAGTGAATGTGTTTTGTTTTATTGGGGTTTAAATAA
TCCTTCCTCTTTTCCCTCCCAAAGCAAGCAAGAGGCCGTGGCTGCTGTGGGAAATGGTAC
CCAAAGCCCTACATAATGCTTCAGTTTGCTAAGGAAAAAATGTTAATTACTGCAAATGTG
TGTTCTGGAACAGAGCTTCCTGAGAGCCATCCTCGCAGAGTTCCGTGATCAGGACTGGA
ATGGTATGTTTTGCTGGTTCTCGTAGCCAAATACAGTTTTGACTGCTATACCCATTTTTT
TTTGAGAGGCTGAAAACGTCACGACGCGAAATCTAAGAAATGTAGTCAAATTATGTATTA
GCTTTCTGTAACAGTGCATGCTTCAGCACAGAAAACCTCAGCATTGATTATTGTAAATTA
CTCTCTGAGAGTAAATCCAAAGCATCTGCATTTTATTAAGCACTTTAGGTGATTCTTATC
TGCTCTAGATTGGCCATGGTGCCAGGTTAGTTCCTTCTGTAAGCTCCACCTCCTCCAGG
TGTGATGGGAGGGAAGACTTCTTTCCAGTGCACAAATAAAAAACATGGAACGAAACTGA
CAACATCCTAATTGGCTCAGTGCACGTTTGGCAATAGTGCCAGCCTGTCTTGTCTTTAAT
ACTGGCAAATGAGACGTAATGGGAAACAATGGCTGCTGGGAAAAACCTTCGACACCTTCT
GCTACAGCTGATGACCTCATTGATGTGGTGAAGGAAACAGAGTTTATATCCCCTGTATC
AAACTGTGCTCGTGGCGGGATAAGAATTCGGCGGCATGTGTGGTGTACGAGGACATGTGCG
GCTGGGACAAGGGATCCCCCTCCCTGTGGTTCTATTATATTATAATTATAATTAATAT
TTAATTGCATCCTATCAGATTGTTGAGGTGGGTGTGATAGTCTTCAGGTGCAGTGCCTTC
CTGATTTTGGCCTTCAGCCCCAGAAGTGGAGGAAAATAAATTTCTGTTGCTTAAGTCA
AGTGTAAGGAAGTAGAACTCATACTACTTTGGAATGGCTATCAGAAAGAAGACATTAC
TGTTTCTCCCACTTACACTGTTGACATCTATTTTCTGAAGTGTGTTTAAATTATTCAGT
TTTGTCTTCTTGACCCCGGGATCTCTGCCATCCTGTGAGCTCAGTCCAGTGCCCAGTAT
AGAATTCCAGTCTTGAGAAACAGGTCAAGGACAGCTTCAAAGAGATTCTAAATAAATGT
GAAGTACTGACTGGTCTCCTCTATCGTGTGTTGCTGATCCACAGTGTGGGCACAACCTTTG
ACAGAAGAAAGCCAGGATCCTGCGCCTTCTGAACCGACTAGTTCGGCCTCGCAGAAGT
AATTACAGCTGCTAGCCAGGAACATGGACTGAAGTATCCAGCGCTCATTGGGAATTTAGT
TATATCCAACCTATGTACCTTTGCAAACCTGTCTGGATTTTACTGTATGTGCAAAACAG
AACAGCATCCGTGAGCTACACGACATGTTTCATGGACATGGCCATGCTCGTGGAGAGCCAG
CAAGCTGGACTTTGTTGCCATCCTTGAGATGAACCTTTTAAGAAAAATAAGTTAATCTCA
GATGGAATGACTCTTCTAAAAGTTCATCTACAAATTTTCCAGTGAATATGGTTGTGTAGG
CCCAGCTAGCTCTTGCCCTACTGCGGCCTCCCAGTCCAAAGCTCCTGCCTTTCGGCCAC
TTTTTTATTAAGTCTTTTGCCATATAACATGCTGATTTTACTGGAAACCTAGCCAGC
TGAGAGTTCAAAGACTACCACAAACACTACAACCTGCAAAGGAAATGGACAAAAATGAATG
AATGGGATTTGCATGTTTCTGTCAAGCGTAACAACAATCCCTTCTCTTTGACAGAGGC
CAAGGAGATGGTAAGGATCTTAAGGACTGTGCCATCCTGCTGCTGCTAGGTGGCTGCAT
AAATTCACCAATTTATGATTTGTGAAATCTGATTTTACTTTTTGAAAATTTTCATGTGAA
ATCAGTGTGAACCCCGTACCAAGTTGATGGTCCCTGGCCCCAACTCCTTGATGCTTCCA
TCTTGAATACATTGATCTGGTCAGCAGTGTGATGAAGAGCCTAGCACCTCTTATACTGA
CCCCAAGCATTGGATGACTCATAGAATGGCCTTTTTTGTGAGCATAATCGTCATCATTAT
AAGAAGGAAAAACTGACAGAAGAGTAAGTAAGGCCTCTGTAGGGCTACAAGGGGTTTGTG
GGATTTGCGCAGTCATCTTTTTGGGGAAACTGAAAGTACCATCTCATTGTCATGAAGTGAC
CCTGCTCATTCTGATGTGAAGCCATTGTCTCCTCAATAAAAATAAACAGCATTCTGA
CTCCAGTCGGTGGATTCTCTATGCCAGCTTGGGCCTCCCGCGGCCTCTGCTGGCCCA
ATTAGAGGAAGGTTGTAAATATTTTCTAGGAGTTCTATTGTAAAGAAAAGTATTTTTGAA

TTTTATGTGTAAGATCATAAAACGTTGTAAGTTTTCTAAAACACATAAGCTCTCAATAA
AGTTTAATGATGGCCTGAGCTTACAGGAAAGTTGCCGCCTTATTGAAGCTCTGTCCTCAT
CATTGATATCCACTGGTCACATCATAACTGTCTATAGGGCAATAAAATCTGTGTTAAACT
AAAGAGAAAGGGTGACCCCTTGGTCTCCAGGAAGGAGAAGAAGCAGCATTGTAGCCAGTA
GAATCATAGTTGGGGTCTTACTAGCCATCGGCTTCATTGGTGGAATCATCGTTGTGGTTA
CAACACAGATACCAGTGCCTCAGATGTCTGCAGATTAACACCTGCATGATCACTGTTCT
TTCATTCTAGAGCAAACAAAAAATGTCAGCTGCTGGCCGTTCCGCCCTCCCGGGGACCT
TAGTTAGATAGAATGAATAAGATCTGGGTCGGGCATGGTGGCACAAGCCTGTAATCTCTG
GAAACTGGAAAAGTGGATTTGTCGAAAAGTAAATTGTGCCATTTTTCTCACATTTTTGATC
AGTAAGGGCGGAAGTGAGTTTTCCAGCGGAAGTGGCTCCTGTAAGGCAGCAAGGTAGCGT
GAAGGTTTCAAATGTGTCTAGTGTTCAGTATTGAGGACAAAGAAATACAAGTGGCAGGCC
AGGTTGAACTCTTTTTTGTGCTCAAGTTCTAGGAGTCCCTTTCCTGAATATATACTTGT
GCCTGAAAACACTCTTAAGCTGATTGTCTTAACAAAATGAAAGTTCTCCAAAGACAAAAC
CCCCAGTAAGCCCCAGAGTATATTGAATAGAAATTCTGCATGTGTGGGGAGAATGGACAA
AGATTTTGCCTGTATGGTACTGTTTTGTTGTTAATAAAGTGCACTGCCACCCCAATGC
CCCTCTCCAGAGGTGCCAGACCGCGGATTTTATTTAGCAAGCCCAGACCTTCCGGTCTAA
TGGATGTGCTAAGGTTCCAGGTTTTGAAACCGCTGATGGGTTTGTCTGAAAAGCCAGTCTT
CCAGTCCTTCCAGAAGGCTATGGGGAACCCCTGCGAGTTCTTCGTGGACATCATGTGACT
TGACAACAACATCTATGAAGTGATGCCCTCTCCAGTCCTCCTGGTGTCCCCCATCAGTGA
CCCATGCACCATTTCAGTAAACATAAAAAATCACAATTCTGCTAATGTCATTTGGAACCTCA
AGAAAACCAACAAGGGGCTGGCTCAGTACCTCAAGCAATATAAGGAAGCCATACATGAT
CGCTAGCTGCTGCATCTGGCCCCTCAAGGGTAAAGTCAAGGGGAAAAGGAGATTGAGAGG
CTCACCAGCTACAAGAAGCAAAGAACGAATTGCAATTCATTTTTGTGCTCTAGGACCCGG
AGAAATGACCCAACCTCTCACTTTTCCCTCTCCCCTTTGAATAAAGTCGCCAGCTAGAG
ATTTGCTGACACAATATCTTCCGCCTGGTGCTGGGCATATCCTAAGAACTTACAACCTTC
ACATGCAAATCTTTGCGCCTAATCATTTGTCAACAAGTCCCACTTCTGGTACTTCGTATC
ATACAGCAGACGCATTGAAACACACACCACTAGGCAACCCCTGAGGCTGCGGGGCTTTGA
ATCCTGACAAAAGCCAGTGGATGTTTCTTTTGCCAAATAAAATATACCCTTGGTGCAACT
TTTGAGTAGACTTGGTGTTGAGTGCTTCAGATACATTTTTTCAGATACAATGTGAAGACA
GACTGGAGATCTCCTGGATGGAGTTGGATTAAGACAGAAGATGGCTGGAAGAATTGTGAA
TGGGACTCTTTGCTGCGGGAGTTTGGCTGGCCAGGAACCTGAGTGACATTGACCTCATGG
ACAGGTGTCTCCCACTTTGCAACCTACGTGGCAGCCATGAGGGCCATCAACATCGCAGAT
ATATACTACTGTTCCAAGTGTAAGACCCACTGCTTTAGCAACAAAGAAGCTGGATCTCTG
GCCATTTCAAGTTTGGATTGGAGTCCAGATAAAAGGGTCTCTGCGTCTGTAGTTCATT
GGGCCATATGCACAAATATTGTAACCTTGGTATCTTTACTGCATCATAGTCAATAAACT
CAACACCAACCAGATGGTATTCAAGACAGAGGACCTGATAGCCTGGGTGTCCCAGTTTGT
TTTGATAACAGCATTTACCCTTTAGCTGCTATAAATCCTCAAGCTGCCTTTCCATCTTC
TGGCTTTCTGTTTTGTTGCTGTCCATTGAAGACTTTGAACATGCCGCCTTAATAAATGTA
ATGAATGACTACAATGAGTACCGGATGATGGAGAGGTCAATGAGGTGGACATGGAAGGC
ACGAAAGTCATACCGTAGAAAAGATGGCGTGTTTCTTTATTTTGAAGATAATGCAGGAGT
GGTGACCAAGGACATGAGGAAACTGGGCTATGACACTGGGCCTTCTGATACACAGGGTGT
GATTTTGCACAGTGCCTGGCAGACATTTGACATTCAATAAACATTGTACGAACGAAAGAA
CCTTAATACCTGCTCATGTCTTACTCAGGACCAGAGTTCATATTGAACTAAAGAATTAT
CACTGGATGCCTGAAGTAAGTAAGTTTTCTCAGTGGGGCAGTCTCATAAAATCACCAGGA

GCATCTTGCATAATTCAGAACTTCATCATCTTGCATAACTGAAACTTTGTGCCTGTTACC
CAAGAAGCTCATCTCTCTCCGGGACTGGATGTTAGCTGTGTTGGCCTTCTCTGTTGGGGT
AGAGGATATTACTGAAGAAGCTGCTTTGTCTAAAAAGAGAGCTACAAAAGCCAAAAATAC
CCTAAAACAGTGGTATCCAAAGAAGAATCAAGGCCTCCAAAATTTGTCATTGAATCTGTC
ATTACATATTCCAGTAATGGTGGATGAAGTTGTTTCATTGTTTGTACCACAAAAAGGACA
AGAAATGGGAAATTGCCAAGCCCCTGAAACACAAGCAAGTAGATGAAGAAAAGATGTATG
ACAAGGATAAATGGAGGATGGTGCTCATCTTGAACTTGAACTAAATTGGGAAGGTGCT
CCATGTTGATTATATGCACTTGGAAATATTTCTTTTCCATCTGTGGATTGTTCTGTCACTT
CTTTCCTGTTTGCATTGGAAGCCGTGGTTATCTCTGTTGGCTCCATGGGATTGATTATCA
CAGAACCAAGTCACTCCACAGGATCATGAGAAGGCTGCTTTGATTATGCAGGTTCTACAA
TCCAGCCAAATAGTGTCTCGGGGTGGTGGCTGGGCAGCGCCTATGTTTCTCTGGAGATT
TTCAGAGCTGTGATTTTTGCAAAGTATTTTACCAACCTCCTCGATGGCTTTGATAAAGGT
AATTACTTAGTCCTTAGGCCAACCAATTTAACTGCAGTGTGATGTTTACAGGCCTTCTCT
AAAGGACTTGGCTATGAACTTGACTGGAAACACGCAGCCTGCTCCTGGAGCTTCACTGGA
GAAGAACTTGATATGTATGGCAAACAACCTTTAGAATACTAGTTACTCACTAACATGAGGC
CAAGGTCCCCACCTCGTCCAGGAAAGCCAGAAGGATCACCTTACAAGGAGGCAACAAA
GAGGAGGAGAAGGTAGAGGAGGAGATAGATACAGAGATCCAGAGAACTCAGTATCTATGA
ACAACAGAACAATATTGGAATGGTGGTAATACGAGGAAATAGTATCATCATGTTAGAAGC
TCGATGACTCCAGATGTGCCACCACCGAGCTAGTCTTATGACAACCTAGAAGGCAAATTG
AGGCTCCTGAGTCCTATAAGAATGTGACAGATGTGGTAAATACCTGCCATGATGCTGGAA
AGGCTAGGCTGGCCATCAGTTGCTTATTTAGATGTGTCACTAAATTTTCTTCTAGATG
ACAGATGAGAACACAGGGCATTCCGGTTAATTTAGACAGGCAATAGTGGGGAGGTCATTT
TCAGTGTACAGTTCCACTGGAATTTGACAGTTGTCTCTACAGTCATGCAACTCGAAGTAG
TCTCATGGATCACAACCTGCCCTATTAACAAAATGTACTCAGATAAATATCCAGTC
GCAGAGGTCTGCCGCCTTGGACCCCGCCTTTACACATTGAGTGTGGTTTCTGCAGTGAT
AGTGGAAAGGAATTACTTCTCCTGAGGCTACAGGCGAGAAAGGTAGGGATGGGCCAGCCT
CTGGGCAATCCACCACTTCTTCTTCTGCTTCTGTGACGGTTTAGAGTCAAGGGGGC
GAGTGCTGTACGTGTATTAGTTCTTTACTGCTGACCACATTGTACCCATTTACAGAGA
AGGGGGATGTTTCTCTGTGGAGGAGATATGATTAAGATACTTAATAAATGGTAGAT
ATTTTTTAAGGACCATCTGGGCACAGGTAACAGGAGATGCTTGTATCTCTCCTGTAGGGT
ATTTAAAATAACTTGCCTGTTCCCGTGGACTTTATCCACTAGTGAAGGAGGACAAGTGA
GGACTTGAACATTAAACATCCTGAAGAATTTTGGAAATGACAGGTTACAAGTGAACATA
TTCATTTCTCCTACCAATAGTAATTTTTCATCAAATAAAAATTTATTTACCATGTCATGAA
GCTATGAGAATCAGTTATAAAAGTATTAGCCATTTGTTGTAAATGCCAATAAAATATTCA
CCCATGTCCTCTCTCATAGGTTCTATTTTACTATGATGTAAAAATTAGGTCGTGTACAT
ATTCCAAGAATCCTTTGAACTTGTAGAACATCTGGGAGTCCACTTCCCTGTCCTTCTCT
ACCCAGGGCCTACTGCCACCCGCTTCTGTTTCTTAGTCGAATGTTAGATTCTCTTCTG
GAAGCGCCACTCAAGTTCTTTTAAACCAAGACTTTAGAGAAATTAGGTCCAAGATTTTTA
TACCTGGATGTATGCCTCACGTGTCCCGCTGGCCCCAGCACCCAGGTATAGTTAGTTACT
AACAATTTGCATTTAGAGTGTTCGCATCAGAATAACATGAGTAAGATGAACTGGAACAC
CACAACCTTTCTAAGATTGAACCAGTAAGAACCAGAAGTCTTAACCAGAGCAAAAATGTAT
TAGTCTAAGGAATAGGGCTATACAGACAGCTCTGAGGAATGCTTTCAGAGGGAGATTGCT
TCACTCAGTTCCCAAATCTAAATTTTTACAAGAGATTCTGTTTGGGGAACTTAAGTCAG
TCTACAATGCCTACCTGAAAACTTCAACATGACCAAAAAGAAGGCCCGCAGCATCCTCA

GACCTGAGAACCTGGACCCTGGAATCAGCATGGATGAGACCAGAGGAGGTATGGATGGAA
ATGAACAAGAAAGAGGACGTCTTATTATCTGGTGTCTGGCTTGCTGATTTAATAACCTAG
AGGCAGAAGCATAAGTCCCCACCTGCTGACCTGCTGCCTGCTATCTTAACACGAATTCCT
AAGGAGGACTTCGTTTTGCTCATCTTCTGGATCAGGTCTCCAGAGTAGATCCTGAAATGA
GCCTTGAATTAAGTTGAAGTACTGTATTTGCTCTGAGTGGCATTAACTAATAATTCTG
TCCTTGAAAAGGAAGCCAAATCTCGCCAAGTAGGAAAAGAAAAGGGCAAATACAAGGAAG
ATAGTGTCAAGAAGGAAGATTTGACGTTGTTGTCATTGTCCAGCTGGGACCTAATGCTGG
TTTTTTGACGGGATGGGGTTTTTCTTTTGTAAATTATTTCTTTAGTTTAATTAACCTTTT
CCCATGGCCCAGAATGATGCTGCTAGTTTTCTACTGAGTGAAGCCATTACGTCTATTTCT
TTCTACAGAAATGCTCTATTTACAAATTTACATAATTTCTTTGGAAATAGATTTAAAAA
TTATAACCTGATAGCAAAAACTTGAAATATTGCAGCCCAGTTTAATTCAGCACTTTCCC
CATTGAGGACTTCTTCTAGAGCATGAAGCTCTTGGTATTTCCATGGCCAAGGTACTGAT
AGACCAATGTGAAATGATTCTTCAAGCATCTGAATATGAAGACCTTGAACACAAACCTGG
ATCCTCAATCTAGTCTGTCCCGTTGCCCTCTTTCTCTATCGTCCCTACTGCGGGT
ATTGAATTTTTAACCAATCCACGGGGAAATCATGGGTGAGGTCTGGGGAGAGGTCATCAT
TGAAAGCCACAGAGTTAAGTGACCTCAGGTAACATAATGGTGATGGTTGGCCATTTGAGT
AATATTTGTGTAACGGAGATATACTACTGTAAGTTTTGTACTGTACTGGCTGAAAGTCTG
AGACATTGTATGCTTATGTTTTCTATTATGAAGGTGCAGCTTGTAGGAGTTTGTACGG
GCAACCTTTCTGTTTTATTTAAAGAAAGCCCAACATTAAGGGTTTTTATTGCAAGCGTG
TCCATATGGACCTGTTTTGGACCAATGAGGCATCCTCTTCTGTAGTCCCAACACGCGGA
TTCAAGTCTCCAGCTGAGATTGTGCAGGAGGTGCTGTTGAGCAGTGAGAGAAGCAGCCCTG
ATTGGAAGAGCCACCCTTCCAGTGCTAGTTGGATGGTTGGTTATGATTGCCTTCTGTAA
TGGAGAGAAGGGCGAGTGTGGTATTCCCTGGACAAAAGGGGGAGTGTCCCTGCAGCCCTG
CCCTCGCCTGAACACGCCCTACACTCTGGCATGGGGGAACCCGGCCCCGCAGAGCCCTGG
CAACCAAGCCAGAAAAAGTTGAGACCAGACCCGTTGTCCCTAAAGATGGGGCCCAGAATG
ATTTTAGGTCCCCGTCCCTCTCTGTAACCAATAACCAATGCCATATAAATGGAAAAGTAT
ATTTGATTAATAAAATATCTATTTGAATAAATTATGAGCTATCCTTTCAAACAGCTATTG
TTTATCGGAGTTGACAGGACCAGCCAGCCCTTTCCACCTCTCCCCATCATGATGGATGG
CAAACAAATTTACTATTCGGACAAATACGATGACGAGGAGTTTGTAGTATCGACATGTCAT
TTTCATATTTATAAAGGAGTCTAATGTTCTGCCCCATAAGACTTTCAACCTTGTGGTTG
AATTTTTAAGAACAAGTTGTGGCTCACCCAATATGCTGCACCAGAAGTAATTTAGGAA
TTATGACACATGGACTGGAGGTTTGTGGTGGTTTCATGACACATGGACTGCAGATTTGCA
TGCTGCTGCTGCTGTAAGATGGTTTCTGTGCAGGGAACCTTGGCCGGCTCTGCAGCTGCC
ACCTGAGGGACATCACAGACGAGGCATTTAAGGACCAGATCCACCATCGTGTTCAGCC
CCTTCCCTTGACAAGTAAATGGTTACAGTGAATAATGTGAAGAAGTATTTCCAGTTAGTTT
TGGACGAGAAGGATTGGATTCTGCTAAAAGGTGTACACAAGCCCTTTATCACAGTAGCAT
GAGTTTCTTATGTGCCCTGGTGGACACTTGCCACCATCCTGTGAGTAAAAGTGAATAA
GCAGCAGCTCCTGCCTATTCTCCTAACATGTATCCTGGAGCGAATCCTACCTTCAAACA
TTTGTGACAACCTGCCTTGGGTGAAAATCAGAAGCAAGCAACTCAGCGAAAAACTCAGAAG
GGGATCAGTCATTAAAGGACACTCTTGTAGTATTAGTAAACCCTTATGATGATTAAG
CAGCAGGACCTGATTATGCACTGCTATCTAGGTAGGGTCACTTATGGTTTTATAATATAT
GATCTTGTACAGATATTAGTGTACCAGCATTCATGTGGAAATCAAGAGCAAAGACAAAA
CACCTGGGTGGGTTTGTAGCTGGACAGAAGCTTAGAGACAAAGGCTTCAAGAAGCAGTGGC
CCTCTTTGCTACTGTGTAGCACCTGCTGCAACGTTGCCTGCTGTCCACGTGGGGTTGTTT

CTAAAAGAACAACAGTCTTTTCTTCAGGACTCAAGTTGCTTTATAAAGTTGCTGGATAC
TCGTATCTATCTCACAGCTGACAACCTTGTGCTGAACCTACAGGATGAAAGTTTCACCAG
AGATGGCCCTAAATTCTTGAAGTCTGGTGATGCTGCCATTGTTGATATGGTTCCTGGCAA
ATAAAGTTCTTGGAGCAGTTGCGGAGGCTTCTGCAATGGGGTCTGGAATACGGCCCCCT
CCATCATTCCGAGTCATCATCTCTGTTTGTGCTCCTTCTGGCCAGCCAGGTGGAAGAAAG
TTAATTGGTTTTCTTGTAATAACAGTTTTGTACAATGTTATCTCTGTGGGAGGAAGGAGG
CTCCACACCAGTGGCCTCGTGGTTATTAGCAAGGCTGGGTAATGTGAAGGCCAAGAGCA
GATTAATGCAAAGGGGTAATAAAGACTGCAACATTCTCAGGACCAAATTAAGTCTAA
CAGATCACCTTGTGGAAGATTTAATTATTTCTGAGTTGCGAGAGAGGTTTCCTTCACACA
TCACCACCAGGACACTGAAGGCCGAATGGACTAACCTGTTCCAGAGCCCCTTTTTT
TTGGGGATGATTCTTACCTTGGTAATTAATGAAGCTACACATTTGGGTAATCTAGCAA
GTGAAGGGACTCTTTAAATAAATGAGCAAGTGTCTAAGCTATGTCATCCAAAGATTGT
TTCTTGTACTTCTCCAAGGACCAGGGGAAGGACGAGGACACCGAAGAGCAGAAGGAGGCA
GGATATATGGTAAAGTTGTTTTGGACTTGTTTTTGCTCAGCATGAAGTTTTATATGCTGC
TAACTGATGATGTGCGGGTTCAGGAGGTACCCAACTGAAGGTATGTGCACTGCGCGTGA
TACAATGGCGTTATGTTTGGAGTTATGAGGGGAAGTGAAGATAAGAATTACCTACAGCT
GCCATCGAGCGCTCAACTATGTGCAGTACTACCCATTGTGGTCTTCTTCATCCCCGAG
CTACACTTGAAAGTGAGCTCTTACAAGAACTAATCAGTGTTTCGTTATTCCATATCAGT
TCAGAGTCACTACACCGGAGCTCAACAGAAATAGACGATATGCTTAGAAAATCAACAAAT
TTAACATCCTCGGAGAGATAAGACACCAAAACCAAGAAATACAAAGAAGGGCCAGGCGCA
TTATCAAGCGTAATGTTACACTTTAAAGGACAGCAAATAAGAAGTTTGTAGAATCCCACC
AATGTTAAATAAGTTGTAGAAGCCTCATCAAAGGATTAAGTCTCAGCTGCAGAGACAACGC
CCCAAGCAAGATGCGGAAGCTCTTCAAGTTTACACCAGCCTGGAAGTGGACCTGCAAGGA
ATTTATCCATGCATCTATTCTCATTATCCATGCATTTGTTCTTCTTCTTTCTATCTAG
TTCAGCTCCAAGTCTGGCCTCTCCTCCCAGCAAGCAGCCATTACAGAACTGAGGCTTGG
GAATAAATCAAATTAATTCATCTCTAGGTCACGGGTCAGGAAACATTTGGGCAGCTGCTC
AGGGGAGACGTGTGACCCTCTCCAGGATTTGAGGGGCTTAAGACACCCCCAACCAAAAA
CTACTACTGAATGAATCTTTGAAAAGCTGGTAAAAGACATGACCATGAAGAAATCTGAAC
TGTAATTCCTCCCTCCACGTAGCTGGCCCAAGTGGGCTGCCAGAGATGACCCTATTAGA
CCTGAAATACCATGATTGTTTATGGAAAGTATCTTTAATAAAGCTGGATACAGTTTGGCT
GGCATTTTGGCTTACTGTTGAACTAGGCTTTTTGCTGTTATTCATATGTTTTTTGGCAT
CCCTGAGATTGGCTTGACAACCTTGTCTCAGGTAGCACTTGTAGTAAATTCATATTT
ATGGGTTCTTTCTGTCCCCTTCCCTGATTAATGAGGAGAGCCAGTTCTTTCAAATTT
ATTGACAGCACGCTTTACTTAGTAGCCGTTCCCATTTGCCATACAATGTAGGTTCTGCT
ACACCATAATGGCACTGGTGGCAAGTCAATCTACGGGGAGAAAGTTGATGATGACAACCT
ATATGTGACAATACCGGTATCACCACGGTTTCAAGGGACATCTTCAGAGCCAACATCTAC
GCCATCTGTCTACTAATAAAATGTGAAATAAAATACCTGTATTGCTACTTCCCCATGAA
AAGGCATCGTCTTAGACTTTGTGGCTCTAAAGTACCTGTCTGTTGAGATTTCAAGTCTCT
GTTGTACAATGAAGAAAGCCTCTCACTGAAGACTTCCCTCACCATTGGATCAAGCTCCTT
GACACCTGGGCTGTTCCAGTTCCTTAGCTATTATAAATAAAGCTACTCTGCACAATCTTA
ACCAAGTGATTTTTAAAGCCCCATCTGCCTTTCTCCACTTATAAAGAAGTGGGACATTT
GTGGAAGCTGTCTCTTTCAACACTTCATCAAACACGATCATTAAATTAGTATGGATGAA
CTGGCAGCTGAAACTGCACACAACCTGATACACATATTTAATTTGATTCTTTGTAGTAA
ATATTCTGACTTATGGCAACACTAAACCCCTGACCCACTTCAATGCAGACCTGAGTCAGA

ATTTGCCAAATGTATTACCGATGCCTCTGAAAAGGGGGTCACTGGGTCTCATAGACTGAT
AAGACCAGAATAGACTGTCACAGAACTCTGTAAATCTGTCTCCCAGCAGTCACGCAAACA
AAATGCTGGAGAAGTTACACAAGGCTTTGCAGCTGCGCTCAAATGTGGACTGACCAAAAA
GAAAAATACCGCTGAGCCCTGTGCTGCGCAGGCCTTGGTCTGTGCCTGTCAATAAACAGA
TGGAGACTCTGTCCGATGAAGAAGTACTTCTGTGTCTCACCCAAGTGCTCCGGAGAGTGA
CTCTTCGATGCTTACGATTTGAAAAGCTCCCACTGGTGGAAGACTTCATGTGTAGTTGA
TGGGGTACAATTAGAATCTAAGTGTTCAGCCATATGTGTCATGTAGAAGATGCCTAGC
ATGATATTTACTGTGAATAGGAAGTCCCACGCCCCCAGGTTATAACTCCTCTACAGGAT
AAGAACTGACCCACTTACAACAGAAGATACAGGAAGGGAGAGGTGTCTGCTACCTTTTCA
AGTGCTTATCATGAAATGTGCTTCACTGGTTCAGCTCTGTTGTTTCCTTAAACATAAATG
CCCAGTGACTIONTGTCCAAGTTACACACGACACTAATCTCCCCTGGGGAGGAAGCGGGAAG
TCCCCCTCCAGAGGGCGTCCTTCTGCAGCCAGGCCTCTGTCTTCCCCGCCCCACACG
GCAAACCTCTCTACAGCCAAAAAGAGGGTGAAGGCAAGAAAACAAAACAAAATAGAT
ACTGTGGGGAACCAATTGCTTTGTCATATAGCTGGTTATGAACTAGTAACATGTTTGGGA
GCAAAGGACTATACATGGCAAATGACTTAAAGCTCCTGAGACACCATCTCCAGATTCCA
GGCATGTTGTAGCTCTGGAAAGTATCTGTACATGATATTTTAAAATAAAGTGGCTTTTG
TAATCGGATATTTATTTCTGTGTCTACAGTCTTGCCTGCCAGACTGTATGCCCATGTG
GTATAAGAAAGAAATCCTTAGCAATAAAGACGGAACCACGTATGTCCTCCTCCCCTCACC
GCTGCCTGTTTTGTTAAACCCGTGAGCTAAGAATAGTTTTTACCTATTTTAAAGTAGTTG
TCCTCAGCCAGCACAGAACCCTCCCACCCAGCCCCCATAAAACATGAGTCAGGATAGAA
AGCTTAAGAGAACACTGTTCTGTTGAAATGCTTTCTGTCACTGAAATTGGCTTAATTAG
ATCCTGACATAAAATGATAATTTTGTATATATTATACTGGTTTTTTATGTTGTCAGTAAC
TGCTAGTAGTTTATTGGTAGTATTATATTTTGTAGTAGAACTCTGATTTTCCCTAGAGGCC
TCACTGCACTCCTTTGTCATATACTCTGCATCACTGTCATACTCACAACCTCGTGAATAA
TGACGCTTCCTTTGGGTTTCGTGGACCTGGAGGAGATGAACCCCTTAGCATCTCCTGTT
TATTGTGTTCAAAACCAGAGGTGATCTTCAGGCTGCAACAAGGAGAAGAGCCATGGAAA
CATGTTTGCCATACTTTTAAAAGGGTAGTTGAATAAATAGCATCACCATTCTTTGCTGTG
AGAATAAATGTAAGTATGGTGTCTTTGAAGAGTCTTTGTCCTCTGATCCCGAGGTTTTGA
ATGAAGGTTGTCCTTATCAGCAGATCAAAGGATAAACTTGACCAGGTTTCCAGTGAAATA
CATTTGCAGGAATTACAACAAGAAAAGGAAGAGCTTATGCAAGAACCTTTCTTCTCTAGAA
GGCAACCATCTCAATTTAATAGTGCAGATGCCATGTGCTGTAAAGTCTAAAATTTAAA
CTGTTGGACTTCCAACATTCTTGAATGCACCAAGATAGCCTCTTGCTGTGAGATTAATA
TGTGGACAGTCTGCTGCCGCCAGCCTGCTGCTGCCACTGCTGTGAGCCCACCTGCTAA
GAATTGTTTTAAAACAATTGTGAACAGAACTGAAGATGGTACAGTTCTACATCTGCACC
TTGGTGGGGCAGGAGGTGGGCAGTGGGGAGGGCCCGAGGACGAGCTCGCCCCTCTCAAC
ATTACAGGCTCATGCCACCACCCGGCTAATTTTTGTATTTTGTAGTAGAGAGGGGGTT
AAAGAGTGGCATTCTCCTGTTTCAAGTTTTGTCTGAGTTCAAACCTAGTGCCTGTGTTGT
GGCCAGCTACGAGTTCATGCGGAGAAGCCTCATCTTCTACAGGAACGAAATCCGGAAGGT
CTATAATCCTCAAATCAAAGCTCTTCTGCTTGCAAGATTGTTCCCTATTAACAGTT
CATCAGATTGACTGAGATTGTCTCTTTGCCTTCCCATCTAACATCAGTTATGAGGACTT
TAGAGAGCTGACTTTAGAGGGATCAAGAATAGCTTGCTGGATGGAAGGAGGTCATCTTTA
ATGTTACTAGACTTTATGCCATGGTGCTTTCAGTTTAAATGCTGTGTCTCTGTCAGATAAA
CCTGCTTGGGTGGAGAAGCCATTGTCTTTGAAACCTTGGTGTAGTTGAACTGATAGTTA
AGCTTCGTCATCTGGACTCAGTAAAAGTGATTCTAGCAATAGTGATTCCACTCAGAGTC

ACTTGGACCTCATCTGCCGAGCACACCAGGTGGTAGAAGACGGCTACGAGTTCTTTGCCA
GCTCTGGGACACTGCCAAAGCTGCAGGGCCACTGCAAGTCTATAAAGAACACGCTCAGGA
TTACCTTCTGCTTATATCCCCACTTTGGCTTAGTTAATGTCCAGCAGTACCCCTGGAA
GGCACCTTGATCTTGGACTTTGTCTCCAGAATTGTGAGAATAAATTTCTGTTTATAAGCC
TGTACCTGAAGTGTAGCGAAAATGCTACTATGACTCTTCTGGAATACACCCACCTACCT
TTTACATTTCTGGCAATCTCAACTCTTATTTGGAATACTTCTGTGCATTTGTCTGTCCAC
AATCTATCTTAAAATACTGAGGTGTGGAGAGAGAGACAGGATCAGGAGCGATAGAGAGCA
AGTGCACACAGTGGGACAGGCCACAGGACAGGCTGGGAGTGAATAAAGAGTTCACACTGC
AGCAGTAGTGATCTAAGGACCTGGGCAGGGGCACTGGACTTCAAGTCTCAGCCTCTGGAT
CTCTTCGCGCCCCTACTGCCTCTCGGTGGCCTGTACAGGCCCAGCTCTGGCGGTAGAA
TGTACAGCTGTTTCTAAACCCAGACACTGTTTGTAAATAGACTGGAAATAAATGTTCTTTC
AGGTCCTGTTCTTCAGGAACGACAGACAGCTTTTCTCCCCGTCTCCTCGTTTGCTCAGC
TGTATGCTCACTTCCCCATCAAGTCTTATCCAGAATGGGTCTCTTGTGAAATCCGAA
AGGGGAAAGGAAGGGAAGGGAGGGTCTGTTCTATCTGTTGCTGTAATAAAGATAT
TCTCATCTACAACCTAGAACCACAGAAAGGACTCCCCTGCCACTGGAAGCATCCATACAA
GAAGAGGCCTACGAAGAACCTGCAGTCACCTTCTAGACCATTCTCCCTCACCAAAGTGC
TGACTTCTGTTAGTGGGGTGGTGGTCTCTGGGGCGAGTGTATGGAGAACTTCAAGGCCT
TAAAGCTGCAAGTTTTGGGGAAAGTATGTGTGATGACTGGGAACTGATTCCCAGGCTA
ACAGGATGCCTGCCAGAGCATTCCCCCTCTAGCGAGGACAAGTTTGCAATGGTCATGTC
CCTTTACATTTGGGAGATATAGAGGATTTTGTAGGACGACCGTGTATAGTTTGCCCCTGG
AGGCATTCTCTAAAATCTCAAGCTTGAATCCACAAGGACTCCACTAACTGATGCCACC
ATCAAGAACTCTGAAGCACCTCGACTTCCACCTGTGAAGATGTGTTCAAATTTGCAACG
CCAGAGTTCTATGGTCTTCTTCCCAAGAGAGTTTTTAATTGTAATGCATACTTGGGAAG
TGAAGCTATTTCTGGGAGCCCAGAAGAAATGCTCTTTTGTGGAGTTTGTATCCTACA
GGCAAGAGAGAAAGTGAATACGCTGATATAAGAAGCAAGAAACCTTCTTCTTCCAGAT
GCATTGCCCTTCTATTGGTATTAATTCGGGGCTCTGTAGTCTTTCTCTCAATTTTCTTT
GACATGGACACCAAACCACCTGCCAGTGACATCGTCTCCTTCTGAGATCTGAGGACATGG
AGGTATTTGTAAGCAGTGTTGACTTTTATCCCCTCTTCAGTAATCTTTAAGTCCCCAAA
TGTTCCGGGTTAGAAATCCAATAATCTTAAAGGAATTGTAGTCGTTGAAAAAACCCGGAT
ACAATTCAAAAAGAAACCTAGCAACAAAAAGAAAGCTGCGTAAATGTTTGCAAATGCAG
TGTTTCGTTCAATGATGAAGATGAGGAAGATGATGAGGAGGATTCCTCCTCCCAGAATAA
TAGCTGTTTCTCTTTAATCTCACGTAGCCTTTTTCAGGTTAGTACGTGTTCTTCTGTC
CATGGCGTCCAAGCGCGTGCAGGAGCTCAGTACCAGTCTCTTCTTGTGTTCTGGTCAA
TCCCTTCTTACACTTGTGTAATTTAGTACTGGTCATAGAAGGCTTTCAATGTTGAG
TGCTTCCATGTCTGGTGTGATAACCTTGAAGATGACTACTTACTCGGAAGTCTGGGCTT
CCTGACCTTCTCAGTCATTTCTGCAAAGCCAAGGGGCAGCCTCCTGTCAAGGTAGCTAG
CTAGAGGAAGCACCTTTATGAGTAATTGGTTTCAATGTTTCGTATTCTTGATCTAAACAA
TCTGGATTGGATAAATTTTCAAGATTCCACATTCCTTTTACCTTCTCGGCCAGCTCAAAGA
GAGGTGCTTATCATGCAAAGGAATCGTGCTGGAAAAAGTAGGAGTTGAAGCCAAACAGC
GGTGGGGCACACCCATTCCACATGCAAAGGGCAGAAGCAAACCCAGTAAAATGTTAACTG
AGAAGAAGAGAAAGGCTGCCAGAAAAGGAAAAACTAGTTATCTGCCACCTCGAGATGGA
AAAGACAATCAAAAACAAACGATATTCTTCTCCATCTCCCCTGGCTGTGCTGACCTTTA
TCCCACCTGTGCGCTACCACACGGTTCTGACCAGCTCCCTCACTGCCCATGGAAGCAC
AACCAAGACCATGATCACATATGCAGCCTCAAATGTTACACAGATAAAAAGTCCAAAGG

CCTCTCCCCCTGGACGATGTGCAGCCTTCGAAGTTGATGCGACTGCTGAGCTCTAATGA
AACTGAGGCCAGCATTATCACCTCCAGGACTTCTCGTTTTCCACCTTGCCATCTTCTT
GATCAAGACCAGAAAGAAATTATTGATACCAATGGAGCTGGAGATGCATTTGTTGGAGGT
ATTTTAAAATGTCAGTGCTAGTGTCAAGTGTGCTTAGGATTGCATGTTAGTACCCCTA
AATGAGCCCATGAGCACAAGTCAGAAAAAGGAAAATGTACTTTCATCAGAAGCAGTAAAG
CCTTGGAAATCCGTCTAGTTAACATTTCAAGGGCAATACCGTGTGGTTTTGACTGGATA
ATAAAAATGTTGTTGGATACAGAGAGCTCCCTGAAACAGATGCTGACCTCAAGAGAATTT
ATCTCTGTCTAGGGGTCACAAATTGAAATGGCTCCTGTATCACATACGGAGGTCTTGTGT
CAGCATCGGGTACATCTGCGTGTGGACAGCAGGACATCAAGAGTCGAAAAGTTCTCTTGT
TTATGGATGTCGCAATAATACAAACCAATGTATCTTTGACCTTCTCATCAAGAGAGCTGG
ACCTACTACTGGGGCTTCGCCGCGTGGATGGCCTATTACATCAATCACCCCTCTCTACACT
GCCAGCTCCAAGGACGCCATCAAGAAGAAGCTGACAGGGATCAAGCATGCATTACAAGCA
TCTTCAAGTTTGAGCTTCTTGGTGTATCTCAGGTACCTTTTGACATGGTTCTCTTTTTA
AAGACACTCCCAGCTGGCTGAATGCTCCATCTTCAGATGCTTCAATAAAGCTTGGAAAT
AAAGCCTTGATGGTCCAGCCCTCGACTCTCCTTCAAATGAAGGAAGAAATGATGTGGA
ACAGAACTCACAGCTCTGTGTGTGTGTTTCAGGCTGATAGGAAATTCAAAGAGTCTCCT
TGTACCTGAAAAATGGGAAGAGTCGGGACCACAGTTTATTACCAATTCTGAGGAAGTCCG
TGTC AACACCTATGGAAGCTACAGGTGCCGACCAACAAGAAGTGCAGTCGGGGCTACGA
AGCCTATGGATGGATGGACTTCGGCCGCCGAGTGTGAGGATGAGAACTAACAACTCTA
GTCCTCAGTTCTGAATGAACATAAGAGAATTCATACTGGAGAGAAGCCCTACAAATGTGA
TGTAACACAGAAGACGAAGAGACTATGTATCTGCGGAGACCTGAAGGCATTGAACTACAG
GAGTACATTTCAAAAATGACAACCTAACCCATCTATGAACACATTGGATATGCCACCCTA
TTACTACTCAGCAGGGTTTTGGAAATTTGCCATCTGCATGGCAAAGACCGATCTTCTCT
CTGCTGAGCTCTCATATTTTGGTGGTTTCTGTGTTAGATCTCGTTAGTCTGCATTCCAC
CGTGCACCACTTTTCTCCCGTCTCCTCACTTCCCCACCCCAGCCACATCGAGCGCTACAA
AGGCCAAAATCATTTTTGTTGCATGTTATGGGTTCGATGTTCTGTAATTGCAGTGCCGTAA
TAAAATAACCATCTAACCACTGTTTCTAAGGCACTGCCTATTCCAGCACTTTCAAGTAG
GCCTGGCCGCGCCCGTAAACGCCGCGCCCTTGACGCCCTTCGGCCAGGCCACTGTGTGCC
GCACTGCAGACTCAGCTGAGCACTGATACAAAGAAAGACAAACATCTTGTGTTGGAT
CTGAGTGCTGAAATGGTGCCTGGTTGCAGCTGACATTCCTGTTCCCTTCACTTAAGTGCTC
GATCAGGAACAGAAGAGAGAGCATTAGAGAAGGATATCAAACATTCCTAAAATTTGGCT
ATGACTGAAGAATTAACAGCCACCCTCAGGCGCAGGACCAGGTGCAGGGTCGACTCTT
GGCGAGAACAAGTGGTTCTCAGGAACTGCGGTTTTGGATATCTTTTGTTCATCATTAA
AAGTATCAGAAGTCCCTTCTCCCGATTCCAGCGCCAGCAGCAGCAACAACAGCAGGTA
TTTGTGAAATTGACCAGCCCCCTCTATAAACTTACAGTCCCCATTGGGAACTGACCA
TGAGTCACTTACCTGAGGACACCCAGCCAGGCAGAGCTGGGATTGAAGGACCCCTATAGA
TCATGTGGTGGTCCAACCTACTGGAACCAAGAGACAGTACTTTGCAAAGAAAAGGATCA
TTAGCAGTATCCCCTTCCACTTATATATTGTGTGATATGATTTTGTGCTGCCTATAGGAG
AAGTAAGTTGAGCCTGACTGTAAACCTAGAAGTGCAGGAAAGGACTGGGACTTTTGTACAA
TTGAGACTGAGAAGAGGAAAAGTGGAGACATTCATGTGAGATGGTTTCAAGTTTCCCTTA
AGCTTGGAGTGTCTTGTGAAGTCATTGATCTGAGGACTATAATACCTTGGGATGTGGACA
GAGAGATTCGCCAGATTGTACAGTCCATTTCTGACCTGAATGAAATATTCAGGGACTTAG
ACGTCTAGTCCACAGGAAGACCTGCACCACTGTGCTTCCACACAGGTGAACTCGGAAGA
AGGCCAGATGCAGATCTGAAGACCTATTTACTGATAAGAAAACACATCTTTACACACTA

GAAGTGGGAGACTTTTTCCACTTCCTGTTCTACTTGTGGCTACTGACTCAATGTCTGACC
CCTCAGTAAATAACTGCTATTATTTTCTACATTGGATGCTGGAGAGGGATGAAATAAAGT
AGCCTCTCAGAACGGAGGCATCTTATGTTAACCTACCCACCATTCTCTGTAACACAGATT
GAGGGGTTAAAGCCAATATTGAGTTTTTGTCTTGTGTTTTAATCTGAACGATTATTCT
ATGCCGGAAACTCTCCTTCTGTGAGTATAACTCCTGAGTTCCTATAGCAGATAAGATATA
AACAGAAGAGACGAAAGATCAAAACAGAACCAAAGCAGATGCATGAAGATTACTGTTTTT
AGTATGCGCAGATGCTGAAGACCAAGAAGTACCAGGACAGCGAGGGCCTGTACTACCTCG
GGTGAGGGGACCCTACTTTGTTATCCCAAGTGCTCTTATTCTGGTGAGAAGAACCTTAAT
TCTGTTTTTAAGCAGAAATTCATTGTGCAGAAAAGTCCTCCAGAGCTCTGTGGCCCCGCT
AAACTTACTCCAGAGCTCCTTGTGCATCTGACCAGCACCATCGACAGAATAAACACAGAA
ACTCTGGATGGTTACAGCACGGTAATGTTTGCATCTGACAGAATCCCTGAGTTACA
ATTCTCTGGTTTTCTCTCCCTTTGCTTTGTGCTGACACCCCTGCCACCCCATGCTG
ATTAAGTTTTTAAGTGCCTGGTAATTGCTTGGTTATGACCGGTGTCTGCTCCATGGCAGC
AGAAAGCCAGAGTCATCACTGAGTAGGAGGAAAACCTCCAGGCCTTGTTAGTCTCTGTAT
TGAACCTGATCCCAATCTTTGAGGAGCTGAGCGGAGCAGAGGACGTCTACACCAGCCTTG
TCTCGCTCTTGTGCGCTGCTCAAACCAGCACGGTCTGATCCGGAATACGGCCTCAAT
AGTGATCCTAAAAGATTAAGAGATGACTGGACTAGGTCTACCTTGATCTTGAAGATTCC
AGCCAAGTCTAATGAAACGAAGGGAACTAATCAGACGTGGACCTCAACTTCTGATTCCAG
ATGAATTATGTGAAGAATTGCTTCCAGATGACTGACCAGAGGATTCAAGATCTCTGGCAG
CTAATCAGGAGGAATTAACCTACCCCTCCCTGTTCTTGACCAAAGTATTTATTAAGAC
CTGACGCACTGGCTAAAGTCTTTGTATGACGCAATGCATCATCTTCACCTTCTAGCTGTT
TTATTGTGACTTCTCCAGCCCTGGTCTGAATTTCTTAAGGTTTTATAAACAATGCTGCT
ACACCTCACACACATAAAAAGAATTCATACCGGAGAGAAACCCTACAAATGTGAAGAATG
AGTTAGAAAGCCAGGCCAGCGCCAGGCAGGTGGACAGTGTTCAGTGGCCTTCTGTGG
AAGGTCTTTAATCAGAAGCGATACCTTGCCTGCCATCGTAGATGTCACACTGGTGAGAAA
AGAGACACTTGGAAACAAGTCTAGGCCTAAAGGAAGTTGAAGAAAAAGTAAGAGATTTTCT
GGCTCCTCTCAGGGTAGGCCAGCTTGAAGGAATCTTATTTATTTATTTATTTACCCAAA
AGAAATGGTAGAAATCACCAAAAGGAGTTTATTTAATGGGCGGAACCGTGGACGCGGT
AAGGGTCAGTGAGCTAGTTGTGTATGTTCTGAATCACATGGAAATAAATGCATCGAACAT
CAATCATCTTGGTACTAATGACAGGAAAAGTGCCCTCCTATCCATGTGTATCGGCTACGT
CCATCCTTCAGAGAGCAAATTAATTTACGCATTACAGACTCGAGGTACCCTTCCAGCTGT
GGCGGGGACTGCGCGGACGCGGGGACCGCCGGCCCCGCGCCCCGCGCCCCGCGCCGTG
AGAAGTTGAAGCAAAACAATTTGAACCAACTATTGAATCACTAGAGATGAAACCGAAGAC
TTGTCCTCAGTTCCATTTCTCCTTATAAGGATGAGCCCTGGAAATATCTGGAATCAGAA
TGGCGGAGTTTTCTAGTCCCTTACTTGAAGCATGTCTTTCAGAGCCCGGCACCACCCA
GTTATATCACAGTGCTCTCAACAGACAGAAGGAACAACAAGGATTGAGAGAGAAAACCT
TGAAAGGTGTTTCTCTCATCTCTGTCTAAGGCTTGATAAAGTCATTAATTTGTGTT
CTGTAAACTTCCAAGCTGGCTTTTCCATTTCAATTCCTGTGATTTATGCCAATAAAGTT
TAATGTTTTCTTAGAGGTCACACCCTTCCCCCATTAAATGTCATCGTGAGATACATCAA
AGTTAACAGACACAGATATCTTTAAGACCCTGAACTCTCCTCTACACCATCGCATGT
GATGGAGATTGGAAGTGAGCAAATGTGAAAAATTCCTTTTGAACCTGGCAGATGCAGCT
TGCTCCGAAGTCATCATCCGTTTTCTACTGTGATGAAGCATGGTTACATTGGCGAATTT
GAGTGGGATAGATGGGTTTTCTGGCCATGTTGGGAATCATGGTCATTCCATGGAGACCTC
CAGGAGCAATGGGACTGGAGTCAGATGAGCAAGGACATTGCCCCAAGATAGGGGCACACT

AACTTTACCTTTGTGACAGCTATCACTCATGGAGTGTGCTTACCACTCCCAGTACCAATG
TAAAAAGAGGAACTTCCAATAACCACACTTTTCCAATGGGAAAGATACGCCCCAGTGG
GGCTCTGTTGTTTGAATAAACGTGAACGTGAACCCAGGCGGAAGGGACCCGGGAACTCTG
ACATGGGAGCTGCATTCCAGTCCATGATGACAGGAGGTAACATTGGAAAGCAGATAGTTT
AGAAAATGCACTGCCTAGATGGACCCTCTGACTCCCCACCACCCAGGCTGGAGCGGCAGA
GCTTTGCACCTCCTATCCCCAGGGTCCGCCGAGAGCCACGATTTTTTACAGAAAATGAGC
AGATCTCTGCAGCATGACCCTCATCCTTGTCCCAACCTTTTCTGTCAGTCACTGTCTGC
GTTTGCCTGTGCTTTTTCATCTGTAAATGGAATGAGTTGGACACAAGATCCAAGCGCCCT
TGAGCTGACTTCTGAATCAACCTTTGATCGTACCTTTGAACCAAAGTCTGTACCAGTTGG
GGTCCGTATGCGGTACCTTTAAAGGTTTCAAGTTTAAATTTCTTCAGCTGTGGTGAATGTT
AGCCGGCCCATCCTCACCCCTCCAGCACACCCACCTCACCCCTCCAGCCGGCCCATC
AACAGATTCTTGACTGGTGGTTCATATCCATCAGCTCGTTCACTTTAGCACCTGTCTC
GACACCTGCATATAGAATTTGATTCCTTGAAGAGCCTATTTAGTTCCATAAAATTGGAG
AATGTTCCATGAAACCTCTCAAGTACACAATTGTATGTTCTTTGTATCCCTTACCACAAA
GGAAGTGTATCTTCATACATCACCCACCTGAAAGCAGATGTGCTTTTCCAGACTGATCC
TTGGAAAACCTGCAGCAACTGCAGTAGGTGGTGGCTTTCTTCTTCCAGATTGCTAGTC
GCACCTGCTCAAAGGCATCTGGCAAGAAAGCATAAGTGCAATCATAAAAAGTAATAAAG
TCACATCTGTGTGATGATACGGCAACATTGTTTGTAAATGGAAAGACTGGACACCCCCAGT
GTGTACAATGTAAGGGTTTTAGGGAGCAACAGTATTTAACTGGAAGAAAGAATTGCATAT
TCTTGTGAATGGACTGTCAGCTGTTAAACTGTTCTGTTTTGAAGTGCTATTACCTTTCT
GACGCTAACCTGTGCTTGTACATGTTCTGTTGAAGATAAATGCTTTACAGTACATATTCT
TACCATCACTTGCTGCTTCATGAAGAGGCTTCGAAAACGGTGATCCCTTACTCCCCAGGT
CCCGACTCAATAAATAAATAAGGATGGATAAATTGTAGCGTATGCACCATTCAATTATGCT
CTACATATGAGGACACGGACATGTACATATGATGCTGATTACTGTTATTTTTGGAAGTAA
TTTGCTGCAAGAGGATGGAAAGGATCACTGTGATTTTGTTTTTCTCCTGCTGCTCTGTCT
CCTTACTGTACACCAGAGAATTGAGACAGGTGAGAAACATAGTTGATAACATAGTTGAA
GATGTTTCTTTCACCCTCCCCAATTCCCACCACCTAGAAAATGAAGACTGACAATAA
TCTCAATCACTACTCTTCTGAAGCACTATTATTTATTCTTCCGCTGTCTGCCTGCAGCA
GGTAATGATAACTTGGTCAATGTGTGGCCTAGTGCTCCTGGAGAGGGTGGCTGGGTTCTG
GAAGATACCTCTGGTGTCAATTAAGATGGCTGTCAAGTTTGACCGGAGAGCATAACCCAGCC
TCCACTGCAGACCCTGCGGAGCCACCATCCAAAACCACTGAGAATATTTCCATTACTC
GCAGCTCTCCAAAAGCTTCTCCAAAAAAGCACCTGCTGCGAAGCGTGCTACTGCTGCTG
GGCCAAGGATGTCATTGAAGAGTACTTCAAATGCAAGAAATGACAAAATAAATCTTTGAC
AAAGCCGAGTTATAAAGCTCTTAATTACATCTCAATTGGTATCAGCAATAGACCTAAAGG
TCCTTGGTGAATATCTTTCAACAAATCTCTATATGAGGGACTGAATGCAGAGAACCACA
TAAAACAACCCTCTAACACAGAAGACCCTCATGAGAACACCAGGCAGCAGAAGCTTCTT
TGTGGTCTTGTCTTTGGTTATAATTGCTGTAAGGTGGGAGCCAGTAATTATCTGCAGCA
TCAGGGTAAATTTGTTTTCTGAGTTTCTCGTAATGCTCATTTTTACATGCTGCTACTAG
CACCATGCCCCACGTAGCTGAAAGCTGCTTATCCCAATTGTCAACTCTGGCCTTCTTCAG
CAACAATGCTGAGAACACGATGAAAAGCCTTCTGTCTGACGTAGAGGAATTAGTTGAAAA
AGAGAGGTCCACAACCTGTGGAAAGAATTGATGGCCTAGTTTCGCAGATAGATTGTGGAA
CTGCATTTCTGAATTTCTGAAGGCAAACCTGTCTGCCTATATTGTACAGCAAATAATTTCT
CCTCCTTTGAAAGTGAGGGTCCCGAGAACCACATGGAAAAAGACAGCTGGAAGACCCTCA
TGGCTTGGTAGCCCCCTCGAGGCAGATGCACCTGACTTGCTGCTATTAATAAGCCGTGTGC

CTCATGAAAGAAGTTCAGGATATGACTATAAGAACAAACTCATCTTCGCAATATCTGTG
AAACGTGTTTCAAGACCAAAAAACACAATACCAGGCATACATTTGGCAGAATAAATGAAC
GCTTTGGCAAATTTTTAAGATTTCTTTGATGTCCGATGTGCTCATTCTTGTTTTGTTT
AGTCTCTTTGGCCAGAAGGAGGTTTCGAAAGGACCCCAGCCAGGAGAGTGAAGAGAACACA
TCATTGTCATTAATAATCATAACAGGATAGTAATTCCTTTCCATCTGCTACCATGCCTAGCC
CCTAAGAAGTTCCTGAACCCCATTCTTTGTTGTGGCTAACTGGTCCCCTTGGAATTTTT
GCAATTTTTCCCTTGGTATAAGATGTGCTAGATTAATTTCAATTGTGAGGTGGATGGGGGAG
CCCATCACAAGCCCGGGGAGGGATCCCGCCTTTGAAAATAAAGCTGTTATGGGTGTCATT
CCAACAGACCTCCAGCTACTCTTTGCATTTGAATATGTTGGGAAAAAATACCACAATTCA
ATCATCGTGCACCCACAGTTCTACATCATCCAGACTGGAGCGGATATCGCCCTGCTGGAG
CAGAAGAACATTGACCACATGCTGTGGCTTGAGCAACCAGAGAATATCGCCACTTGTATT
TACTGTCAAGAGTTGTATTTTTGTATTGTCTTTTTGCCAAGTCTACATGTGTTGACTCT
CAGAAATTTTGAATACATTCTATCTAGCACAATTTGAATTTTTAATTATCAAGATTTTT
CCGCCTACATCCACCTGTGTGCCCGTGGATTCGTACCCCTGGCCCTCCTCCACAGTGTG
GGTAGGAATAAAATAACAACAGACTGCCATACAAATGGTTCTATCTACACCATCTAAAAG
AGAGGCAGGTGGAATGAGAAGGACTCTGTCTAGATTGGCTTTTTAACATTCTCATTTTC
GTAGTATCCTGGATGGACTCCTGCAACAGAAAAAGAACTTTAAGTAAAAATTAAGGGAAT
TGCCACCTCCAAGCCCAGGAAACAGTACAAGATGGCTAAGGAGAACAGGGGGGATGATG
GATGGCCACATTTACAAGGGACGGATGGACACAAGGCTGCCAGGCATCCTCCGAAAAGAC
ATTCAGTAGAATATAAAGGCATTGGTATACCCCCCAAAAAAATTTTTGATTGTAGAC
ACAGGACTAACACTTACCAGCCTCTATGCACTATATAATAACTGGGAGCACATGAAAGGC
TGTTCAACCAGACTTTGCTGGGATCTCTCCTTTTTATTAAAGACAATTTGAAATGCT
TCCTGGTGAAGGTAAAGATATGCCAGAAGACGGTGAAGCGCTACGATGTGGGTGCCCCAT
CAATCTCATGATCAGTCATGACTAGATTTTAGAGTTTTCTCATCCCCATACTCAAAGTTT
GAGCCCTTGCCCTCACACCGGCCCTCCACGCTGAGAGAGGTCAGCCTGAGCCCTTGTCT
TGATCGACCAGGCACATCAAGAAGAACGGCCAATCCGACAGATTTTGTACCTCGGGGACC
ACTTCTCTGTTATGCCAGATATGGTTAGCCACTTTGGTTTTTTAGGAGCTATAGGATGG
TGCCTAAGGGTGGCTGAAATACTAAAACACTATCTTACAGCAAGTGAACAGGGGGTACCT
CTTCTCTGCCAGCGATCTCGCAGCACTGTGTTTACAGGGGGGAGGGGAGGGGTTCTGACA
CCTCTCTTAGGCCCTCATTTAAAAACGGTTATACTATAAAATCTGCTTTTCACTGGG
CCATCTGCGGCACCAATTTTATAACCTATGATAATCCCTGCATTCTGTGTGTTGAGAGCT
TGCACTCTCTTGACGCTCTCTTTTCTTATGGGTGTTGCTCCCTCATAAATAAATAAAT
CTAATTACAATGCCCTGCTGCTGCTCATCTCCCTTATTCTGTTTGTACTCATACTCAAAA
GAGTCAAGGATTTTTAACCAGAAACTTGCTGATGAAGTTATAACTCGAAACGAACTCATG
ATATGTGTGTCTGTGTGCATACGTGTGCATGCATGCGTGTCTCCGTGTGCATATGTATAT
GTGAAGTCGGTGGCATATTTCACTTTGATGAACTAATGCTCAAAAAAGGAACTGGAAAGG
CCTGCCTATCGTTCCAATAATCCTGTTTCACTTGAATGAAGGGAGTATGTCTTAAATGTA
AAATTGCCTCCATTTTATTTGTACGAGTAAGGGTTTGTCTACAAAAGAGCTCACATGG
TTGGCCAGGATTCTCTAAACCTCCCTGTTCCATGAGGCTGATTCCTTCTTCTCTTCTC
AACACACTGCTTGAGAGAAGAGTGGAAACAACCGGAATCAGACCTGTGGCTAATAGAGAAA
GTTTTTATTTTTATTATATATCATAATTACACATTTTTATTTGCATTTGTTGCTTATTGT
TATTCTTACTCTAAGACTGCGGCTGTCCCCGCCACACAGAGAGAGGAGTCTGTGCGCCAT
CCCAGAAGGTGGAAGAGGTGGGTGCCTGGGCCCTGGGTGGGGGAAGGGCTAGCCCCCTCC
TTTCATAGCTTTATTATTTGAAAAGGTGAACATCTATTCTGTCATAGAGCTCAGGG

AAGAAGGCATGGGTCACTATTTTCGTGTCCTGCTCATGGTTGTGATATCTTAGTGGATG
ATGTGCTGACTAGTGAGAGTGCTTGGGCCCTCCCCAGCACCTAGGGAAAGGCTTCCCCT
GCCATGTGTAACAAAGAGAAATGTGCAAATATTTTTTAAGGCAGTATTAAGTGCAAGAGG
GTGTTGCAGCACTTATACAGGCAACTGGGCACAAGGAAAATAAAGACGGTGGAAATTTGA
TGCGAGGTCCGAGCCACATTTGCAAAAAAGCAGGGCCAGAGCGGCATCATCTCCTGCATA
TGGGGAGTTTGTGGGTGAACTTTGAGGCGCTGATCATCACCATGTCGGTAGTCGGGGGA
GTTCTTAGTGATTACATCCACGGGACAAAACTCAAGAAGAAATAAGAGCTGACGCCAC
CTTTGAATAGTGTGTCTAAACAAAAATAGGTGTCCAAGTAGTCACACTGAGACTTTAACT
TAAGCCAAAGGTTCTCAGGGGAGAAAGCACATGTGCAGTTTTAAACAAAGCAGTGCTTT
TGATTCCGTGGACAGGGACATTGAGGAGGCCATCCAGGAGTACCTGAAGGCAAAGAGTGG
TTTACTTCCTCACCTGAATTCGTTTTGTAAATGTAGAGTTTGGATGTGTAAGTGGGCG
CTTCTGAATGACTGTAGAATTGGAAGTACAACTACACCTGGGCTTTGGAGTCAGATTTT
AATAAATAAGGAATCTGCACTGAGAACCATTGCAAAGGAAGCTGGAGACGGGTGGCTTTC
TGTTGGCTTTCATCATCACTTGGGCCCATACAATGTCATGGTGCTCATTAAACCTTTT
AGAGTGACCTCGACCCTGGCTATGAGCCAATGCGCCCGCCTCTCACTCTTCTTTATTCA
TTTTAACTTTTTCTCTATCTGAAGTGTTCACACTTACACATGTAGGACAATAAGCAGG
AAGGTAAGAGACAAAGAAAGTGCCTTGTACAGATGCAAACGGAGGTGTAGACTGTGCAG
GGGTTAAGTCAGCCATGGGAACCAGGTTGGAAATATGACTGTTACATAATTACACTTATA
ATCACTTGATGGATTTTGTAGTGATGTTTTACAGTTGAAACAAACATATTGCTGTGCC
TTTTCACTTAGCACAGATTTGTAATTATGCATGTAATAAAGCACAGCCTTATCCACCCTG
ATCAGCCCTGCATGGTTTCCACTTTTTCTCCCTACCCTCTTTTCTTGCCTGAATAGTA
ATGGCTCACCTTGCATGCAAGTTTGTGAGCTGGAAAAGATTGATCGCCATTCTGGTAAA
TTCTCACAGTGCTGCCATCTTTCCTCCGTGTGAGCGTGGGCTGTGCGGAGAGTGGACCTC
GAATCCCAGAGTTCCAAGTTTCAATTGTTAAGAAAAATGACTAACGTATATTCACAGTG
AAAGTAATGATTTATGTCATATTGATTGTTTTAATAAGTCTGTCAGTTGATATAAAAAA
CAGCACTGTTGGAGCAAGTTCGTGTACAGCCAAAGAGAGCTATTTGAGCCTTGGAAATAAT
TTTTGTCCGCCACACGTAAGTACTGAGATGCTCCTTTAATAAAGCGTTTGTGTTTCAAGTTA
TGGAATAATGTTCTCTGCTACTTTTAACTGATTTTCTTTGTACCTAAATAGGCAGCTAG
AGTCTTTACATCGCACTTTCAGTTCCTCCATTTGGAATTCATAAAGGGGAGGGATCCTGA
GCCAGGGGTCAAAGCATTTGCTCACCACAAGTACTGAGTCTGGAAGGCACTGTGCAGCCAAA
ACAGCCCAGCAGGGAGGAAGCATCACACAGCGTTAGGAGCCGTTTCTTCAGGTGTTAAG
ACACTCCAAGACCTGTGCCTTTAGAGAAGCTCACAATGATTTAAGGACTGTTTGAAGT
GTGGATGTAATATTTGCCCCACATACATAGAAAGTTCAATGAATAGCACTGAACCACAT
CATCCTCTTGGGGCGTTGCTAGCCAGTTTCGCATCTTACCAGCATCGGAGAGGACTA
AGCAAGAGGCTGCTGCCACTGACCTGCTCCATTCAGAACAAGACTGGATGCTTCTGTTGA
TACCCAAACAGGGGAGGAGGCGGACGTGCCTTGGAAACCACACCCAAAGGAGGTGAGTCTGA
CTGTGTTAATACACCTAGTGAGGAGTGGAGCTGAATTTGAATGCAAGCCTTGGCACCTTA
ATAGATAGCTTTAGTGGCTCTGACTCAGATATACTGATGTAGAAGGAAGGATTCTTTCAC
CTTTGCATGGTTCTTTGATGTGAAATCATCTATATAGCCCCAGAATTGGAAAAGAAAAA
CAAGTTCGAGCATCTTAAAATGATTCAACAGGAGGAGATAAGGAAGCTCGAGGAAGAGAA
ACATTCCAAACTGATAGTACATTGCCATCTCCAGGAAGACTTGACGGCTTTGGGATTTTG
TTTCACTTGATGAAGAATTTGATTATGACAATGTGATGCTAACCTCCAAGTTTAGTCCTG
GTCATCGTCCGTTTTCTATTGTGATGATGAAGCATGGTTACACTGGCGAATTTGAAATC
GCTGCCCGCATCTATGATTACGACCCCTATATAAGGAGGCGCTGCAAATGCTGCGGGAT

AGGACTGGCCAATGTCAAAGAGCCAGCCGGGAGCAGACCCCAAATCTCAGAGATGCTTCT
AGACTTGATGTGGATCGTGATCATTTTCGGGAAATGTGTTACTCCAAAACTTTTATAATC
AGTATGTAAGTGAACCTTCTGCCTCCCTCATTTTCTGCTGCTTGTGCAATTTTTTCCACC
TGCTTTAACTTCCCACCATGTTGCACCTAAAGCTTTGGAGTTTTCTGTGATTAGTGT
GCAGTTTATCAGGTGACTGTCCTTCACTTGCTTTCAGAAACTTTGAAGTTAAATCGTAA
GCACCCTTACAAAATCTTCCAAAGGTCACCTTATGAATGGATGTTGGTTATACTTTTA
TGTAATGAGGAGGGACTGAAATCCTCTTATAAGAATAAAGTACGTGGGGCTGGGCATGGT
CAAGCACCTCGATAACCAAGTGGCAGGTAGGCTGAAGTGAAGGAAGCCTCTGTCAGGAGGT
TGTGAATAGCCACTGCACTTGAGCCTCTGGGAAACATAACAAGACCCCATCTGTAAAT
AAGGGGTGATAATGAGAAGCAATGGACTAGAGGATTCAAGTGAAGAGTCTTCATCACCC
CAGACAGTGGGTCTATTCTTATTAGCTCAGTGACTTGCCACACTCGTCTTAGCACTTA
TTAACTAGGGATCTAATCTGAAAATTCAGTAACTAATATTAGGCAGTTGATACTCCCC
AAAGAAGAGTGGCCAGTTCAGGGGTAGCTCCAAAAGAGACTGCAGAGCTGTCCGAGACC
GGAATGCTGAGCAAATGTGGATGTACTGGTTGTAATGTTTATATATTGTACAGTACCT
AAAGGAGTCCATTATCGCTGGGCATTTTTCATGGCCAGTGGCCCATGTTTAGATGACATT
CTGTCAGGAGTGTCTGCTTATTAGTAGTAAATGTGAATTGTTTTTATTCTGTTGTGA
CCACCCTGTCCAAGAGTAAGGAGAGAGAAATGGACAAGAAAGATTTGGACAAGTCAAGG
TGACACTGTATTTATCTTCACTCTTGTGGTATCTAACTTTGGTTCTGAAGTTTATGG
GTGTGTTACCTACACTTCAATCAGTAATATTAGCAAATCTCCAAATGTTAGTCACATTGG
GGCATGGGCGCACGAGAAGGGTGTGTCTGAGACAGGATGTTTATCCCAAATGCCAGGAGT
AGGCCTATGAGCAGAAACCAGCGGACCTCTGATGGAGAAGCTAGAGCAGGACTTCGTCT
GAATGGTATAAATTTCAAAAACAACGAAACCTTCTTTGCCCCCTCCGCAGCAGTCGCCT
TGGATCAAGTACAGATGACATTTAATCGGCATTACAGACCGAGATAAACGAAAACTGC
AACACCAGCCTCTGGCCACCTCTCTCCAATGCCTGTGAAAGAGGAGTTTCTGCCATAG
GCATTTCTCCGTTACTCTGGAATATCCTGTCACTTCATCTATGTATTAAATCTGATTTTG
TCCTAGATTCTCATTGGAGATTCACATCACATATAGGTAGAAAAGGCTCTGAGAGGGGCC
TTCAGCTCCTTGCCCTTCTCTGTGACCCCGGATCGCGAATGCAGTAAAAATAAAAATATC
TCTGGGTTGATACCTGAAAGAATCCTGTCTTATTTGGTCTCCATAATCCTTTGAATGGAA
AAATGGGTACAGTCTCAGGACAACCTTAGCCTCCAGGACGCACTGCTGCTGCTGCTCATGG
CCTAGGGACCTTGCAAGCACTTGATATCTCTCTCTTCTGCTGACTTTGTCAACATAGACAT
CTCTGCAGTGTGAGATTGACTTTAAACCAAGAAGAAGAGAAGAGAAGAAATGCCAATATA
TTGAATGACCAAGTTCTCTTATTGACCAAGGAAATCGGCCTCTATTTGAAGATATGACT
GAAGAAGAGCCCCTCAATAGTGAAGATGATGTGAGTGTGAGGAAGGACAGGAACTCTT
CATGAAAATGTGGCAAACGATGTGCGATGCTTCTCTGTATTGGCTGCTCTCATTGGA
GAGAGGATGCACAAAAGGAAACGCTCAGCCTGGAAAGTGTGCTGTGAGGCATTAGCTTGG
GCAGGAGCTGTACAATGAGAAAAAGCGCCACTCAAACAACCTCTTAGGTCATTTTTCA
TTTGAGCTTGTGTGTTCTTTTGTAAATGTGTAGAGTTCTCTCTCTCAAATTGCCAGT
GGTTTTCCATCTGTTAGCATTTTCAAGACATTTTATGTTCTCTTACTCAATTGATACCAAC
TATTTCTCTGTTTTCAGGGGGAAGGTGGCTCTGCCATAAACAGAGTTCAGGGAAATGAA
TCTTTGCGCCTAGGCCGGTGTCTTCTCGGTGCTCAGCAAATCCTTCTGGTTCACCTCACA
AGCTGTTACGTTGATGCTTCTTGGTTGGCAAGACTTGGGTGTAGACATGAAACCATCTT
TACGTGACCACCAACCCACAGGAGCTGATGCTGCAGATGAACCTGCTGGAACCTCATCCGA
CCAAGCCTTCTTAGTATCACCCAGAAAGCGTTCTTAGTATGCTCCAGATGTGATCCCATA
TATTACTACTCCATTCGAGGGGTCTCAAAGATGGCTTCACCTATGTCCTCTACATCAAC

AGACAGGTTGACCCTGATAGTCCTTTACACAGTGATCTTCAGATCTTAAAAGAAGAAGAA
TCCTTTGTAACGAAACATGAAATCCTAGAATGTATGAGAAGTTCAGACATTAGGCATAAG
TACAAAGGTCAGCAAATTGGCAAAGTAGTCCAGGTTTACAGGAAGAAATATGTTATCTAC
GAGTTCTGGGCTCATTGGAAGCCTGGAATAGCAATAAATCTTTTAACTTGCGGACAGTT
TACCCAGTTCCTAGCACTGCCCCACATGCATGTCTGCCTATGCACTGAAGAGCTCTTG
GAACTGAGTTAAATTATTGCCACTTAAAAACACAAAGTGATATAGCCACTTTGTGAATTA
CCACAGTGAACTCACAGAAGCAACACAGCTGGGAAAGGACTCGATGGAAGAGCTGGGAA
AAATAGCAGGGAGAGGACGCGCCCCCTTAGGAACAAGACCTCTGGATGTTTCCAGTTTCA
CTGGAGTATACCAACTGCCCCACTAACCCACTGGAAGCTTGTGCACATTCATTTTTT
GGTGCTGGATTCCAAGTTTTGTAAAGGCATCTCGGTAAAGACTGCTTTTTGAATGCATAT
TCTGATTAATAACCATATACCATGTCTCATCAGTGGTCCCTGTCTCCCTTCTGTACAAT
TGAAGCTTCGTTGACTTTTGTGATGGAGCCTCTCTGAAGGGCAAATCAAAGTACAGCT
CCCCTACTCTGATTAGAAATGACTTGACCATGCCAAAAGAATAAAAGACAGCTCTGATA
TCCACTTTGAGTGTCCAGAGCAGCAGAGCAGCCAGAAGGAGGAAAATAGTGAGGAATCGG
GGCCCATATCTTATCTAGGATGTTGGTGGCAAGAAGGTGAAGATTACTACCTTTTTGAT
AAGCAGGACTTAAGGCGGAAAACCAAGAAGGTGAAAAGAAATGCTTCTGGTGGATCTGA
CAGTCAGCATCTTTTGACCCCTGCCCCCAACAATAATAGAATTTAGGAGACAAGGAAA
TACAGCAAGTGGGACAGCAGACCTTGTGCTCCTTGTCTAACAGTAGAGAATCGTTAAT
CCATTTAAGTTCTGTATGTGCTCAAAGTCCCCTTGCCTCAAGCACATGCCATGCATCTAT
GTGCCTCAAATACAGATGTCATGGCCTGCACACAGACAGCCCTTTCAGAAAGCTGACC
AAACAATCAAACCTGCTTTGGGGATGAGGATGAAGTTGGGACATTACTGCCTTGTATAACC
GATTATCTCAGAAAAACCTCTCTGAATGATGACCCTCCTTAATACTGGGTGATGTGTGA
CTTCAGCACAAATCCCCCTCCGCCCTCGGCAAGGGCGTCTGAGCAGGAGACCTGAGTGA
TTCTACCTCTGAATGGCCACCCTTAGACCCTGTGATCCATCCTCTCCTAGCTGAGTAA
CCGAGGTCTGGTTATTAGGCCAGATTCTTGTTGAGTTATTTTTTAACTAATGTTGCCTC
TAAGCAAGCATTCTCAGGAAGTCCCTGGAAGATAGCATGCGTGGGAAGTAACAGTTGCTA
TTAAAGATTACGTGCTTCTTGGTACAGGTTTGTGAATGACAGTTTATCGTCATGCTGTTA
CTCTCCCCAGCCCCACATCCCCTCTGGAAGAGAATGTAAAATAAACCTGGACACAAGGG
GCCACACTTTGTCAACACTGTGGAGATGTTTGACCTGGAGCATGGGTCCTGGACCAAAT
CTCCTCCCAACTGTACAGATTTGTTTGTGAGTTTATGTACTTCTTGATACTGTCAAAA
TAGCCATAACCACCAGTACTGCAGCAAATACTTCTTGAGAATTATCCTATGTACTTTAAA
TTCCTGGGGTAGCTGAGCCGCTGCTACGCCTATCCTCGCCACTACCTCATCCTGGTCACT
TTTCAAGCCATATCAGAGCAACTGGATTTTATCAAAAATAACACTCTAAATACTGCACCTG
TCGCGGTGTGCGTGGTCTCCAGGTTTCCCTATTACAACCTCCCTCAAGGACTGCCTTTCT
AAATGATCCTTGCCTGCTGAATATCTGAAAAGAGAAATTTTTCTACAAAATCTCTGGG
ATGTCTCCTTTGCTCTTGCCAAAAAATAGCACACTTTTCCACATTCCAGTGATGTGTGAG
GCCCTTAATAACAATTCATTCCACCATTAAGTCTTCAATAAATGTTTCAGCATATCCAGTT
CGCCGGCCGGGATGCAGCCTCGCGACCCGGCTCCGCCCCGACGGCGTCTGGGCGACCTCA
CCACCATGCCCGGCCCTCCCTTTCTTTGTGTCTTTGGATTTGTCTTTGTGGAGAGGGTA
CAGAATTGTTCTACAAAGGTATCCGCCCTGCAATTAACGTTGGTCTGTCTGTATCTCGT
ACTTCCAGTGACTGCTCTTATTTTGTGTACCATAAGCCAACAACCGCTGACTCCAGGATT
CCAGCCCCTGGCTCACCCAGTGGCCTCGTCCCAGAAGAAGCCAGAAGCAGCAGCCCCAGC
AGTAACGAAAACCATCGCAGGAAATGGCACCCCTCCCTTTTCGGTGATGTTGAAATCATGT
TCCTAATTACAATGCTTTAGATGTTGCCAACAAAATTGGGATCATCTAACTGAGTCCAG

GTTGTTGTAAAGATCAACCAGCACAAAAGATGTCCAGATTACATCATTAGAAATTGAAC
CAAATGTATCTGAAGTGGTTTGAGGATTATGTGTTTTATCATCTGTGTCTTTTGTCT
CAGTTCAATGCCACGTGAGTGTGGACAAGCGGGTCAAACGGCGGCTACTCATG
TCTCGTTCTTGTGTCTATTCAAACCAGCACGGTCTGATCCGAAATATGGCCTCAAT
CTGGAGAACTAAGAATCAAGTCAATGGAACACGGGCAAACAAAAGTGACAACCCTCGTG
GGACAAAGCATTAGCTAGTTTTTGAATGCTATCAGAGTCAATCCTAGACATTATAATGC
CCAGCACATAGGAGAGATGAGCTTCTACAGCACAAATGTGAATGCAGACCAAAGAA
TTAAGAAAGTGATTCACCCTGCCTTTGCCCCCTCCCCAGAAAAGAACACGTTGATCAT
CTAAGCATGAGCTTTCATTCTCACTACTCTTAATTTGTCGTGCGTCACTACACATGCAC
AAACCCCTCCCCGCCAAACAAAACAAGGAGGGAGACAGGGACCAAGACACGACTGCTCA
AACTCACTTTGGAGATAGACCCTATGAATGTAAACATGGGATAAAGCCTTAAGTAGTTTC
GCTTTGTACATGAACAGATGCTGAGTATCTGTTATCATTGTATTGTTTAGTGTCAGTGTA
ATTCCTTATAGGAGGAGTGAAGAGTAAGCATTGGATTGGACCAGGATTTGGAGAACTT
TGGCCATCATAGACCGGGAGTGGTTTGTGGTCCCCCAAAAAGCTACACCAAGCTAATAA
TTTTGCTAAGGCTTTCATTTCAAAGCCAATATAGGGCCTCCTCTCACTCAGGGGTCAGT
TTTCTGTGAAAATGAGTAGGATGTCTCTTGAAATGTTAAGAAAGAAGACCCTTTGTTG
TTCCAAGAACTCTGGTGTCTGACCTAGAAGAGGCACAGTTCTCTCTACTGGAAAGAAAAC
GCTTGACTGCCACAGCATCTGTGGCTATGCTCAGAGGGTTTTGATTTTCCTTTCTTTTT
CCGCGAGCCCAGGCTGTACCTTCGTCCCGCCTCAGGCGAGGGGTTTCAGCGCCTGCCCG
CATATGCATCATTGGCTACACTTCCATTTTTGTCTACTGTTGTTACTGACAAGCTTTTTG
CCTCACTGCATATTTATTTGCGATTTGTAGCACTGATCTATGGTACAGTTGTTTTGTTTC
AGTTTGGCTGTCAAGGAAAACAGAGAATGTGCTAAAGAACATACAGACACAGAGCAGACA
CATAAGCAAAGGGCTTGGTGGAGAGCAGAGAGCAAATAGATAATATAAGAATCTCACCCC
AAGAATGCTGATAGTCAGAATGGGAAAGACAACCCTACTACTGCAAGGCATGCTTTGATG
GGCATATGTATGGAAGGGTGTAAAGATTCTTTTGAAGGTTTATTCACATTGTAGAACAG
TGTTTTGTCATGTATATACCAGGTATTGGTTTTATGGTTAAACACTATGGATACAGGGG
TGCCTTTCCCCTTTTTAGGAGCAACGAAAGCTACTCTTCTTAGTTATGTTCTTGTGATGTG
CTAGATTGCATTTACAATGAGGTAAACCAGACCTACTACGTTCTGGATGTGATGTGCTGG
CTGCTGTGCCTGATGTGGGGACAGACCTGCTCCAGATGTAAACAGAGCAACCTGCACAA
AGTGCATTTTACTGTATTTTGTGATTTTGTATTTTCTCAGAATATGGAAAGAAAATTA
TCCATTGTTTCTGGATATTTGTATTATCCAAATGTGCTTATTTCTTGCCTTAGCACACG
CACATTCAGCTTCTGATCTCTTGATAAGAGAGACTAAACCTATGCCTAAACAAAGTAATA
ATCACAACAAAGAATCTTCCAAAGTTGTCTCATTAGCAATGTTAAGGCATCTGTATC
ATATTTGAGGAACATGAGATCAGGGAGGGGAGGAGCCCCGAGCGCCCCCTAAATGTCCAT
TGTTAGTACCTAGTGGTCAAATGGATGAGGTCATTTCTAAGGTGTGTTGCCCGTGGATCT
GCAAGAAGGTTGTGGGAAAATCAGCAAGCTCTACGGAGACCTAAAGCACCTGAAGACGTT
GAAATAAAAAGTACTAGCACCGCGTACCTTATAAACGTGCGCCTTTTCTATCTGTAGTTAG
CTCCTGTGGCCTCCACGGTGAACAAGCTAGCGGTTTACTTGGACCTCTGCCTCATCTTT
GATTTCCGAAGGCTGACAATCGTTTGTGGAATGTAATCTTGATGCCTTGATACTGAGACT
TTAGAATTCTGTAACAGAAAAGCTCCCCACCCCTACTGTGACCCAAGCAGTTACTTAAA
CCCTGTAGAGGTGGTATTAAGATGGTCACTGAGATTAAGAAGATTCCTGGTATTTCTCG
CTGCTCAAAAAGTTTCTCGTACTGAGAGCCCTGCCAAGTTTGCATTTATAAGCGTTGT
TGTGGGGTATGTATGACTATAAAGGGATGACGCAAGGAGTTCCTTTGTGCTGATGGAACA
GCCCTCCGAAGTCTTCGGCCTTACTTCCATTAGAACAGAGAAATGCCATCCACAGGCCA

AGGTTGGCCTCTCCAAGTCCTAAAAACAAAATTATCAAGCCAACCTCCTCCTGAAGTGCT
CTCCCCTTTGGGGGTGTGTGTGTGTGTTTTAATTTCTTTATGGAAAAATTGACAAAAA
TACAGGGTTAAATGATACCAAGAGGCAGGGCAGCGGGCTCGACGAGCTCTGTTCTGGT
ATTGGCCAAGTTATCATGTCCATCCGCACCAAGCTGCAGAACAAGGAGCATGTGATTGAG
AATGAAGCTGGGCAGCTCTGTGTTCCCTACCAAGTGTTTGGGCATAGGACCTGCTGGCTG
GGACACCCAAGGATATGTCTTCTGAAGATCAAGGCAAGAACCTCTTTAGCATCCACCAAT
AAGTCCTAGGGTGGTTTCAGTTTCTCCAGACATACTAAATTTTTACATCAATCCTTTT
TTGTTTCTGTGACAGGACGATTACTGAGAGCCAATCAGATTAGTTTCAACTGGGACAGGC
AGAGGAGAGAGCAGAAGCCGTCCCCTCCCACCACCAAGCTTCTGTGCAGTCTCCTAGG
ACAAGCTCTTAAACCCTCCGCCTTTTCCCCTATTGGTTAGAAAGTGAATCTTAAACTGTG
TTTCAACATTACTGCTGGTCTGTAAGAGAACTAAAACATCTGATTTTCTCATTTCCTTG
AGTAAACACTGTGATTCTGCAGAGCGGATTCAGTAGGCTTCCAATGTTTTCTCCTGCTA
GTGTTTTACTGTTGAATAATGACAATGAAATGTCCTAATCCCAAAGGTAATACGATTC
CAAAGAGTGGCTAGGGTTTTACAAGGGCTATGAAGAAACATATTAAGGTTAATAAAGT
TATGCAGTGAGGTTTGGCAAAATCTATTCCATGTGTGATTTGCTTGTAGAAACAATTTG
GTAAATGGAGAGATGAATCATTCTGCCTATACAAACAAGCTAGCTATTAGAGGGTGGTT
GAGGTGTTATGTATAATGCTTGTAAAGAACCCCTTCCGTGCCACTGGTGAATAGGGA
GGGCCCTCTTATTCCAAGAACAAGTATTTGTTTCCAGTATGAAGTGCAGCAGTTCACAA
ATTCCTACTTTTAAAGAACTCCCACGCCCGTCTAAGTGATTGTGATTCCCAGTAAGTGA
TCCAGCAAAAGTGAAAACAAAACCAAAGAGGCAGCAAGGAAGAATCATCCTCAGACAAA
CCACCAGCTGGAGGACTCCAGCCCCTCCTGCCCTGGCCTCTTGCTCAGTGGCTTGTGG
ACAATTTAATACAAAAACACAAGCAGGTTCCCCTCCTCCTTTGCCTTTGGTCTGGCT
ACCATGAGGCCATCCCCTCTGCCACGGGAACCTCATCTTCTTAGTGTGCCACTTGCTTG
TAAGTAGGCATCCAGTATCTGCCACACCAGTTTTAGTGAGAGTACATATGGAGACTG
GAAGATCCCAAAAAGGCATATGATCTTCCAGTCCACTTCAGATACCAAAATAGGAGAA
GCCTCCGCTAGTATTAACACATCAATTTGTATAAATAAGTATCTGACACGTCCTATATAC
ACTTCCCTTTGTTCTTTGTCCCCTGCCTCATTATGATCAGCTTGTATGTGAAGATCTTTG
ACCACTGGTGGCATATGAGTCATACACATGAACACCATGTTTCTAGAACTCTGAGGTCCA
GGAGGAGGAGTGAAGTCTGTGCATAGATGGGAGAGCCTTCTGCTCAGAGGCTCACTCAGT
AGTAGCCTGCCACCTGAACTACTCATAGGAAATGACATTAGAGGAAGACTTCAAAGAAAC
TAAAGGACTTGAGCGAGCCAGTTGCCGATTATTCTATTTCCCCTCCCTCCTCCCCGCC
GGCCCCACTAATAAGTGGTACTATGGTACTTCTTGTGTACATTTCTTTAAAAGTGA
GTAAAAGTGACTTAATTTGAAATTAATCTGTTTGGCTAGTTTGTAGCTGATCACCAC
AGGTTTGAGATATTTGTACCAAAAATAGGAAGGCCAAGAAATAAAGTGTCTTGGGAGCGG
ATGAAGGTCTCCGAGGCTGCCCTGTCTCTCCTTGTCTCATCCTTATCATTACTTCGGCT
ACTCCCCGAGATCGAACCTGAAATTCGCTTTGACAAGCTCAGCCATGCCAGCTCTGGTG
GCCAAGCCACACTGCTGAACATCTCTCCCTTCTTTGGGCTGGTCATTGAGCAGGTGTTG
CCCTGATGTCACCTTCACGGGCCTGACTCACAGTCCTAAATATCTGACAGCGAGATCGCT
TACCTAGTCTACCTATTTATTTCTCCACTTTTTATCTTAAAAGTAGCTAAGCCATGCTG
TCACCCCATGTTAAATTTTTCTGTTGAACTACTGGATCTGACTTGATAGAACTATT
AAGACTATGACTATGGGGCCAGAAGCCACGATCCAGACCGCAATTAACAATGGTACAG
ATGATTTGCCCGTCCACGTCCCAACTTCTTCTTCTTTAGACCTTTTTGTGTGACATGT
CAGGGCCCGTGTGAAAGTGTCAAGAGAGCAATCATCAATGATAATGTATTGTGTGAGACC
TCCCTGGAGGATGCCTGAATTCTACAACCGGTTCAAGGGCCGCAATGACCTGATGGAGTA

GAGATATTAATGCCAGACAAAAAGCTAATACCAGTCACTCGATAATAAAGTATTCGCAT
GTTGGAGTACTCACAACCTCACTTCTCTGGCTAATTTGATGTTTAATTTGAAAGGTAATG
ACCGGGAGTGAACTACTGGGGTTGCCATTTTTGACTATGAACACTTGAAAGTAAAAATT
AATCTTCTGATAATTCTCACCTAATGTGATTGGAATCTACTGGGCCTACTAGATGGAGCT
GCTGAGGCAGTGTACGCTGGTGTCTGTCCTCCTACAGAATGCCTGAACAGTTCCATTG
GAGGCTGCCTAGGGCTTACCAGCTTCTATCAGAATGCTTGAGGGTTCTAAACCCTCAGG
GCGTTCAATCTTGACCTGAAGATGGGAAGGATGTTCTTTTTACGTACCAATTCTTTTGT
CTCAGTGCCAGAGTGACAGAGCTGGCCCTGGCAGTGGAGCGTCTTCAGAAGCAGAATCTG
GGTACTGTAAAACACCTTTTCAGAATGAGTAAATGCTGCATATGCATTTTGGAGTTGTTA
GGAAGATGCAGTCACATTTTTGAAGACTAAAATCTATTAGTAGAAGCTCTTCCTGTTGC
ATCAGGTACAACCTCAAAGGAGACAATGGAGAAGAACCAAGCTGGGGCTGTAAGGAATT
TCCCTGGTAATCTGTAGAACCTTCTCCTAGGAAATGGTGAAGTCTATTAGGAGCCACTTG
AACCTGACAGTGGACGCCAACAGCTGTGGAGAGAAGCCGGGCGACAGCTGTGGAGAGAAG
ACAAAGGCATGCAATGAAAATTAAGTCTGTTCCACTACCACATTTTCCAGTTTTTTGTG
AGTCAGTGCTCTGACTCTTGCAACTGAAACTGTTCCGAGCATTCTGAAAATAGATGATGT
AGAAAATTCACTTCTTCTTTCAAGTCTTCCCTTTCTATACTTTTGCTGAGATCAACCCA
GAAACATGCCTCCTCTTTCTGGCCCCACCAAGCAGAGTTTAGGCTTCAAGAAGACTGAA
GCACCTAATAAAAATGAGATTGGGGGATCTGGACCGAGTCAAGTCAAAGGAAGCAAAGA
TCAATCTGAATCTGCCAGAGCAAGATGCTGAGTGGCATTGGAGGCTTCGTGCTGGGGCT
ACAAACCTCAAGGTCCCCACCTCCAGGAAAGCCACAAGGACCACCCGCACAAGGAGGCA
TCCTGTGTGCAAGAAGACCCTCAGCTCCTCAGCAACCTCAAAGTGCACATGCGCTCACA
CAGAGCAGATACGTAGGCCATGAAATTGATGAACTGAGAGTTGCTTCCAGTCTGAGCG
CACCATCGACATAATGGAAATTGAACAGCATCTGATTACTGAGTGCTATATCAGCAAGTT
CTGGATGAGGCTGATGGAGACCATGATGGGCGGCTGTCCCTGGAAGATTTCCAGAACATG
CAGCCTCCAAGAGCTCTACTCCCTCCTCAGTTTTGTGGAGCCTGATCTCTTTCCAAGGA
TCTTTCCCAACTGACTGTAGGGTTGTGTCTTTCCCAATTAATATCTGCAGAACTTTGG
GATGAGCTTCAGAAACAAAAGAAGAGCTACAACGTCAGCATGATCAACTGGAGGCTCAG
AGAGCCGAAGGAATTCAGATTGCCGAAAGACCATCATTTTGATATGATAAATATTAAGAG
CTCTCCTGTTGTTTATGTAGTTGGGCTATAATCCCTTCTTTGCATATTGTAGGCTGTGA
GATGTGGCAACGTTTTACAGTCTTGCTATTGTTTCTTGAGTCCTTAATCTATAAGATGT
GCGCTTTGTCATCATCCACAAACGCTGCGTCTACTACTTCAAGAGTAGCACCTCTGCCTC
TTCAATTTGAATCTGTGGATATAAGGCATTTGCCTTTGAGTATGTTCTTGTAGGAGTAAG
TTTTCAGAGTTAGCAAATAACAGTAACTACTGCTTTGAATGCCAAAGTTTCTTAGAGTGG
TAGAAACTGCGCATTGGAACCTCCCCAGCAAGACTCTCTGCTTGTCTCTCCCATCTG
GATGTCCTGTGCTGCTTGTGATGAGAGCCTCCACACTGTACTGTTCAAGTCAATGTTAAT
CACAGAACTGTAGAATCTCTATGCTCATGTAAGTGTAAATAGTGAAGTATCTGCTTATA
ACTGAGCAAGGGTATATGAGAGCGGGTCTCCTCGTACAGGAAGTAGAAGATGTTTTGTTT
ACCTCATCAAATACCTTTCTCCAAGGAGCTCCGGGTGCTTCCCAAACATGGCTGCCAA
GGGAGCCTTCTTGTGATCTCAAAAATAATAGCTATTCAAGAAAATCACCAAGTGAAGTGT
AGAGCGCAGGGGGTGTTCAGCAAGGCATCGCTTAGAACGACATTCCCTCCGGAACATCAT
GACAAATCAACACGTAATGAGTTCGGAAGGTTTCATGGAGAAGAATCCAGATGCCTACGAT
ACTGGAGATCAAGTTCTGCGCCTGAAGAGGCTGCCAAAAGTCAAAGCGGGGCTGGGAA
TCATTACCTTCCCTCCCTGGGCTCCATTCTTCTGGGAAACACAAAGCAATAATAAAGG
AAAGCCCAGACAGCTGCCCTCCCGCAAGACCTGTAATGTGCCGGACTTACCCTTTAAA

CTGATTGCTCCCAAATAAAGTGCTTCTAAGCTTTGTGTAGACATAGTTTAACTGATTTGT
AGATGTTTCGGGTCCAATTCACCAGAATGCCAAGTTATACAGGGTTGTGGAATCAAAA
AAATACAGACAATAGACCAAAGTCCCTGCCCTCGAGGAGCTTTCATTCTGATGGAGAGAA
GATGAGATTCCACTTAAGGTCCGTGTTTCTGAAACAAATGATTTTGTGGAAGTTCTGATT
AAGCACTTCATGGGCCAGAATGTTGCAGATTACATGCGCTACTTAATGGAAGAAGATGAC
ATCCAAAATACAATTCTGACTATGAACAACCTGCAGGGTCAGTCCAGGTGTGGCTGTGAA
GTGGAAGTGTATTCTCTAATCAATATTAGCACATACATATTGCCCCAGACTGTACCTCT
TTTGAGGGTCTGTAGCTGGGGACCTGGGGAGGAGCCAGTGCTGCTGTTTTCGTTTAAAGT
CCTTAAGAGCTACAGCTAGAGAAACCTTACAGGGGTGGAGAGAGCATTCTAAGGTTTT
AGCTGTGTCCTCTCCTGTCTGTGCAGTTAATCAGGGCTCCCTGTGGCTTTCAGGAGCAA
ATTAAGCCTCAGCTGGTTTTGCTACTTTTGTAAACCATATTAAGGTGATTTCGGACTTTT
CAGGTTTCACTGCTTCATTAGAAGAGGACAAGTCAAAAGTGAATCATTTTTCACTACTTA
GGTCTTAGAACTGTTTTAATTTTTGTGGTCTTCTGTTTATTATAATAGGCGTCCACC
TTCATGAAGCCGGGACCCTGTACGTGTACATCATTTACGGCATGTACTTCTGCATGAAC
ATTTTGTGCGGAATTCGATATAAGTACTTTTACAGCAAGATGGTATAGTTATGTTGCCTG
CTGCTATGGAGGTGAAGCACATAGCAAGCCACTTTATCTTATATTTTGTATTGGTAAAA
TCATTTAGAGAAGACACGGCAAGAAACACTGGGTTTCTTAGGAACATTCCTCTCTGGG
AATGGCTTCGGACAAAATATCTCTGAGTTCTGTGTATTTTCAAGTCAAAACTTTAAACCTG
GTTGGTAAATGGCTTCCAACTGCAATTGACATATTTGAGGATAGAATCCGAGGCATTGA
TGCTTTCTTTAAAAAATGTGTCCTCTGAGAACATTTAGGTTTTGCCTCTAGACTCTGGTT
TGGGGGCCCATGGTGGGGGACGGCGCTAGAGGTGGTTTAAACTCAACTCTCTGCTTAA
AAGTTCACTGGGACTCAGTTTACCTTAATGCCTTAGCAGAAGATAAATCCTACCTAGAGA
CGGTGGATTGAAAAAGAATTTTAGTCTCCTCCAGAGATTATATTTTGTGTGTTTCATTGC
ATCTGGGGGCAAAGAATAATACAAAGCTTTAACGAAGACCGCAGAAGAATTCATATCTG
CATTACAGTGGACGAAGTCTATGTTTTACCAGAGTTTCCCTATGATGTCAAATGCATGT
CACCCAGAATTGACACCAAAGATGTTAAAAGGATAACTTCACAGTAAATCATTTATCCTG
TTTCAGAGAGAGGGAATCAGAAAACCTCATGTAAAACAGATACCATACATGTTAGATCG
TTAGAAGTTGTAAAGAGCACTGATTAACTCTATATTAGAGACCCCGCCCCTGCCTTGGCT
ATTACAATGTTGGAGGAGAGATAAGTTATAGGGAGCTGGATTTCAAACGTGGTCCAAGA
ATCCTGGCCACAAGTTCTTCCCTTCCATTGTCCCTTTTCTTTATCCCTGACCTCTCTGAGA
GGCCACAATCTCATATCCACAATTCAAAATCTCCAAACCTCTGAAAAGTAAATATTTT
TTTTTAATCAGATTTTTGCACACTGATTAGTTTTTGTGTTGTGGCTTTTGTGCTTTAT
GTCAGATTGAAGTGAGCATCCTGGCCCGTTGAGCACGGAGAGTGCCGATGACTATAACT
CTCGCAGAAGGAAGACAGATATGAGGAAGAGATCAAGGTCTTTCCGACAAGCTGAAGGA
AACCTGTGTCCTGGAGGAATGCAGGAGCAGCTGCTCATTGTATTCAAACCTTTGATGGAA
TATCTTCCAGAGACCAGGCCAGGAAGGCCCGAGATGGAGAGCACTAAATTCACGGCTTT
TATGTGGATTCTTCCCTTGGCATAATTACTCCCTTAAAGACTTCTTTGAATCGCCCATTG
GCCTTGCTAGAGGTAGAGTTTGTATAGAAATTGTGCTGGTCATACATTTTGTGGTCTGAC
ACTCTTAAATGCTTTGTATATTTTCTCAATTAGATCTCTTTTCAAGAAGTGTCTATAGAAC
CTTTATGCAACACAGATTCTCCTCTGTGCCATTGGACATTGCCATCACATGCAACAACAA
CAATGGAAGACAACCTCAAGACCACACCAAGTTTGTATTAATAAAGTACTGTTGTGTTACT
GGATCGATTCACTTGCCGGGAGAGACTTTTTACAACCTCATCTGCAGCTCCGGGTGCGGTT
CATTCCCCGCCCAACACACACACTCTGCAATATCTTAAATTATATATCTATAAATGA
TGCCACCCCCCGTGTTCATGGCCTCGGTCACTCTGCCAGATCATCGTTCCTGTGT

GGTGTTGGACCTGCTCCTTGTTATCCTGTCTTATATCTTTATTCTTCAGGCAGTTCTACT
ATGGACTTAGTTTTCTTGCAGGGAAAAAGGTGGACAGCCGTGTTTCTTAAGGATGCTGAG
AACAGAGACTCTGCAGCTTGCAGTGGACATACATAAAACGTTACAGAGATACTATTTTT
TTTCTCCAAAATACTGTGGCTAGAGTCTAATTCTAATACATCTCGAGCCTGAAGCTC
TCAAAGTTGGAGCCGTTGCAGGAAATGATTGGTTAATTTGGGATATTACTCGGTCCAGTT
TCTGATTACAGTTGTGATAAGTCCCCGGGAAGGAGCATGACAAGAGGCTGAGACATGTGG
TCAGCAAAGCTGAATTAACCTCAGGCAGAAGAGCACAGATGTGTGGGATTGGGGGAGGAGT
GGGAGAAGGATACACCAAAAACTAAGTGATTATCTTTGGATGGGAAAATGTTTGGTAAT
ACAAAGATGGTGGAGATTGGCATGCCATTGAACTAAGAGCTCTCAAGTCAAGGAAGCTG
TGGAGAGGCAGGGTTTTGCTGTGTTGCCTAGGCTGGTCTCGAACTCCGGAGCTTAAGTGA
CTTGTTGGCCATTGGCATCTGCAACCTGCTCCTTACTTCGCCCTTCTACATCATCATGAA
CATAGTAAAAGACAGTGACCTCTCTTTCATCCAGTCTAGTATATCACTAAATCATCATT
GGACCATCCTTGGTTTTCTACAGATTTTAGCGTCTCGAATTCAGCATATGGTGCTAAGGA
AACTGGGCGGTGATGAACTGGGCACCTCCGGGCTGTGAAAAGTTAGGGAAGTGTCTGACA
AATTTACAGAAGGGTTTGTTTTTGGGGGGTCTTCTTATTCTCCAGGAGGGAATAAAT
CTTGACTTGTGTGTCTCTATCTACCATTAAACCCTTATGACTTAAGGTATATGTATAA
GGAGGTGGGTTTTATTCGTGTGCACAAAGTTTTAAAAAATACATGTGCACCATTAAAAG
CAGCCTGGGACTGCTGTGATGGGGTATCACGGTGATGGTCCATTAAACTTCCACTCTGC
ACCTGGGCTAAGTCTTATATCTCGTAGTGAACACCTTATGTATGTAAGGTGTCCCCA
AGCACGAGGCCATGAAGCTGGTGACCATGTTTGACAAGCTCTCCAGGAACAGAGTCATCC
AGACTTGGTGTTAATAGCTGAAGTCTATCTGTACCAACAAGCAAGGCCACTTTTCAGAA
AGAAACAGAAATCTCTGAATGTCAGAAACCCTGTCTTTAAAAAGGCAGTCACTGCCTTC
ATTTTTAGAGGGAAGAGTCTCGGGAGTGAGGCACAGGTGAAAATGGATCTTTCTGGCAT
TACATCAAGTGGATCGTCTCTGCGGGGCTTGCCAGGTCAGCGAGTTTTCTTTGTCTG
TGGAGCAATATACCTAGCTCTCATTATTATTTCCCTTGCTGATATTCTTGCATAGCTTT
AGAGAAGAGATCACAGAAACGTGAGGATCAAGAAGCCGGACTACAAGGTGCCTACGTGC
TAATGGCATGTATTAGCTGAATCTAAAGTTGATGTGAGTTCTAGAATTACACTGAGACCT
GGCACATTCTCAGGCCTCCCTGGAGACCACTGGGGAGCTGTCCAGCCCCCTCCCAACCCC
GACTTGTACTGGTGTGTAACCTTCCAAGTAAAAGTATCCCTAAAGGCCACTTCTATCT
AGGAAAGCCCCTCAAAGATGGCGAGGCATATTTGATGACTGTGGTTACAGGGCAAGAGGC
TTTGAAGGGAGCAAAGGCATCGAAATTTTTGGAGCATCTAGAAGTGGGGCAGTGAATGCA
CCTGGTGCTGTCAGAATATGCATCCACAGAGATGAGCCTGCATGCCCTCTATATGCACCA
GTGTGCGAGGAGACAGCCAATTACCTGGTCATTTGGTGCATTGACCTAGAGGTGGAGGAG
ACAGGAGACACGAATCTTCCCTGAAGGAGTGACAGTCTAGGGAGGAAGGCAGACTGCAGA
TTCTGTGAGGGGGAAAAGAGGTTGAAAAGAGGGTTTCTCTTATTTCTTCCCTGTGCGTA
TCCTTTTCTGTGTCTTGATGGATTGTGGTTATTTTGTGCAAGAGTGAGTTGAACT
CTGTAAGCCCATGCCTAGGAAAAAAGATCAGAAAGAAATAAACCAAAATGTTAACGT
AATGAGAACCCAGAAAGCATGCCATAAATCCGACAGCCCCACCCAGGAGACTGCAGGTG
ATGCAAGCCGAACATGTCTCGCCATCTTGTCTATCTTTAAAATTACACGAATTTAG
GTAATGCCTAGATAGGGAATAGGAAAGTTATTGAAATGTATGTGTTCCCATGAAATGTGT
ACATTTAGCGTAGCTAAGTGAAAAGGTCATAGCTGAGATTCTGGTTCGGGTGTTACGCA
GCCATTAGTATAGCAAGCCATCAAGCATTAAATTGACATTACAGTTAAATGAGCACTGACC
GACTCTACCAAGCCCTGAAGGAGACCCATCCTCACCTCATTATGGAAGTCTGGGAGAAGG
TATCTACTGGACCATCAACTACAACGCCAAGGACAAGACTGTTGGAGACTTCTGAAACA

ATAATAAAAGGTTGGCATTGATATGGTACAACCTGCAAATTA CTCTGCAGTTCTGAGTTTC
ACTATATCTCAGTGATAGGGAAATAGCTGCATTGATCTTACATGAGCATAATCATCCTTA
TTCGGAATGTCTGGAACATTTTCATTTCTGTTTTGTTACCTGTGGCTCTGTAAATCTACT
TTGCAACCTCAGCTTTAAGGCTTATTTCTCCAGGAACTGATGTAACTTTTTAAGTT
TCCCGTCATGAGCCTTTAGGTCTCCATTTGCATATTGCAAATACTATGTTCCATGTAGGT
GGGCTGCTGAGCTAGAATCCCACCTATGTCTTTCCAAGGGACTGTTACGGCTTGGGAC
GGGAAAACCATGGTGCTGTTAATTGTAATAGATTGATATAAGATTGGACCAGTACTTG
GTAGATCACATGAACTTTCACTTTATACATTTCTGTATTAATTTTTACTACTACCCAC
TTAGCTACCTCCTTCCCAGTGATCGAAAGATAGTTATTTTCAACACAGGTCAGGTCAG
GGGCTGGAACGGAGCTATGTTGCATCTGTTGTTATACAGGTAGATTATAAGTTCTACATG
TCAAGGCTAGGCGAGGGTGTGAGGGACTGGAGTTCGAGGTCAACCTGGGCCCCATTGGTA
GATATAGGAGGGCAGACAATAGGAGGCAAATGTTGGATAAATATATCTATGGAGCACAG
TATGGTGTGAATGTTGGCCTGACAAATTATGCTGCAGCATATTGTA CTGACTGGCCTGCTGCTA
GCTGTCAACGCAACCCTTATAGATAGCTGGGTAGATATTGCGATTTTTTCAGTTAAAAGAG
CTATGGCATGAAAGTTTTATTGGGAGGAGATCTGCTGCAAGAGTCTGATTGCTTGGGTCA
TGGCTTAAGCTAAGGTGACTCTTGAAGGAGAAAAAGTTACAAACAAAATGTGGTGTGATC
TCTGCCAAGTTCTGCATTGCTAAATAAGGGCTTCTCTGCCTTCTACCTACAGTGCATTT
CTGTGCCGTATGCGATGTTTTGTGGATGGCAAAGACTTATTCCTGAGGGAATCGATATAG
AGTAAAATGAACAAAACCCTACGAAAGAATGGCAACAGCCAGGGTGGCCGGGCCCTGCCA
CAACCCTGACCGTGACCGTTTGTCTATATTCCTTTTTCTATGAAATAATGTGAATGATAAT
TTTTTATTTCTACTGTCAAATGATGTGCAAACCTTTTACTGGTTGCATGGAAATCAGCC
AAGAGTGGGGTATGGAAGTCATCTGTCCCTTCACTGTTTAGAGCATGACACTCTCCCCCT
CTCGTGACATAGTAGTCATCACCCCGACCCTAATTTAATATCCCCAAAATTAATAATAA
TGACACAGATGTTCTCTAAGATTACTGGAAAGCCTCTTACCAGCATTTGTGTTAGCCAGC
TTCTTCAGCTGTCTGGCCGCACCTTAAAACTATTTATTCACCAAAGCCCCAGGCATTT
AAGCCTGGGAAGTTTTAACAGAGGGCTGTTGATGGGCATGTTTCAAAGCAAACAGCATCAG
CAAAGGTACCAAAAAGTACAGTAAAATTAACACTTCCGTTACAGGAAATGTATGACGCA
TGTGGATATGCTTCATGCCACTGAACTGGACCTAACCATTTATGTTTTGTGATTTTTATC
GAAGTGCTACTTTTTAACGAAATGGTGACTAATGTTCTGGAACCTTTCCATTAACCTTCT
AATCCCCTAATCCTGATGAGGCTGACAAAGTTGGGGCTGAGAACACAATCACCTATTCA
TTCACATCACAACTGTACTGTGAGTCCATTCTAGAGGTCACTGAAAGGCCCTGTAAAGA
GCATCCCTGGGTTCTTGAAGCAGCTCTTATGCTACTCATAGAGATGGGATTGACTTTAT
CCTTGGGCAAATTA CTCTCTGAACCTTAGTTTTCTCATCATTAAAATGGGAATATTGGT
ACTTGATTCTGCAGTCGAAATAACTAATATCCCTACATTTTTTAATTAAGCAACAGACT
TTCACCAATCCAGTGCTCACTTATCCATGTCAGCTCTTAAAGTCATGTCTGAGATCCCTG
AGA ACTCCAAACAAGCAGAAAGGGGAAGAGAAGCGAGTCTCGGTCTGGTGCTGCTGCGAG
ATTCCTGAAGATCAGCATGATCCCTCAGCTGAACTCAAAGCCATCAAAGACCTTGCTT
CCAATAGTGAATAAAAGTCACAAATTTAAGTTCAACACCCTAAGCAATTTCTCAAAGCC
ACCGCAGACCTGGGCGAACGTAGCCTTCTGGCCCAGCCCGTTCAATTTACAGAGGAGGAA
TAGGTAATAAACAGGAAAAAGCCGAGTCTGATGCTAAGAAGAACATAAACAGGATGCTG
CCAAGCACCTAATGACTGTTTAGTTACATCCATAGATGCAGACAACATAACACCTGTGA
GCAATGACGGTCCGAGTGTGCAAGATGGATGGAGAAGTAATGCCCGTGGTTGTAGTGACG
GTCGCCAAGTCCCCTTCTGGTACTTCGTATCTCAGTTAAAGAAGATGAAGAAGTCTTCA
TGAAGGTAAACCAGAAGCTCTTTGGGTTGAAGAAAGATTTACAGCTCACATTGCCCGGGT

GAGTAGCACAGAGTCTGCCCTGCACTTTTTGGTGTACCCTAATAATCCTTGGGAAAATTA
GGCCTTAGCATCAGAATTAATAATCTGGATTAAATGGCAATGTGTTTCATAGTCAGCAA
ACACACACCCTTACTTAATGCCCCACTGTAACACAGAGACCGTCCCATGTCTGAAGTAA
AACACACACAGGTTGGGAAGTTCTTCAGAATTTAGCATTGCCTCATGCTCAAAATTATGA
GACATGCAGAAGCCAAGTTGGAGGCAGAGGAAGCCATTGAAGTTGATCATTCTCATGATT
TAATCTCTAGAGAGGTCCTACTTTGTTGCTGAAGTAAACGTTACTTGTGCAACCCGAGGA
TTAACAACCCAAGCAAGCTTCGCGTCCTCGTTTTATTTTTGGTTAAACTTATGAATATGT
CTGTCAATACCCAGCTGTGTTATGCCTTCTCACTCCATCAAAACATAAAATAAAATAAAG
GGAGTGAGTTTCTGCACCAAGCCCGAATTTTTATTTTTATTTTCTTATTATTTGGTGTT
GGTCTCAGAATTCTCTTGGCTTTTATTCCTTGATCCACTTGCCAGTTTTATCACTTTACC
TCTACAAGGGCTGCTTCGACGGCAACGTCACCTTGACGGCAGCTAATGTGACTGTGTCCT
CCAGGTATGCAGATGATGACCTGATCATAGACTTTGACAGCTTCATCAGCTGTTTCCTGA
ACCAAGCCCTCAGTGGCAGCCACACACCCACCCTCCAGCACCCCCAGGGCCACAACCTGA
TCGGACTCCCAATAGATGTCTTTTCATGTTACAGCTATCGAGAAGCATAGACATTGCTG
TGCTAGAGGGCAAAGAGTTGGAGTTCTATCTTAGGAAAATCAAGGCCCGCAAAGGCAAAT
TTCTGTTTTGCCTGCAGGACAAGGAAAACACTCTTTCCTAATCTGGTTGTATGCCATGA
CATTGTATCCACAAACCTGTTTCAAACCATTGAAGTGATCTTACCATTGTGTTTGTCAA
TATTAGGCCGTGCTCCAAAGTCATCGTCCGGTTTTCTCACTGTGATGATGAAGCATGGTTA
TCTGTTGCACTGAGCCTCTCTGTGTATTTTTCTTCTTTTTCAGCAGAACAAGGGGAGGT
TAGGACAAAATTCCTTTTCACTGCAGTATTGGGAGCCTGGAAGTACCAACCCCT
CCAAGATGGAGAATGGGGAGGAGCTTTTTATGGCGGACTGATTAAGCTTAAAGCATT
TAGAGACCAACTGCAAAAGTTTGTACAGTATTTGATCACAGTGCACCACACAGAAGTTTT
ATGCAGCAACAGGCTGTCATGCATTACATGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAG
TTGTGGCCTTCTTTGAGTTCGGTGGGGTTCATGTGTGTGGAGAGCGTCAACCGGGAGATGT
CCAACCCCTCCTGTAACACACATACCTCTTTGTTTCCCAGGATGTTCTTTTCGATGGTAC
GGGACAGTCCCTCTTTGGAAGCAGGCTCCTGTGCTTTCCTGTGTTAATAAACAGTAATAA
CCAGACGGACGCTCCCTGTACCCCTCCCTCCTCACTTGGATAAAAAGCAGATTTGCCTT
GAAGCCACCTCGGACTGAGTGGTGTGCTGCTCTAGGACTGCCCTAAAAGTGGATTTGA
TGGCTGTCTGGCTTTTATCACACAGGAACAGAAGACATAAATAAATTGGGAATATGGATA
TTCTCCTCTGTGCTATGTGGATATTGCCATTCCATGCAACAACAAAGGAGCTCACTCAGT
AAATGCCATCGTGGTTCTCAACCACAAGTTTGAATTTGACTTTCTGTGTGGCTGGAGCCT
TAGTGGATGTTTATGCTGTTTACTTTTTCTCCTGTGTACCAAGGTATTGCTTTTATTAC
TCGCCACCCCCACACAAGTTGGAAGTTCAGACCCCTTAAACTGGAGGAGCTGACGGTCTCA
CTCTCTTATGTTACCGATTTGCTAACTTCTGCCATTTAAAAGTCTGGTGATAGATTTAA
ATAAATTTTCGTGCCAAAATGCATGGTTTTTCACTTAGCATTCAAATGTTGCATAGAGAG
TTCCCTGCCCCCTTCATGAAAGAATTACAGCATATAATAAGAAAAATCTGGAGAAACACT
TCAAACGAGTCACAATAGGGAGGCTAGTGACCCCATCCATTCCCATGGCATCGTTTGAA
CCTGCATGCTCGTCTCCACAGCACCTCCCGACCCCTGCGCCTCATTTACCACGTGGCTGA
GCCCCGCCCTCCGGCTAGCTCGCTGGCTCCCGGCTCCTCCCGACGTCTCCTACCTCCTC
GAGCATGTCCTTACATTTACTTCCAGCATACTATTCATTTGCCATAGTAGAGTATTAAGA
CCCCAAACCAGACAAGTTATACGGGGACAAATCCGGCAGCAGCCCGCAATTTGAAGAT
GGTTTTCTTTCTGTGTGTGTGTAAGCCACTGCTTATAATAAAACCAACAATACCCTCAGA
AGAAATGCCACATCCATTCTACTAACATGGCATCTACTAACGTGGCATCTACTAGGATG
GAATAAAACCATCTGCCTTGTCTTTCTTACAGGGTTTTCAGAATCAGATAGAGAAATGTT

CCAGAAAAATAATACAAAGTAGAATTTTTCAAACGTAATCCCCTTGGGTTCTCTCAGA
AATTTTTGAGGTGCTTTGCTATTTCTTGTGTGACCTGATAGCTCCCTGGAACTTTGGGTC
GTA AACAGCAGCATAGGGCTTTTAAAAGGTAGTCAATAAAAGTTGCTGAAATTTGGCT
CTTACGTCATGAAGGCCATGCAGTCTCTCAAGTCCCGGGGCTGCGTGAAGGAACAGTTT
GATTGGGAAAAATTGATAGTTCTCCTGCCTCAGAGTTTGGCTCCTGCACTCTCATTTAG
GAGCATGTCAAACAAAATAGGAGCTCACATGGATATATTTATGTCACTGAGTTGTCAGAA
TCCTTAACCGCGACACCATCACTCGCATCTCCTACAAGAATGATGCCTACTTTCTTCAAG
TGCTCAGGGCCTTGTCTCTAGGAAGATTTTGTCAATTCAAATACAGTTTTGAAGATTCA
CCACACCTGCTTTTCCAGACTTCTTCTAGAATCCAAAGAAATGTAATAAATAAAGG
CCAACAGAAAGATTGTCCTCAACTTCAACCCTCACTTTGAAATCGAGAAGCACGACTGCA
CTGAAAACCTTTAAAGGGGGAAAAGGAAAGCATATGTCAGTTGTTTAAAACCAATATCT
TACCATTCTTCCATAGGTAGAAGAGAAAGTTGATTGGTTGGTTGTTTTCAATTATGCC
GCCCTTCTCTGCTACTGTGGTGTGTTACATTCATATTTCAAGGCTTGGTCTTTCCCCCA
ATGTTTGTCCAACACAGAGGACAGAAGGTATCTCCACATCAGACATCATCACCCGAATT
AGTTCTCCTCCTCAGCCTTTTCTCCTCAGTTTTCTTTAAAACGTGAAGTACTAACT
TCTGTGTAACACAGATTCTCCTCTGCACTTTGTGGACATTGCCATCCCATGCAACAACAA
GTGCGCAGAGCTGAATTACCTACAGAACTTTCTGGTTAATTAGCATAAATTGGTATAA
TAGACGCCCAATCAGCTGCTGGTGACATTGTCTCCTTCTGAAATCTGAGGGTTGGAACAC
TTGAACCTACACGAAGAAAGAACTTTCTGCTGTTACTTTCCCTGACATCATTGCAATT
AGGAATCCTGTGACGGCCTGTTGATATGAGCTCCAGTTGGGAACTGGTGAATAATAAT
CAAAGACCCAAGGATGACAGTACTAAACCCAAACCAGAAGAAGAAGTGAACCTGTGAA
ATGGGTTCACTGGTCGAAAAATCACATCACAATATTTATTGGCCCCACTTATTACCAGC
TAAGAGTGAGAGAAGAGAGTGTGTTGCTGCGCATCAGGATGTTTGGTGGACATTCCATTGT
TGAAGCTATGGGTCTCTTTTGTGTTGATGGTTGCTTTCTTGATTTTGTGTTGCCATGTAACA
ATGTGTGGTCTGGATGTACAGACACCATTTTGGACCATAAAGACAAGGACGATTGTCTAA
GACCAAGAAAGTGACCAGCTCAGGGGTCTCCTGCTAGATAACTACTCCGACCGCATCCA
TAGACACCCCTCCCCTCCAGGGTATCTTTAAAAAAGCAAAAACAAAAACACGACTTTTC
GTATGTTTCAGTGTCTCCAACGAACAACACTGTGTATGCTTCAGTCACTCATTCAAACAG
TTCGAAGATTCGACTGCAACTTTGACCTCAAGGTCTAAATGCCGAGAAGGCTGGATATG
CCCGTCTCCCCTCCCCTCCCACAAATATGTATATTATATGTGTCAATTA AAAATAATA
TCTTTGTGTTCTGTGGTACTTGCTGAGAGAAAAGAAAAGTGAGCCAAGCAGAAGGAGGTG
TAAGGTAATAAATTAGGCAACCCAAGTGTGACTCCACTCAAGTGTCTTTTCTGTAGGCA
TTCCAGAATAGGGAGATGCAGGCAGGAATTAGGAAGGTGTTTGCATTTCTGAAACACTAG
CCAGCGTTAGCTGTAAAAGTTGCAGCAATTTATTGGCTAGTCATAGAAAATTTTTGAACT
CTACAAGACCGAGAAGTATGTCATCGCCAAGAACAAGAAGGTGGGCCTGCTGTACCGGCT
AAGGCCCATTCCTGTCTGTCATCCTGTCTCCTGGAGAGATCCTGTTTCATCCCGGTGAAA
TATGTCATGGTGTGAGAAATGCCAACCACAATTTCTACTCCTACATCCTGAAATACAAA
ACCTGAATAGGTTAATAGGTCAAATTGTGTCTCCATCACTGCTTCCCTGAGATTTGATG
CCTATGCTGCATTTATTGAAAGTTACAAGATTTAACAGAAAGTTTTTCTCCATACTGGT
CGACGACTTTGATGATGTGGAGGAGGATGAAGGGCTAGATGACTTGGAGAATGCCGAAGA
ATTTGAGATTCTGCACTCCATGAAAAGTTCACCTGGACGCTGGGGCCAAAAGCTGTTGAT
GGGACCCCTCATCATGGTCTTTGAATACATGAAGCATGGAGACCTGAATAAGTTCCTCA
TATTAACACATAACAAGACAGATGTGGCGGCCCATTTGGCGGAGTTAAACAATCTGG
ACTACGTCAACCACCGCAAACACAACATTCCGCACTTCTGGCCCAAGCTGCTGATGAAGG

GTAAGAACTGTCCGATATGAATCACAACGTGGGTGAATGTAGTATTTTCCTGAAGTGTG
AAGCAGGATCGTTGAAGTTTTAAGTATGGGCAAAAATCTGGAAAACCTAGGATCCCTCTG
CCTTCCTTTTCTTTGAGGAAGTTCTCATTAAACGATCATTCTCCTTATAATAGCCTGAATA
AGTCGTACCCTCTGTTTTCTCTGAGTCAGTCTTAAGGTGAAATGAAGTGTGGCCAGT
CAGCCACCTCAGTAAAATTGGAGAGGATTATTATGCGATGAATAAACTTACAGTCAAAAA
CAGTTATACATTATAAAGAACAGACTGTCTGAGAAAACCTGCTTTGCTTCCAAATCAGCA
AGAAAACCAAGAAATAGGACTGGTAAAGGGTGTGACCAGGTCCCTGGAGCTGCACCCCG
AGGCTTCTCCACAGAGCTTCTGTACAAATTAACAGGGCAGTAGAAGGTTTTTCAGGT
TCTTGGATACACAAGGTAATTTTAGGGCCACATTAGGATGAACTTTTAAAAAGTTATGC
GAGCAGAATGATGCCTTAATCTTAAGTGTCCATTTGTGCAGCATTGACTTAGAGCTACAA
GTATTAGAACTGTTGCCTACACCTCTTTAATTGGTGAACATTTTTCTAAGTTGTGGTC
GGTCATGTGTGCTAGTTCACCAGAGAAAATTGAAATCTTGGCTCCTCCAAATGGGTCTGT
TCTGCCTGCCCTCTTTGGCTTCCAAATGCAGCAAGCTCTTTCTTTACTTAAAATGTGT
GTCAAGGCAATTCACCATAAGGAAAGAGTGTACAAGACGGTAAGATATCAAATAATTTTC
TGCCCTTAAAAGATTGAAGAAAGAGAAAACCTGTCAACTCATATCCACGTTATCTAGCAA
GATAGTTGCCCTGATTCCCATTTGGGTTTGTGAAAAGTGTATGTATTTAAATTTGCTGT
AAGTTCTTCTCCAGAATATGGAGGCACCAAAGTAGTTCTAGATGACAAGGATTATTTCC
CTGGCTTCGCTTCGTTTCATGAGGCACCATCTCAGGAGCAGAAGAAGTGGCTGCCATTCA
TGGGCCTCATTTAAGGGATTCTGATGAGCCGATGGGCCCTGGAGGCAGCCATTAAAGCA
CATCATCAAATCCCTGTTGCTCAAACCCACTAATTAGCTCATTCTTATCTACAAGTAGCA
CTGCTGTAATCAGAAGTGTATGTTAGTCAAGAGTAAACAAGATGCACCCAGTATGGTGG
TGACAGAAAAGACATCTGAGAAACAAAACAAGCAAATTTGTTTTCTTTTTGCACCTGCC
GAGAGGAAGAACCGCTCTTCCAAGAAGAGCTCCAGGAAAGGCAGGACACGAAGCTCCTCT
GGAACTACATCCACCGCGCAGATGCCAGGCAGGAGGAGGACAGTTACGAGATCTTCATCT
GCAGTCTTTGATTTCGTACAATAGAAGGAACACGTAGAATGTATATTTGTACATTCATGTC
TATTCTCCGAGAGGTTGGAGACGTCTTGTCCGAGAAGTTGGAGGGTCCCTGTCTGAGGT
ATTCTTAAGAGGAGATATTACAGACAGCACTGCACCTTTGGAGTTGGGCAGCTACATCAAG
CTGTCTATATCGACTTGTCCATGTACGTCTATTAACCATAGTCCGAGCGTGCTAAGCA
GATGCAAGTGGCTGGTCATGGAGAGGACTTTTTGACGAGCGCCGGCAAAGAGCACAGCG
TTTTTGGGGGACGGAGGACTTGGCCTGGAATTCTGGAATTCAGGGGGTTCAGACATGGT
ACCTGACACTAAATGTGGGAAAGGGATGGGGTTCCAGAAATAAAGCAAAAATACCAGGCA
GAGAGGTCACCCTGCAGAGATTGATGTCATCTTCAAGGACTTTGTGAATAAATACACGG
ATACGATTCCAGGTGTTCTATATGATTCCAGGCTGTGATGCCACAAAGCAAATGAAGAGG
ATGAGAAGATGCTCCAGCTGCAGTCCAAAGCCCAACACCCCAAGTGTGCCACGTGTGAT
GTACTTTACTCCACTATACATTTGAAAGTGGGTGCAATGGAAAAGTTTATGTGATGAGTT
ATACTAGCGTCTTGTTTGTGCCCATTGCCTATACTTTTACCTGAGATGTGTGAGTTGG
GAAGACAACAGCTAACGAACAACATACGTGTGATAATTTATGTAGTTGAACCTCTAAGGC
AAAGTGTGACCAGTGTGGAAACCCAAAGGGCAACAGATGTGTGTTTCAGCCTGTGCCGCGG
TTGTTTTTACTGGTTTGTGTTTATTTTTCGGGGATACTTAATAAATCTATTGCTGTCA
TTGTGTTCCCGTAACAATTCCTATGTTGAAACACGAATCCAAGGTGATGGTATTTGAAG
CTGTCAACCATCTGTACATTTGTCATACTTGCCAAATTGAGGCGGAGAAAATTGAAAAA
ATGAGACCGGACGATTCAGTTTACATTGCCATATCCAGTGAAAATCAAAGTTAGATTTT
GAAGCCAGTACTACAGAAGTTAGGTCAAGATGAAGACATGGATGTCAAATACTTTGCACA
TTAGAATTATTCCTGGACTATTCAGTAGCCACTCAGATGCCACTGTGTGAAAGGGCCATA

AAATCAAAAGTATTCCCTCAGCTCCAGTGCTACCTGCGATCTGTGTTTGCTCTGACGAATG
GATGGCTACATTGACCTTCAGTTTAAAGAAAACCCCTCCTAAGATCCCTTATAAGGCCATC
AGTGTCTTGGGCGTGGATCAGTCTTCTCCAAAATACGAGCAGTGTATGAAGATATTGAGG
TTAACAGTTGCTTCCCAGTTTCTGCACAGCTGCATGGTCTGGGACACTTAAAGAAAAAA
TGAGCGACTATGTACTTGAGCTAGGTCACCCCTATTTGTGGGTGCAGAAGCTGGGTGGCC
GCCACTGCAGTCATCCCCAGTGGCAGAAGGATGAATTGCGGGAGACTCTCAAATCCCTA
TGGTCCATTTGCTGCATCTGTTCCAAGAGGGAAGCTAAGGAGTTTGTGAAACCAGTTGA
AGGATGAAGATCATTAAAGCATTTTCATCAAGATAGCACTGCACTGTAGGGAATGCAAGAAT
GGGCTGAATGCTATAAACTGAGAAGCCAACAGATCAGCAAAATCTATGTTTAGCAGCACA
CCCTTGGGTCTTGTCAACCAGAGGTCTAGGGAACCACAACCCTTATTGTCCTGGGTGGA
AAGATTTTTTCAGGTACCCCTCACTAAAGGCACCGAAGGCTTAAAGTAGGACAACCATGGA
GTGCCGGGGAGGTGTGGCTCACTAAGCTAAACTCAACCTCATCAGATAAAATAATTAGTT
ATACCCATTAGTAAGTTTTGTCTGAGTGTGTCCTCGCTGTTTATTGTCTAATTTGGTAA
AGGTGAAGATGCCAGTGAATTCAAAGGCCTGGATTAATGGCTTCAGCTTGGTCTTTCAT
GGTGACCTCAGGAGAGAAGGTGACCCTGCTGTGTCAGTCATGGGACCCGATGTTCACTTT
ATGGGGACAGGACCATCGACTATGAGGAGTTTGTGGCCATGATGACGGGGGAGTCCTTCA
ATTTGCAAGACAATAGTTGAGGCTGCAAGTATGATGAGAGACGAAAAGCTTTTGTCCC
GGTGTTTTTGTGGTTTTCCGTATTTCTTTTCACTTTACCAGAAAGTGTCTTTAATGGA
GCTCAGGGAAGGGGCTGGGATCGGAACCTTCTGCTCTTGTCTGGACAACCTTTCCCTT
TATCCATGACTTCCCTCAGTTTTATCCTTTAGGGATTGTGCAACATGATTGATCTTGATG
TTAATGAATTGCTCAGTGTACGGCGAGGTGCCAGTCTTCAACAGTTGCTGGACATCATT
AACCTGGGCAAGCATGAGAAGTTCTCGGAGGTGCTTAAAGCGGCTGCGACTTCAGAAGCGA
ATACAGGTTATTTTACGATCTGTTTCCAAATCCCTTTCATGTCTTCCACTTCTCTGGG
ATATCCGCTTAGCCCAGCCTGTATCAGGCACTCAAGTTGTGCAGGGACAGATCCAGACAC
AGCCCGCAGCTCCTGCCACCCCTGCCTTAAAGATTTCCCATTAATGCATCTGTTTAGAAG
CTCCACCCCTTTTGTGTCTGGTATGTTTAAACAAGAAAGAACTTTAGAAAAGTAGGAT
CAATTTGGTGAAAATGCTGCTTTCCTCAGCCTCCCCACAATTAAACTGCACATGGTCTCT
CGCGGGCTGCTGCCACCCGCGGGCCCTGCAAGCGCTGCCGCTCGTTCTGCGCCGCGGT
ATTAATGAACTCAATGATGAAGATTATCGGCTTATGAGAGACCATAATCTTTTAGGCACC
AATAAGACAAACGTGGCTGGAGTATTGGAAGGGGAAGTGAGTGTTACTAGAGAAGGTCAT
GCTGGGAACTTGTGGGACTCACCTGACTCAAAGATGACTAATATCGTCCCATTTTGGAAA
ATCTGTGACATCTGTTGTAGAAACCTCAATATCGAGCGCCAACCTACACTAACCTTAAC
ATCATTTGATTTGCAATTGTCCAAGACAAGTTCTCGAACAGCTGACGGGGTCCAGTTCT
TGCTGAATGAGTTACTGTGCTTTGGCATAGCTTCTACATCACAGCAAGTGACTTCTCAGA
TGTCCAGCATCAGTTCAAAGTTTCAAGTCCAGAGCCTCATCTAATCTCACCTAGGCCA
GACGTCCTGGAGAACTCTGGAAAAACAGAAATTTTATGACCCACAATTAATAATGATTT
AGTCATGCAAACCGTTAGGAAAACAGAGCCTATATGGAGTTCCCTCTTCTAACCCAACT
TAGTCGTTTTCTCAAATGGGATACTGTTGTAGAGCTGATCTTGTGCTTCTCACCCGTCA
CAAATGCTTCTCTTTACAAAGACTGTGTATTCAATACCTTAAACGAACTGAAGTGGAG
AGAACCCTCCATAAACACAAAGCAAGCTAAAACCTATGAGCAACAAGCAAGTGAGGCTGC
TTGTCCTGGCCTTTGGCAACTACATGAACAGTAGCAAGCGTGGGGCAGCCTATGGCTTCC
AACATCGCACTCTTGTGAGACTTAACTAAGCAGATTTCCCGAGACTACGGTGTGCTGTTA
CCACAGCCTTGACGACGTTATGGTTACCCCAAGTGAAGTCTCACGGTTTTTTGTTGTTAG
CTGGAATCGAGAGAAGACTCCTCAACAAGTTGCTGCAATGTCTGTGCTAATCTATCATG

AGAGCTACAGGAAATGGTTGTTTCTCCTATACTTTGTCCTAACATCTTTCTTGATCCTA
TGGATCTCACTGTTTGGAAATGGCCGCGATAGTTCACGTGAGGAGTTCTCATCCTCTTAG
ACCATGCTATGACGTGCGCTATGCACCCAGCTGTGCCAAGTGCAAGAAGAAGATTACAGG
AATAGGGACTTTGTTTAGGCCAAGGAAGGAGCGGAAGTAGGGCAACTCGGTCCTGCGATT
CTGATGCTTTCTCCAGAATGAAGAGTCCCAATTTGTATATCAGTGTTAAGAAGAAAACAA
ATGTTTAGGCACAGCTATTTATAGGGGAAAACAAGAGGCCAAATATAGTAATGGAGGTGC
ACAAGGAGAAGTTTGGAACTTGGGGATCCAACCTCCAAAAGGGGTGCTGATGTATGGGC
GAAGTCTTGCTTCAGTCGCTATTAATATTACCAAGTAATAATAACAGCACAGGCAGAGTT
ATGGCCTCAATCTCCAGCTTGCCTGCATCTATTTGGTCTTCATTCTGTATGAGGATGAA
GCAGGGCCTGGTCACCCCCCGCACGTGGACACCCAGGAGCCTTGGGGACCCCCAGGGTA
CCGCGGGGAGGACCGTCCATCCCCTTCCCCGCCCCCTCTCAATAAACGTGGTTAAGAGC
AATTTGGGATTGAAGTTAACTACAACAGTGCCGCCAACACCAAGTCTTGCAGGAAAAAA
ACACAACCTGAGCCCATGCTGATGGAGTACCCTGAGGCTATAACTCGCCTAGTGACAGGGG
AAAGGAGGTGGTGTCCCTAATTGTTTTACTTGTTAACTTGTTCTTGTGCCCTGGGCACT
GTGCCCCGAAATGGATCTACCACCTGACTGAAGGGAGCACAGATCTCAGAACTGAAGGC
GGTCGCACACGAATAAATAACGAATGAACGTACGAGGGGAACCTCCTTATTTCTTCA
AAGAATATGAAGCCTAAATGGAAGTGTGAGGAAATGGTCGCCTTGCAGGACAAGGAAACAG
ATTGGAAAGCAGACATTGAAAGTTTTCTTTCTATCTTTGTTATGAATGTGCTATGGCCC
AAATAATGCTGTAACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAAAGGCTCCCAAACCTCATCTA
GTGGGGCCAGGCATAGGAATGGACCAAGAAAATGAAAACAGTTAAAGCTGGATTTTAAA
CCCTGTCTGCATATGGCCTCTCCAGCGTGACCCTGTCTGCCTGTTGCCTCTCCAGTGTGA
ATCTGTGAGAGAAGCGCGTGAGAAATTTGAAATGAAGGCATTTGTTAATACAAGATGCAA
ATGGAAAGGATTCTTGACCTCTACCAAACATATGATACAGAAAACCAGGAAACGTAAA
TTTGCTTCTCTGAGCCTCAGTTCCCCTCTGTGAGATGAGGCTAGCAACCGCCCCATGTC
CTCAACTGCAGGAACTGAGGTGAGAGGAGGCCATGTGACAATAAAGATCATTATGTACTC
ATGATGGATAGAGTCATGGGCCTGCCTCTTATGGAGCTAAGAAATGAAATCTGGATACGG
GTCTGATTTTTCAGAATGATCTAGCTTCAAGAAAAGCAAGCAGTTAGTAGTGCTTAAGAA
TGCCCTGCCAGCAGCATTTCATGGGACCCATCCTGACCCTCCAAGAAAGCAGAAAAGGG
TTGTCTTTTTCTTGACTCGGAAATGTCCGGTCGTGGTAAGCAGGGTGGCAAGGCGCGC
TTCAGAGAGATGTGTACATATCCCACGTGAGGAAGGAGCAAGGGAAGCAAATGAAGAAAC
GGCAGATGTACGCTTAAATTGGTCTCCATTTCTTCTTAGAATGTTGATATATGGATAAG
CACTTTGGTCATTTCTTTCTCAGAGGAAGCCTGAGTGCTCACTTAAACACTATCCCCT
TTCTGGTAAAAAGCTGGAAGACGGCCCTAAATTCTTGAAGTCTGGTGATGCTGACAGGAA
CAGGGTACTGTAGCCCGGGTCCACATTGGTCAAGTCATCATGTCCATCCGCACCAAGCTT
ATGGAGTAAATAGTTCTAATGGAGTGGTGGACCCAAGAGCCATATCAGTGCTAGCAAAAT
GGCAAGAAGCTCCTGCAGTACTACAACATCAATCTGGGCTTCAAGACACCTGAAGAGGGC
GGCCTGTGAGCCAAATCTACCCCACTGCCTGTTTTGTAAATAAAGCTTTATCAGAACAT
TCTGCCAAGGATGGCTTCATCTCCGGCATTGTCTACCTGTACCGAAAGTGAAGGCGACC
AACCGTGCCTGAAACAGTTTGAATGATTGTTTTAATGTTGTTTCTGAAATTCCTTGACC
CTTATTAACAATTCATACTTTTTCTTCTTAAAGAGGAATTAAGCATTTCCTCAATGAG
CTGTCTGTTACCATAAGTCTGATTCTTTAACTGTGTGACCAGCGGAAACAGGTGTGTG
CCCTCCATATGGAAGGAAAAGGAGACATCGGGAGTTACGTTAATCATGCTCATTCTTAA
CTAGCAAGAAAAATTCGCTGTAGCTTGTGATGTATTATTCTGGATTTCTCAACTCATTCA
ACTGAGCTGTGGCCTGGGGTCCGTGGAGCAGGTTGAGTATGGAGGAACTGGGGTCCGT

GCCTGGGCGACAGGATGAGACTGTGTCTCAAAGAAGAAAAAGGAAAACTAATAGTTA
TGCCCAAGGGACCAACCAAGAAAGATGCCGCCCTTATCCTCCTCCACTCCCCGGTATGA
GGAAGCTTAAGCAAAGGAAATCTGGCCGCTCTGCTGGGAAGTATGATGTGTATTTGATCA
AGAGCTGAACCCTAATGCAGAAGTGTGGGGGGCTCCTGTGTTACATCTGGAAGCAAGCAG
TGTGGCTGGACTCAGACACATCACGCTCCAGTTTGGGTTCCAAGGTGCTTCTCTCTGGAT
TCATCCCTGAAACATCAAATTCTGATATGCAAACCAAAAAGGAATATGTAGTTTCAGGTG
GGCCTTAGTAGAATTAGCTGTATTTAGACAAAGTTAGACTTTAGTGTGAAATGTAATCGG
AGTGTAGTAGTGCTATCGCAGCTGACTGCAGCCTCAACCTTCCAGGCTGAAGCGATCCTC
TGGGGAAACCCCTCCCTACTGTTGGATGTATGTGTGACAAGTGTGTCTCCTGTGCTGCGA
TGATACTGCAAAGGACCATAGCCTAACCAGCCAAGCAAACCTGGAAGTACCTTTAGACTCA
GGAAGAGGTGATCACTCTCACACTAAGACTGAGGAAATAAAAAAGGTTTGGTGTTTTCT
AGTAAACAGCTGCACAGTCTGGGAATGAAAGGATGAAAAGAAGCAGAACTCTAGATGCA
AAGAAGAGGGTCTGCATTTTCTAAACCCAGTGTGCTCTCCCATCTCCCATCTTCTCT
CTGTGTGAATTTTACATTATTTGGAGCCTCATCTGTGTCAGGCTATAACATTCTATCCTC
ACAGCAGTGCCTATTCTTACGGCCTTTGTGGGAGTCCCTGCCGTCGAGTTCTCCTTTA
AGAAGGAGAAGTTGGAGAGGAGATTACTGAAGAGTTGCTGAAGATGTTTCATGGACTCAG
TGTGTCGAGTGGTTTTAATCTTTGTTTGAATACTTTCAACATCATCAATGGCCTTGA
TGGGATAAATGCCTGAATTTGGTTCTTCTACAGGTGCTATAATAAAGTCCATCTCTCAAT
TAAAGAGACACTTACGTGAGAAGCGTTTTTGTACAGGGAGTGTGGGTGAGGCTTCATCT
GGTGTGTTACAGAGGTCACAATCCTGTACTGTATAATTTTGAATAGAAATAGTAAATG
GATTCTCAACGTCCACCTGCAGGTATATATTTAGAGCCACTAACTTTGTGGCATTGGGG
AAATGGTGAATAACCCCAAATTCACCTGGCACAGTCACTTACAAGTTGTCTACCGCCT
GAGTTGATGGCTTGCATGGAGAACAGGGTAATCACGGAATCCAGGGTTCATCTGGAGAAA
TTTGGACACACTAGTAATTGATTTTTGTTTACAGATTGTTTTGTTTACAAATTGTTAGTC
GAACTTCTGTGAATTTTACCACTCAGTAGAAACCATCATAGCTCTGTGTAGCGTATTCAC
GTTTGTACCTTGTGATGAAACACACGTATATAAATGTGTGGACAGAAGAATGTGAAGGA
TTAGAGGTGTAAGCCCTTAAAGGGCCAAGAATTTCTTTTTCCGGGAGCTCGGCTCTTAA
TGCTATTTTGACTAGTCTGAGTGAAAAGTGAGGATTTAAATGAAGTAACCCCTAAACTCA
ACGCTTCTGCCCTTGCACTTGTGTAAGTGTCCACCCAGTCCCTGGTCGCACTGCG
GGCAGCCTAGAAAAACAAACAATTAATGTATCTTTATGTCCCTGGCACATGAATAAACTT
TGTGTTTTGCATGTCAATCTTGTAAAGCATGAAGACCTACTTATAGTAAGGTCATATGTGT
GTACAGACACAGCTGTGCCTTCGGATTCAGACAAGAAGCTTCTGAAATGGACATTGATT
TCAAACAATCTTCTGCCTCGGCCTGCCAAAGTGTGGGATTACAGGTGTGAGCCACAGC
CAACAATGTCAGCACTGGCTGCATCCTGCTGGGCGGACTTTCATCTACGATGTCTTCTG
TTCCATCTCATAAATATTCATTTTCTTCAAAGTCTTTTTTCAATCTCATAAAAAAGGGAT
CAACCAGACGTTTAGCGGGATCATGACTATGTTGAATATGCAGTTTGTGTACGAGTGAG
TTTTACTCCTTATAGCTGATTGGCTGAATTTACCAGTGGGTTTGGTATGTTCAACAAATG
ACCTCCAGAATATTATTAGTCTGCATGGTTAAAAGTAGTCATGGATAACTACATTACCTG
GTGCAGAGAGAACAATTGGGGCAGATTTTAAAGACCTTAGAGAGTAACCTGTTTACAAATA
TGCACCTGAGGGAGTAGCCGCTCTGTAAATCCTTGTGAAAGAATGAAGTGTCAAAGGT
CATGGTGGTTCAGAATAGATGAGCATAGCATGGTTTTTGTGTTTTTGTCTTCAATTTTC
CCCCCGCCCGCATTTCCGGACGGCGGGGCCGAGCCAAGGTCACGGTGTCCGGGTGCT
GCTCTGTGGTCATCCCTCTCCCTGCTGCATGTTCTTTGTTTCCAAGAGAATTCCTGAGA
GAGTGATTACACTGGTTGACTAATGTTAAAACAACCTTACTTTCCAGGAATAAACCTAT

TCAACCAGATCAGCTGCGGGCCAAGATGATCCTGTTTGCTTTTGGCAGTGCCCTGGCTCA
CAACCTTGATGAGAGCTGATTTTGAAAATCAAGAGTTTCTGTCTACTACTAAGATTCATC
TGCTTACATGAGCTGGTGAACATGAAGAAAATGGCCTGGTCTTTGAGGACTCAGAGGAA
TTCAAGCAGCTGCCAGCCCCGCCCTTCTGCGGCCGCGGGACAGCAGACTGCCGGTAA
ATTAACAACCTGCAAATGAGGTGCAAATAAAATGCAGATGATTGCGCGGCTTTGAATCCA
TTCAGAAACCTACCACAGTAAATGTTCCAACTACAGAAGTCTCACCAACTTCTCAGAAAA
GCAGTCCAGTTTCTCTCCCCTCTGACCCCTAGAAGGGGAGTTGTAGCCCCATGAACTAGT
CCGAGCCTTCTCAGAGAAGACCAAATGAGGAAGTCAAAGAGGAAACACTTGTTGAAGCA
TACAAATTTGGAAGTGTGGAAGAGCAGTTGAAATCCTTAAAACCCATTTCTGGAAAGGAG
GGCCTCTTTCTATGCATTAATAATAGAAAATCCTATGGGATTACATTCATGTTTGCTTTC
CATTATGCAAGTACGCTATCATCTTCAGGTCTTTTGTATGTAAAATGTTTCTGTTCCAGT
TCTTCTCCACTATTCTTCTAACAGATGACCAATACTAATAAACTACTGTGAACACTT
TTTACCGTGTACATTTACTTTGGTCCTCTATGTATTTAAATGTTTGAAGTGCCTTAGAC
AATCTGGAGAAGGATCAGGTGACAAGGACCTCACCGAGAAGCTTGAGGCCCTGGAATCC
AGAATCAGTGCTGACTCAGGATCTCCTGGTTTGAATCGTAATGTGCCTCAATCCTCTTT
GAGGACTGAGATCCCACCTCCTTCTGTAATTCATTGTAATTATTATAATCGTCAGCCTCT
ACAAAGCCGGAAGTCTGTATACCAGCTGTATGCCCTTTGCAACCACTCAGGCAGCGTCC
TCTGGGCAAGGATTACTCTGTGGAAGGTATGAGTGATTCTCTGTTGAACTTCTGCAACA
ATTTAAGGAACTGTTTCAGTTCATACCTTCCACTGCGATAGGAATCATGTCTGGTCGCGG
TTTCAACAGGTGGAAGTGTGGTCTGCGAAATCTTGGTATTTCGCATTTCAAGAAGGGAG
GTGGACAAGAAGATGCAGAAGAAAATGAAGAAAGCTCATAAAAAGATGCACAAGCACCAA
CTGGCCCTCCCGGCACCGGCGCTCTGCACTTCCAGACTTCCCCTCCTACTCCGCGGCCA
AATTTATGGACAACACGAGCCGCTCCAGCATCCGCAGTGTAAGGCCCCGTGTGTGAGG
GTTTCTCTGCATTGGGTTTGAAGTAGTTTAGTTATGTCTTTTTCTCTGTATGTAAGTAG
TTTATATGCACTGATGAGGAAAGACATACTGTGTGATAGGGAGAAAAAGCAGCTTATAAA
CCTAATGAAAGATTATTCTGGCCCTTCAGCAAACGTAGTACTACTGAAAATTTCTTTTTG
AGTGTGCAAGGAGGGCCCTGTTAGCTCCCACTGTCTGGTTTCTCCTCCTGGAGTCTAAT
TCCACTTTCTAGTCTCGGACCCAGTATTAAGGAATTCTGGTACATAGTTTATTCATCC
ATCTGCGAAACACTAGTACGCCTTTCAAGGGTGTACGCAAAGCACTCATTGATACCCTTT
CTACCTGTACCACAAGATGCAGAACCTAGTAGTCATCTCTTGAATAATATTTTGACATTA
AACATGTTCCAGAACCTAACCAACTATAAAAGCGTCACCGTGGTAGCCCCCTGAACTATCA
AATGTTATGATAGGACATAGTAGTAGCGGTGGTCAGACATGGAAATGGTGGGGAGACAAA
TTTTAGGCCTCCTCTCTGCCACCACCCATAATCTCATTCAAAGAATACTAGAATGGTAG
AGCACGTGGTGACCTTCGACGGCCGGGTATGGGACCTCAGCACCCAGTGCGGCAGCATCC
TCCTGCATTGCCATCTACATAATATCAGATATTACGGATGTTAGATTGCATCTCAGTGTT
AAAGGAGAAAAAATGAACAATCGTTTGTGGTTTCTTGGGAAAACCTTTTCATACCAGGTGA
GGACTCATGGCAGCTTTGCAAATGGCATCAACTGGAAGTCGGGGAAAGGATACAATTATA
TCCATGCATGCATCTATTCATCCATCCATCCATCTACTCAATAAAAGTGTGAGGTCTAG
CTTATGAATACTGAATAGTGAACATAGGGTACATTTATATCCTGCTGATTGCTTAGCTGT
TGGAATGTGATACTCCTTGTGTAGTAGAAATGAGTTGACTTTCATATTTAAGAGCTGATC
TTTCTCCTTTCGCTTGTGTTGTCTTGTCTTATGGCATGCCTAGTAAAGTTTTATGTGTC
TGCTCTTACATTATTGTGGAGCCCTGTGATAGAAATATGTAAAATCTCATATTATTTTT
GGAAAAGCTTTCTGTAGCTGCTTCATTTACCAGAAAAGAATATTTGGTTCCATGGTATAT
AACGTCAATTTGACTGGTGAATTTGAGAAGAAGTATGTAGCCACCTTGGGTGTTGAGGTTT

ACCCTGTACAGTTGCCACGTTACTGCCTTTTTTAAAAATATATTTGACAGAAACCAGGTG
ATGTTGAATTGAAAGCTCTCAGGATAATTAATCCTAAATATTGTCGCATGTTGACCTACG
ACTGTACTTGTCCCAACCGTACAGATGAGAAAGCTGAGACTCAGGGCCAGCAACCCGGGT
GACTCTGGCAGTGGTGAGTAGCAATTCTTGCTAGGACCTGCATTTTTCTCCTCTTAATT
GTTGCTTTCTCTTCTCATCTTTCTTGGTGTATCGGTGAAGACTCTAAATGATTGAATTG
CTGGTGGGGACTTTTTGAGTCTTGAGGGGATAGCGGAAAAAGCTGAGCTCATAGGTGCCCA
TTGACTTGGTTTCGTTTGGTGCTACCAGCAGTCCTGTAATAAACTAGCTATCCATCTGTA
TTTCTATGATTTAGATTCTGGTTGCGAGAGGGAGCCTATAGGAATGGCGAGAAGAGTGA
TTCGGACTTGCTCGGGAGGGTAATCACAAAGCCTATTGACTACCTTAACCCACCTAAGTAA
TACTCCAGCCTGGCAGGGAAGGAAGGAACCTGACTTGCTTCGCAGGATCTGGAAGCTCA
TATGCTGTGGAGATGAAAAAGCCCTAAAGTTTATGTTTCTAATGTGTACAGAATAGGAC
AAGCAGCTTGTATAATTCCAAGTGGTGTTCATTTCTGTTCTAATGCTAAGTGGTAACGC
AAGAAGCTCTGCAACAAGATAGCAGGCTATGTACACATCTGATGAAGCGGATTCAGAGA
ATTAGAGTTTTCCAAAACCACTCTGAAGCCCCTGACTGTGCCCAAAGTTCAGATCTCAGA
TGGGCCTCAAATGGAGATGGATCCCAGGTCTTGTGGGACCCTGGGATGTTTGGGGACTT
CTCCTCAGTACAATTGCTGAATTTGCCCTTAAAGAAGAGCCAGTGGATGTGGAAAAAATG
GTGAAGATTTTACAGGTAACACTTCCTTTCTTCTTTGTTTTGATAACAGATGGAGATA
GACAAGCTGGCGGCTGGCCTCGACGAGAGACTCTTCCGCCGCGCCTCGCCGAGCCCGTC
AAGGACAACGGAGGAAGAGAGACAAAGTGCCTGGATGTGTGTGTTAATCAAGAGTTGTCA
ATATGCAGGATGGTAGTGTGCAGGTCATTAAGATCATGTGACCAATTGTGCATTCAGTT
TGGCACTACGGAGAGAGTGAGAAGACCAAGATGCGGGGCTGGTTTCCCTTCTCCTACACC
GTGACTGTGAAACAGATGCCCTGGTCTTGCTTTCATCACTCTAGGATCATGAAGTGCTAT
CTCCACGTCCCCGCTCTGCCACCTACTCTCTGTGGGATCTGAATAAAGAGACTTAACCTT
ACATCAAAGTCTGAGCACCCCTCATATTGTTGCAGATTCCAGAGAGCAGAGATGGCAAAA
GTGGGTGTCCAGGGGTCGTGCAGACTGGGGGTCCTTTCAGTCCATGGCAGTGAATTTCCC
CAAGTCTCCCACCCAGAAGTCTGGCCAAAATGGCTCTCTAGGTGGGCTGTGCAGGCAAA
AATGAAAAAGTATCACAGCTGAGACAAAGCTCCTCAGCCTCAGCATGTTTGTGAGTGTGC
AAGTTCCTGGGGAACATGTGCTTTACCAAGAAGCACAGAAGAAGGGCCTAAAGAAGATG
TCCAACCCCTTACAGCTCCTCTGGTGGAAATCCATGACTCATATGTTTAACTACAATA
AGGTGAAAAGTCAAATGAAACAGTACAATTCTTGATGAGTGAGGTGTCATCTTCCAACCA
ATCTCAGAAGTGGCATCTGGACCTCCCTAACTGGGCCCCGCTGGTCCCATTTGCTCATT
TTTGGATGATGAAGATTTGGACCCTCCATTCATAATCCCTTTCTAAGTGAAGGGAGAGG
AAGCAGGTCCCTATATTGACCAAGGAGTTTGTGGTACGACCCCTCCCCCTCCCAAGTAG
CAACATCCAGTTGAACACCATTGCAAAGCATATCGATGCAGAATACTGACGTCTATAGGA
CTCTACTTTGTGATCCTAATCCAGATGACCCCTTAGTACCAGATATTGCACAAATCTATA
AAATTAATGGCAACTGCACAGGCATTAATCTACGTTTCTGATGATGGCAAAGCTCATT
TTAGACCTATTCAAGTATGCTCATGATCCTGTTACTGTGTGCCATCATAGATTTCTTT
AGAATGAGACCTGGAGACAAAGGGCATAATTGTTGGGGAAATGGATGACAGCTGAAGCTA
AAAGTTATTAATGGTCATTGAACCATAACTAGGACTTTATCAGAACTCAAAGCTTGGGG
TTTACTATGGCTGCGGTCCCTTTAAGTGCGAAGGTGGGGGCGAGGAGGAGGTTAAAAAA
AAAGAGTCTGTACATCTTCAGAGTTTTCAGTCGGCAATTTCTTGGCCATGGATGTAGAACC
TCCAACCCCTCCCTCAAGGAATCCTGTCAGAAGATGTGAAATGCAACTGTGTTGCAAAATC
GGTACCTGTCCCCCTCAAACCCACAGGTTCTTTCTTTTCCATCCAACAATTAAGAT
GAGTAAATAAATTTTATGGGCGGGTGCCAAATACTGCTGTGAATCTATTTGTATAGTATC

TTTTGCGAACGGCTTAACCTACAGATTGAAGAGGTCGGAAGCTCTGAGGCCCGGGGCTTC
AAAGAAGAAAAAGGCTAACGATTGGGCTGCCACAGGCTTACGGCCACACGTGCCCTGTG
AGCGACGTGGACCAGGAGGAGCCGCGGTTCCGGGGCCGTGGCCACCGTCAACCTGGCCACG
AAAGGTGTCCAACTCTACAGACCCACAGAATGTAACGGATGTCTCTCGATTCTCTCTCC
GTTCAACTGGCTCCTGATTACGATGCTTTGGATGTTGCCAACAAAATTGGGTTTCATGTAA
AGATGCGTCAGATGAAGAAGGGTGTATTTACAGCGAGTAGTGGCAATTTTTATCCACTATT
AGGTGTCTGTGCTATTTCTGTACAGCTATAGAGATGACTACTACAGAATCTTATTTTAAAC
TGTTTTACAGTTAATGCTGATCTTGTATTTTAAATTCCAACACTTTGTGTCACTACCTCC
GCTGACATCATTGGAAAAGTGCATCACTTAGAAAATGTATCTGTGTGTCAATTTTGTGG
AATTGTAGTGATGATGCTGTTTCTCACCATTCTGGGACTTGGTAGTGCTGTGTCACTCAC
AGAAATCCAAAAGAATTAGCATCAAATCTGAAGTCGTGAGTGAAGCTGCGGGTTGGCTT
TAAGCTTGGTGTGTACCCAGGGAAGTTATCTTGGTATAAACCAGGTAATTTGGAAGTGAA
AGCTGAGGAAAAATACTCACGCCAATGGGTAAAAGGGAAAAGGTGAGAAGGAATGGAGTA
TTCCACTACCATGAGCCATATTTTCTGTATTACCAGCAAGATGTTTGGGTTTGTTTTTG
GAGATCTCAAGTTTCAATATCATGTTTTGGCAAACATTCGATGCTCCACATCCTTACC
GACAAACACACCTTTTTATACCAATCAGTATCCTCTGTTCAATAAACTGGCTATCCATT
TTTGAGAAGCTGTTAATCTTTTAGCTGAATAATGAAGTTAGACTGAATTACGTGTCTCCC
AAGTGGGACCCAAATCTACAATGGTTTGTCAACATGTAATGCCTTTGAATGAACGACAAG
TGAGATATTTAAGGTTGAATGTTTGTCCCTTAGGATAGGCCTATGTGCTAGCCCACAAAGA
ACTTTCTTTTGTTTTATGCTACCTAAGTGTGTGGTGTCTATCCAATATGTTACTAGGGTA
AAGGACGTTTAGAGGCATGGTACTAGGACTGAGCATGACAAGCTTATCCTCCCATAGTAA
ACACACATATACATACATATACACACATATACATACACGTACACACACAGACATATATAA
TTGAGGAGGGAAGTGTCTTACCTGAGAGCCTGGCTGGAGAAGACTGAGGTCCAAGGCTTG
TCTTTGGCAATGGCCACCCTGGTGTGGCATATTGGCCCCACTGTAACTTTTGGGGGCTT
GATAGCCCTGTTATCATAACATAGTAATGTTATAAATAATGGTAGCTGCTGTGGGTAAAG
TGAAGGGGTCATTGATGGCAACAATATCCACTTTACCAGAGTTAAAAGCAGCCCTGGTGA
TTGTCTGGATGTGCCACGTTTTGTTTATTCAATTTATCTGCTGAAGAAAATCTTGGTTGCT
ATCAGTCTGGACCGGGCGTACCCCTCTTACTGGGCTCCAACATCGGCACCACTACCACA
TGCGATTGCTCTTCTTATCAACCAGGACCTCATTGCCCTCATCAGGGCTGAGGCTGCCA
AGCATCCTGAGTGTCTGAAGGGACTCACTGTGCCATTGCCAGCATCGACATTCCCTCA
AGGCATCTTATGTTAATCTACCTACCATCGCTCTGTGTAACACAGATTCTCCTCTGCGCT
GGGAAGAAATAGGAAAAAGAAAGACTTCTCTATTTTCTCATCTCCCTAACATTCTTCT
CCTTTCCGGCCCTCCCCCTCAGGTGCCCTCGCGCCCCAACCGCGCCCCGCCCCGGGGTCCCC
TGCTGCTGGTATGTTGTATCTCGAGAGTAAAACTGTATACACAGGGACCTTGCTGCAAG
AAGACCATGGATGGGAAGGCAGATGTATCTTTGTTCTCTTTTTTACTGTAATAATGAG
TGTCCTGAGTTCTACAGTATGTGAACAATATCGTGTGAAGTGTTTTTTGCATTTGTGCA
TTCCGGAGCTGGGTTGCTTCTGCTGCAGTACAGAATCCACATTCAGATAACCATTTTGT
CAGGTAAGTGCCTTCTAACGAGCTGGCATTTCACATGTCAGATAGGACCAACTTGCCTT
AAATGCCTCACAGGCTTCACAGGGCAGAAATGTGAGACTGATGTCAATGAGTGTGACATT
TATACGGAGAAGTTAGCACAGGGCAGGCATGGTCGGCACTAAATAAACACACACATTTAA
AACTGGACCAAATTAGACAAAGAGAATCAGATTATCACCAGGAGAGAATTCAGAAGATC
TAAATCTTGTGGCTTTAATACACCCTTCAATTCTCAGGGAGTGTGGTGGTACAGGC
TGCTTACAGATGATGGCTACATCAAGATCTATGATGTACAACATGCCAATTTGGCTGGCAC
CATCACACCTATCCATGAGCAGTGGGAAAAGGCTAATGTAAGCAGTCCCCACCGGGAGTT

CAGGGTTTCGTGTCATGTTTGCCAGGCTGGTCTTGAACCTCCTGAGCTCAAGCAGTCCTCACG
ATCGGAGGTGGGAGTGAAGGAGCTCAGGGACACACAGGACATCTGGAGTGTTCTCAGTGA
ACACATGCAAATTGTCAGCTTATTGAGACAACCCACTTAGATTCATATATGGACAAGGAC
TAATTCATACTGGAGAGAACTATAAATGTGAGGAATGTGGCAAGCTTTAAGCTATCCCA
TGCAAAGGCCGACTGGAGGTCAAGTTCTGGGCCTGAAGAGGCCACCAAAAGTCAAAGCG
GGAAAATGGGCAATGAAAACCCCTCCCTAACTGGCTTCTCAGTCCACTCTGACCAGCCCA
ACGGGGCACCAAATTTGAGACAATAGTCGGATTAGAAATAAAGCATCTCATTTTTGAGTA
GGTGGCAGTCGGAAGGGTTTTGTTTTGTTTCTGTTGCCATTTGTGTAATACTAGTCT
ATACCTTAGCCATTGATAATCTACCTGTTTAAATGGCCCCTGTTTGAACCTCATGCTTT
ATTTCTTAGTCTCTTTCTTCCCTGGCACTCTTCTCCGAGGCCAGAAGTCTGAATTACTA
AACCAATGCTGTGCTGCCAGGCCTGCCCTGTCACCTCAGGATGTACAATTCAGTTAATT
AATCATCCAAAACACAGTGTAGGAGGCCACAGTTAAGAGAAGCAACACCATTAGCTCTTT
ACAGCTCCGCTGCCCCGCTGAACTCCATCCTCCCGGCGGTGGGGCGGCGGCTGCGGT
ACCCCCAACACACAATGAAGCCTCTGCAAAGAAAAGCTTAAATTAATAAGAACACAAA
GCCCAAGCTCAGCCTGAAGAAGTCCCACTCGAGCCCGTCCCTGCACCAGGATGAGGCTCC
AAATCCATCTCCATCCCTTTACTGTCAATCTTCTGTCCAGTAGTTTAGCCTTTGTGGCT
AGAAAATCAGCAGAGCTAGGCAATAAGTCAATCTAAAGTCTACATGCCCTCCCTCTTCC
CCCCAGTCCCCCCCCAAACCCTCCCCAAGCCCTCCGGCCCCCTCCGCCCCGCAGGCTCC
GGCGACGACGTAGGGAAAAACGGAAGAGGGCTTTATTGAACCTACCGGGGACACAGACCT
TCTTAGCTGCTATGTGCAAGACGTGTGTCCCAGGGAAAGCCCCTCTCTCTGTCAGAGGT
CATCCTGCAAAGAGAGAGATAGCTGATAGGGACTGACAAGCACACTGTTTAGATAAGAAG
CAAATTAGGGCATTAAATATCATGTAATTCATAGTTTGAGACTGTTCACTCAAATAGGGC
ATCCTAGAGAATGCCTCCAAGACTTGACGCTGGGTGACCGCTTCAGTGTCTGTGGAGC
ATGAGCTGAAGACTGATTACAAGAATCCTATAGACCAGTGAATACCCTGAATCCCGTAA
ACTAAGCCACTGTTATTTTCTTCTCTGTCAGGGCACTTGATCCATTCCAAAGTCAA
CCAACGCCAAGAAGTGGGACCGGGACTTCACCATCAACCTAGATTTCAAGGGCCATCTGT
GCTTGCTTGAAGGGACCCAGAGTCTTTGGGCCAGATCTTTAAACCTTTGTGTCGTGTTG
ACACTTCAGTGACATCAGTGCTTTGACAGGGGGAAGTTCATCTTGATGAGGATCAGAA
GCCGTCTGACGGTGATGACCGACCTGGAGGACAAGAACGAGTGGAAGAAGTGCATTGACA
GCCTGTTTTTCATAAAGTCTCAGATATGAGCTTGCCCTCTTCTGATAAAAAGATTTTATC
CAAAGAAAGGTATGTTGTCTAACAGGGGACCAACAGAAGGTAGTATTGACAAGTGTCC
TCAAAAATCTCTGCATCCTGAGGTGATATACTTCATATTTGTAATCAACTGAAAGAGCTG
ACAAGCACCGAGGAGCCCATGCTGAATGTGCAGAGGATACGCATGGAACCCTGGGATTAC
CAACATCTTTGAGTGTGTAACCTTTCCAAATGGCAGAATACCTGAAACTGGAGTTTAT
TCAGAGGAACAAGCAACATGAACAGAAATATGTAGAAAAAGCTATTATGCAGAAGCATAA
TGGAATTTGTTTTGTGGACTTCACCGTTCTGACAAGCACAAGTGTCCGTATGATTACAA
CCCCCTCAAAAACAGTAAGAAGTTCAAAAACAAACAATATATCAAGCCACAGATTCAA
AATGAGGACATCTCTACAAGTGTAGTATATAGAATGGAAAGTCTGGGAGAGAAAAGCTAA
AGGCTCTGTCAGTGAGCAGATCCGGAAGAAGTCTGCTCGGACACACTGGAAGCGAGCCTT
AGAGAGGAGACCCCTGCAGTTGTGGATGTGGCTTTCCCAAGTGTCCACGAGACCCCTGGA
TTTGTTAAACTAATAAACTAGTTTGGGACTTGGCTGGCATGTGCTGCCAGACCCAAAGG
TTGCACTATTCTTCTCCAAGCCAGAAACCACATTTAATTTATAAATAAATTTATGAAA
ATTTGTGCTTTTCTTGTGGGCTTTCTGCTTAGTCTGAAAGGTGTGTGGCATTTCATGGCA
ATTCTGTTCTTCGTGCTCTATGATTGCTGCATCGTTTGCATCACCACTATGCCATCAAC

ATTTCTCTGTCAAACCTCAATGATCATTTAGTACTTTTGTCTTCTCCCATGTGCTTGAAGG
GGACCTCCCTTGTATGAAAGAAACCCTTGAAGTACTGAGTGGGAATATGGTCCAGTCCTATAT
ACAGACAGCTGCCTGGTCTATGGCGGCCAGCAAATGATCCTCACGGGGCAGAACTTTACA
ATGATACACTTACATCCTCTACCTTTTGTTCAGGCACAGATCATTTTCAGGTGCCTTCT
TTAAAGTCAGAGTCTCTGAGGAAGGAATGTGATTTGGCAGTCAGGGTACTAAGCATGGGT
GAGAACGTGGATGGCACCATCTTCCCGCGGTGACGGCGACTGAGAGTGTGCGACGCGCCC
TACCTACTTACCATACTGGGAGGTAGAAGAGATGCAGAGAAATGTGGAATTTGTGGACCT
AATATTAGTCATTCAGAGCAACTCAAGGAAAAAGAGAAGCAAGGATTTTTTCAGGTCAATG
CAGTGATCTAGCTTGATAAGGACATTCATAAGTAACTGGATGATTCTTTAACATTGCAGA
TTTTTTGATGTTTCTAAAGTTTCTTTATCTATGGTTTTCTCCTTCTCCTTCTCGTCC
TTCCAGTCATTGGATCGTGTTTTCTTTGTCCATTATTGTACTGTGCTGTACCACATTTA
CACCTGGCAGTTAACCGGGTACCAAGAAGTGGGAAGCCGGCTGAGCTGCTGAAGATGTTT
ATCTTCATTGGAGAGACCCTCCTGTCCATGAACTGGGCCATCGTGGCCGACATTCTGCTG
AATCAGCCTGAATTTTCTAAATGCAACTTCATCATTCTGCAAATCAGCAAGACTCACTTC
GAGTCAAATACACCAAGTCGGACTTGCGGTTAATCGAAGTCACTGAGACCATTTGCAAGA
ACGTCTCAAAGAAATCCAAACATGAGGAGGAAGAATGGACTGATGACGACCTGGTAGAAT
CTGGGCTGTCGGGGAGGCCTCAGGCCACCTCCAGGAACAGAACACAGTTTTTAAGTTTGAT
CACAGATTCTTTTCTATAATGTGCCTGGCTCTGATTCTTCATTCTGTATGTGACTATTTA
AAGTGGCATGCAAGAGACCATTATAGAAATGATGTGGAACCTCAGGGTGAGGATGTTGGGT
TTACAGCCTTGGCTGCGCTAGTAGCTGCCTTTCATGTATTTAGGATTGAGTGTCCAAGAA
TTTCTTGACAGTGGAAGCTTAATCTCAGAGTATCAAATCACTGCATCTGAGCGTGGGCCT
GTTGTATGCAGCAGAAATGATACCTAAACTAAAAACAAGGACACAAAAACAGGAGGTGC
ATCCCTGCCCTCTCTGGGCTCTGAATCCCCAGAGGCAACAATAAAGGACGTTTCTCCAAA
AAGAAAAAGCAATCGTTCAGCAGTGGTTAGAATACAGGGTCACTCAAGTAGATGGGCCT
CTTTTGAGGGGACCATGACATCTATATTTGCGCAGATCATTTCTGTAGCTCTGATCTTAA
CTTTTCTCAAAGTCACTGATGTTTGTTCCTGTAAATGTATAGCATTGTAATGAGAGCC
TCTCCAGTGAAACAGCCATAAAAGCACACTACCTTGTAGTTTTTAATGTGGGGGTAGAGT
ACCATGTCTCCTGGCCCCCGCTCCAGGGCTCCATGACTGCTGATTAAGAACAGCTTTG
AGCTTCAAAGCTCTTGGAGGCTTTAAAGTTCTTTCTGTTGGGTGTGCATTACAGTTTACT
TCTAATTGATGCTGGGGCCAATGTGAATGTGAAGGACAGAAATGGAAAGACGCCCTTAT
GTAAACTCAAATAACGACTATACTTACGGACCAAATAAATGGCACCTGCATTCTTGTTT
CCGTCCCTGAAGGTTATAGTGTCAAGTGTGAGTACTCGGCGCACAAAGAGGGCGTCCTCA
GCCAGTCTGTTTGAATTTAAGGGCATCTCTTAAATTCCTTTCAAGCAAGAGACCTAACAT
ATCCATCCACCGATCCATCCGTCCACCCACCCATCCATCCATCCATCCATCCACCGATCC
TGCTGTGTTGACTTCTGTTGTCTTCATCAAAGCTTTTTTCCGTGGTATTCTAAAATTAG
GTAGAATATATGAATGAACATTTCTCAGCCCATTGAGGCCTATCATGTGAAACCAAATAT
TCAGTTTGCTACAAAGAACATCTTCAGAGGCAGCAAATAGTGGCAGAATGAGCCCAATG
TAAAAGTGTGAACTAAGGGCATAGCAAGAAGGTCTAGTTATGCGTGAAGAATTCCTGA
TCCATCACAGAGTCTGAGCTCCAAGCAGAAGGGCCACACCTGGGCTTTGGAGACAGATA
AGAGAGATCCTTCAAATAACTCGAGAATCATTTTTGAACCTAAGGAAAGATGATGCGTGC
GCATGAAACATTAATTGCAAAGGGCAGTCACATCCAACCTTAATAAAATATGGTGGTCTT
AACACAAGCTTGATTCTGTTCTCGTTTTCCCGAAGGCAGTTTTCACCTCTGCTTTGA
ATAGTTGGTCTCATCCCTGGTCAGTTTCCACATGATGATGGTCTTATCTAAAGGAGAGGC
ATGTGGCCTCTCCAGCATGACCCTGTCTGCATGTGCGCTCTCCAATGTGACCCTATCAA

ATTCATATTTCAAAAACTTCGGAGCAGATACGACAAAGGTCTTTTATATTGGCCTGAGA
AGTGCCAACCTAAATCTACCTCAGGTAAGTAGTTAGATTAACCTTTTCAAGATTTAGAC
TTGTCCATAGTTGTTTTAGTGGAGTCTTCCATTCTGTATCTTACCCTAAGATCTGGTTC
AACAAAACTGGGATGAGAAGCTGGGGTTCCTCCCACCCCTCTCCAGGACCTGTGAATGTC
AAAGAGCAGAGCGCTTTGGGATTGCCTGATGAAAAGTTCCTGATACTTTCTGTTCTCCAG
GCCTTGACAATAGAACATTGATTGCTGTGTCCAACCTCAGTACCTGGAGCTTCTCTTAA
CCAATTCTGCTTGGCTACAGAATTATTGTGAGGATAAAATCATATATAAAATGCCAGCA
CTGTGTGCCTTCTCTTCTGGTTCTAGAAATACATCTAGAAAGGGGGAAAATGTTAAT
ATTTAATTGACTTAACCATTTTTCATCTATTTCTTTAATAAGAACAATTCCATCTTAATA
ATTACAATGATTTTGGAAATTATAACCAGCAACCTTCTAACTACGGTCCAATGAAGAGTG
TTGGGAAAACCTTGTGTACAATGATAATGAGCCATTCAAGCCTTGAAGGGGATTA AAAAC
CATAATGCCAACTCTGGAATCAAATTTCTTGTGTTGAATCCTGGGACCCTATTGCATTAA
GGCCAATATAAACCAGGTATTGCCACCGAGATCTGAGCAGCCAGAATGTGCTCATTCCGG
TGTGGTTCTCCATTAAGAAAAGCTCAGATAGTCTCAACCCACCCCTCTCCCCTTGCTGCA
CCGGTAGAAGGAGTAGTTCAAGTTTGTCAATTCAGGAGAACTGTACTGGTCAGTCACATC
CGAAATCCACTCCCGTGGGGGCCTTGCCAAGGAAAATAAGCCCAAGAACCAGGCATTAA
CCACTTTATTTTCAAAGACACTAATTGCTACACTGAATAAAACCTTAATGGAGTTTCATT
CGCACTGCGTGCTGATTATACTCCTCAGCACAATTCATTTCTTAACTTTTTAGAAATAAT
TTACAGAGTTCAATATACTGTGTACCATTGATCTTCTATTGTGAAAGCAAAGAATTTTCAT
TGATTGCATTTGAAAGAGATTCTTGACCTTATTTCTAAACGTCTAGAGCTCTGAAATGTC
AATGAATGTCCATCCCAGATACTTCTCAAATACTTGTAAAAGTCTCCAAAAATGAGC
GAAAATCCAACACTGCTGGGAGTCTAAACGGAAAGAAATACCATGCAGATTTGTATGTT
ATACCTGGCCGTGGCGGAGGAACTGGCGGATGTTTCCGGAAAGTACTTCGATGGACTCAA
ATTTCAATCACGAATCTCTTATTTTGGGAAGCTGTTTTGCATATGAGAAGAACAAGTGTG
TCTTTTACAGTATAGGAGTTGTCATCATGACTTCCAGTTACCTTCTGGGACCGGTTGTC
AAACGATGAGTAGAGGCCTTGCTTACGTTTATCCTGCAACTCATGATGAGGCTTACTCTG
GGCGAGTGTGGCGTCCCCTGGACAGAAGGGGGAGTGTGGCGTCCCCTGGAGAGAAGGGGC
CCAAAGCATCCTTTGATATTATGTATGGATTA AATTAACACTGCTTTCAAATGTGGTCC
TGGGATTTGTGCTGCTGGAAGCTTCGTCTGTTGCCTTTTCTCATTCTGTGGGGACCAG
GATTGTGTACCTTTCTAAGAATTAACCCTCTCCTGCTTACTGCTAATTTTTCTGCTG
TTAAGACACTAATTGTGTGGGAGAGTTAGTAGAGGCCTGTGCAGACACAAGGCAAACAG
GGACCTTGGCCATCTATGACCTGGCTACGCAGACTCTTAGGCATCAGTGTGAGCACCAGT
ATTACCACCTGTAATTCCTCTTTGGATTGTGTAGACTCAACATGAGACATTCCTTTCTGC
AGATTCTTGTCCGAATAGTGAGGGCCTATAATATTCCTACCAGAAAAACAACAATTAATG
GCTGCAGGTGTTGTCGTCTATATGATCTCAGTATTTTAAAAATCAGCTTCCGGCCCATAT
GTGATCACATTGTTGGAGCATGGGAAAGAGCCCTGGATGGTGGAGAAAAAACTGTCAAAA
TTTAAAAACTCATCAGCACCTGCTTCTGCATCTGGACCCTGATCTTCTGGTGGGTTTAC
AACAATCTAGGTTTTAGCTGTATGAGCTATGTTTATTATGGTGCTAATGTTTCAGTAGCCA
GCATAGACCTCAAGCCCACACCTCATCGGAGGAACCTCAAGAAGTTTATGGAAAAAGACA
TGCCTCGGTTCTCTTTGGCTGTCTCGGGGACTCCGGCTGAGGCACATCTGCCACTTTT
GGGTGATGAAAATGTTCTGAAATTAGTGGTGATTGTGCACGATTTTGAAGAATGACTAAA
AGAGGTGGAACAGGAGAAGATAGCTGTGTTTCGGGATGCAAGCCGGTTCAATCTCAATCT
CCGAGGTAATGAAAATGCTCTAAAATTGACTGTAGTGATGATTGCACATATCTGTGAATA
CAAGTATTCAGGTGAGCCAGCCCTTCTTTATTTCCATGAGGAATTTATTTGCATGATA

TGCCGAGAACAGGGAGATAAACACCACCATCATCTAAGAGCTGGTCAAGAAATTA
GAAGAAGGAAAGAGCAACAGCCATTCTTCTGGACCACAAATAAGAAGGCGTACAGTATGA
ATATATTCCAGCCTTGACAACTGCTTTGAGGTACTGTAGACTGCTGAAGTTTCCACCCT
AACCCAAATGTCCATCAATGATAGACTGGATTAAGAAAATGTGGCACATATACACCATGG
GTGGATGAGCAAATGCTTAATGTCCAAAACAAAACAGCAGCTATTTTGTGAGTGGATC
CTTCCTTTTGCCTTTGAGACCAACCAAGTGCTTCCAAATTCTTTTGGTGAATTGAGG
AGGACGCTTTTCGGGTAGATCCTACTGCCACCCTAGCTATGGGCACATGTCAGAGTCCCA
AAACATTACAAATCAAACCGCTTCTCTCAGTTTATTTAAGATGCTTTTGTGCGAGCGGA
AATTCAGCACGGATGGAAAGATGGAGATGAACCTCTAACACAGTGGAAAGGAACCGTTCT
TTGCTTTTTATATAACAACAAGACTCTTTTTGTACTACCATACTCTGGCCAATACCAGAG
GTTTCATCTGGGACGGGTTACAATGCATTTTGTGTAATCATCTCTTTTCATTAAGTGGCA
CCCCCTTATCTGAAAGATCAAGAAGCTGGAGGTATTTGTTTAAAAGTTCAACCATCTCA
CAGTCGTGTCTGGAGTAGTACAAACCATCTTCTACTGTGACTTCTTCTACTTGTATGTGA
TCCTATGAGAAAGTCATATTCTCTGATAGCATCTTTGGTCACCTGAAACCTAGTGTCCAT
GGCAGCTTTTACCATTGTTTCCTAAATCCAGCCTCCTCCTGCTCACGGTCTTCCAGTGA
AGACTTTATGTAGTTTTATATGTTGTAATATTTCTTCAAATAAATCTCTCCTATAAACC
TTCTACGTATGATGACGCCCCAGGATGTGCTTCAGACAGGAACACAGAGGACGATCGCC
ATTCCAATTACAGGGCCTCGAAAGAGTCTGTATTGTTATTTTTCGTCACTACCTCCCCG
GCCAGCACCCTGGGCACCCTGTCCTTTCCAGCCTGCCTGTGCACCCTGTGGGCAGTGA
TATGTAGTCATGCACTTTGTATTAATATATTAGAAATCTACAGATCTGTTTTGTACTTTT
TTAATTCTTCGGTGACACTGGCGTTGCTGGGTGGCAATGCCCGTCCTCTGGCTTGGGTTA
TACTGTAGGCTGCTTTGAAATAAATCCCATATCCTTGCTTTGTAAGTTGGTAATATCAC
TTTTCTGGGGTCTTTGAGCTCCAAAAATAAACACTTCTTTGAGGGAGAGCACACCTGA
CCCCCTTAGCCTCACTTCCAAAAATTTTTATCATTTTCTTTTTGGGTCAACAATTACG
ATGAACTTCCTGTACCTGCTGGGAGAAGTTCTGAACAACCTATATCTGGGATACACAGAAA
ACCCTCTCCAGACAAACGCAGTATTTATATACGGTCCATTGGATCTCTATGAAGCACCAG
TCTATCATTCCGCGTTTGGGCTATTACGAAGAACTATCATGAGCATCCATACGTGGCAG
TCATGAAGGCCATGCAGTCTTCCAAGTCCCGGGGCTATGTGAAGGAACAGTTTGCTTGG
GAACCTGCAGAAGTTCACACTTAAATCCTACACGAGAGTCGTATTTATGATGCAGAACTC
CTGCACCCAGCCACTGACACGTTTTACTGATAAATGTAAATCTAAGCTAAAAATAAAAT
ATTTCTGACAATCCTGTGGCCCCACTCCATTTGTTTTTTAGACTTCTCCCTCCTTTTTG
CTTAGAGCCCTTGGTAAGCGTGGCTCCTCCTCAGGAAATACGAGGAAACACAGCAGCAA
CCTTCAGGCAGTAAGGGAGAGTTTTGCCTCCTTACACAGTGGCCTTTGCTTGCACCTCCA
TTGAGTTCAGGACAAGACATACTTTGCGGTGATTCATCTGGGGCCTTATTTCCACTTTGT
GCTGAAGGTCTGCTTCCAGTACCTAAACCGAGGCGATCGCTGGATCCAGGATGAAATTGA
TCATTCTGCACCTGCCGCTGCTGTGTGAAGACAAGAATGTGCCCTACGTGTTTGTGCGCT
AGGAGCAAGTTTTGTATTTGTGACCTCAGCTTTGGGAATAAAGGATCTTTTGAAGGCCAA
GTTGTAATTTAAACCTTGTGTTGTAAGGTTGCGATTGTAATGGATTGCCGTTTGTAC
AACGGATGAAGCTCCACCCGCCCTCAGGATGCAAAGCCCTCCTCTATAAAGTGCATGCG
TGCAGCGGAAAAAATTGTTTTGAATCCCTTGACCCCTCCTGCAAGGCCCCCTCTTGGCC
TACCATAAGTTCTTTTGAATACCAACCTGGACGCTTATGACCCTTACCTGATTGCCGTG
GTTCCCCACTGGCTGTATTATAGGACAATTTTTATATGTGATATGTATTTACCTTAGTG
CACCATGAAAACAGTATTGAAGATTGGACCTAACAAATGGAAGAATTTTTTGGTGTGTCC
GGAAAGGACTTTGATTTCTTTTGTATTTAATCACTGATGTGGTCTAAACCCACGATAA

GGTACCCAAGAGCGGCAAGGGCAAGAAGTCCAAGCCAGTCAACAAAGACTGCTATATCTC
CGTCTGAACTACTTGGTACATGCAGCCTGAAACACTTAAAAGAACATTGAGTAAATAAAT
ATGGACACCTAAACACCTGCCGATGATATTGTCTCCTTCTGAAATCTGAGGACATGGACA
TAGACCACCAGCTGAAGATCTTTGACTTGCAGGGACGTACCAGCCTCTGAGCACTCGGA
GCCATGTATGAGGGTAATCGAGATGAGGATATTAECTCAAAGAAATAGGGTGATTTTTA
TAAATTATGATTTACTCTGTGCTGTTTCCAAATTGGGACCAGGAGAGAAATATGAACTTC
GCCCCTAATTCTCCAGAGAACTATTAACATACACAGAATGTTGTAATCAGAAGTATAG
GGCAGTCCGGCCTGGCGCACCACCGGCTTTCGCACACGGGAGAGCGACCCTTCGCCTGC
TGGTATAAAAGGCAAAATGGCATTGAGGATGAATCACATGAATACAGACCAAGAACAAGC
TGAGATAAGTAGATTAGAAAATCATTCAAATGATACCATAATTTGTACGGGACAGGGTGC
GCTCCAGCACCTGCACGTGCATTCCGGGCGAGCGTCCCTATCGCTGTCAGCTCTGCGGGAA
ACTGATTTTAGGTGATAGTTTCCCCTCTAGTCTTGGCTCATTTAAAAAGCACAAACATTC
TGAGCTTAGAAGTGGTGTGTGCTCTGTCTGTCTGTCTTTGTCTGTCTGTTGTATACAGTG
GCCCCGAGCCAGCGCAGCCCCGCGGCCCCAGGACAGTCCCCCAGCCCCACTCCAACC
AATGAACAGGTCCCCAAAGCTCCACCTCCACTCGATTGAGCGATGCCATCAGAGCGTTT
GACTCCCTTCCCTGGGAAGAGACTATAGTCTATCTAGCTTTTCTTACTTCAGTATTGC
GGGACCTGGAGAACTTTTCTGTCTTACAAGAGGATTGTAAAATGGACCAATCAGCACTCT
ACTTGAATTGTAATTCCACAATTCCACGTGTCATGGGTGGTACTGAATTATGGGGT
TTTTACCTGCTTAGACTTTTATGTGACTTGTATGGTCTCCTGGTTAAAGGGAATGGTGC
AGTTGCATGGAATGAGATTACAGGGCAGATAAAGTTTCTGATTCTAGATCCACATTATAC
TACCATTATAGGAAAGCCTCTGAAGTAACATACACTGTGGTTTTTCTGTTGCTGAAAAT
AATGTACAGAATGGTTGGAGAAATGCCTATGGTGAATTAAGCTTCATATCTGCTTTCTG
AGAGAGACCAAAGTTCCTGCCTCCGCTGGGCTCACATTCAGATGTGAGCTATCCAGTGTG
ACTAAAGCACCAAAGTCAATGGTTCCTTCTAGAATTGCTGGTTCCTTCTAGAATTGCTGA
AGGAGATTGCTAACTGCTTAGCCCAAAGTACACTTAAAGTACCTCTTCTACCCCC
AGAAAAGCAGCGGTGACAGCCTTTGGTCCCCTATCTCCATTGTTCTGCCAGCTCTGGAC
CCAGATTATCTGTGTTGCTGAACATGGTACAATTTCTTCTTTTTATGCCTGAATATTA
GGGCAGGGGTTAAAAGCTACCTATTGAATACTATGTTCCCTATTTGGGTGATGGGTTTCG
TCTGGCCAAAAGCCAGACATGGTGCCAAGCAGAACACCCCCATACTGTCAGTGGTGTG
ATTGACTACGTGCTTTACAAGGCAGTTTCTGGGTTTTACATCTCCTGTAAGAGTTTTGAA
GAGGCTACGTGAAAGAACAATTTGCCTGGAGACATTTCTACTGGTACCTTACCAATGAGT
AGGCACCTGTGTCTCCCCGAGCTGAGGACGGATGACATTTGTACCTACAGGGGTAAAAAA
AAATCTTTGTTGGAAGGAGCTTTGGCCATATATTTTTTAGCATGCATTGTTTCTGTGCC
AAATTCCTTTTCCACTGGTGTGTGGTGCAAGATGAGGCACATTTTCCATGGATGGTGAA
GGTATCAGCAACACAAGCCTTCTAAACTCAAGATTTAAACTCACTTAAGGTTGAGCTT
AAATTTGAAACGCCTCCCGTGCCTAGAGCCTCTGGTGGATTCTGGGGAAGGAAGAGGACG
CAGGGTGTAGATGAAGCTAAGAAATGGGAGAGGAAGTTTAGTGATGCGATTCAAAGCAA
GTTAATCCAGGTGAGACTTTACAATAAGAGCAGAGGATGGAACACTTCAGTGCATTCAA
TCCGCCACACGGAATTGAGATGCTCCTTTAAATAAAGCGTTTGTGTTTCAAGTTAAAAAA
CCCAGCCGTCCGCCCTGCGCTCGGCCGCCAGAAGCGCAGCGACAGCGTCTCCACGTCC
AACAGTAGCATAGGACCCTACCCTCTGGGCCAAGTCAAAGACATTCTGACATCTTAGTAT
CAGAGGACAGAGCAGAGGATCTTTCCAACCACATCTGCTGGCTCTGGGGTCCCAGTGAAT
ACGAGAGCTCAACCCTCGTATCTGTTTCTCGACTTCAAATATTTCTGTGAACTGCGACC
TTTTCTGAAAATAACTCGGGGATGCTCCTGGTTTGTCCATCTACTGCTTTGATTCCTGG

AGGACCGCAAGAAAGCCGTCCTGTCCGACATCGGTGTCTCGGCCTTCTGGGCTTTCCTCT
GGACTGGATCTTCACAATCCGAGAAAAAGATCCCAAGAATCTCGAGAATGGAGCTCTTCA
CCCCTTGAGTTGGAAGCGGTTTGCATTTATACCTATAAAGGTATTCATCCTTTTAATTTA
CGCACTGCTCACTTCTGGGGGGCCCTTTCAGAGGCACCTTTAAAGCAAATAAAACATTTA
CATGTTTGACACAATTAAGTTGAACATTCCTGTGAAACTCTGTCATTCTCATCACTGTTT
TTGTGCATTGTTGCACCTTGGAGTTATTATTTATCAAGTTCTTGAAGGAAGCAGAAAGAG
TTTATTTCAAGTGGTTCTTGAATCCCTCCAGTCTCATTGTGAAAGGGGCAGGGAAAAAA
TGGTGAAAAGTGATGGGAATAGTGCTGCATTCAGATACAGGACGGACTGCAATAGCAAAG
CTATAATGGCCCCTCTTGAGTTTCCACAGCCCCCTGTGTCTGCCTCATCATTGCAGTGAC
GAATTAACCCATTTGGTTTCAAATCCCAGTTATGACATCTGTTAACTTTGCAAACCTCAC
ACACGGTGCTGCTGCGTAAGGAATCTCGGAAGCTCATTGTTAGCCCAACACTCGCCTTG
TCTTTGGAGAATGGACAGTGATGGGCTCAATGATCATCATTATTCTACTATAACGTGT
TCAACGGTGTGCCAGCTTCTGGGTATTCTATGGGCAAAGATGCTGCCTTAGTTCAGGTT
CTGTTGGGGTATGAGTCAGTGAGGTTGAATAACAGTTTGTATCTGAAAATCTGAGGTCCA
TGTTTTAGACAAATACTCATGTGTATGGGCAAAAACTCGAGGACTGTATTTGTGACTAA
ACACAGTTGCTCCTGGCATGGGGATGAGTACACCGTACAGCCCATGTGTTTCCAGTTAG
AACTCACCTCCAGGCCAGTACTTACAGCCCCCTCGACTGTATGATAAAGATGGTGGCCCAG
CTCATGCCATTGCTGCCATTGAAAACCTGCAGATGTCAGTGTTATATCCTCCAGGAATA
TCTGGGATGAGATTCAATGAAGTGGCCACACAATATAGTGAAGATAAAGCCAGGCAAGGG
CAGGATTCCTGATATAGATGCCAGTCATAATAGATTTTCGAGACAACAGTGGCCTTCTGAT
ATGTTCCAAACAACACATGATCTTGCCTGTGTACAAATGTAACAAGACTCTAGCTGGG
GGCAAGTTCTCTGCCGCCCTTACAGCTCCAATACCGAGTCCGTCTGCCTGTCCGTCAGC
AAGTGAAGGACCACTTCTCATATTAGATTACTAAGTCATTTGTATGAATATGTGTGGCAG
CACAAAACGTACATCAATCATTTCACTTACACCCTGGAAACCAAGCAAAGCACACTTTT
ATGGAAAACCCCTCCACGTGACTTTCTAAAGAACATGCATGAAGACAAAACACCAGGTG
TGACATTTTAAAGTAGAGAGAGGGTTGGTGTGGCAGACACTATTGGAACCTCTCCCAACA
TCTAAAATATCAGCTACTGGGGTCTCATTCACTACAAGATAAATTCAAACCTCACAGAAC
GGAACACTCTCTTAAAGTCTACTTATCCTATTCTTCAAATTAAGACCAAAGTCCAATGT
GAAGAGGGGTTTCACTTGTATCTCCTTAGTTAACAACCCAGTTCCAGGATCGAGCCTAAA
GGCAGGCATTTACAATTTAGAGCTGTTTAAATAGGAAGTTTAGATGGAAACTAAACACAC
AGCTGTTTCACTTTTCTCATTGTCTTAAGTTGAAGGCTTTGTTGGAGGGGACAGAG
GGTGGCTGTGTTTCAATAGAGCTTTATTTCTGCAAACCTGAAACTGAGTTTTGTGTAATT
CTCCACCTTCTGTCTACGCCCCGCCCCAATCCCGCAGTCTATCAGTTGAAATTGTAG
CTGGCCTGGGAAGAGCACAGCTGCAGATCCCAGGCCTCTGGCGCCCCCACTCAAGACTAC
TGTTGTCAAAAAGATGAAGGAGACCTTTAAGGAGAAAGCTAAGCTCTGAGCTGAGGAAAC
ATGCTGTTCTTTAGTAGCAACTAAAATGTGTCTTGCTGTCATTTATATTCTTTTCCCAG
TGAAAAGTTGGAAGCAAGTCCAGCCTCAAGTCCCCTGGCAGACTCAGGCCAGACGACTT
CCGGGGCAGCTCCACCTCCCAGCCCCGCGCCCCGGGACGCCTCCGCCTCCGCGCGGCAG
TAGTGCCCTTGAAGAAAATTAGGCCTCAAATGACAGTAGCATTGAAGTGTTTGTGTCAG
GCTCCAAAATACGAGTAATTGACATCTCCATGATCCTTGCAGAAGCCATAAGGAGAACTC
GTTGATGGGCAAGAAGAGCTGCAGTAAAAGTAAATCTCCTTTAATAAGCGTCTGTATGAA
GGAAACGCCAGACTTCTATCCTCATTCAAAAATCTGGGCCTTGTGAGAACCAAGGTTTT
GTCTGCGTCTCAGGTTCAAGCGATTTTCTGCCTCAGCCTCTGGTGTAGCTGGAATTACA
TATGGTATGGGGCTTGGAGTTGGGAATGGACCTCTTTGCTATGGCTCACATGTGAGTAAA

AGAGAACATCAAGGCCTTGATTGAGCATGAAATGAAGAACGGGATCCCTGCCAATCGAAT
ACTAGTTACTTGGACAAGTTCTTTAGCAGGAAAGAAGATACTGAAATGCTAGAACTGAG
ATGACCCTGTATGTAAAGCAGAAAACCTTCAAATCTGACTGTTTCCCATTACCTGCTGAAG
TATCCATTACTTCGACCCACAGTACTTCAATTTGAGTTTGAGGCTTAAGAAGCTGGATC
TCAGGTACTGAATTTTATTGCTTGCTAATTGTGCCTTCCGTTGCTAAATTAAGAAATGC
GAAATCAGGAAATTTGCCAGAAGATGGCGAGCTGGGAAGAAATAAAACCAGGATTTGAGC
CTGTCCTGGACCCTGTGTGCCTCATAAGGGCTATTCTTTCTTTCACGTGCAAAACATTTT
AAACCACAAGGGAAAAGAAAAACCCAGTTTCTTAGGAAACGCAAACGATTTATTATCCAG
ATGTTTGGCATCAATATTGTCTTCATACCATCAGCATTAGCAGCAATCCTTGGAGCAGTG
ATACAGCATTATGAAACAGCACTCAGTAATCCTAAAATGATTTCCAAAGCTGGTTACACA
CAGAGCCTCAGTTACCAGTTTGGTTTCTGAGTGCCTATCTGTGCTCTTCCCTCCTCTG
CTGGGAACTCAGGAAAATTCACAGGACTTGGGAGATTCTAAATCTTAAGTGAATTTT
AGATTAACCTGAGCATTGTTTTCTGTCAAAATGTTTTCTTATGACACTGGTTTCGAC
AGAACGAGAAAAGATGGACTGAGTTGTACTTCTCTCAGGGAATGATACTCTCCATGA
GGTATTTTGAAGTACTGGGCTTATATTTAATTGGAATACATGTGTACAGCAATAAGCAGG
CTGCCCTTAAAAGTATATAAACTCAATGAGGAATTGATAACAAAACAGCATTCCGGT
CACTTTATTTTCAAAGACACTAATTGCTACACTGAATAAAACCTTAATGGAGTTTCATTA
TTAGCATCTGACAGGTGTTTACAAAAAGTGTTGTGCGCACTGGGAAGTGGAGTGATGG
CCCACAAGGCCTGAAAGAGGTGATTGTTAGGTTGCGCAGAGGTGGTCTTATCCAGCTCA
TTATCTATGACCTGGTCAAGGTCTATTTCAAGCTGCCTCGCCCTCCCGTGGCTCAAGCGC
CAAAGGCGGAAGCATTTTTACAAAACTTGTTGTTTGGTCTTTTTACTGAAGACAAC
AGTACTGGTTGCTAACCTCCTCCACTTGGTTTGCAGAGGATATTTCCAGAGTTAGAA
CCGCCGCCACCAGTTAAACGGATGACCAAAGACCTTTCTTATGCCGGAAGCAAAAACC
ATTACCATATCAAGCTGAAAATGTCACCGTTATCTGCAGTTAGACATGTTTTATTGGGAA
ACTGCTTGGAGTCTGGAGTCACTTTCTCCATGAGCTCAATAAAGTTTTTCAGGAACTCGG
AATCATGACTACTGGTATTGGATGGGTCTTCGTCAGTGAATGCCTATCTGGAACCTGAG
ACATTGAATGTAGATGGCTAAACGATTCTTACTCAGTGTGATGTATAATGATGCAACAGG
TCTGCATTTGTGCCAGCTAACTACAAAATAGACTTAATTAGAGAAATTTAGACCCAGA
AGGGGATCCACCTGCCTCGGCCTCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCATGAGTCACTGCAC
GCAGGAGGACTTATAGCTTTTGTCTCAGTACATTGCCGAAGATTACTTTATGGCCAAAGCG
CAGCTTGGCTCTTAAATTTTACTGGCAGGTGTATGGTTGTTGGAGGGTTCTAGTGAGTT
ATGGATGACACAAACAGCGAGCAGCAGTTTAGAGTCTTCAGAGACTTCGACTTCCTAGAT
CTTTTGAATCAGCAAATACGTAATGTACAAGTTCCTGACGGTGTTCCTGGCCATTCCC
AGTGGTTCCATTACCAGAAAACTTAATGAGATTTCTCTGGAATACAAGCTGATATTGCT
CATGACTTCCCCTTCAATGAATTATGCTGTAATTGAATGAAGAAATCTTTTCTGAGC
CCAGGAATTGAATCCAGAAATGGGAACTGACAATGATAGTAAAATTGGAAGGAAGTGCA
TATCGAAAGGGCAATCAACTAACATTCTTGGCAAATCCGGTGCCAGTTTTGCAG
CCTTGTGGCCTTATTTGTGGTCAATCTCTATATGTTTTCCAAGTGTAAATTGTATATG
GACTCACAGTGTGGGAGGGTACAGGACATGTCATCAGCAGTAAAAGGTTTTGTTCCGT
TTTACCGTGTGAATCACGTGAATCCAAGGGATGCAAGGATTGGCCTATACTGGATTGGAT
ATCGAATGCCAAGGCCACTGACCGGGTGAACGCTCTAAGAGGCTGAAGGCTGCTTCT
CAAGCGCTTCTCTTTCGTAGTTTTATCTGGCGTGACAAGATCAATGACTTGGTGGAGTT
TGTGTTCTGGAGCATTTGTTGACCGCAACTGACATCATGCTAGGTAGTGACCTAACCA
TTTATACCAACATCACAGCAGACATTGGGACTGACCCTCGGGTCTCGGGCTCCTCTG

TATCCGAAGAGGCTTATTATGGAAGATTTTGTGCAGCAGCGATATCTCAGTTACAGGCGG
AGAACAGATTTCTTCGCAAGACTATGGAAGGAAGTGGACCTCTACGCTTTGGGGCTAAT
TTCAGCCATGACTGTCGCTGGGTTGTGGTCAGTACTCTCCGGGGTACTTCCCACGTTTTT
AACTGGACCATGGAGGACGAGATGCATGTGAACCGAACTCACCAAACACGGCCTGCAGAG
TTAGCCTGGTGTGAGAAACAGTTTTTAGAAAATGAGAGAAGGGATCCCCAAGAGGCCAAG
AAAGGAAATGATGGGAAAGCTCTGGCATGTAACATTAAGGTTACGTCTGATACGACCAAG
ACAGTGAATTTTATGATGATTTAAAATAAGATTCTGATGCCAGACTGTTAAAACAGGCGCT
GTACCTCCAAATCTTTAATGTCGAAATAAAGGGCTTTTTGCCATTTCTGTTTTTCAGTTCA
TGGGCATCCCTGAGGAACACTACATAAGCGAGGCTGTGGAAGATGCTCCCAGCTACAGAG
TATATATTAGTATATCGGCCTGGAGAGGACAAGGGAATAAGACCACTCATAGTGAGGCTG
TTGGGTGGGGAGGCACCCAGGTCGCTGGTTCGATGCAGAGGAAGAAACCACACCTAGCAC
GGGTTATGAATAATCTTTTCTTCAAAGATGGCAAAGCCTCGGTTTGATTTGATACTAA
TTACCTGAAAGCCTCTCAAAGAAATCAATCATACTCACACCTCCTTTTTGAATTTCTGGC
TGTGAGGCGATTATTTTAAGTAATTATCTTACCAAGCCCAAGACTGGTTTTAAAGTTACC
ATTTACTTCCCCATCCTGGTTTAAGTATAAAGCACTGTGAATGAAGGTAGTTGTCCGGT
AACCATTCTGAACCTATCATTCTGTCTTTCAAATCCTTCCAAGGCATCTTATTATTGAT
TCCTTATCAGGGGTGGATGCTGTCAGACTTGCTAATGGTGGAATTTCTGGCATGTGGCAG
AACCCCATCATCAGCTACGACGGCGTCAACAAGAACATCGCGTCTGTGGGCTTCCACGAA
TTCTGTGATTGTGACTGGGGTCCAAGTGAGTTCAAGAATCTTTATGGTGTGGCTCATTAC
CTGAGATTTCTATGGTTTGACTCCAGGATCAAACACAAGGGACTTTGTATTATTTCACT
GAAATGCCACCTGACTCAAAGGCAAAGCCAGAGTGCAGCTTGGAGCAAAGAAGGTATTTT
CTGCCTACTGAACTCTAGGATATTTAATTACAAAATTAAGAACTTAGACTTTTTTAAAA
AAACAACCTTTGTTATAATACAGTCTCTGCCACAGATGCATGTGACCTCTCAGGGGCCCA
AAGGTTTCATGTGATTCATGTGTAAGATGCACAGTATTTGACATCCTGATTATGTAATCC
GGAACCTAGTTCTGGGCCATGTACAGAAAATATCACTGTAATATACCAAAGGAAGTTAA
AAATTCCTCAGCCAAGCTATTGAAGCAGCCTTCATGAACTGGACACACCAGCTACTTC
ACCTCTTCTGAAGTAACTGGTTAAATTAATAACTGGTCCATAAGTCAGGGTCAAGCCAC
AAGACGCTAGGCCTGCTGATGGGCAAAGAAGGTATCCATGGCAATTTTCATCGACAAGTAA
CCTTGTAACCGTGACTGTGGGATTGGGGTCGAGGCGCAATCAGAGGTTGTATAAGGCAC
CATAACGGGACAAGATCACCATCGCCATCCTGCAGCTTCAGGAGGAGGACAAGCTGCATA
CAGCCACCTAAGAAGAAACCCAAAACAACCAATATAGA ACTTCAAGGAGTACCAAATGAT
CAAACCTGGGGTCTACGATGTTCCCAGCATGCTGTTGGCATTGTTGTAAACAACAAGT
TAGCTACGAATCAAAGGAAGCCGGGGTCTGTTTATCCTGGGTACTGCCAGCCACTCGGT
ACCATCTGCTTGACTATGTAGCTTGGATTCTCCTTTGTACCTATCCCTTTCGATTTGGCT
GTGTGCAAGCCCCTAGGCGCCCCTTTTCAGAAAACAAAAATAGACACCATCTCCCCAGCT
AAGTTCTGAGTGCCTGGGAAGTGGTAGAGAGACCCAGAGAGGGGCTGCTGCAGTCTGGAA
TAGTATAGACAGAGTGGATCTGCTGGCCATACAGGTAGAGTAGATAGCGTGAATCTACTG
TTCTCACTCCGAGTCCATGTGCAGTGCTTGATAGAATCAACCCACCTGGAGGGGCTGG
GGGTATTTATATCTGAACCAGACAGACGCTTGAATCAGGCACTATGTTAAGAAATATATT
CAGCTTATTTCTCATTTTTATAATGTCCCTTCAAAACCCAGTGTTTTAGGAGCATGAG
TCTATCTGGTAGATCACATGTAGATGTACAGTGTGTATATTAAGCTGAATTTCAACCAAC
GAGCCAGTTCTGCTTCTCGGCAAGGAGCGATTTGCTGGTGTAGACATCCGTGTCCGTGTA
ATCGATTGCAAAGGAGCACTTGTCAAACACTGGCTGGGAATCTGCTCATGTGATGAAGA
CAAGACACATGTTTAGCCTATTTGTCCAATCTAGATTCAGAACAAGATGTGCAACCAGAC

GGTTCCCTCCTCCTTTAACTTCAACTTTTTGTTGACAAATACCATTCTGAAGGAATT
TCTTGAACAGACAGAAGGATGTAAAGGATGGAAAATACAGCCAGGTCCTAGCCAATGGTC
TGGGATTATGACTGAACGCCTCTTAAGTCAGAATCCCGCCAGGCGGAACGATACGGCAG
GCTTCTCGGGAATGGAATCACACACGGACTGTGGCGTACACATCACAACCTTTAAACCCCG
ATCCTGGGCGTTGCGTTAAGTTGCTTAACTTTTATTCTGTCTTACGATAGTCTTCAGAGG
AAAGGTGCCTCCTCCATCTCACACCTACAACTCTCACACGTCCTGGAAGATGGGGGGA
CGAATCTACACACATGATACTGGGCGAAAGAAGCCAGACAAAAGAGTACATACTTTATGA
AAATGATTATACGATAAAGGTATCCGTTATTTTGGAACTCATTTTCAAGTTGGGATCTCCTG
ATCTCTATGCCAATATGCTGCCTCAACTCTGAGCTGTCTGCAAGGCTTAGTAAGTATTG
AGGGAGCCCTCGGGCTCTGAGAGTCACGCGGGGGGCGGCCTGCTCTCCCGCGCCCCCTAG
AATCCAGTATCAGATCACTTTCCAGTTGGATGTATGAAAGTTGGCACTTCTTTTTCCATC
AATACATTCATATGGTTAAAAATTTAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCA
TACCGAATCAGCATGAGTGTCTTCCAGTTTAAAAAAGCTTTGCTTCGCTCTCCTAATGG
TGCTGAGTGACATGAAAGCTGATGTGACTCGACTCCAGCTACCATTGCCGAATTCCCC
ACAGCATCAATAGAAAGTCATCTTTGAGATAATTTAACCTGCCTCTCAGAGGGTTTTCT
TTATTGGCTGAATCTGCCTTGGAGCACTCCTGGTTTTATATAGTAGCCAAAGGTTTTGTT
CCCCACATAGGGTTTTGGGTTTTATTCTCAGGGCAATGGGAAGCTGTTGGATGGTTTGT
ATGAAAACCACTTGGAGATGTTTAGTAATCATATTGTTACTGGTACCAAGACTACTAGG
CAGAAACCAGAGAAATCTATGAATTAGAGAAATTATGGACCCTACGTTCTTATGATGACC
TCTGGGATGACTTAAATAAGTCATCAGCCACCCTGCTGAGCTGTGACAACCGTAAGGTCA
CCTGTCCCGGGCTGGGGAGGGGGAGGGGAACTTTGTTGGGAATAAACTTCACTCTGTGG
CAGGCTCCTGCTGAGGGGCCGACTTGGTGCCCGCAGCCCTGGGCAGCCTGACCACAGCC
TGGGGGTTGACAAATCCCATCAAGCTCTGTGGATCTTGTACAACCTGCTCACACCAGGCT
GCTTCTGCTCCATTGTTTCAAGCTCATCTTATCTTTGTAGTAGTAATGTTTGTCTTTGA
TCACGTTAACATATAGACACTGTTGGAAGCAGTTCCTTCTAAAAGGGTAGCCCTGGACTT
TGCAGGTCGGAGGGGCTTCTACGGGTTTGGGGGTGGGACGGTCCGCGGCAGCCGCGGGCG
TGACAAAGATACAAATCTCTTAAGGAGGTGGACCCCAAGTTCCTGAGGAACATACGCTTT
TTAAAATACCAGGTTTCTTGGGTGGGATGTGGAGTGAGGAGGAAGAACAACAAACGGAAA
TTTATGTAGAAGCAAATGCTTTGGAACCAGATCTTTGTTAATTAATGTTTTTGTAAAA
TGAATCTTCTTTGATTGTGTTGCACATAGATATGGTAGTCTGCTCTGTATATTTTTCCC
TGGAAGAGGAAGTGTGGGAGTAATTAAGTCACTGAAAGACAAGATTGTCTT
TTCTTAGAATCCCAGCAATAATGGTAACATTTTGACAACTGAAAGAAAAAGTACAAGGGG
AAGCCCTTTACAACCATTAATAAAGAACCAGCTGCATTATGTGTGTTTAGAACGAGA
TCAAACCTTGGGAGCTGCCCGGTGACCATGAAAACCAGGCAGAGAAGAAACAGGGAGCCTG
AACTTAACATTCCTGTGTCTCTGCTCTGCATCCGCCATTTGTGTGTGTTTCTGGACTGT
TGTTCAATTGACTTCCATCACACCGGCGCCTCCTCAAGGGGCTCAATCCAGATGTCTGCTC
ATCAAGACGTGGGGTCTGTACCCCTACCCACACTGACCCTCTTCCATCGAGAGGTGGG
ACGAAAGTCATACCGTAGAAAAGATGGGTTGTTCTTATATTTGGAAGATAATGGCAGGAG
AATCAGATGAAGGCATAAAATTTAGTTCTTAGCTCTTGAACAGAAGCCTAAAATTCCTGG
GAACTGAATGCAGCCTGGACACTGGCCTCAATACCTTGTTTAGGATTTCTTACCCTTTT
AAAGCTGCCTCTGAAGCACTGCAGACTCAGCTGAGCACTGATACAAAGAAAGACAAACAT
TCGTCACAAAATGTTGTCTGTTTTGTTTCTGGAAGTTTGCTAGAAAAGCAAAGAAGGGAA
GCCACTTTGACAGGCATTATTGTGGCAAATGTTGTCTTATTGCTTCAACAAACCAGACAA
AGTTTGGAAAGTCCTTGCTATTCAACAGAATAACAAGAAACCTTCAAGATGTACTCTC

AAAGCATTAAAGCAAGAGTTGCAGCCAAGCCCTGTGAGATGCAGATCTGTGTGCAGTTAT
CACCTGTTTGATTACAGTTGACTACAAATGCCTGCAAGTGTGGATTTGGTTCTCCCATAC
TTTCCCAAACCATACCCCAACAGTGAGGCTGCTCGAGCTGCCAACACGGAGCATTGCC
AGCCTTATGTTTTATTTTTGCTTTTGATTTTCCAAGGTTACATCTCTTTCTTCTTTTT
GATGACCACCTTCTACAAGTGTGCAATGCTCAGTGTGGACACCGCTGGAGGGATTAGGG
CACATCAGACAAAGATGTTCTTCTGAACGAAATAACTACAGTAGAGTTGCGAATGACAG
AGAACGAGAAAGGCCGAATGAGGGAAACTGAGTCACATCTGCTTCTCCAGGTGGGGCTG
ACTCTGATGGAGAAGTACAACACCAGGATCAGCTTTGAGAACCGGGAGGAGGATATGATC
CCCCTGTGCCGTTTGGGACTGAACTGACTTGGCATATGTGCTCTGGCTTTCCATTGGCT
TGTTCTGTGAATGTGCGGGCAGGATTTTTGCCACATCTGTATATTTGTCTATTAATGT
ACGCCCTTCTCAGCCCCATCATCTTCAGCCTCAGGAACAAAGAACTGAAGGTTGCCATG
TTAACTGGAAAACCTAGGTACCCATAAGAAAAAAGATTCATTCTCTGTGAAAACGTAGG
TAAGGCTAGTACCTGCTTTGTTGGGGTATGGTTGGCTCGTGTGCATTAAGTCAACAAATC
CTTGCAATCCAGGGGAGTTTTCTTTGAGTAGTATGTTTCTGTTTGCATGTTCCCTGTT
AGAGCCCTGAATCCTTTAACTTTAATGCCATCTTAGGCCTGGAAGTTAGAGTGAGGGAAA
GTAAGGTATGTGGTGTGTGACATATGTGTGATACGTGTGTGGCATCTGTGTAAGGTATGT
AAACTCAGGGTCTCAGCCCCAAGAGGAGGGTGGCTCTGTGAATGAAAATCACTCAGGC
AGATTAGCAGCTACACAAGATCTGCCTTTTATTCATCAGTCTTCTGAATTAGGTGACTTA
CTGTTGGAGATTCTAAAAGATGTATTGAATGAAGAGGATGTACACATCTCATTGTTACTG
TCAGCCTCTTTGGGGTTTGGGTTCTGACCAAGTAAATCGGGAATGTTGTTAACATATCAA
AATTGGGCAGAACAGCCACGAACCCCTCCTAAAACACTACGATCTGGACCTCAGCAGACAC
GTATCTGTAGGTAATCTCAAGGGTAAATGTTAGGTGTCAGCTTTCAGGGCTCTGAAAC
TGACGACAACTGGGTGAAAGACAGAAAAAAGGAGTTTGAGGAGCTCATTGACTCCAACCA
TACCTCAGCCTTCAGAGTAGCTGGGACTACAGGTGCCTGCCACCACACCAGCTAATTTT
AGGAAACTTCGGTTTCATGTCCTTAGCAAGCTACTGAGTTTCATGGCACCTATTGACCAT
ACAACCCAATCTACTCACTGCCCCTAACTGCCTGGTCTTAAACAAGAGTGTGTTTCAAT
TCTCTGTGGAGCGGGGAACGGGACAGTTGTGTAATAAATCCAAAATACAATTCTGACTATG
GGGTTGGTGTGGCAAGTCAAGAGAGTTCGATGATCCAGCTGTTTTAGTCGCAGACTGAGC
GAGGGTAATTCTTAAGATTGTGGATGGACTGCTGGGTAAGGTTAAGAAATTCTGGCTTTA
TTAGTATTCTGAGCTGTAGGAATCAAAGATTTTGATTAGATTCTGTAACCTCAGAGGTTTA
GAGCACTACACATGATCCTTCTGTGCTTGCTTGCATCTTTAATAAAGACATGTTCCCGGC
CATACCCGATGACAATGGCGCTCTCTGTTCTAGTAACTATAGAAATGTGTAACGCCCTCA
GCCATGTCAATTTAGGCTACACAAAAGTAGTTGGTGTTCACACAGAATATGGAGAA
GCCTTTGGGGAATGAATACTTTGTTTCATGTCTAGCCCACTGGGAATTTGTTTTACC
CAGAAAGCACAGATTTGACCCAAGCTATTTATATATTGTAAAGTTATAATAAAGTGTTC
CCTGTAAAAATTCTGTCTCTAAAGACAACCTGACTCATATAGGCATAAGTTCTGGCATT
TGTTTACTCCAAGACCTTACTCCTACTATGTGGAGACACATTTGAATAAAAAATTGGCC
AGAAGCAGGAACAAGAAACCACACACAAAAACATCGAGGAAGACCGCAAACCTACTGATTC
TAAATTTATTTTCAGTCCCCTCGCCCTCCTTGATTGCAGCAAGGAAAGAGGTGTGTCTT
AACCCCAAATCAGTGGTTTGTTCATTCTTCATGCAAGAGCAATGCACTAAAGGAGAGAAG
GATGTGTATGTGTACATTTATAAGAACCAGTATGGATACATCCATTCACTGTGGTACATT
AGGCAGAAACAGGCTCACCAAAGACAGGCCGCCATGCGAGAAACAGCTTTGTGGTGCACA
GCTGTGCCAGGCTTTTGGACCTCGGCTCATCCAGCTTGATGATGTCACCTACCATGGCTT
TATCTACATTCAGAGAAAGTTTTAAGAAAAGAGTGATAGGACAAGACCACGACTTTTCAG

CTTAGTGGCCTCACTCTTCATGGGCTTTGGAGTCCTCTTCCTGCTGCTCTGGGTTGGCAT
TTCTGGATGCTCTCAGCATCTATCAGGGAGAGCAGGTGCCCCATGACATCTCTCTGCAC
GCTTCAGTTGCCTTAAGTGGCCTTGGCATTAAATAAGTTTTCTTTCTCTACTG
AGTTAATAAACAGAATGGCGACTCCGATGTTGAGCAAGATCACCATGACCACCAGGATAG
CTTATATAGACAACCAAATCTGTCAAGGGCAAAGAACCTTTGCAATAAACTGGGGACC
ATCAGCGAGTATGAGAAGAGCTTGCAAGTTGATGAAAAGTGTCTCAGCATCATGCTGGCT
CTTGGGAAACGCTTTGGTGTCTTTCTCCAGTTTTCTGGTACCAGTTACTTGTTTATAAAC
GGTAATGTGATCTCACTGTGGCTTTTGTTCATTTCCCTAATGTTTAGTTATGTTGATC
TCACTGTCTTTTGATTCTTGATTTTCAAGCTTTCAAATCCTCCCTACTTCCAAGAAAAAT
AACCTCTGCATACAGTAAAGGTTTCTTGAATTCCTCTGAGCTTTCTGGACTTCCAGCTG
TAGCTTCTGCTGTACAAACACAAACCATTCCCTGTCCAAGAAAATTAAGTATATCATCA
TTGTGTTGCTCTTTTAGGACCAAGAAAAAATTATTGGTTGCTGTTTTCTCAGTTTTGG
TTCCTACTACCCCGCCGCCACAGACCATAGATGCATACGCGTAAACTGTGTGTAGGCTCTC
AAGCTGAAGAAGTATGAGAAGGATGTTGCTGACTATAAGTCGAAAGGAAAGTTGGACGGC
AAGAGAGCAACATTTTACCCACACACAGATAAAGTTTTCCCTTGAGGAAACAACAGCTTT
CTTGGCCTGGGTTCTACCCTGACTGGGGCAGCAACTACTATCAGGTGAAGCTGACTCTA
ATCCTGGCAGCGGGACTGTCACTACCTAAGATGAGCATTGCCAGTGCACATCCTCCCA
AGCCCTCTGGCCTCCACTTTCTCTCAATTTGGGCTGCAAATATGAAGCCTGAATTTTAT
CAAGGATGGTGGCCAGTTAACAGAAAATCAAGGCAGCGGAAAGGTCTGGAAAACACCAC
AAGCGCTGCCGGCAGGGCTCCGCGACCTCGGCCTCCTCCGCGGGCCGCACTCAGCAGCC
ACTTCTCAAGAGCCACATCAAGAGGGGCTTCCAGGGAGGGCTTCCAGCTGCAAGGTGACT
GCCCCATCTTGCCATGTTTTAAGTCTTCATGGATGTTCTGCATGTCATGGGGACTAAA
TGTAATTTGTAATTTTCTTAGTTTTCAAGAGGGACTCTACATGTTTCCTTGTGATGATGGC
AAACAATTTCTCAGATACTGGAACTTTGGTTTTGGGATCCAGGAACACATCGATCTGGG
TATAATCGAGAACACTTAACAGTGTGGGGTAATGCCAATTATGAAATTGTAGAAAAGTGC
AAATGCAACTCCTGCAAGAAGAGCTGCTGCTCCTGCTGCCCATGAGCTGTGCCAAGTGT
CTGTGAGTATTCTCCAGATATCTAATTGTAAGCTGATGCTGAGGTGCTTTTAGAAATTC
CTACCAAAGAAACAAATACTCCTCAGTTTGACTTGACTTAGTAAATAAACTTGTGTTGGG
AGCATGCTCAAGAGTGCTAATTTAGGTCTTTCTGTGGAATTTGGAACAATTCTAGTTTAC
AGTCAGAGGGAAATACGGCGTGTGTCTTTGTTGAATGCCTTATTGAGGTCACACACTCTA
GGAATGTATTTTCAATTAACAACTTTGAATGGGGCACTTTTTCTTTCTGTTTTAAA
AAATCAATAATTTGTGGTGATTTGGATCTGTGTTTTAATGAGTTTACAGTGTGATTTTG
ACAAGCCTTGTGGGAATGAACATCCCTGGTCACACAGGAACTGGGTGGTGCATCTTTGTC
GTCACGCAAAGATTTTTCAGAAAATGTTCCGGATATAATTAGCTCTGTTAAATACCCACAG
GATGTCAGGGGACATTACTGTTGCTAATAAAGTCCAAAGTGGCCAATGCCTTTCCAAAA
GGTGAACATCAGCAATGAGCTCATCTCCTACAACCAAGACATGGTCTTCCACAAGGAAAT
TCACAGGAACATGCCAGTGCTTTCAAACCCAGTAAATTTTACTTAGATTTTGACATAA
TTCCATCACCAGAAAACTAATGAGATTTCTCTGGAATACAAGCTGATATTGCTACATCG
TTGAGGTTGTCTGAGTCTTGGGTCTATGCCTGAAAAAAGCTGAATTATTGGACAGTCTC
AAGCGGAAGATGTATGAGGAATTCCTTAGTAAAGTCTCTATTTTAGAGTCTCTGGACAAG
GCAGTTACAAACAAACAACTCACTACCAAAGAAAACACCAAACAAACATACATCCAAT
GACAGCGGTGGCAAGATCGACGTCAGTCTGAACATCAGTTTACCCAATCTGCACTGCGAG
CGTTCCTCCCGCCCCGCGACAGTCTCCCGTTCCTCCCGCCCCGCGACAGTACCCGTTCC
ATATGGCACTCACAGCTCCCTGGGCATGGACCCCTCCTGCCATCCCCACTTAAAGTGAT

GCTTGGGGATTGTACACGGGACCAGCTCACGTAATGCATTGCCTGTAACAATGTAATAAA
ATACACTGTCTAGTATGAGAGTCACAGAGTGGGTGTCTTGTGTTTCGCTTCTTGCCTAACA
TTTTGGAGATGACACACCTACTGCTTCTTTTCTAGGATAAATCTAATTACTGTTTACTGG
TGTCAGTTGGGTCTCATTACCACTGCCTTCCCAGTGACAAAGCCGCAAAGGTAGAACAT
TAGCAGGTGGGTGTGGCTATGGCTGCTGGCATCTGGCAATTGTTGTCCCAGGTATCATGG
TTTTATGAAATATCCCCGCCAGACTCCCTCGACCGTGCCACCCCCAGGTTCCCGTGCATA
TACTAGGAAGGATCCAAGGCAGATTTTCTTTGGTCTTGTCTCCAGGATGGGTGGTGAATAT
TTTATTTTTTGTATTTTTATTATTTGTGCGAAGAACCATTATTGAGTTTGAAGATAAGA
CTGCCTCCCAGCAGCCAGTGTGCGGCCAGCTCCTCCGTACGGTGGCCTGTTGAGGCC
GTGTGCATAGAGCGCCCCCTACTTCCAGTTAACTCCAGTTCTTCTCCCTGAGCTTGGT
AGATAAAAGCCTGTGTTTTACACATTCTTTTTGGTGTTCATAGCTTCTTCTACACAGG
TATAGGTTTCCACCAAGACTGCTGCTGTTACCAAAGACTGCTGCTATTAACCCTTGACA
CTGTTGCTGTTTTTGTCTTGTGTTGACCTATTGAGTTCTATGATGAGACCAAACGTTTAA
TAGGTTCAAATTTAACCAAGAAAAGAGTTGCTCTTACTATCTACTGCTGACTCTTGAAC
ATTTGATTAGGATAACTTTACAAATTCAATAGTATAGCCATCACTTATTATAATGGCAAT
CTGAGCCCAGTACAACAAAGGTGACGGGTGGTGTAGGTACACACCCAGAGATGGAGCACT
CTAGCCCAAAGGTAAGTTGCTATTTTCATCACAGTTGCCTATGCCAGGGAATAAGATGT
TTGTGTATGGAAGCGGGGCTCATGGCTGATTGGCAATAAAATGGCGGCTGCCGTTGTCA
CATTTGGTGTGTCAGATGAGTTGTAAAGCCAAGTAAAGAGTTCCCTCAAGAAGTTCCTC
AATGGACATCACCAAAGTGGACTCCAGAAAGTTCTGTCTAGGATTTTATTAGACTGCTTT
GGATGTGAGAAATAAATGCCAATTATATGTACTTTCCCTTTTCTGCACAAATTCTGGGAA
GCTAGGTAGAATTTGACTTGTCTTGGTAGCAGTTTTGAAATATTCTGTACAGTACG
TTAGTGAACACTGTTCTCTGGGTGACAATACGTAAAGAACTGAAAAGAAAGAAAAGTG
GGGTCACCAGAAATATCGCTGATGCAGACACAGATTATGTTCTGCTGTATTTCTGCTT
GTTTTGAGCGTTGTATTCAAAGGCCTCATCTGGAGCCTCGGGAAAGTCTGGTCCCACAT
TTGATCATTAAATCAAATTTTGTAAACAGTGGCAGGAGCGTGGACTTAAAACAAGGCTTG
CTGCCTCCAAAATGCCTGCTTTCAGGGCCTACGAGTGAAGGGCTAATGACCTGGGAGCTA
TCCTTGCTACTTGGTATCTTGAAATCTGGTACGAAACTATTGCATGATCCCTGCACCTTT
CAACAGCTGCATCTATGTCAACAAGATCACGCACGAAGTGGACGAAGTGAACCAAGATTAT
AAACAGATGAAGTTGGGACAAAACGCACTGAGCCCAGGGAAAAACGTTTGTCTTCAAAC
GAGAGTAGTATCTGTTCTGATTAAGCAGTTTTACAGTCTTTTGGTAAGTGCTAATTTCT
AACGAGCTGAAACAGAAGTATAACGGGTGATCCACGCCATCCAAAAGGATGATGAAGTT
TGCACTCTGAGACCAAGATGGGTACCAGAAGCTATGCTGGAGCCACCCGCGAAAATTCG
AGAATGCCCCCAAGAACTTAGAAGAGATGGACATTTGCATTATTCTCTGTAATGACTGC
GGGTTAAGGGACTCGCTCCCTCCTCTCGGCTCCCTCACCTTGGAAAGTCCCCGAAATGA
GCTCTAGGGATATATCAGCAAAAACACATCATGCAATTTGAGACACATAATTTTGTGTTG
AGTCTGCATGTGTGGGTGAACACTCCACATCAGGTCATTGTCCATCATTACATATCTGTG
TGATTTGTGTTGAGTGAATTTGAGTATAGTCCAACCACCCCCCTACCCCAACTAAAC
GGTTGGGAGAATCACAGCTTTACAAGGGTGTATTTGATTTGTGTTTATTTGAGG
GGGACATCGAGGGTGTCAAGCAGTACAACAAGTTTGTCAAGCCCTCCTTCGACCAGT
TGTCGATTCTGAGGTCTTCTCTCATCTAGCACTGAGTCAAGCAATCAGCAGGCTGGG
AGCTACCAAACGTCTATGTCTGCACAGGGCCACTTTCCTGCCAGGACAGAGGCTGAT
AAGGAAGACATTCGGTTAAGGTGGGAGGGAAAGCATCAATAATAAAAGCTCTTTGCAGGG
GGCGCTGTCCCCGATCCATCCTGAGTCTCTCCTGGCCTCCTCTGCAGGTGCGAGCTGAGC

GATCTTTACATAGGGTAAATAAATAAAGTTCCCAATTTTTGTAAGTAATGTTTTAGTA
AAGTTCTTGAACATTTTTACCAGCTTTAACTTTGGGGCTCTTAGTTTCTTTCTCCAGAT
TACCACCAAAGTAGTTCTCTGTGCATGTGTGTTCCCTGCCTGCACAAACCTACATGTACAT
AACTTACCCTTGTGAGACAAGTTTTCTACTTGAGAACTCCTAGTACAATGTCTTATACT
AGACTTCGGTAGATGCCTTTGTTAGATCTATCACATGTAAACGAGCTTGTATCTCCTTCC
CATGAAGTTCTCTTAACTCTGAGGAAGGCTTTCAGGCTCTGGATGAAGTCATATTTTCC
ATTGGCTGGTCAGGATATAACAAGGTAAGGACCTGGATAATCGAGGCTTGTCAAGGACAT
AGTAGTCCCCAGCTCCCAAACACTGAAAGGAAAACGTGAAAACACTCAAGGCCTAGGGGG
GGGAAAGAGAGAGCTCCTTTCCGCATGTTTTACCAGTCTGCTGTTATAACCTCTTAGGTT
CTTACTCTCCCAATGGCCCTCAACCCGTCCTATTTACTAATCATTATTAATAATAACAAA
TGCAGCTGGTAAAAAAGTTGAGACTTGTCAAGAGGCTCTATTTGGGTTGAGGGTCCCTC
GACTCTTCCATAAGTCCTTTGAGTTTTGTATGTTGTTGACAGTTTGCAGATATATATTCG
TGAAGGCAAACCTACCAACACAAATAAGCAAAGTGGTTGCAATAAAGACAGATACGTCCC
TTGCACATGCTCTGGTTGAGATAATAAAAAGTCGCTCACAGCAGCGTAACTTCCAGCTTC
TTTTGTTACTTTTTCTTTCTAGCTTTTGTGTGGTCTCTGAGCCCCAGTGAGAGTTTCC
TGCTACACTTTCTTATCATAGTTTACCGCAATTAATAAATCAAAACAAAACAAAACGAAAA
ACATAAGAGAATTCATACTGGAGAGAACCTTACAAATTCAAAGAATGTGGTAAAGCCTT
GAATCTGACGAGATTGACTCTCAGTTTCATATTGCCAGAAATCTACTTTAATGTCTCTT
TCTGGGATTTTGTGCCCTATTGCCACAGAAACCCTGGGCCCTTCCCAGCTGTCATGAA
GCAAAGCAATAACTGGAATTGTGACTCGAGGGATAGACCCCTGGATGTGACTCTTCTTTT
GCACATTCATCTTAAATCTTATAGTATTTATCCACCCAAACCCAGACTGAGATACTGCT
CTGCGTTAAAGGCTCGATTTTGTATCTGCAGGCAGACACGGATCTGAGAATCTTTATTGA
CTCTGACCTTAAGAAGTAGCATATGAGTGATGAATTATTATAGTCAATCCTTGTGCTTAC
AGCGCTAGATTTTCGTGTACAAAACCTGTGTACCCCTCTATATATATGTTACATAGAATGT
ATTTACGACACCTGCTCCTGTGAGTCCATTGGGGACTGCGCCTGCTTCTGCGACACCATT
AAGGAATGATCTGCAATGTAGAATTACCCACCAATCACACTAATGCAGTGTTTGCCGTAA
AAGTACTCTTTAGGCATGTTATGATACTTGAACCTTCACTGTTTGCTATTGAATCATCACC
GATAAAAGTTCTTCCAGTCAGTTTTTCTCTTAAAGTGCCTGTTTGAGTTTACTGAAACAGT
GCTCTGGTGTGAGGTTGCAACAGGAGTAGGATTGGTTCAATCAGCATATTTTCTTTTCATG
GCTGTGGACAAGGCTGGCCCAGCCTGGATCCCCATCTGCCATCTCCCCGCTACACTGA
AATGTAAGTGGGGTGGCTTATGGCTTCTTATCCTCTGATTCTAGCACTTTCAAGTGAGC
TGCCAATTGTAATCATTCTGCAGTGCCACAGAACACTACAACCTATTCAAATGGAATCTT
AAGTCCGTGTTTCACTGATCAGCCTGATTAACACATGCTCTGAGCAGACTAAAGCTAG
GCTGTCCTCATCTCCAATGAAAAGGTATTGTAAATAAAGAGAAAGATCAGAGGCTTATT
TCCAGAGGAGGGACGGAGCCATCCCCACGTCCCTGTGGCTCTCAGGACGCCCTCCTCTGA
GTTTCTTGATTGAACTCTTCACTTTTTTACTGGAATTTCTGTAGTTGTCTTGAAAGCTG
CTGGGTGCCCTGACACATTTATGTAGTGATCCACAAATGTGATTGTTAATTTAAATGT
GACCTTGGCCAGGATGCCAGCTTACTTTCTCGCTTACTTCTGCAGGTTCTTTGTTCTGCG
TGTTGACCCTGATGACATCATGAAACACATAGGGGATGACGGATCAAACCTCTGTAGCAA
ATCCACTCTCTAGAGTCCAGTGTACTTTAGACTTCATCTGAGTCCAATACATGTACCACA
ATACTACTTCTAAGGTAGCTGCAGATAAGTGGCCTTGACACATTACAAGCCTGGAAAAAA
TCCGCCCCCTCCCTCTCCCTTGAGAAGCTGAGTCTTCTGCATCAGATTATTGCAACATTT
CACTAGGCCAAGAGGCCCTATGAAGGTGGCGGGAACCTCAGCTTCAACCTCGATGTCTTCA
TGTCTCTAAGTTATTTAAATTATGGCTGGGGTGGGGAGGGTACAGGGGGCACTGAGACC

TTGTCCTTAGGTCTATGAGTGAGTCCGATCTTTTCTTGTGAAAGGTTTTGGGCATCGTAC
AGATGGAGAGAAAATTGTGGTCCAGGGAGAGCCTGGGGACGACTTTTACATCATCACGGA
GCCTTCGTCTTTTCAGTCATCATGTGATGGAAAGAAAGCTATCAACTTCATTCTGAGAC
AAGGGAATCTCCGCACAAAAGTGCAGATTGAGGAATTGTGATGGGTCATTCCCAAGAATC
TTTACCTGGACGTGCCAGCGGCATGACAACCCTCTCTGCAGAACTTTCCAGTCGACTCT
CCTAAGAATTGGAATTAATCAGTTATCACTGATACTTTAACCTACTGTCCATATTCCACC
ATGGTAAATCATGGAATCCAGAAGGAACAGTGGGTACAGGATGCAATTGGCAGGAAGCAA
ATTCATTCTCTAAATCACACTGAGATGGCTGGGTTGCTTCCAGTTTTTCCAGTCCTGG
GTCTGAAGCCAATGCTGTCTGGTTGCGCCATTTTTGTGCTTTTATGTTAATTTTATGAG
ACATCCTTGTGTTATGTGTACCCTCTTGATTTTGCCATCTAGCAGCCGATGTGGGTAAA
GAGAAGATGAAGCTCAAGGACTCTCTTTGATCTGGATGGGCCCAAAGTGGCATCTCCT
TATTTGTTTTAGTAAAGGCTGCACTCTATCTTGGGCGAAGATTTGGGTTCTGTGGACTG
AACTTGACTTCTTTGAGATCCTTCGATTGTTTTACCTGTCATTTATGATGTGAAGTACC
AAATGCACATAATTCATATTTAGGTGGTATTTGCATTGAGTGCCTTACTGGTATTCTCA
TTTTAATTTATTTAGGGGGAATGATGGTTGTCTTTGGATATACTACAGCGATGGCTATTG
GGGATTCTCCAGCTGCTAAATTTAAACAGTAAATATCACATTTTGTCAATTAACACAGCT
CTATACTGTTGGAAAACACTTCAAAGAAAATAACTTCTGCGGCCATTCAAATTATCTTC
GGTAATAAGGGTTCTTGCTTTCACAGAATTATCAGATTTATGTGTCAGGGTGGTACTTC
TAATAACTTGACTGTCAATGCTAGTAACGAATCCCCTCCCCTCTACCGGAATGTTCACT
ACATGACACAGGTGTTTACTTTCCTGTTCTTGCATCTAGTTTCATTCTAATAATGTTCTC
ACGCACTGCGCAACTGTTTTCCAGATACGGGTTTATAGCCATTATTTATATCGGAGCCA
AGGTCCCGCTATGTTGTCCAGGCTACTTCCCAATATTTGAGAATAAAGTCGAGACTCTG
CTCCCCTGAGACCACACTCAGCAGTGGCTTCTCGTTGCTGTAATTGAACGGGTGCGAGGT
CTGTTTCTGACCTGGAGAAAGCCAACAATCTCCAAAATGAAGCTCAGTGTGGGCACTCAG
GCTTGCCTGACAGTGTCTTAAAACACTGGTTGTCTTTTACTAGGACTCATAATGATTGTCC
AAGATTTGCCACTCACTTGTCTCAGGTTGGAAGGTTTTCTGGAGGAAGGTTGCATTGGA
AATGTTCTGCTTTCCTTGCCTTATGCCTGTACTTCACCTCAGCCTTCAATTCCATTGTGT
AATTACAGCAAGACATGCAAAAGTTTAAGAATGAGGTCAACACATTAGAAGAAGAGTTCC
AAGGAAGATAAGCTCGAGCTGACTCCCACGACCTCCCTCTCCACGAGAGTCAACAGGTGT
ACATGACCCTCATCAACTTGCTACTTAAAGTCTTGGGCCCATACATGAGAGAAACCTCA
AGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTC
TAATCAAATCGTATAACAGAAGAGGAAGTCCCATCCTGCCGAGGATCCTGGATGTGAGAA
GGGAGGCATTGGACACCCACACACACAGCAGACAAACTCCTCAGATGTGGACTTGAAG
CCAGGCCCGGCCCACTCCTGGCTCTCATTATTTTTATGTTAAAACCTTGAAGAAATTG
TGGACTGTCCTGCCTGCTGTCTAGCCAAGCTACCTTGCAAGATTCTTCAAAGGATTTAAA
ATTCCTCAGCAAGAAGAGCTCCCGCTGGCCCTCCATGCTGGACAAGAGCTCCAGACGCT
TCTGTGCTATGTTTTGAGGCTCCCTTACCCAAAATAATACCCCTGCCTGCGTGATATTCT
CAAGCTCCCTCCATCTTGCCTCTGGGACCAGCTCTGCATTGCTCCAAGCCCTCATCAGT
CAGTATTCAGGTATTGGCAGTATGCAAAATGAGCAATTGAGTACTCCTTTCCATATGAA
TGTGGTGGGTTCTCCCTGCCACCCCGGGATGGCTGCTTCCAAGTTGTTTGAATTTAAA
TACCTGACTCAGGACATGATTGATGACTACGAGCCGGCCCTCATGTTACGCATCCCCAGG
ATTTGCTTTCAAATAAATAAGGTCAGCTAGTCTAGGAGGTTAACGTCGGGTAGGAATGC
CTCATGATGCCTTTGAGAAAATCAAACATCATGTAGGGTGACCTAGTTTCAAACCAA
GTCTCCACCTAGAGATACATTTGATTTACAGCTTAAAGTAATTCAGAGGCTAAGCTAAG

CAGCTGGATCTCTGCTCCACCTTGCTGGAATTCGTACATGTTTAGGTTCCCTAATAAGTA
ACAGGCCCATACTTCAGTCAGTCCAATCATAGTACAGTGATGTGGTGGTAGATGCTATGA
AGTAGGGATGTCCCTCCGGGTCTCTTCAGCATCTGCCCTTCTCCACCACATAAGTTCGT
GCCCCTCTCCAGCTCTGGCTTAGGACCCCATCGCGGATCCTATGTACCTTAGGACCCT
CGTGGTTTCCTTATAAAAGAGAGAACAGCAGCAGCAACAATAAAGCCATTGTGAGAATTA
GGTGGAGAGATTCAACCAGTTAGCATGAGAGTTGGAGATAAATTTCTTCTCCTAGAATAT
ATAAAACAGTTGGCGATCATTTCCAAGATTGGTTTCCCTTGAGTTTTTGCTAAAACAA
TACTCGTCCAAGAAGAAGATCTTCATGGGCCTCATCCCCTACGACCAGAGCGGCTTCGTC
GAGTATGAACCGTGACCAGAGAAGTAAATATGGAGCCGTTTTATTGAGCAGTTTCTCCA
AAGGTCCCTCCCAGACATCTGGACACTGGGCATAGATTTCTCAAGAAGGAAGACTCCCC
TTCCTCCATGCTTGTGAAGTGCACAAGTGGAGCCTGACTGTACATCTTGGATTTGTTT
CTGGACCGCCAAACAGCGCTGCATAAGCTGGCCACAAGTACAGACCAGAGACAAAGCAA
TTTTTTAAGTAAAGAACCGAAGTCATTGAACTGGAGTCCCATTGATTCCTCCCCCTCGC
ACTATTTCTTCAGAGTTTGTACATACTGCTTGTACATCTGCATGTCTACTCAGCATTGA
AATGACATAGACAGCAACAGCACAATCCAGGAGATTCTCATTCCCGCATCTAAAGTGGGT
AAAGCTGAGGGAATGTGAATCAGTGCTTGTGAATGACTTCTTCTTGGTGGCTTGTCTTGA
TACAAGGATGTTCTAAACTGCTCAGGCCTGTGAGTGAAATGATTTGCTGCACTGCAAGG
TTGATGACATCAATGTAACATTTGAGATATTTCTGAATTACTGTTGTAATGGCTAAAATC
CCTCAAATCCCACAGGCTCATACTCAGACAATTGTATTACTGCCTTATGTTTTTAAAGT
GAAGTTAAGGCTGATGACACCCCTAATTTAAATTAAGGATTTCTGATAGGTTTTCTG
TGAGGAAAAAGCCTTCTAGCAAGGAAATCAAGATTCTGAAGTTGAAGGAATATACTG
GGGAACCATGACTGTTACATAAAGGCTGTCAGTAGTGGGAAGCGGAAAGAAGGGATTATT
TGTTTTGACCACTTCCAGGATATGTGCAAGACCTTGCCACTCAGATCTGCAAACAGCAA
AAGCAAACCATGTATGTGTAAGTGTAAAGTTACCTTTTTGTCTATTGGTCTCTTGGC
AAATGATATCTGTGTCACGGCCAACTTCTGCATCTCGGTCACATTCCTTAAACCGTGCTT
ACTGAATCTTTTGGCTGCCACGGATGTCAGGGAGCCAACGGGACTGGGTTTTGGTTGGGT
AAGAGTGGCAAGGGCAAGAAGAAGTCCAAGCCAGTCAACAAAGACCGCTACATCTCCAAG
TTTTTTATAAGCCTTTTTGGGGTTAAAATAGAGTTTCTTACATTTTTGGGACTTTTTTA
AGTCCGCTCCATCCTGGAGCTGAGCCCCAGCCAAAGAACTTCAACCGCACAGCGACTGG
TCAGAAAAGAGTTCCAAGGAAAAGGGCAGCCATTTAGTTTTCAAGTCTGGGCAGTGA
AGCAGTTCTGCTTTAACTGTTTTATGTTGGGGTTCTCTATGAGATTTCAATTGGAACA
AACTTTCTGACCCTGAGGGCAAGCTAAACCAGTTCCGGAAGAACCTGCGGGAGTCGCA
CAAAGTGGTGGGTTTTATTGTCTTCACTGATTGTCAATGCATTAATAAAGAAGATGTG
GTTGTTTGGTCCCTGCATCTTAACTCTTCGTAAAATTTGTATCTTCCAGATTAGAAAA
CCCACCTCCCCTACTTAACAAAGGCACCTATATTTACCAGAAATAAAATTTTATTAGTA
ATAACAGCTTCCCAAATACTGTTGTAGATACTAAAATGTGCCTGTATGTATTTCTTCCA
GTTACCTACCTGCTATTTTCACTGTAATTTCACTATTCTGGTTGATGTGTAATAGTGC
GGAGTTTGGTGCAGTTTGGAGCTGATAAAACAGCAAAGGAGGAATCTCTTCCCCGTG
TTGAACCATCCATGATTGCACAGTCTGGTGTCTTGGCTTCCATTAGGTAACAACCTCCA
TCCTGGAGACAGATGACAGCTCTCCCTGGATGGCTTTGCTGGTCCGCACCAGCCAGCG
TTCTGCCAAATGAAATATAATGATATCACTGTAAAACCGTTCCATTTTGATTCTGAGTT
GGCATCGGAGAAGTGCAGCTGCTGTGCCTGATGTGGGAACAGCTCTTCTCCAGATGTAA
ATCCATCCATCCATCCATACATCAATCCATACATCAATCCACCCATCCATCACTCCCTCC
TTGGATATATAATGCTTCCAGAATTGTCTGACTGAACAGGAGGCTGAAATATTTATCCG

CTGAGTCACACTGCATAGGAATTTAGAACCTAACTTTTATAGGTTATCAAAACTGTTGTC
AAACTGAAGATTTGTAAACGCTCCCTGGCCCATCTCCTAGTTGGCTTCCCCGACCACCGT
ATCTCCTCCCCGTGTCAACAGTCCTGCTGTGTGCCCGTCTGCTGCAAGCCCATCTGCTGT
TTTTTAAAACTCTCTGTTGTTTGTAAATATTCTCTTAAAAGCTTGAAAATAAAACTTCTTT
TGTCTCGCTGGCCTTGCCCTGGAATAAAGGAGCCTCTAGCATGGGCCCTGCATGCTAATA
GCTTGGGAGATGCTTTCAGGTTGCAGCCAGAAGGGGTTTTTTAAATGACTTCTCTGGATT
CTGAAGAGGCTGTTTATGAGTCGCACCAACCGGTCACTCGTTGCTCAGATGATCCGGAAG
CAGTATCTCCATGATTACCTTCATCTGCCCTGGAGACTGTGCCTGTTACTCTATGCTGC
TCCTTAGGGGCTTGGGACCTTCCATTTGGCACTGAGCATCTTGTGGGGCCTTAACTGGCT
CACCAGTGTTCAGATGCCTCTGACTAAGCTCCCAACAATTAGAGAATTGTAAGTGCTTA
AGCTTGGGAAGAACTTGCAAGATGATATGTGCTGCCCTTGGCTTCTTATCATTGATGCGAG
CGAAGAGAGGTGTTCTTTTCTTACTGGTGCTGAAAGGAAGGATGGATAACGAGGAGAA
GCTGTCAACTTCTGGTGTCAATTGCTCAAGAAAACTGGCAGAATGTCCGGGCCTTATAT
GTGGTGAATATCAGTAGTTTGCAGTGTAAAGGGCTTTTGAAAAGCTGCAAGTGAAGATCTG
AGAGGGACAAGTATCAGACCGCCTGCGAGAGCACTGTCTTCTTGGAGGTGTGTGTGTTGG
TGATTAGAAATGAAGATGGACAAATATGTTTTGTGGAATATTACTGCTGCCCTGATGAAG
AGTCACTGATGACCTTGAGAAAGTTTGAATGAAGTAGTCGACACCTGTTTGTATAAGGG
TCTCACTTGTTCAGTACAGGCACACTGTTCAACCGCATGGTATCTTTCTGTTGTGTGAC
AAAGCTCCCATTTTGTAAACCACTAGTTTGCAGTTGACTTGAGTACTCTGGTGACTTCTGT
TAATGAGTGTGGAAAATCCTTTGGCTGGAAGTCAAGGCTCAGCCAACATCAGAGATCTCA
ACACCACAAGCCACGCACAAGCACCGACCAGAAGCGGACAGCGACGACGAGAACACACGA
TCTTCAAAGAATTTAGGTATTTGTTTACCAGAAATGAAGTGACTTATTAGCCATTGAGCG
TAATGTAATGGCATCTATATTCAGTTGAAGTGTGTTTATGATGTGCATGTGTACTTCTAAGG
AGGCGGTGGCCATGGTACTGCAATGGTAACCCCTTCTCAACCCCTTCATCTTACCT
TCTTCAAGTTGGAGCAAGGAGAGGGGCCATGGACATTGGAAGGGGAAGCCCCACATCAGA
CCCAGGAAAAGTCAAAAACTACTCGGAAAACACTGACAAAGACTTATCGAGGAGACGTT
ACTTTTCGTCGCAGCGATGAGGTTCTCCCGTCCTAATGAGCTCTTTGATGAACTTGT
ATGCCCGCTCCACATCCTGCCTGCCCTCAGCCCTGGCCAGGCCCTTTTGGAGGCAGC
ATGAACTACTACGGCACTACTATGGAGGCCTGGGCTACGGCTACGGAGGCTTCGATGAC
CAAAGTAATGTCCACTTTTCCCTTTCATGCTGCATATTAAGTGGTTAATTATACTGCAGA
TGTTCAAAAAAGAATGCCCAAGTGTACCATGGCTAAATGGAAGAGTCTGCAGTGTTC
TTAGTTGCCCTGTCTTTCATACTTCTTGTGTTTTGTTTTGAGACAGAGTCTGGCCCTGCCG
TTGTGTACCAGAGCACATTCCTTAGGGGACGGCTTTGGGGGTCCCACGAGACATGGACTA
TAAAGGAAGATGAGCTAGGAATCAAGAAATACGCAGAAGTATTCTGCTCACTGGCGCCA
CACATGGATGTAAAGTAAATACAGCTCCGCAGGAATCCTGAAAAATAATTCTAATGTTAC
AGCAAGCTGGACACCACTGTGGGGCTCTAAGAGTCTGAATTCGTAAGTGGGTTGGTGAAG
GTCAACTGAGAGACATGTCTACAGAACAGACCATGTGGCCAACTCCTCCTCCTCCCCATG
TACTGCTGCCATTTTTATTGGTGTGTTGATTATTGGAATGGTGCCATATTGCTCACTCCTC
TGAGGAAGAATCTGAGTTCCTTCTACTTCTATCTCTGCAGTCTGTCTGACTTAGCTGA
ATCATTGAGAATCTGAAAAGAAATCTTCTTATTTTCTGGGGCTGTCAGATCCAGGGGGT
CCAAAGAGGAACAGCTCTTTGGCACTAGGAAAAACCTTGTAAGAGAGTAAAAAATTT
TGTGAAGTCTTCTCGCCCTCTGCCCTTGTGCTTCTCCACATTGCCAGGAAAAGCTG
TTGATGCAGTAGAACTGGCCAAGGATCATTCTGACTTAAGCAGATTGACTGAGCTCTCCT
CTAGCGTCTCCGAACCTTTGCAACTCATTTTATATTACATTGTCTGCGTCAAGAAATTC

GAGCTAAAACACTCAACTATAGAAGACATTA AAAAGAAATCGTATTCTTGCCAAGTAACCACC
GCCTGGTAACACCTGATGTTTATATGATATTCAGTAAGGACTTTTACCTTACTGATTTCA
CTATGTTGGGCATATATCAGTGTAAATAACATTAGATCCAAATACAGATCATGCTGCC
CCTCCAAATATATGTATGTTTCTTTCTGAAGATAGACGTGTGTGTGTTTGTGTGTATC
TATTTTATGCAGAATGGACCGCCTCCTGCTTTGTTCTGCCTGTGTGTTTGTGAGCATCT
CCTGGTGGTGGTCTCCATCGTGGCCCTGGCTGTCCTTATCATCACATGTGTGCTGATAC
AAACATTGTTTTAGTTCAGATTTGCAACAGTGGCCGGCTCCCTCTAATCCACAGTGGTG
AGCTGGGATCCTGAGCAGAATGAAGTTGTTCAAAGCAGTGAAAAAGAAATACTGCCTTAA
TGATGGTGCGGTCATATTTTATAGGGATAAAACAGAAGAATTAATGGAGATTGACAGATG
GAGAGAGCTAGTGAAGCTGTTGATGAGAGCTGTTGCTGAATAAAACCATATTCACCTGC
CATGTCTGAAAGTCACATATTGTGAAAATTTGAAGCTATCTCAGTAAAAAGCAGCTTTGG
TATTTCCGATCCCAGCTGCTCTGTGAGGGTGGAAAGTATTTGGGGACCAGGCTTGGGGG
TGGGCTTCTCACTTCAATCAGATTTCAACTTTTGATTGTTTCTGTACTGGGCTTCCCTT
GTCTCCAAGTAAATGATCAACGAAGTGAGAACTGTTGAGAAGGATACAGTTTGT
AAGAGATTGAAAAAGAAGAGCAGGCTGCTGCTGAAAAGGTAATGACCAAGGAGGAATTC
CACCGCCGGGCGAGGGATGCGGGCGGTCCGTGCGCGGCAGGCGGAAAGGATCGTGT
AAATCTTCAATACATCTGTCCCCCTAAAACGGCATCTGGGTCTTTTGGGGTTAAAAAA
GAAGACAGTCGGCTATGAATGAATCATCCAAGACTGATCAATACTTATGTGATGCAGACA
TTATCTGAGATATTGGCCAGGGCATATCGTGTCCCTGGTCTTTTGAAGTCCATTTGTGC
ATTCATCATTGTGCTATCATAGAGCATAACACCCGACCCTAGATGGCATAGCCTACTC
AAAGAGCCAGGCCCTCGCTGCCAAGGAGCTTCCCGTAACACCGATGCATCAAACAAAAG
TTTTCAACCAGCTCTCCACTGGATTGGATATTATTGGCCTAGCTGGAGAATGGCTGACAT
GTTTAAAAAATACCTTCCATGTGGAGAAAAACATGTCTTTTCTCGCCTCAACTTTATCC
ACCGCGATGGCGCTTCTCATTGAAATGTTTTCTTTATGGACAGTGTTTAGCAATTGTTA
GAAGTAAGTTCTGAAAACGTTTATGGTATTTTCGTGCATTTGTGAGCCAAAGAGAAAAG
TATAGTGCAGCCTGGGCTGAGTATTATAGACAACAAGCAGCCTATTATGCCAGACAAGT
CAGCTAGACCTGTGCAAAGACTCTCCCTATGAATTGAAGAAAGGTATGTCCGACATTTAA
TACAAACCAAAGAGGAACATTGAGCACAGTGGGAAAATTGGACTGGTTGATCTGGTCACT
GCCAGTTTGGTTTCATTATACTGACAACCTCAGCTGGCATCATGGACCATGAAGAAGCAA
GGGCTGTGGCATATGAAGACATATAAATGAGCCTCAGAAGGAATGCACTTGGGCTAAATA
CCCTCAAACCTCCACAATCAGTGTCTTCCAGCCCCCTCGTTTCTGATGAGAAGTTAGCAG
TGACTCAGCTCTCACCATCATTGTGAACCCATGGAGTCTACCAGAATCGGCAGTCTG
TTCTTTTGTAAAGGCAATGAGCTAGTCCAGAAAGGATCCTTCAGTTACATACAATTTGT
TTATCACTAAATACTGCTGGTCAGCTGGGTCCACTGGCGAACCTCACATCAATAAACCT
TAACACCAGAATAAACTGATGTTGCCATCAGCAGTCACACGACTGAAACATGAGGACTG
TACACACTCAAGACCGTCACAGTGCAGGGCAAGACTGAGACACTGGAAGTGGAGCTGCAG
TCGTAGTGCCTGTTGTTGTTTCACTCGAAGCCCGTGTGCACGCGGTTGAAGAAG
ACAGTAGAGACCTACACAGTGAACCTTGGGGACTTCTGAGATCAGCGTCTACCAAGACC
CCTTGATTTGAAGCAGCTTCTGCACGTTGGTTATTATGCCATTTTCTAAATCTAACATT
TATGGATTTATGACTGCAAATCATTGTTTTGTAATACATTCTCAAAAATGTGCTTTAGG
GTTGATCACCATGATGCAGAGGTGAAGGAAAAGGTTGTAACAATAATACCCAAAATCTGA
TATCAAGAAAGCCTGATCACAAGATACGAATCTCTTAAGGGGGTCGACCCCAAGTTCCT
ATCTTAATGATGAGAACAGCAACCAGAGTTTCCATTCGGAAGGTTCCCTGCAAAGGGCA
ATGGCCTCACTTCCCGCCGCAACGCCGAGAACGTGCTTTCTGCTGTTACTTGTCTGCA

CTGGGATAGTGGCTCTTCTGTGGGCGAGATTACAGGACACAACAAAGTCATCAACAGCGT
AAGTCGGATGGGCAGTTTAAGAAGACAGCCAGTAACAGCAAGCTGAGGACCTACCTGCCC
GCTTCACAGTTTGACCTGCTATGAGGACCTGGTGACTTTTTCTTCAACAAAGCATTTCATCA
GCTTTGACAATACATTACAGCACCATTTCTGAGAAGGTGATTTTCTTTGAATTAATCCTGG
CCCGCCACGCACCCACCCGTATTTATGTTTTTACCTATTGCTGTAAGAAATGACGATCC
TATTTGAAGTTTGCTGGAATGCAGCAGGAGACAAAGTTGGAGCCAGTGCATCAGATGGTT
ACAGTGGCTCAGATCTTACTTGCTCCTGCTTACGAATATTCCCAATCACTGGTCATCTGA
AGTCAACACATCTGTAAATAACCTTGAGATAACAGATGAGAAGAAATCTGATTGATGCTG
ATCCTAGTCTCCAATGCTGCTGTCAACCTTTCTTTGGAAGCATAATGGATGTCACCTGAG
TACCAATCAAGGACCTTTGACTCCAAAAATTACCTTTTTTGTACAAGTGACTIONCTGGTG
TGAGTAACTCTTAAAGTCTCCTCTGTTGCCGAATTGCTTATAGTTTGTGTTTGTGTTTTG
AGTAAGTCTAGCATTGCAACAGAATAGATCTTATAATGGCCAATCCTCACACTTTTGTAT
ATGACTGTTAGCCAGTTTACAACCTTTTTACCATCGATGTACACATTTGATATTTGTGCAG
GTCAGCTCCTTCTCATTACAGGGACCTAGGAAACCAGGTGAGCAGTAAAGGATTATCTGAC
AGAGCCAGGAGCGGCCCGCCGAAGAGCCCGCGCCGCGCCGGATGCCAGCTCCGCGCCGCG
ATTCCTTTGTTGGCTCCTCCCTGTCTCTTGGTGCTGTGGGCCCTGAAAGTTGTGCGAGTG
GCTTCTCACCTGGGAAATACAAAAATAGCCCCTCTGAAGATAAAATCATTGAGAAACAG
CTGCATGAATGCAAAATAAGCCATCTACAGCAAGTGATAAGGAAACTGGACAAAAAAGGA
GGTCAGTCCCCAGTGGGAATGATCCCTGACATCTATGAGAAGGAAGTCCGTTTGATGAT
TGATGCTATCTCAATCTAACAATCATCACATACCCTACCCAAGAACAGGGTTTGTAAAG
GGAGCTCCTCACCCCTCCGCAAGAAGAAGAAGAGTGTGAAGAAGCATCGCCGAGACAATT
CACAAGCAGATTACTGCACGGGCAACAAAGGATGGGACTTTTGTCAATTTCAAAGACATGA
ATCTTGTGTTTGCAAATTGTGGAATGATGTAAGCAAATGCTTTTGGTTACTGGTACATGTG
GTTTAGAAAATGGGCTTTTCCAAAAGCAAACAAAGATAGGTTCTCAGGTGACCAAACCT
GACGACTACATATCATTCCGGCACCATGTGTATAAGAAGACAGACCACCGCAACGTGGAG
ATTCTGTGAGCAAATGGTACAAGGAAGCCAGCTGACAGAGATCCTTGTCAGAAAACCTTGC
CAGTTGATGAGAATTTGAAGAGAAAAGACACAACAAAGTAGAAGGCTAACACCAATTCCA
TGCTGCCAAGCACAAAGATATATTCTGGAAAAGAAGAGGAGGAGGAAGAAGAATGACTGTA
ATGGACGCTGGCACAATCTTGAGAGGGTCAGCCTTGCTGAGCCTATGTCTGCAGCACTTC
CTCGGAGCGTCTGGCCAAATACAACCAACTCATGAGGATCGAGGAGGCTCTTGGGGACAA
AAGGCCAAGACCATCTTTTGTACCGTTGGTACAGTAGGCTAAAGGTACGGTGTTCATAT
TTTTGAAATTGTATCTGGCGAGCAAGAATTTCTTACTTCCATCTGTGCAGTAAGCGATGT
TGATGACCAAAGAGGAGCTGGAGGAGGAGCAGAGGATTGAGCTGACCTCTGACCTCACTT
AATGAGTACATCCTTGTATTTGTATTTGTTTTCAACATCGCCAAGGTGCTATGGGAAATT
TTGGAGACTACTGCGTGCATGCCTCTATTGCTCTTCTTGGCTCTTATTATTTGGTCCTA
CAGGCTGCAGGAACACAGTCATCTTACCCTTACAAAAAGACCTTCCGCTTACTCTGTTT
GGGGTCTCACAGGAACATGCCAGTGCTTTCAAACCCAGTAAAATTTTACTTAGATTTTG
TGTTAGCTAATGTAAATCTTAGTAAAGACTTGAGTCTTCTGTACATGGAGGACGAGTGA
CTTAACAGAATGGAAATTGCTATGTCTTTTAAATGGGCCATTTTCAAAGACAGTGTTG
ACCCCTCCCAGCTAGTAGCATGACCAGGAGAGGGTTAATGAGAGCCAAGAGGAGTACCT
AGGGCATCATATTTCTGGCCATTTCTACAGATACAAGTTGAAGTACCTGGTCTTCTCC
CAGCCCTCCCTACAAGGCTCCTACCACCTGGCCACTGCTGCAGCCCGTCCATCGCTGTAA
CGTACCCAGCTAGCTCAAACAACCATGAGATCAGAGCTCGGCAAACCTCTCTCTGGACAA
TCACAGGACATTAGTGATGCCTGTGAAGCAGAAAGTACAGAGAGGTGTGAGATGTCAGAA

ACAAAAATTAGCCTGTAGTCCCAGTTACTTGGGGGTCTGAGGTAGGAGAATTGCTTGAAC
GGTCTATGTACCTTAATCTCGTTTCTCCTTACCACAATCTTAAATAGATTTTCAGCTGAAA
TCTCTATGTTTCAGACCACTGGAGAGGATAGAGAGGTAAAAGGTGGCGACAGTTTCCCTTA
TGGCTGACTAGTTAATAGGTTTTATCCCACTGAAATTTGCATTTGTACAAATGTCACTG
CATAAATAATTTTCAATGCCAGGAGAGGAGACGGTGGGAAGATGCATGGAAGGTTGAGAG
TTTCATGCCCTGGAATGTATTTGACGGGAAGCTTTTTTCATCAGAAGTACTTGCAATCTGA
CAGGAGCAGCGGGGCAGTGTGGGGCTTTGTGTCATCACAACTTAAAGTATTTTATTCTA
GCTTTTAGTATTATTTTTTAAACCTTAAAAATAATCACCAAGTATATAGTAGAAGTTCTT
TTTCCCAAAAACCATGTTATTGGAAGTGGTTGCAATCTGGATTGAGCCCAATTCCGTTAC
TTAGGCATGAAATCAATCAGAAGAGAAAAGAAAAATGCTGGAACATGCTTGATGTATTATG
GTATGACCCTGATGAGACCTTAACTTCATCGCACCTAATAAATATGAGTACTGCATCTG
CGAATTCCTGCTCTTCGTTTTCAAACACTTTGCTGTCAAGCTATTTGAATAATAAATAC
GGTGAAGTTTATGATAAAGTTCCAAATGAAGAAGGTGTTACCTCTGGCTGTGGCTGTTGG
CTGGTGGGTAAGTCAAGTCTATGATTTGATTCTCATTTCTTAAAAAAGGATGAGTATGTG
GACAAATAGGTTGCCAAGTGAGGACGGACCCCTTACCGATCTGTGCTCTCCTAGCCCAA
GTGGATATAGATCAATTCATGCTTTTCAATTCAGTCCTCTCTCTAATAAACTGCTGTCAT
TCTATATCGCTCATCACAAAGCGGAAGATCATTGCTTTTGTCTGGAAGGAAAAAGAT
TATGTTTGACAAGAATTTTCATCTCTGTTCCCTAACTGTGCTTGATTTTTTAAAAAATAA
CTCTTCTACTGCACTGTCCTGGTCTGCTCCAAAGAGATCTCAGCGCTCACCGACTTCTCT
GACCCAAGGGTCTCATCTTATTAACCATTTCTTGCCTCTAATAAAATGTCTCTAACAGA
GAGGTAAGAGAGAGGACTTGATCCTAGCTGCAAATAAGAGACCTCATTAAACCTAACA
ACAAAGATCAGCTCAGGATGGGTCATAGGCCTAATGGTAAAAGGTAAAATCTGTGAGGCAG
ACTGCCACACAGGAATCCAGGGGAAACATCATGAAGATATCAGATGTAAAATCCCGAGTT
GACCAGCCAGTTTACAAGCATGTCTCAAGCTAGTGTGTTCCATTATGCTCACAGCAGTAA
CTCCTGAGGCCCTTCTAGCCTGTGCAAACCCTGTATGTGCATTAAAAATCTCCAGGTC
CAGTTCGACGAATGTGAAATACCTCACTGATCACTTTTTATATTGATTGCACGTTGAAAT
CAATACAGATAAACTGCAGGTTAACTCTCTCTGTCTCGCCCCTGAAACTAGGCTTAA
CAACCCCTATCGATTGCCTGCTTTTTTGAGCTTTATCCTGAATTTCTTCTGGTGTAA
ATCTGCTATGCAATAGTCCCTCTCCTTCTTCTTCTTCCCTCAGATTTAGCTGATCCTT
TTATTCTTTTATTGTGAGTATCTGTATCTCTCTCTTTTTGGAGGTGCTTAAGCAGAAG
AAACTAATCCTCTTCTTGGAGACCACTCTGAGTGAGCGGGCCTCACGGGGCTCCTTCCAT
TTCCGTGGCTTTGTGGGGATGAAGACGGCGGAGTTGGGGACGGATCCTAACATGTCCTGA
CGGAGGACCTCACCGTGAAGGTGCAGGACGACTTTGTGGAGATCCACGGAAAGCACAAAG
CGACTATAGAGACACTGGGATGGTCCTTGTTAACCCTTCTGTCAAGAAACACTGTTTGT
GAAAAACAGCTAATACATGCTAGGCTTGATATCTAGGCGATGGGTTGGTAGGTGCAGCAA
TAGAACAAATTTCTTGTGACAGCTTTTTTGTGAAGTTAGGTTCTTAAAAGTGCCCATGA
CTGTAACACCTGTGAAGATGTGCGGGAGGCATATCGCCGTAGAGGCTGGGCCTTCAAGAA
TACAGACTGCTATTCCAACGAGTACTCATCCAAGTGCCAGGAATGCAAGAAGACCATCAT
AAGCTGCTGCGCTAGACTTGGATATTTTGGGTAGTGAAGAAGCAATGGCAATCTTGAGTC
TACGTTTCGTCGCCGGCCGGCCACGCCTCGCCGCTATCCCCCGCCGGCCGCGCTCTCC
GCCACCCACCCCTGAGCTGAATAAAGATGATTTAAGCATAATAAATCGTTAGTGTGTTT
AAGTAAAACACTTTACCAATCTGTCACTCAGGTACAATTTTGTGGTGAGATTTTTGTCTG
CCTACCTGTAGGCAATAGATTGCTATGTTTTTAACAAATTTGTGGCAAATTTAAACAGCA
TTCAGATTTTCAGCTGACATTAGCTATAGTATACAGTAGGTTAAGACTCATGTCTATGAC

TGATTCCAAGAACAAGTATTTGCTTCCAGTATGAAGTGTGAGCAGTTCACAATCTTCAAC
AAGGGACGACGCCCCCCTTTCTCTCTCCGAGAAGGATCCCCAACCTCACTCTTCACT
AGGTCCGTCCAATGGAAGTCGAGAGCCTTGGGTGGACTGTTTATTAGAGGAATATTTTA
GCTGTCATGTCACCCTAGGGTACTGTCGCTCTGTCATGTGTAGCAATCTTCCAAATTTT
CCTCAACATTCGCCAAGCATAACAACCTAGAAAATGTTTAATCACATCATTACGTTTCTTT
AGACACTTATTTATTGGGATGTGAGCCCCAGGGGGCCTCCTCCTAGGATAATAAACAATT
TGGAGGCTTACTGCAAGAAGTATGAGCAGCTCAAGGCCATGCGGACCCTCAGTTGGAAGC
TTATCTAGGAGATCGCTACAAGTTTTATCTGGAGAATCTCACCCCTGGGGATACGGGAAAG
GTTATTAGCCTGATGAATGTGAATTGATTCTGTGGCCTTGTCTTCTTTGTTTTGTTTT
CTTACACTGCTACACCATTACTTTCTTGAGACATTTGTAAGTTCTTTGATACAGAAGAGT
GCATTAACCTTGAGAATATCAGAATTAGAAAGCCAGGTTGTTGAAATGCATACTAGTTTG
ACTAGAGAACTTCAAGAAAAAGAGGACGAAATCAAACAATGGTTAGGGAAAGTTTCTCC
TGTTTGTCTTGTGTCATGATCCCAAACATTGTTGATGAAGACAATTCTTTGTTAAATGCCTG
GATGTCTGCTCACCCCTCATTCTTCTCCAGCTGCCCAAGCTGGTTTCAGATAGGTCTCTCT
AAAGTTATGCTTCCCTTCATGTTATATGCACATTGCCAAGAATTACTGTCAAGAGAAATG
CTACCAGCTTCAGCAAGAAGAAGACAGAAAGAGGAGATCTGAAGAATCAAGACAAGAAA
CCTAGCTGGTCATTTCTTTGTAAGGTAGTTAGCAATTTTAAGTCTTTCTTTGGTCAACTT
TCACCATTCTAAGAATGAAAGGCCAGCACGGCCACCACCACCTATCATGACAGATGGTGA
ATGGTTTAGGCTGTGAGTCCTGCAATGTCTGGCTGTAGAAAAGTACTTCCTACTGTTGG
AGGGCCACCCCTTAACCCTCGGGACTACTGTGGCTGGACACCTCTGCACGAGGCCTGCA
ATAACTGGTCATTAATTATGAACATTTACTTCTCCAGTGCCTTTTTATGAAGATCTGGTT
GACTGTTGCACTTACACCTGTATCAATACACCTGTGCTCAATAGTCACATGGTGCAGGAA
CATGGATGAGGAAAAATTTGTGGATGCCGTTAACTCTGCCTTTTGGAGTGATGCTGACCA
ACTCAAGACTCAGAGTCTACTGAAATCCCCTTGATGAACAGGTTGAAGAGGAGGCAGTA
TAAGGCCTTCTGCAAGGTGTGACTCTCTCCCTCCATACTGAGAACATTTTGAAGTGA
GTGAATTGCTGCCTATACTGAGAGGAGAAAATTAATAAATCTTAAACTTGGTGCCCAACT
TTTGTAGAGATGGGAGGCTGTTAGGTTTGTAGAGAAGGGAGGCTGTTAGGTTTGTAG
CTTCGAGCTGAACCTGAGGACCATTATTTTTAATGTAGGCCATCCAGGACATGTGCAAG
ACACTCAAATTACTGTCTGTAGCACACTTGTGCACCTGTCTTACATTCTCTGTTGCT
CAGCGTGAGCCCCTTGCCTCACACCGGCCCTCCACGCTGCGAGAGGTCAGCCTGAGCC
TCATATGATCAAGAAACCGCCAGTTGGGCTCTGCTAGAACTTTTGTCTCCCTTAACG
ATGACGTCCCATGGTGATAGCCTGAAAGAGCTTTCCTCACTAGAAACCAAATGGTGTA
ATAATCAAAGAATTATAGTAATTGCTTTCACCTTCCCCCGCCGCTCAGCGGATTCCCT
CTGTATCTAACTGGGGCTGTGATCAAGAAGGTTCTGACCAGCTTCTGCAGAGGATAAAAT
TGCCTGATTCAACTGTAGCCTGTAATGGGTAAAAGCCACATTTAGGAGGTGGTCTGATCA
AAGCCCTGCCAGTATGTAGACAACCAATTCAAATGATTGTGCTAACTTATTTCCCTAG
CTCCCCAAAGAGCTGTCAGAAATCTTTGATCCCACACGAGAGTGCATGAGCTCGGAGCTG
AAAGTGAAGACAATAAATTGGTAATTTAAAACTCTCACCCCTGCCCTGACACACATGT
CATTGAACACTAACCCAAAAGAGGTCCAGGAGATGAGGAACAAGATCCGAGAGCAGAATT
GTAGTGGGCTGGGTTTTAAGTTATAAATGTTAACTGCCTCTGGGTGAAAAAGTTTTTAAT
ATTAACCTGAGTGTGGGAGTGAGTTGGTAATATGAGATGGGAAGGAATGTTGACTTGCT
CTGTGACCAGCACTGTCTCAGTTTCACTTTCACATAGATGTCCCTTCTTGCCAGTTAT
CAACTATATACAAAGCTAAAAAGATAGTTAGCACCATTGCAATCAATAGTGTGAAGCTG
TCTCTGCTCTGTCTTGGTGTGTGGTTTAGAGAAACATGGACAACGCTGTTTGAAGAACA

AGCTTCCTACTCTGCCCTTGCCCAGTGGGTAGACAGCATCATGACTGTCACCAGTACCA
TGATCATCACACTCCTCTTCATCTGTTGCCATTGCTGCTGGAGCCCACCAGGCAAGAGGG
CAAATAAACCAACGGGAAAAAAGAAAGGTTCCAGTTTTGTCTGAAAATTCTGATTAAGCC
CTGACGTTACAGCAGTTCTACAGTTTTACTTCAGTTTTATTTTTCTTCTGTAAAATGCAAG
ACCAGTCCTGCCCCAAAACCTGACCATGAACCCCAACTGGACTGTGAGGTCTGATTCCGA
ATCTTGAAAAATAAAGTCACCTACCCGCCGCCGCTGACGCTGACGGAGCAGACGCTGAAG
AATATTAACCTAATCACCATGTAAGCACTCTGGATGATGGATTCCACAAAACCTGGTTTT
GCTGTATTTACAGATTTGTATCCTGCTTTCTTTAACATATTGTGAGCATTTTCCCATGTC
AGGAAAGAGAAGACATAGCTACACCACCACCCCAATACTGGGCCACGATGTTCTGCCC
GTCCAATGCCAAAATTCTTAGGCCTTTTTCTCAAACAGGGGATTACCACTTTCTTAGCCT
TTTCTGGGAGACATGCTAGACGTGCCCTTGCCAAAACATTTGTAATTACTTTTCTGGAA
CTTCTTTGGGAATATAATTATCACCGACGTCACCGCGAACTGCCTCACCGTTACTTTCAA
GCCTGTGCTTCAGGGTAATTACTAGTAGTGTACATGAACATGTGCATAGTGGTAGGATG
ATTCCCGTCTGGTGCTCTGTAAGACCTTCAGGTTGGATGAAGATGGCAAAGTCCTGACCC
CCCTCCAGCCTGAGTGTGGAGCAAGACTCTGTCTCTAAAAAATTAATAATAATAATAA
CCTTACTTAGTGACTGGAATGGTATATGCTCCCTCCAAAAGTTTATCTTTGTTTATTGAT
CGTTCTGAGTGGCTTGAATGTACAGAATGTTTTGAAAGTGTTTTATTAAGAATCACAC
CTGGGCAAACCCTGGAAACCTGGTGACAAGGAGCCCTGTGCACATCCCAACTCTCGATTT
GGGTCTATTTCCATCTGTAAAATAAGAATATTTGTCTCACGTGTCTGTCATGAATAGCAA
AAAGACACGAAGTACAGATGAAGGCTCCCCCTCGTCTGTCCCGGGCCATTGCTGATGTGA
GTGAGCTCTTAAAGTGGCTAAAGTGGTAAACCTGTGTTTTGTATAGATTCTACCAATT
GTCGCATAAACTTTTCGTAGAAAAGGGTGAACGGTCAAGAAATCTAGAGGTAACCTTCTC
GCTATTATGGAATTAACAATGTAACCATCTGAAAGCAACTTTTTTGGTGTCTCAGATGAG
AGACTCTCAGCCTCAGCTTCTAAATTCTGTGTCTGTGACTTTCGAAGTTTTTTAAACC
TAAGAAAGTTGCCCTCTTCCCACCCCAAGGGCTGGTGAGAGTTTACCAAAAATTCCCC
GCTGTCTCTCGCCTTCTTCCCTCAGCTTCTGTGTGAAATAAAAGCTACTGTTTTTGGTCT
ATGGGGGAGCAGAAGGAGCAGATGCGGAAGCAGGAGGAGCACATGGGGGAGCAGAAGGAG
TCTGATGAGGTGTCTAAGATAAAAGTAGCGGCACAAAGGCTTTTTGTAAACAGAGGGCTTT
GAAGATCCAAGTCTCCTCCGTCTCCAGATCCTGCTCACGGTCCATGTCTAGATCTACGT
ATAACTATTTATTGTTGAATCACTTTTAGGATGTAACCTTATAAATAAACATGAGCGCT
CTCATTTTCCCTCAGAACCCACGGCAAGGATATATGTCCCTTGTCTCTCTGCTTCTG
GATTTTTGCAAGGAGAAGCAATGGAAACCATTAGAAAATGTGGGAGATAAAAAATCCTAT
TGTGTGCTTCTTAAAGCAGAACTAAGCTCAGTATGTGACCTTACCCGCTAGGTGGTTAAT
ATTTTTGCCAATCCCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT
GGCAACAAAATAATAGTACAGGACCCACTGCAGATTGGTGTAGTAATACAAGAGATGTGA
AGGCGGCGGCGGCGCGGTGGGCGGTGGCGGCACCTCCGCCTGGAGGGTGGTGGCCGTGT
CTTGGTATGTGGCCATATTTATAGAATGCTGAACTCAATGTGCAAGTTGACTGTATGCA
GGGATCAGAGGGCCTTGTCTTGAACACTACTGGGGTATATTCAGGCTCATCCACGCAGC
GAAACAGATCATAGAAGAACAATCTGGTTCTTACATCTGGGTTCCGGCAAAGAAAAGCT
GCCTGCAAACACATTTACTTCTCTTCTTATGAGACTATTTATCTTTAATAAAGCACTGGA
GTTGACAGTTTGCAGATATATATTCGATAAATCAGTGTACTTGACAGTGTTATCTGTAC
GTTTGGAGTCTGGACTAAGCTCCATCCACGTCACTCACAAGTTTCTGTTTATATTTCTAG
ATATGAAGAGTGAGAAGTGTCTACATCTAAGTCTTCTTTGAGAACAATACCAGCTGAGCG
AGTTTTACCCTACTGATGATGTGTTGTTGCCATGGTAATCCTGCTCAGTACGAGAGGAAC

GAGGGTGGGGAGAACAGACTTTTTCCCTCTTCTAAGAATTTGATTGATAAAATTATAATG
CCCTAACCCCAAACATAGATCACACCTTCTCTAGGGAGGAGTCAAATGTAGGTCATGTTT
AGCTGGATGATGCTTTCCACCCAGAATGGTTTGTGTCCCTTTTTGAGCAGAAAACAGTGA
TTAAGCCCAAGATCCCAAAGGGTGTGAGCCACAAGCTCGATTGACTTGCCTACATTGCC
TCAGCCATTGGTCACTTAAGAGCACTAACCCCTCCCTGGTTTGAAGATGTTCTTGACTTT
GATGTCCCTTTTTGATTATTGTTTACACGGTTGCTTTTTCCACCTTTCCCGTTGGACT
GAGGAGGAGCTGTTTCAGGCCATCATGGAACAACTGTCACCTACCCCAAGTCGCTTTCC
TTCCGATACTGCCTTTCTACAAGGAGCTCAAGCACAAGCGGCTATGCAGGTACCACTGA
CCAGATTGTTACCAGAAGTCTACAGATACCAAACCTTTCAGTTCTGAGTTTGTACAGGCAA
GTAAGGAAGACCAACAATTTTTTCAGCTTTTCTTGCCAATGTTTCGAAAAGCTTTTACTGCC
GCTTATCTCAAACAGATTACCCATCTGCAGAACTAAGGAAAGCAATTTATGTATGAAAGA
TAGTGTTCCTCAAATCATGTTTCTCATACCCAGATAGTAGATTATCACTTAGGACAGAGG
ACCGTTCTGGCAGGACACGAGGACAGCAACGGCTGCATCAACTACGAGGCCTTCTTGAAA
TTCTCCATCAGGAATGGGACGCACCCCGTTTTACCGCAAGTCGCTGGATGGTTTATTAC
GAATTTTCAGTCAGCCTCAGAGGTTGACTTCTACATTGATAAGGACATGATCCACATCGCG
TGAGTGCAATGAATGTGGGAAATTCTTCAGCTTCAAATCCGTCCTCATTCAACACCAAAG
TTATGCAGTATTTAATACCTACATAAGTCTATTCCATTATTATATTTTGCCTTGGCAT
AGCTCTTGCCTCTGAGTGGCCTCTCCAGGAGCAAACTTTCTCAAGTCGGCCTCTCCATG
TTTGCAAGCATTACTTTAGCATTTTAGCATGTCTGCGGTCATAAACAAGGAAGTATCAG
TTAAGAATTTTCTTCCCCATCCCCTCACAAAGATTATTTGAGTAAATTACACCCCAAC
ATTAATATCATCAAATCTTTGAATGCCATTACCCAGGCCAGGCTGACTGGCTGAGCCATT
GAAATGGAATAGAGAACAGTTATATCACAGTTGAGAGTTTAATCAAATGACCGGATCAG
TCTTACCTCTACTGAATATTCTAGTGAGTTATATGATTTACGGAGTGATTAACAGAGGTC
GGGCCTCCTCGCGCCACCTCCCGCTGACCGCCGCCCGCAGGCTGGCACCGCTGTACGCG
ATGAGGTCCAAAATAAAGTTGAAAGTAGCTGATATGGGACCACAGAATATTGGCCAATCA
GCCACTTACCTACTGAAGTACTGACTGTTGCCTGAGAAAATGTGATTTTTATTCTGCTTG
TGCAACCCAGGACAGTTAACCTGTAAGTCCCCTTCTCAGCCTCAGACCTGGAGGTTTG
GGTCAGGAAAAGCTAGGCCACAAGTTTTCCCTTGAGAGCCTTAGGTAAGACACGGAGCAC
GGACTGTCTTCTTGTAGAGACTGATTTTGGCCAACATATTAATGCATGTTTTATGCAA
CTGGCCCGAACTGAGTCCCGCCACCCGCCAGCGTCACGGCGCCCGACTCAGCTCCGCG
CAGTAGAAAACCATATGGGGACTATAGTGCAACCTATTTGGGTAAAGAAACCATTTGCTA
AAGTAGTTATAAAAGCAAACACAGGATTCACCACAGTACTTCACATCGTCGTTACATGG
ACCACAATGGCAGCCTGTTTTGCTCAGCATGCAAGGACAAGAGCGTGCGCATCATCGACC
AAATCCTGTCTCTACTAAAAAAGAGAAAAAATTAGGTGGGTGTGGTAGCGGGCGCCTGTG
CAAACACTTTCACTTTGAGCTGGGCAAATCTTACTTGGCATCAACTTGGATGGCTCGCAT
ACTGTTCTGTGTCCTAACAGTGAGGTTCCATCACAAAGGGGCAGTATTAATTAGCAGCAG
TATATTACTATTCTTACATTAACCTTCTGCTTATTTTAATGGTACTATATGTAGGCCTT
GTTTCTCATGTTCCCTAAGTGCCAGCCCAGAACCATGGAATGTGAAGAAACACAAAACCTCA
ACTATAAGATCCAATGTGCTGAGCCATCCCGGCCCTCCTGGTGCCAAGTGCCAAGCGCC
ACTTAGCTGGAATATTTTAAAGTGTGAGATAATGTGATGTACAAAGAGAGTATGCCGATG
GGGCAGTGCGTTCTGGGGCTGTGCTGCTCCTGTTACCTTCTGAATCCATATGTAGAGATT
ATGCCTGCACCAACCACCACTACCCAGAGGAAGAAGAAAGACCCCTGAGGGGAGACGTG
GCAAAAATGCAAGCAAGTATAGAAAAAGGTGTTTCTTCCCAAAGTGGAAGCCAAATTC
TCCTGGCACTGGTTTTGATACTTGGAAATTTTGAAGTTCAGGGAATTCAGAGAATTTGGTA

GATTAGCCGTGATGTGCATCAAAGTCTAGTTGAATGCCTAATAAAAATTGTTGTCTTTCTG
GGCGCGCACCTTGAGGGCGGGCGGCTCCCGGACGTCGCGGGTGGGGACGCACAGCAGTAG
TGGCCTCGTGGACTGCAGTGACATGTACGAGAAAGTGTGTGCACCAGCTGTGCCATGTT
ATTGAAGACATTCTTATGTGTAGTGTCCCTGGCAGGCATTTACCAGGCCATGTGCTTTA
CTTCTGAACTCGCAAACGAAGGAGCATGGGAGGAATGAACTCTTTACAGATTCGGAATGT
TGCTTCCTCCCTTGCCTTCTCAATGGCTCCGATTAAGAAAATTGTGAACTTCTGGAA
ACCCATGGTACCAATCATGAATCTTTGTTTCAGTTTCAGTATTATGTAGTTGTTGTTGG
TACCCTAGAGGTCATCTCCATTTCCATCCAGATAAATGAGTATGCAAGGAACGTTTTTATA
TTAAGGGAGCCGCCACCGCCCAATGGGGTTGGTTTCTTTCTTCCCTGTTTTTAAAGATC
GCCATCGCCACTACCAGGACGACCCAGACCTGCGCTTCTCCTCGACCAAGTCCAGCTC
GCCTTGCTTAAACTTGCTGGTTTGTACATTTTTTGCCGGACGCATCAAGAAGCAATCT
AGGTTGCTATGGGAAGGTCGCTTGCTCCAGGGGGCCCTGGAACAGTTGCTAAGTTTAAACG
CTTTTTCCAGAAAACAAGGGGTTAGATGTTGCATTTTATAAACTAACCAAGTTCTGT
GCGTTTCTGGCGATGCAGCAATCCAAGAAGGTGTGGTATGAGTGGGCTGTGACAGCACC
AATATCAGCTCCAAATGTCTTGCCCATCTTCCGTGTCCCCCTACCCTACACAGCCTCT
TCAACAAAGGAAAGGAACCAATTACCCGGGCGGCTTTGGCAGGCTGCACCACTGTCAGC
GGCCACATCTAACTCTGTGTTCCAATTTTCAAGTCTAACTGTTGCATAAAATACATTG
GTAAACTTTGTACATTGGAATATTTATGTTTGTGTACATATTTGATGTGTGTGTATGA
AAGCACCAAGAAGCAAAAACAAAACCTTGGATCCACTTTTGTATGTCAGAGCCCAAGCCCA
TCTGAGGCTGTGTACTATCAGTATCTGTCTCCTAAACCAATTATGCTGTGCCTGGGAACG
CATCCTAGTGAGGTTTGGAGTACAGCTTTATGGTCTATATTACTAAGCCGATTT
GTAAACACATACACACAAAACAGCAAATTCAGGTAATTTTTGGATTGCAAACAGGAT
AGAATTCCTCCACCCCCAGATTTTTCGAGGGTTTTGTTGATTTCCCCTCAACTTTCCA
CATTATTCCTGAGGTGAGAGGTCTGTGTGCCCTGTGTGTCCCTCTCAGCCTCCCTGATT
CCGTGGAGATCCCAACTGGTTTATGAAGAAAGCGCAGGAGCATAAGAGGGGAATTCACAGA
TATAGGTTTCAAGAACAGAGTAACTGGATTGAAAGATGGACTGATAGATTAGATATATCAG
TCAACATTTCTGGCAATTTCTACAGAAACAAGTTGAAGTACCTGGCTTTCCCCCGCAAGC
AGACCCTTATTGGCATGACATGTCAGAGACCACAATGAAAGAATTATTTAACTTGCATT
TACAGTTCCATGGGCTCGAAGCGCTGGTGGTTGAGGAATTCCAGGAAGTCGAAGGGGTAG
GTGTTATTTTTTTGTTTTTTGACTTCTGCCTATACCCTGGGGTAAGTGGAGTTGGGAAATA
CCCCCGCTCAACTACAAATGTCAATATTGAATGAAGCATTAAAAGACAAACATAAAGTA
TTTTCTTTCTCAGTTCACGGACAAAAGTGGTGGGTTTTTATTGTCTTCACTGATTGTCAA
CTCTGGATTTGTTCACTCTGAGATCTATTTGCAGAGTGGGTGCTTAGCAGACAGAGTGAA
TTAGCAGTACATGAAAATAGATGGTCCTCGCCCAAGGGACTGCAGTAACCCTGAATAAA
TGCTAAGTAGAACATCAAATTCAGGAGACTAAGAGAGCTGCTTAGGAGGAGAAAGGAGA
ACTTTGGGGGACGGGCTTCCCCTGTGAGCAGCAGAGCAGCATAATAAATGAGGCCACTGT
GAACACAAAGAGAAAGAGGAGGGGCACCCGATATATGTTCTTTAGGCCTTTAGAAAACA
AATAACTGCTGGAGGAATTGGGGATGCCAAGGAGTAGGTGGTGAATTGATGCAAATTGCT
TCCTGTGCCTGTGCCGGCTCCTGCAAATGCAAAGAGTGCAAATGCACCTCCTGCAAGAAG
TAGGCCCTGAAGCAAAGGCGAGCCATGTTCTAGAGCAATGTCTTTCTTGTATTAATAAG
TGAAGAAGAATGTGGCGATGGGTTATGTGCCCTGCGAGTACAGTCGTCAGGGACAATGC
GCCAAAGAGTTAATTTTATTCCAATCACTTAGCTGTTAGACTGATCTGTTTGTAGCAG
ATGAGCCCATGTATGTCAAGGTGGAGGCCCTTTGCCATGAACACCAAATCAACCTAATTA
GATCTTGGATCCTTGGGTTTACCTGCTGTTAAGAAAGATCCTTCTTCGAAAGTTTTGCCA

TTTCAGTATTATGAGGAGGAAGAGAGACAGAGAGGCAACTTCCCTGATCGATTCTCAGGT
AGCCTTGTGGTATAGAAAAACAAATTTGTTTTATGTCCTCGTCTCCCTTCCCTCTTC
GACACCCGCCACCATGCCTGGCTAATTATTTGTGTTTTAGTAGAGACGGGGTTTCACCG
TGAGTCACACACCTGTGCCTGGCCCCGTCTCTGCCTCCTGTGCACTCATTACCTGCTTC
AAAGGGAGGCATCTGAGGAGTGAAACAGAGAAATGAGTGAAGTACTGAGATCAGTGTCTTATT
GGAATCAATTCAATTTGGACTGGTGTGCTCTCTTAAATCAAGTCTTTAATTAAGACTG
GGGGCCAGTAAATCAGTAGACTGAACATTCAATATAATAAAAGAACATGGGGATTTTGT
TAGGCTTACCATCTGATTTGTAATTACAATTTTGAATTCTCTGTTTTAGTTGCTGAGGC
TAGTATTACGGCTGGGACTCTCCAGCTGTTTTGTTGTTGTTATGTTTTAAGAGGGTTG
TTGTCATGGCGGGTCTTCGTCTAACTGAGAAGAAAAGCATTCTGTTTGATCACCGCC
TTCTGCTTTTACAGAATTATTCCAGGGTTTATGTGGTTTATGTGTCAGGGCAGTGACTTC
GGGTTTGCCCCCTACTATTTTAAATCCAGACTATTTTATACCTATCAGTATAACTATAG
GACGAGGAAGAGGACTTTGGGGGACAGGCTTCTCCTGTGAGCAGCAGAGCAGACAATAA
AACTAAAAGTACTTTATTAAGGTCATCAAGTAGCCTTCTTGCTGAGTTAACTGACCT
TGGAGATCATTCTGTTCTGCTTGTGCTCTACTTCTACAAGGAGAAGAACGCCAACACA
AGGCAGCCACTCATGGATTCAAGTCCTGGGCTCCGCTTCTCCATCAGGACCACTATTAA
GGGAGAGCCGCTGTTCCCTTCTGTAGCAGCAGCATTATGAATGGGGTGAATGGGGCTA
GAGGTGTCAACTCAACTGTGCTTCTTAGAAGAGCCCATTATTTATAGGCTGGACTGGAA
GCCTAGGCAACATAGCGAAACCCTATAATCCACAAAAGGGGGAGAAAGAGACCAAAAAA
ATTGTTTCTTGATGAATCTCTGGAGAAGGAGAGTTGGCTCTGCAGAGATGGATCATCGT
GAGCTTGTCTTTGGTTGTAATAAGAATCCATCAAAACCCATGTCTGGATCTCTTTGGC
CCAGAGACACCAGATCTTCTGATTTCTCATGAGAAATTGAACATCTGAGCTTTTAAATAA
TTTTTCGGCGAGGGCCTTTTTGAGTATGACCTGCTGCCCTTCTGTCTCCACCATCAGC
GTGGCTTAGGCCAAAAGAAATATCTAACCATCAATTTATAAATAATTAGGTCCCAACG
TACTTGATAGATTCTTGTAAAGAAAAATGCTGGGTAATGTACCTGGTAACAAGCCTGTT
TATGTTCCAATCGTGATGAATTTGAGAAACATTGCAAGAGGGAGCTCAATCTTGGCCGGG
TGGGACTGGAAGTGACCTGTACAAGTGATGCAGAAAGGAGGGTTTCAAAGAAAAGGATT
GGATTGATGCAGTACACCTAAGGAATAATCATATACTGGGTTTTTGTGTTGCTGTGGA
TCTCAGATATCTGGGAAGGAGGAAGAGACATCAGTCACCATCTTAGACTCTTCTGAGGAA
AAATTTCTGTCTCTATAGTGTCTCGGAAAAAAGAAAGAAAGTGGAAAGGCAGGTTGAGAA
TTTCTGCACATGTCCATTAGAATTGGAGATGGGGCGTATCTAGTGTTGAATAAAGGCCCG
GGGTGGAGCGCTGCCTGGCGCGCAGGAGCGGAGGCCTGGATGCCCTGGACAAGCAGCACA
CCACTATTAGGAGGTAATAAATCAATAAATGGCCATTCAATTTGTGTTGTAGCTCATCAT
AGACCGTCTCTTGCCCCGGAATGTTGGCGAGGGAGGGGCCGCTTTTCTTCTGGGGTC
CTTTACCGCGGGCGCCCCGAACCCCGAAGCGCGTCCCCGCGCAGGCCGTGGGCGCGCA
CCAGGGAATTCTCAGAACAGCTTTCTAGTTCAAGAGGTGATGGAAGAAGAGTGGAAATGCT
GTGGACTGAGTAGAACTGGAGGACAAGAGTCGACGTGAGTTCCTGGGAGTCTCCAGAGAT
CAGGCTCGATAGGTTTGTGCGCTCTACCTATAAATCTTCCACTAATTTCTATCGCCTAT
AAAGTAGAGGGTTTCTTGATTAGCTTTGTGATGTAATCCTTAAGGAGTTATAACAAGGAG
GAATATCGAATTCGTCAGCAAACAGACATTTACAAACAGATACGTGCTAATAAGGTAAGG
GCAGGACTCCTCCAAAATTATGTGGACCGTACGGAGTCGAGAAGCACAGAGCCTGAGTTG
CGGCAGCTGCGGGCGACGCGGTCGATGGACATGGGCACCCAGGGATCGGGGCGCAAGCGG
TTTCAGATCAACACTTCCAGGACATCATGTGGAATGGTCTCTCTGAGATGGTGGAGATG
TGTCCTTAGGTTTTGTCAGGTTGTCCTTGTGTTGGATCCCTCAACTAGGTGATAAGCACT

TCTAACGCTTTAAATGGCTACTTTGGTTTCTGTCTGTAAGTTAAGACCTTGGATGTGGTT
CGCTGGTTCGATGCAGAGGAAGAAACCACACCTAGCACGTAAAGCCCTGAAAAATAGAG
CTACGTCCTGGTTGCTCACAGTGGTTCAGGAGTTATCGAACGTGAGACAGTTAATGATTT
AGACCTTGCCTTCTTTTGTTCCTGTCCGTTTATCAGGACACGGGCCCCACCTGTCACGT
AGTTGGTATGTGAGCTATGAAAGAAGCTATCGCTGCAGTGGAACTTGTTCATGGAAG
CTCCTGGTTAAGCACGTTTTGGGGATAATTTCTCTTCTTTAGGCAATGATTAAGTTAGG
TAGAGGAGCCTGTTTTGTTGAGAAGATAAATGTGTAACCCCATTTGATGTTTAACCAGAA
GGCTGATGACCAAGATATGATGGAGTCTCTATTTTACACTGTCATAGTTCCTTTATTAAA
TGGACTGGAGATTTGCAGTGGTTTTATGACACATGGACTGGAGGTTTGTGGTGGTTTCAT
AATGCCAACGGGATGTAGTGGAAAGAGGAGGAGAACTCTTGCACCTACTATGAGTGCCAC
CAAGAAGTATCCAGTGGTGGCCATCCCCTGCCCATCACATACCTACCAGTTTGTGGTTC
ATTTGCTATGCAATATTTTATGCTGGTATTATATCTGTTTTTAAATTGTTGAACAAAAT
CAATAACTCCAGTATACACGGTGGCTCCAACGTTTACAGAGAATTCCTACTGCCGGGATCT
GACCGGACTTGGTTTACGAATACAGTGTACGAGGTTAAGATATGATAAAGTGTA AAAATA
CAACTCAGTGAGGAAGGGAAGGCAGAGCCCGCCACACGCCGCTTCTAGAGGCGTAA
GATACCATTTTGGTTAAAGGAAATGCTGCGGCCAACATCTTCAAAAATGTCTAAAAGAA
CTGTGTCTCTTTTATACCTTTTGTATGTGCACCTATTTAAATATAAAAAGTCAGTTGTAGA
TCACAAAGGAGGGGAAAACGTTATTTTCATAGCTGCTTTTAGAAATGTAGATTGTAACAG
TAGGTGCTGAGACAGGTGTGCAAAGTTCTGACCTTACAGTGGATGAGAAATGTCATCAGAA
AGGCACTTTGAGCTACAGATGAGTTTAAATACTTTGTGTTTTTCTTAGTCAAACATGTGC
CTTCACAAGGTACCTCTTTAATTCATAGCCTTTTATGTCAGCATTATTCTTCTTTTGGGG
CTTTTGGGTCCTCTAACTAGGACTCCCTCATTCTAGAAATTTAACCTTAATGAAATCCC
GGAGGCACCAAAGTAGTTCTAGATGACAAGGTGTGTAACCTTAATAATTCTAAAAAGAAG
GAATGTAGTGAATGTAGGAAAGCTTTTGCCTGGAAGCCACAGCTTCTTAGGCATCAGAGA
CATGTTGACATAAGTTCCTACCTGACTATGCTTTCTCTCCTAGGAGCTGTCCTGGTGGGC
TCTCATAGTCCTTGTCCAGTCTTTGTTAGAATACTGGGTATGTTAGGGCTTGGGACAGG
AGGTGTTGTGGAATGTTCTTCGTTAAGTCACAGGAAACGGAATGTACCTACTTCTCCAC
CAGCCCATTTGCTGTATGAACTGTGGTTGTTGTGTGCCAATGACAAGGCTACTAAGAAA
AGTTTGGATATACCCTTTGCCATGTTTGTCCCAAGAATTTGGAGCTGGAGGATACCGAT
CATTGCGCTGAACAGTATTTGAGTTACCATATAATATGGCTTTACACAAGGAAATGTGTG
TTCAGGTGATCCACCTGCCTCAGTCTCCGAAAATGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCACCG
CCCCCTCCCCTCCCTTTTTGTATAATTTAATAAAGAAATGGTCGCGCTTCTGTTTTTAA
CTTCTGTAGGAAGACGGGCTTGCGGGTGATGGGAATCGTGGAGAATATGAGCGGCTTCAC
CTTACAAAACATATAAAAAGTCTACACTGGAGAGAAACCCTACACCTGTAAAGACTGTAGG
AGAGGTCAGAGGATGCAAAGAAGGGACCTAACCCGCTCATGAGACGCAATAGTGTACCCC
TATCATTCTTGTATAGTGAGGAGAAGTGTCCCCCTTGCACCTTCTAACTCAGAAGTGG
GGCAAGGTGGCCGCCACCAGCGTCATCACAATAGTAAAGTCCAAGACGGATGCCCGATCG
TACACTCTGGTTCTTTCACCACCATACGAAGGTCCAGCCTCATGCTAGGACCTTGGGGGC
GAGACAGAAAGATGCTTTCTGAAGGTATCCCATATTTAGAGTATTGGTTACATATACCTA
TTTTTGCGGTAAAACCTGGCTAAGTACTATCGTCAATGGATTTCGGAGGACGTGTACGATG
ACATCTGACGTTTTCTGCAAGGTGGGCTAATAAAGGGAAGGCTTTCAGGAGCTTACTGG
AATAATCTGCTTCTATCCGGCCGTTTTGGTTTTATTGTAACAACCTCAGCTGGTATC
AGAGAAGGTCTCATTCCGGTGTTTTGGGAAGAGAGTCGTGTGGGCCAGGTATCGTAGCGG
ATTTGAGTTTCTTCTAGGGAAGAGTCCCAGATTTGATCAGCTCAGGATACCCCACTATC

AGAGTCATTCTTCCGGAGTTATCAGTCCATCCATCCATCACTGGAGAAGAGCTTTGATTG
TGCAACTGCGTTGGCATTAGAGGTTTTATACCATTAAGAGAGTGTGACAATGTATTGTAG
TTCCTTCCCTTTACTATGATAAATGGCTCCATTACTTAATAGGGCTAAATACTCTGCTG
AACGGGCGCTACGTGTGCATGAAGAAGAATGGGCAGCTGGCGGCTATCAGCGATTTTGTG
TCATATATCAGGCTATGCAACGTTGCGGAGAGGACCCCCTCCTGCTCCCCCAAAGAGA
ATAACGGGGAGCCCTCAGATGACCTGGTGCCCGCCATTCTGGACACCGCCATCAGTACA
AGCTGGGATGTGTGACTTCTTATCACCTGGATTCAGAGAGTCTGGGGGACAGGAATCCTG
CTTCTTTAATCTGAGAATCTTACGTCTTCAAGCCCTGTTACACCGCTTGTCCCATTAGA
TCTTCTGCTTTCTTCTGCACAGGGAGTTGTGAGGTTGCTACACCCCGGGTCTGGATTCC
ATTTCCAGCACTTAATGGCCAATTAAGTGAAGAATGTAAGAAAATTGATGCTGTACAAGG
TCTGAAATAGAGTACTATGCTATGTTGGCTAAACTGGTGTCCATCACTACAGTGGCAAT
GAACGAGGCTTTCTTTCTGACCTTCGAGATATGCTGGATTCTCACTTGGAGAATAAGATA
TGATCAGAAGGATGTATCCCCATACCTAACATTCCATATCACTACACTGATGTGGGCTGG
TTGGAACATTTTCCAGTCATCTCACTCTACCTAATGGGTGAGGTTACCAACCAGTCCTT
GGAGGCTCCCTGAGGCTGAGTGAACACTGGGCGCTGCACCTGCCTCTCCACGTCCTCGG
TCTGATGGAAGTGAAGATGAAAGAGATGAAAGGCAGCATTCCGCCACCTGCGTCTCACTGA
AAAGCTCCAAGCCAGGTGGAAGAGAACGAGTTGTGGAACCGCTGAACCAGCAACAGGA
GAGCTCAAAGCTCATGATTTCTGAACTGGATTTCCAAGACTCTGTTTTTGTCTGGGATT
TACCAGTTTGAATCTGCCTAGGACACTAAGGCTCCCACCCCTAATTTACCTTATAAATT
CAACTCGGCTCAGAACTGTCAGAACTTACGGGTGGAAAGACAGAAGAGACTTGAAAGAAT
TATAGCAGTAGGACAGAATGTGACAGTGACAGAAAGAGTTCTAGCACCTGCTTCCACTCT
GCCCCGGGCTCTCCGGAGCTCCCCTCCGGGCCGAGCCGCCGAAGCGGGCGCCGGCGTAG
CCAGACAGTGATTTACACAGCTCAGATAACTGACCTGTCTAGTTAACAGATCACTGCTTC
TTGTCCAGAAAACATAATGAGGATGAAGATTCACCAAATAAGCTCTATACTTTGGTTACC
TGTCTCTGTCTCTGTACCATCGTCTTCTTGGTACAGTTCGGACTATTTTTTCTCTACACC
GTGTCCCTCGGCATGCCGCCTCCCTATGCCGCGCACCTTTCGGGGGTTAAGCCGCGATAA
CCCATAACAGTTTATTTTCTCAATAAAGAAGATGAAGGTGCCATGTATTGAAAGTGTGCG
TTGCTCAGGGCAGCTTCTGCCAGGGTGGGTGGGACTGAGCAGGATGGATTTTCTTTTGA
GAGGAATGCCAGTGTTACCTTACGCTTCTAGAAGCAGAGCCACTCCAGCCAGAACGCATT
GAACTGTTTACTATTATTGGCTAACCATATGTTCTTCTCGTCTTTAGGTTGAAAGTCCATAG
AAGGATGTTCTAATTCTTTCTGCTCTGAGACGAATGCTATGGGCTGCAGATGACTTCTTA
AGCTTCCCTTTTTTACAGTGGACAAGGACACAAATAATAAATAAATCATCCCTAATGCC
GATGGAAGTGAAGATTACAGAGTTCATTTCTATCTAGGTTAATTTGAGACATACCAGAGC
ATCTGCGGCAAGAGCGAGCCCGAGTGTCCCGCCTGCCGCACGCCGGCCACCCAGGCCATT
TCGACTTGACCTGCTAATTTCTGTTCTGGAATCGAGAGAAGACTCCTCAACAAGTTGCT
ATACCAAGGATGTGCTGAGTGTGGCCTTCTCCTCTGACAACCGGCAGATTGTCTCTGGAT
CAGGGAGGCTGAAGAGGAGGCTGGCCACTACGGGAGCTCAATAAACACTTCCCAAATCA
CACAATATTTAGAAACATTTAAAATGTTCTTTTTGATATAAGCTATATACTTGAAAAA
AAAGTAAGAAGCAGTCAATTTTACATCAAAGACAGCATCTAAGAAGTTTTGTTCTGTCC
CCAGCCTGGGTGACAGAGCGAGGCTGTCTCTAAAATAAAAATAAAAATATAAAAATAGAATAA
AGAGCAGCGATGGGACCACCTCGTCTTGAATCTGACCTTGTCCAAGAAGGCTGGACGAGA
CGCGGGAGTTCATCCTGAAGATGTTCTGTGGACCTGAACCCCGACAGCGACAAGATCATCT
GGTGAGTTCTTCTGTCCAGCGTCAGTATTTTGTGTTGGCTTTAGACTTGCCAGATAACA
ATCTGTCTACACCCATTGCTTCAGGCTTGGTCCCTCCGCCGTCAGTAATGTCCAGCTTCA

AAGCGCCAGAGGTGACCTATGAGGCAGAAGAGGGCTCCTTGTGGACGTTGCTACTCACTA
ATTGTTATGATGGGTACATTCATCTCTCAGGAGGTGGGCTGACCACCAGAATGAGCATTC
AAAGCCCTGGTGGCCTGTTACCAGAAATACGTGGCTTCCAAGAAGGTCAAAGACGTCCTC
TGCATTATTATTTAATACAGTCATTATTCTATGCAATAAATCACTAAAGCTTATTTTTCC
TAGGAATGAAGGATGGCAACGAAAGGTGGGGCCTTAAATTGGATGCCACTTTTGGACTTT
TATCTCGACATCTGCAATACTGATGATATACTGGAATCTCTACCAATTTATTTTTGGTGG
AGTGGAGCTTTGGGAACCCCTCGGCCAAGCACAGCGGTTGAAAATACAGCTGAAACCCA
GAACTGGTTTGGAAATCCTAGTTCCTCACAGTCTACGTCAGGCTCAAGCAAGCTTCCGGGA
GGAGGTCTTTAATCTGATGTTCTCAGAAGGGGGTGGATTAAATCCTGAAATAAATATT
TCTGCCGTGTGACTGGTGGGATGAAGGTAAAGGCAGACCGAGATGAATCCTCACCATATG
TCAGAAATTAACGTAATAAAGCAAGATTCCATAAGCTGAGAAGCTGGAAGCTGGAAGCTG
CACCTGGAAGCTGCCATCTACCAAGCAGATGACAAGAACACAAATATAATAAACATGTAA
GGAGACCATAACAGGACATTTGATATTGCCTAACTTCATATAAGACAGATGGATGATCTG
GGGACAAATGGGGGTGCTGGAGAGACAGGAGTCCCAAAATTTACAGATGCTGCCGTGA
CAAATAACCCTACCTGCGGTGTTGTTTCATGTGGATGGTGACAAGACCTACTGCTGGACAG
CATCTCTGAAGGAGTCTTAAGATTCTGTAGAATCAATGAAAGATTCTATGTTCTAAAGCC
CTTCTCATGAAAAAGGAAACAGAATAGTCAATGGAAAAGGAAAAGGGCCTCCTGCAAAAC
AATGGCAGCTTGATTCTTCTTTGGGCTTTATTTCAGTCCCCCACTTTGGAGCTTTCTTGA
GAGATCATGCCAATTATGCCAAGAACATCATTGTTGGTTTTGCAAGAATGAATGGGAGG
GCTGAGCTTCTCACACACCAGCGCTTCCAGTTCAGTAGCCTACAGCAGGGGAAGATGTT
GCTGCTGATTGTGAATCTCAGAGTCTTAAGAGAGAAGCCAAATATATTCCTCTTGTAAT
GAAGCTGCTGCTATCAGAAGCCACTGTCTTTGCTCAGGCGAACGAGCTGGAGAAATACAG
ATTTTCTCAGAAATGATATATAACAATATCCTGTTTTTTGAAATAAAAACGTTAACCCTC
TTTTCCCATCATCGGCCACATGGGCATCTGCACATCCACAGGAGTCATTCCGGACTTCG
TGCCTGACACTGAGCCCCACCTCTCCAAGTCTCTCTGTGAATACAATTAAAGGTCCTGCC
AGGAGCTCTGCTGAGACTCTCAAGGGAGCCAGTGAAAGAAATAGAAATAAAGCCTGTGTT
AGGTTATGGGCCAGGAATCCGGGTCGATGAAGTCTCGTTTCACAGCTCTGTGAATCTGGA
CATGTTTGTGGTCAAGGCCTATCTGCCCGTCAACGAGTCCTTTGGCTTACCGCTGACCT
CGCGCCCTCCCGCCCGGCACCCCACTTCTGTATACATAAACGGCCAAGGTGTGTGCCCG
AACCACAACAGACCTGAGAGACCCACCAGCTTGATGACAAGCTTCTTCTTCAAAGAAAG
TTCTTTTGTGTTGCAACTTTTGGGTTCTTTTAACTGTGATAGTGATGGTAACTGATGC
ATTGAATTCTTTTATAGTCTAAGTAAAATAGGTGAGCAGAGATTTAGTTTCCAGGGC
AGAGGTGTGGGCTTCTCCTCCCTCCCATACACAGTGTCTCTGAGGATGAACTGCCATGTG
GAGAACCATCTGTCTTCTATAGTAGTTCTTCTCAGAATGCCGACTCTATGCTAATGTG
ACACCCGGCCTGGGTATGTTGTGGGAGAGTCATTTCCAGGAGGAAATGGGGACTGTTAC
CACCACACGTGGGGACATTTCCAATGTCAAAAATTATAACCAACCATAAAAACCTTTTTTA
CTTCTTGAAAGCCTTATGTGTCCATCAGCTACTAAATGTAGAACTTAAATAAGTTGCTCA
TTCCGACAGGGATCAAACAGGTAATGGCCTCGCATCTTCGCTGTTGCTGCTGCTCTGGG
AGCTCTGTGCGGTATCTTTCCAAGGTCCTAGAACTCAGGAAGAGTGATGTGGTTTTGGATA
TCTTCAGAACTCATGCCCTTACATAAACAGGCTCTACAGGCAGATCACCTGAGGTTGAAA
AGCACGCTTCTGGGCTGTTACAGTCAATGGACTTATCAACACTGAAATGTTATCCTCCT
TGTTGTTTCGTTGTGTGACTAATTGTGGATTTTAAAGCTGCTATTATTGATTTTCAGTGGC
CTGGATGGGACAACAACTAAAATATTTTGTGGACTGTCCAAAACCAAGAGAATA
TGCCGAGGGGGCTGTCATGCGGTTTCCAAGGTGCACATTTTCCACGGAAACAGAAGCTCGA

CGATGCCATCAAGCTGGACTCGGGAGTGGTCAAACGCCTGTACACGTTGGATGGGAAACA
AATTATTTTAAAACTGGTGCATCACCTTGCCTTAGCAATAAAATGTGTTGAGCAGAGG
CACCAGTTCCTCTAAGCACATACTCTGCTTTTCTGTCAACATCCCATTTTGGGGAAAGGA
TTGTAGACCTGAACCTTCTCCAGCGAAGCTCCTCAGTCCCACCTCCTGCCTCCCGGTGG
TACTGAAGATGTTTCAAGGCAAAAACTGCCTAACTTCCGGCATGGATCTTATTCGTGACA
AGGTTCCCTCTGTACTTCTGGAATACACAGGCCTCTCCTTCTATCCCTGAAGCGCCCATG
TAGTCAGTTTTAAGCAAGAGTCACATCTTTTGTGCTTTTTCGATTATCAGTGTAGTACCTGA
TGCTAAGGAAGCAAAAAAGGCTAAGCAAGCATCTAAAAGACTGCAATGGCTGCTGCTAA
GCATTCCTTTTAAATAACTGGTTGTGACAAAAGCTTGTGTTGATCAGATTCAGTGTTC
CACTGATACAGTCTATGTCAAAAAACCAACAGACCATTATTCCTCTTGAAGTTAGTTTGA
CACATTTGGATCTTTTAAACTGTATAGACGGAAGAGCCTGCATTCCTGACCGAACCT
CAAATATTTTCTCCATTCTGTGGGTTGTGTTTTCACTTTATCGATAATGTCCTTAGACA
GGTGCAAGCCGGGAGTTTGGGACAGAGTTCACAGACCATTACATCGAGGTGGTGAAGGCT
CGGATGTGCTCATTGCTACTGGGGTGTATTGCAGCTGGCGGAGCAAGGGAACACATCTA
ACTCTGTTGCATTGCTATGGCCGGGACAAGGTCATGTTCTCTTTTGTAGGCCAGCGCCGCT
TTGGTACATCTGTGTCTGCTAATACAGTTAGCTTTCTCACTTTTCTGCTTGTGTTGTTTCA
AAAGCCAAGTGGAGAAGACTGGTGTGAATACAATGTGGAAAGCATTGATGGTCAGCCAG
GGAAACATGAGAGGCATAGACTCCAAGTGACAGAAAGAAAAGTCTGAAAATGTCCCTT
GCACCTGTTACAGAGGGAAGGCCAAGTGCTGCAAGTGAGCTGAGAGTGACCAGAAGAAAT
ATGATGATGTTGCCATGCCACGGAAAGGATATACCTTACAGAAAATCTTTCCAGAATGT
TTTGTGTTTGAATCACGTGTGGAGGGTGTACCAAAAATCTTTAGATGCTTTGTCCTTATGT
AAGGATACCCAAATCCCTAAAGGTTCCCTCTCCACCCGTTCTGCCTCAGTGGTTTCAA
CATGTGCTTCTGAATGTATTGAACTTCTTGAATCTCTTTCTCATCAATTTTAGCAGAG
TGGCCCAGTTCAACGCAGCCAATGACATTGACATGATCTGCCGTGCCACCAACTGGTGA
ACAAAGTAACCTGGAAAATATGGCAATTAATCAGAGGAAATCCGTACCCCTCCCTCTCC
TTCCATAAGTGGGTGGATGGGTTCCCTGAGCTCTCTACTGTTAATAGAATTTGCTCTCTC
CCCCCACAGAGCTTGGTTGCATAACGTTTTTCCATTTGAAAGAAAGATCTAGATTCAC
CACATTTTGTGTTGGCAATATTTGTGGATTTTGGCAGGTATTAATACTGGTGATCCTAA
TCCAGGGGATTTAAAAGAGTTTTCTGCTTTGAGAGAGAAATAGAGAGTTTAGAAAGCAAT
ATGATGATGGGAATTGTGTGATGTTAACAGGAAGATCTTAAATTTTGTGATATGGAGCC
AATCACGAGATCTTCCCTCCGCTCTGAGGCAACCCCTCGGAGCCTGTGTTAGTGTCTGT
CAATATTCAGCGGTGAAATCTTGTGTTACTGTATTCCCATTCCTTTTCGTTTGAAT
ATTCCATTTGACCATGCAGCCTTGGACAAATAGGACTGGGGTGGAACTTGCTGTGTTTAT
TAATGATGCTGACTTTGAGGAGAAGGTGAAACAATTGATTGATATTACAGGCAAGAACCA
AAATGAGTGGCTCCAGCCCAGTAACTATAAAAGTGGTGTAAATCTCTTCCAACGTAAAAA
CCATCATATTTCTATTATAATTACATCTCATTGTCTGTGGAGGTGGACATGATAAACA
AAATGAACAATCCGAAAATGTTATTAAGAAAACAGTTCCGGCCGGGCATGGTGGCTCACG
TTCCACCTAACATCAGTTATGAGGACTTTTTCTCTGCCCTTCGTCATATGCAGCCTG
AAATTTTCTGTTGGAAGGCTTCTTTTACTGTGATGACAGGATGTACCCAGATGAGGGT
CTCAGGGGCAGAGACAAGAGAGGCCACCAAGGAGGATCCAAGAGCTGACTATGCCTGCATT
AAGAACACGTGGAACCTTCTGAAATGCGCCTACATGGTGTGATGACCTACCTCTTCGTATCC
CTAGGAGCCCTCTGGCACAATGGAAGAAGAAAGAAAGGGAGCAAGTAGCTAAAATTAAGA
AATACCAGATGGGAGATCAAATGTGTATCCTGGACCCATTGATAACTCTGGACTTCTCA
TTGTCTTTTAAATTAAGCCTCGGTTGAGCCCTTGTATATTAATAAATGCATTTTTGTCC

CGCAGTTCAGGGTCTTTTCCAATACCTGCTGCGCCCCAAGGCCAGTGGCGCCACTGAGA
TACGTGATAGTATAAACCAATGTGACTTCATGTGATCATATCCAGGATTTTTATTCGTCG
AAGCAGTGTGATAGAGTCCTTGGTGGGTTTAGTCATCTCGGAAGTCGTAGGGCAGCTATG
TTAGTGTTCATCTGATTTTCAGGTGTACATTTATTTTTGACTGGGCAGATAGGGGATTT
ATCCTTGAGGACTTGGTCTTACAAGCAAAATTGTGGGCAAGAGAATCCGCGTGAAACTA
ATATATATATTTATTTATAAAACCCGCCCCCACCSCCAAGGTGGGAAGAGCTGGGGAAA
GCACTGTTGTATGTTACCTGAAATGAATGGTGTAAGCTGAATATGAGATTTTTGACAAA
CCATACCCCTTGATTCAACAACCTTAGCTTCTTGAATTATCCATATAGAAATGCTTACAT
TGGAAAAACAGTGTGGATATAAGCTGTTTCATTTATGGAAGGGATGACTACGTTGGGGAAAG
AGTCAGTATGAGATGGGAGAATGCACACAAGGCAGCTTCTGCAACTTCATGCATTTGAAG
CAATACTGATGTCAGATAAACTTTTTCCCCAAAACCTGTTGAACTAAAGGCACTTTATA
TCGTACACCCCTCCCCTTTGAAATCCATAATAAAAACCTTGCTGGTTTTGTGGCTCAGGG
GGTCTTCCATGCCATGTAGAGACTTTGATCTTCATCCTGCGTTTGTGTTTTTTTTCTTT
CAGCTTCACGCTGTCCCTTTAAGGTGTTTATTTTTAAGACTCAATAAAGGAGTGTGTTTT
GAATCTTATGACCACTCATCTAATGCAGGTTTTGCTCTTGTCCAGTAGGTCAACAGCCA
ATAAGTTTTCCATATCCAAAGTTCAGAATTCATGTGAAATACTTCTTTGGGGCAAAAGTCC
GTCCAGTCCCAGTGAACCTCCTTTTGTGCTTATCATGTTTTACCTTAAATGCTGAGAT
CAGGTGCTACTAGACTTTTACCTAACATTAGTCTTTCTCAATAGTTGTTGTAAAGGATAG
CCCATACCTGTGTCTGATTGTTTATTATTGGCTTTCCACAATTCTTACATCAGACTACAT
TGAATGGGAAAGAAAGCAAGGACAATCCTGCAGCCCCTGGCCCTGCCAGCAGTCAATGCA
ATGTGGATGACTTTGGCTCAGCCCGAGAGCTGGCGGCTTTCCTCACTGGCATGAATGAGA
CCACTTCAAGAATGTCATTGTTAGACTTTGAAATTTCTAACTGCCTACCTGCATAAAGAA
TCAGGAAAAGAAACGAAGGAAGGAACAAGAGGAGAAAGCAGAGATAAAACGCTTAAAAAA
AAATTTTGGATTGTATGTTCAAGGAGAAGAGGGATGGATTGAAAAGAAGGCAGCAGCTAGA
GGCTCACCAAAGGGTACGCTTCAGTTTTCAAAGGTTGTCTGACACTATATACTGGCCGTG
TTTTTCTGGCTAAAATAGTTTGC AAAGGACCAGGTAATTGGGGAGGGGAGAGAGGTGGGG
GTGAATCCAGTCTGCTTTCATTAGAAAACCGCTTCGGCACTTATGGTCACTTTAATAAA
ACCTTCAGTAACACTTTTCATGGAGAACTTTATCCCTACTTCTGCCCTGCCTTAATGAT
TTGCTGGGCTTGGAGGGGCTCTTGAGGAACTTTTAATTTGCAGGGGTGCCCCGCTATGGA
AGCAATAAAAGAAGAATTCAAGCAAAGGGATCAGGAAGAGGATTGCTACTAAGAGGCAGA
TACTCCTTATCCAGAATTGGTAAGTGA AAAGTGGCATTGCTCCCTAATAGATATCATAT
AATGTTAGGTATCCTGGACTTTCTATTCCTTCTGTGTCTAACACATGTTCTACTTACTA
TCTCAAGGCTGAGTTTGACCGGCTGTCAAGTGAAGGAGACACAGTCCCTTTGTCCCACTT
TCCTGAAATAACAAGTTTAGTGCTTAACTATGGCTACATGTGCTTAAGGAATTTTGAGC
GTGAACTGACTTTAAGTAATCAAGATTGAATTCATTAGCATCTGCTACCAAGTAGGAAA
CTCTGGGGAGAAGAGCAGCGCGGAGGCAGCGAGGCCAGGACGTCACCCCCACGGAGACTG
TAAGACAAAACAAAACAGGACAATGTTACAAGAGTAAGAGGTTCTTACTTGTACATAGGC
AAAGGAGGTGAGGCAGCTGCGGCATCTTACAGAACACGTCCCCCGACACGCACCAAGA
GAAGAAAAGCCTTAGTGAATTC AAAGCAGCATCTTAGTATTAGGAGTGTCTTAAAGGATG
GTACATGCATTTGATACAGACTACACATCATTATCATCAGACTTTATTACA ACTACCACC
ATATAGACGTTGCCAGCAAGATGGAAAGTTGCCTTTTGTTCCTCCGGAGGAAGAATTTA
AACCACAGTGAAGAAGACAGCACTGATGACCAAAGAGAAGACACTCATATTAAGCCTATT
TGCCCTTCTGGTGGGCATTTGGTATGTCTTTCTCTGGGGTGATTTCTGATGTTTTTA
AGCCAGGCCTAATCCTCTAATAGTGATGGTTGGTTTGTCTCCATAACTGCAGGTGGAT

TGAAAAAGATCCGAGATCTGGGCGAGGGTCACTTCGGCAAGGTCAGCTTGTACTGCTACG
AGACAGTCTTGCCAGAGTGGATCAGAAAAGAGGGATCTGGAAAAAGAGTTACCACGTGTT
CCCAGGTCTCACTCCAGAACATAAAAATGGTGTGTGATCAAATGGTATATATTAGAAATT
CCTGGTTTACCATTGATGACTTCGCCTCTGCATCTACTGACTTGATTTTTTCATTCTGCCA
GGAGGGATTGATCTTCAGGGCTGTTTTTGTTCCTGCCTTTAGAGTTCCATGAACACCATA
TTTGAGACCACCTCTGAATCGTCGCATTATAACTGTTGTAGAATCTTAAATGTTACCAAG
TCTTGGGAATCTGACCACGGCGTGCAAAGTGGGACTGCCTTTCCCTCTCCTCAGCCCCG
ACAACAGAGGATTCACTATCTCATGGCTTCTGTTAGTTTCAACCTAAGAGATCCAAGGT
ATCATCAGTGTGGACAACCTCCCTCCTGCCTCATCAGGGAAGCAGTACCGCCTGGAAGTT
TGCCTCCCCCTGCGATGGGGGCCCTGAGAGCCGGGAGCGGAAGAGGGGCTGCCTCTGA
ATGTCTGGACGTGGTAAGCAAGGAGGCAAAGCTCGCGCAAAGCGAAATCCCGCTCTTCT
AGTGAAGATGAAAAAGAAAAACACTGGCAGTAGCCCTGAGACAGCCACTTTTGGTGGTTG
AGCTGAACCGAGAGCTCCGTCAGTGC AACCTGCAGCAGTTCATCCAGCAGACCGGGGCTG
GAAGAAGCTGGTGGACACCCTCCCCAAAAGCCCAGAGAAAGCATCATTAAAGCTCATGGA
CCCTAACAAAGTAAATTGAATAGGACTTCACAGAGTTCTTTTTCTCTTGGCATTTCCTA
GAAATGTCTGTGATCTAGATAGTTCTAGATTGAACATAGATTTTCTGCCAACAAATCCTC
ATAGGAACTCAGATTGATCTCCGAGATGACCCCAAAGCTTTAGCAAGACTGAAGGATATG
ACTGGCATGAGGAGTTAGGTTATCACA AATACACACACTGCCCCAAACCCTCTGCCG
GCCTCTCAGTGCATTTGGA ACTTGCTTATGCATTGGAATAACTTGAGTCAGCTGCTCGTT
GTGCTGCTGCTTCTGAAAATCAGAAGAGTGAGGATGAAATAAAGTCTTCATAAAGGAAAA
CTGCGGGCCAAGAACCTACTGCTGACAGACAAGATGAAGCCAGAGGAGAAGATGGCCACT
ACTCTGAGTCAGTTGAAATAGGGTACCATCTAGGTCAGTTTAAGAAGAGTCAGCTCAGAG
TGATTATAACATGGGCGGCATTCCCACCAACTACAAGGGGCAGGTCCTGAGGCACGTGA
TGA ACTATGAATTGTCTCTAGTAGAGATAAATTTCTGCAAACATATCTCAGTCTTCCCTC
TCCTGACAAGTTTTTCTCCCATGTCCGAGATGGCCTTAATTTTGGTACACAGATTGGCTT
AGGGGGCCAGAAGTACTTTAAAACAGGTACCAAAGGGTCATTCCCTTAGCATCATTATC
AACTCTGCCTCCCTACCATCTCTGGACTGAGGACTGAGGACGAGGCTGACTACTACTGT
CCTGCCTTGGCCTCCCAAAGCACTGAGATTACAGGCATGAGCCAATGTGCCTGGCCATTA
GAGGCTGCTGCTGAAGTGGACCTTACTTCTCTTCTTCTGATTCTGCCTGAATAGCTG
GACCCCAAAGAAGCAGATGGAAAAGTAAAAAGAAAACCCCTCAAGTGAGCCACTGGAAA
CTGATTCTTCAACTAAAACCTTTCTTGGGACTTGTAAACGAAGTATCGTAAACAAGGTCA
GTGTTGTACAGTGGAAACGGTCATCTTCCGCTAAAGCACAGTGTGTTTTGCAGTGGAAAT
CTTCTGTTCTGCAAGTTTGATGGGTAAGAGGTAGCCTTTTTTCAAAGTAGGATTTCTTT
TTTAGACAGCTCTAGAACTGAGGCGAGTGGAGCAGCACCAAGGCCCGGAGATCGGGGCAG
GTCCGCGCCCGCTAGCCCGGCGCCTCCGCCCCTGCTGCCTCCGCCCCTGGGACCCCC
AGTTCCTTTCTAACCATTTCTGGTTAGAAAACATTCAGCCATCCTAGAAACTAGCAATA
GTTCAATTTGTGTGATCATGTATAGACCTCAGAACGGAAGATAGGACTGTATATAATTGTA
CCGTGTGCTCAAGGGTCTTCGAGTACATGTCCTACCTTCAGCGACACAGCATCACCCACT
TGAGTTCAAAGTTCGCTTCCAGACAGATTAACACCACAGACAAGACAGATCCTTAAGCA
AACAAGATGAGATTATGCCTGAGGTTGCGGAAAAGGAAGATTATTAGATATTATAGGGA
TAAGGTTTTTGTCTTTGCTTTGCCTTAAAGAGTTCCTAGGGAGTTACCAGGGCTTTTCGT
AATAGAGGCTGAGAGGAAATTTTGGGCATGATATGTTTATGGCATTGTGATGGGTTTCATG
ATCCATTTACTCAGCTGGAGAGGAGACATCAAGAACATGCCAGACACATTTCTTTTGGTG
CCCTGCATCCCCATTTTTTACTGAGCTCAGGAGAGCAAGATGAAGGTAACAATCATCTAA

GAGCAGCTTCCCCACCTGGGGATCTCACTGGCTATCCTTCTCCTCAACTTGGATGTTTAG
CTGAGAGAATAGTCAAGCTACACAGAATAGGTAATTTTCATTGATGTGAGTGAGGGCCCTC
GAACTGAACATTGTTTGTAAAGGCTGTGGATGATGGTTACAATGTGCAGCCAGACACCGTG
TGTCTCTCCCTGCGCACATCTGTTCTGCCTCATGCCAAAGGGAGACAATGGCTAAAGGG
AAAGGATTTGGCTACAAAAACAGCAAATTCATCGTGTAAATCAAGGACTTCATGATCCAG
ACCATCCGCACCCAGTGCTGCCGCTCGTGCTCTCCGCCAGCCACGGCGCCCCCTCCCGA
TAGGCTATATTTGCTGCCTATTTCTCTTTAAGTTGCCCTTAAACAGACTCACCTTTTGAA
TCCTCGCTCTCGCGGACTGCGGTGTCAGCCGCCGAGCCGTTCCCCGGACACCTGGCCA
AAGAGGCGACATCTCTGGCAAGTTGGGAGTACAGGAAGTAGCGAAGGAGTGCCATCTGGT
GAGAGAGCGGAGAAGGCCAAAGAGGAACAGACTGGGAAAGAGACTGGATAGATTCTAATAT
TGGAGCTGGAAAAACCTGTGCTCATATCACTGGGAAAAGGGCGTTACTACAAGGAGACCT
TGGAATCTGAAATGAAGTTTGACAAGGACCATGATGGACTCATTGAAAATGGAGGCTATG
GAGATTGTTCCACATCAGTACATAAAGTACATAAAGATTGTCACCCCAAAATACACACC
AATTTTGAGTTTCACATTTAACCTTGCAGTTTTATCCCTGGGGAGCTTCTGCCTGGATGG
GGGGCCCTACAGAAGGTTGTGGGGAGGTGTGTGTCTCAGGAAAGGTAACCACTTTCTAA
CGTGGCCCTGGGATACCGGAAAGTGCAACAGGTGATCGAGAACCACATCCTCAAGCTCTT
GATGGCATGTTAGAAATCTTCATGCATGTGTGTTATATCACTGTGGTTTGTAAATCCATT
TTTTCGTTTTTTCTAAAAGATGAATTCCTATGGCTCTGCAATTGTCACCGGTTAACTGTG
AGTTCTAGATCCATTGAGACAAGCTCTAGACAGTAGCATGCAGTCCCACAACCTTGTACCA
AGCCTGCTCCTTGCCTTTGTGCCCTCCAGGCCCAAAGTCAGGGAACCAAAAGAAGAAAG
TCCTCTCTCATTATTCTCTCTCTTTCTCATAAATATGTTTGCTATCGTCATTTTACTT
AAGCTCCAGGATTTAGAGTTGGACCTTGAAACCAGAGCTAAAGATGTCAAGGCCAGATTG
TGCATAGATCCCATAGTGTGCATCATGTTCCCTTATATGAAAACGTTTAAATTAAGTGGTC
CAAAACATTTCAAAGAGTCCACATGACAGTAGTGTTCATTTTGGCATCTGTTGATTTAAC
TCACCCCGCCCCCGCAACTGCCTTTGTATGACAGTTGCATACACGGGTTCAAGATGCTT
CTAGGATTA AAAACAATAA ACTTT CATGATAAAGCCGATGAGATTCATGGGCTATACAGC
CCCACCCTGGTCAGGCTGCCTCCTAATCGAGAAA ACTACCTGGTGATGCAATCTTTTTT
CTCTTCAAAAAGAGACAGTGAAATACTCTTGAGATGAATCCAGGTATTAAAAGTTCAGG
CCTCACAGCCGTGGAGAGTAAAGTGAGCAAGCTGGTGACCGACAAGGCTGCAGGAAAGAT
GGCACTTTGAGCTACAGATGAGTTTAAATACTTTGTGTTTTTCTTAGTCAAACATGTGCA
TATGCTATCTGCGGGGCCATTTCGTAGGATGGGTGAGTCAGATGATTCCATTCTCCGATTG
TGTGGTTTCTATGCCC GCAAGTTTCAGGAAGTATTCACAAAAGAAAATACATTTTTTCC
ATACTTGTCCAGACCATTAGACATTATTACATGCTCTGTCTTGGGCCTATCATTAACTT
GTGCAACTCTATTCTGGACTTTATTACTTGATTCTGTCTTCTGTATAACTCTGAAGTCCA
GGGGTCCCTTACTCCATTATCAAGGGGAAGGCAAGACTGGGCCATCTAGTCCACAGGAAG
GAATTGCTTTGACAGATAACGCTTTGCGATCTCTTGAAAATATGGCATCATCTGTATGG
AAATTGCTGTAGCAATCACGGAAGCCTTGC GGCCTGCTGGAGTCGGGGTAGTGGTTGAAG
AAGGTCCTAGA ACTCAGGAAGAGTGATGTGGTTTTGGATAAGGGTGGTAAATCTCGTGAA
TTGGAGAACGTGGTGGAATCAGAGGTTTCTGGCTGACTCGGTGGGTGCTTTGAACCAGGA
ACAAGTGTTACCATGGCAAACTGGAAGAGTCTACAATGTTACCCAGCATGCTGTTGGCA
TTTTAAGTCTCTGCAGTCTTGACCAAGCTCGTTTTATTCCCTACTCTACGAGAATCTCA
CCTCTCTGACAGATCTGAGAAGAGTTTACTCTTCAGCTTTTAAAGTGAATAAAGATGATAA
AATGTGAAACCCATATGCATGGATATTCTTAAACAATTTGAAGAAATCGTCACAGCTTTCC
TTTTTCAACCAATGTGGACCAGGTGTTGGCCTCGAACTCGCACTCTCGAACCTCGCCTC

GGGTTGTGTGATCTAGCTGTGAATGTAGCAATATAGAACGTTTAAATAGAATGATAAGCAA
GGGGGAGTTGGTTAATAGCAGATACTTTTCTTCTAGAAGCTTATGTTTTATGCTGTTTAT
CACGATGGAGCACATCTTGTGGAATATGATTACAAATCTCACTAAATCTGAAAAAGTGTT
AATATCTGTTAGAGGCGTGCAAACCTCGGCCACAAGGTCATGGTCATACGTTATTGTTGGT
TTTATAATAACCGTAGCCACATTGTAGTAGTTTTTCAGCTCTTTACTAAGTCCCACCAA
CCAAGGCCATCAAAAATAATGGATGATTTGTACTAAAAGTTGGGGAAAGTTGAATA
CTAATGACCTTGTGACTAAAGAAAAATCATTTGAAGTGTATTAATAAATAGCAAAACATT
ATGTCTATGAGATGGAGGGGGGACTCCTGAACCTGCTCAATGATTTCCACTCTGGCCGGC
CAGTTTCAGACACCGTGTGCATATTTCCGACGTCTGCTGTAACAAAAGACCACAAAGTTG
CTATTTTTAAGATTCACAGATGTTCCGGGTCCAATTCACCAGAATGCCAAGTTATACAGGG
TACAGGGTTAGGGTGAGAAAAAGCAGTTGTTAACGCTATGAGCAAGAGCCTTTGGCACAT
CCTCCTCTGAGAGCAATTGTTCTGGTGTTCACATCCCTTAATTAATTAGCTATTATTA
TGTGTCTCCTGAGACAAGCATCGTGATAGAGTTCACAGTCTTAAAAGTCTGCATTTTCAG
TTTCTCGCTTCTGCCTCTGACTTTTAAAGGTGGGTAGCCCTGGGCTCCTCTCAGGTCTG
CTTGGTTGGTCTTTTCTGAGTATTTTAGTGTTGCCACCTGGATTTGCTGCATTGCTCTGC
CTAGCCAGTGCATATGACATACTGGGTACTTAAGAAACGTTTGTTAAATGAATCATGA
TAACAAGCAAGAGACAAACACGAAAACAGTATTTTGTCTTAGAGGTGAGGAGTGCAGTG
AAGCAAAACTCTTCTAAGTCCCACTCGTGAATGGCAATTAGAGAAAGGACTGACAGTGGC
CATTGCAAACCGCTCATCTATAAAACGTCTGTGCATCATCGAGTCTGTGTTTGAGGGTGA
GAGGAGACACTTACTATATGATCATTGTCCTCTAGAGTATCATCACCATCAGGTGGACT
CTGTATGCACTAACAGGAGTTTTCGGTGACCTTGAAAACACAGATTACTATAATTACTAT
TCGAGCACTTGGTTTTGTAGTACCTCCTGTGGCCATCTCCACAGTGCATATTTGAAAG
CTTGCCAAGAAGCACAAACAAAAGGGCCTAAAGAAGATGCAGGCCAACAATGCCAAGGC
TGCCAGCCATTCTCTAATGACTGTCTCCCTCGCTGGATGTGATGAAGTAGGCTACAT
GTGAAATGTTCTTCACTTGTAAGTTTCAGTCATTTTCTTTTACCTCGTTGTCAGTGTAC
GGTGTCTCATCGTCCCCACCCACTGTAATCAAATAAAAACAATGCTAAACCACAAAA
GCTCCCATGGGCTAGGAGCCAGTGTGAGGCTGTAACTTATACTAAAGGTTGTGTTGCCTG
ATCTTGGACAACCAGCTATCACCAGGCTCGATAGTTTTGTCGCCTCTACCTATAAATCTT
AGAAAATTTATGAAGATGGAGACGATGATATGAAGCGAACCATTAATAAAGCCTGGGTGG
GGCCAGGCTGAGCTCTGCCCCAACTTTGTTTTCTCTCATGTTCTCAATACACTCTGCCT
ACAAATGTCTTGAATGTGGGGAAAGATTTAGACAAAGTACACACCTTATCCGACACCAA
ACATTTTTGGTAGTCTTCAACCAGGATTGTTTCTGTTTAACTTCTTATAGGAAAGCTTG
TAAATTACACCTGTGTGCACCTGTATTACTGAATATAGGAAAGAGATACCCATTACATAG
AAGATCAGGAAAGGCTTCTATTGCCACGAGGACTCTCAGGAAAGACCCAAGCCCCGAATC
AAGGTATGAAGCATTGAGGATGTGGGGGCCACACAGTTCCAGTGTGCACCTAGGGGTGA
CTTCCTGACTACTTGTCCAAACTCTGAGTCAGATCTAAAGTCACTTTAAGTCACAGAAC
TTCTGTACACCCTATTTTATACCGTTTTTCTTCAACAATGGCGAAATTGACTGTAGTGC
ATATCCTCATCCCCTGTCTGGCCCCTGGATTTGATTTGAGCCTCTGTGATTAGAATGAT
CTCAGGGTTCTGGGAAAGCAACAGCTATCAGAGAGAGAAGGGCCAGACCCCATAGCCTCT
AACAGGGAGGTGTGGAGCAAGGGTTGCCACTAGAGGGCCTGCATTGGGTACGGGTGAT
AGGAGCGAAGGTTAACAGTAGGGGAGATTGTCGATCTCATCACCATAATAAAGAGTTTCC
CACGGGATTTTTGTTGATGGCTGAATTCTTGTGGATTCATAAGAGGATCATGCCCTTAGC
GTGAATCTCTTCTCCCTTGAAGAACTATACATTTATTGTTACGGTATGAAGTCTTCTG
GCCTAAAGAAGATGCACACCAACAATGCCAAGGCCATGAGTCCACGTGCCGAGGCTCTCA

CACACATTTACATTTTGGCTTTTAAGTGAGGAACTTCATGGTTTTTCAGAACAGAGTAAG
TGAGTTGTCATGCGGGTAAGTTGAGGTTATCTTGGGATAAAGGGTCTTCTAGGGCACAAA
AGAGAGGAGGTGGCCCAAGGAACGATGAAGAGGCACAGACATCAATTTCTGGTCAAAGGA
GTGTTCTGATATGAAGAGGAAAGCAGTCCTTCTCCATTAATGCTGACAACATGAGCCT
GAGAAAACATGAAATTA AAAAGATACCTCCTGAAAGACCAGAAATGCTTCCAAACAGAAC
GAGGAGGAGGATTGGCCCGCTGCTGAAAACATACGTGTAATTGAAGGAATTCTATTAAG
ATGCAACATCCCCTTTCTTACCAAAGAAAGCAAATGACAACCTCAAATATACCTAACTCTG
TTGAAAAGGCATTTTGCCTCGTCTTCTGCCCTCAATTTTCATCAGCTTTTCATGTTTCA
CAGCATATACTGAAGTCTTTTCTGCCACCAAATTTGTACCTCTAAGTACATATGTAGATA
GCCAGGGTAAGGGGAAAGGAAGAACCTACAGCTCCAGCTTCTCTCAACCCAAAAATCTGA
GGTATTTCAATTGACTTAAGCCAACCTATCCCTCAGTTACAATAGGAAAGTGCCTCTAAT
GGACAGGACATCCAACCCAAAAGAGACCTCGCCACCTTGTGAAACGGCCCTGCTATATC
GATAAAAGAATACTTCAACCTAATGTTGGGCACCCAGCTACTCAACAAATTTGAGAGACC
TTTATGCTGATAAGGTGGCCGCTAGGGGTCTGTGCATTGCCAGGCAGAGTCTCTGCGTT
AAGGGGGAAAATGTGATTTGTGCCTGATCTTTCATCTGTGATTCTTATAAGAGCTTTGTC
CCCCCTCTGTACCATTTTTTGTAACTTCTGTCAACCCATAATCAATTCAAAATAAAAAG
CAGATGTTAAAGTCATCTTATTCTTGTGTCTAAGCAAGAGTTCTAAGTAAAGAGTGGT
AATAGCACACTTTTGGGTTTAGAAAGCAGTGCTATAGGTAGGAAGGAGAGACTTGCCAGG
TCTGGGGCAGGGGATTACGTTATGAAAACCTAACCATGTGTAACAATAAATCTACCTTAGC
GGATTTCAATTGATGTGCTTCTGCTGAGCAAGGATGAAGATGGGAAGGCATTGTCAGATGA
TCATCAGAGAAGTGCCGCTGCTGTGCCTGATGTTGGGAGAGCCCTGCTCCAGACATAAA
ATCAAGTCCCTGGAGGAGATCTATCTTCTCCCTGCCATAAAGGAATCAGAGATCATT
GCCTAAGAAAGTCTCTGAAATGTTGTTTTAGGCAATATAGGATGTCTTAGGCCCTAAT
CCCATCTTGCATGTTGTGACACCTTACCAATAACATAATCATGTATTTCCCTGCTGTCA
CGTCATCTCTTCTGTACCACTAGAGGGAGCTCTGATGCAGCTGGAGAGCAGCGCTCAA
AGACACCAGAAGTCTGAATTTGGAGAAGGCTGGGGTAGATACTAGCCCCGACACTCAGAA
ATTTTAGACCCTATTGCTGCTTGGAGCAACTCATCTTAGGTTGGCAAAAAGGCAGGATGG
TTAGAAGTGCAGTTCAGCAAGAAGATGGAGCTGTTAGAAGATGCATTGGTGCTCAGAAGC
CTCTGGTTCAGTCCATACACAGCTTCTTAGGTAATCATATTAGCTGTATTGTATTGTG
TTTGCAGATTCAGATACTCAGACTCCACCTTACTTTTACCTATGTTGGCGGCCCCAGAA
TTCACCAGTTCCTTCTTGTGAGACTGGTCCAGGCAGCCCTTCTGGACTGCATGA
ATTTGCCAAAGAGGTAATAAGGTTTGGACTACATTTATGTCAGCAAAGAGGAGAGGACAG
AGAAGGATATGAGATTCGTGGGGTCAGGGACAGAATAATATGGTTTTTCTCTATGTCCCT
TTATCTCTGTGCTTTCTTTTTCATGGTGTTTATTAATAATTGTGTATATACATCCTAGC
CCCCACCCAGGCTTCAAGGAAGAGAGCCAAGAGTTTGCTCAACAAGTGACTCCTTTAA
CCACCTGCCATGTGTATGTGAGTGAAGACCCTGGATCTCCTGCCTCCTCCCGAGGAGA
ATAGCCAAGTGAATCATCAGTAACCCTGTGTTCTATCCACAGGTAAAAACAATCATCC
CTTTGAAGTTCTGCAGTTGCATTATATTGTGGCTTGCTTTGGATTTGTTACATTTAAGCT
TGCGACCATCACGGCAAAGAACCACCTCAGGTTTCCCTTCTGGCTTCCATCATGAAGAG
CCTCCTCACCTTCGCGCCCTCGGTGCTCAGCAAGGCCTCCTCCGTGCGCTGGACCAGA
TCAAAAAGTGGATCTTCTTGGAGCGAGCAGATGCAATCTTGTCTCACATGCTAGCAAC
GGACGCCCCGGTGAACGCCAGGACAATGAGTTGAGTAATGTGGAGTTCCACTGCGGGAG
GCAGTATTCCTTTGGCACCCCAACCTGGAACAAAGCCTGATGTAAAGTCTGGGTG
ATTACCCTATTTCACTGTTGTTCAAGTAAATCTAAACCTTGTAGACAAGTGAGTCATCTG

GCTCGTATCGCCAACAGCTATATACATTTTGTTCATTTTCTGTCTTACAGAGCCATGA
TTAATTCCTTGACAATAAAATGGATGAAACCAATCAGCACGGGGGGCGTGATTTGGCCG
GCGTTTGTACCAGAGGTTGTGCACTGTTTACAGAATCTTCCTTTTATTCTCACTCGGG
TCAAGGGTTTAGATGTAGATTCTCTGGTCATTGAGTATAACCGAGTAAACAAAGCACCTA
GATGTTACTAAATGCTTCAAAGCTGAAGAATCTAAATGTCGTCTTTGACTCAAGTACCAA
TGGGATTCTAGATTAATGGGGGTTGCTACTGTTAATTCAGTGACTTGATCTTTTTAATG
TATTTCTGACTTGGCTTTCTTGATTTCTCTCACGTTAACAAAATTGGTTCAGCATCTAC
CTTTGTGACTATCTGCAGTGAAACTTTGCTTGTGTTGAAGTCCTGTGGATTCCAAAGCCAA
TTCTTGCTTTGAGGTTCTGACTGGTGTGTTTACAAGTCAAGGCTTTTCCCTCCTT
AAGTTACCAAGTTGAAGTGATGAGCTTGAATCCTTCTGCAGTCACACGTTTGGCCTAGCA
ACGTTGAGACCCTGCTTGTCCAATATTATAATTTAAAGACATCTATTATCTGCTTTGTGC
AACACCTCCTCCACAGGAACTCTTGTGGCCACATCCAGTTGCAGAAGAGGCTGGGAA
GTCCACCCAAGTTTACTGCTGTAAAACATGTAATTAAGATTTGGAAAGTTGTGTGTTT
GGATACCACATCGGAAGTGATTTTCTAAATTGGATTTGAATTCGGCTCCTGTTTTCTATT
TCTCTGGTGTCCCCTCACCGCCTTGATGTCCCCTCATTACTCTCTGATGTCCCCTCATT
GCTGGTGGAAATAAATGAAAGGAGGAGAAATCCTGTGTGTGACAGCACAAATGCAAAAAT
CTGTTCTTTGGCGACGTATATGCGAATCTATAAGAAAGGTGATATTGTAGACATCAAGG
GTTGGTTTTACTAAAAACGCAAAAATCAGATACGGAAGACCTTTATGCTCAGCACCAA
AACCTTATAGCTGGGATGCAGAGAGGAGAAAGTTCTGTAGGTAATAAGTGCACTGTATTC
CTTCATTGGCTAAAAGTGTCTTCTGTAATACTGATAGTGAAGAACTGTTTTTACATCCG
TAGCTTTTGTAGAACCTTCCAGAATATGTGGGGAAAAAGGGCTATTGCTAAGTGAGCTTT
AGCCTTTCTCAGGGGACTGTCATTGAAAAGGAAACGTTTGATGTCTGTGTCAGCTGTCTT
GAGTTGATGCAACCATTGTGGTATTCACCTTCTCATGTTTATGATGAATATTTTGCCT
TTTCACGTACCTTAATCCAATCTTTATAAAAGAGGCAGTCTAGAGAAGTGGACTGCTCA
TCAAAGAACCTTTGGAACAATCACCAACCAACATACACACTACACTCAAAGATCACATGG
TTTCTATGAGATGAGAATTATGAACACTTCATATAGGTAATTCATAGGTTGAGCTGGG
GGAAAGGTGGGCACAAAATCTTCATGAGCAATACTTCTTAGTAGATTGTTTTGTTATTC
GAGGCAGAGCTGCTGACCTAGGCCCTACCCCATAGATTGGTGTAACCTCTTGTGTTG
CGGAAGTCTGATGTATAGCAAGTTCAGCAGCAAATCTGACATTTGGGCTTTTGGGGTTT
CAATGCTGCCACCCTCTTGTCTTTCAGAGTTGTTAGTTTACTCCATTCTTGTGACACGA
GGATGCCCATGGACATTGTCAATACCTCTGGCCGCTTCTTCATCATCAACAAGGAAAATT
GGGTCTTTTTCATCTCCCCCTTTGCTGATGAAGAGGCAGTGCTGTAATGACGAAATC
CGGAGTCCAAGAAGAGGACAAAGAGAAGCAGCGTAGTTTTTGGGATGAGAAAGCAGCT
TTCCTCCAGATATCCAGGAAAGCCCCAGACCCAGTGGGACTGGAGCTCATGGACATAAG
ATTAAGCTGCCTCTTCTCCTGAAATTGGATTGGGATTCCAGGACACCTCTCAACCTACA
GCTGCTGGTGAGCCAGTTTTGTGGCTGTTGCCAGAGTGAAATTTTAAATATGATCTATG
CCTGCCCTTCTCCTCCAGCTGGCTGGATATTTATTATTAGCCAGGAGAAAGCAGCCCT
GATGACTTTGCACATTATGAAAAGCGTCAAGAAGAGGAGGAAGCCATGCGTAGGGTAAGA
GCAAAAGCTGTTTCTCCTCCAGAGATGCTAAGAGGATTGAGGTAGAGAAGAACCTTGT
CTTCTGAAGATCCTGCGCAGGTATGAGATTACCTTCACTCTTCCCCGCCAGTGAGCA
GAACCTCCATTCTGTGGATCAGTATCTCAACATCAAATACTGACATCAGTGTACAG
TAGACCTTCTGCCTTCAGAGCATGAGGACTTCTCCACTCATCCCTGTACCTGAGGCACA
GCATGGCTACACTGGTGAATCTAAATCATTGATGATCACAGAGCTGGGAAGATTGTTGT
TGTCGTGGATGGCCACCTGAACCTTCTGTATGCAAGGGTATGATGGAGGCCATGCTGTA

GGCCTGAAGCCATCTCTAGCAAGTGGTCAGGACACTGATTGTTCTGCGCAGGTTGGAGGT
GAGGACTCGGGATCCTACTGGTGTGAAATCTACAACACTTCCAAAAACATCATCACTGTT
CAAACAAGATTTGAGGAACTCATTGTCACTTTTCAGAAATTGAGAAATTGTTAGCAATGGG
GATATTCAGTCTTTCACAGATACAGTTTATAGGCAAGCAATAAACAGCAAGATGTTTGAG
TTCGCAAAGTCCAGACTCAATTGCCTTCGCAGCCCTTAAAGTTTCCTTAGGAAGGTCTGT
GGAACTCAAGGCCCGAAAGATCCCATCATCATTCCGCCGTTACCTGCCAGATGGGAGCTA
GCGTCCATGGATACAAGATAAGATGTGTACCTTAGTAGAATACAGAGCTTTGGTAATTAC
CCTGCATATTATTTACTTGCAAATGTCTGTAATCTGTAATTGTGATGCCTCTGATGGAAT
CCCCTCTGGCCCCAGTCGAACTGGGGGCTAGCCACCTCCTCGTCCAGCCCCAAACCTCC
TCTTATTCTTTTATAATTATGCGTGGAAGAAGTAGACACATTAACGATTCCAGTTGGAA
CATTCAATTCAGCAGGCTTATCAGATTCAAGTCATTTGTATCTTTAACCAGACCAA
CACGTGCTTAAAAACACAGAGAGTAATGCTGAACTTAAGGGTGATTCTCTGGTCATTGAG
CAAAAAGCAAACCTCCGGCCAAGACTTCACTTCTCAACCGCCCCTGCTGCCTTCCCGGGG
ATGCTCACCTCGTACAGGCCATCATCGAGAACCATTCTCAATGGAGAGGTCATCCGGC
CTGTCCTTTTTCTTTGCCTAATTGAAGAAATAATTGCTTGTTTTCTAGCCTGGCAAGA
AAGGGATGTGAGTTGCTTAAATGTGACATTGAGACTTTCATAATGAAAGCTTTTGGTTAC
CATTTATTCCATCTCACTTGGTGGGGACACAGACACCATTGCCACCATGGCTGGGGCCAT
TTACAAACTTCAATCTTTTCTACATGGATTTTGCCTTCCATGAAATCATAACAGGAGTGG
ATTCGGTTGACCAGAGGGTATGCATCCATGTGGAAAGGATGTCTGACACTTTATACTGGA
ATTGAGATTAATAATTATTTGGGGTTTTGTAACAATATAATTTTGTCTTTGTATTATAGAC
CCCGTCCGCTCCTCCAGCCGCTGCCTCCCGGGCGGCGCTCGCCAGCGGGCGGCAAGAG
CTTCAAGCTCTCACTTCACTTCTTGTGAAATATTATATAAAAGTGTAGGAAGGGCT
CCTGATGGAGAGAAGAAGGTGTATGTTTACTGGCTCCTGATTACGATGCTTTGGATGTT
TGATTGGAATCTGTCTGCTGGTGGCAGTGGAACAATTTATGGTTGGGGACATGATCATAG
CACCTCTGCTCACCTTACTGTTACCTCATCAAATCAGTTCTGCCCTGTGAAAAGATCCA
AACAACCCCAAACAGAGAGGAACAACCCCGAACAGACAGTAACAACCCGGAACAGAGAGT
GTATCTTGCAGAAATTATGTTTGAATCATTTAACGTTCCAGGACTCTACATTGCAGTTCA
CAGCAAGGCCTCTGTGCAGCCCCGGTTTTAAACACATCAACGCATCCGTGGGCACTTTT
AGAGGAAGTACGGCTTAAAGAAGCGAAAAAGACGAAGAAATGTGGATAAAGATCCTGCAA
AGTCATCTACCTACTACTTGTAAACCAGCTTGTTCATAACATGTTATTTTCTGTGTCAT
GTGGTGATAATCCTAATTCTGGCTTTTTGGGTAAGTCCCAAATACAAAACAAGAAAAGCT
GAGGAGCAGACCCACGTCCAAGAAGATGGTTTTACCTTCCACGCCCTTCTCTGCGAAA
AACAAAACCCACCAGGAAGGAAAATCCAAGAGTTTCAGGTCTAGAGCTTGTGCTGCACTT
TGTCACAGAGAATCTGAAAGTAGCAGCAAAGACAGAGGGCTCATGACAGGTTTTTGTCTT
ACAGTTGGCATACTTTCTCTCCTTTTGTCTCAGGGCTTGGTTTGGTTTTTAACTTCT
GATGGGAAAGAGCTGTGCCCCCGGAAAACCAACTACCTCTGAGAAGATTCACGAGAGA
TTCAATTACAGCCTCCTCGGATACCGTTTCCCCCTTCAATTATTCAACCAGAGGAAGAGA
CTCCTCCCACCCTAAAGGTAATGATAGTAGTCCATAAAGCTAACCTTTAGTTTTTCTTTC
AGGTGTATTTGATACTGTGATAACCTGCATTGTAATTACCAAATGGTTGGAATTGACC
TGCATTTGCGTGATCTCAAGACCTCCAGCCAGAAGTCCCTTCCAAATATAAGAGTACTCA
AAATACAACGACTTCACTGAGGCCAACCGCATTGAGGACGCACGGGAGCGAATGAGGACG
TTGTGCTCTCTACCTCCCCTGACCCAGAAGGACTTATTCTTCTTCTGCACATTTTAGTA
TAGACCTGTAACCCAAGGAGATGTGTATAGAGCTGAAACTGAAGAAATTCCTAAAATATT
AGACCAACATCGTCACAGCTTCCGTGGACGCCATTAATTTTTCATGACAAGATCAGAAAAG

TCAAGACTTGCCGACAAAGGAACTAGAAGCCAAGAAAGCTGCAGCTGAAAAGCTTTCCT
CCTGACTTACTACATCACAGGAACAGGGCCTTCGTGGGTAGAAACCAGCCATGCTGATGT
TAAAATGCATCCTTCTCTGGCTGGTGTCTCCCTTCTGCCAAGCTGTGCCTCCTGCAGAG
AATCCACACTCACATAATCCACCTCACATAATCCACCTCGCATAATCCACCTCGCATAAT
ATCCTTTGGGAGGTTGCTAGGAGATGTGTATCAGGAGGTATAGTGGAGAATACCAGCTT
CTTGCTGAAAGATTTGAACTTTCTGTCTCCAATCTCATTACCCAGAAGTCTCCTAGAGCT
TATGCTTTTCTGGATCCAGCCTTAGAATCCCAAGAGATATCTTCGTCAACATTAAGTGT
CGACACGGACAAGGATGGGCGGCTGAGCAAAGCGGAAATCCTGGGTAATTGGAACATGTT
AGATGCTTCTGACTAAGCTCCCAACAATTAGTCAGAGAATTGTAAGTGTGCTCAGAGCTTGG
TATCAATGGTGTGAGCCCAAAGGTCAAAGGTGTTGCAGCTTCTTCCCTTCGTCAAATCTT
ATCAGTGTATTTCCATAAAGTGATTCGGGCATATTTGTGTGAAAACCTCAGTTCTGTCA
TGTGAACAACCTGCTCCAAACCACCAGCATCTCTGACTAAATGACCTTCGAATCCTCCAG
CCTCCCACCCCCAGTTAAAAAGGTAATACACCTCATTGAAATAATTTAACTTTACAGAA
AAAGAGAGAGACAAGATCGCATGTCAAAGTAAAGGAGCAACTGTGATCCTGAGCT
ACCAAACGTGTCCACACCTTGATCTTGCACCTCCCAACCTCCAGAAGTGTGAGCAAATAA
ACAGTGTGGAGCTACAAGGAGCTGCGTGGTACCTTGCAAGAAAGATGGTTGGACCAAGGCG
GGAATATATATGACAATTATTTCTGTACATTAATGTCTAAACATTATACTTACTTTTTTC
TAGGGTCCCCTTGCCCGCGTGAAAGTCTCATTCTCCTCAGCTCAGAAACACTCCAAGGT
ATGTTCTGTTTCTTCATCGTTGAGCTTTTCTGGCCCGGTCTGAAGCTCAAGTGAGGAGG
ATGAGAAAGACTTCTACTTGTACTACTTCTGATGCAGTATCCAGGCCGCAGCTTAGTGT
CCTGAAGGAAAAAGAACCTATTTTTGTGCATCATTTACCAATCATGCCACACAAGCAT
CACCATGCCACATAACAACATACCTATCAGAAATGGTTTTTCATTAAGGGAGTAGAATAGT
TCCTCACTGAGAAAATCACTCCTCTGGAGATTGAGGTGCTGGAAGAAACAGTCCAAACAA
GGGAGCAAGTTGAAAAGCAGAGAATGGGTATATTAATTATGGGGTTTTTGAAAACAGCAC
AGATGTCACTTTACAGAAACAGTGTGTACCATTCCGACATTACAACGGTGGAGTTGGCAG
AGATAACAGTGGAAATAGACATCATTTTGGGAGTCTTCCCCTTTGTCAGGGAGCTACTCCT
CCCTCTCCAGTGACAAGGTCAATTTACAACCTTACATTTACAATTTATAGTGTACCAGTA
TGGCTATTTTATTAGGGAAGAGGGATGTGGTCTCTGATCTCTGTTGTCTTCTTGGGTCT
AATTCCTCTCTGGAATGGATATGGAAGGACTAGAGGATTACTTTAGTGAAGATTCTTAG
TCCTCCGCGCGTTACCCCTGTACCCGCCCATCCGTCCTGGCGCTCCGGATGAGTCAA
CGTTATGATGTTCTGATCTGGCCACCCCGTCCCCTCTCCTGGGACTGTTACATCTCA
TGTATGGTGTATACAAACATATTTTTGTTATATACAATATTGCTGATGAACTGAAAATA
CCTGCCGCCGCATTATAAACACAGGAGAATAATCAATAGAATAAAAAGTGACCGACTGTC
AGTTGAAATCCAGAATATAGTTACTTTTGGGAGTGGGGACGTTTGTGGATATTAATCAC
ATACTGGGGCACAGAAAATATTAGAACCTCCAAATTCAATTCCAGAGTATTCCAAAACAT
TTGTTACGTGGGTTTATGAGTGAACCTAATACTACTGATAACTTACATTTGCAGTGTACC
TCAACTGGAAGGGAATTAAGCAATTCTGAAACAGGCCCCAGACAATGAAATAACCA
CTGAAGTCGGCGTCTCCCGGCCCTGCCTCCAGCAAGTAAGCAAGCTCTTTTGGCTCAAC
TAGGGATAGATCCTTTGCCATGTTGATTAGCTTAATTGTGCCATTTTATTATTTGGGATG
CATCACAGAGCAAAGTGACCTCCACGTCTGATGCTGGGGTTCATCAGGACGGACCCATCAT
AGGTCAAGTTTATACATCTTAATTATGGTGAATTCCTATGTAGAGTCTAAAAGCCAGG
AAGCCTCCATTGCCCTCCTAAGCCATGCTTTCCAGCACTGTAATAAACTGGATTTTTT
TGGCAAACCAAAGGCTGTTTTTATTCTCCTCCTTACCTTGATGACTATGGGGAGACCGA
TTTCTCAGTGTTTTAGACGCCAGCTGCACAACCTGATTGCCTTACAAATGACCTGCTTC

AAGGCCTGGGAGATGAATTTGACCTTATAGATCATTCTGACTTACACATTTTGGACTTTA
ACCCAGTTTGTGGCTTCTGCCCTCCAGCTAAGATCGTTCCTTAGCTGTCCCAAATATGA
TCAAGTACATTATCAGCTGGCCCCTGGCTCCTGGCTGTGACCTCCCTTCGCTTGAAGTGA
GTTACTTCTCCGCAACATCAAAGTGGCTGCAGATATCTCAAATAGTATTTACATTTATC
GCAGTGTCAAGTTCCTACAGGTTATAACGATCTTAATGATAAACTTAAATAACCGTAACTG
GGTAACTGTCAAGTCATGATGGAGACTTCAGGTTGTTCTGTATAAAATGCAAATAAATG
GAGAAAAACAATCCCCATTATGACCCATCTAGCAAAGAGGACAACCCTAAGTGGTCCATG
ATGCGGCCAGGATTCCTGCTCCCCAGTGTGACATCACAAGACAGAACCAACTACAGTCA
CATCTTGTCTAATTTTACACATAGTCTTGATGACATTTCACTGATGCTTCTGTCAGGTC
AATTAGAGAATGAGATCAGAATATGGATACATTGCAAGAGGTGGAGCCCTGGAACAAAAG
TTCAAGGATGTGGACATTTCTAATTTCTTCTGTGACCCTTCTCAACTCCTCCACCTTAGG
TTTGGCGCAACAAGGCACTGCAATGACTGACAAATACAGGCAGCTCTGGGATGAGCTGG
ATGAAGAACAAGCCATTTTACCTCCATCCTGGCTCATCTCCTCTGTGTTCTCATAGCAT
TCAGTGGGGCTCTCTGAGTCTGGCCCAAAGAAGCAAGGAACCAATTTAAGACTCTCGC
CATTGCTTAACGATGGGGATACATTCTTAGAAATGTGTCACTAGGCAATTCTGTCATTGT
TTGGTAATTAATGGCACAAAGCCCCTGGAGGTGTTTGGCCCCCTCTGTGCTACAGCCCACA
ATCATTAAAATTATGTGAAATCTGCCCGGGCACACCTCATGCCTGTAATCCAGCACTCT
TTTGAAAATGGTGTGTGGGTGTTTCAAGTCTGTGTCTGGTGGGTATGGACAGACAGTAAT
TGTCAAAGCACTGGATGAGTCGGGAAGGTTTGGTAAAGAAGTCCAGATCATTCTCCTCCC
GAAGATAAGCTCCAGGTCTTATCGTATCCCTGCCATCTGAACTTGTTTGCCTGCTTCT
GGTCATGGAAGAAAAGATGAATATAGCAGCAGTGAACTACTGGTGAAAAGCCAGAGCA
GCACCATTTGCCACGAACGTTTGGAGGATACGCATTTCTGTTTCAAGTGCCTTCCGTCCCCA
GGGCAGCCGGAGGACGTCCTCCGCATCATAACCCTCCCCTTCCCAGAAGGCTTTTTTTTT
CCAATCCTCTAATATGAAATGTGGAAAAGAATGAAGAGCAGCAGTAAAAGAACTTCTAG
TATTTTTGTGCACTAGGCGCAGTTGTGTAGCAGTTGAGTAATGCTGGTTAGCTGTTAAGG
GACGCACCCGCGGGACGTGCTTCTCCTGCCCGCGATGGTGGGTAGCACGGTGGGCGTCTA
ATGAGGGTGTGCGCTGTGAGGCGGGTGGCTGGTATAAATAATATTTATCTTTTCAACCAG
ATTTGTTATTCTATTAAGTTCTTTTTGTTAAAAAAGTATATAACCATTGTTGAAAATA
CTTTTACTTCTAAAGTCTTAGAAGAAAGAGCAGAGAGGGAGACTGAATCCCAAGCGAAT
AAGAAGACAGTGAAGTCTTTTTCCCTGCTGGGTAGCATTGTTGATGGAACGTTGGAATTT
AATTGCCTGAAACCCATTTACTTAGGACTACATTTTGTCTGTGAACTATCCCCTGCGCT
AGTGATTTTTCTTAGAAGCAGAGGTGGAGCCACTGAGGAAGCACAGGCGAGCCCTCCCCA
AGCCCCGACCATTGGTGGATGGAAGCCCCCACCATTGGCTCCCAGGCTTGTGCTGCTAG
ACCTGCGTCTAACTTTTGAAGTATAAATAGGTTCAAGAACTAATAAAACGTTCTGGTT
CTTTCCGAGTGCAGCTGGAGGGATCTGAGCGCAGGAAGACGCAGAACAACAGAAATAGCC
TCCAGGGAAAAGGGTAGAATATTTAGGCCACTTCAGGCACTACCATGGAGTGAAGTGAAT
TACTGGCAGTAGGTTATAATTGGTGGTTTTAAAATAACATTGGAATACAGGACTTGTGTC
CATTCCAGAGATCTTTGTGACTAGAGTTAGTGTCTAGGAAAACCAGAACTCAGAACTTG
CCCTGCGCAGGGCCAAGTTCAAGTTTCTGGCCGCAAGATCCACATCTCAAAGAAGT
TAGTTCTCCCTTTATCGTTTCTCAGAGGCCCTTATCTGTGCGCTCCAAACCCTCTCCC
CAATATATTCCTCCATGGGAGAGGAAGTTTATAAAGAAACAATAAAAGTGAAGTTCGAAAG
GGAATTGCATTTTTTAAAGCACCCTCTGATTTTCTGGGATTGGTGAAGAACTGCATT
AAAGTCGTGCATGCCAAGCTCCAGAAGAAGAGGCAAGACAAAGCAGCCGTGAGCCTCG
AAAGCCCTCAAGTTTTCAAGTCAACTGGACTGAAGAGGCACTGATAGAAGTGTTC

AATCACTGAATGCCTCCTCAGGTCATTTAGCACTTATTTTATCCAGTATCTTTGGGCTCC
TTAATTTCTCCGTGGCTGACCTGTGTTTGTAAACGCCGAGCTGTTGCGAGGGGGAAGGAC
TGTTTTCCAGTAGTGGGTAATTTCTCGTTGCAAATATTAATCCGTTGTTTTCTGGCGC
GTTGTAAACAAACAAGTTAAGGGCAAGATTCTTGCCAAGAGAATTAATGTGCGTATTGAG
TACTGGAACAACCTCTTCTCCAAGATTCTCAGGCAATCAAAGGCCCTGAGAAGAGAAGAT
ACCATGCTTCTTGTACAGTCTGCAGAACCCAAAAGCCAAATAAACCTCTCTTTATAAATTA
CCTCCTCTTCTGTCTGTTTTAAGCAGTTGTGGCTTTGCCAAAAATAAAAAATAATTTCT
TGCAAGAAGACTCTCAGTCACTTTCTGTGGTAGCCACAGGCTCTGGCTGTGCCCTGGT
AGCTATGAGTTGAAATGTTCTGTCAAATGTGTCTCACATCTACACGTGGCTTGGAGGCTT
CTTCTCACTCCTATGGGAAATGGAGAGATGTGGTGCATAAAATAGAATAAAATGTATTAG
CTGTGGACTCTCCTGTCCCCACTCTGCGTCCCAGTTCCTCACCTGTGGAGGAACCCCTGA
CCCCTTGTCTATCTATCATGAGACTGTACACGTAAGAAGCAAAAACTAGTAACATTTAA
AGTTGGAGAAGGGGATCTGCTCGTGGAGCTGGAATGAAGGATTTATAACCTTTAGTCAT
CCTTTCCCATGTACTIONTCTCAAGAAGGGGTGAATCATAAAGCCAGTGAAAA
CATAGACTTGTATTTTTATGTTTTGGGGATGGGATGGGGTTATCTTCTGTTGTAAATTAG
GAGTGTGAACCTGAATGGCACTAGAGGCTTACTTTTTGAACTTCAGGTATGTAACCAA
AGAGAGGGGAAGAAGAAGAAGGAAGATGAAGACAACCTCCTGCTCAAGACCAACCCATCT
CTCCCTCAGCCATGAATTCACCTTCTTTCAGGAGGTTTGGCTTGGCATGAAAATACTTCA
GATATTGACATGATCAAGGTCAACACCCTGATTCGGCCTGATGGAGAGAAGAAGGCATAT
GCTGATGCCATTCTGGACCAGATGGTGTGAGCAGAACACAGAGGGGTGTAAAGTGGAC
TGTTGGTCTGAAAATAGAGTTGGGCTTAATGTTGACTTCTATTACTCCTGCATGGAGCA
TGTGCGGTTGCCAGAAAACGTAATGCGGGTGAAGATTCACCAAATAAGCTCCATACTTT
ACAAATGGAAGAAAATACCCCTCTCCACCCATCAAGAAGAAAGAGTAACCTCAAACATT
TTCATCTGCTTCTGCCAGGTTCTGGCATTCTGTGACCACCTTTGTTTTATTTAGACTG
GCATTTCAAATGTTTTTGGTTATCTGTAAACTAAATGTGCCCTTATTGGCTCACTTGTCA
TGAGCACTGGTGGAGTATGAGTCACATACGATGAATACGTGTCTGGAACCTCTGAGGTCCA
CCCCCAAACCTGGAAGAAGAAGGAGAAGCTACCCAGGTCTCCAAGTCTTGGCATAACTA
AAGAGGAGCCACAGAGTATTGTTTAAACTGCCCTATGTAGTTTCATAATTTGGTAACAT
CTGTGGATGAATTTGCTTTTCTGGAAGGTACTTTAGATTGATTGCCGAGCGGGGCAGTTT
TTGGCTGTAATGTATGTTGAGAAGTCAGTCCAAGGAGGTATGTTCTTCCACAACAGCCTT
TAAACTACAAAGAAGATTGTGCTAAGTCTTGAGTGCATTGAGCCAAATGCAGATCTTA
GAGCCAGTAATGGTTTTTGTGATGCTGTATTACTTCTGGGTTTTAGACAATAAAGTCTGT
ACGTTTTCTTTTTATTTTTGTCTTTGACCATATAAGCTTGTAACTCTGACTGCGGAGAG
ATTATGACCCAGTGATGTCTTTTGGTGACTIONTAACTTATGAATTCAGGTTACAATTGAGT
AATGGTTGGTGTGTCATGGTGCCTCATCATTCTGGGGAGACTGAAAATACCTTCATCACT
TTTTGTAGAAGTTTCTCGAAGGTGCTTGGCGGTCTTGCCTTCCCCCTCCCCACAGGCTCT
TACAAGATGCTCAGTTCCTGAATGAGGGTAATGACAATGGAGAGAGGAGAGACAAATGGA
CATTTCCCATTTCTTGTTTTTAAAAGACCAACAAATCTCAAGCCCTATAAATGGCTTGT
CAAGGTAACCTCACACGACTACTTGCAGTACAAATTTTTGCTTCTCTTTGACATGAAAT
GCTTTGGATGTTGCCAACAAAATTGGGATCATCTAAACTGAGTCCAGCTGCCTAATTCTG
ATACCAGAAGCCTGACAAGCAGGAGGAGTTCTATGCCTAGTGGAGCCACAGTGCCTCCCT
AGTATATGTTTTATATTTGGAAAACAGCACTACGCTTAGTTTTCTGTAGTTCCTGAGTG
TGTGTTTTCTACCTGGTGTGATCAGAAGTGTCTGGTTTTGCTTGGCTGCCATTTGCCTCTT
CAGTGTGCCAAAATGAACTGCTCTCAGCTGATGGCTGTATTCTGACTTTGAAGCCTGTTA

GAAC TT TAGAGTCTTTCAGCCATAGAGGGTCTGT CATCCATTGAAGGGATCAGTCCATT
GCGCTTCTGCTCCTTCTCACCGTGCATCGAGCAGGTGCAACGCACATGCCAGGCGCTGGC
GGATAAAGTACTAAAGGACTGCTGTGTAAGCTATGGTGGCATGTGGTACCTTAAAGGGAC
ACCTTGAAAGAAGCTTACATGGCAGCAATATTTCTAAAATAGTGATACAGTCAGAGGCCT
GGCTCGGGGGCCTGGGGTTTTAATCTGTTGGTTTTAATACTTAACTCATGTATTATTTTAT
CTTCAGTTAAATTTGTGCTTCTGAGTGCTTGTATTGTAGGTGAAACCGCACTGAGAAGGT
CACGACAGCCGGAACGAGCACACACAAACAAGAGACAGCAACACCGAACAAAGACGACAAC
TCTGAGTTTTGTTGCTGTTGTTGTTGAGAGGTTGTTTCACTGGTATCTATTGCATTGTAT
CCCAGCAAGGTGGTTATCACTAGGCTAAAAGTGGACAAAGACCGCAAAAAGATCCTTGAA
AAACCCCATCCTCTACAACATGACTGTGCAGGAATGAGTGGAAGAAAATTTTTTGTGCTG
GGTCCCCTGTGCGCCCTGTGCGCCGACCGCGGAAACGTCTTGCACGTGCGAGGGGCA
TCATTACCCCATGCTGAACCCCATCATCTATTCCCTGAGAAATCAAGAGATGAAGTCAG
TAGCTACATGTTTGTATTGCACAGATCCCCACCTGCCATCCTATAGTGTTGTCTTCCTGT
CTCGGGTTCATGACGCTCTCGATATTCCTGTGCAGAAACCTGGACCACGTCTACAACCGG
TTAAGCTGCAGCAGACAAGCTGCCGGAAGAGGGACTGGAAGAAACCCGAGTGCAAAGTC
CCTTGCAAATGTGTCAGTCTCAAAGAGAGTATCTCCCCCAAATTTTGTGTAGCTTCT
TACAGCTCCTTATCGTTCTATGTACCAGGTATTTTATTACTGAACTAGCAACTAGCCTTT
GTGTTTATACTGGCATTGCCATCTTTACAGGTGACTTTCCATCCCTTGAACCAAGGCAT
TATGTCCAAGTAACGTTAACTGTGAAGTTACACACAGTAGCTGACTTCAAAGTGCCCTGT
TGGGAGTTTATACCAAGAGATTCTTCTAGATCTCATTGATCCTTTTGAAGAGCTTTTTCT
AGAGTAAGATGCGGATAATTTTCTGCTCCCCTGAAAATTCCCTTGTGCCTTTTCTCATC
AAGAGGAAATCTTTGCATTTGAGCGACAATTTCCGACTCACGGAATGCAGACTGAAC
TGTGCGCGCAGGAATCGGGAATTTTCCGTGATTGGGATGGATGGAAAAGCACCCAAGTGC
GCCCCAAGCTTAAAAGTTACTCGGTACTGTTTTAAGAACAATTTTATAGAGTTAGTGG
AGGACAAATTCGAGCATCTTAAAATGATTCAACAGGAGGAGATAAGGAAGCTCGAGGAAG
ACAGAAGAATTTGTGTGGAAGCAGGATGTAACAGATACACCGTAAAGGCATCTTAAAGCC
TGTGGGGAAGTAGAGTCTGTGGGAAAGGTGGTACAGGAAGACGGTCGTATGCTGCTCATA
GTCTGGCAGATGAGTATGTCAAGGATTGAGATGAACACATAAGTCTTGGAAATTAATAA
AAGCATCAGGACTCCAAAAGGAAGAAGAAAAGAAGCCCCACATAAAGAAACCTCTT
CTCTCCAGACCCACCCAGATGCATTTATTAGAAATAATAAAGTTCTTTCTTAGCTAG
ATGTGGAGTCTGTTTCTCAGCTCTCAGTTTGGAGAAGTGGCTGAGGGGCGCTGTCAAGAA
TCAAGATCGTCCTTCAATGGCTGTGTGTTTAAAGATTGTGGGAGCTTCGCTGAACGTTA
TGTTTCTCAAATATAGGCATTCTGATGGGAAGTGTGTGTTAAAGTAACAGATGATTTAG
TCCAAGGAGGCCCCCAAGAAGCTGATCCGATACATCGACAACCAGGTAGTGAGCACCAA
CTCTCAGCAGGTCTACCTGAACGTCTCCCTGCAGAGCAAAGCCACATCAGGAGTGAAGTCA
GTGGGCCTAAACATCGGCACTGTGGATGTGGGAAAGGCTCGGCTCATGTTCTGGGACTTA
GGCTTCAAGAAACAAAATCACCAGCACCTTGATCTTTGACTTCTAATCTCCAGAATAG
TGTGGTAGAGGAGCTTTGGGCTACTCCTTAACAAATCATTTCATGGATCGGCAGCAAATCT
AGAGCGGTCTCATGAACACCTCCCCTTGAATATCACATACCACATTGTTATCAATTCAT
AACCTTTTTTCCATAGTGTTAACTGTGAGTGCCTGATGGGCTATCAACTTAATAAGATATT
TGGAGATAGGTGATGTGTTGTCATATCCTGTGATACAGGTCACTCATCTGGCCTTCTGTT
GGATGCTATCTCAATCTAAAAATCATCACCACCTACCCAAGAAGAGGGTTTGTAAAGA
GAGGGGATGCCAATGATCCCCTTGAAGCAGAGAAAAGCAAATAAATATTTTATTAAGA
CGTGAAAATTGGTTTCAATTAACAAAAGATCAGATCCCTCCTCAGCTGTACACATTTTT

TAAGCCCATTGTTTATTCTTTGAGAATTTGTTGTAACCTTCTTCAGGATAACACCTGAGTC
AGGTGGTTCAGTTGCATCCCTCTACTGTTCTTGACCACAAACCTGAATGGGTGCTTTATA
TGAGTGACACCAGTGACTCTGAGCAGGGGACAGAACAGGACTGGCTTGTGAAGGCCATGA
GTCTTCTAAACAATGTAATCTAAAAATAATTGAGTCAGATGCTAACGAGATACTGCAGGC
GGGAGTATCCATTTCTGTATCTTGCCAACACATGGTGTATTAAAGAAACAAAATGAAAT
GCATGGCATGTGGTTATGGATATTTATATACAGGCTATCTCTGTCTCTTAACTTACAAT
TTCAAATGCATGATCAAATGCAACCTCACAACTTGGCTGAGTCTTGAGACTGAAAGATT
ACTTCAACCTTTTTGTTCTAAAAATTCAGGGATATTCAGCTCATGCTCTCCCTATGCCA
ATGTCGGCTGTGGAGGGTTAAAGGGATGAGGCTTTCCTTTGTTTAGCAAATCTGTTTACA
ATTGATGAGTCCTTGCTTGTGAGTCTATGCCTCCACCCAGTAGTTTGTCTTAGTCTCCTAG
TCTATCTCAAAGGCTGCGCATTAAAGAGGAAGATATGCGCCTGTGGCTATACAACAGTGA
CTACCACATGTTGGCCAGGGTGAGCAAGCAGTGAAAGAGAAAACACTTTTTTCAAAAAGC
CCCTGTCTTGTCCCTCAGCGTGGCCCTTCTCCAGCCGCGGGAAGTGGGAGACGCTAG
CCACGATTTTAAAATGACTTTTATTATGGGTATGTGTTGCCAAAGCTGGCTTTTTGTCAA
CTGCTGAGTCCTCTGCGTCCCCTTCTTGCAGTCAGAGCCCCACAGTTGACGTGTGCTCTT
TGTTTTAATTCTAACAGACTATATCTAAACCTGTAAGCAGTATACTCCTAACAGTACCC
ACAGTGAACAGAACTGCATCTCCCGTGAGTCTGGAGTGTGGAGCCGCCAGAAATAGCA
AGTAAATGTCCTGAGGGAACAAAACCCATGCTGATATTTGCTGGCGATGATTTGATGTA
CTTGCTGCATTTTGAATTGTCAAAGCCAATAATACCGTGACCCGACTGATACCTCTAAC
CTGGGGCAGATGTCCTTGGAGTTCTACCAGAAGAAGAAGTCTCGCTGGCCATTCTCAGAC
TTGTATGAGAACTGCTGGATTTTGCTTTCTTACCAAATTTGCTGTTGCTACTGAAAAAG
CCAAGCAAAAACATTTGTAAGATACACGGTATCTATTTGGAGCAACGGTTTTTGTAACT
TGTCCCCCTCCAATGCTGCTTGAATTTTCAATTTTCGTCTGACTTGTCAAAGTA
CCCCTCCTTAGTTAAGCTAAGAGGTATTAGCTTTATTATTTGCTAAATGTCACTTAGCAT
ATCCTGGATGGAACCTGCCAGAAAGAAATCTCAAGCTTGGAGTGACATGCCCCAGATTAT
GGGATCATTATCAGTAATTTATAGCAACTGTTCTAGTGTTTTGTGTTTTTAAAACAGAA
AGGGCTGTCCCTACCGTCTCACTTCTTGTTCATCTTTTCGTTATTATTAAGCGAC
CTTTTATAAAGATGGTGTCCGGAAGATGTTGCTAATGTATTTTACTTCAACATAGGGAAC
TTCTTGGAGGCCGTGATTATATCTATTTAACGCTTTTCCTTGTACCTAATAAAATGTCTG
GTGTGTGAGTGGGATCCAAAACACTCAATCCTGTAAAAGGGTACAGTCCTATTGTATGTT
GGAGTTCACAGTGGGAGACAAGCCTGTCAACAACCTCCGCATGATCGAGAGGCACTACTT
TTCTTCTTCTGTCTTCTGTCTCACGGTCTCTACAGTCTCATCGGCAGGAAGCTGTGG
TTGTAATAGAAACAGAAGATGAGATTATGCCTGAGGTTGTGGAAAAGGAAGATTACTCAG
TTCACATGAGTTAGACAAAGAGAAAGAAGCAGGACATTCTAGGAAGAAGGAACGGCCCAG
GTGACAGTTATGACAGGCTTACCTTGAAGAGTTGTCATTTTTACTGCCAATTTTTTGA
TGTTTGTGACAGAATGACTCCTATAAATCCTGGCATGTCTTCCGTTTTGCCACAGGGAG
ACATGTATGTGCATTTCAATCCCACGTACTTATAAAGAAGTTGGTGAATTTACAAGCT
AGTCACCTCAGAATTGGGAGACATCAGTAAGCTTGCCAAGTTTGACGGTGAGTAATTTG
CGACTACAGAGCCTTTGGCCGCTCATGGTGGAGAGCCACCGCTCACTCAGAGACGACTA
AGAAGAGAAGCATTTAGAGAGCATCAGCAATACAAAACCGCTGAGTTCTTGAGCAAAGT
GGAAAGTGACAATGCAATTTGAATTAGAAGTGTGCCAGCTTCAAAAACCCGATGTGGTGG
CATCCCATAGTAAGTTTTTAAAAATTTTGTGAGGCGATCCGTAAGTGTGAGAAGGATGCTC
AGAGAGCAGTGCTTTTGGCGGGGAGGAGGAAATCCCTTCATACTTGAACGTTTTCTAATT
AATACTTGCTGCTGGCAAAAGGCCTGTACTCAGGCATTTGCTTTGACTTGATGTTGCCAA

ATCGTGACACTTTCAACATGTAGGGATATCAGCGTTTCTCTGTGTGCTTGTTAATAAAAAC
TCTTGTTCAGCTGCTTTCCTGGGGATCAGACTGTGAAGCAGGAAGACAGATATAAT
TTCCTGGAACAATTCTACTGTCAAACAAAGGGGGTTTACAACCTGTCCTAAGTATAAC
GCTTCTTCTCATTTCATCTAGTGGGTAAGAGGTTTCTTCTTAAACTACAATTTCT
AGAAAAGTGTGAGTTGAGAAGGGTCCATTCAAGAATTGTGCCACAATATAACCAGGCACTTG
GGGGACATTTTTGTTCCCTGGTGTGTGTCCAGTTCACGAGTGTACGTTTGGATTT
GCAGAGTCACCTGGCATCATCAAGGCCTTAGCACCTGCTACCACTTGTCTGCTACGAAG
GTTTCAACTCTCAGCACTTCACTGTCACTCGCGTGTGTACACACATGCTTCTAATTT
CCCAGGTCGGGTATATGAATACACAAGCTGTACCACATTCTCTACAACATCAGGATACAT
GACATAACAGTCTTAGCTGGTGTATGGTCTGTTCTTAGTTCTAGTTTGTATCCCCTC
TGGTGAACCTCTCGGCTGTTCCAGACACCGGAGCACGTGTGCTTCGTGATGGAGTACT
TTGTATTATTTAAACGGTTGTGGTTTCTTTTTCCACGGAGGTTCAAGTAAAGCCGCTGC
GGAAGATGACCTTCATTTATGGTTATGTGTGTGTGTCTGTGTGCTTTGGAAAAATATA
CCCGTATCTTAACGGTTCAGTCTAGCCAAATAACTGTTTTGGAATAAAAACCTTGGTGG
GGACACCAACTCTACAACATTACCTGTCATATACTGAAGAATCTCTTCTCCAGTTATGC
AAAGTCAGTTTCTGAGGAATTCATCAGAACCCTGGATCTTGCTTCCAAGTGCCTGTCC
GTTTATTGCTTATGGTAAAATTTGCCTGATTTCTTACAGGCAGCGTTTGGAAACCTTTTA
GATGCCTTGAAATCCCATTCCTCTCATTCTTCTGAGAAAAATCTGGACAGTTGGAATCCCT
TCCCGCCACGTTCAGAATGGCTTGGACTCAAGTGTAATGTACAGGGTTCAGTTTGTAA
CTGTTCCCTGCTATGTGTCTGGCTCTTGGTAAAATTTAAAAAAGTTAAAAATTGTTGTGG
CAGCATCTGCTTATCTTCTCTGGGTGTTGAAAGAATCAAGATCTTCGTGTTTCAGAA
ATTGATTTGTGTGGATCAGGTTAAATGTGACTAATGCTTTTCTTCTTGGAGAGGTATCC
CAGTGGCATTAAAGGATGGTCTCTTAATCCTGTGTTAACCCTAGATTAACCTTACAATCA
CAGAGCTAGATGAAAGGGCAATGCAGGCAGTAGAAAAATTAGAAGAAATCCATTTACAGG
TGTTTTACTAAAAACGCAACAATCAGATACAGAAGACCTTATGCCAGCACCAACG
AGGATTCAGACACCCCTACCCACAGCTCTGACCGTCAATGCTTCCATGTCCAGGTGAGT
TAGTCATTCCAGGTCTCATGGGAATGATCACCATAGCAAGGAACATCAACGCTCCAAATC
CGACCTGGTGTGTCAGACTCCCGCATCCTCTCCCCAAGCCCTTCCCGTTCTGCCCTGC
GGCCACATATATGCTAATCTATAAGAAAGGTGATATTGCAGACATCAAGGGAAGGGGTAC
CTGAGGTCCTTGATTTAGGGTATGGTGTAAAACCTTACATATGCACATTTTGTACATC
TAGAGCGAAGTTTTATTAGTGTATGGGTCTGGTCAAAGAGCTTTTGTATCTATTCAATCC
CTGCAAAAGTGAAATGAAGCCAAAGAGGCATCAGGAAAGGCTAAATCTTACAGATTAATA
GTTCCAGCCGGCATGGCTGGGAATGCAGACCTGTCCCTGGTGGGTCCAGGGGCCCT
GGTAGAATGCTCTCCAGCTCCACCTTCACTACTAATATATGTTTGTATAATTAATATCTA
AAGGGAAAAAATTGACAGCAGTGACTTGAAAATGATTCTGCTCCCTTGAAGCATTTCAT
TGGAAGTGCAAGAAGGAGGATGAGTCAAAGGTGGCTACTCCAAAGACGTCCTCCTACGG
AGGTCCACCTGCGTGGGCTGCACAACCTCTGTGCCTATTGTACCCACATTCTCAGTCTCT
TGGTCAAACAGAAAGTTGCTGAGTGCAAGGAGAAATTCGCCGCTCCAAGGACCCAC
GATACCGCTGGGACAGGAGAGGTTCAAATGCATTGCATCAACCTACTATAGAGGAGCTCAA
ACAGTGGCCTCAGGAGAGAACGTGACCCTGCTGTGTGTCAGTCATGGTGGCAGTTTGACACT
TTGTCAGAGCATCCCGACGATGCAGAGGGTGGGAGAACTACATGCTAAATTTCTTTTT
AAATTGTGAACACCCCAACCCCGCATTTTTGTGTGTTGAAATCTTGAAGGTTACATTA
GGGTTGTCTGGGATTGTGTGAAAGAAAATTAGAACCACGCTGTATTTACATTTACCTTG
GGCTGGAGAGGGACACCCCTGATTACCTTAAGGCCAGGCAATAAAGCAGGGTGTCTTC

ACTAAACGTAAGCCTTCTCCTCACTCTCTCAATCTTATCCATCATAGCAGGCAGTTGAGG
CAAGCCCACCTTTGTGTGCTTGCATCCAACCTGTGATGAGCCTGTGATGTATGTCAAGTTG
CAACTATGATGAGCCTACTATGTATGTCAAGTTGGTGGAGGCCTTTGTGCTGAACACCAA
CCAGTTGCTTTTCATTTTGAACCAGAAGCACTAGCATATTATTGACTTGTAGCTTCATAAA
TGGGGAAGGTTTCAGTTGCACTGTATGCTGTTGGATTTGCCAAGTCTTTGTATAACATAA
TTATGAAAAAGAAAACTCCTTAGTAAAGAGACCAGTGAGGAACTCCTGCCTCCACCAGT
TATTAGTGGGGAAATGATTTTAAGACCGTCTTTTCAGTATTTAATTCTGACAGATCTGC
AATTCAGATAAACTCAACATCTCCAGCCTGGGGGAAACGTGAGAGGGTGGTATGAAGATA
GTTCAATCAGCAATTCTCAACCAGGAAGGGAGGTGAGATGGGCTACATAAAGAGGATTTT
TGCTTATTATTTGGTTTCATTCTCATAATAAAGAGAGTGTATACTGACATGGGCAGGATG
TTAGGAGTTGTGTGTGCTTTTGATCTCCATGTCAATCCATAAACAATAAATCCTGTTCTT
TGGGCTGGCAAGAGGTGAGTGCAGCCTTTGACCCCAACTCCTTCTACAACCTGTGCTTGA
TGCTCTCCCCTTCCCTTTAGCTGACAATGTGACAGTGCTTGAATAAAAGTCAGTCTGACA
ACCCATTTCTGTTTTCTTTGAGAAGTGCATGTCATGCTCTGCACAAAAGTGACTIONT
CCCTCATCTCTCTCTGTTTCATTGATGAGTATAGAAGATCAGTCACTTTTATATGAAATG
CTGTGTCTTCTTGGCTTGTGGAGCTGATTTGTATCCTTTATAATAAACTAATCATAAG
TGCTCCTGCATCCCAATCAACGACAAAGAGAAGGACAAAGCTGGAGGCAGGCTCCCAAG
AGGTTTGTGGAACCCAGTCCCCTGCAGAATCTGTAAACCTAATAAATCATGGTTGTGGC
GTCAGAGTGTCTTATGTGAAGTGGATCGAGGACACCATAGCGGAGAACTCCTGAACG
GCTCGGCCTCGACAAGTTCCTGGGCCGCGCCGAGGTGGACCTGCGGGATCTGCACCGCGA
TTTCCCACCAGCTGGAAGAAAGAACTTTCAATTTGTCTTGAATGAGAAAAATGTTCTTAG
AGTTGATTCTGACCCTGCCTCTTAGGATCCGCACGTTGCTGCCTTTAGCCTCCAAA
TGAACATGGAGGATGACCAGAACTGGTACAAGGCCGAGCTCCGGGGTGTGAGGGATTTA
ACTAAAGCCTTGCAACATCGATCACATTACTTTGAGGGTGTCTCAAGTGCTACCTGCAT
TCAAAATATAAGCAGCTTGAAACTGGCTTTACCAATCTTGAATTTGACCACAAGTGTCT
GAGATTGGGAACGAAAAGGACGCTGTATTGATTTTAAAGTCGCATATTCTTTAACTTCAA
ATGTGAAGCTTGAGGATTCCTTCATCTCTTTGCCAATGGCATTGTGATTATTAACCTCT
TGTTAATGCAGCCTTGCACCTCAGGAAGCCCTGATGTTTAAAGGAACTGTGTCTTTGTTCT
ATTGCCTCCAGTGTTACCTTGGACTGAGCCAGAATGTGATTTTCTGATGAAAAAGACTC
TAAAAGCAACTTCTTGTATCACTTGGTATTTTGTAAATCCACGGTGAGCTGGAGCTCC
AGTTGCTTCGACAGATAACACTTTGATTGCTCGATCTCTTGGTAAATATAGCATCAACTG
CACTGAACAGAATCTGAGATTTAATAAGCCAAATCAACAATGTGGGAAGTTCGTTTTGTT
CAAGTATTGGGGTAATAGCCAGTGTCTTAGTTGTTTAAACAGTTTAAATGGAAATCAGTAC
CGCGATGGGCTGGCCTCGGTCTCCTACACCAACACCTCGCTCTTCGCGGTGGCCACGGTC
ATAGTCAAAGACCATGGACAACAACCTGTATCTGAAGGACTCTTCTAGAAGCCAGAGACT
CTTCTTACCATTCTGTATGCTTCCAAGGTGTGACCATTCAAACCTAACAGTATTATTAAG
TTGGATGCTGCATTCATAGGAGAATTGAATAATTTCTATCAATATGTATTTATCATTAAA
ACACACCAATCAGAACTTGCCAGCTCCTCAAACCTTTACTAGGGCCAATAAACTTTCTTT
GAAGAGACCATCCATATTTCCAGGTAGGAATTGTTTACATTTATACCATCCAATTGAAAC
ACTTCAGAATACATTTCTCCCTATAAAGAGTTATAAATGATGGTTTGTAGTTCTCAGGCAGC
CTTTACATGTAATGGTTGCGAGGACCAACTTTCAAATGAGCTAACTTGGGTGAGACGTTT
TCAGGATTATGGGGTCTTAAAGGCTGATGAAGGCATCTCGTTTCAAGGGCCTTTTTATCAT
CAGGTAAATCTGAAGTATCTGCTGAAACTGAAATTCAATTTTAAAGACCTCCCTGTGGTAA
AAATGGACTCACAGATGACGAAGCAGGCGCTGAATGAGATTGAGACGAGGCACAATGAGA

CTGAATGGGAAAAATGACACTAGAAATGTATACTCCACACATTTTATGCCATATAATGGTG
GGTTCCTACAAGTTGTTCACTTAGTTTTGTTGGTGTAAAGTAGGTTGTGTGAGTTAATT
ATTTTTCATCAGTTGTTTCTCAAAGTCATCGTACTTCTGCTTCTGTTTACTGATGGTGT
TGGGCTCATATCTGCACCGTGGGGAGTAGGGGAACAGTCGCAAACAAAAGTGGGGCTCTT
TGAGCTATACTTTTTAAGAAAGTGATTCACCCTGCCTTTGCCCCCTCCCCAGAACAGAA
ATTGTTTGAATATGCCAAAGACAATGAGCAGTTCATGGAGAATCACAATCCCATTAATTC
ATGTCTTCGATCTCCTTCTGTGAAGAAATAATCTGTTGCCGTGGAGACCAAGTGCGACT
ACAAGTGTTACCATGGCAAAGTCTACAGTGTTCACCAGCATGCTGTTGGCATT
AAATGTCAACAAAGGGAAAATAAACTATCAGCTTGGATGGTCACTTGAATAGAAGATGGT
TGAATGGTGTTCATTCTGTGAAATGCCTCTCCACGTTGCATATGTCACACTTTTGTCT
ATGTGGATCCCTATGTTTGCAACCCCTCCCCAGGTGAGGAGTGCCTAGATATGGGGCTA
GCCCCGCCCCGTGGGTCTCTGACTCTGTCGCTTTTCTAAGTAAAGATTTACGTCCA
GATCCCCAGTGCATAAGGATCAAGACAGACAATGTGAGGGACAAAAGATAGAAGATGGA
GTCTGTATTCCAATGTTTCGTAAATGAACTATGTATATTATGCAGAAACAGTCTGTTCCC
GCACGGAATATAGGGTTAGATGTGTGTTATCTGTAATCATTATAGCCTAAATAAAGCTTG
TCTGATGCACTGGAGGCAGGAGACAGCTGCAGGTGGTGGTGTGCTCTGGAAGAGTAGAAA
GGAGAAAATGATGGGGAAGCAAGAGCTTTGAGTTTTACAGGTAGTGCTCTTGCTGCTTTG
AACCCACCCTGACACACACACGGATACACACGGGTGCACGCGGGCAGACACACACACACA
AGCCGCCCCTTGCAGCCGCGCCACTTGGGAGAGGCTTCCGGAGTCCCCGCGGGCGCTGA
GATGTCCCGCACTCCCTTAGCCATTGCCTTGGACCAAACCACGTGGTTGGCAGCTTTTCT
AGAGAGGAAATTGAATGCATAGAAATTCAAGAGAACC CGATCACGTCACCACAGTATGA
CTAATCAGGACTGTATCTGCCTCCTTCTTGAATAGCCAGATAATTCACCTAACAGCCT
TCCGCTGTGGGCTGGCGTCCCCGCGTGGTCTGACTCCGTGGCTGCCTCCAGGGCACA
AGATCATAGAAGGCTATTTTCTATTCTGGGGAACGATTATAACTTAAATGATTGTTTTAA
CCAAGAAGGTTCCGTGGTTCGACCAGCAGAATGGGCGCACCTACCTCAAGTACTCGATCA
CTTTTATAGAGGACTGTTTGCCAGCTTATCCGGCAGATCCCAAATACTGCCATTGTGTT
TCCCGTCAGTCCCTGCTTTGCATTTGCACCTGCCCCCTTTTGTGTTGAGTCTAAGTGA
AAAGAAAGAAAGGAAAAGATTTTATAAGCAGGTGTCAGTGGACAGTTTAAAGCACTTAACC
TTGTTCACTGTTCTCTGTACTACTGTATCTGGAATGCTTTGTAATACTTGCATGCTTCT
GCAACCGCCCGTCCCTCTTTTCTAGTTTCTGATGTTTGTAAACCAGACCCAGCTGTGTCAT
AAAGTTCTATTTTCCCTGTATTGGTATCTCCTTAAATAAAATAAAATATTCCTATTGTAA
CTCCCAGTTTGAACAAGCGCAGCCAAGCTCAAGCGCAAATACTGGTGGAAAAACCTCAA
GTTTGGCCCCCTAGCATTTTTTATATGTTCTGTTGAGATAAGTATTGCTTAAATGAATCG
TGGGGCGTAGTGGTGGCAGGACAAGAGAAGGCATTGAGCTTTTTCTTTCATTTTCTATT
CCCTTTGTGCTGAGCACCAAATCAACCTAATTAAGGTTGATGACAAGAACTGGGGGAAT
CACCAAGTCTCATCTTGAATTTAATCCTCATAATTCCCAGGTGTTGTGGTAGGTAATT
ACGACCTTGAATCACGGGTATGTTGAGTATCTGTACTGTATAGTTGAGTACCTGTGTAA
GCATAACAAGGAGTCTGAGGTGGTGATTTGGCCAGTGTTTTAACTTGTGACAAGTACTCA
CAAGCCTGAGGGCACCTTCAAAGTGGTAGCTATGCTTTGATGTCCTGTTGAGGCCATCGG
GCTGTTATGGGGATAAGCTGGTGGTGGTCCCCAAATATTGACCAACTGGCATCCCACAGCC
TCCCGCAGATCAGCAGCGTCAAGGACCGCAAGAAAGCCGTCCTGTCCGACATCGGTGTCT
CGCTTGAGGTAATGGATATCCTAATTACCCAGATTTGATTATTACACGTTGTATACATGT
ACCTGAACTTAGCTTTCTTTGAAGGGTAGGAAACCTGGAAGACGTACAAAGGAGGGAGA
AGATGAGCAGATAGTGACTGATTGCCACTGGGATGAAATTTTTAAAAAAGAACCTTGAAG

CTGTGGAATCTGTTTATCGGTGCCATTATATCCTTAAGTTTGGATATTTAGCTGACCTT
CCAGAAATGCCGCTGGAAGCACGTCAAACCTGCTCTTTGAGATCGCTTCAGCTCGCATCGA
TCCAACCTTCATCTTTGAAGTGCCCTGGTCTTCTCCCGAAGTCTGTGGAAGACTGCCAT
TGTTGCGGAAGAAAATAAAACGCGCCCCTCCACAATAAAAAAGCCGCCGCCCAAAAAA
GATGTTTTGAGAGACACTTTTTGTTAAACCAGATATTGAACTCCAGCAACTATTGTGGTT
CAAGGAGGTTAAGCCCAAGATCCCAAAGGGTGTGAGCCGCAAGCTCGATCCACTTGCCTA
GAAACAGGTGTAGAAGTTAAGGACATAGAATTGGTCATGTCACAAGCAAATGTGTCGAGA
GTACATCTTGTGTTGTTAGCACACTTGAGTTTGTGTATTCCATTGACATCAAATGTGACAA
AGACATCTTCTGCATCTTGGCTACCTTCCCTAACCCAGCTGTTGAGAACCTTCTGATTTT
CTCTCTCATTTGGAGGGATCATGTGAGTTGGCTACTTACAAGTAGTGAAAGTTCCCTTT
GCAAACAACCATGTGGTTGGATTACATGGAGTCCCCACATACTCAGTCAGTTATCAAAGT
ACCACCAAAGTGAAGGTGAGTTTACCCTCTCCCTCATCCCAGGATCCTCCCTGAATGGGC
GCGTTTTCAAGGACATCTTCCAGGAGATCTTTGACAAGCACTATAAGACCGACTTCGACAA
ATAAAGAGGACCTTCTCTCATTGGCTCTTTTTCTGCTCACGGGAACTTAGCAGAACT
AGGCTACCGCCACATTGATTGTGCTGCTATCTACGGCAATGAGCCTGAGATTGGGGAGGC
ATAGTGTGGTGAAGAAAAGTGAACGCCCTGTAGAGCAGCCCGACCACAGGAGCATGGCC
TGCAGAATGATGAAGTTGCATTTAGAAAATTCCTGATTACTGAAGATGTTGAGGGCAAAA
TGAGGCCTCAGTACAGAGGGGGCTCTGGAAATGTTTGTGACTGAATAAAGGAATTCAGT
TTTTGCTGCACATGCTAAAAAATGCAGAGAGTAATGGTGAACCTAAGGGTTTAGATGTAG
AGAGCCGGATAAAAAAGAGGGGAAGAAAGAAAGTTGAATCAAAAAGGAAAAATTTAGCTAA
CAGTCATCGCCCCACTGGCTGACCAGAACATATCCGTGTTGATGCTGTCCACGTATCAGA
TATGAGGAAATAGTATCATCATGTTAGAAGCCTTGAATGAGTATAAATAATGGCTGGTC
GAGCACTTAAAGTCCAGTGTGGCTGTTAGTGTATTTGATATTCTGCCTGTCTCCTCATG
TGAACCTCATAATGATTACTTCAGTACTCAATTTCTGTTGAACTTTGCTATCCTTGGAA
TAGCTCTTGGCATCTCCATCTGAGCCTAAAGTTGCCCACTGGCACCAATAGATTCTGTTT
GTCTTAAACAAAATTCAATGTGGAAAAGCCTTTAGATGTTCTCCTAACTTCTGGGTTCA
AGAGTTGATTTCACTCATTTAGTTCTCATCACTGTGGCGAGGCTTCTACATCTGCAGTC
ACTGTGAACGGCTCATGGTACATTCAAGATTTGTGTGAGATGTTGGGAAAATATGGCTCC
CTTTGTCTAACTCTGAAAAGTATATGTCAGAGTTCTGGAATATGTCTTTAGCCAAGAA
GGAGAGAGGAGTACAGCCAGCACCTTCTACAGACCCAGTTTCCCATTGACAACCACC
CATGATCCAAAACATAAGAACTTACGACTTGTAACTCGTTTAAAGCCATTAATTGTGCAG
CACCGATAACCTATCAAAGGGCTTTGCAAGAGCTTTGACTAATCGTCTGTCAATGGTTC
CAAGTAGAGGGAGTGCAGGAAACAAGAACTACAGGATGTAGGAAGACCCTCCTGAGGAGT
ATGCTTTGGCTTCCCAAGGCTAGGGCCGTTCCCTTCTCCTCACCCGGCTCCAAGACCTG
CTGAAGTGTGTTAGTGGAGCAAAAATTGTACCATAAACTTGTGTTTACTCTTTTCATTGCG
AGCCTATACACTTCTAGAGGAGATACGGGACCTAGCTCTCCTGGATGTTTCAAACAAT
TCTCTGTTTTATTCGCTCACAATAATACACAGCCCCTGGATGGGGAGGGGGTAGGAGGG
TTGAAACTCTGGAAGAGTGGATTCAGCCTGGATAATGGAGAACTCAGAAGCTACCAAGAC
ATGTGTTTGCCTGACAAATGGAATTTATCCTCACAATTTGGTGTCTAAATGTCTTAA
AAAGTAACGTGAAGGAATTCAGGTGACTCAGACATGGAGGAGAGAAGACCTCATCTGGAT
GGCGACATGGCCAAACGTACCAAGAAAGTCGGGATCGTCGGTAAATACGGGACCCGCTAT
CCTATATTCCAAGTACAAACACTGTCATTGCTATACAAATGGAACCTTATGACAATTCCC
ACCATTTCCCTTTGAAGGCACTACCTCCTTCCCCAGTTATAAATGAGTGAAGGTCTCAA
TTCAGCAGCCCTCGGTTGATAGAAAGCACAGGAGATACCTTATGACACAGCCAACATTTT

TTTTATTTTATTTTGGGGGGAGACCCAGGCTGGAGTCTGGGCGCCCACTGTCCTGTGATG
TCAGAGAAGGAGAACTCACCAGAGAAGTTTGCCTGAAGCTGTGCTCGGAGCTGGGGTTG
GTTGAGCAGCCTATGAACCTAAAGACATACTGCAGTTTGTTCATAAATGTATTCAGTCTT
TCCCCAGTATTGTTTTCAATACCTGTTTTCATATACAATTACAAACCTTTCAAACCTG
AGTAGCTGCTGAGTGAATGGGCACATGACGCCACCCTCAGAAAGGAAAGCAAGATCCGGC
AAATGCAGTGATCTCCCTACCCAGCATGTACGAGGGGCTTGTGAGTGGCCTGTGCGGAAA
AAAGAGAGCTTTGTACCTGTATGATTGGTGAAGGAGCAGGAGAGGCAAGTTCAGTACCAAT
CTATGCGCTATGGAGAGAGTTCTCTTCTCCGTTCCCGCGGGGCCCCCGCGCAGTACTC
ATGGATGAATGAACTCCACAGGAAGATGAGGAAAGCCTTTATGGATGGAGTGAGCTTGCA
ATCTCGTGGCAGCCTATTCTGTGCACACTGTGCCATCACTGAGGACAGGGTAAGAGTG
GAGTTATTAGGACTGGAAGGCTATGAAAAGAACTTGAAATTGTCGGAATATGTGCTCTCT
ATTGTCTGCCTTGCTGCCGTCCACCTGCTGCCAGACCACCTGCTACAGGACCACCTGTT
CTTTCTTTGGAAGCATAATGGATGTCACTGAGGAGGTGTGGGACAAGACTCTGGACATTA
GCCCTTGCCACTTATTCACTTCCCTCCTTTGTAAAATAAGTGCTTTAATTATAAACTG
AGTACATTGTAACCACCTCTCTGGGTGGTTCGAGACCCGCGGGTGCTTTCCAGCTCTTTT
GGAAATATCCTGCAGCTTGCTAACCTGCCTGATCTATACAAAGTCTTTGAGAGGTGTTAA
ACTACCTGCAAAAACACTACTTAAGGTGTCGCCCTCTTCATGGGAGTAGACATATTCT
AATATAATCATTGAGGCTTGATTGTCCCTTGCCATCTCTTGCTTTTTCCCTTCTTTGATG
TAGAAACATCAGAGAGAGGCACACCCCACCACACACACGGAGACACACGCAGAGATGCAC
CAAAGCAACCCTGCCACTCAGGCTTCATCCTGCACAATAAACTCCGGAAGCAAGTCAGT
GATGACTCATCTTCCAGCATTTCATGAGCAACCAGAAGTCTACATTTCTTTGAGAAAAAA
GACAGATGCTCATTGTTGAATCTCTTAAATTTTTCCAGCTAACCTCAGTTTGGAAGAAAA
CTTGATTTGATGGGATTGTTTGGATGTATTTAATGGGAGTATTTGGAGTATTTAACGGG
GAACAAGACGTGATCTTGAGGGAGTTTCGTTATGGCTCTAGCGTTTTGATTACCACTGAC
ATGATTGTAAGTTTCTTGAGGCCTCTCCAGAACTATGAGTCAATTAACCTCTTTCTTT
TCCTCTCAAGGACGAGGTTTTGAAAATTATGCTGGTGCAGAAGCAGACCCATAACCAGC
CGCTGCGCGGTGCCCTGCATGTCGCCATGCCCGGCAGAGGGCGCTCTGACTTGCGC
CCACTCTGAGTTTGGCATTATGTGTTCGAATTTAACCACATATCTATTGATGTGCTTTG
TTTAGAAAGTCTTGCTATTGTTTCTCCCTTTCTCCCACTACTATTTAAAAATGAT
AAACTCAATACCATCATCTCTTATCTCTATACAGGGACTAGGTAATAAAACCTTCAAAGG
CATCACCAGAATGGTCTTTAATGAGCATGGAACCTGAGCAAAGGGAATAGGTGGGATGAA
TATTGTGTTTACTACTTGTGATCATGTAGTTGTGCCTTACTTTGTGAGAAAGGTTAGCTC
ATCCATCAACACTCCTGCTGTCGGTGCTGCCATGTTATCAAGAGGTACACTGCTCGGGC
GCTCAGCCCGTTATGACTTCTCCCATGAGATCCTTCGGGATGAAGAGTCCTTCTTTGGGG
CATTTCCTGCAGATGGTACAGATGTTCTGCCTTAGAGTCATCTCTAGTTCCCCACCTC
TGATGCACATGGCAGACACTATCGAGGAGGGCACGATGCCCAAGGAGATGTCGGACATCA
GCTTTAAGAGATCAACTAATTCGAGCACTAACTATGATAGGAGCATATGAAATTATGGAC
GCCTTCAAAGTTGGAAAAAATATCAGGATTTTCTTTCTGGTCACTGGAAAAATATATCCG
TCTTTGACAACAGCGACAACGTGGTGCTGCGGCAGTATGAGGACATGGTGGTGGACGAGT
AGATGCAGATGACTTTGGCCTACAGTTCCTGCTGGACCTGGATGTGAGGGTGAAGGCTGT
TTGTTCAAGATTCCATTCTGTGGGGAAATTGACTGTGAGGACTGGATCAAAAAGACCACTG
AATACACTTAAGCTGCAGTCCCAAAATTAGGGGTCTTCAGTCTTGAGACTATGAGGGA
CCTGTGTTGATCAAGACTTCAAATCCCAAAAGAACTTCATCATTAAACATGACTTGCAGAT
AGGAGAGCACTGTGCTTCATCTTTGCCTCAGGGAAATTCAACAACAAAGAGCTGCTCAA

TTGTCAGGCGATCTTGTTTGAAGCTCTATGTTGCCATAATTACCATCAAGTACACACTGT
TGGCCTCAGTAGGTGCCACCGGTGTTTCCATCAGTACATGAAGGATATAGGTTTCATTTA
CTTCCCTAAAGATAATTGGAAGACTTCATTGGATTGATAGAGAGAACTGCGTAATTTCA
TGGGTTTTGATATTGGCTTAGCTGCCAGTCTCCATTTGTGACCTATGCCATCCATCTAT
TCTTCAGAATAAGGATAATGAATTGGAATACGACCATTTCTTTTCATTGCCCTTGATGG
TATTATCCTAAGAAAACACAGATGTCTCAGATGTGGGGATTAGCAGCCTGCCTCTTTCTG
ATTGTTTTGATTCTGAAAAATCATTCAACTGCTAACTGGCAATAAGACTCTAGGCAAGTC
GTAATTTAGCCTTGCTGCATGTAACATGTATACTTGGTCTTGAATTCATTGTAAGTACTGATAC
TGTAAGTGTCAACGATGTTTCCAGTAGTGTTTAGATTTGGTGTCTTCAAAGGTAGTTGATT
TACAGGAGACAATCAGTCTTACACTCTTCCATGGTCACAAACAAGAGGTCCCTGGATCTA
GCCCTTGCTCCTTCCCTGTATTTTGTGACCAGAATGAAATAAATTACTTTCAAAGAAAA
TTGACCAGAGCTTGGGTCCTACCTGTCTACCTGGAGTGAACAGTCCCTGACTGCCTGTAG
CTGTTTGCAAAGACTGTTGCCGTCAATTTTCTCTTGACTGCCAAGTTATTTTTCTTGTA
TAGAATCAGTCAAGAGGAATTGGGCCCTTCCCTTCATCCCTCTTCTTTTCCCTTTTTGT
ATCAGGAAGGAGGAGAGGAACCATTTGTGCAGATCATCTAGAAGAACCTGGACCATTCTT
TGCCATTGCTTCACTGTTGGCTTTGACCAGGGTATGATCTCTTAATCTTCTCTGAGCT
AGGAACCATGTTGCCTTCTGTCAATCACAGCCACCTTCTGTTATCTCCTAAATGGAT
AGTTTGTCAAGTGAAGAAGACTTCAGCTGTGCTGGGCTCCATCAACCCTGTGTACAATG
CCCTTGTTATAAGTTTTATGTCAAGTAAGGTAGTTTGTAAAGTTAGTTACCCATGTCCC
CTGGGGTTCGCTGGAACCTTCTAGGTGATTACTTCGGGATCCTCAAGGAGGCGAGAGTG
TCATTCATCCAGCGAGCATTGAGGACCCCTAGAGGCCAGGCCATGAGTGATGAAGATC
ATGGCAAGTTCTACGTGGGAGTCTGTGCATTTGTGAGGGTCCAGCTGAAGGTGAGGGGAT
GCTATCTGTCTTTTGTGATCTACAAATAAATGAATTGAGAATTTAGTCCATAGAGGTCC
AATATCTCTTTCAGGCTGAGGACCCGGGATGACATGCTGGGGGGATCAGAGCGATCTGGGA
ACTGAATGGGAACATTGTCTGTATCCCTAGACTGCATTAAGACCTAAACTGCTTCCAT
CAAGTGCAGGACCAGACAAGAACCTGGTGACTGGTGATCACATCCCACCCACAGGATCT
TGAAGCCCTAAATGATGGTGAACCTCCAGAAAGCCATTGAGTTATTGACAGACGCCATCAA
CAACCCTGCCTGCAGCCGCCCGCCCTCCTAGCGTGGCCACTCTCCTACCGCTCTGGCGCA
CACAATTAATACATTGTGTGAACAATTATACTCAATCTTATCCAATGAGGAACCCAACGG
GGCTTTACAAAATAAAATCATGCTTGGAAAACCTCTCCTCTGAGGGATGTCAAAGGCTGC
TGTTGGAGGGATATTTAAACACATTAGATCACTGTGTAGATCTCTGTGTTCAAAGTAA
GGCAGTTTGATCACTGATCGAGTAAGGAATGACCTTTAGATTGTGCGACTTTTGTTTTT
GGGGCTTTCAGGGACAAGTATGGGGGTTGAAGGGTCACTGTCCCTATACCAATCCGA
CTTTAATCGGTTAGACTTCTCAAGTGCAATTCAAGATATCCGAAGGTTCAATTATGTGGT
ATTTAACTGCTTTCTTCCATCCATGACGACATTCCCACCATGGGGGTCTTGACAAAGCAGA
GAAGGGCATATATCCCCTTCTGTACCTACAGCAATTGAACTTTCTCTGCATATAAAAC
TTCATGTTTGGCTGTTTTCTCAGCACTGATGAAATAGCATTCTGACCCAACACCAGAT
CAGCTCCTAGAACATGAGAATCAAGCCTCTTAATTTTAAACTGCGGAATGTGGCCTCTGC
TGTGATCCATTACCAAGTCTCCTCATGAAAACACAGTGAGTCAGCCCTTACAGAACTA
TTCTACCTTTTGTAGTGAAGGGGCTCGTGTAGAGAAAGGAAAGGAAAAAGAAGGCAGGCAA
TCAAATGGTTCTTTTATACTGTGGATGATACAGGACTCTGTTACCTAAGATGTGATAAGC
AGGGTCTCCAATTTAGGCTTTCAACATTATCTCTAAAGAAGGTTATACATTATGTCGGCT
GACCCCTCTTTAGTTTCACTAAACTAAGCATGTGTGTTTGTGTGTTTATTTTATAGTTC
GGACTGACTTTAATAATTTGCATTATATTGTCCCAACCAGTAGTTTATTTTTTGCACGG

TCTCACCTGGTAAGTACAGTATTTCAAGAGCACGCTAAGGGTGGTTTTTCATTTTACAGG
TCTAGGAACAACCAACATTGACTTGCCAGCTAGTCTCAGAACTGTCCTTCAGCCAAAGA
CTGGACTTTATGTTCTGACGTTTATGTTGGGACCTTGAAATTAATAGTAGCACCTGATGC
TTTTCTGTACCTTTAACCTTTAGTCTGTCAAGGAAAACCCTTAGGACCTCTGAATCAAG
CTTTAAAAGAGGGTGCCTCAGAAGAGGAGATCAGACTTAGCAAGATGGTGATGAAATTCT
TGATATAAACAACGAGGTGCGATGAAATACACAGGAGGGCTGCTAATCACTTATGGGGTG
GTTGGTTCTTAGTATTATTTATGGTAAATAGGCTCTTACCACTTGCAAATAACTGGCCAC
GGACATAACTCACTACCACTGTCATCGGTTGTTATTAATTCTGCAGTTACCATTTATTAA
ATGACTCCAGAGAGTAAGATCAGATTCGTCCACAAAGAGATGGGCATAATACCAAGCTGG
CCTTCAAACCTTTCAAAGGAAGAGTTAATAGAGTGTATGGATCGTGTAGATCGAGAAATT
AGGTCTTAGTCAATAGTTTTAACTATGCCATTTGTTTAAATGAGTGCATTTGCTTCGAGG
TGTGCAATCACCACCAGCTGAGCTTTCTATTCTCCACAAAGTGGTGATGGTGTTAACT
ACATCTTTAAGAACGCTGACTCAATCAGGAGGAGCACCATTTTGTTCCTGCCCTCTGC
TATCATTGGAGATGGCTCACACTGCTCACCCTGCCCTTGTCTTGTATCCAATAAATAA
AGATGGAGGAAGCATCTGAGTTTGAGACCATGGCTGTTACAGGGATCATGTAACTTGCT
AAACAAGATGGAATAAAAGAAATTGGGATCTTGGGTTGGAGGGACAGTGAAGCTTAGAGC
ACTAGGACTGTTAAACATAGTGTGGACTGGACGATGCCTTCGACAAACCAGAGAAACCAA
GAAGCTTAACAAGGTTTCAATTAACATGCTGGGGATTGTAGAACCATATATTGCAGGGTA
GTGTTTGTGGAAAAAGTGGAAAGTCATCACCGGGGAGGAGGCGGAGAGCAATGTGTTACA
CTTATTGTATCGGTTTTATATTACCTGTTCTGCTTACCAGGAGATCATGCTGCTGTGAT
GGACCCCTTCCCCCTCACCTCCAGGCAGGGACAGAATAAATGTTTGTATGGATTTTAGA
AACCCATCAGAGAACGTTATAGCTCCAGCGCTGAATGAGACATCTTTGATTCTGTGGTGA
ACTCAAAGTGAAGATCAAAGAACCAAATGACAGCAATAGCCAAGTGTAAATCATCAGTAA
GTGGGTGCTACTGGAAAATTTATTTAATTCTAACTGAATGTAGAAACAGCAACAGACATG
AGCACAAAGAGCTTGCTCCCTACGATGAGAACTGGTTCTACACGCGAGCTGCTTCCACAG
ACCAACCATCTGTGGAGAGTGGAGTGCACCAGGGACCTTTCCTGGCTTCTTAGAGTGAG
TCTAGACAAGAAAGACTGGACCGGAAATGAGCTTCATGAATGTAACGAACTTGAAAAAA
TTTCTAGGGATGTAATACATATATTTACAAATAAAATGCCTCATGGACTCTGGTGCTTCC
CATGCCTCTGGCTGCATTGGTGAGGATCCCAGGGCATACCCAACAACCTCATGCCTTAT
TAAATGAATGTGTTGGCCTCTTAATACCTGTTACTAGTGGACTTCTGTGAGGAAGTTAG
GATGTCCGCAAGGAGGAAGTCTCATCTTAAGGTCTCAACTGGTGAGCCAGAAAGAGGCC
GCACTCTGTGTCTGTAGCTTCTGTGAGTATGCAATCATTTCAAAATTAAGTTTGTTA
TGGCCCTAGTAACTCTATATCAGAGAATTTGGGGAAATAAATCCCATTGTTTATATTGAA
AGGATATAGTTATCAATCTCTAGTTGTCACCTTCTTCCACTTTGATACCATTGGGTC
TCAGAAAGAGGTGAATGAAAACCTTGGCATTGATTTGATAGCAGAGCAGCCCGTGAGCGA
TCAGGAATCAGCCAGGGAAGTATGATACTTACGGAAGCACAAAGGAAGAACTTGAGAATG
TCACCACCCTGATTTGTCCTGATAAAGAGAAGGCATATGTTTCGACTTGCTCCTGATTATG
AACAACGTGACTCGGGAATCCCGGGCCAGTTCGGTATCTTCTGTGCCAGTCAGTATCTGA
GCCTCCAGCCCCAGGCGTCGGAAGCCCAGAGAAGCGGCTGGGCTCACCCCGACGGCTGA
CATCTGAGCCTTCCCAGCGTTCCAAAAGAAATACTGATTTGAATTCAGCTGCTTAAAAAA
CGCCCCGCCACCCGACCCGCGGCTGAACCGCAGACCGGGACCCTCAGCCCAGCGCTCCG
CAGAAGAAGGACTTCGGAATGCACTACAACAGGAAAATCATATTATAGATGGAGTAAAGG
AGAGTTCTGCTGTGTCCTCTGCCCTAGCCCTGGGACCCAGATACCCTAACTCTAGATGCA
TTTATGTTCACTTGATGGGGAATGACTAGAATGGGGCAATAACAAATCATTCTAAACAG

GTGACATTCAGTCAGATAATGGCCAGAAGTTTTTGTTAAGAGCCAGTTCTTAGAAGAACC
AATTTGGGTCAATACATCCTTTTGTCTCCCAAGGGAAGAGAATGGGCAGCAGGTATGTGT
GCCCAGAGAGCAGCCTCACCAGAACCCCTACCCTAAGAGAGATTAAAATTTATTCTTTAC
ATCTTGCTAGTAAGGGCACGTAGAGCATTAGAGTTGTCTTTCAGCATTCAATCAGGCTG
GGACATAGTGGTTTCTCATTATGGTTTTAATTTGCATTCTTCTGATGATGATGAAGCTGA
TGAAGATATCGTCTTCTTGATTTCGAAAGGACCCAAGGAAGTTTGCCAGGGTTAAAGACTT
TTTATTTTCGCTGGTTCTTTGTAGTCACATATTTTATAGTCTTAATATCTTGTTTTTGCAT
GAGCAAGTGAATATGCGGATAGAAGGCTGTATCATTGGTTTTGATGAGTATATGAACCTT
AAGCTTCTGATGAAAAGCAATGTATGTTTATAAGCTTGCAAGTAACAGACAAGATGTTCC
GAAGAAGCCACAGTAGGACTTTACTAGAAGTGAGGATTGGAGAACAGAATCTTTCAAAA
CCTGTGAAAGGAATGTTTGTGGCTCATGTCAGTGTGTGAATGCATAGACAATTTGAAGTT
TCAAGCAATTGTTGATTTTTCATGACTGACCTTAACTGTACTTTTTCTAGCAAGAGATGC
TCTGACCCACGAAGCCAGTGGCTTGATGAACAGGGAGAAGCAAGAGAAGCCTTCTCAA
GCTCCCTGAGGACAGATTAAGAGGAGATGAGTTAAAGCTGCAATACCAAGATTTAAGAT
ACACTGTGGAGCAACATCTGCAGGTCTAAGATGTGAATGGCAGAACAATTACACACAGTG
GAGGGGCTTATTCTGCCTGAGACACTTCTCTACTAAGACAGAGGAACAAATTCTGAAA
TTCAGCCTGTTTCGATGTATGTGTGAAACAATGTTGTCCAACAATAAACGGGAATCTTATT
GTTTTATTTAATTGTGTAACCTTTGTTTTTCCGTTGACTGTGAAACCAAGTTGTCGTGC
AGGACTCTTCTCACGACCTCCTCGCAAGACCGCTCTGGGAGAGAAAATAAGCACTGGGAGA
TCGCTGGTCTACCTGCTCTTCTGCTGCTGCTGCCCTGGTTCCCCGGCCCCACCCGATGC
CAATATCTGTGTTTGACTAGGAATAATAGTATTTTTATGGAACATTTACAAAATTATATT
GCCAAGTACATGGCAGAAGTGAAAAAGTACAAAGCTCACCAGTGCGGTGACGATGATAAA
ACACCGTCCACTGTGCGTTTGTATGTGTCTGGGATCCAGGGCAATGTGAATTTTCTTTTT
AGTCAGTTGAATAATTGCTTTTGTATAATGCTTTACTATTAAGTTATGCTTACGTTCA
GCCGCTTCTGGGGCCTGGACCACCATGGGGAGGAAGAGTCCCACTCATTACAAATAAAGA
CATATATAAAGGGCATTCTCTACAAATGTGCCGTTTTAAGAATAAAACCCCTCAAATCT
AATCAAGTTTGAAGCAGCTAGCTTTTGGGAGAAATAATATATTTAGGATCTTGGATATG
GGATTATGCCACTGCACTCTAGCCTGGGCAACAGAGAGAGACCCCATCTCTAAAAAGAGG
CAGATCAAACAGGCTGTGAAGAAGTTTGTGACATTGATGTGGCCAAAGTCAACTCTGA
CATTCAAGTGTCTGCTACCTCCTGTCTGTTATGCTTGTGTCTGGTTTTTTCAAGTTTTAAT
AATGAACAAAGCCTCCAACACTACGAGAAGGAACTGAAGTTTCTTCGGCAAGAGAACCGGAA
TATGAATGCTTCTGCTCAAGGTGCTTCTGCCACAGTTTTGGAAGCAACAAGGAAGGAAAC
AATCAAGCTGGCTGTTGACTGGTTCAGGGACAGAGGACACACCTACATCAAAGTTTTTGT
TGTTACGATGGGATTCTGCTGCATTTTATTAAGAGCTGCTGACTTGACTGTCATCCTGT
TACAGGCACAGAGTCTCCTGGAAAAGGGAGAGGGGACCCTGCCAAAGATGAGGCTCCAGC
GCTCTATTCAAAAAGGTTGCTGTTTACAATACCTCATGCTTCACTTAGCCATGGTGGAA
TTAGTGGGGTGACCTCAGCCAAGTCACTTAACACTTCTGAACTTTGTTTTCTTTTTGTG
TGAGATTCCTAGGAAGACCCCTCCCCAACTCTCAGAGGTCCCTGAGGATGGAGAGTCCAT
ACAGAGAAGAAGAAGCCGCAGCAGCCCCAGTGCCGACCAGCAGGGGGGCACGGGACAGAG
AAGGAATCCGAGATCATTGACTTTCTCCTGGGGCCTCTCTCAAGGAGGAGGTTTTGAAG
GGCACAACTTCTTTGGCATCTTTAAGGCGTTTACAAGCATGTGAATTTGATCCTCTGC
TTTTAAACTCCAACACAGTTTTTGGCATCTTTTGTGCTGTATCTTTAAGTGCATGTGA
AGATGGCCTATGTTTCTGGTCTCTCCTTCGGTATCATCAGTGGTGTCTTCTCTGTTATCA
AACAAGACAACATCTTCACTTCTGCTGCTGATGGCAGAAGTGAGACATCAGCGAAGAA

TGTCTAACTTATGTCCCTCCCGCAGTTCACAGAAGGCCCTGACACTGGGACTACACGGA
GTTTGGAACTCAATGTTATTATTATGCTGCTTCTTTGGTAATTATTTGGGGTATTCTGG
TGTCTGTCTGCTGGAGGTACCATATGGTAATGCTGCCTGTCTTTCTGAGGTTGACTTTTA
TCCCTACAATTTTCATCGCCAAAAAGAGAGGACTGTGCACTAGAGAGTTACAGCCCACA
TATGTTGCAGATACATAGTTGCTCTAGAGATCACCTTTTTCTTTATGCATTGTGAATAGC
CAGGTTCAAGGCGTTTGTGCTATCGGGGACTACAGTGGCCACGTCGGTCTGGGTGTTAA
TGGGGCAAAGTAAAGTAAAATGTTGAGCTTCTATATTTCTGGGAACTGTACTCATATAAG
ATATACTTCAATCATCACTGATGATTTTGCAGCCTTTGTTGGACTTCCTATAGAAGAGGC
AGATGGCTGGGGGACAGTTTGTAGACTTATTGTCAGTCCAGTGTAGAATTTGAGAATATAG
AAATGTTAGTGTGAGACAAGAAACGTAACCCAGGGACAGCAAGGCTGAGGAGAATG
AACAGAAGCAAAAACAGGAACAGGTACAAGATGTGATGCTTGGGAGACAAGGAGAAAGAA
GTTTCACTGGCTCCTGATTACGATGCTCTGGATGTTGCCAACAAAATTGGAATAATCTAA
TGCTGCATTTCTTAACGTTTGGTCTCTATACATTATAACCATCTGCTGAAGTTTAGCTTTG
ATGCGGAAGATATAACCTTATATTTGGTAAGTGTCTTGTGCTATTTTATCACGTGACC
GTGCAGCGTCCCTCGCTGTCTCATGTATGAGATTTACGTGGAGACCTGTGGGCAAAACAC
TTTTAATGAAGGGCATTTCAACTTGTCAACTTCTTTTTCAGCACTTCAAATGAAGGC
AGGGCAGTCTGTTTCTGCTTCTGCTCTGACTTTTAAAGGTGGGTAGCCCTGGGCTC
TAACCTTTTTGCTAAAGTAATTTACAAGTCAAAGACAGGAAGAGATCAGAGTGAATGTGC
GCCAGACTTGTTAACACACCCAGTCTGCTTGTGCTTCTTTCTTATTACTTTTTCTTA
AGAGAAAATCCAGGATTAGGTTATGAGCAGTGTGTCAGTTCATGTGAGTGCAGTGATG
AGATGTGATCCTGGTATATGGATGCTCATCTCTGGTATCACGAATTCTTCAGGAGGCTTG
AAGTCGTCTTCGCCTCCCTTGCTGTCCTGCCCTGCTGTGTGTCCTGCTGCTGCCTGAGA
ACCTGTGGCTGTTCCACATCCCCTTGAATATCCCAGGAAAAATAAAACGGCAGAAGTGC
CGCCCCCTCGCCCTTCGCAGAGCTCGTTCTGCCGCCGAGCAATAAAGCTCCTTTGCCGC
CATCCAGATGCTCCTGCGTTCTGATGTCGTGCCATGACAGCAGAGAATTTCCGCTGCCT
GGATCCAGAGAGTCTGAAGACATTTCTTATGCCTTATATATTGGAGAACCCTCCCCAT
AGGTTATGAAATCCAGCAGGTCATGGAAGGAGAAACGATTGACAATCCAGACGGGATGGA
CTTCCAAGTGAAGATCCATTTAAGAACACATGTATTTACATGCCTATAATATGCTGGTTG
ACAGCGTAGGCCTTTTCTGTCTGCCTTTCTTCTGCTTGGGCTCTTCAAGGCACTGGGCT
TCATTAGTAGACATGTTTCCCTATTGCTTTTATAGGCACCAAGTCAGAATAAAGAATCATA
ATGCACACATTACAAATAATATAAGGGGAAGTTTTATTAGCTTAGTAGGAAATTGTTATT
CCAAAGCATAGGAAACATTGACCCAGAACCTGACTTAATGGTTTTGAAGATTTACTATGC
TGGGATTTGTTGAAAGCATTGTGTAACCTTCTATAAACGGCTATTTTCTTGTAACTGTCAG
AGGGCGACCAATGCTTGTCTCCTTTCCATTACAGCAACTCTTTTGGAGCAAGGGTAATAA
ACCACCACAAGCGTTCTCCAAGCCCATGTGCCCGCTTGAAAACCTGGTCCGCTTTGTGA
ACCCTGATGCGGAGAGGTGACAACCTGGATGCTGATGCTTCGGGACACCATTGAGGACCTT
AAACCCAGCAGAAGAGAAAGTTTAAAGAAAGCGGTCGTCGCCAATACCAAATAGCTATG
TCAGGCTAAAAGGTAAATGCGTTTGCTTACAGAACTTGTTAACTTCAGTTTTTTGAATGC
GACAACCTCCCGTCTGTTTACAGCAGCGACTTCCGCATCTCTGGGGCACCAGAGAAGTAC
AGTGGATCTTAGCAACATAAGAATCAACTATGGTAGTACCTGTGATGCCCCCTCCTGAAA
GTGAAGAGGAAGAGGTGATGAAACAGGTGTAGAAGTTAAAGACGTGAAATTGGTCATGT
GGGGCACCATTGAAATCCTGAGTGTGTCAGCTGATCAAGACTGGAGACAAAGTGGGAG
TTTTAAAAGCAGAATTTAATTTGATTTAAATTTTCCAGATTTTATAGCTTGCCTGTATGG
AAGCGCCAGGGCCGCACCCTCTACGTTTTCGGTGGTTGAGCGTCCCTTTCTATCAATAAA

GTTGGTGTCTGTCCCTACTTTAAGAATTTAATTGCTCACTTATTCTGAAAGCTTTGTTCT
TACCATGTTGCGTGCTGGGTGTTTTAGCATTTTTATAAATCATCTTAATCTTTGTTCTGG
TTTGTGGTACTTCCTTCATTTTCCCTAGAAATGTTACTTGTAAATGTGTCCTCAGGCGG
AGCCTTTACCACAGGAATATCAGTACTTTGATGAACTCAGTGGAATACCTGCAGAAGATT
CTTCCTCTTCCTTCTGCTTCTGTGATGGTTTAGAGTCAAGGGGACTGAAACACACTGTGA
TATGGGGGTAGATAGAAAAGGAGTTGAATCATCAGAGTAACTGCCAGTTGCAAATTTGA
CCTTGTGATTTGAGATGGTACCTTAGAAAAAGTTACACGCAGTTCCGTGGTTGAATATAT
AAGGTTCTCACGGGGTCAATCTTTTGTGTTTAGAGAGGCCACGGTTCAGACAATGGTATA
CCTCAGTCTCCCAATTAGTTGAGACTACAGGTGCCACCACCACGCCCCGGCTAATTTTTT
GTGATTCTGCAGAACTTGTGCACTGGATATCTTGACAATATGAATATAAACTCCCTAA
GGCTATTGGAAGGAGGAGATTCTGAAGATAAGGAGGATGCCACTGGAAATGTTGAAATGA
TGTGTGAAGCTCTTGCTGTCCTACGGGGCCAAGGTCAACCCTCCCCTGTACACAGCGTCC
ACCAGCCTTTGTGCATTTATCCTAATCATGCATGACCGTTAACCTTTTGCTTAGTCCTTA
ACGCGCCACCATGCCTGGCTAATTTATTTTTGTATTTTTAGTACAGACAGGGTTTACCA
CCTTTTCTGAGTCTCACCAGGAATGGAGATGCTGATGTTGACTTAAAGCTGGCAGTTTAA
GAGAGTTTTGAGATTTGTTGGTGGCATTGGCCTGTTCTTCAGTTTTACAGAGATCCTGG
AGATGAGCATAGACTCCAACATCAGTCTGGTCCATTACATCGTCGCGTCTGCTCAGGTCT
TTCCATTGGCTGTGAGGGCCGTTGTCAAAAGCCGCCGCTGCTCGACCTCACTTCTCT
CTGAAACCGGATGCTGAGTACCCTGAATGGCTGTTTCGAGATGAACTTGGGTCCCCAAAG
CGAACCCCTACAGCTTCCAGTCAGACGTCTATGCCTACGGGGTTGTGCTCTACGAGCTTA
AGAAGAAGGCATACGTTCAACTGCCTCCTGATTACAATGCTTTGGATGTTGCCAACAAAA
ACCACTATTTTTAAGATTCACAGATGTTCCGGTCCAATTCACCAGAATGCCAAGTTATAC
ATGTCACCTTCTTCGGCATTATGGTTTGCATCTGAAAGCAGTTAAATCTTGTTTACTGATG
AACAAAAGGCTACATTTCCATGGGGCCAGCACTGTCATGAGCCTCACTAAGCTATTTTGA
TTTTACATCGGGTTTGTCTCCTTCCATGGTGTGTTGCTGACATTGTCACTGAGTCCCAT
ATCTTGTGTGTTGGTGGTCTTCTCAGAGTAGCAGCTGATTCAGAGGGATTCCATAGA
GGACAGGTTACCTTCCCACAGAGTAAGGGGTGAGTGACCCAAGGCTCAATGGATGAGCA
GACTGCAGAATGGCTCAGACTTGCAGTTCATCGAAATGCAGAGAGATGCCAATAGACAAA
AGGAAAAGCCCCTATGGTCCCCTCCCCTGGCCTCTTTGATGATGATGATGGTGGTGGT
AAGCGATCTCAAATTAAGAAAAGGACATTGAGAAGATGGAAAAGAAAAACCTTTGAAAAA
ATCAGTGTGAACCCCGTACCAAGTTGATGGTCCCTGGCCCCAACTCCTTGATGCTTCCA
TTTGAAGTCAGCGAGACCACGAACCCACCGGCAGGAACCAACTCCAGACACACTTTGACC
CTCAGCAGGAGCCTGTTCTCATCCCATGGCAACAGTGGTACTGACTGTCCTCACCCACA
TGTCCAGAGCGGTCGCCTCCATGGTTTGAAGGAGTGTCTTCTACAGGATCCTTTCAACA
AAACCAGGAACCAGCCTCTTCTTGACAGCATCCAGGATGTGGAAAATGAGGGAGTAAATA
GCAAGAGAAAAGACTCTTACAGAAAACGATCTACAAGAACTACTACCGAATCCAATTGAAGC
ACCTGTATTTCTAGTGACCCTTAGCGGCAGGTATTTATACCTGGTATTTATGATGCAGT
ATGTCGTGGACCCCAAACAGCTGGTCAACACGCCTGCCTCATAAAGGAGGTGGACATCT
GGGCCTTTGGTCAAATATTCTTCTGATTACTTCAAAGCCCCCTCTGACTACAGATACTAC
ATCCGTGCTGCTGCTTCTGAAAATCAGAAGAGTGAGGATGAAATAAAGTCTTCATAAAGG
GGAACCTGTGTGAAGATCAACAAGGCTTCAATTTACATGCTGAGGATTGTAGAGCCATAG
TGCCTAGTTCCCTTGACGAGAAATGAACAGTTCTGACTTATAGTGAGCACGGCCCTGTG
TTTCAAGACCAGCCTGCTTTCAAGGTGTCAACTGATCGTGTAGACAATGTCTCAAAAAAC
TCTGTGGCAGGCAGAGGTGGGTTATCCAGGAGAAAGGAAGGAAGCAAGGCTTTTGGGACT

TAAAAAATGCAGGTTGTAGCTTTTTGATGGGCTACTCATACAGTTAGATTTTACAGCTTC
TGTCTTGCCTATTAAAGATATTATCCCTCTGTTTTATATTTTCTCTCATTCTTGTATTG
GAATCCCTAGTCCCCCTGTTTTCTGTTTCTTGTGATTGCTGCCATAATTCTAAGTTA
TGGGCCAGACGCTGGTGTGGTGTCTGCACAAGGAGTGACCTTCTCATGCTGATTGTCAGA
ACTTCTCAGATCAATCGTGCATCCTTAGTGAACCTTCTGTTGCCTCAAGCATGGTCTTTC
AGTCTCCCTTTTCCGGTGTGTGAGTCCTGTCCCCTTACAAGAAGCTCCGCCTGTGACG
GACTTGCTTTGGAATTTTCAAGTCAAAGTCCAACCTTTGCCTCTCCCCCTTTAATTTG
TCAGGTGACCTGCCACCTTGGCCTTCCAAAGTGCTGTGATTACAGGTGTGGGCCACCGC
TGTGCTTGCAGATGACTGGATTAACCTGCAAATATCTCATGAAGCTGCTGCCTGCATCAC
ACAGCAACAATGACTTAACCATATAAATGTGGAGGCTATCAACAAAGAATGGGCTTGAAA
TATTTGACTATCGGCCCTGAGTAGGAGGAATGACACAGAGAGGAGATAGAGTTGTGAGT
GTCAATTTTTGTCTCCTAAACATCTTCTAGTTATATTCTCATTCTCTGTTACATTGCA
TTTAAAAGAAATTTGGGGAATCCACTGAAGACCTACATTTCCCGGAAGTTAACAGCCCC
CACTTTTCCCCCTGGAGCCCTGGCAGACTGGCAAGAAGGGGATGGTCATAACTTTTTAG
ATTAACCTCTAGGGGGACTTTCTTAAAAATAACTAGAGGGACCTATTTTCTCTTTTTTA
AAGGGGAGCCCAATTAACCTGGGTTTCAAGTATCCTAACCTGTTATGTCCTGACAGCAA
CTTGAAACTGCGTAACAAATCTACTTTGTGTATGTGTCTGTTTATGGGGGTGGTTTATT
TGTGGTAGTGAGCTGATCATCCACTTTCTTCTAAAATAAAGAGAAGAAAATGGCCAGTAA
TGATTTATTTATTCTCTGCTTGTATTTCTTGTGGAGAGAGTAAGGATAGAACCAACAAGG
CCAATTTCCGGGGCAACCATGTGGAGATGATCAAATGCTTACCTTCAAACCTCTCAAAG
CTGGATGAAGGGCTCTGTGGCATTGATTTTATTGTGTGTGTGTTAATATTTACATTTAT
TGAGTATTCTGGGGTGTCTGAATCAATGATTTTGATTAAACCCTGTAACCTCTGAGGTCCA
GTGTGTGCGTACATAAAATCGTCGAAACTTCTCAATAAATGAAGAGATGTCCTTTTTGT
TGGCAAAGCCTCACAAAGCCCCCTCTCCTAGTTCATTACAAGCATATGCTGAGAATAAA
TGTGTGTCCCCTCCTTGTAAAGACTCCAGTCACTGGGTTTAGGGCCACACAAATCTAG
CAGCAGCTTTTGCATAATCCAGGAGAATTGAATAATAGTTGAAGTTAATTTTGCCAGTGA
AAGAGCCAGGATATCTAACTGAGGCTGTTTGTGGTCAAGCTGTACAGGTTACCGTCCAG
ATTTTGGCTTAAAAGCCACTTGCTCAGCCCACGGGCACAAGCTTCTAAATCTAAGACTT
TTAGAACGTGGTGAAGCTGAATGGCATAAACTGTTGATTGAAGAAAGAGCAAGGAAGGAG
AGTCTTATGATGTAATCAGCGCGATTTCACTTCTGAATTTGATGAATTCTAAGACATG
CCCTGTTTTTAGCCGAAAGGATTCAGGATAAACATTATTATGCATTCTGAATTGGATGC
TCCATCCATCCATCCATCCATACATACATACATGCATACATCCACCTATCTCTTCATCCA
ACAATTATTTTTAGACTGAATTTGAAGATGATGGAAAGGGTTTTTACAAGGCACTGTTT
GTTTTGCACAGTGGCAATTTTGGGACTGATTTAGAACAGAACTCCATTGGAACCCCGAG
GGGGTCGTAATATATGTAAACTCGCGTCCGTGCTGCGTGCCAGAGTAGTGGCCGAATAC
CAGACTAGAACTTAACGGAACAAGTCTAGGACAGAAGTTAAGATCTGATTATTTACTTTG
GTACCTACCCCTCCCCGGATTCAGAAAGAAACCAACAAGGAGCTTTGTGCGGAATGAAA
GCCAAGGTAGTTTCAAGTTTAGGAATATGTTGTTCTAAAATATGTCTTAGAATCCTGAAAGC
ACATGCACTACTTAACAGAAGAAGATGAAGATGCTTACAAGAACCAGTTCTCTCAATGCA
TGGAGTGCAGTGGCATGATCATAGCTCACTGCAGCCCCAACTTCTGGGCTCAAGCAATC
CCAGCCATATCCTGCATCCTGGGTAACCACGCCAGGACACCTCAGCCTTTCCAGCATAG
ACCCAGGGAGTAGCTGGTGTGCTGTTCTAGTTTGAAGGTTGTGGAGCTGGAGGCTTGGT
TTTGTGATTTTTATGTCACCTAGATCTAATTCTGAAAACATTGTAATAAATAAATTAGCT
GAGCACCGTGAAAACCTGAAGGGGAGAGGGATCTGACACAATGACACATTGAAAGCCCCA

GCATGGTCTTCAGTAAATCTTTAGCCTCTCTGAATATAACGTTAAACTAATTGAATGGCT
GGAAATGGATGAATCTGGCTCGTTTTAAAATCACGTTTTCTGACGAATCCTTTGCCCTT
CACAGCAAATTGGTCATCCTTGCTTACAACCTGCCAGCTTTGCGGAAATCAGAAGTAGA
GCCCTCCACAGAGAGGAAAGACGGCAAGGAGCTTGAAAGAAAAAGAATCCTTGAAAGCA
GGGCAGGAAGCGGCCCTCAGCCCCATCCCCAGTGGCTCTAGAGGCCCCCTGGCTAGAGGT
CCCCAAGAAGTTGTCTGTTGAAGAATTTTTATGGATCTTCACAATTTTCGGAATATGTT
CAAAGTCAAAAAACAAACAAACGAACCAACCCACACACTCTCACTTTTATCTTGTTTCTA
GTTCCAGATGCTTTTGACTAAGCTCCCAACAATTAGAGAATTCTAAGTGCTCAGAGCTTG
GGACACACACTACGAAAAGGATGCCTTTAGGGTTTGGGGGAGATTTTACTCCTTTCTTCA
AAGCTTATGGACATGCGCAATAGTTGATTGAGCTTCAATCAATAAGAACATAAATATGGC
GACCCAGTCATCAGTAAATTCACCAACATGATGATGATAGGAGGAAACAAAGTACTGGCC
CCAGATTCTACTTAATGGGGTTTATATGGACTTTCTTCTCATAAATGGCCTGCCGTCTCC
AGGGGCTGTAGCTTTTTTACGTCAACGAAATGCCCTCCTGTACTCTGTCTTCAGCAGCC
GCTGCAAGGATATATAAGACCACTGCTTATCTGTATCTTCCCATTTTCTATATTGAA
GGAAGGTAAGAACTTGCTGGACAAGTCATTAACACACTTTAAGCGAATGGTGCCCTGG
ATCCTTTCCGGGTTTGCATTATATCTGACTGAAGGAATGAACTGGGAGAGAACAGCAGAG
GCTGCCCGCCCCGCTTGTGTCTGAGGTCGTGTATGTCAAAAATAAAGCCGCTAGAAACGG
TGTGGGATGTGTTCTTCTTCTGTATTCCGATACAAAGTGTTGTATCAAAGTGTGATA
GGACTCATACCATTGGCACATTAGGCTAATCCTGGTTTTATGTGAAGTCAGCAATTAAGT
GGCCTCCGCCGCCCGGAAGCCCTCGCCGAGCAATTCTGTATGGCTTCTATATAAATATT
TCCCTAGAGACTACCTAGTTGTAGTGTGACCTACATTTATAATTATTGTCATGTCCGAAT
TGCTGTCATCATTAGAGACTCCAAAAAACTGCATCTTTTAGAGAACTTTCAGAGCACTG
TGCTTCAAGAGCATCTTCCGCATTACATACAGAACTGGCAACATCTGGACCCATCTGCTT
CTTTAAATATTTAATCCTGAACATCCCTACGAAACAATAATAAAACAGCCCTAGGCTCC
GCAGGCTGCCGCTGGCCGACCGCTACGCGCTGCTGCACTGGCACAATCAGGTCTACCCCA
AAAGGCTCCGTATTCTTTGTTGGTATTGTGCCACTGCAGAACTTTAGTGCAGAGTTTAT
TCCATTTATAAAGTACTGAGAGAATGATATTGGATTTTGTGAACAGGCCTATCTTGAAC
ATATACGTTTTTTCTTTTTGATACCGGGTCTCACACTGTCACCCAGGCTGGAGTACAGTG
ACTTCCAACCAAATCAAAAATAGCAAAAAGGCATTTCAATGCACCTTCCCACATTACAGG
TGGAGAGGAGGCTAGTGACCTCTCACCTGAAGAACGAGAAAAAAGGCGACAATTTCAAAT
CCAAAAGAGGTGACTGTCAGTGGAGGGGTCTCTGCAGCCAACTGAGACTATCTTGCTGTG
ACGGGCTGTGGACTGGATCTTCAGTCACATTGACGACCTGGATGCTGAAGCTGCCATGGA
CACCTCACTCGGCTCATTAGAACAGCAAGGTCCTGGACCAAGACACAGACGCCATTGCA
ATACGAAGACAGCGTTCCTCAGAGTAATGGAGAGCTCACAGTCCGGGCTAAGCTGGTTCT
TTTTCATGTGAATATTTATGTAGATAAAATTTGCCTCCTGGTAACCCTGTAATGGATGGG
AGAACCATCTTTCAATGCACTGAAAAGTCATCTGAAAAAATAGCTTCTTCATATCAGCT
AAAGACTGTTTCTCGGTGTGAATCAAGTGTGAAAAATGGTTGGTGTATTTTGTGAGTAA
GTTAAGCTATTTGGCTTTATTTTACACTGACAGCTGGTTTTGTGGTGGGTGTGTTATGGT
CAGCGCCCCCAGAACATACACTGTGAACTCAATCTCCAGGGCTCCAAATCTGCCTAGAAA
TCAGTGATGGAAGAACAGTCTCAGAACTCTGTTTCAATTGGCCATTTAAGTTTAGTAGTA
TCCTGAGTCTCAAGTTCGTCTTCGAGATGCTGTTGTGCCAGAAGCTGGCGGAGCAGACTC
CCTTTTGCTACCCATCTGGTTTTATAAACTGAGTTTCTTAGCATTGTTAAAATTAAG
GTTTTTAGAACAGCAGGTTTGTACTTTGAACTGGGATGTGGGCTTCGTAATACAGACAAT
ATCCTTTCAAACCCTCATGACTGACAAAACTCCATGGGGCCAAATCTGCCTGAAGATCA

TATGCATCTGAGTTGGTGTGCACCTGAGCTGGCATGCACCTCAGCCTGTATGCACCTGAG
TATTAATGCCTATACAGAAGTGGGGAGAAGGTTTCAGGGTTGGAGGAAGAGTAGGACAAAC
TTAGGGCTCGGTATCTCAGGGCTCGGGTCCAGTCCCCGCGCCGCCGCCCCACGGGCT
GAAATGGAGTTCCTCAGATTATGAAGTGGCTTTTGGAGCTTCATCAATAATGTTGGACTTT
ATGAATGCTAATTTTCTTAATCGGCCTCCGTCTCTCCTCCTCCGCGAGTCGTCGGCCTG
TAGAGTGTCTCTCCTCAACAGGGAACAACACTACAGTCGCCCGTAGTTTTGTTTCTGTT
ACCTCGGCCTCCCAAGTAGTTGAGATTACAGGCACCTACCACCATGTTAGCCTAAATTTT
AGGTCTCTGAACCCCAGAGTGTGTCATTGGAGAGAGCAGTGAAGTGCAGAGAGATGGTGGAA
CCTCCCAGCTGCCCCAGCAAGCTCTGCCCTCTCTGGCTTTGACACCCTCAGAAGGTGGGG
GGACCGATTTGGCCGCCGGGGCATCCTTCTTCTCCTCATGACCCTTACCGGCATTGCTTC
TTGAGATGAAGGTCAAAGAAAATCAAACACTGAAGAACTCTGAAGCTGAGCTCCAGCGGC
TAACAGATGACGTGTGGGTTTCAGGAGGTGCCAAACTGAAGGTGTGTGCACTGGGCGTGA
TTGAGGTGGAGCATGAGCTGCCCTGAGCAGACAGAACAACACAAGGGGGCTGGGAATTG
AAAGATACGGCCTTATTTGTTATTTGTCTGACAACCATCCTTACGATGGTAATCCTGTGA
ATATACCCTCCTGTGTGTGTGTTACACTCATCAAATTGTCTCTGAATTTGCTTGGCTTCA
AGAGGTGGATATGGTCGACATAACGGAGGACTTCTGGTTCAAGCCAAGACCTACCTGGG
ATGGTTCACCTGCTGAGTCGAGGTTATGTACTTCTGTTGTCAGTTACATCCGAAAGTGT
GGACTCCACGACAGACGAGCAGCTATTCAGGTGTGAGCTGTCAGTGGAGAAGTCCACAGT
TTTAGCCCTCCTGGGTTAAGAGCCAGATAAGGAGAAATCCCTTTCCTAGGTTTGGAAATGT
GTTTGATAAGCAAAGAGAGTTTGGTGGAGCAAGATCCTTGAGGTAAGAGCTGATCTCTGAC
CAGGGAGAGAGCCACTAATGGGGAGATCTTATTCTAGAATTTTGTGGTTATATTATTAT
ATCTGCAAATCGTACTAAGTACATCCTGATTCTGCAAGCCAGCAGCCAAAGGAGAATA
AACTCCAGGCTCCAGCCAGAGAAGCAAGAAAAGAGCAAACAGAAGTTATTCACATGTGC
AAGTGGCCATGTCCCAGCCTCTCTCAATCAACTGAGGCATCCGTCTGTGATCACTGGCC
GGGAGAAAGGAACTTTTAAACTGCAGTTTAACTTTTTCTAAGCTGTTTCTTGATGGGAG
AAGGAAGGACGTCTCCAGGATTGAGCTGGCCAGCGAGGACGGGGTGTCTGTCTCCTGTGA
GAACCCCTCAAAGGCATTTTAAATGAAGCGTGGAAGGCATCAAAGATGTGCTCTTCTT
GTAACCAAAGTAATTGAAAGTATTTTGTGCAAGTCATACCTCCCCATTTATGTCTGGTGT
CAAAAATACATCGGATGTCATCAGTGCTGCCAAGAAAATTGCTGAGGCAGGATCCAGGAT
TCCAGACCCCTGCACCTGCTGCCAGTTCTGTGCCAGTCCCTGTGATGAAGCTTCCCCAA
TGACCATATTTACTCTTTCTAACTTTCTTTACTCCATCATGGCTGGTTGATTTTGTAGAG
GGCGGCCCCATCCCATCTCAGGGCTAACCTTCTCAGCTCCAGCAGAAAGCACCACTC
GAACTAACACGCGCCTCGTAAAGGTCCCCAATGTAATGACTGAGCAGAAAATCAATCACT
TAAGTACCTCTGGACACAATGGAAGTAGTAGTTGTTGAGCAGAGGGAAAGGGATAGGAGA
CGCTCGACCCGCAGGACCCAGCCCCGACGCCTACTGCAACCTGGTCATCCTGGCTGTAG
AGACGTGAACCAGCAGGAGTTCGTGAGAGCTCTGGCAGCCTTCCCTCAAAAAGTCCGGGAA
CCAAAACAACCTCCAGTATATACCAAAGCTTTGACTTGTGTTGAGCTCTTGGCTTAGAAG
AAGAAAAATTGAGCTTAAAGAGAGAGTGTGATCAGTTTCAGAAAGAACAATCTCCTGCTA
AGGAATCAATATTTCAATATGTTGAGTGTGTGTCCAATGCTATGAAATTAATAATAAA
GAAGAGCAGAGGTTAGAAGTCAAAGAACATATTCTTGAAGTTATGATGCATTCTTTTGG
TCAAGTTCGGGTTAACAGCTGCCGCCTGTGTCTGCCCTCTGCAGTCCAGGGAAATAGTAC
AGCCACCTCAGTAAAATTGGAGAGGATTCTTTTGCATTGAATAAACTTACAGCCAAAAAA
GGCGCCTCCCAGCCCGGGGACGGCCGTGCTCCGTCCCTCGCCAACGGCCGAGCTTGTGA
GAGACCAGCTTAGAGCAGCCCTCGGCCACCCACCGCCAGTTCCACGTCGCGGCGGGTGA

TCCTGCTGCCTTCCCACCCCGTTCTTGGGTATGTTCAATAAAAGGATTGTTTTCTAGA
ATGACTTTATTTTTCTAAGTGTAACCTCAGTATTTATGTAATTTGTACAGGGGCCATGCC
TCAGTAGGTATTCTTTTATGTGCTTTAGTAAGTCTTTATATTTTTAGCATAAAAGTGTAC
TGCTGTTTCACTATGCTGCAAATATCCAGCCTTTTCCCCTTGATGCCCAAATAAATT
TGCCCAGTGCACCTTGCTGGAAGACGCAAGGGCCTGATGGGGTGAAGGCATGGCGGCCCC
ACCCTCTCCACCATCACCACTTGGCTGAAGGTGGTCCAGACGTGAAGCCAAGGATTCCAA
CTCTCGCCGCCCTGTAGCCGTAGAACACATTTCTGGAAGATGAAGAAAAACCTGCTTCTC
AAGCAAACGTCTATGGTGTGGCTATATCAGGTTATGAAGGAAGAGCAGGAATGGCTTCTA
ATGCCTCCCGGCGGCCTTCCCGCCTCCTGCCTCCTGAAGGCCTGCACAGGCCAGCCTC
GCCCTTTCATATGTCTCTTGTCACTATTCTGTGTAAGATTATAATCCCAAATACCACTAT
TATAAGCGGGACCACCTGTCCTCAGGTTCTGCGAGACGCTGCACCTAGTGGGCTGCTGC
AAAGTGCTGGGATTACAGGAGTGAGCCACCGCGCCCAACCTGGCTTGCTTTTCTATTTAA
GATCTGTGCCATAAAATTTCAGTGTAATAAGACTTCTTCAATACATCTTCCAATAAGGGG
GTTTGCAGACTTCCCAGGGCTATACTCCTTATGTTTCTCATGTGGGATTGCAGCAACACA
TGCTCCGTGACAGGCACTATGGTAGGAGCTGAGGCTACAAAGATAGAACGGATGGGTTGC
AATGTTTGCTAGAGGAAGTGGTGCCAAGTAGATTTAGATAAAGAAGAAGGTGGTGATGAG
AACTTAGTCATTGACTGTGGTGGGGCTGCAGGACGATAAGAATTCGGAAGTAAAAGAACT
AAGAGCCAACAGACTTCTGAGCCGCCTTCGAAGATGTCTTCCCTGCTCCCTGGGGCGAG
AAGTTGGGGTGTCTGCTTTGGGACCAGAGGAAGATAGCTTGAGAGGCATTGGCGAGGTTT
CAAATTGAGATTTGCTGATGGAAGCATAAGAACATGAGAAGTGCAGACTCAGCATGCAGAA
TTCCTCCTCTCCACCCCTATTTGGAGGCCCTGACAGCTGAGCCACAAACAAACCAGGGGA
AATCTACAGCATGTGGGCCAAATCCAGCCTGCTGCCTGTTTTATATACCCTGTAAGCTA
TTCCTGAAGAGGCCCTTTTGTGCATAATATTCTAAAATGAAGACATTTCAAGCCATACAA
CCTGAAGTTTCTGTACCAGAGGATAAATACACTGCCCAAGTGGATGCTGAAGAAAAAGA
AGATCCGAAAGCCTAGTAGTTAGTTGCACTGGGTTGTTTTGACAAGCTACCACACGTCTT
ACTCCTAGCTGCATAGGAGAGTCTGAGCCGGGCAGGGACAGAGCTGTCGGGGAGTCACTA
GACCTGGACAATGACCTCATGAAGTACTCAGCCATTCAGACACTGGATGGGGAGATCGAC
CTTGAAAAATCAGTAGGTGTCAACCTAGATGGAAAGAAGATTTTGGTAGTGGGGGCCAT
CCTCATGCCCCACCCGCCAAGTCTCATTTTAATTGGAGATAGCCCAGAATGCATGTGCC
TTGAAGTTATTGTGAGTGCCTCGAGGACCAAGGAACCGTTGAAATTTCCAATTTAGGAA
TAGCTTTCCCCCTCCCAGCACACCCAGCCCTAGATCATCCAGTTGTCTTTTAGAGCTTAC
CATGGTTGTGATTTCTTCCCTGAACGCTGGTTTCATATAGTTTTTGTGCTGAGAACAGAT
AATGTTTGAATTCCAGGTTATGCCTCAGCTCCTAAACTACCTGAAGGCTGACAGACTGAG
TATAAAGTAAAAAGATCTTCTCTCACACTGTCTCCACCTCCTGGTCTCACCGTTGTG
GTGAGACGGGTACTTTGGTGGACATGAAGGAACTGGGCATATGGGAGCCATTGGCTGTGA
TATTAATAATGTGTAAGGAGAAGGAGAAGCTACAGAAAAAGGCCACGAGCTGAAGCGCA
GCTGAGATTCATTGCAGAGGTTGAGAAAAGAGACCCTCGTACTGGACTGCACAGTTTAT
AAACCTTTGAGGCTTTTACTACATATTGACAAAATGGTTTCCGGAAATATTTGTATCCCC
ACAGTAGGGAAGAGGCTGGACTATATCACAGCTGAAATTAAGCGATACGAATCCCAGCTT
TATGTAAATGTCATTGAAGACAAAGGTCAAATATTTGTCTGTTTGTAGATCACAGGCACC
GCTGGCTCCTCGACAATGTGAGAAAAGTTCAAAGGCCGTTGAAGAAAAACGAGCTCTTT
ACTATCTGCCATGTGAGTTGGGCAAATTGTTGACCACCTCTGAGCCTTGAAAAAGTAGGA
AGGGAGCATTAGAGATCCTTTTAATACACGACTGAGTGCCAGCTTATTTGTGATGCCCT
GGTCACGCCACCCCTGTTCTGTACCAGCACTTCTCAGCATCCACAGGTGACACCACC

GCCTACCTCAAGATCCTGGAGAGCTCCCAGACTTTGCTCAGCGTTCTCAAGAGGGGAAGCT
AGTTCTTTGAAAAAGTTCCATGACTCGAATATCTGAAATGAAGAAAACAAACCGACTCAC
ACTATGTGTTCTTTTGGCTCTGATGTCTCACTTTGGCATGTTTTTAGACTCATCCAAGCT
ACCACCAGTCCAAGAATCTGTTTAAAGTTCAGACTTAAAACAGTACCAAATAAAAAGTCC
AACCCAGTGGGGTACGTAAGGAATTGCAGGTCGGTGAGAGGACAAGAGGGACTCCCAT
AGGACCAAACAGTATTCCAACACCTACTGCTTCAGGGTTCTGTCCTCATCCTGGCTCTGT
CACAGGGATGATCACTGTCAGAGTGAATAAGACAGCGCTTCACAGTTTACAGATGGCTTA
AACCCATCCACTCTGGGCAGGTGACTGGAATAGCTGATTAACATAAATGCTGCTTTTA
ATCTGTACACAGCCCTGCAGAGCATTGACCGTGGCGAGATCGTGAACATGCTGGAGGGTT
CAGAACTGGGAAACAACACTTGGTTAGTCTCTTTTAAAGTTACAAAAAGCCAATTGATGTT
TATGAAGGTACGTTGGTGCCCCCTCGTGACAGAAGCCTGAACTGCAGCTTTTACGTCTGA
ACCTACAATTGGGATGAGTTCTAGGTACATGTGTTTGTGACTTTGGGGTAAACAACTTT
GGACAAAAGTTCAGTGTGAGTTCTGTTTAAACAAGTATGTATTAACATTTACTCTGTGCC
GCTTGCCCTATTGTGTGATTTGGACATGTTATGTAGATTTCCATTCCTTGTATTAGAAA
CAGGTCCTGATATATTTCTTGGATTCAATTCCTTGGCTAGAAATTACACTGTGCTCAA
AGCCTAGCCAACAGATGGGAGCTACTTTTCCCAGCCTTTATTTTCTTTTCTTGTTTTTT
AAGGAATGTGACAGCCCCAAGAAAAGAGGGAGGTCAAGGTCCGTTCTGTGTCCTTCTAT
CTTTGCTGAGTAAAAGGGGAAATTTCTAACCTAGTGCAGTGTGGCCAGTGTCCACAG
CGTTTTGGAAGGATTCTTTTTCTGTAGAATACTTTGCCTCGATATATAAGCATAACAGAT
CTGGACTTTAGGAGTAATTTCTATTGAACTCCTGTCAATATGTTTATTTCTCTGTCTAC
AACAAGGAAGTGACCAGAGCATTAAATGAAAATCTTAGGAAAGGGCAAGTCTGGAGATTGA
ACATACAGAAATTGTTGAATTTTTGTTGCAACTTGGAGTGCCAGTGAATGATAAAGACGA
TCAATAGATTCCTTCTTCTGTTTATTGGATTCTGTCTGTGTCCTATTGAGTTTTTTCATGG
TTTTATTAGGCTCATAGTTTGTGGAAAAATCCCAATATGCCGTTTATTCAGGTGGGGCTG
TGCCATGGCAGTAACCATGAGGTTAGGCAGTTGTATCGCTATGATAAACCAGTGGAATGT
GTGGGCAGGGATACTCAGGGACAGGGCATCATGGGGGATTTGGCACAAAATGGAGCATTGA
ACTTGGCACAGATCAGAACCTTACAGAAATGGATTCTCATGAGGAGAAGGTGTTTCAGAG
AGAACCAACCTCCCATCCTGAATCGCCTGGCAAAAATCTTCTACTTCTGGGAAAGCAGG
AAGGAGGCGTTCCTTGCCTTTCATGGAGCAGCTGGGGACTGGACACTTACTTCCCAAGTAA
AAACATCCGGATGATGGGCAAGCCCCTCACCTCGGCCAGTGACTATGAAATCTCGGCCAT
GGTGACATCCTGTTCTTGTGTATAACTTTATATTCTATAAATCCATTAAGGCCCAAT
AAATGCTGGGATTCCAGGTGAGAGCCATCACGCCTGGCTATTTTTAAAAAGAGTCTTGCT
TATGGTGTCCAGTCAAACAAGACGGTTTCGGAAAAATTAGAAGAAAATAACATCATGACT
CGTTTGGGGTTTCTAGCCGCTACATCTGTTACTTTTGTGGTGTATGGGAATGAGATC
ATGGGACTTTGGGGACCTGTGTCCTGTAGAGTGGAAAATGGGAATTTGAATGTCTAGAGT
AGATTAACGCTGGACCTCCTACCTGCATTATCTCATTCTGGCTTCCTTGATAAATTCTGT
TCGGAGCCCTCCTAGCCCTCAGCGCTCTATTCTAGCTTCGGTCCCCGCAGCCATATAA
ACTCAGTAAGGAAGTCGGGTTGGACCTAACATCTGCATTGGACAACCTCCACCCCTTCT
CGGTGTCACCGTGATACTGCTTTACACCTCTCGGGCTGCTACAACCTGTTTCATCCTGTC
TTGGTAAAGAGGAGAATGGACTTTGGAGGAAGACAGTCTACAAGAGTCATTTTCATTTAG
TTTCAGTTGGTAAATGGTTTTCTATAGAATCAATAATATTTCTTTCTTTAAATATATATT
GAATCCATGCTGAAAGAATGCCTGGTTGGCAGAATGGCCATTAAACCTGCTGTTCTGAAA
ATAGCTGCTGTTCCCATGATGGGCACATTTCTGAGAAGCTTGAATGACTGATGAGCATA
CTTGCTTCATCTGTTCTGTGTTGGTTTTAATAAAAAACGCAACAATCAGATATGGAAGAC

TCCTGGGCTAAAACCTGGGGCGCATTGGGACAGGGATGGTGCTTTCCTCAGGCCCATTTA
CTGAAAGGTTACCCTGTAACATGCAATTTTGCATTTGAATAAAGCCTGCTTTTTAAGTGT
GATAGAATAAGTGAAACACGGAACTGAGTATGGGATCTGATGATGCTGCCTACACACAA
AGCTGATACATGCAGACAAGAGGATCAGGAAGGATGAGTCTGATCTGGAGTAAATCAGAA
CTACAGTTGTAAATTCCATTTATTCTTTAGCACAGTAGATGCTACTGATGCCTTTACTTC
GTGATGTTAAAGGCCATTGGTCTGAATACTTTATCAACCTTAAAATCAGTCAAACCCTAA
TCTTCAGGCAGTCAAACAGTGCTTCAGGCGCTCCCCCTTGGCGTGGATGCCCAGAACCA
GACAGTGGAGGGGAGTCAGGGAGGGCCCACCAGATGGACTTTCTTGTGACTCATCCTATA
AAGCCCTGCTGCTCCAGTCCAGCTGCTGTGTCCCTATTTGCTGTGACTACAAGATCTGA
TCTCGGGTCCATATATGAATTGTGAGCAGGGTTCATCTATTTTAAACACAGATGTTTACA
GTTCCAATGACAGAGCAGCTAATGTCTGTTATCAGGAATTTGATGTGCCTGCAGTTTTCC
AAGCTCGATCCACTTGCCTACATTGCCACCCCAAGCTTGGGAAGCGTGTTTGTGCCTGT
TTTTCCCTGCAAGCTACATCCTACTGCTTTGAACTTCCAAGTATGTCTAGTCACCTTTTA
TACCAGCAGAAGCCAGAGAGCCCTCCCCGGTATCTCCTGAGCTACTACTCAGACTCAAGT
AAATCAAACCAGAAGGCGGGATGGAATGGATGCACCGCAAATAATGCATTTTCTGAGTTT
CTGACCCACTTTTTCTTTGAAAATACAATAAAATTTCCCCATACCGGTGTGCATTTAAA
TGTTCTTCGGAATTCTGTGCGTCTCTGATGCTTTGTCTCCAGCCCCACCCCCAGAAAT
AAGTAAGGTACGTGTCTCAAAGTGTACTGGACCGAAAATGTGACTGAGCACAGAGAAGT
CCTTCAGCTCAGGCGGACCATTTAGATTTAAATTCCAATTCAATTAACCAACTGTTTTT
GCTTGCTTTTCGGCCCCCTCCCCTTCTCCCATCCGTCCCTGCTGTTCTTGTGGCGCTGA
CACCGAGGTGCTCCAGGAGCCAGGGCGCTCGTCTGCACTCCCCTCCGGCCTTCTGCTGCA
AGAGCGTATTTGGATATGAGTATCCTTTGCTTATCTTTGTAGTACTGAAAATTTGCCGAA
AGAAAATCTTGCGATTTGGGAGGGTTCAGTGTGAGATATTGGTGTTTTAGAGTTAGTT
GCGCCTTTAATTGGGGCTCCGGCTAACTCTGAGGACACGCATTTGGTGGACCCAAAGACT
CAAACAGTCTGGAAAAATATGGTGAGAATGGTTTAATTCCGGTCTTCACATATTCTAAA
CAGTGTCTACTGTCTTTTCTTATCCCACAGGTGGATTGTACACATAATGAGCATCATTGC
CCCCACGCCCCATTAACCCCCACCCCCATTCCGCGCAATAAACGACAGCATTGGCGCC
TGCGCAAGGAGGACTTGAGGCCATCTGCCCCCAACAGGAGGGTGTGGCATCCAAAGAGA
TGTCATTCTGTCAATGTTTCATGACAAATTATCTGGAATATAACAGATTACATGGCAGTAG
TGAAGCTCAACAAGGCTTCGATTAACATGCTGAGGATTGTAGAGCCATATATAGCATGGG
TCACTGCAAGCAAAAAGGGGAAGAAACGCTCACAAAAGGGAAGGCAGCAGGAAAAGTAAT
GCCATTGTGCACCACTAGGATTTTAAAGTCCATAGATTTTAAATGAAATTTCTATTCTG
GTGGTTAGCCGTATCATTGTGTGGGACATCATGGCCTTCAATGGCATCATCCATGCTCTG
TGCAGTAAAAATAGATCTCCTTCCCAGAGAGGCTTGGATGTGGGCACAATATCAGTTCA
GCATTTCTTCAGTAGTATTTACTACTCTTGTGCAAAGAAAAGGGAATGGGACTTCTTTG
GGAGGAAGAATAGATAGAAATAGGGATTGGAGACAGTAACCTTGAAGCTCAGGAAACTGT
GGTGTATGATGGGCATCCTCAGAGACAAGGAGAGTGGTATCTGTATGGACTCGGGAGGCTT
GAAACACTCAAAAATGAAAATGTGGTAGTAAACTGGTGGTAAGTAGAGAATCCATCTCA
TAGCTAACTGTTCCCAAGTGTGCTATGTGCAACACACCGCGTGAGCAGTGTTACCTGC
GATGCCATCCCAGTCTCTTAAATCATCACACATCTACCCAAGAACAGGGTTTGTAAAGA
TTCAAATAAATTTTTGTATCAAGTCCCTGAATGGAAGTATGACGTTGGGTCCCTCTGA
CTTTAGTCCATCACATTTCTACACCGCTGTCCATTCTTCATCAAACCGAAGAATAAAAAA
GGGAGATTTGCAGTACCACACTTTTGGTCTTTAAGCCTGACCTGTTAGACAACCATCCAA
GGTGTCTTGGGTATTGGGGACAGGACAGAGAGCTCATTCTATAACCACAGTTGTCTTTT

GTTTTCTTTTCATCTTTGACTGTAAGATGTCAAAGGGAGGCAGCCTGCTTGAACAGGAAA
GCTGATTATTCCTTGGCCTTTCCCTTGATTTATGCAAGGAAGGATATACTGAGCTGATA
GCAACTCTAATCTGGCTAAAATGGACTGATCATTTCCCTCATTCCAGAAATCTTTTTTAT
GAAGAGAAAGGGAGTAGAATGCTCCATCATGATGCTAACCACAAGAATTGACTTGACGGG
ATTTCTGTGTGTGTCAAAGGGGACTAACAGCAGAATCTACCTCCCAACTGCCATGTGATT
GTGCAGCTTCTGCAGACCCTGGTGCATCCAGTCATACCAATTCCACATCCACAGCACATG
CGACACTTCTCAGCATCCACAGGACACGCCACCCCTCTTCTGTCACCGACGCTTCTCTC
TACTTATTATTTCTGAAGCCTAACTGCAAGACTGATTTCTGAGAACAAGTAAAGAACTGG
AAATGTATGGTTTTCTAATTTTTAGCATTTGTGTCCAATAAAATGACTTTATATAATTT
TACCGAAAGGAGGGCAATTCATGGAAGAAATTTCTCTGTTCAATCCGTTCTCTTCAACC
CATGAAGAAAGTCTAAATAAACCTTTGTTACACTTTTTTACCACGCTTTTGCATGCTTGC
AGCAAAAATGCAAGCAAGTATAGAAAAAGTGGTTCCCTTCCCAAAGTGGAAGCCAAGTTC
ACATTAGAGCTACAGGTTAAGACTAGAAAGTCTGAGTTATGTTTTAGGTATACATGATCG
ACTCTTCAACCTCATCATGATACCTTGCACGAAGCAGGAGCTCAACTAATTTGGGTTGAG
AGTTTAGCTTCTACTTTGATTTTATTGTTAGTGCATTGTCGTTCTTGTGTCAGTAGCAAG
ACAGCAAATCCTGACTCGTGTCTTTTTACCCCAAGATATCTGTCTTCAGTAGCGACTGA
ACAGAACAGAGACTAGGTTTGGTGTAGATGGGACAGATTTTGGGAAAGATCATGATGAGCC
ACAGTACAGAGACCAAATCTACCCTGCCACCTGTTTTTGTGAATAAAGTTTTATTGAAAC
CTTACCCAGGTGTTTATACTGTGTGTGTGTGAGGTCTTAAAGTTATTGCTTTATTTGGT
TCATCCACCAAATATATAGGAATAGAGGGAGACAGAAAGATGCTTTCTGAAGAGAGGAAT
GCGATCTCCAGTGAGCCATCACGATGCCCTTTCAAATAAATGTTAATGTTGTCACCAC
GATGCCAAAATGGAACCAAATCTCCATGAACTCTGCTAATGGAAGACGAGGAAAAGGCAG
CAGGTAATGATGTTTTCAAAGCTGATTGCAGTGTGTTGCAGAATTGGGAGTAGTGATGAT
GCAGAGCACTTCTGCAGGCAGGAGGACAGGATGCAAGGTGTTCTCCAAGACCAGAATAA
ATGAGGGCAAGATGAAGCTGGATTACATCCTGGGCCTGAAGATAGAGGATTTCTTAGAGA
TGACATGTCTTTATTCACTTGGTTATGATTTGTATTTTTGTTCTTTTCTTGTTTT
GTAAGTGTTACCTGCCCAGGAACACAGCAGAAGCAGAAAGAGAAGACGTCTTAATTTAT
AGAGATCTGTGGTCTTGGTAAATAACAATGAGGAAATGTGAACTGATGAGGGAAGCTTCC
GAGATGGAGGAGATCCATTCAACCCTGTCCGGTCTGGCTGAAACATGACAGCAGTCAA
AAGTTCCATGTGGAGCCCTATGGTGAGACTGGGTGGCTTCTCACCAGAGCTGCAGCATCT
CAAATGCAAGACAAGTGTGCGGAAGTCTTGCCTGGCTGGAGCACAACCAGCTGGCAGA
CACAGCAGGCTGGAGTTGGTGTAGATTGCTTCACATTCTTGTCCACCAAGAAGTCTC
GTTTTACTAACCCTTCTGAAAAACACAGTTTAAAGATCCCTACAAAGTTAAAAGAGGCA
AGAGGCCTGTGACATGGGGCCCTGTACTACTGCCTGGTTCCACAGCGACTGGAGCTCCAA
GCTTTAGGTATGGATTGATGACTAAGTCAAGCTACTTCTGAGCTTCTCTCAGATTTCCA
GCATATAAGACAAAGTTCACTGCATAGACTACAATAGACTACATACGAAAACAAACCCAA
TTTGATGAATTTTGTAGGCTGCAATGTTTAGCTTTTGTAACTCCTCACTCTTGCTG
AACAAACAAAATGCCACTTTCAACACATAGATTTAAGCGAGAGCCTCACTGGTCCCAGGA
TACACCTTGCAGAATAACCTCCAGTATGTTGCCATCTCTAACCTACCAGCTGCCACTTTC
TGCCTAAATACTTTTTTCTATTTTGTAGATTTTGCCTTTCTTTTGGAAAGGAAGGAGGCG
TTTTGTAGATTTTCTCGTCTATGATGTCCTTGACCTCCACCGTATATTTGAGCCAACTG
AACTTCTTTGTAATCGTTATGTGTGTATATGTATGTGTGTATGGGTGTGTGTTTGTGTGA
GGAGATGAGGGTTTCCGGGGCTAGTGATCGTGATCCTTTTTATTTGCAACAGTAATGAGA
ATGGCCATGAAGCACTCATGACAAAAACAAAAAGTTGATGAGTAGTACAGAGCGACATG

GCAATATCTGTTACTAGAGAACATTCCCATGTGTTTAAACTCTTCACTTCTTAGATGCAT
CCCTGCTGCTGCCGTGCACAGACAGCACATTCACTGCTGGAGGCTACTGTAAGAGGTTTG
AAATTAACAGCCACCTATAGAAGAGTCCATCTGCTGTGAAGGAGAGACAGAGAACTCTGG
GGCTTCGTTGTGTTAACAAGTTGACACCATGACTAGTAAATGTAAACGTGTATGTATAAA
GCATGCATATCTGGTCCCTCCAACCCCTCCCTATTGAGGTGCAATAAAGGCCCATGTTT
ATCCGCCGAGCTCCCGCCCGCCAGCCAGGTCTCTCCGGCTCCGCGCCGTAAATAGC
GAAGGGGTGACGGTGTCCATATCAGAATTGCAGAAGCAAACTGACCTCAGTTCCTAAA
CTCAAATCAAGGTTATGCTTGTAAATGTCACCTGAGTGGGAAGTAAGAGGGTGGAGTCAC
TCCAGTCCCAGCCAGGCTCTGTCCCCTGCCATACCTAGACTGTGTGTTTCATATTTTT
TTTTCTTCCCTTTTTTGTTCCTCAAACAAAAACAAAATGCAGGCCGAGCGCGGTGGCT
CCTAGTAGCTGGGACTTTAAGTGTACCCACTGTGCCTGCTTTGAATCCTTTACGAAGAG
TGATCCGTGGCTTTGGTAGTTCCTGGAAATCATCAGTGGAAATCTCTGAGTCAGGATGTAA
TGCTTTGAAACTTTTTTATTTTTACATCTCAGTCTTGCTAGCAAGCACTACTTGGCTTAG
TCTCACAGGATCCGGAGGGAAATGTGTTAGAGGGTCTGGAAAATTCAGTGCTTTTGAGTT
TCCTGTTCAGATCCATACAGGATTTGCAAGGGTAGGATCATAATGCAAATGCCCTTGT
ATATTCAAACAAACGGACCAATTGCACCAGGCGGGGAGAGGGAGCATCCAATCGGCTGGC
TTCATGGCAGCGATGAGTAATCTGTGATGATACTAAATAGAAGCAATAATAACTAACTCC
AATTGGCTCCCTCAGATCCTGGCTAGCCAGTACAAGGCCTCAGCAGTGCACAGATCCCAT
TTTTCTTTAGAATCAGAATTGTAGCCAGTTTCTTTGGCCAGAAGGATGAATACTTGGATA
CATTTCTTATGGGTCCCATTGAGTGCTTGAAGGAGTTTGTCACTCCAGACACAGACATCA
AGACACGTGTGGCGGGCAGTGGGACCCATAGATCTTCTGAAATGAAACAAATAATCACAT
CTTAGGAGACTGGAAGTTTAAAAATGTACAAGTCCTTTAGTGATGAGGGAATTGATTTT
GAAAATTGGCTACAACCCCAACACAGTAGCATTGTGCCAATTTCTGGTTAGAATGGTGA
AATTTTAAAAAATCTGTTCTACAAAATTTCCATTCCGTATGTAAAAGATTTTGTTTTT
ACAGCTTGGAAGGCGTTTGCCTTACCCTGGGCAGGGGTAGAGAGACAAGGAACAATAAA
AGCTTCTGTTCACTACTGTTAGTGTATCATTCTTCATGCCTCTGTTTCTGTGATGGTCTC
AACTCTTACCTTCGCCGCGGAGAAAGACAATAGGCGGCCGCTCCCCGGAGGCGGCTAA
GGACCACGGGAAATCATGTTGGACCAAGGGTTTCCATGTTCAAACAGTCAACAAGGCCCT
AGGTCTTCCAAACATTTGCATTGTTTCTTTTCTTAGGATCAGAATTTCTACCTATTG
GGACTGTGTTAAGTCATTGAGTTTCTGGGGTTTAACTGTTGTTATAGTTAAGAATGACTT
AATCAAGATAGATATTATAGCAGAACTTCGATATGACCTGCCAGCATCATAAAGTTTCT
TTATCGAGGTCTCATGGATCATAACAGAATCAGGCAAGATTTGTCAGCGCTGGGATCATCA
TTTTACTTTCTGTTTTTGTTTTTGTTTCGTTTCATTTTGTACTACATGAAGAACTGTTT
TTTTTCCCCCAACCCAGCAGCTTCCATTTGAAGAGGGAAATCATTGAGAGACTATGAT
CTCAATGGTGCCCCCAAAAAGATATCAGATCCTAATAACTGGAACCTGGTAACTTTTTT
GGATTTCTCCCAATGCAAGCTACAGAGCTGGGGAAGTTGCCGGCTGGAGGAGTTCTCTA
ACTTGGAGGAGCAAGATCAGACCGCTCAAAGGTCCTCGTTCCTACTGTTACCCAGAGGCT
ATCTTCAGCAGACATTGCCAGTGCAAGGGGAGTCCAGCCCCAGACTGACTTTCTGAGGT
GTGTGATTTTCATCGTTTTGTAAAGTACAGGACTTGCCGTTTCTTTGATCTCTTGATTG
TCTAATTGAATCTGCGTGGTTTTGATACTTTGATGGATTCCAGTGAATAAATTCAGGCT
AAAGTTTGGTTCTGTGTCTGTGTTTTAATAAGACGAGAGGACGAGCGATTGAGGTGTATG
GTGAGAAATTGTTGAGAAGGATACAGTTTGTTTTTAGCTGTCCTTTGTCCAATATGAACA
ACTTTTAGAAAGAGTGAATAAAAAGGGCAGTGAGTTATGCTCTTGGACTTGGTGAAAGCT
GCCTGACTGTGAATCCTGATGAATCAAGCTCAAAGGAGAAAACATAAAATACATAAAGT

TGACAGGAGCCCTCTGGCACAAATGGAAGAAGAAAGAAGGGAGCAAGTAGCTAAAATTAA
TCCCTATTACAGATGAGAACAGAGGGGACATGAACTCCTTGGAGGCAGGGCTGGGAAGGG
TGAACATAAAGAGGACGAATCTTCTTTTAAGATTCGGCCTCTGAGTGATTTTGGATTTT
TGACTTTTATTACCAACACACTGGCTGGAAAAGGGACAAACCACATCACGGGTGAGTGAT
AGGTGGATACTTTACATTTTAAAGCTGGAATCAGCAACAGCCCTATGGGAAACCAGACAA
GACCAGTGGAATGTAACTATGTGGAACATCTGCTAAAACAGCTAATGTTGACAAGGTA
CCTCCCTCCCACCTAAGATGTGTTTACCAAAATGTTGTTAACTTGTGTTAAAATGTTAA
ACATAGCCTCATTTC AAGGTGTAGCCAGGTTCCCCGACTTTCTCTGGGATATAAAAAA
ACACTTACAAGATGGACAGGGATGATAATTGGGCCTACAAGAATAGTTTATGAAAAGTAG
GGTGCCAATATTTAACTGAACATCTGTTTTCTTTTTGGAAGTTTTCTTTCACATGGTTTTG
CCCTCCTTGCGGCTCCCTCCCATCTCACTCAAGGTTCTCTGAGGACATTAAGTGGTGGA
AGTTCAGTTGTCTCTGTAGGCGGAGGCTCAAAGACTGTTTCGCGCAGCCACACAGGTGTGA
CTCCTTGCAGAAATATCATAACGTTCATTTTTGGAGTAATAGTTACAAATGCGGTGAGCAC
ATGAACATTAACCTGCGAGAAGTCATCTGCACGTCCAGGGACGGGGACAAGTTCTGGCGG
GGGGTACATGGTATGGAGTAGACATCAACAACGAGGACATTGCTGACAACCTTTGAAGCTT
CTGGAAGTATGAGGAAAGAATGTAGCGATCTCAAATAGAACTACAGAAAGCCAAACAA
CTCAGCCTTCAAAGTGCTGGGATTACAGGCATGAGACACAGTGCCTGGCCACAAAATA
GGCAGACTTGCTATGTCCCTCTGAAAATTTCTTCCCTTTACTGTATAACTTGCTTTTTG
AGAGCTGAAGCTGATCGGCGAGTATGGGTTCCGGAACAAACGTGAGGTCTAGAGGGTCAA
ATGTCCTGTCACAGAGTGTCCCTCTTGGTGTATTCTAAAACGAGCATTCTTTTAAAAAACC
CAAGTTCAGGAGCCGCAGAGACGCACAACCTTTACACTTATCATTCTAACAGTTTATTGT
GGGGCAGTTGCTAATTTAGTTCTAGGCAAACGTGGACACATTAATTTCTCTACAAACCC
CCCCACCTTGGTCTCCACCCCAGGACTCACAGCATGGCAAAAATCCAAGGGAAGATTCTT

PrimaryAccession	RefSeqAccession	GenbankAccession	UniGeneID	EntrezGeneID
ENST00000222728		NM_024014	Hs.679517	3203
NM_019102	NM_019102	NM_019102	Hs.655218	3202
NM_181755	NM_181755	NM_181755	Hs.195040	3290
NM_000784	NM_000784	NM_000784	Hs.516700	1593
NM_004994	NM_004994	NM_004994	Hs.297413	4318
NM_006896	NM_006896	NM_006896	Hs.610216	3204
NM_001611	NM_001611	NM_001611	Hs.1211	54
NM_005408	NM_005408	NM_005408	Hs.414629	6357
NM_022359	NM_022359	NM_022359	Hs.708687	9659
NM_005084	NM_005084	NM_005084	Hs.584823	7941
NM_024014	NM_024014	NM_024014	Hs.679517	NA
NM_000491	NM_000491	NM_000491	Hs.8986	713
NM_153631	NM_153631	NM_153631	Hs.659337	3200
NM_000093	NM_000093	NM_000093	Hs.210283	1289
ENST00000449602	XM_003403484	XM_003403484		NA
NR_033205	NR_033205	NR_033205		NA
NM_032772	NM_032772	NM_032772	Hs.195710	84858
NM_000399	NM_000399	NM_000399	Hs.1395	1959
NM_002421	NM_002421	NM_002421	Hs.83169	4312
NM_002192	NM_002192	NM_002192	Hs.583348	3624
NM_001005340	NM_001005340	NM_001005340	Hs.190495	10457
NM_000908	NM_000908	NM_000908	Hs.13528	4883
NM_152739	NM_152739	NM_152739	Hs.659350	3205
NM_021226	NM_021226	NM_021226	Hs.655672	58504
NM_000689	NM_000689	NM_000689	Hs.76392	216
NM_001017417	NM_001017417	NM_001017417	Hs.460937	NA
NR_024421	NR_024421	NR_024421		100131213
NM_015703	NM_015703	NM_015703	Hs.730765	27341
NM_000866	NM_000866	NM_000866	Hs.248136	3355
NM_000689	NM_000689	NM_000689	Hs.76392	216
NM_020762	NM_020762	NM_020762	Hs.210751	57522
NM_004360	NM_004360	NM_004360	Hs.461086	999
ENST00000390559		BX161420	Hs.510635	NA
ENST00000449602		BI439073	Hs.347604	NA
NM_144966	NM_144966	NM_144966	Hs.50850	158326
NR_027085	NR_027085	NR_027085	Hs.731234	284551
NM_018414	NM_018414	NM_018414	Hs.105352	55808
NM_020436	NM_020436	NM_020436	Hs.517113	57167
NM_014620	NM_014620	NM_014620	Hs.549040	3221
NM_022893	NM_022893	NM_022893	Hs.370549	53335

ENST00000445310	XM_003118553	XM_003118553	Hs.662412	NA
NM_006985	NM_006985	NM_006985	Hs.676266	9284
NM_001882	NM_001882	NM_001882	Hs.115617	1393
NR_001564	NR_001564	NR_001564		NA
NM_006383	NM_006383	NM_006383	Hs.129867	10518
NM_024749	NM_024749	NM_024749	Hs.96885	79805
NM_005436	NM_005436	NM_005436	Hs.591360	8030
ENST00000421313				NA
NR_001564	NR_001564	NR_001564		NA
NM_001134707	NM_001134707	NM_001134707	Hs.198003	1757
NM_005916	NM_005916	NM_005916	Hs.438720	4176
NR_001564	NR_001564	NR_001564		NA
NM_003638	NM_003638	NM_003638	Hs.171311	8516
NR_001564	NR_001564	NR_001564	Hs.529901	7503
NM_006822	NM_006822	NM_006822	Hs.484068	10966
NM_022662	NM_022662	NM_022662	Hs.436527	64682
NM_019609	NM_019609	NM_019609		NA
NM_006985	NM_006985	NM_006985	Hs.676266	9284
NM_001093725	NM_001093725	NM_001093725	Hs.591496	92312
NM_003956	NM_003956	NM_003956	Hs.47357	9023
NM_020759	NM_020759	NM_020759	Hs.122061	57519
NM_016615	NM_016615	NM_016615	Hs.504398	6540
NM_024812	NM_024812	NM_024812	Hs.533446	79870
NM_153693	NM_153693	NM_153693	Hs.549040	3223
NM_001010982	NM_001010982	NM_001010982	Hs.558614	125061
NM_032866	NM_032866	NM_032866	Hs.148989	84952
NM_014575	NM_014575	NM_014575	Hs.134665	29970
NR_001564	NR_001564	NR_001564		NA
BX648921		BX648921	Hs.133107	NA
NM_002147	NM_002147	NM_002147	Hs.654456	3215
NM_016228	NM_016228	NM_016228	Hs.529735	51166
XR_132891	XR_132891	XR_132891		NA
AK094436		AK094436	Hs.657510	284219
NM_001194958	NM_001194958	NM_001194958	Hs.200629	NA
NM_015570	NM_015570	NM_015570	Hs.21631	26053
NM_016292	NM_016292	NM_016292	Hs.30345	10131
XR_109278	XR_109278	XR_109278	Hs.666631	NA
ENST00000498714	XR_112508	XR_112508	Hs.655773	NA
NM_001145638	NM_001145638	NM_001145638	Hs.239370	26086
				NA
ENST00000392423		AF321609	Hs.134602	7273
ENST00000419668				NA
NM_032361	NM_032361	NM_032361	Hs.484227	84321
NM_003579	NM_003579	NM_003579	Hs.642042	8438

TCONS_00017433				NA
NM_016529	NM_016529	NM_016529	Hs.444957	51761
NM_025259	NM_025259	NM_025259	Hs.647011	4439
NM_005245	NM_005245	NM_005245	Hs.481371	2195
NR_001564	NR_001564	NR_001564	Hs.529901	NA
NM_178229	NM_178229	NM_178229	Hs.591495	128239
NM_199249	NM_199249	NM_199249	Hs.256301	84798
NM_006885	NM_006885	NM_006885	Hs.598297	463
ENST00000356023	XM_003118699	XM_003118699	Hs.513373	NA
ENST00000355290	XM_003118719	XM_003118719	Hs.710214	NA
ENST00000521821	XM_003403438	XM_003403438		NA
NM_016529	NM_016529	NM_016529	Hs.444957	51761
NM_005797	NM_005797	NM_005797	Hs.116651	10205
NR_001564	NR_001564	NR_001564		NA
NM_022783	NM_022783	NM_022783	Hs.112981	64798
NM_199227	NM_199227	NM_199227	Hs.298250	254042
NM_005631	NM_005631	NM_005631	Hs.437846	6608
ENST00000520314	XM_001715897	XM_001715897	Hs.568152	NA
NR_001564	NR_001564	NR_001564		NA
NM_001197113	NM_001197113	NM_001197113	Hs.134665	100505385
NM_001243392	NM_001243392	NM_001243392		NA
NM_002146	NM_002146	NM_002146	Hs.654560	3213
NM_001040214	NM_001040214	NM_001040214	Hs.656604	154215
NM_001005353	NM_001005353	NM_001005353	Hs.10862	NA
NM_020759	NM_020759	NM_020759	Hs.122061	57519
CR627426		CR627426	Hs.122061	NA
NM_006195	NM_006195	NM_006195	Hs.428027	5090
NM_001911	NM_001911	NM_001911	Hs.421724	1511
NM_152718	NM_152718	NM_152718	Hs.60640	220001
NM_018427	NM_018427	NM_018427	Hs.460078	54700
NM_178509	NM_178509	NM_178509	Hs.35199	252983
NM_018014	NM_018014	NM_018014	Hs.370549	53335
NM_005293	NM_005293	NM_005293	Hs.188859	2843
NM_005480	NM_005480	NM_005480	Hs.524399	10024
NM_001042600	NM_001042600	NM_001042600	Hs.95424	11184
THC2707131				NA
NM_006985	NM_006985	NM_006985	Hs.144442	NA
NM_021161	NM_021161	NM_021161	Hs.560255	54207
NM_003539	NM_003539	NM_003539	Hs.248179	8360
NM_145294	NM_145294	NM_145294	Hs.511903	197335
NM_013314	NM_013314	NM_013314	Hs.665244	29760
NM_152487	NM_152487	NM_152487	Hs.483512	148534
NM_032367	NM_032367	NM_032367	Hs.584988	84327
NM_024017	NM_024017	NM_024017	Hs.463350	3219

NM_144646	NM_144646	NM_144646	Hs.643431	3512
NM_207313	NM_207313	NM_207313	Hs.310482	124842
NM_182398	NM_182398	NM_182398	Hs.510225	9252
NM_145663	NM_145663	NM_145663	Hs.728986	80174
NM_002538	NM_002538	NM_002538	Hs.592605	100506658
NM_022143	NM_022143	NM_022143	Hs.655003	64101
AK124859		AK124859	Hs.334587	100129846
NM_012310	NM_012310	NM_012310	Hs.648326	24137
NM_000093	NM_000093	NM_000093	Hs.210283	1289
ENST00000378274		BC073152	Hs.433278	84650
NM_002850	NM_002850	NM_002850	Hs.644384	5802
NR_002559	NR_002559	NR_002559		NA
NM_004931	NM_004931	NM_004931	Hs.405667	926
NM_001504	NM_001504	NM_001504	Hs.198252	2833
NR_026730	NR_026730	NR_026730	Hs.620592	646405
TCONS_00017074				NA
NM_145290	NM_145290	NM_145290	Hs.99195	166647
NM_002839	NM_002839	NM_002839	Hs.446083	5789
TCONS_I2_00008608				NA
NM_138559	NM_138559	NM_138559	Hs.370549	53335
NM_144615	NM_144615	NM_144615	Hs.263928	126259
ENST00000446344		AY251274	Hs.123450	NA
NM_001135865	NM_001135865	NM_001135865	Hs.720286	100132247
NM_005529	NM_005529	NM_005529	Hs.562227	3339
NM_003121	NM_003121	NM_003121	Hs.437905	6689
XR_132630	XR_132630	XR_132630		645722
NM_181795	NM_181795	NM_181795	Hs.726217	5570
NM_003980	NM_003980	NM_003980	Hs.486548	9053
NM_014967	NM_014967	NM_014967	Hs.584863	22909
NR_034031	NR_034031	NR_034031	Hs.636199	389906
XR_132630	XR_132630	XR_132630		NA
NM_001011880	NM_001011880	NM_001011880	Hs.556045	497190
ENST00000326961		BC027709	Hs.114062	9200
NM_005687	NM_005687	NM_005687	Hs.471452	10056
NR_000008	NR_000008	NR_000008	Hs.731288	NA
NM_021078	NM_021078	NM_021078	Hs.463045	2648
ENST00000426962				NA
NM_003545	NM_003545	NM_003545	Hs.662174	8367
ENST00000434100		AL390167		NA
NM_006293	NM_006293	NM_006293	Hs.381282	7301
XR_110237	XR_110237	XR_110237	Hs.46519	283588
NM_033120	NM_033120	NM_033120	Hs.240951	85409
NM_018063	NM_018063	NM_018063	Hs.655830	3070
BC048193		BC048193	Hs.88181	728411

NM_018952	NM_018952	NM_018952	Hs.98428	3216
ENST00000429990	XM_003118720	XM_003118720	Hs.448833	440348
NR_003255	NR_003255	NR_003255		NA
NM_012227	NM_012227	NM_012227	Hs.437145	8225
NM_001010911	NM_001010911	NM_001010911	Hs.315568	399726
NM_001114636	NM_001114636	NM_001114636	Hs.631890	55120
XR_133523	XR_133523	XR_133523		NA
NR_002326	NR_002326	NR_002326	Hs.728627	NA
NR_003610	NR_003610	NR_003610	Hs.513695	283970
NM_004260	NM_004260	NM_004260	Hs.31442	9401
ENST00000451759	XR_108295	XR_108295		NA
AK294208		AK294208	Hs.516157	NA
BC033823		BC033823		5611
NM_002441	NM_002441	NM_002441	Hs.647011	4439
NR_026730	NR_026730	NR_026730		646405
NM_016390	NM_016390	NM_016390	Hs.730722	51490
ENST00000520314	XM_003119524	XM_003119524		NA
NM_001039651	NM_001039651	NM_001039651	Hs.371225	401251
NM_004847	NM_004847	NM_004847	Hs.76364	199
THC2539584				NA
NM_145290	NM_145290	NM_145290	Hs.99195	166647
NM_001031712	NM_001031712	NM_001031712	Hs.404186	60487
NM_144593	NM_144593	NM_144593	Hs.159013	121268
NM_022571	NM_022571	NM_022571	Hs.647573	64582
AK127414		AK127414	Hs.689499	100132495
NR_036554	NR_036554	NR_036554	Hs.652669	442524
NM_014427	NM_014427	NM_014427	Hs.461775	27132
NM_001191323	NM_001191323	NM_001191323	Hs.40098	26585
NM_017827	NM_017827	NM_017827	Hs.709416	54938
NM_182679	NM_182679	NM_182679	Hs.193832	54865
NM_024608	NM_024608	NM_024608	Hs.512732	79661
NM_006567	NM_006567	NM_006567	Hs.484547	10667
NM_018063	NM_018063	NM_018063	Hs.655830	3070
NM_016529	NM_016529	NM_016529	Hs.444957	51761
NM_005505	NM_005505	NM_005505	Hs.520348	949
NM_024036	NM_024036	NM_024036	Hs.209979	78999
NM_030957	NM_030957	NM_030957	Hs.657508	81794
NR_034112	NR_034112	NR_034112	Hs.729905	NA
NM_032534	NM_032534	NM_032534	Hs.299560	84626
NM_003539	NM_003539	NM_003539	Hs.248179	8360
NM_013431	NM_013431	NM_013431	Hs.721094	8302
NR_002742	NR_002742	NR_002742		NA
NM_001159767	NM_001159767	NM_001159767	Hs.487635	28969
NM_172004	NM_172004	NM_172004	Hs.560087	160365

NM_025188	NM_025188	NM_025188	Hs.301526	80263
NM_012293	NM_012293	NM_012293	Hs.332197	7837
NM_001100119	NM_001100119	NM_001100119	Hs.592325	7517
NM_017990	NM_017990	NM_017990	Hs.461183	55066
NM_001243750	NM_001243750	NM_001243750	Hs.433329	254552
NM_001146037	NM_001146037	NM_001146037	Hs.101307	6563
ENST00000551631	XR_110299	XR_110299	Hs.728856	NA
NM_032528	NM_032528	NM_032528	Hs.98265	84620
NM_002102	NM_002102	NM_002102	Hs.728753	2996
NM_030928	NM_030928	NM_030928	Hs.122908	81620
NM_002317	NM_002317	NM_002317	Hs.102267	4015
NM_001036	NM_001036	NM_001036	Hs.709373	6263
NM_001105669	NM_001105669	NM_001105669	Hs.447851	164118
NM_004449	NM_004449	NM_004449	Hs.473819	2078
AK131345		AK131345		NA
NM_006904	NM_006904	NM_006904	Hs.491682	5591
NM_001018112	NM_001018112	NM_001018112	Hs.290154	2175
NM_013417	NM_013417	NM_013417	Hs.445403	3376
NM_003371	NM_003371	NM_003371	Hs.369921	7410
NR_027001	NR_027001	NR_027001	Hs.454640	388152
NM_018072	NM_018072	NM_018072	Hs.708114	55127
NM_012293	NM_012293	NM_012293	Hs.332197	7837
NM_002451	NM_002451	NM_002451	Hs.193268	4507
NM_001008712	NM_001008712	NM_001008712	Hs.334587	11030
NM_001014811	NM_001014811	NM_001014811	Hs.199743	10873
NM_006563	NM_006563	NM_006563	Hs.37860	10661
NM_005052	NM_005052	NM_005052	Hs.45002	5881
NM_018944	NM_018944	NM_018944	Hs.190518	54069
NM_005615	NM_005615	NM_005615	Hs.23262	6039
NM_031942	NM_031942	NM_031942	Hs.470654	83879
NR_002580	NR_002580	NR_002580	Hs.731297	NA
NM_001080410	NM_001080410	NM_001080410	Hs.23158	150726
NR_034031	NR_034031	NR_034031	Hs.657302	NA
NM_003546	NM_003546	NM_003546	Hs.533295	8368
NM_020335	NM_020335	NM_020335	Hs.99477	57216
NM_001402	NM_001402	NM_001402	Hs.535192	1915
NM_018062	NM_018062	NM_018062	Hs.631890	55120
ENST00000542925	XM_003119524	XM_003119524	Hs.434604	NA
NR_003030	NR_003030	NR_003030		NA
NM_003793	NM_003793	NM_003793	Hs.11590	8722
XR_109727	XR_109727	XR_109727		NA
NM_207395	NM_207395	NM_207395	Hs.186970	388569
NR_038253	NR_038253	NR_038253	Hs.709490	NA
NR_001292	NR_001292	NR_001292	Hs.660427	NA

ENST00000420865				NA
NM_022662	NM_022662	NM_022662	Hs.436527	64682
NR_026921	NR_026921	NR_026921		NA
NM_021830	NM_021830	NM_021830	Hs.22678	56652
NM_001104647	NM_001104647	NM_001104647	Hs.144130	55186
NM_002691	NM_002691	NM_002691	Hs.279413	5424
ENST00000554032	XR_110219	XR_110219		NA
NM_000540	NM_000540	NM_000540	Hs.466664	6261
ENST00000500944		AJ312027	Hs.730890	NA
ENST00000451368				NA
ENST00000551681		BC009198	Hs.348979	NA
ENST00000444482				NA
NM_002121	NM_002121	NM_002121	Hs.485130	3115
NM_020731	NM_020731	NM_020731	Hs.50823	57491
NM_001333	NM_001333	NM_001333	Hs.610096	1515
ENST00000546682		BC080646	Hs.555970	NA
NM_002206	NM_002206	NM_002206	Hs.524484	3679
NM_024036	NM_024036	NM_024036	Hs.209979	78999
NM_030625	NM_030625	NM_030625	Hs.567594	80312
NM_032180	NM_032180	NM_032180	Hs.440466	84140
NM_001129730	NM_001129730	NM_001129730	Hs.222236	116412
NM_002805	NM_002805	NM_002805	Hs.79387	5705
NM_018451	NM_018451	NM_018451	Hs.513379	55835
NM_006764	NM_006764	NM_006764	Hs.315177	7866
AK127789		AK127789	Hs.380240	389741
NR_027028	NR_027028	NR_027028	Hs.631974	728411
ENST00000440803		CN411518	Hs.499496	NA
NM_001037671	NM_001037671	NM_001037671	Hs.326303	338809
ENST00000400102		AJ312026	Hs.730892	NA
NR_026858	NR_026858	NR_026858	Hs.574255	89838
ENST00000435624				NA
XM_003119524	XM_003119524	XM_003119524		NA
NM_019892	NM_019892	NM_019892	Hs.120998	56623
THC2503819				NA
NM_052988	NM_052988	NM_052988	Hs.699177	8558
NM_020365	NM_020365	NM_020365	Hs.533549	8891
NM_001014811	NM_001014811	NM_001014811	Hs.199743	10873
NR_002449	NR_002449	NR_002449		NA
NM_004516	NM_004516	NM_004516	Hs.465885	3609
NM_001012414	NM_001012414	NM_001012414	Hs.654633	391712
XR_110490	XR_110490	XR_110490	Hs.418285	NA
NR_027028	NR_027028	NR_027028	Hs.654588	728411
NM_182687	NM_182687	NM_182687	Hs.77783	9088
ENST00000429990	XM_003118720	XM_003118720	Hs.448833	440348

NR_026811	NR_026811	NR_026811	Hs.546614	80154
NM_006426	NM_006426	NM_006426	Hs.100058	10570
EF413001		EF413001	Hs.711077	100131234
NM_001844	NM_001844	NM_001844	Hs.408182	1280
NM_001124756	NM_001124756	NM_001124756	Hs.641481	80336
ENST00000366579		BC062442	Hs.708114	55127
				NA
NM_003513	NM_003513	NM_003513	Hs.248174	8335
ENST00000552123		AK310414	Hs.513695	NA
TCONS_00026612				NA
NM_203314	NM_203314	NM_203314	Hs.274539	622
NM_032342	NM_032342	NM_032342	Hs.655738	84302
NM_014363	NM_014363	NM_014363	Hs.159492	26278
NM_145886	NM_145886	NM_145886	Hs.592290	55367
NM_001238	NM_001238	NM_001238	Hs.244723	898
BC035173		BC035173		NA
NM_032451	NM_032451	NM_032451	Hs.461786	84501
AK097649		AK097649	Hs.105323	NA
NR_003226	NR_003226	NR_003226	Hs.534773	172
NR_024582	NR_024582	NR_024582		NA
NM_022092	NM_022092	NM_022092	Hs.153850	63922
NM_001039841	NM_001039841	NM_001039841	Hs.659621	89839
NR_024582	NR_024582	NR_024582		NA
NM_002141	NM_002141	NM_002141	Hs.533357	3201
NM_199168	NM_199168	NM_199168	Hs.522891	6387
NM_183241	NM_183241	NM_183241	Hs.409582	286257
AK123993		AK123993	Hs.288215	NA
NM_001093729	NM_001093729	NM_001093729	Hs.280781	79839
NM_001126121	NM_001126121	NM_001126121	Hs.514470	60386
NM_012447	NM_012447	NM_012447	Hs.592283	10734
NM_001113498	NM_001113498	NM_001113498	Hs.436380	161357
NR_023383	NR_023383	NR_023383	Hs.675888	441263
NR_003942	NR_003942	NR_003942	Hs.531856	NA
TCONS_I2_00013558				NA
NM_152318	NM_152318	NM_152318	Hs.295563	121053
NM_004640	NM_004640	NM_004640	Hs.254042	7919
NR_002912	NR_002912	NR_002912		NA
NR_002739	NR_002739	NR_002739	Hs.376064	NA
NM_012232	NM_012232	NM_012232	Hs.437191	284119
NM_178557	NM_178557	NM_178557	Hs.318529	339983
ENST00000403904				1454
NM_182969	NM_182969	NM_182969	Hs.730797	143570
NM_021138	NM_021138	NM_021138	Hs.522506	7186
NR_024254	NR_024254	NR_024254	Hs.694922	653113

NM_003483	NM_003483	NM_003483	Hs.505924	8091
NM_000537	NM_000537	NM_000537	Hs.3210	5972
XR_110950	XR_110950	XR_110950	Hs.559790	NA
NR_002728	NR_002728	NR_002728		10984
NM_017588	NM_017588	NM_017588	Hs.397638	11091
NR_003078	NR_003078	NR_003078		NA
NM_170720	NM_170720	NM_170720	Hs.590945	3770
NR_002592	NR_002592	NR_002592		NA
NM_020039	NM_020039	NM_020039	Hs.274361	41
NM_015658	NM_015658	NM_015658	Hs.405987	26155
NM_198839	NM_198839	NM_198839	Hs.160556	31
TCONS_I2_00008603				NA
NM_003223	NM_003223	NM_003223	Hs.513305	7023
NM_002271	NM_002271	NM_002271	Hs.712598	3843
BC033263		BC033263	Hs.133107	NA
NM_014714	NM_014714	NM_014714	Hs.389438	9742
NM_005529	NM_005529	NM_005529	Hs.562227	3339
NM_001172504	NM_001172504	NM_001172504	Hs.78036	6530
NR_002561	NR_002561	NR_002561		NA
NM_003249	NM_003249	NM_003249	Hs.78769	7064
NR_000018	NR_000018	NR_000018	Hs.523185	NA
NR_038988	NR_038988	NR_038988	Hs.729408	NA
NM_005070	NM_005070	NM_005070	Hs.1176	6508
NR_022007	NR_022007	NR_022007	Hs.712714	5382
ENST00000551938	XR_110299	XR_110299	Hs.728856	NA
NM_080538	NM_080538	NM_080538	Hs.146735	8292
NR_003502	NR_003502	NR_003502	Hs.510645	441208
BC065722		BC065722		NA
NR_027503	NR_027503	NR_027503	Hs.675815	100133050
NM_013432	NM_013432	NM_013432	Hs.675285	4796
				NA
NM_001003927	NM_001003927	NM_001003927	Hs.591198	2123
NM_001996	NM_001996	NM_001996	Hs.24601	2192
NM_000852	NM_000852	NM_000852	Hs.523836	2950
NM_020759	NM_020759	NM_020759	Hs.122061	NA
NM_032498	NM_032498	NM_032498	Hs.567620	84528
NM_181435	NM_181435	NM_181435	Hs.171929	114899
NM_020936	NM_020936	NM_020936	Hs.286173	57696
NM_016291	NM_016291	NM_016291	Hs.595983	51447
ENST00000487099		BC027988	Hs.20131	2649
THC2771198				NA
NR_026566	NR_026566	NR_026566	Hs.571994	NA
ENST00000534258		BC046145	Hs.681787	NA
NM_004651	NM_004651	NM_004651	Hs.171501	8237

TCONS_00004156				NA
NM_015207	NM_015207	NM_015207	Hs.374987	23252
				NA
TCONS_I2_00011390				NA
NM_000296	NM_000296	NM_000296	Hs.640817	NA
ENST00000439905	XM_003118996	XM_003118996	Hs.631805	NA
NR_024582	NR_024582	NR_024582		NA
NM_006328	NM_006328	NM_006328	Hs.714949	10432
NM_000267	NM_000267	NM_000267	Hs.722984	NA
NR_002795	NR_002795	NR_002795	Hs.587427	221883
NM_001920	NM_001920	NM_001920	Hs.706674	1634
NM_014303	NM_014303	NM_014303	Hs.517543	23481
NM_001127464	NM_001127464	NM_001127464	Hs.54925	84627
NM_198207	NM_198207	NM_198207	Hs.412355	10715
NR_000006	NR_000006	NR_000006		NA
NM_033210	NM_033210	NM_033210	Hs.224843	91392
NR_026811	NR_026811	NR_026811	Hs.405809	80154
NM_004689	NM_004689	NM_004689	Hs.525629	9112
NM_016434	NM_016434	NM_016434	Hs.730810	51750
TCONS_00026840				NA
				NA
NM_002703	NM_002703	NM_002703	Hs.331420	5471
NM_016121	NM_016121	NM_016121	Hs.335139	51133
AK090442		AK090442	Hs.638552	NA
NM_007317	NM_007317	NM_007317	Hs.612151	3835
NR_003940	NR_003940	NR_003940	Hs.531856	NA
NM_181900	NM_181900	NM_181900	Hs.513075	80765
NM_024015	NM_024015	NM_024015	Hs.664706	3214
NM_152742	NM_152742	NM_152742	Hs.211701	221914
NM_014703	NM_014703	NM_014703	Hs.716623	9730
NM_001770	NM_001770	NM_001770	Hs.652262	930
AK094426		AK094426		284581
XR_109940	XR_109940	XR_109940		NA
NM_005679	NM_005679	NM_005679	Hs.153022	9013
NM_016463	NM_016463	NM_016463	Hs.189119	51523
NM_173803	NM_173803	NM_173803	Hs.720673	255027
NM_014178	NM_014178	NM_014178	Hs.508958	29091
NM_032758	NM_032758	NM_032758	Hs.474980	84844
NM_006836	NM_006836	NM_006836	Hs.298716	10985
NM_014138	NM_014138	NM_014138	Hs.653131	29057
NR_003695	NR_003695	NR_003695		NA
NR_002921	NR_002921	NR_002921		NA
NR_015441	NR_015441	NR_015441	Hs.720448	652276
TCONS_00017540				NA

NM_030817	NM_030817	NM_030817	Hs.23388	81575
NM_031206	NM_031206	NM_031206	Hs.522675	81887
NM_015302	NM_015302	NM_015302	Hs.7426	23354
NM_207191	NM_207191	NM_207191	Hs.312098	8751
NM_016368	NM_016368	NM_016368	Hs.405873	51477
ENST00000479835		AY358103	Hs.674397	3092
NM_001013674	NM_001013674	NM_001013674	Hs.666621	400757
NR_002327	NR_002327	NR_002327	Hs.679928	NA
NM_000535	NM_000535	NM_000535	Hs.620960	NA
NM_002100	NM_002100	NM_002100	Hs.654368	2994
NM_018205	NM_018205	NM_018205	Hs.7778	55222
NR_000028	NR_000028	NR_000028		NA
AK097991		AK097991	Hs.646543	NA
NM_017852	NM_017852	NM_017852	Hs.369279	55655
NM_021114	NM_021114	NM_021114	Hs.98243	6691
NM_202000	NM_202000	NM_202000	Hs.706754	6296
NM_001951	NM_001951	NM_001951	Hs.445758	1875
NM_025081	NM_025081	NM_025081	Hs.288348	57523
NM_002456	NM_002456	NM_002456	Hs.89603	4582
NR_001290	NR_001290	NR_001290	Hs.555970	727708
NM_001098802	NM_001098802	NM_001098802	Hs.374421	84131
AK122666		AK122666	Hs.122061	NA
NM_000076	NM_000076	NM_000076	Hs.106070	1028
NM_199329	NM_199329	NM_199329	Hs.99962	29015
NR_024034	NR_024034	NR_024034		100132341
NM_006546	NM_006546	NM_006546	Hs.144936	10642
NM_032366	NM_032366	NM_032366	Hs.239500	84326
THC2533495				NA
NM_018188	NM_018188	NM_018188	Hs.23413	55210
NM_021998	NM_021998	NM_021998	Hs.326801	7552
NM_024016	NM_024016	NM_024016	Hs.514292	3218
NM_145312	NM_145312	NM_145312	Hs.147440	220992
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NM_016448	NM_016448	NM_016448	Hs.656473	51514
XM_003403462	XM_003403462	XM_003403462		NA
NM_020804	NM_020804	NM_020804	Hs.520087	29993
NR_002450	NR_002450	NR_002450		NA
NR_002745	NR_002745	NR_002745		NA
NM_018130	NM_018130	NM_018130	Hs.606584	55164
NM_014832	NM_014832	NM_014832	Hs.210891	9882
TCONS_00022796				NA
NM_148965	NM_148965	NM_148965	Hs.462529	8718
NM_015871	NM_015871	NM_015871	Hs.477273	51042
NR_004396	NR_004396	NR_004396		NA

NR_003939	NR_003939	NR_003939		NA
NM_000930	NM_000930	NM_000930	Hs.491582	5327
NR_024456	NR_024456	NR_024456	Hs.648439	100190986
NM_031921	NM_031921	NM_031921	Hs.729021	83858
NM_000019	NM_000019	NM_000019	Hs.232375	38
				NA
XR_109242	XR_109242	XR_109242	Hs.369728	NA
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.688580	NA
NM_021998	NM_021998	NM_021998	Hs.326801	7552
ENST00000466949				3115
NM_206914	NM_206914	NM_206914	Hs.632720	25895
NM_014657	NM_014657	NM_014657	Hs.655481	9675
XR_110237	XR_110237	XR_110237	Hs.46519	NA
ENST00000472022		AF113122	Hs.373857	11278
NM_000692	NM_000692	NM_000692	Hs.436219	219
NR_029426	NR_029426	NR_029426	Hs.582500	11039
NM_017918	NM_017918	NM_017918	Hs.234149	55013
NR_002761	NR_002761	NR_002761	Hs.730651	26855
NM_019082	NM_019082	NM_019082	Hs.654762	54606
NM_031921	NM_031921	NM_031921	Hs.729021	83858
NM_006735	NM_006735	NM_006735	Hs.592177	3199
EF413001		EF413001	Hs.711077	NA
NR_002710	NR_002710	NR_002710	Hs.378695	245
NM_024053	NM_024053	NM_024053	Hs.208912	79019
NM_016269	NM_016269	NM_016269	Hs.555947	51176
NR_003049	NR_003049	NR_003049		NA
NM_024322	NM_024322	NM_024322	Hs.467898	79172
NM_016459	NM_016459	NM_016459	Hs.409563	51237
NM_004897	NM_004897	NM_004897	Hs.121260	9562
ENST00000553134	XR_110299	XR_110299	Hs.728856	NA
NM_001004419	NM_001004419	NM_001004419	Hs.268326	29121
NM_001005735	NM_001005735	NM_001005735	Hs.505297	NA
NM_004499	NM_004499	NM_004499	Hs.591731	3182
NM_015465	NM_015465	NM_015465	Hs.483921	25929
XR_109439	XR_109439	XR_109439		NA
				NA
NM_013382	NM_013382	NM_013382	Hs.132989	29954
THC2503819				NA
NM_018109	NM_018109	NM_018109	Hs.173946	55149
NM_058219	NM_058219	NM_058219	Hs.660633	118460
NM_002567	NM_002567	NM_002567	Hs.433863	5037
NM_017573	NM_017573	NM_017573	Hs.46884	54760
ENST00000419825				60526
NM_001402	NM_001402	NM_001402	Hs.535192	1915

NM_014262	NM_014262	NM_014262	Hs.631655	10536
NR_024582	NR_024582	NR_024582		NA
NM_080664	NM_080664	NM_080664	Hs.116014	112487
NM_031921	NM_031921	NM_031921	Hs.729021	83858
NM_173551	NM_173551	NM_173551	Hs.406890	203286
NM_006408	NM_006408	NM_006408	Hs.530009	10551
NM_145862	NM_145862	NM_145862	Hs.291363	11200
NM_001080539	NM_001080539	NM_001080539	Hs.132519	284992
NM_004962	NM_004962	NM_004962	Hs.2171	2662
ENST00000507290		BC014604		NA
NR_003017	NR_003017	NR_003017		NA
BC042982		BC042982	Hs.557756	NA
NM_004095	NM_004095	NM_004095	Hs.411641	1978
NM_015662	NM_015662	NM_015662	Hs.127401	26160
XR_109440	XR_109440	XR_109440		NA
NM_004341	NM_004341	NM_004341	Hs.377010	790
NM_001083961	NM_001083961	NM_001083961	Hs.116244	284403
NM_005320	NM_005320	NM_005320	Hs.136857	3007
NM_001002029	NM_001002029	NM_001002029	Hs.720022	721
NM_017868	NM_017868	NM_017868	Hs.288772	54970
NM_145287	NM_145287	NM_145287	Hs.352635	162655
NM_152739	NM_152739	NM_152739	Hs.659350	3205
NM_007317	NM_007317	NM_007317	Hs.612151	3835
NM_001005735	NM_001005735	NM_001005735	Hs.505297	NA
NM_002466	NM_002466	NM_002466	Hs.179718	4605
NM_001500	NM_001500	NM_001500	Hs.144496	2762
NM_000535	NM_000535	NM_000535	Hs.659871	NA
BM997047		BM997047	Hs.584185	NA
NR_024448	NR_024448	NR_024448	Hs.148656	91316
NM_002538	NM_002538	NM_002538	Hs.592605	100506658
				NA
NR_003614	NR_003614	NR_003614	Hs.661055	5380
NM_003599	NM_003599	NM_003599	Hs.368325	8464
NM_000062	NM_000062	NM_000062	Hs.384598	710
NR_003367	NR_003367	NR_003367		NA
NM_018193	NM_018193	NM_018193	Hs.513126	55215
NM_030652	NM_030652	NM_030652	Hs.332138	80864
NM_001077685	NM_001077685	NM_001077685	Hs.528346	653268
NM_052844	NM_052844	NM_052844	Hs.495240	89891
TCONS_00003923				NA
NM_006314	NM_006314	NM_006314	Hs.726160	10256
NR_002598	NR_002598	NR_002598		NA
NM_014753	NM_014753	NM_014753	Hs.10848	9790
XR_111563	XR_111563	XR_111563	Hs.720286	NA

NM_002975	NM_002975	NM_002975	Hs.512680	6320
THC2561048				NA
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	387066
ENST00000532936		BM925287	Hs.681787	NA
NM_003522	NM_003522	NM_003522	Hs.182137	8343
NR_002958	NR_002958	NR_002958	Hs.731295	NA
NM_018192	NM_018192	NM_018192	Hs.374191	55214
ENST00000520024		BQ417053	Hs.638313	NA
BC070492		BC070492		NA
NM_138610	NM_138610	NM_138610	Hs.420272	9555
ENST00000369475		AB012143	Hs.567378	8732
NM_138384	NM_138384	NM_138384	Hs.501578	92170
AK055942		AK055942	Hs.461706	NA
NM_024333	NM_024333	NM_024333	Hs.28144	79187
NM_014264	NM_014264	NM_014264	Hs.172052	10733
NM_006231	NM_006231	NM_006231	Hs.524871	5426
NM_025081	NM_025081	NM_025081	Hs.288348	57523
NM_001190	NM_001190	NM_001190	Hs.512670	587
NM_178167	NM_178167	NM_178167	Hs.343828	90850
NM_020677	NM_020677	NM_020677	Hs.288969	57407
ENST00000238571		L40403	Hs.531111	56252
NM_004698	NM_004698	NM_004698	Hs.11776	9129
NR_004388	NR_004388	NR_004388		NA
NM_020789	NM_020789	NM_020789	Hs.591472	57549
ENST00000526586		BG987537	Hs.679928	6187
NM_025108	NM_025108	NM_025108	Hs.534491	80178
NR_027776	NR_027776	NR_027776	Hs.647025	5383
ENST00000431244				NA
NM_001048199	NM_001048199	NM_001048199	Hs.469723	1104
NM_002285	NM_002285	NM_002285	Hs.444414	3899
NM_001099694	NM_001099694	NM_001099694	Hs.157287	147660
ENST00000463434		BC067351	Hs.675815	NA
NM_001466	NM_001466	NM_001466	Hs.142912	2535
NM_013314	NM_013314	NM_013314	Hs.665244	29760
NM_000535	NM_000535	NM_000535	Hs.632637	5395
NR_003213	NR_003213	NR_003213		NA
NM_001338	NM_001338	NM_001338	Hs.634837	1525
NM_182552	NM_182552	NM_182552	Hs.131903	253769
NM_020342	NM_020342	NM_020342	Hs.650158	57181
NM_006709	NM_006709	NM_006709	Hs.709218	10919
NR_026997	NR_026997	NR_026997	Hs.133159	348645
THC2544756				NA
NM_183002	NM_183002	NM_183002	Hs.337696	6547
NM_002977	NM_002977	NM_002977	Hs.439145	6335

THC2504295				NA
XR_111617	XR_111617	XR_111617	Hs.659870	NA
NM_006473	NM_006473	NM_006473	Hs.714400	10629
NR_024054	NR_024054	NR_024054	Hs.652536	100170939
NR_023383	NR_023383	NR_023383	Hs.647025	441263
NM_001083953	NM_001083953	NM_001083953	Hs.369592	63892
NM_020936	NM_020936	NM_020936	Hs.286173	57696
NR_000005	NR_000005	NR_000005	Hs.689081	6079
NM_006718	NM_006718	NM_006718	Hs.725973	5325
NM_201412	NM_201412	NM_201412	Hs.16803	55692
NR_001564	NR_001564	NR_001564	Hs.529901	NA
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NR_004399	NR_004399	NR_004399	Hs.376064	NA
				NA
NM_199420	NM_199420	NM_199420	Hs.241517	10721
NM_001127232	NM_001127232	NM_001127232	Hs.21631	26053
NR_002963	NR_002963	NR_002963	Hs.731292	NA
NM_145053	NM_145053	NM_145053	Hs.10688	143630
NM_014551	NM_014551	NM_014551	Hs.730607	29781
NM_138555	NM_138555	NM_138555	Hs.270845	9493
NM_001361	NM_001361	NM_001361	Hs.654427	1723
NM_001134316	NM_001134316	NM_001134316	Hs.631838	163154
NR_002961	NR_002961	NR_002961		NA
AF390550		AF390550		NA
NR_028374	NR_028374	NR_028374	Hs.730525	NA
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.688580	NA
NM_006392	NM_006392	NM_006392	Hs.376064	10528
ENST00000438418	XM_003403509	XM_003403509	Hs.543235	NA
THC2578982				NA
NR_001557	NR_001557	NR_001557		344454
NM_003796	NM_003796	NM_003796	Hs.466391	8725
XM_003403523	XM_003403523	XM_003403523	Hs.728390	NA
NM_018150	NM_018150	NM_018150	Hs.456557	55182
NM_005322	NM_005322	NM_005322	Hs.131956	3009
ENST00000466694				9818
NM_014089	NM_014089	NM_014089	Hs.507537	9818
NM_001242480	NM_001242480	NM_001242480	Hs.708293	389831
BC132927		BC132927		202020
NR_015410	NR_015410	NR_015410	Hs.712707	401237
NM_173832	NM_173832	NM_173832	Hs.668016	286128
NM_020209	NM_020209	NM_020209	Hs.7423	56961
NM_020131	NM_020131	NM_020131	Hs.283739	56893
NR_002985	NR_002985	NR_002985		NA
AK091931		AK091931		NA

NM_144570	NM_144570	NM_144570	Hs.513261	90861
NM_001178117	NM_001178117	NM_001178117	Hs.121260	9562
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NM_001012959	NM_001012959	NM_001012959	Hs.13318	27185
NM_000267	NM_000267	NM_000267	Hs.113577	4763
NM_152992	NM_152992	NM_152992	Hs.488877	22932
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NR_002563	NR_002563	NR_002563		NA
NM_022765	NM_022765	NM_022765	Hs.33476	64780
NM_001013659	NM_001013659	NM_001013659	Hs.568010	390927
NR_003504	NR_003504	NR_003504	Hs.675815	NA
NM_001099653	NM_001099653	NM_001099653	Hs.591652	NA
ENST00000520314	XM_003119524	XM_003119524		NA
NM_017482	NM_017482	NM_017482	Hs.188528	119
NM_004217	NM_004217	NM_004217	Hs.442658	9212
XR_110372	XR_110372	XR_110372	Hs.685856	100129940
NR_038279	NR_038279	NR_038279	Hs.595153	NA
NM_003685	NM_003685	NM_003685	Hs.91142	8570
THC2623129				NA
NM_003296	NM_003296	NM_003296	Hs.2042	7180
NM_018317	NM_018317	NM_018317	Hs.479403	55296
NM_031909	NM_031909	NM_031909	Hs.662633	114900
NM_006195	NM_006195	NM_006195	Hs.428027	5090
NM_001187	NM_001187	NM_001187	Hs.545789	574
BX111592		BX111592	Hs.112603	NA
NR_024403	NR_024403	NR_024403	Hs.7921	NA
ENST00000420912	XR_108753	XR_108753	Hs.114761	NA
NM_181805	NM_181805	NM_181805	Hs.472831	11142
NM_001242812	NM_001242812	NM_001242812		NA
NM_001135243	NM_001135243	NM_001135243	Hs.519672	6949
ENST00000326237	XR_110030	XR_110030	Hs.666816	NA
NM_004332	NM_004332	NM_004332	Hs.10136	670
NM_032682	NM_032682	NM_032682	Hs.431498	27086
TCONS_I2_00008534				NA
NM_012263	NM_012263	NM_012263	Hs.660298	25809
TCONS_00000997				NA
NM_016277	NM_016277	NM_016277	Hs.555016	51715
ENST00000535190		CR979835	Hs.669460	NA
ENST00000452050		BM457408	Hs.453788	NA
NM_018255	NM_018255	NM_018255	Hs.8739	55250
NM_005477	NM_005477	NM_005477	Hs.86941	10021
NM_020745	NM_020745	NM_020745	Hs.158381	57505
BF346224		BF346224	Hs.659987	NA
NM_206886	NM_206886	NM_206886	Hs.310637	343099

NM_181356	NM_181356	NM_181356	Hs.368325	8464
NM_017547	NM_017547	NM_017547	Hs.317190	55572
NM_017775	NM_017775	NM_017775	Hs.462316	54902
NR_000016	NR_000016	NR_000016		NA
NM_032329	NM_032329	NM_032329	Hs.529172	84289
NR_003367	NR_003367	NR_003367	Hs.133107	NA
NM_138432	NM_138432	NM_138432	Hs.337594	113675
NR_029388	NR_029388	NR_029388	Hs.709171	NA
NM_007152	NM_007152	NM_007152	Hs.386294	7748
NM_003071	NM_003071	NM_003071	Hs.3068	6596
AF461897		AF461897		NA
ENST00000471090				NA
NR_038260	NR_038260	NR_038260	Hs.648369	NA
NM_004704	NM_004704	NM_004704	Hs.153768	9136
NM_006306	NM_006306	NM_006306	Hs.211602	8243
NM_014585	NM_014585	NM_014585	Hs.643005	30061
ENST00000446344	XR_132615	XR_132615	Hs.123450	NA
NM_015537	NM_015537	NM_015537	Hs.455336	26012
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.688580	NA
NM_006191	NM_006191	NM_006191	Hs.524498	5036
NM_024100	NM_024100	NM_024100	Hs.325321	57418
NR_003010	NR_003010	NR_003010	Hs.689636	677777
XR_110300	XR_110300	XR_110300		NA
NM_001259	NM_001259	NM_001259	Hs.119882	1021
NR_026873	NR_026873	NR_026873	Hs.50755	285908
DW407923		DW407923	Hs.689695	677773
NR_004404	NR_004404	NR_004404	Hs.469723	26768
NM_005441	NM_005441	NM_005441	Hs.75238	8208
NM_019858	NM_019858	NM_019858	Hs.631654	27239
NR_004390	NR_004390	NR_004390		NA
NM_001135865	NM_001135865	NM_001135865	Hs.720286	100132247
NR_027439	NR_027439	NR_027439	Hs.634013	100272216
NR_002571	NR_002571	NR_002571		NA
NM_003116	NM_003116	NM_003116	Hs.123159	6676
NM_018144	NM_018144	NM_018144	Hs.112955	55176
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.688580	NA
NM_001080449	NM_001080449	NM_001080449	Hs.532446	1763
NR_028506	NR_028506	NR_028506	Hs.722451	440225
NR_000025	NR_000025	NR_000025	Hs.689080	NA
NR_002995	NR_002995	NR_002995	Hs.405444	NA
AK090765		AK090765		NA
NM_016368	NM_016368	NM_016368	Hs.405873	51477
NM_017647	NM_017647	NM_017647	Hs.463785	117246
NR_003069	NR_003069	NR_003069		NA

NM_003012	NM_003012	NM_003012	Hs.213424	6422
NM_025268	NM_025268	NM_025268	Hs.157527	80757
NM_015425	NM_015425	NM_015425	Hs.531818	25885
NM_031484	NM_031484	NM_031484	Hs.730701	83742
NM_001012271	NM_001012271	NM_001012271	Hs.728893	332
NM_015888	NM_015888	NM_015888	Hs.378836	51361
NM_003488	NM_003488	NM_003488	Hs.463506	8165
ENST00000395260		BC025765	Hs.58559	219790
NM_012118	NM_012118	NM_012118	Hs.656047	25819
NM_015056	NM_015056	NM_015056	Hs.565725	23076
NM_017865	NM_017865	NM_017865	Hs.377705	55657
NM_033423	NM_033423	NM_033423	Hs.348264	2999
NM_003893	NM_003893	NM_003893	Hs.454418	8861
NM_003436	NM_003436	NM_003436	Hs.85863	7694
NM_022768	NM_022768	NM_022768	Hs.435947	64783
NM_001039355	NM_001039355	NM_001039355	Hs.578109	123096
NM_024110	NM_024110	NM_024110	Hs.696253	79092
NR_000020	NR_000020	NR_000020	Hs.523185	NA
NM_001417	NM_001417	NM_001417	Hs.648394	1975
NM_175859	NM_175859	NM_175859	Hs.227049	56474
NM_198458	NM_198458	NM_198458	Hs.447840	162968
NM_152259	NM_152259	NM_152259	Hs.441708	90381
				NA
NM_020536	NM_020536	NM_020536	Hs.728790	57325
NM_024955	NM_024955	NM_024955	Hs.387601	80020
NM_020799	NM_020799	NM_020799	Hs.16229	57559
NM_052843	NM_052843	NM_052843	Hs.656999	84033
NM_182905	NM_182905	NM_182905	Hs.629487	NA
NM_080740	NM_080740	NM_080740	Hs.178665	129025
NM_001002876	NM_001002876	NM_001002876	Hs.208912	79019
NM_006769	NM_006769	NM_006769	Hs.436792	8543
BX647358		BX647358	Hs.513695	283970
NM_020431	NM_020431	NM_020431	Hs.22452	57156
NM_019067	NM_019067	NM_019067	Hs.654677	54552
ENST00000420956				NA
NM_020062	NM_020062	NM_020062	Hs.435126	56731
NM_173515	NM_173515	NM_173515	Hs.16064	154043
NM_003629	NM_003629	NM_003629	Hs.655387	8503
NM_005911	NM_005911	NM_005911	Hs.516157	4144
NM_013239	NM_013239	NM_013239	Hs.124942	28227
XR_109418	XR_109418	XR_109418		NA
NR_024582	NR_024582	NR_024582		NA
NM_014708	NM_014708	NM_014708	Hs.300559	9735
NM_001135924	NM_001135924	NM_001135924	Hs.669526	221806

XR_108881	XR_108881	XR_108881		NA
NM_000535	NM_000535	NM_000535	Hs.632637	5395
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NM_016089	NM_016089	NM_016089	Hs.172602	51385
AK127969		AK127969		100128202
NM_001010924	NM_001010924	NM_001010924	Hs.66762	221061
NM_182679	NM_182679	NM_182679	Hs.193832	54865
NM_002623	NM_002623	NM_002623	Hs.91161	5203
NM_014363	NM_014363	NM_014363	Hs.159492	26278
NM_021070	NM_021070	NM_021070	Hs.289019	4054
NM_144596	NM_144596	NM_144596	Hs.303055	123016
NM_133450	NM_133450	NM_133450	Hs.654859	124401
NM_001077685	NM_001077685	NM_001077685	Hs.528346	653268
NM_018296	NM_018296	NM_018296	Hs.125139	55282
NM_001199290	NM_001199290	NM_001199290	Hs.655150	100526832
NM_001042517	NM_001042517	NM_001042517	Hs.283127	81624
NM_001033886	NM_001033886	NM_001033886	Hs.522891	6387
NR_003367	NR_003367	NR_003367		NA
XR_110258	XR_110258	XR_110258	Hs.676553	NA
NM_015485	NM_015485	NM_015485	Hs.709591	25950
NR_003016	NR_003016	NR_003016		NA
XR_111844	XR_111844	XR_111844	Hs.629249	NA
NM_015659	NM_015659	NM_015659	Hs.401842	26156
NM_182540	NM_182540	NM_182540	Hs.496829	203522
NM_001077685	NM_001077685	NM_001077685	Hs.528346	653268
AK129775		AK129775	Hs.721654	NA
NM_014660	NM_014660	NM_014660	Hs.655688	9678
AK075287		AK075287	Hs.381225	147841
XM_003403479	XM_003403479	XM_003403479		NA
NM_080649	NM_080649	NM_080649	Hs.73722	328
NM_020945	NM_020945	NM_020945	Hs.287379	57705
NR_003610	NR_003610	NR_003610	Hs.715230	NA
NM_014878	NM_014878	NM_014878	Hs.493309	9933
NR_002736	NR_002736	NR_002736		NA
NM_014141	NM_014141	NM_014141	Hs.655684	26047
NM_181503	NM_181503	NM_181503	Hs.294041	11340
NM_001142864	NM_001142864	NM_001142864	Hs.377001	9780
TCONS_I2_00030224				NA
NM_015062	NM_015062	NM_015062	Hs.533551	23082
NM_022897	NM_022897	NM_022897	Hs.410810	64901
NM_006781	NM_006781	NM_006781	Hs.567414	10665
NM_152432	NM_152432	NM_152432	Hs.269837	143872
NR_002325	NR_002325	NR_002325	Hs.728658	NA
AK127688		AK127688	Hs.516243	574406

NM_018151	NM_018151	NM_018151	Hs.655671	55183
NM_146388	NM_146388	NM_146388	Hs.279652	51073
NM_022346	NM_022346	NM_022346	Hs.567567	64151
TCONS_I2_00012420				NA
NM_173620	NM_173620	NM_173620	Hs.444743	284004
TCONS_00010350				NA
NR_002447	NR_002447	NR_002447	Hs.731329	NA
NM_001085375	NM_001085375	NM_001085375	Hs.447011	400793
NM_030577	NM_030577	NM_030577	Hs.439991	80775
ENST00000415434		BG772076	Hs.130180	NA
NM_014317	NM_014317	NM_014317	Hs.558468	23590
NM_001243740	NM_001243740	NM_001243740	Hs.655205	NA
NR_000021	NR_000021	NR_000021	Hs.523185	NA
NM_203463	NM_203463	NM_203463	Hs.506829	253782
NM_194252	NM_194252	NM_194252	Hs.640663	158135
				NA
NM_022662	NM_022662	NM_022662	Hs.436527	64682
NM_001007248	NM_001007248	NM_001007248	Hs.590961	148103
NM_001185095	NM_001185095	NM_001185095	Hs.4944	83543
NR_003073	NR_003073	NR_003073		NA
ENST00000411904	XR_110096	XR_110096	Hs.191591	NA
NR_003367	NR_003367	NR_003367	Hs.133107	5820
AK127393		AK127393	Hs.644332	645566
NM_025190	NM_025190	NM_025190	Hs.532921	57730
TCONS_I2_00017153				NA
NM_014682	NM_014682	NM_014682	Hs.655499	9705
				NA
NM_005504	NM_005504	NM_005504	Hs.438993	586
ENST00000438010		CR604707	Hs.661155	NA
NM_001010866	NM_001010866	NM_001010866	Hs.632365	199953
THC2731377				NA
NM_001077685	NM_001077685	NM_001077685	Hs.528346	653268
NM_002940	NM_002940	NM_002940	Hs.12013	6059
NM_015092	NM_015092	NM_015092	Hs.723071	NA
NM_005681	NM_005681	NM_005681	Hs.153088	9015
NM_003537	NM_003537	NM_003537	Hs.533292	8358
NM_138778	NM_138778	NM_138778	Hs.292570	92715
NR_002989	NR_002989	NR_002989	Hs.688848	677847
ENST00000542925	XM_003119524	XM_003119524		NA
NM_007355	NM_007355	NM_007355	Hs.509736	3326
NM_001416	NM_001416	NM_001416	Hs.129673	1973
NM_182706	NM_182706	NM_182706	Hs.436329	23513
NR_002768	NR_002768	NR_002768	Hs.657760	57061
NM_006769	NM_006769	NM_006769	Hs.436792	8543

NM_001012505	NM_001012505	NM_001012505	Hs.431498	27086
TCONS_I2_00028204				NA
NM_032143	NM_032143	NM_032143	Hs.658422	84083
TCONS_00016208				NA
NM_000609	NM_000609	NM_000609	Hs.522891	6387
NR_003367	NR_003367	NR_003367		NA
NR_024052	NR_024052	NR_024052	Hs.485041	414777
NR_000019	NR_000019	NR_000019	Hs.523185	NA
NM_012227	NM_012227	NM_012227	Hs.437145	8225
NM_024864	NM_024864	NM_024864	Hs.194864	79922
				NA
ENST00000493650	XM_003118933	XM_003118933	Hs.729648	NA
XR_132576	XR_132576	XR_132576		NA
NM_080669	NM_080669	NM_080669	Hs.446689	113235
CR604707		CR604707	Hs.661155	NA
NR_002952	NR_002952	NR_002952	Hs.731296	NA
NR_000024	NR_000024	NR_000024		NA
NM_145731	NM_145731	NM_145731	Hs.216226	9145
NM_032591	NM_032591	NM_032591	Hs.496057	84679
NM_174855	NM_174855	NM_174855	Hs.436405	3420
NM_006717	NM_006717	NM_006717	Hs.146804	10927
NM_031915	NM_031915	NM_031915	Hs.631789	83852
NM_176096	NM_176096	NM_176096	Hs.20157	80279
NM_014389	NM_014389	NM_014389	Hs.730653	27043
				NA
				NA
NM_133330	NM_133330	NM_133330	Hs.113876	7468
NR_015454	NR_015454	NR_015454	Hs.336958	92659
NM_018116	NM_018116	NM_018116	Hs.656547	55154
NM_016373	NM_016373	NM_016373	Hs.461453	51741
				NA
NM_020945	NM_020945	NM_020945	Hs.287379	57705
NM_005646	NM_005646	NM_005646	Hs.498115	6894
NM_031314	NM_031314	NM_031314	Hs.508848	3183
NM_006706	NM_006706	NM_006706	Hs.443465	10915
NM_001206998	NM_001206998	NM_001206998	Hs.655242	84133
NM_012193	NM_012193	NM_012193	Hs.591968	8322
NM_052843	NM_052843	NM_052843	Hs.656999	84033
NM_018206	NM_018206	NM_018206	Hs.454528	NA
NM_004137	NM_004137	NM_004137	Hs.484099	3779
NR_026589	NR_026589	NR_026589	Hs.558967	NA
NM_022157	NM_022157	NM_022157	Hs.532461	64121
NM_206866	NM_206866	NM_206866	Hs.154276	571
NM_004226	NM_004226	NM_004226	Hs.88297	9262

NM_001042353	NM_001042353	NM_001042353	Hs.574822	83541
NM_014417	NM_014417	NM_014417	Hs.467020	27113
NM_003290	NM_003290	NM_003290	Hs.631618	7171
NM_022073	NM_022073	NM_022073	Hs.135507	112399
NM_080759	NM_080759	NM_080759	Hs.129452	1602
NM_001779	NM_001779	NM_001779	Hs.34341	965
AK094767		AK094767	Hs.591170	NA
NM_018370	NM_018370	NM_018370	Hs.730859	55332
NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA
ENST00000256969		AK311217	Hs.130692	80763
NM_005550	NM_005550	NM_005550	Hs.23131	3801
XR_110396	XR_110396	XR_110396	Hs.679136	NA
NM_020746	NM_020746	NM_020746	Hs.570362	NA
NM_000962	NM_000962	NM_000962	Hs.201978	5742
NM_005276	NM_005276	NM_005276	Hs.524418	2819
NM_015954	NM_015954	NM_015954	Hs.39429	51071
NM_020746	NM_020746	NM_020746	Hs.570362	NA
ENST00000441644		BU960446	Hs.518527	NA
NM_001002296	NM_001002296	NM_001002296	Hs.654773	51125
NM_000610	NM_000610	NM_000610	Hs.502328	960
NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	378805
NM_006407	NM_006407	NM_006407	Hs.730695	10550
NM_033177	NM_033177	NM_033177	Hs.247478	7918
ENST00000393559				3912
NM_001779	NM_001779	NM_001779	Hs.34341	965
NM_025201	NM_025201	NM_025201	Hs.709337	80301
NM_018890	NM_018890	NM_018890	Hs.413812	5879
NM_006636	NM_006636	NM_006636	Hs.469030	10797
NM_203505	NM_203505	NM_203505	Hs.303676	9908
NM_003838	NM_003838	NM_003838	Hs.480085	8790
NM_001060	NM_001060	NM_001060	Hs.442530	6915
NM_001695	NM_001695	NM_001695	Hs.86905	528
NM_016347	NM_016347	NM_016347	Hs.728429	51471
NR_027099	NR_027099	NR_027099		NA
TCONS_00027385				NA
XR_109951	XR_109951	XR_109951		NA
NM_002127	NM_002127	NM_002127	Hs.512152	3135
NM_020056	NM_020056	NM_020056	Hs.591798	3118
ENST00000375678		AK097804	Hs.729596	NA
				NA
NM_024734	NM_024734	NM_024734	Hs.301478	79789
THC2723627				NA
NM_004614	NM_004614	NM_004614	Hs.512619	7084
NM_019034	NM_019034	NM_019034	Hs.720066	54509

NM_001198807	NM_001198807	NM_001198807	Hs.530272	91283
NM_002599	NM_002599	NM_002599	Hs.503163	5138
NM_181598	NM_181598	NM_181598	Hs.584905	51062
NM_003493	NM_003493	NM_003493	Hs.248171	8290
THC2593778				NA
NM_005494	NM_005494	NM_005494	Hs.593923	10049
NM_005546	NM_005546	NM_005546	Hs.558348	3702
NM_003671	NM_003671	NM_003671	Hs.40582	8555
NM_004339	NM_004339	NM_004339	Hs.474010	754
NM_014238	NM_014238	NM_014238	Hs.133534	8844
NM_019080	NM_019080	NM_019080	Hs.525093	54602
ENST00000425688		BI762903	Hs.616944	NA
NM_174923	NM_174923	NM_174923	Hs.730860	203260
NR_040515	NR_040515	NR_040515	Hs.9731	4793
NM_000634	NM_000634	NM_000634	Hs.194778	3577
NM_206907	NM_206907	NM_206907	Hs.43322	5562
NM_001035254	NM_001035254	NM_001035254	Hs.535972	399665
NM_001170330	NM_001170330	NM_001170330	Hs.173705	401152
NM_054013	NM_054013	NM_054013	Hs.567419	NA
ENST00000390363		AB306151	Hs.511735	NA
NM_001008566	NM_001008566	NM_001008566	Hs.632768	8459
NM_006496	NM_006496	NM_006496	Hs.73799	2773
NM_022355	NM_022355	NM_022355	Hs.372633	64174
NM_001166663	NM_001166663	NM_001166663	Hs.157872	51744
NM_005331	NM_005331	NM_005331	Hs.247921	3049
NM_015028	NM_015028	NM_015028	Hs.34024	23043
NM_014646	NM_014646	NM_014646	Hs.132342	9663
NM_006242	NM_006242	NM_006242	Hs.42215	5509
NM_001001890	NM_001001890	NM_001001890	Hs.149261	861
NM_004388	NM_004388	NM_004388	Hs.513557	1486
NM_000681	NM_000681	NM_000681	Hs.249159	150
NM_001037288	NM_001037288	NM_001037288	Hs.99272	116173
NM_001190981	NM_001190981	NM_001190981	Hs.532082	3572
NM_001098398	NM_001098398	NM_001098398	Hs.162121	1314
NM_033027	NM_033027	NM_033027	Hs.370950	64651
NM_144673	NM_144673	NM_144673	Hs.195685	146225
ENST00000377039		AB208831		369
TCONS_00014902				NA
NM_018964	NM_018964	NM_018964	Hs.547009	54020
NM_000921	NM_000921	NM_000921	Hs.591150	5139
ENST00000444464	XR_109456	XR_109456	Hs.615628	NA
NM_002222	NM_002222	NM_002222	Hs.567295	3708
NM_001005339	NM_001005339	NM_001005339	Hs.501200	6001
NM_002032	NM_002032	NM_002032	Hs.524910	2495

NM_203434	NM_203434	NM_203434	Hs.529857	389792
NM_080652	NM_080652	NM_080652	Hs.692209	90407
NM_017735	NM_017735	NM_017735	Hs.468125	55622
NM_138961	NM_138961	NM_138961	Hs.173840	90952
NM_004759	NM_004759	NM_004759	Hs.643566	9261
NM_005304	NM_005304	NM_005304	Hs.248055	2865
ENST00000521369		BC040619	Hs.127286	NA
NM_020940	NM_020940	NM_020940	Hs.192619	57700
NM_017853	NM_017853	NM_017853	Hs.134406	54957
NM_001008530	NM_001008530	NM_001008530	Hs.18069	5641
NM_080546	NM_080546	NM_080546	Hs.573495	23446
NM_031301	NM_031301	NM_031301	Hs.511703	83464
NM_002863	NM_002863	NM_002863	Hs.282417	5836
NM_001660	NM_001660	NM_001660	Hs.652183	378
NM_021237	NM_021237	NM_021237	Hs.58471	58515
NM_015093	NM_015093	NM_015093	Hs.269775	23118
NM_053003	NM_053003	NM_053003	Hs.249741	89858
M26429		M26429	Hs.654404	3107
NM_020200	NM_020200	NM_020200	Hs.405619	56952
NM_001031804	NM_001031804	NM_001031804	Hs.134859	4094
NM_138568	NM_138568	NM_138568	Hs.337557	90332
NM_033285	NM_033285	NM_033285	Hs.492261	94241
NM_005920	NM_005920	NM_005920	Hs.314327	4209
NM_003405	NM_003405	NM_003405	Hs.226755	7533
NM_017694	NM_017694	NM_017694	Hs.730960	54842
NM_001164257	NM_001164257	NM_001164257	Hs.708161	92340
NM_001024660	NM_001024660	NM_001024660	Hs.8004	8997
BC041488		BC041488	Hs.661076	339260
NM_006572	NM_006572	NM_006572	Hs.515018	10672
NM_015350	NM_015350	NM_015350	Hs.482017	23507
NM_198531	NM_198531	NM_198531	Hs.465475	374868
NM_017988	NM_017988	NM_017988	Hs.506481	55681
NM_006282	NM_006282	NM_006282	Hs.472838	6789
TCONS_I2_00010170				NA
NM_018566	NM_018566	NM_018566	Hs.567533	55432
NM_005098	NM_005098	NM_005098	Hs.442619	9242
NM_000857	NM_000857	NM_000857	Hs.77890	2983
NM_025106	NM_025106	NM_025106	Hs.8261	80176
NM_001244959	NM_001244959	NM_001244959	Hs.709357	257019
NM_014266	NM_014266	NM_014266	Hs.117339	10870
NM_022096	NM_022096	NM_022096	Hs.70903	63926
NM_001134693	NM_001134693	NM_001134693	Hs.502948	100128731
NM_025245	NM_025245	NM_025245	Hs.466257	80714
NM_022171	NM_022171	NM_022171	Hs.517962	6988

NM_020194	NM_020194	NM_020194	Hs.471528	56947
XR_132783	XR_132783	XR_132783		NA
NM_001006636	NM_001006636	NM_001006636	Hs.44780	79712
NM_005923	NM_005923	NM_005923	Hs.186486	4217
NM_002956	NM_002956	NM_002956	Hs.524809	6249
NM_013272	NM_013272	NM_013272	Hs.311187	28232
NM_021105	NM_021105	NM_021105	Hs.130759	5359
NM_005139	NM_005139	NM_005139	Hs.480042	306
NM_001110	NM_001110	NM_001110	Hs.578508	102
NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA
NM_006029	NM_006029	NM_006029	Hs.194709	9240
NM_003411	NM_003411	NM_003411	Hs.522845	7544
ENST00000415536				NA
NM_194318	NM_194318	NM_194318	Hs.13205	145173
NM_001963	NM_001963	NM_001963	Hs.419815	1950
NM_001830	NM_001830	NM_001830	Hs.495674	1183
NM_032571	NM_032571	NM_032571	Hs.658712	84658
NM_006854	NM_006854	NM_006854	Hs.654552	11014
NM_020689	NM_020689	NM_020689	Hs.654790	57419
NM_020128	NM_020128	NM_020128	Hs.655702	56890
NM_058246	NM_058246	NM_058246	Hs.593923	10049
NM_153711	NM_153711	NM_153711	Hs.660142	254228
NR_027104	NR_027104	NR_027104	Hs.211125	NA
NM_001110556	NM_001110556	NM_001110556	Hs.195464	2316
ENST00000437920		BU940462	Hs.574796	NA
NM_002988	NM_002988	NM_002988	Hs.143961	6362
NM_001174104	NM_001174104	NM_001174104	Hs.163867	929
NR_033651	NR_033651	NR_033651	Hs.137674	100132891
NM_001164440	NM_001164440	NM_001164440	Hs.26039	NA
NM_017801	NM_017801	NM_017801	Hs.380627	54918
NM_006100	NM_006100	NM_006100	Hs.148716	10402
TCONS_00022516				NA
NM_012082	NM_012082	NM_012082	Hs.431009	23414
NM_001300	NM_001300	NM_001300	Hs.4055	1316
NM_002282	NM_002282	NM_002282	Hs.720768	3889
NM_173468	NM_173468	NM_173468	Hs.700445	92597
ENST00000433066		CR742085	Hs.548073	NA
NM_004468	NM_004468	NM_004468	Hs.57687	2275
NM_021175	NM_021175	NM_021175	Hs.8821	57817
NM_016422	NM_016422	NM_016422	Hs.44685	50862
NM_006287	NM_006287	NM_006287	Hs.516578	7035
NM_001690	NM_001690	NM_001690	Hs.477155	523
NM_013270	NM_013270	NM_013270	Hs.120365	29122
NM_001206651	NM_001206651	NM_001206651	Hs.136309	51100

NM_016946	NM_016946	NM_016946	Hs.517293	50848
NM_138801	NM_138801	NM_138801	Hs.435012	130589
NM_004290	NM_004290	NM_004290	Hs.483616	9604
AL831947		AL831947	Hs.524331	144203
ENST00000422194	XR_132685	XR_132685	Hs.558667	NA
NM_013328	NM_013328	NM_013328	Hs.654718	29920
NM_004161	NM_004161	NM_004161	Hs.310645	5861
ENST00000437250		AK304268	Hs.549577	79074
NM_022152	NM_022152	NM_022152	Hs.591605	64114
NM_006568	NM_006568	NM_006568	Hs.59106	10668
NM_016639	NM_016639	NM_016639	Hs.355899	51330
NM_016289	NM_016289	NM_016289	Hs.603930	51719
NM_012290	NM_012290	NM_012290	Hs.596942	9874
NM_018295	NM_018295	NM_018295	Hs.521213	55281
NM_000216	NM_000216	NM_000216	Hs.521869	NA
NM_001455	NM_001455	NM_001455	Hs.220950	2309
NM_031286	NM_031286	NM_031286	Hs.109051	83442
NM_013943	NM_013943	NM_013943	Hs.440544	25932
ENST00000454625		BX331476	Hs.571678	NA
NM_007351	NM_007351	NM_007351	Hs.268107	22915
NM_015569	NM_015569	NM_015569	Hs.654775	26052
				NA
ENST00000477589	XM_002342405	XM_002342405	Hs.729204	NA
NM_006665	NM_006665	NM_006665	Hs.44227	NA
				NA
NM_001002236	NM_001002236	NM_001002236	Hs.525557	5265
NM_001102	NM_001102	NM_001102	Hs.509765	87
NM_024595	NM_024595	NM_024595	Hs.293563	79647
NM_000014	NM_000014	NM_000014	Hs.212838	2
NM_000497	NM_000497	NM_000497	Hs.184927	1584
NM_002032	NM_002032	NM_002032	Hs.645560	NA
TCONS_00008036				NA
NM_000960	NM_000960	NM_000960	Hs.458324	5739
AK095210		AK095210	Hs.54957	NA
ENST00000289352	XR_108687	XR_108687		NA
NM_014330	NM_014330	NM_014330	Hs.631593	23645
NM_198194	NM_198194	NM_198194	Hs.253903	2040
NM_006249	NM_006249	NM_006249	Hs.73031	5544
NM_054108	NM_054108	NM_054108	Hs.410316	117245
NM_148962	NM_148962	NM_148962	Hs.168439	165140
NM_024595	NM_024595	NM_024595	Hs.293563	79647
NM_001837	NM_001837	NM_001837	Hs.506190	1232
				NA
NM_001681	NM_001681	NM_001681	Hs.506759	488

NM_001122	NM_001122	NM_001122	Hs.3416	123
NM_004233	NM_004233	NM_004233	Hs.595133	9308
NM_002983	NM_002983	NM_002983	Hs.514107	6348
NM_006176	NM_006176	NM_006176	Hs.524116	4900
AK057050		AK057050	Hs.529860	NA
NM_003596	NM_003596	NM_003596	Hs.421194	8460
NM_000442	NM_000442	NM_000442	Hs.376675	5175
NM_001140	NM_001140	NM_001140	Hs.73809	246
NM_001736	NM_001736	NM_001736	Hs.2161	728
NM_017662	NM_017662	NM_017662	Hs.272225	140803
TCONS_00019608				NA
NR_027451	NR_027451	NR_027451	Hs.730667	NA
NM_017628	NM_017628	NM_017628	Hs.367639	54790
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_000265	NM_000265	NM_000265	Hs.647047	653361
NM_198393	NM_198393	NM_198393	Hs.390221	56155
				NA
NM_031412	NM_031412	NM_031412	Hs.524250	23710
NM_001455	NM_001455	NM_001455	Hs.220950	2309
NM_144611	NM_144611	NM_144611	Hs.513871	124936
NM_001035005	NM_001035005	NM_001035005	Hs.603040	497661
NM_145867	NM_145867	NM_145867	Hs.706741	4056
XM_373277	XM_373277	XM_373277		392288
NM_005414	NM_005414	NM_005414	Hs.581632	6498
NM_001018100	NM_001018100	NM_001018100	Hs.437256	100820829
				NA
THC2613887				NA
NM_031469	NM_031469	NM_031469	Hs.302772	83699
NM_022094	NM_022094	NM_022094	Hs.567562	63924
NR_038955	NR_038955	NR_038955	Hs.529860	NA
NM_014339	NM_014339	NM_014339	Hs.48353	23765
NR_034115	NR_034115	NR_034115		NA
NM_015028	NM_015028	NM_015028	Hs.34024	23043
NM_003866	NM_003866	NM_003866	Hs.531403	8821
NM_000958	NM_000958	NM_000958	Hs.199248	5734
NM_025147	NM_025147	NM_025147	Hs.606592	80219
NM_000100	NM_000100	NM_000100	Hs.695	1476
NM_003749	NM_003749	NM_003749	Hs.442344	8660
NM_001909	NM_001909	NM_001909	Hs.654447	1509
NM_138801	NM_138801	NM_138801	Hs.435012	130589
NM_198098	NM_198098	NM_198098	Hs.76152	358
NM_001010897	NM_001010897	NM_001010897	Hs.377972	387923
XR_110374	XR_110374	XR_110374		NA
NM_016303	NM_016303	NM_016303	Hs.533287	51186

ENST00000454224		BX641130	Hs.634706	NA
TCONS_00017307				NA
ENST00000443523		BG201536	Hs.257871	NA
NM_001015880	NM_001015880	NM_001015880	Hs.524491	9060
NM_144585	NM_144585	NM_144585	Hs.174424	116085
NM_005725	NM_005725	NM_005725	Hs.310458	10100
NM_001030273	NM_001030273	NM_001030273	Hs.65734	406
NM_016946	NM_016946	NM_016946	Hs.517293	50848
NM_033500	NM_033500	NM_033500	Hs.370365	3098
NM_001400	NM_001400	NM_001400	Hs.154210	1901
NM_178155	NM_178155	NM_178155	Hs.654961	2530
NM_000064	NM_000064	NM_000064	Hs.529053	718
NM_005544	NM_005544	NM_005544	Hs.471508	3667
NM_001165933	NM_001165933	NM_001165933	Hs.664380	NA
NM_016449	NM_016449	NM_016449	Hs.517466	51233
NM_032121	NM_032121	NM_032121	Hs.323562	84061
NR_004847	NR_004847	NR_004847	Hs.641964	NA
NM_006708	NM_006708	NM_006708	Hs.268849	2739
NM_013241	NM_013241	NM_013241	Hs.95231	29109
NM_001177388	NM_001177388	NM_001177388	Hs.531081	3958
NR_027309	NR_027309	NR_027309	Hs.23491	NA
NM_145006	NM_145006	NM_145006	Hs.88417	203328
NM_002610	NM_002610	NM_002610	Hs.470633	5163
NM_006186	NM_006186	NM_006186	Hs.563344	4929
NM_001397	NM_001397	NM_001397	Hs.195080	1889
NM_033557	NM_033557	NM_033557	Hs.280741	90522
XR_110480	XR_110480	XR_110480	Hs.192268	NA
NM_001195	NM_001195	NM_001195	Hs.129702	631
NM_020987	NM_020987	NM_020987	Hs.499725	288
THC2603794				NA
NM_016298	NM_016298	NM_016298	Hs.272564	51725
NR_024334	NR_024334	NR_024334	Hs.713717	645431
NM_004865	NM_004865	NM_004865	Hs.486507	9519
NM_152548	NM_152548	NM_152548	Hs.276287	153643
NR_003539	NR_003539	NR_003539	Hs.590806	643486
NM_020485	NM_020485	NM_020485	Hs.523054	6006
NM_152572	NM_152572	NM_152572	Hs.421340	158067
NM_000517	NM_000517	NM_000517	Hs.654744	3040
NM_006542	NM_006542	NM_006542	Hs.296169	10638
NM_000517	NM_000517	NM_000517	Hs.654744	3040
AK096898		AK096898	Hs.647554	729451
NM_003608	NM_003608	NM_003608	Hs.443243	8477
NM_004488	NM_004488	NM_004488	Hs.73734	2814
NM_016382	NM_016382	NM_016382	Hs.157872	51744

NM_001204410	NM_001204410	NM_001204410	Hs.464184	6397
NM_006410	NM_006410	NM_006410	Hs.90753	10553
NM_152672	NM_152672	NM_152672	Hs.630585	200931
NM_020755	NM_020755	NM_020755	Hs.146668	57515
NM_001177306	NM_001177306	NM_001177306	Hs.369430	5066
				NA
NM_198511	NM_198511	NM_198511	Hs.521932	347404
NM_002037	NM_002037	NM_002037	Hs.390567	2534
NM_032206	NM_032206	NM_032206	Hs.528836	84166
NM_007147	NM_007147	NM_007147	Hs.119014	7728
XR_109953	XR_109953	XR_109953	Hs.434326	NA
NM_002923	NM_002923	NM_002923	Hs.78944	5997
NM_001080471	NM_001080471	NM_001080471	Hs.142003	375033
NM_001020818	NM_001020818	NM_001020818	Hs.380906	91663
NM_000129	NM_000129	NM_000129	Hs.335513	2162
NM_144616	NM_144616	NM_144616	Hs.712901	126306
NM_177924	NM_177924	NM_177924	Hs.527412	427
NM_006982	NM_006982	NM_006982	Hs.41683	8092
NM_019050	NM_019050	NM_019050	Hs.431081	54532
				NA
ENST00000416624		AK303383	Hs.208854	969
NM_006732	NM_006732	NM_006732	Hs.590958	2354
NM_006509	NM_006509	NM_006509	Hs.654402	5971
NM_002664	NM_002664	NM_002664	Hs.468840	5341
NM_031412	NM_031412	NM_031412	Hs.524250	23710
NM_021205	NM_021205	NM_021205	Hs.647774	58480
NM_002563	NM_002563	NM_002563	Hs.654526	5028
NM_003272	NM_003272	NM_003272	Hs.498160	7107
NM_000447	NM_000447	NM_000447	Hs.25363	5664
NM_015379	NM_015379	NM_015379	Hs.567438	25798
NM_003739	NM_003739	NM_003739	Hs.78183	8644
NM_012214	NM_012214	NM_012214	Hs.177576	11320
NM_024803	NM_024803	NM_024803	Hs.163079	79861
NM_032603	NM_032603	NM_032603	Hs.727659	84695
NM_173348	NM_173348	NM_173348	Hs.725221	317662
NM_003003	NM_003003	NM_003003	Hs.464184	6397
NM_014734	NM_014734	NM_014734	Hs.440025	9766
NM_007368	NM_007368	NM_007368	Hs.593075	22821
NM_144608	NM_144608	NM_144608	Hs.56382	124790
NM_020898	NM_020898	NM_020898	Hs.156667	57658
NM_001114759	NM_001114759	NM_001114759	Hs.353208	257101
NM_032444	NM_032444	NM_032444	Hs.143681	84464
NM_003326	NM_003326	NM_003326	Hs.181097	7292
NM_001190839	NM_001190839	NM_001190839	Hs.365706	4256

NM_003259	NM_003259	NM_003259	Hs.465862	7087
NM_000677	NM_000677	NM_000677	Hs.281342	140
NM_172217	NM_172217	NM_172217	Hs.459095	3603
TCONS_00004623				NA
NM_015436	NM_015436	NM_015436	Hs.48297	25898
ENST00000430664				NA
NM_006726	NM_006726	NM_006726	Hs.480938	987
NM_005900	NM_005900	NM_005900	Hs.604588	4086
NM_000104	NM_000104	NM_000104	Hs.154654	1545
NM_001010915	NM_001010915	NM_001010915	Hs.716678	401494
NM_000519	NM_000519	NM_000519	Hs.699280	3045
NM_001008392	NM_001008392	NM_001008392	Hs.475963	10217
NM_213590	NM_213590	NM_213590	Hs.436922	10206
NM_005410	NM_005410	NM_005410	Hs.730647	6414
NM_001014795	NM_001014795	NM_001014795	Hs.706355	3611
NM_001003799	NM_001003799	NM_001003799	Hs.534032	445347
NM_002116	NM_002116	NM_002116	Hs.181244	3105
NM_033050	NM_033050	NM_033050	Hs.279575	56670
NM_005729	NM_005729	NM_005729	Hs.381072	10105
TCONS_00022769				NA
NR_038842	NR_038842	NR_038842		NA
NM_002115	NM_002115	NM_002115	Hs.411695	3101
				NA
NM_005407	NM_005407	NM_005407	Hs.416358	6297
NM_138394	NM_138394	NM_138394	Hs.445497	92906
NR_033987	NR_033987	NR_033987	Hs.524846	400087
NM_002089	NM_002089	NM_002089	Hs.75765	2920
NM_152435	NM_152435	NM_152435	Hs.424907	144193
NM_173527	NM_173527	NM_173527	Hs.444911	161253
NM_138700	NM_138700	NM_138700	Hs.509439	135644
NM_001242348	NM_001242348	NM_001242348		NA
NM_024881	NM_024881	NM_024881	Hs.620596	79939
NM_152680	NM_152680	NM_152680	Hs.518900	201799
ENST00000331733		AK023156	Hs.730762	NA
ENST00000429328				NA
NR_038908	NR_038908	NR_038908		NA
NM_152609	NM_152609	NM_152609	Hs.368353	163882
NM_182909	NM_182909	NM_182909	Hs.104672	11259
NM_017728	NM_017728	NM_017728	Hs.370262	54868
NM_006931	NM_006931	NM_006931	Hs.419240	6515
NM_032310	NM_032310	NM_032310	Hs.434213	84270
NM_019855	NM_019855	NM_019855	Hs.117694	56344
NM_020651	NM_020651	NM_020651	Hs.727530	57162
NM_002563	NM_002563	NM_002563	Hs.654526	5028

ENST00000413792		AK057187	Hs.468200	NA
NM_021818	NM_021818	NM_021818	Hs.642842	60485
NM_000873	NM_000873	NM_000873	Hs.431460	3384
NM_002807	NM_002807	NM_002807	Hs.3887	5707
NM_024794	NM_024794	NM_024794	Hs.156457	79852
NM_002491	NM_002491	NM_002491	Hs.109760	4709
NM_020746	NM_020746	NM_020746	Hs.570362	57506
NM_174938	NM_174938	NM_174938	Hs.709357	257019
NM_002213	NM_002213	NM_002213	Hs.536663	3693
NM_001040107	NM_001040107	NM_001040107	Hs.334637	84329
NM_145728	NM_145728	NM_145728	Hs.207106	23336
NM_001198834	NM_001198834	NM_001198834	Hs.708687	9659
NM_005999	NM_005999	NM_005999	Hs.13318	7257
NM_000857	NM_000857	NM_000857	Hs.77890	2983
NM_001207008	NM_001207008	NM_001207008	Hs.614974	4301
NM_003810	NM_003810	NM_003810	Hs.478275	8743
NM_000169	NM_000169	NM_000169	Hs.69089	2717
NR_001544	NR_001544	NR_001544	Hs.138453	55410
NM_032036	NM_032036	NM_032036	Hs.94695	83982
NM_001184740	NM_001184740	NM_001184740	Hs.596164	2017
NM_003344	NM_003344	NM_003344	Hs.643548	7328
NM_001172	NM_001172	NM_001172	Hs.226007	384
TCONS_00018641				NA
NM_012161	NM_012161	NM_012161	Hs.643433	26234
NM_000212	NM_000212	NM_000212	Hs.218040	3690
NM_001778	NM_001778	NM_001778	Hs.243564	962
NM_005620	NM_005620	NM_005620	Hs.417004	6282
NM_145010	NM_145010	NM_145010	Hs.534486	219670
NR_034079	NR_034079	NR_034079		NA
NM_004349	NM_004349	NM_004349	Hs.368431	862
NM_207444	NM_207444	NM_207444	Hs.448785	400359
NM_024616	NM_024616	NM_024616	Hs.434247	79669
NM_005599	NM_005599	NM_005599	Hs.46296	4808
NM_016533	NM_016533	NM_016533	Hs.656450	4815
TCONS_00014849				NA
NM_001134647	NM_001134647	NM_001134647	Hs.529369	60312
BX095413		BX095413	Hs.715044	NA
ENST00000433572				NA
NM_006206	NM_006206	NM_006206	Hs.74615	5156
NM_004823	NM_004823	NM_004823	Hs.240395	9424
NM_005621	NM_005621	NM_005621	Hs.19413	6283
NM_004185	NM_004185	NM_004185	Hs.258575	7482
NM_015350	NM_015350	NM_015350	Hs.482017	23507
NM_020645	NM_020645	NM_020645	Hs.523467	56675

NM_006289	NM_006289	NM_006289	Hs.471014	7094
				NA
NM_058174	NM_058174	NM_058174	Hs.420269	1292
NM_005618	NM_005618	NM_005618	Hs.379912	28514
NM_006520	NM_006520	NM_006520	Hs.446392	6990
NM_001243042	NM_001243042	NM_001243042	Hs.654404	3107
NM_144702	NM_144702	NM_144702	Hs.491734	149499
NM_012288	NM_012288	NM_012288	Hs.520182	9697
NM_020125	NM_020125	NM_020125	Hs.438683	56833
NM_000250	NM_000250	NM_000250	Hs.458272	4353
NM_018699	NM_018699	NM_018699	Hs.666782	11107
NM_173872	NM_173872	NM_173872	Hs.481186	1182
NM_005516	NM_005516	NM_005516	Hs.650174	3133
NM_024573	NM_024573	NM_024573	Hs.15929	79624
NM_002409	NM_002409	NM_002409	Hs.276808	4248
NM_001167575	NM_001167575	NM_001167575	Hs.178357	79886
NM_006705	NM_006705	NM_006705	Hs.9701	10912
NM_000110	NM_000110	NM_000110	Hs.335034	1806
BG194895		BG194895	Hs.333764	NA
NM_015946	NM_015946	NM_015946	Hs.644352	53918
NM_001007271	NM_001007271	NM_001007271	Hs.178170	51207
NM_001024847	NM_001024847	NM_001024847	Hs.82028	7048
NM_174895	NM_174895	NM_174895	Hs.591400	126006
NM_014631	NM_014631	NM_014631	Hs.594708	9644
ENST00000390469		M21784	Hs.74647	NA
NM_001018100	NM_001018100	NM_001018100	Hs.437256	100820829
NM_213607	NM_213607	NM_213607	Hs.730762	388389
NM_000589	NM_000589	NM_000589	Hs.73917	3565
NM_004810	NM_004810	NM_004810	Hs.517499	9402
NM_002473	NM_002473	NM_002473	Hs.474751	4627
NM_020980	NM_020980	NM_020980	Hs.104624	366
NM_178837	NM_178837	NM_178837	Hs.351582	352909
NM_058175	NM_058175	NM_058175	Hs.420269	1292
NM_003567	NM_003567	NM_003567	Hs.36958	8412
NM_015238	NM_015238	NM_015238	Hs.484047	23286
NM_138322	NM_138322	NM_138322	Hs.498494	5046
NM_002935	NM_002935	NM_002935	Hs.73839	6037
NM_005512	NM_005512	NM_005512	Hs.151641	2615
NM_002754	NM_002754	NM_002754	Hs.178695	5603
NM_001080395	NM_001080395	NM_001080395	Hs.514575	9625
NM_016056	NM_016056	NM_016056	Hs.505934	51643
NM_000416	NM_000416	NM_000416	Hs.520414	3459
NM_007127	NM_007127	NM_007127	Hs.654595	7429
NM_001047160	NM_001047160	NM_001047160	Hs.25155	10276

NM_002563	NM_002563	NM_002563	Hs.654526	5028
NM_152315	NM_152315	NM_152315	Hs.721328	120400
NM_145114	NM_145114	NM_145114	Hs.285354	4149
NM_002184	NM_002184	NM_002184	Hs.532082	3572
NM_019619	NM_019619	NM_019619	Hs.131489	56288
NM_080821	NM_080821	NM_080821	Hs.143736	116151
NM_013252	NM_013252	NM_013252	Hs.446235	23601
NM_030984	NM_030984	NM_030984	Hs.520757	6916
NM_175839	NM_175839	NM_175839	Hs.433337	54498
NM_001079538	NM_001079538	NM_001079538	Hs.522654	728242
NM_004664	NM_004664	NM_004664	Hs.144333	8825
NM_002607	NM_002607	NM_002607	Hs.535898	5154
TCONS_00008203				NA
NM_175884	NM_175884	NM_175884	Hs.29692	168455
NM_024336	NM_024336	NM_024336	Hs.499205	79191
NM_006460	NM_006460	NM_006460	Hs.730687	10614
ENST00000481132		AB209866		7035
NM_005779	NM_005779	NM_005779	Hs.79299	10184
NM_032587	NM_032587	NM_032587	Hs.200242	84674
NM_001171796	NM_001171796	NM_001171796	Hs.440643	286144
TCONS_00000930				NA
NM_015101	NM_015101	NM_015101	Hs.387995	23127
TCONS_00007354				NA
NM_003327	NM_003327	NM_003327	Hs.129780	7293
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_004089	NM_004089	NM_004089	Hs.522074	1831
NM_001040458	NM_001040458	NM_001040458	Hs.684061	51752
NM_014899	NM_014899	NM_014899	Hs.445030	22836
ENST00000418403				NA
ENST00000418403				NA
NR_001589	NR_001589	NR_001589		3044
NM_080759	NM_080759	NM_080759	Hs.129452	1602
NM_003884	NM_003884	NM_003884	Hs.533055	8850
NM_144974	NM_144974	NM_144974	Hs.170849	160857
NM_017860	NM_017860	NM_017860	Hs.549171	54964
NM_001035	NM_001035	NM_001035	Hs.109514	6262
NM_152312	NM_152312	NM_152312	Hs.86543	120071
NM_053025	NM_053025	NM_053025	Hs.477375	4638
NM_030927	NM_030927	NM_030927	Hs.718943	81619
NM_206943	NM_206943	NM_206943	Hs.619315	4052
NM_198793	NM_198793	NM_198793	Hs.446414	961
NM_001142640	NM_001142640	NM_001142640	Hs.569831	57690
NM_178443	NM_178443	NM_178443	Hs.180535	83706
NM_138409	NM_138409	NM_138409	Hs.370055	112609

NM_004417	NM_004417	NM_004417	Hs.171695	1843
NM_002185	NM_002185	NM_002185	Hs.591742	3575
NM_174920	NM_174920	NM_174920	Hs.567769	201191
NM_000559	NM_000559	NM_000559	Hs.712539	3047
NM_012413	NM_012413	NM_012413	Hs.79033	25797
NM_004621	NM_004621	NM_004621	Hs.159003	7225
ENST00000455566		AB040974		NA
NM_182597	NM_182597	NM_182597	Hs.396189	286006
				NA
NM_000117	NM_000117	NM_000117	Hs.522823	2010
NM_033306	NM_033306	NM_033306	Hs.138378	837
NM_000214	NM_000214	NM_000214	Hs.728907	182
XR_132680	XR_132680	XR_132680		NA
NM_030821	NM_030821	NM_030821	Hs.389452	81579
				NA
NM_138481	NM_138481	NM_138481	Hs.344488	150356
NM_016293	NM_016293	NM_016293	Hs.14770	51411
ENST00000436295				NA
NR_033827	NR_033827	NR_033827	Hs.655569	100132774
NM_006572	NM_006572	NM_006572	Hs.515018	10672
NM_138461	NM_138461	NM_138461	Hs.135997	116211
NM_004226	NM_004226	NM_004226	Hs.88297	9262
NM_015247	NM_015247	NM_015247	Hs.578973	1540
TCONS_I2_00010603				NA
XR_108722	XR_108722	XR_108722		NA
TCONS_I2_00014844				NA
NM_000962	NM_000962	NM_000962	Hs.201978	5742
NM_001760	NM_001760	NM_001760	Hs.534307	896
NM_001007232	NM_001007232	NM_001007232	Hs.44102	440068
NM_013272	NM_013272	NM_013272	Hs.311187	28232
NM_033258	NM_033258	NM_033258	Hs.283961	94235
NM_001199054	NM_001199054	NM_001199054	Hs.654653	29965
NM_001040619	NM_001040619	NM_001040619	Hs.460	467
NM_000308	NM_000308	NM_000308	Hs.609336	5476
NM_003950	NM_003950	NM_003950	Hs.137574	9002
NM_004987	NM_004987	NM_004987	Hs.597715	3987
NM_017983	NM_017983	NM_017983	Hs.463964	55062
TCONS_00017647				NA
XR_133265	XR_133265	XR_133265	Hs.638423	NA
NM_001018072	NM_001018072	NM_001018072	Hs.271272	121551
NM_174938	NM_174938	NM_174938	Hs.709357	257019
NM_014722	NM_014722	NM_014722	Hs.559459	9750
NM_014294	NM_014294	NM_014294	Hs.491988	23471
NM_004726	NM_004726	NM_004726	Hs.186810	9185

NM_206943	NM_206943	NM_206943	Hs.619315	4052
NM_001198834	NM_001198834	NM_001198834	Hs.708687	9659
NR_024451	NR_024451	NR_024451	Hs.634333	100134229
NM_013427	NM_013427	NM_013427	Hs.435291	395
TCONS_I2_00014842				NA
NM_000559	NM_000559	NM_000559	Hs.712539	3047
NM_002959	NM_002959	NM_002959	Hs.485195	6272
TCONS_00017292				NA
NM_080862	NM_080862	NM_080862	Hs.655112	92369
NM_006472	NM_006472	NM_006472	Hs.533977	10628
NR_015361	NR_015361	NR_015361	Hs.643596	NA
NM_018837	NM_018837	NM_018837	Hs.162016	55959
NM_014106	NM_014106	NM_014106	Hs.730754	54989
AW303581		AW303581	Hs.613459	NA
NM_052828	NM_052828	NM_052828	Hs.709483	10107
NM_014488	NM_014488	NM_014488	Hs.40758	27314
NM_003701	NM_003701	NM_003701	Hs.333791	8600
XR_108980	XR_108980	XR_108980		NA
NM_001001485	NM_001001485	NM_001001485	Hs.584884	27032
ENST00000518481	XR_110092	XR_110092		NA
NM_001543	NM_001543	NM_001543	Hs.222055	3340
XR_108450	XR_108450	XR_108450	Hs.710861	NA
ENST00000457865		AB118749	Hs.420830	64344
ENST00000443196		BC007817	Hs.569952	NA
NM_145113	NM_145113	NM_145113	Hs.285354	4149
				NA
THC2636349				NA
NM_032385	NM_032385	NM_032385	Hs.519694	10826
NM_001024948	NM_001024948	NM_001024948	Hs.134060	54874
ENST00000422194	XR_132685	XR_132685		NA
NM_005465	NM_005465	NM_005465	Hs.498292	10000
NM_199129	NM_199129	NM_199129	Hs.420529	387521
NM_005564	NM_005564	NM_005564	Hs.204238	3934
NM_003887	NM_003887	NM_003887	Hs.555902	8853
NM_001514	NM_001514	NM_001514	Hs.481852	2959
NM_003965	NM_003965	NM_003965	Hs.535713	9034
NM_000313	NM_000313	NM_000313	Hs.64016	5627
NR_027701	NR_027701	NR_027701	Hs.245390	283487
NR_024204	NR_024204	NR_024204	Hs.652166	112597
NM_006000	NM_006000	NM_006000	Hs.75318	7277
NM_016205	NM_016205	NM_016205	Hs.570855	56034
NM_176895	NM_176895	NM_176895	Hs.696231	8611
NM_003818	NM_003818	NM_003818	Hs.472027	8760
NM_002281	NM_002281	NM_002281	Hs.658118	3887

NM_001005404	NM_001005404	NM_001005404	Hs.463613	388403
NM_024605	NM_024605	NM_024605	Hs.368631	79658
NM_005909	NM_005909	NM_005909	Hs.335079	4131
NM_018988	NM_018988	NM_018988	Hs.484686	54438
NM_022486	NM_022486	NM_022486	Hs.494827	64420
ENST00000369161		L19779	Hs.530461	NA
XR_108989	XR_108989	XR_108989		NA
NM_001629	NM_001629	NM_001629	Hs.507658	241
NM_016061	NM_016061	NM_016061	Hs.515890	51646
NM_138806	NM_138806	NM_138806	Hs.309158	131450
NM_030762	NM_030762	NM_030762	Hs.177841	79365
NM_005475	NM_005475	NM_005475	Hs.506784	10019
NM_014372	NM_014372	NM_014372	Hs.309641	26994
NM_015431	NM_015431	NM_015431	Hs.269151	25893
NM_022489	NM_022489	NM_022489	Hs.24956	64423
NR_033917	NR_033917	NR_033917	Hs.636379	728228
NM_018447	NM_018447	NM_018447	Hs.475392	55831
NM_001200050	NM_001200050	NM_001200050	Hs.496969	80896
NM_012428	NM_012428	NM_012428	Hs.187866	27020
TCONS_00021787				NA
NM_005185	NM_005185	NM_005185	Hs.239600	810
NM_000804	NM_000804	NM_000804	Hs.352	2352
NM_014631	NM_014631	NM_014631	Hs.594708	9644
NM_032947	NM_032947	NM_032947	Hs.29444	85027
NM_001013661	NM_001013661	NM_001013661	Hs.647718	391123
NM_020185	NM_020185	NM_020185	Hs.29106	56940
NM_001040058	NM_001040058	NM_001040058	Hs.313	6696
NM_079423	NM_079423	NM_079423	Hs.632717	4637
NM_001025100	NM_001025100	NM_001025100	Hs.551713	4155
NM_002183	NM_002183	NM_002183	Hs.632790	3563
NM_001010854	NM_001010854	NM_001010854	Hs.655697	145567
NM_005855	NM_005855	NM_005855	Hs.471783	10267
NM_002432	NM_002432	NM_002432	Hs.153837	4332
NM_006270	NM_006270	NM_006270	Hs.515536	6237
NR_003521	NR_003521	NR_003521	Hs.729399	NA
NM_001045	NM_001045	NM_001045	Hs.134662	6532
NM_022167	NM_022167	NM_022167	Hs.463416	64132
NM_153692	NM_153692	NM_153692	Hs.661014	203100
NM_002232	NM_002232	NM_002232	Hs.169948	3738
NM_019072	NM_019072	NM_019072	Hs.482301	54557
NM_020383	NM_020383	NM_020383	Hs.390623	7511
NM_022740	NM_022740	NM_022740	Hs.397465	NA
NM_014220	NM_014220	NM_014220	Hs.730617	4071
NM_004572	NM_004572	NM_004572	Hs.164384	5318

BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_014339	NM_014339	NM_014339	Hs.48353	23765
NM_006018	NM_006018	NM_006018	Hs.458425	8843
NM_005655	NM_005655	NM_005655	Hs.435001	7071
NM_005620	NM_005620	NM_005620	Hs.417004	6282
NM_205842	NM_205842	NM_205842	Hs.603732	10787
ENST00000267859		AK125533	Hs.592515	663
NR_029448	NR_029448	NR_029448	Hs.404103	255411
TCONS_00010404				NA
NM_144573	NM_144573	NM_144573	Hs.612385	91624
NM_000706	NM_000706	NM_000706	Hs.2131	552
NM_005542	NM_005542	NM_005542	Hs.520819	3638
NM_054033	NM_054033	NM_054033	Hs.709461	2281
ENST00000429730				NA
NM_006398	NM_006398	NM_006398	Hs.728313	10537
NM_014698	NM_014698	NM_014698	Hs.119387	9725
				NA
NR_034172	NR_034172	NR_034172	Hs.644600	644246
NM_001039762	NM_001039762	NM_001039762	Hs.613882	642938
ENST00000463107		BC048428	Hs.159057	NA
NM_006912	NM_006912	NM_006912	Hs.491234	6016
NM_001178106	NM_001178106	NM_001178106	Hs.16622	7739
ENST00000410076		BC008217	Hs.445497	92906
NM_003064	NM_003064	NM_003064	Hs.517070	6590
NM_000104	NM_000104	NM_000104	Hs.154654	1545
NM_152588	NM_152588	NM_152588	Hs.577775	160335
NM_001001437	NM_001001437	NM_001001437	Hs.512304	414062
NM_138461	NM_138461	NM_138461		NA
NM_001002811	NM_001002811	NM_001002811	Hs.708687	9659
NM_000397	NM_000397	NM_000397	Hs.292356	1536
THC2752127				NA
NM_001769	NM_001769	NM_001769	Hs.114286	928
ENST00000443965				NA
NM_138554	NM_138554	NM_138554	Hs.174312	7099
NR_001590	NR_001590	NR_001590		340198
NM_002738	NM_002738	NM_002738	Hs.460355	5579
NM_021999	NM_021999	NM_021999	Hs.643683	9445
NM_134421	NM_134421	NM_134421	Hs.580427	3241
NM_001848	NM_001848	NM_001848	Hs.474053	1291
NM_004180	NM_004180	NM_004180	Hs.132257	10010
NR_003595	NR_003595	NR_003595	Hs.567757	168448
AL133682		AL133682	Hs.562748	NA
NM_020400	NM_020400	NM_020400	Hs.155538	57121
NR_003191	NR_003191	NR_003191	Hs.97469	2681

NM_023003	NM_023003	NM_023003	Hs.513094	53346
NM_014325	NM_014325	NM_014325	Hs.330384	23603
NM_031894	NM_031894	NM_031894	Hs.333125	53940
NM_003713	NM_003713	NM_003713	Hs.405156	8613
NM_015973	NM_015973	NM_015973	Hs.278959	51083
NR_038842	NR_038842	NR_038842		NA
NM_014692	NM_014692	NM_014692	Hs.512856	9717
NM_002970	NM_002970	NM_002970	Hs.28491	6303
NM_014339	NM_014339	NM_014339	Hs.48353	23765
NM_003745	NM_003745	NM_003745	Hs.50640	8651
NM_005849	NM_005849	NM_005849	Hs.530902	10261
ENST00000424761		DA171866	Hs.690823	NA
XR_109463	XR_109463	XR_109463	Hs.635114	NA
NM_005417	NM_005417	NM_005417	Hs.195659	6714
NM_004794	NM_004794	NM_004794	Hs.654356	9363
NM_173653	NM_173653	NM_173653	Hs.302257	285195
NM_183419	NM_183419	NM_183419	Hs.292882	25897
NM_198232	NM_198232	NM_198232	Hs.78224	6035
NM_000074	NM_000074	NM_000074	Hs.592244	959
NM_006675	NM_006675	NM_006675	Hs.504517	10867
NM_001725	NM_001725	NM_001725	Hs.529019	671
NM_007159	NM_007159	NM_007159	Hs.476432	7871
NM_004654	NM_004654	NM_004654	Hs.598540	8287
NM_001979	NM_001979	NM_001979	Hs.212088	2053
NM_020370	NM_020370	NM_020370	Hs.306199	53831
NM_001127695	NM_001127695	NM_001127695	Hs.609336	5476
NM_016496	NM_016496	NM_016496	Hs.631861	51257
NM_004850	NM_004850	NM_004850	Hs.58617	9475
NM_003246	NM_003246	NM_003246	Hs.164226	7057
NM_001017534	NM_001017534	NM_001017534	Hs.348365	114769
NM_198714	NM_198714	NM_198714	Hs.445000	5733
NR_027387	NR_027387	NR_027387	Hs.647112	100128822
NM_005028	NM_005028	NM_005028	Hs.57079	5305
NM_005539	NM_005539	NM_005539	Hs.523360	3632
NM_001040157	NM_001040157	NM_001040157	Hs.555989	80817
NM_022736	NM_022736	NM_022736	Hs.58663	64747
NM_001099270	NM_001099270	NM_001099270	Hs.177633	403341
NM_183376	NM_183376	NM_183376	Hs.6093	91947
AY203950		AY203950		100130232
NM_004832	NM_004832	NM_004832	Hs.190028	9446
TCONS_00026538				NA
NM_017495	NM_017495	NM_017495	Hs.236361	55544
NM_003118	NM_003118	NM_003118	Hs.111779	6678
NM_003916	NM_003916	NM_003916	Hs.653504	8905

NM_152304	NM_152304	NM_152304	Hs.652321	115273
NM_002835	NM_002835	NM_002835	Hs.61812	5782
NM_002090	NM_002090	NM_002090	Hs.89690	2921
NM_138440	NM_138440	NM_138440	Hs.372579	114990
BC067907		BC067907		NA
NM_001040138	NM_001040138	NM_001040138	Hs.15159	51192
NM_001242359	NM_001242359	NM_001242359	Hs.148670	9886
NM_001091	NM_001091	NM_001091	Hs.647097	26
NM_005091	NM_005091	NM_005091	Hs.137583	8993
NM_053025	NM_053025	NM_053025	Hs.477375	4638
NM_018368	NM_018368	NM_018368	Hs.271643	55788
NM_018665	NM_018665	NM_018665	Hs.125507	55510
NM_004330	NM_004330	NM_004330	Hs.646490	663
XR_110374	XR_110374	XR_110374		NA
NM_003900	NM_003900	NM_003900	Hs.310781	8878
ENST00000446401	XR_109879	XR_109879	Hs.374251	NA
NM_138794	NM_138794	NM_138794	Hs.657617	127018
NM_080864	NM_080864	NM_080864	Hs.352155	117579
NM_152889	NM_152889	NM_152889	Hs.292375	166012
NR_002712	NR_002712	NR_002712	Hs.647858	3580
THC2672781				NA
NM_002089	NM_002089	NM_002089	Hs.75765	2920
ENST00000379253		AK310078	Hs.28491	6303
NM_024930	NM_024930	NM_024930	Hs.274256	79993
NM_130386	NM_130386	NM_130386	Hs.464422	81035
NM_012114	NM_012114	NM_012114	Hs.466057	23581
NM_005855	NM_005855	NM_005855	Hs.471783	10267
NM_007115	NM_007115	NM_007115	Hs.437322	7130
NM_005764	NM_005764	NM_005764	Hs.431099	10158
NM_181597	NM_181597	NM_181597	Hs.488240	7378
TCONS_I2_00018862				NA
NR_045129	NR_045129	NR_045129	Hs.522863	246126
NM_002737	NM_002737	NM_002737	Hs.531704	5578
ENST00000441316	XR_109720	XR_109720	Hs.627409	NA
NM_032639	NM_032639	NM_032639	Hs.233495	84725
NM_000688	NM_000688	NM_000688	Hs.476308	211
NR_034090	NR_034090	NR_034090	Hs.618434	NA
ENST00000446720				NA
NM_006471	NM_006471	NM_006471	Hs.190086	10627
NM_178562	NM_178562	NM_178562	Hs.27267	340348
TCONS_I2_00005178				NA
TCONS_00013864				NA
NM_014398	NM_014398	NM_014398	Hs.518448	27074
NM_016029	NM_016029	NM_016029	Hs.59719	51635

NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA
NM_012328	NM_012328	NM_012328	Hs.6790	4189
NM_000174	NM_000174	NM_000174	Hs.1144	2815
NM_170601	NM_170601	NM_170601	Hs.10056	54414
NM_019848	NM_019848	NM_019848	Hs.522826	8273
NM_133376	NM_133376	NM_133376	Hs.643813	3688
NM_004347	NM_004347	NM_004347	Hs.213327	838
NM_007113	NM_007113	NM_007113	Hs.432416	7062
NM_198507	NM_198507	NM_198507	Hs.356108	345757
NM_006646	NM_006646	NM_006646	Hs.618732	10810
NM_002994	NM_002994	NM_002994	Hs.89714	6374
ENST00000438342	XM_001716795	XM_001716795		NA
ENST00000430494				NA
NM_021109	NM_021109	NM_021109	Hs.437277	7114
NM_018476	NM_018476	NM_018476	Hs.334370	55859
NM_001104554	NM_001104554	NM_001104554	Hs.591096	54852
NM_003807	NM_003807	NM_003807	Hs.129708	8740
NM_006868	NM_006868	NM_006868	Hs.99528	11031
NM_001781	NM_001781	NM_001781	Hs.208854	969
NM_016531	NM_016531	NM_016531	Hs.298658	51274
NM_019886	NM_019886	NM_019886	Hs.129955	56548
NM_006810	NM_006810	NM_006810	Hs.477352	10954
NM_013305	NM_013305	NM_013305	Hs.465025	29906
NM_004657	NM_004657	NM_004657	Hs.26530	8436
NM_002738	NM_002738	NM_002738	Hs.460355	5579
NM_153256	NM_153256	NM_153256	Hs.435775	254427
NM_000698	NM_000698	NM_000698	Hs.89499	240
NM_014881	NM_014881	NM_014881	Hs.1560	9937
NM_004961	NM_004961	NM_004961	Hs.22785	2564
TCONS_00001675				NA
NM_001200050	NM_001200050	NM_001200050	Hs.496969	80896
NM_030927	NM_030927	NM_030927	Hs.718943	81619
NM_030790	NM_030790	NM_030790	Hs.42217	81533
NM_015209	NM_015209	NM_015209	Hs.368823	23254
NM_080725	NM_080725	NM_080725	Hs.516830	140809
NM_003246	NM_003246	NM_003246	Hs.164226	7057
NM_001972	NM_001972	NM_001972	Hs.99863	1991
NR_001545	NR_001545	NR_001545	Hs.609729	NA
NM_004126	NM_004126	NM_004126	Hs.83381	2791
NM_130782	NM_130782	NM_130782	Hs.440890	64407
NM_016308	NM_016308	NM_016308	Hs.11463	51727
NM_153256	NM_153256	NM_153256	Hs.435775	254427
NM_006931	NM_006931	NM_006931	Hs.419240	6515
NM_016607	NM_016607	NM_016607	Hs.592225	51566

NM_001113347	NM_001113347	NM_001113347	Hs.195080	1889
NM_005231	NM_005231	NM_005231	Hs.596164	2017
NM_016388	NM_016388	NM_016388	Hs.138701	50852
NM_152618	NM_152618	NM_152618	Hs.400698	166379
NM_002003	NM_002003	NM_002003	Hs.440898	2219
XR_112441	XR_112441	XR_112441		NA
NR_002307	NR_002307	NR_002307	Hs.381329	55545
NM_017728	NM_017728	NM_017728	Hs.370262	54868
NM_006520	NM_006520	NM_006520	Hs.446392	6990
NM_006125	NM_006125	NM_006125	Hs.435291	395
NM_005470	NM_005470	NM_005470	Hs.508148	10006
NM_003719	NM_003719	NM_003719	Hs.584830	8622
NM_003581	NM_003581	NM_003581	Hs.529244	8440
NM_016274	NM_016274	NM_016274	Hs.438824	51177
NM_000486	NM_000486	NM_000486	Hs.130730	359
NM_002847	NM_002847	NM_002847	Hs.490789	5799
NM_020415	NM_020415	NM_020415	Hs.283091	56729
NM_002284	NM_002284	NM_002284	Hs.278658	3892
NM_032214	NM_032214	NM_032214	Hs.713578	84174
NM_001083899	NM_001083899	NM_001083899	Hs.661752	51206
NM_002293	NM_002293	NM_002293	Hs.609663	3915
NM_002633	NM_002633	NM_002633	Hs.1869	5236
TCONS_I2_00005178				NA
NM_023003	NM_023003	NM_023003	Hs.513094	53346
NM_000201	NM_000201	NM_000201	Hs.643447	3383
NM_032214	NM_032214	NM_032214	Hs.713578	84174
NM_014373	NM_014373	NM_014373	Hs.231320	26996
XM_003118994	XM_003118994	XM_003118994		NA
NM_000081	NM_000081	NM_000081	Hs.532411	1130
TCONS_I2_00027727				NA
NM_020397	NM_020397	NM_020397	Hs.659517	57118
NM_021109	NM_021109	NM_021109	Hs.437277	7114
TCONS_00006262				NA
NM_003039	NM_003039	NM_003039	Hs.530003	6518
NM_000675	NM_000675	NM_000675	Hs.197029	135
NM_022788	NM_022788	NM_022788	Hs.591281	64805
NM_015646	NM_015646	NM_015646	Hs.369920	5908
NM_052925	NM_052925	NM_052925	Hs.502378	114823
NM_032489	NM_032489	NM_032489	Hs.123239	84519
NM_002570	NM_002570	NM_002570	Hs.498494	5046
THC2529564				NA
NR_024119	NR_024119	NR_024119	Hs.404170	64433
NM_002619	NM_002619	NM_002619	Hs.81564	5196
NM_006813	NM_006813	NM_006813	Hs.75969	10957

XM_003118994	XM_003118994	XM_003118994		NA
NM_006000	NM_006000	NM_006000	Hs.75318	7277
NR_038410	NR_038410	NR_038410	Hs.718477	NA
NM_006665	NM_006665	NM_006665	Hs.44227	10855
NM_207380	NM_207380	NM_207380	Hs.32433	388115
ENST00000458325	XR_133225	XR_133225		NA
NM_005985	NM_005985	NM_005985	Hs.48029	6615
NM_005658	NM_005658	NM_005658	Hs.531251	7185
NM_005623	NM_005623	NM_005623	Hs.271387	6355
TCONS_I2_00028267				NA
NM_000697	NM_000697	NM_000697	Hs.654431	239
NM_001008211	NM_001008211	NM_001008211	Hs.332706	10133
NM_004626	NM_004626	NM_004626	Hs.108219	7481
NR_024075	NR_024075	NR_024075	Hs.688043	326342
NM_022468	NM_022468	NM_022468	Hs.654979	64386
NM_006000	NM_006000	NM_006000	Hs.75318	7277
NM_000435	NM_000435	NM_000435	Hs.8546	4854
NM_001831	NM_001831	NM_001831	Hs.436657	1191
NM_002301	NM_002301	NM_002301	Hs.654377	3948
NM_002965	NM_002965	NM_002965	Hs.112405	6280
NM_005213	NM_005213	NM_005213	Hs.518198	1475
NM_002210	NM_002210	NM_002210	Hs.436873	3685
NM_004486	NM_004486	NM_004486	Hs.155827	2801
NM_182728	NM_182728	NM_182728	Hs.596643	23428
NM_001008	NM_001008	NM_001008	Hs.282376	6192
NM_002704	NM_002704	NM_002704	Hs.2164	5473
NM_002122	NM_002122	NM_002122	Hs.387679	3117
ENST00000425412				NA
				NA
NR_034115	NR_034115	NR_034115		NA
NR_024431	NR_024431	NR_024431	Hs.309176	283050
NR_038461	NR_038461	NR_038461	Hs.152595	NA
NM_006457	NM_006457	NM_006457	Hs.480311	10611
NM_006566	NM_006566	NM_006566	Hs.660130	10666
NM_002029	NM_002029	NM_002029	Hs.753	2357
NM_181641	NM_181641	NM_181641	Hs.15159	51192
AA302842		AA302842	Hs.578401	NA
				NA
AA256156		AA256156	Hs.598838	NA
NM_012434	NM_012434	NM_012434	Hs.597422	26503
ENST00000411514		BC068238	Hs.60856	NA
NM_000584	NM_000584	NM_000584	Hs.624	3576
NM_152237	NM_152237	NM_152237	Hs.322852	10634
NM_002122	NM_002122	NM_002122	Hs.387679	3117

NM_030949	NM_030949	NM_030949	Hs.486798	81706
ENST00000429666		AV715291	Hs.612457	NA
NM_145010	NM_145010	NM_145010	Hs.534486	219670
NM_001123041	NM_001123041	NM_001123041	Hs.511794	729230
NM_030627	NM_030627	NM_030627	Hs.127126	80315
NM_005508	NM_005508	NM_005508	Hs.184926	1233
ENST00000253320	XM_003120334	XM_003120334	Hs.592254	NA
NM_198182	NM_198182	NM_198182	Hs.418493	29841
XR_108989	XR_108989	XR_108989		NA
NM_021624	NM_021624	NM_021624	Hs.287388	59340
ENST00000517927		AL389942	Hs.604728	NA
XR_108436	XR_108436	XR_108436		NA
NM_001100829	NM_001100829	NM_001100829	Hs.146317	100113407
XR_132913	XR_132913	XR_132913		NA
NM_001123396	NM_001123396	NM_001123396	Hs.511794	729230
NM_004660	NM_004660	NM_004660	Hs.99120	8653
NM_001800	NM_001800	NM_001800	Hs.435051	1032
ENST00000314088		BC050602	Hs.622290	8334
NR_038461	NR_038461	NR_038461	Hs.152595	100128420
NM_015714	NM_015714	NM_015714	Hs.432132	50486
NM_001465	NM_001465	NM_001465	Hs.370503	2533
NM_024613	NM_024613	NM_024613	Hs.29724	79666
NM_080593	NM_080593	NM_080593	Hs.437275	85236
NR_024240	NR_024240	NR_024240	Hs.720762	3137
NM_001007245	NM_001007245	NM_001007245	Hs.7879	3475
NM_030773	NM_030773	NM_030773	Hs.303023	81027
AK125979		AK125979	Hs.8004	8997
TCONS_I2_00012888				NA
NM_033256	NM_033256	NM_033256	Hs.631569	94274
NM_014970	NM_014970	NM_014970	Hs.433442	22920
XR_110148	XR_110148	XR_110148		NA
NM_024803	NM_024803	NM_024803	Hs.163079	79861
NM_001042633	NM_001042633	NM_001042633	Hs.472854	90203
NM_002030	NM_002030	NM_002030	Hs.445466	2359
NM_013409	NM_013409	NM_013409	Hs.9914	10468
NM_145056	NM_145056	NM_145056	Hs.515490	147906
NM_000064	NM_000064	NM_000064	Hs.529053	718
NM_002970	NM_002970	NM_002970	Hs.28491	6303
NM_033285	NM_033285	NM_033285	Hs.492261	94241
NM_004862	NM_004862	NM_004862	Hs.459940	9516
NM_018710	NM_018710	NM_018710	Hs.202517	55529
NM_198159	NM_198159	NM_198159	Hs.166017	4286
NM_000919	NM_000919	NM_000919	Hs.369430	5066
ENST00000416959	XR_108370	XR_108370		NA

NR_033405	NR_033405	NR_033405	Hs.726015	NA
NM_002608	NM_002608	NM_002608	Hs.1976	5155
NM_194272	NM_194272	NM_194272	Hs.436518	348093
NM_006609	NM_006609	NM_006609	Hs.145605	10746
NM_002922	NM_002922	NM_002922	Hs.75256	5996
NM_153615	NM_153615	NM_153615	Hs.658997	266747
ENST00000426699				NA
NM_004106	NM_004106	NM_004106	Hs.433300	2207
NM_016613	NM_016613	NM_016613	Hs.567498	51313
XR_110148	XR_110148	XR_110148		NA
NM_005755	NM_005755	NM_005755	Hs.501452	10148
NM_033023	NM_033023	NM_033023	Hs.535898	5154
ENST00000431042		BC060766	Hs.655169	144195
NM_030952	NM_030952	NM_030952	Hs.497512	81788
NM_001816	NM_001816	NM_001816	Hs.41	1088
NM_006308	NM_006308	NM_006308	Hs.41707	8988
NM_001039567	NM_001039567	NM_001039567	Hs.367761	140032
NM_000484	NM_000484	NM_000484	Hs.434980	351
XR_110148	XR_110148	XR_110148		NA
ENST00000367992				2207
NM_134427	NM_134427	NM_134427	Hs.494875	5998
NM_031453	NM_031453	NM_031453	Hs.446315	83641
NM_005980	NM_005980	NM_005980	Hs.2962	6286
NM_014858	NM_014858	NM_014858	Hs.6360	9911
ENST00000381524				NA
NM_001018100	NM_001018100	NM_001018100	Hs.437256	100820829
NM_004681	NM_004681	NM_004681	Hs.461178	9086
NM_006095	NM_006095	NM_006095	Hs.435052	10396
NM_001039548	NM_001039548	NM_001039548	Hs.292451	283212
NM_006734	NM_006734	NM_006734	Hs.510172	3097
NM_006847	NM_006847	NM_006847	Hs.67846	11006
NM_144586	NM_144586	NM_144586	Hs.728939	116372
NM_173216	NM_173216	NM_173216	Hs.207459	6480
NM_021246	NM_021246	NM_021246	Hs.591792	58530
NM_022736	NM_022736	NM_022736	Hs.58663	64747
NR_045128	NR_045128	NR_045128	Hs.592254	246126
NM_000210	NM_000210	NM_000210	Hs.133397	3655
NM_033520	NM_033520	NM_033520	Hs.631544	64073
NM_002372	NM_002372	NM_002372	Hs.432822	4124
NM_001083	NM_001083	NM_001083	Hs.647971	8654
NM_005627	NM_005627	NM_005627	Hs.510078	6446
NM_003344	NM_003344	NM_003344	Hs.643548	7328
NM_014059	NM_014059	NM_014059	Hs.507866	28984
				NA

NM_015123	NM_015123	NM_015123	Hs.709671	23150
NM_004419	NM_004419	NM_004419	Hs.2128	1847
NM_006834	NM_006834	NM_006834	Hs.287714	10981
NM_015646	NM_015646	NM_015646	Hs.369920	5908
NM_032873	NM_032873	NM_032873	Hs.444075	84959
NM_014331	NM_014331	NM_014331	Hs.390594	23657
NM_000311	NM_000311	NM_000311	Hs.472010	5621
NM_002508	NM_002508	NM_002508	Hs.356624	4811
TCONS_I2_00017628				NA
NM_000594	NM_000594	NM_000594	Hs.241570	7124
ENST00000450783				NA
NM_018306	NM_018306	NM_018306	Hs.475502	55287
NM_001126106	NM_001126106	NM_001126106	Hs.513147	9056
ENST00000443523		BG201536	Hs.257871	NA
NM_001511	NM_001511	NM_001511	Hs.789	2919
NM_001040011	NM_001040011	NM_001040011	Hs.259594	375757
XR_110148	XR_110148	XR_110148		100130938
NR_038842	NR_038842	NR_038842	Hs.380738	728431
NM_003897	NM_003897	NM_003897	Hs.76095	8870
NM_000518	NM_000518	NM_000518	Hs.523443	3043
NM_001974	NM_001974	NM_001974	Hs.2375	2015
TCONS_I2_00024711				NA
NM_213590	NM_213590	NM_213590	Hs.436922	10206
NM_001037341	NM_001037341	NM_001037341	Hs.198072	5142
ENST00000467896		BF366239	Hs.573021	NA
XR_109180	XR_109180	XR_109180	Hs.530791	NA
NM_003465	NM_003465	NM_003465	Hs.201688	1118
NM_020997	NM_020997	NM_020997	Hs.656214	10637
NM_181482	NM_181482	NM_181482	Hs.149363	753
NR_002942	NR_002942	NR_002942	Hs.680438	340508
AF007131		AF007131	Hs.569494	100129973
NM_002402	NM_002402	NM_002402	Hs.270978	4232
NM_000210	NM_000210	NM_000210	Hs.133397	3655
NM_001040217	NM_001040217	NM_001040217	Hs.3346	55793
NR_033963	NR_033963	NR_033963	Hs.521334	441307
NM_144677	NM_144677	NM_144677	Hs.144531	146664
NM_002888	NM_002888	NM_002888	Hs.131269	5918
NM_012337	NM_012337	NM_012337	Hs.647705	25790
NM_006290	NM_006290	NM_006290	Hs.211600	7128
NM_023938	NM_023938	NM_023938	Hs.32417	79098
AK091302		AK091302	Hs.647971	NA
NM_024565	NM_024565	NM_024565	Hs.14070	79616
NM_020529	NM_020529	NM_020529	Hs.81328	4792
NM_005143	NM_005143	NM_005143	Hs.513711	3240

XR_110914	XR_110914	XR_110914	Hs.647238	728975
NM_003498	NM_003498	NM_003498	Hs.618526	8303
NR_027767	NR_027767	NR_027767	Hs.604466	NA
NM_018943	NM_018943	NM_018943	Hs.137400	51807
NM_001860	NM_001860	NM_001860	Hs.24030	1318
NM_006001	NM_006001	NM_006001	Hs.349695	7278
NM_000236	NM_000236	NM_000236	Hs.654472	3990
NM_020824	NM_020824	NM_020824	Hs.524195	57584
THC2719986				NA
NM_006714	NM_006714	NM_006714	Hs.486357	10924
NM_145010	NM_145010	NM_145010	Hs.534486	219670
NM_001097579	NM_001097579	NM_001097579	Hs.495989	2857
NM_001346	NM_001346	NM_001346	Hs.683449	1608
NM_002073	NM_002073	NM_002073	Hs.584760	2781
NM_012413	NM_012413	NM_012413	Hs.79033	25797
NM_002306	NM_002306	NM_002306	Hs.531081	3958
NR_026875	NR_026875	NR_026875	Hs.149219	93082
NM_001145271	NM_001145271	NM_001145271	Hs.521459	27299
TCONS_00020694				NA
NM_003836	NM_003836	NM_003836	Hs.533717	8788
NM_001206	NM_001206	NM_001206	Hs.150557	687
TCONS_I2_00014098				NA
ENST00000450783				NA
NM_016509	NM_016509	NM_016509	Hs.409794	51266
XR_108783	XR_108783	XR_108783	Hs.626125	100507507
NM_144569	NM_144569	NM_144569	Hs.62604	90853
ENST00000401931				3576
NM_017935	NM_017935	NM_017935	Hs.480400	55024
THC2647746				NA
NM_006691	NM_006691	NM_006691	Hs.655332	10894
NM_002228	NM_002228	NM_002228	Hs.696684	3725
NM_006528	NM_006528	NM_006528	Hs.438231	7980
NM_025059	NM_025059	NM_025059	Hs.660044	80129
NM_005461	NM_005461	NM_005461	Hs.169487	9935
NM_014996	NM_014996	NM_014996	Hs.567423	23007
NM_145279	NM_145279	NM_145279	Hs.632401	148932
NM_004101	NM_004101	NM_004101	Hs.42502	2151
NM_004148	NM_004148	NM_004148	Hs.494457	4814
NM_001165899	NM_001165899	NM_001165899	Hs.117545	5144
NM_014020	NM_014020	NM_014020	Hs.647090	28959
NM_016509	NM_016509	NM_016509	Hs.409794	51266
NM_007350	NM_007350	NM_007350	Hs.602085	22822
NM_021199	NM_021199	NM_021199	Hs.511251	58472
NM_002166	NM_002166	NM_002166	Hs.180919	3398

ENST00000334003		AL834358	Hs.186649	54103
NM_016824	NM_016824	NM_016824	Hs.501012	120
NM_005332	NM_005332	NM_005332	Hs.585357	3050
NM_003897	NM_003897	NM_003897	Hs.76095	8870
NM_153026	NM_153026	NM_153026	Hs.720221	144165
ENST00000442130	XR_132477	XR_132477		NA
NM_130783	NM_130783	NM_130783	Hs.385634	90139
NM_016270	NM_016270	NM_016270	Hs.107740	10365
NM_000235	NM_000235	NM_000235	Hs.643030	3988
NR_027118	NR_027118	NR_027118	Hs.656869	285954
NM_004681	NM_004681	NM_004681	Hs.461178	9086
NM_000632	NM_000632	NM_000632	Hs.172631	3684
NM_003279	NM_003279	NM_003279	Hs.182421	7125
NM_001003693	NM_001003693	NM_001003693	Hs.591794	259215
NM_019050	NM_019050	NM_019050	Hs.431081	54532
NM_021999	NM_021999	NM_021999	Hs.643683	9445
NM_001142343	NM_001142343	NM_001142343	Hs.197143	1240
NM_001008783	NM_001008783	NM_001008783	Hs.369703	340146
NM_013437	NM_013437	NM_013437	Hs.600630	29967
NM_005514	NM_005514	NM_005514	Hs.77961	3106
NM_002984	NM_002984	NM_002984	Hs.75703	6351
NM_005904	NM_005904	NM_005904	Hs.465087	4092
NM_025106	NM_025106	NM_025106	Hs.8261	80176
NM_198573	NM_198573	NM_198573	Hs.522085	375704
NM_012329	NM_012329	NM_012329	Hs.463483	23531
NM_003706	NM_003706	NM_003706	Hs.631562	8605
NM_006705	NM_006705	NM_006705	Hs.9701	10912
NM_021647	NM_021647	NM_021647	Hs.593942	9848
NM_002060	NM_002060	NM_002060	Hs.296310	2701
NM_002843	NM_002843	NM_002843	Hs.318547	5795
NM_003264	NM_003264	NM_003264	Hs.519033	7097
NM_005332	NM_005332	NM_005332	Hs.585357	NA
NM_002984	NM_002984	NM_002984	Hs.75703	6351
NM_001184792	NM_001184792	NM_001184792	Hs.131489	56288
NM_016347	NM_016347	NM_016347	Hs.728429	51471
NM_018487	NM_018487	NM_018487	Hs.647116	55365
NM_001144070	NM_001144070	NM_001144070	Hs.463421	8714
NM_031453	NM_031453	NM_031453	Hs.446315	83641
NM_016362	NM_016362	NM_016362	Hs.590080	51738
NM_018306	NM_018306	NM_018306	Hs.475502	55287
NR_026796	NR_026796	NR_026796		645687
NM_003670	NM_003670	NM_003670	Hs.171825	8553
BX093705		BX093705	Hs.666504	NA
NM_007256	NM_007256	NM_007256	Hs.7884	11309

NM_033297	NM_033297	NM_033297	Hs.631573	91662
NM_001167890	NM_001167890	NM_001167890	Hs.12844	25975
NM_017439	NM_017439	NM_017439	Hs.186649	54103
NM_013230	NM_013230	NM_013230	Hs.644105	100133941
NM_152512	NM_152512	NM_152512	Hs.474869	150350
ENST00000369540		AK124287	Hs.654928	163259
NM_007283	NM_007283	NM_007283	Hs.277035	11343
NM_015036	NM_015036	NM_015036	Hs.167115	23052
NM_130385	NM_130385	NM_130385	Hs.501898	10335
NM_001130861	NM_001130861	NM_001130861	Hs.505337	7122
NM_001025356	NM_001025356	NM_001025356	Hs.505339	196527
NM_005514	NM_005514	NM_005514	Hs.77961	3106
NM_175725	NM_175725	NM_175725	Hs.68876	3568
NM_181526	NM_181526	NM_181526	Hs.504687	10398
NM_138939	NM_138939	NM_138939	Hs.309158	131450
NM_007283	NM_007283	NM_007283	Hs.277035	11343
NM_000187	NM_000187	NM_000187	Hs.368254	3081
NM_004172	NM_004172	NM_004172	Hs.481918	6507
NM_002357	NM_002357	NM_002357	Hs.468908	4084
NM_003650	NM_003650	NM_003650	Hs.143212	8530
NM_001570	NM_001570	NM_001570	Hs.449207	3656
NM_001165	NM_001165	NM_001165	Hs.127799	330
NM_000517	NM_000517	NM_000517	Hs.654744	3040
ENST00000309775		BG676222	Hs.433026	NA
NM_020995	NM_020995	NM_020995	Hs.655361	3250
NM_174918	NM_174918	NM_174918	Hs.709539	199675
NM_015368	NM_015368	NM_015368	Hs.591976	24145
NM_001013641	NM_001013641	NM_001013641	Hs.454828	388595
NM_005308	NM_005308	NM_005308	Hs.524625	2869
NM_002003	NM_002003	NM_002003	Hs.440898	2219
NM_016509	NM_016509	NM_016509	Hs.409794	51266
NM_004844	NM_004844	NM_004844	Hs.726063	9467
NM_198196	NM_198196	NM_198196	Hs.142023	10225
NM_001098478	NM_001098478	NM_001098478	Hs.519972	3134
NR_034172	NR_034172	NR_034172	Hs.644600	NA
NM_002982	NM_002982	NM_002982	Hs.303649	6347
NM_012387	NM_012387	NM_012387	Hs.522969	23569
NM_001124	NM_001124	NM_001124	Hs.441047	133
NM_001243168	NM_001243168	NM_001243168	Hs.169002	171558
NM_001561	NM_001561	NM_001561	Hs.86447	3604
NM_021647	NM_021647	NM_021647	Hs.593942	9848
NM_002928	NM_002928	NM_002928	Hs.413297	6004
NM_001145033	NM_001145033	NM_001145033	Hs.714890	387763
NM_020939	NM_020939	NM_020939	Hs.657869	57699

NM_015991	NM_015991	NM_015991	Hs.632379	712
NM_000067	NM_000067	NM_000067	Hs.155097	760
NM_004653	NM_004653	NM_004653	Hs.80358	8284
NM_015444	NM_015444	NM_015444	Hs.730634	25907
NM_020775	NM_020775	NM_020775	Hs.708190	57535
NM_001122665	NM_001122665	NM_001122665	Hs.99120	8653
NM_001912	NM_001912	NM_001912	Hs.418123	1514
NM_005472	NM_005472	NM_005472	Hs.523899	10008
NM_178174	NM_178174	NM_178174	Hs.117331	340205
NM_018965	NM_018965	NM_018965	Hs.435295	54209
NM_014992	NM_014992	NM_014992	Hs.654934	23002
NR_034172	NR_034172	NR_034172	Hs.644600	NA
NM_002964	NM_002964	NM_002964	Hs.416073	6279
NM_006093	NM_006093	NM_006093	Hs.251386	10394
NM_005330	NM_005330	NM_005330	Hs.655195	3046
NM_001003665	NM_001003665	NM_001003665	Hs.116827	375057
NM_032413	NM_032413	NM_032413	Hs.112242	84419
NM_024621	NM_024621	NM_024621	Hs.658046	79674
NM_022121	NM_022121	NM_022121	Hs.201446	64065
NM_213602	NM_213602	NM_213602	Hs.287692	284266
NM_138983	NM_138983	NM_138983	Hs.56663	116448
NM_002999	NM_002999	NM_002999	Hs.632267	6385
NM_003835	NM_003835	NM_003835	Hs.664380	8787
NM_000450	NM_000450	NM_000450	Hs.82848	6401
XR_108413	XR_108413	XR_108413	Hs.191841	NA
NM_002620	NM_002620	NM_002620	Hs.72933	5197
NM_004049	NM_004049	NM_004049	Hs.227817	597
DQ656067		DQ656067	Hs.302145	NA
NM_000433	NM_000433	NM_000433	Hs.587558	4688
NM_001511	NM_001511	NM_001511	Hs.789	2919
NM_024717	NM_024717	NM_024717	Hs.655087	79772
NM_003786	NM_003786	NM_003786	Hs.463421	8714
NM_002985	NM_002985	NM_002985	Hs.514821	6352
NM_001725	NM_001725	NM_001725	Hs.529019	671
NM_033101	NM_033101	NM_033101	Hs.502774	85329
NM_139248	NM_139248	NM_139248	Hs.68864	200879
NM_014181	NM_014181	NM_014181	Hs.372208	29094
NM_198481	NM_198481	NM_198481	Hs.444431	284415
NM_016582	NM_016582	NM_016582	Hs.237856	51296
NM_001040619	NM_001040619	NM_001040619	Hs.460	467
NM_020415	NM_020415	NM_020415	Hs.283091	56729
NM_001276	NM_001276	NM_001276	Hs.382202	1116
NM_002928	NM_002928	NM_002928	Hs.413297	6004
NM_002426	NM_002426	NM_002426	Hs.1695	4321

NM_002854	NM_002854	NM_002854	Hs.295449	5816
TCONS_00026542				NA
NM_000246	NM_000246	NM_000246	Hs.701991	4261
NM_016194	NM_016194	NM_016194	Hs.155090	10681
NM_020128	NM_020128	NM_020128	Hs.655702	56890
NM_005100	NM_005100	NM_005100	Hs.371240	9590
NM_001009941	NM_001009941	NM_001009941	Hs.289828	54522
NM_006062	NM_006062	NM_006062	Hs.631882	10322
NM_006123	NM_006123	NM_006123	Hs.460960	3423
NM_001244438	NM_001244438	NM_001244438	Hs.440934	383
NM_014877	NM_014877	NM_014877	Hs.370140	9931
NM_172311	NM_172311	NM_172311	Hs.44385	286749
ENST00000477589	XM_002342405	XM_002342405	Hs.729204	NA
NR_003057	NR_003057	NR_003057		NA
NM_000251	NM_000251	NM_000251	Hs.597656	4436
NM_003730	NM_003730	NM_003730	Hs.529989	8635
NR_028415	NR_028415	NR_028415		NA
NM_003427	NM_003427	NM_003427	Hs.388024	7629
NM_001007551	NM_001007551	NM_001007551	Hs.535081	441521
AK093722		AK093722	Hs.459704	728903
NM_013355	NM_013355	NM_013355	Hs.300485	29941
NM_007168	NM_007168	NM_007168	Hs.58351	10351
NM_004398	NM_004398	NM_004398	Hs.591931	1662
ENST00000433036				NA
AK124574		AK124574	Hs.689574	100128402
NM_173471	NM_173471	NM_173471	Hs.379386	115286
NR_002907	NR_002907	NR_002907	Hs.469723	6080
NM_080668	NM_080668	NM_080668	Hs.434886	113130
NM_007103	NM_007103	NM_007103	Hs.7744	4723
THC2547329				NA
NM_030653	NM_030653	NM_030653	Hs.443960	1663
ENST00000439105				NA
NM_020848	NM_020848	NM_020848	Hs.533953	57608
NM_032565	NM_032565	NM_032565	Hs.433278	84650
NM_015201	NM_015201	NM_015201	Hs.645279	23246
NR_015364	NR_015364	NR_015364		NA
NM_001048205	NM_001048205	NM_001048205	Hs.419259	9985
TCONS_I2_00017153				NA
NM_015934	NM_015934	NM_015934	Hs.471104	51602
NM_015655	NM_015655	NM_015655	Hs.661684	26152
NM_000062	NM_000062	NM_000062	Hs.384598	710
NR_002996	NR_002996	NR_002996		NA
NM_024786	NM_024786	NM_024786	Hs.729226	79844
THC2725851				NA

NM_020713	NM_020713	NM_020713	Hs.551552	57473
NM_016653	NM_016653	NM_016653	Hs.444451	51776
NR_024074	NR_024074	NR_024074	Hs.375441	NA
NM_207333	NM_207333	NM_207333	Hs.369632	162967
NM_022662	NM_022662	NM_022662	Hs.436527	NA
NM_032656	NM_032656	NM_032656	Hs.107382	57647
NM_021095	NM_021095	NM_021095	Hs.435735	8884
NM_014426	NM_014426	NM_014426	Hs.316890	27131
NM_001243780	NM_001243780	NM_001243780	Hs.500333	84293
NM_133644	NM_133644	NM_133644	Hs.334885	84705
				NA
NR_024490	NR_024490	NR_024490	Hs.720669	100129387
				NA
NM_015092	NM_015092	NM_015092	Hs.729902	NA
NM_001199011	NM_001199011	NM_001199011		NA
NM_001040708	NM_001040708	NM_001040708	Hs.234434	23462
ENST00000370684		AY927365	Hs.487325	5567
NM_021097	NM_021097	NM_021097	Hs.468274	6546
NM_019042	NM_019042	NM_019042	Hs.520619	54517
NM_001242480	NM_001242480	NM_001242480	Hs.708293	389831
NM_001007	NM_001007	NM_001007	Hs.118076	6191
NM_001809	NM_001809	NM_001809	Hs.1594	1058
NM_016034	NM_016034	NM_016034	Hs.382044	51116
NM_021966	NM_021966	NM_021966	Hs.2484	8115
NR_004404	NR_004404	NR_004404	Hs.469723	26768
NM_173467	NM_173467	NM_173467	Hs.349111	27349
NM_033201	NM_033201	NM_033201	Hs.401798	89927
ENST00000398305		BC107850	Hs.675446	NA
AK129745		AK129745		NA
ENST00000316807	XR_109520	XR_109520	Hs.590968	NA
NM_016458	NM_016458	NM_016458	Hs.300224	51236
THC2639066				NA
NM_058190	NM_058190	NM_058190	Hs.410830	85395
AK123945		AK123945	Hs.640229	NA
NM_001042539	NM_001042539	NM_001042539	Hs.23650	4150
TCONS_I2_00028644				NA
NM_052942	NM_052942	NM_052942	Hs.513726	115362
NM_005371	NM_005371	NM_005371	Hs.42957	4234
AK127393		AK127393	Hs.644332	645566
NM_001004019	NM_001004019	NM_001004019	Hs.198862	2199
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NM_014412	NM_014412	NM_014412	Hs.508524	27101
NM_001970	NM_001970	NM_001970	Hs.534314	1984
NR_023915	NR_023915	NR_023915		NA

THC2537477				NA
NM_032627	NM_032627	NM_032627	Hs.515259	170463
TCONS_I2_00010087				NA
NM_001011724	NM_001011724	NM_001011724	Hs.447506	144983
ENST00000532854		BC051298	Hs.463017	NA
NM_052926	NM_052926	NM_052926	Hs.573567	114824
NM_152246	NM_152246	NM_152246	Hs.439777	1375
NR_036554	NR_036554	NR_036554		NA
				NA
NR_024361	NR_024361	NR_024361	Hs.656318	286042
NM_152600	NM_152600	NM_152600	Hs.112529	163033
NR_036480	NR_036480	NR_036480	Hs.666282	100128881
NM_001242690	NM_001242690	NM_001242690		NA
NM_005633	NM_005633	NM_005633	Hs.709893	6654
NM_018238	NM_018238	NM_018238	Hs.730694	55750
NM_144998	NM_144998	NM_144998	Hs.37616	201254
NM_013299	NM_013299	NM_013299	Hs.23642	29901
NM_001723	NM_001723	NM_001723	Hs.604915	667
NM_153746	NM_153746	NM_153746	Hs.730761	79683
NM_003044	NM_003044	NM_003044	Hs.437174	6539
NM_018405	NM_018405	NM_018405	Hs.462729	55352
NM_022782	NM_022782	NM_022782	Hs.577404	10198
XR_132703	XR_132703	XR_132703	Hs.689442	100128563
NM_025049	NM_025049	NM_025049	Hs.112160	80119
NM_013417	NM_013417	NM_013417	Hs.445403	3376
NM_002250	NM_002250	NM_002250	Hs.10082	3783
ENST00000420509	XR_112431	XR_112431	Hs.729467	NA
NM_001002926	NM_001002926	NM_001002926	Hs.353035	221830
NR_004389	NR_004389	NR_004389	Hs.707958	NA
NR_003046	NR_003046	NR_003046	Hs.712426	NA
NM_020888	NM_020888	NM_020888	Hs.591502	57648
NM_012317	NM_012317	NM_012317	Hs.45231	23641
NM_014735	NM_014735	NM_014735	Hs.371977	9767
NM_030625	NM_030625	NM_030625	Hs.567594	NA
NM_004822	NM_004822	NM_004822	Hs.660885	9423
NR_036536	NR_036536	NR_036536		NA
NM_152307	NM_152307	NM_152307	Hs.525610	115708
NM_006455	NM_006455	NM_006455	Hs.446459	10609
NM_003146	NM_003146	NM_003146	Hs.523680	6749
NM_201400	NM_201400	NM_201400	Hs.406461	196483
TCONS_00017433				NA
NM_004931	NM_004931	NM_004931	Hs.405667	926
NM_013318	NM_013318	NM_013318	Hs.495349	84726
NM_001099436	NM_001099436	NM_001099436	Hs.513034	25989

ENST00000425591		AK127966	Hs.689473	NA
NM_147161	NM_147161	NM_147161	Hs.729424	26027
NM_080621	NM_080621	NM_080621	Hs.27189	140700
NM_201412	NM_201412	NM_201412	Hs.16803	55692
NM_003426	NM_003426	NM_003426	Hs.517418	7625
NM_006558	NM_006558	NM_006558	Hs.444558	10656
NR_028370	NR_028370	NR_028370		NA
NM_052813	NM_052813	NM_052813	Hs.694071	64170
NM_001011657	NM_001011657	NM_001011657	Hs.496512	84460
NM_152586	NM_152586	NM_152586	Hs.657355	159195
NM_000418	NM_000418	NM_000418	Hs.513457	3566
NM_012222	NM_012222	NM_012222	Hs.271353	4595
NM_005800	NM_005800	NM_005800	Hs.533831	10208
NM_030643	NM_030643	NM_030643	Hs.726733	80832
NM_001193623	NM_001193623	NM_001193623	Hs.148344	147646
NM_014452	NM_014452	NM_014452	Hs.443577	27242
NM_018321	NM_018321	NM_018321	Hs.718510	55299
NM_005415	NM_005415	NM_005415	Hs.187946	6574
NM_022743	NM_022743	NM_022743	Hs.567571	64754
NM_014831	NM_014831	NM_014831	Hs.170999	NA
NM_005555	NM_005555	NM_005555	Hs.708950	3854
NM_025149	NM_025149	NM_025149	Hs.288959	80221
NM_001242310	NM_001242310	NM_001242310	Hs.302017	60401
NM_002915	NM_002915	NM_002915	Hs.115474	5983
THC2558292				NA
NM_005153	NM_005153	NM_005153	Hs.136778	9100
NM_019070	NM_019070	NM_019070	Hs.143187	54555
NM_000059	NM_000059	NM_000059	Hs.34012	675
NM_003496	NM_003496	NM_003496	Hs.203952	8295
NM_001242690	NM_001242690	NM_001242690		NA
NM_022140	NM_022140	NM_022140	Hs.584954	64097
NM_002949	NM_002949	NM_002949	Hs.109059	6182
NM_005782	NM_005782	NM_005782	Hs.534385	10189
NM_030932	NM_030932	NM_030932	Hs.283127	81624
NM_015672	NM_015672	NM_015672	Hs.115429	85376
NM_001014975	NM_001014975	NM_001014975	Hs.363396	3075
NM_001839	NM_001839	NM_001839	Hs.483454	1266
NM_001011724	NM_001011724	NM_001011724	Hs.447506	144983
NM_001164315	NM_001164315	NM_001164315	Hs.646318	NA
NM_001031695	NM_001031695	NM_001031695	Hs.282998	23543
NR_040017	NR_040017	NR_040017		NA
NM_030630	NM_030630	NM_030630	Hs.11067	283987
NR_002744	NR_002744	NR_002744		NA
NM_001166260	NM_001166260	NM_001166260	Hs.436187	9319

NM_005653	NM_005653	NM_005653	Hs.48849	7024
NM_031455	NM_031455	NM_031455	Hs.498720	83643
NM_001164478	NM_001164478	NM_001164478	Hs.49573	NA
NM_019609	NM_019609	NM_019609	Hs.659346	56265
NM_139160	NM_139160	NM_139160	Hs.280990	91614
NR_002977	NR_002977	NR_002977		NA
NM_001184854	NM_001184854	NM_001184854	Hs.123450	54758
NM_004544	NM_004544	NM_004544	Hs.277677	4705
NM_004741	NM_004741	NM_004741	Hs.523238	9221
NM_004378	NM_004378	NM_004378	Hs.346950	1381
NM_032795	NM_032795	NM_032795	Hs.150458	84881
NM_015135	NM_015135	NM_015135	Hs.632299	23165
XR_111767	XR_111767	XR_111767	Hs.720286	NA
NR_002433	NR_002433	NR_002433	Hs.722986	NA
NM_001142571	NM_001142571	NM_001142571	Hs.631757	5892
NM_001184	NM_001184	NM_001184	Hs.271791	545
NM_003072	NM_003072	NM_003072	Hs.327527	6597
NM_000971	NM_000971	NM_000971	Hs.571841	6129
NR_029405	NR_029405	NR_029405	Hs.431161	643406
NR_024042	NR_024042	NR_024042	Hs.440026	390226
NM_002529	NM_002529	NM_002529	Hs.406293	4914
NM_018975	NM_018975	NM_018975	Hs.301419	54386
NM_152676	NM_152676	NM_152676	Hs.664011	201456
NM_005720	NM_005720	NM_005720	Hs.489284	10095
NM_175061	NM_175061	NM_175061	Hs.368944	221895
NR_045112	NR_045112	NR_045112	Hs.657151	100129617
THC2725860				NA
NM_005749	NM_005749	NM_005749	Hs.730705	10140
NM_002736	NM_002736	NM_002736	Hs.433068	5577
NM_017526	NM_017526	NM_017526	Hs.23581	54741
NM_000173	NM_000173	NM_000173	Hs.1472	2811
TCONS_00015162				NA
XR_108400	XR_108400	XR_108400		100506816
NM_032435	NM_032435	NM_032435	Hs.547779	84451
NM_003809	NM_003809	NM_003809	Hs.54673	8742
NM_000660	NM_000660	NM_000660	Hs.645227	7040
NM_030971	NM_030971	NM_030971	Hs.283844	81855
NM_212481	NM_212481	NM_212481	Hs.920	10865
TCONS_00025429				NA
NM_001025366	NM_001025366	NM_001025366	Hs.73793	7422
NM_025079	NM_025079	NM_025079	Hs.656294	80149
NM_007005	NM_007005	NM_007005	Hs.444213	7091
NM_024764	NM_024764	NM_024764	Hs.131755	79820
TCONS_I2_00006993				NA

ENST00000433810		BX116846	Hs.269571	NA
NM_018059	NM_018059	NM_018059	Hs.667336	55698
NM_001172292	NM_001172292	NM_001172292	Hs.4285	348938
NM_018999	NM_018999	NM_018999	Hs.461988	54462
NM_145011	NM_145011	NM_145011	Hs.499429	219749
NM_005875	NM_005875	NM_005875	Hs.315230	10289
NM_170776	NM_170776	NM_170776	Hs.383403	222487
NM_014807	NM_014807	NM_014807	Hs.26899	9854
ENST00000517482		DA998032	Hs.632061	NA
ENST00000452795				NA
NM_152381	NM_152381	NM_152381	Hs.73680	129446
NM_022343	NM_022343	NM_022343	Hs.493819	152007
NM_001098411	NM_001098411	NM_001098411	Hs.714681	NA
NM_001242313	NM_001242313	NM_001242313	Hs.376511	728229
NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	378938
NM_000363	NM_000363	NM_000363	Hs.709179	7137
NM_182663	NM_182663	NM_182663	Hs.497579	83593
BC062720		BC062720	Hs.728967	25938
NM_003129	NM_003129	NM_003129	Hs.71465	6713
ENST00000430079				NA
NM_017817	NM_017817	NM_017817	Hs.508720	55647
NR_024280	NR_024280	NR_024280	Hs.125947	100129066
NM_001040874	NM_001040874	NM_001040874	Hs.731339	723790
NM_021244	NM_021244	NM_021244	Hs.31712	58528
NM_014235	NM_014235	NM_014235	Hs.76480	8266
NM_005226	NM_005226	NM_005226	Hs.585118	1903
NM_018477	NM_018477	NM_018477	Hs.509451	55860
NM_000124	NM_000124	NM_000124	Hs.654449	2074
NR_002786	NR_002786	NR_002786	Hs.635072	152302
NM_003047	NM_003047	NM_003047	Hs.469116	6548
TCONS_00024405				NA
NM_014629	NM_014629	NM_014629	Hs.98594	9639
ENST00000421597				NA
NM_001204453	NM_001204453	NM_001204453		NA
TCONS_00016272				NA
ENST00000523507				NA
NM_001803	NM_001803	NM_001803	Hs.276770	1043
NM_138452	NM_138452	NM_138452	Hs.348350	115817
AK023946		AK023946	Hs.708770	79648
AF090901		AF090901		NA
NM_000442	NM_000442	NM_000442	Hs.376675	5175
NM_006418	NM_006418	NM_006418	Hs.508113	10562
ENST00000511861		BX113501	Hs.635694	NA
				NA

NM_006873	NM_006873	NM_006873	Hs.44385	11037
NR_036522	NR_036522	NR_036522	Hs.23133	100128252
NM_032206	NM_032206	NM_032206	Hs.528836	84166
NM_014475	NM_014475	NM_014475	Hs.631555	27294
NM_000521	NM_000521	NM_000521	Hs.69293	3074
NM_001040196	NM_001040196	NM_001040196	Hs.464438	57085
NM_005539	NM_005539	NM_005539	Hs.523360	3632
TCONS_00008464				NA
NM_033125	NM_033125	NM_033125	Hs.520319	85413
NM_001011553	NM_001011553	NM_001011553	Hs.191346	989
NM_032276	NM_032276	NM_032276	Hs.471514	84236
NM_025160	NM_025160	NM_025160	Hs.497873	80232
NR_027329	NR_027329	NR_027329	Hs.436146	114796
A23747		A23747	Hs.382212	NA
NM_005868	NM_005868	NM_005868	Hs.489132	10282
NM_005558	NM_005558	NM_005558	Hs.519035	3898
NM_152545	NM_152545	NM_152545	Hs.591696	153020
NM_030792	NM_030792	NM_030792	Hs.503297	81544
NM_015994	NM_015994	NM_015994	Hs.272630	51382
NM_014000	NM_014000	NM_014000	Hs.643896	7414
NM_178450	NM_178450	NM_178450	Hs.132441	115123
NM_006730	NM_006730	NM_006730	Hs.401929	1774
NM_000837	NM_000837	NM_000837	Hs.594634	2907
NM_031469	NM_031469	NM_031469	Hs.302772	83699
NM_152540	NM_152540	NM_152540	Hs.302287	152579
NM_001250	NM_001250	NM_001250	Hs.472860	958
NM_004603	NM_004603	NM_004603	Hs.647024	6804
TCONS_00017380				NA
NM_012420	NM_012420	NM_012420	Hs.252839	24138
NM_016332	NM_016332	NM_016332	Hs.655346	51734
THC2672086				NA
NM_033390	NM_033390	NM_033390	Hs.376289	85463
NM_207374	NM_207374	NM_207374	Hs.531507	81341
ENST00000496943				NA
AK092053		AK092053	Hs.353773	NA
XM_001717268	XM_001717268	XM_001717268	Hs.298987	100130097
NM_016038	NM_016038	NM_016038	Hs.110445	51119
NM_005493	NM_005493	NM_005493	Hs.708182	10048
NR_045116	NR_045116	NR_045116		NA
NM_005739	NM_005739	NM_005739	Hs.591127	10125
NM_003836	NM_003836	NM_003836	Hs.533717	8788
NM_022460	NM_022460	NM_022460	Hs.531785	64342
				NA
NM_017831	NM_017831	NM_017831	Hs.633703	54941

NM_181724	NM_181724	NM_181724	Hs.449718	338773
				NA
NM_022169	NM_022169	NM_022169	Hs.126378	64137
TCONS_00011691				NA
NM_000527	NM_000527	NM_000527	Hs.213289	3949
NM_014256	NM_014256	NM_014256	Hs.69009	10331
NM_022359	NM_022359	NM_022359	Hs.708687	9659
NM_024573	NM_024573	NM_024573	Hs.15929	79624
NM_001029998	NM_001029998	NM_001029998	Hs.659209	84068
TCONS_I2_00007710				NA
NR_027451	NR_027451	NR_027451		NA
NM_003189	NM_003189	NM_003189	Hs.705618	6886
NM_020648	NM_020648	NM_020648	Hs.514685	57045
NM_024875	NM_024875	NM_024875	Hs.645273	79933
NM_014433	NM_014433	NM_014433	Hs.526920	27156
NM_000129	NM_000129	NM_000129	Hs.335513	2162
NM_001830	NM_001830	NM_001830	Hs.495674	1183
NM_014879	NM_014879	NM_014879	Hs.2465	9934
NM_003005	NM_003005	NM_003005	Hs.73800	6403
NM_015075	NM_015075	NM_015075	Hs.496138	23096
XR_108784	XR_108784	XR_108784		NA
NM_000237	NM_000237	NM_000237	Hs.180878	4023
NM_025147	NM_025147	NM_025147	Hs.606592	80219
NM_138277	NM_138277	NM_138277	Hs.247879	80739
NM_133271	NM_133271	NM_133271	Hs.659872	2204
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_001035	NM_001035	NM_001035	Hs.109514	6262
NM_144573	NM_144573	NM_144573	Hs.612385	91624
NM_153698	NM_153698	NM_153698	Hs.44640	195827
NM_000326	NM_000326	NM_000326	Hs.1933	6017
NM_016464	NM_016464	NM_016464	Hs.406530	51524
NM_004580	NM_004580	NM_004580	Hs.654978	5873
NM_001426	NM_001426	NM_001426	Hs.271977	2019
NM_001163724	NM_001163724	NM_001163724	Hs.22047	388588
NR_040046	NR_040046	NR_040046		100128682
NM_033161	NM_033161	NM_033161	Hs.512465	6836
NM_005843	NM_005843	NM_005843	Hs.17200	10254
NM_000265	NM_000265	NM_000265	Hs.647047	653361
NM_001033045	NM_001033045	NM_001033045	Hs.516604	151556
NM_015187	NM_015187	NM_015187	Hs.479384	23231
NM_007308	NM_007308	NM_007308	Hs.21374	6622
TCONS_I2_00003387				NA
NM_080737	NM_080737	NM_080737	Hs.592224	94121
NM_032329	NM_032329	NM_032329	Hs.529172	84289

NM_005632	NM_005632	NM_005632	Hs.632219	6650
NM_006645	NM_006645	NM_006645	Hs.188606	10809
NM_020356	NM_020356	NM_020356	Hs.473144	57091
NR_027063	NR_027063	NR_027063	Hs.128499	205251
NR_040097	NR_040097	NR_040097	Hs.503463	100506123
ENST00000518331				NA
NM_013282	NM_013282	NM_013282	Hs.108106	29128
NM_006327	NM_006327	NM_006327	Hs.524308	100287932
NM_182660	NM_182660	NM_182660	Hs.115277	7404
NR_038955	NR_038955	NR_038955	Hs.529860	NA
ENST00000416179		CR608745	Hs.670903	NA
NM_182578	NM_182578	NM_182578	Hs.132648	284486
AF116680		AF116680		NA
NR_034127	NR_034127	NR_034127	Hs.726831	NA
NM_004854	NM_004854	NM_004854	Hs.516370	9486
NM_003685	NM_003685	NM_003685	Hs.91142	8570
				NA
NM_138385	NM_138385	NM_138385	Hs.518562	92305
TCONS_00018153				NA
NM_003634	NM_003634	NM_003634	Hs.173878	8508
NM_002448	NM_002448	NM_002448	Hs.424414	4487
NM_005617	NM_005617	NM_005617	Hs.381126	6208
TCONS_I2_00003732				NA
ENST00000340926		AK022469		23353
NM_173530	NM_173530	NM_173530	Hs.147025	162963
AA833682		AA833682	Hs.604600	NA
NM_003703	NM_003703	NM_003703	Hs.627133	8602
NM_007171	NM_007171	NM_007171	Hs.522449	10585
NM_018088	NM_018088	NM_018088	Hs.196086	55138
NM_206927	NM_206927	NM_206927	Hs.369520	54843
NM_207327	NM_207327	NM_207327	Hs.592209	150383
NR_002720	NR_002720	NR_002720	Hs.131910	7221
NM_145307	NM_145307	NM_145307	Hs.58559	219790
NM_016279	NM_016279	NM_016279	Hs.272212	1007
XR_111691	XR_111691	XR_111691		NA
NM_014291	NM_014291	NM_014291	Hs.54609	23464
NM_002014	NM_002014	NM_002014	Hs.524183	2288
NM_001193552	NM_001193552	NM_001193552	Hs.406307	342892
NM_015092	NM_015092	NM_015092	Hs.655267	NA
NR_039999	NR_039999	NR_039999	Hs.632979	NA
NM_001001655	NM_001001655	NM_001001655	Hs.374458	121642
NM_203390	NM_203390	NM_203390	Hs.606916	389677
NM_144736	NM_144736	NM_144736	Hs.433466	55471
TCONS_00021991				NA

NM_015027	NM_015027	NM_015027	Hs.370781	23042
NM_017515	NM_017515	NM_017515	Hs.524014	54733
XR_108564	XR_108564	XR_108564	Hs.679984	100133299
NM_198317	NM_198317	NM_198317	Hs.109212	339451
NR_026905	NR_026905	NR_026905		NA
NM_052935	NM_052935	NM_052935	Hs.237536	115024
NR_003007	NR_003007	NR_003007	Hs.689695	NA
NM_001025248	NM_001025248	NM_001025248	Hs.527980	1854
NM_003086	NM_003086	NM_003086	Hs.113265	6621
NM_001145010	NM_001145010	NM_001145010	Hs.282121	341346
THC2548537				NA
ENST00000414198				NA
NM_020175	NM_020175	NM_020175	Hs.284297	56931
NM_014669	NM_014669	NM_014669	Hs.276878	9688
NR_004379	NR_004379	NR_004379		NA
NM_006511	NM_006511	NM_006511	Hs.239459	6248
NM_002743	NM_002743	NM_002743	Hs.610830	5589
NR_002576	NR_002576	NR_002576		NA
NM_014366	NM_014366	NM_014366	Hs.313544	26354
NM_001204375	NM_001204375	NM_001204375	Hs.13528	4883
NM_017741	NM_017741	NM_017741	Hs.614787	54876
NM_001098627	NM_001098627	NM_001098627	Hs.521181	3663
NR_040092	NR_040092	NR_040092	Hs.720324	NA
ENST00000455503	XR_108349	XR_108349	Hs.634042	NA
NM_014786	NM_014786	NM_014786	Hs.533719	9828
NM_004629	NM_004629	NM_004629	Hs.591084	2189
NM_024491	NM_024491	NM_024491	Hs.531962	80321
NR_003694	NR_003694	NR_003694	Hs.693442	NA
TCONS_00018127				NA
NM_021221	NM_021221	NM_021221	Hs.708719	58496
NR_002911	NR_002911	NR_002911	Hs.681779	NA
NM_000848	NM_000848	NM_000848	Hs.279837	2946
ENST00000557723				NA
NM_015097	NM_015097	NM_015097	Hs.108614	23122
NM_024816	NM_024816	NM_024816	Hs.555978	79874
NM_020442	NM_020442	NM_020442	Hs.597526	57176
NM_015540	NM_015540	NM_015540	Hs.371045	26015
AK130638		AK130638	Hs.676722	NA
NM_145269	NM_145269	NM_145269	Hs.125038	137392
ENST00000389126		AK093577	Hs.49143	57496
NR_024244	NR_024244	NR_024244	Hs.717308	NA
NR_026759	NR_026759	NR_026759	Hs.584289	100133036
NM_002926	NM_002926	NM_002926	Hs.527061	6002
THC2529542				NA

NM_178042	NM_178042	NM_178042	Hs.435326	86
XM_001726878	XM_001726878	XM_001726878	Hs.568075	400682
NM_004514	NM_004514	NM_004514	Hs.591140	3607
NM_020246	NM_020246	NM_020246	Hs.521087	56996
NM_005902	NM_005902	NM_005902	Hs.730690	4088
BG482973		BG482973	Hs.373648	NA
NR_038285	NR_038285	NR_038285		NA
AK126677		AK126677	Hs.677234	645644
NM_001005353	NM_001005353	NM_001005353	Hs.10862	205
NM_001206945	NM_001206945	NM_001206945	Hs.45127	NA
NR_003688	NR_003688	NR_003688		NA
NM_001044385	NM_001044385	NM_001044385	Hs.12319	65062
NM_001532	NM_001532	NM_001532	Hs.569017	3177
NM_015092	NM_015092	NM_015092	Hs.460179	23049
ENST00000319406		AK095284		253558
NR_002751	NR_002751	NR_002751		NA
ENST00000419719				NA
NM_001037131	NM_001037131	NM_001037131	Hs.435039	116987
NM_006328	NM_006328	NM_006328	Hs.714949	10432
NR_024413	NR_024413	NR_024413		401105
NR_026905	NR_026905	NR_026905	Hs.128813	147081
NM_018181	NM_018181	NM_018181	Hs.529023	55205
NM_001164315	NM_001164315	NM_001164315	Hs.646318	NA
ENST00000496790				222234
NM_000107	NM_000107	NM_000107	Hs.700338	1643
NM_078469	NM_078469	NM_078469	Hs.715543	56647
NM_207406	NM_207406	NM_207406	Hs.120591	389206
NR_004397	NR_004397	NR_004397	Hs.288215	NA
ENST00000338850				10313
NM_022734	NM_022734	NM_022734	Hs.512693	64745
NM_015392	NM_015392	NM_015392	Hs.719906	56654
NM_002388	NM_002388	NM_002388	Hs.179565	4172
NM_021064	NM_021064	NM_021064	Hs.51011	NA
ENST00000409862		BI916123	Hs.671584	25927
				NA
NM_003918	NM_003918	NM_003918	Hs.567381	8908
XR_109558	XR_109558	XR_109558	Hs.659115	NA
NM_024339	NM_024339	NM_024339	Hs.412304	79228
TCONS_00008431				NA
AI792523		AI792523	Hs.635034	677810
NM_002014	NM_002014	NM_002014	Hs.524183	2288
NM_001040260	NM_001040260	NM_001040260	Hs.591683	166614
NM_001127322	NM_001127322	NM_001127322	Hs.349283	23468
NM_002311	NM_002311	NM_002311	Hs.100299	3980

NM_005035	NM_005035	NM_005035	Hs.254113	5442
NM_016516	NM_016516	NM_016516	Hs.48499	51542
				NA
NM_001042476	NM_001042476	NM_001042476	Hs.632184	23589
NM_000097	NM_000097	NM_000097	Hs.476982	1371
NM_002579	NM_002579	NM_002579	Hs.631841	5064
NM_003253	NM_003253	NM_003253	Hs.517228	7074
NM_148977	NM_148977	NM_148977	Hs.730619	53354
THC2775530				NA
NM_015072	NM_015072	NM_015072	Hs.709609	23093
NM_032701	NM_032701	NM_032701	Hs.590982	84787
NM_014503	NM_014503	NM_014503	Hs.295732	27340
NR_002324	NR_002324	NR_002324	Hs.731290	6044
NM_001171	NM_001171	NM_001171	Hs.442182	368
NM_145173	NM_145173	NM_145173	Hs.172753	148252
ENST00000433152		DA381152	Hs.640925	NA
NM_002013	NM_002013	NM_002013	Hs.509226	2287
NM_139211	NM_139211	NM_139211	Hs.619396	84525
NM_022493	NM_022493	NM_022493	Hs.513247	64428
NM_182612	NM_182612	NM_182612	Hs.218362	347862
NM_020236	NM_020236	NM_020236	Hs.532019	65008
NM_006553	NM_006553	NM_006553	Hs.514718	10650
NM_178150	NM_178150	NM_178150	Hs.498543	84893
NM_178014	NM_178014	NM_178014	Hs.636480	203068
NR_040012	NR_040012	NR_040012	Hs.715828	NA
XR_108637	XR_108637	XR_108637		100131607
NM_025160	NM_025160	NM_025160	Hs.497873	80232
NM_152326	NM_152326	NM_152326	Hs.432945	122416
NM_004040	NM_004040	NM_004040	Hs.502876	388
NM_033546	NM_033546	NM_033546	Hs.464472	103910
NM_001003690	NM_001003690	NM_001003690	Hs.122346	9587
CR749396		CR749396	Hs.636150	NA
NM_033452	NM_033452	NM_033452	Hs.293660	91107
BC035129		BC035129	Hs.659762	100134937
BC018676		BC018676	Hs.652196	NA
NM_001001290	NM_001001290	NM_001001290	Hs.656895	56606
NM_001456	NM_001456	NM_001456	Hs.195464	2316
NM_001805	NM_001805	NM_001805	Hs.558308	1053
ENST00000423842				NA
NM_023037	NM_023037	NM_023037	Hs.507669	10129
NM_000146	NM_000146	NM_000146		NA
NM_138434	NM_138434	NM_138434	Hs.655915	113763
NM_001002010	NM_001002010	NM_001002010	Hs.487933	51251
NM_019600	NM_019600	NM_019600	Hs.152385	56204

NR_028408	NR_028408	NR_028408	Hs.597122	400027
THC2721173				NA
NM_199129	NM_199129	NM_199129	Hs.420529	387521
NM_001171888	NM_001171888	NM_001171888	Hs.591162	26127
NM_025261	NM_025261	NM_025261	Hs.241586	80740
NM_000270	NM_000270	NM_000270	Hs.75514	4860
NM_002107	NM_002107	NM_002107	Hs.728969	NA
NM_138453	NM_138453	NM_138453	Hs.482173	115827
NM_001139459	NM_001139459	NM_001139459	Hs.368353	163882
TCONS_00024473				NA
NM_016275	NM_016275	NM_016275	Hs.369052	51714
NM_001206625	NM_001206625	NM_001206625	Hs.326734	120824
NM_033515	NM_033515	NM_033515	Hs.486458	93663
DA233116		DA233116	Hs.730408	NA
NM_004388	NM_004388	NM_004388	Hs.513557	1486
NM_017881	NM_017881	NM_017881	Hs.494186	54981
NM_145690	NM_145690	NM_145690	Hs.492407	7534
NM_001174164	NM_001174164	NM_001174164	Hs.381096	401399
NM_001031713	NM_001031713	NM_001031713	Hs.214043	63933
NM_006454	NM_006454	NM_006454	Hs.655020	10608
NM_019099	NM_019099	NM_019099	Hs.193406	55924
BC038205		BC038205		NA
NM_198459	NM_198459	NM_198459	Hs.654928	163259
NM_198276	NM_198276	NM_198276	Hs.308028	200728
NM_002436	NM_002436	NM_002436	Hs.496984	4354
NM_005194	NM_005194	NM_005194	Hs.517106	1051
AK095652		AK095652	Hs.494822	158402
NM_003461	NM_003461	NM_003461	Hs.490415	7791
NM_003059	NM_003059	NM_003059	Hs.310591	6583
NM_080678	NM_080678	NM_080678	Hs.471785	140739
NM_014369	NM_014369	NM_014369	Hs.516390	26469
THC2655527				NA
NM_014033	NM_014033	NM_014033	Hs.728181	25840
NM_022737	NM_022737	NM_022737	Hs.6846	64748
NM_014453	NM_014453	NM_014453	Hs.12107	27243
NM_001788	NM_001788	NM_001788	Hs.191346	989
AK127825		AK127825	Hs.686950	NA
NM_032603	NM_032603	NM_032603	Hs.727659	84695
NM_032144	NM_032144	NM_032144	Hs.591552	NA
NR_026951	NR_026951	NR_026951	Hs.121692	284029
DQ673922		DQ673922		NA
NM_004817	NM_004817	NM_004817	Hs.50382	9414
NM_015974	NM_015974	NM_015974	Hs.370703	51084
NM_145239	NM_145239	NM_145239	Hs.655071	112476

NM_003574	NM_003574	NM_003574	Hs.165195	9218
NM_032837	NM_032837	NM_032837	Hs.103555	84923
NM_020792	NM_020792	NM_020792	Hs.444099	57552
NM_001080554	NM_001080554	NM_001080554	Hs.240053	83445
NM_021021	NM_021021	NM_021021	Hs.46701	6641
NM_006465	NM_006465	NM_006465	Hs.655532	10620
NM_145257	NM_145257	NM_145257	Hs.708367	126731
NM_148893	NM_148893	NM_148893	Hs.349096	258010
NM_005897	NM_005897	NM_005897	Hs.699548	3652
NM_001004712	NM_001004712	NM_001004712	Hs.626814	122740
AK057873		AK057873	Hs.573362	730020
NM_004778	NM_004778	NM_004778	Hs.299567	11251
ENST00000431307				NA
NM_080860	NM_080860	NM_080860	Hs.661069	89765
NM_012257	NM_012257	NM_012257	Hs.162032	26959
NM_005482	NM_005482	NM_005482	Hs.178305	10026
TCONS_00006963				NA
NR_033870	NR_033870	NR_033870	Hs.637731	401014
NM_016162	NM_016162	NM_016162	Hs.524210	51147
NM_145301	NM_145301	NM_145301	Hs.164595	201158
NM_004691	NM_004691	NM_004691	Hs.106876	9114
XR_108524	XR_108524	XR_108524		NA
NM_152732	NM_152732	NM_152732	Hs.534585	221421
THC2680609				NA
NR_015406	NR_015406	NR_015406	Hs.123609	149837
NM_000185	NM_000185	NM_000185	Hs.474270	3053
NM_006762	NM_006762	NM_006762	Hs.371021	7805
NM_153819	NM_153819	NM_153819	Hs.99491	10235
NM_001038707	NM_001038707	NM_001038707	Hs.22065	56882
NM_005219	NM_005219	NM_005219	Hs.529451	1729
NM_006205	NM_006205	NM_006205	Hs.54471	5149
NM_030799	NM_030799	NM_030799	Hs.372050	81555
NM_001008540	NM_001008540	NM_001008540	Hs.593413	7852
NM_018103	NM_018103	NM_018103	Hs.482087	55144
NM_130439	NM_130439	NM_130439	Hs.501023	4601
NM_022147	NM_022147	NM_022147	Hs.43388	64108
NM_002558	NM_002558	NM_002558	Hs.41735	5023
NM_172373	NM_172373	NM_172373	Hs.135646	1997
NM_001029998	NM_001029998	NM_001029998	Hs.659209	84068
NM_001042454	NM_001042454	NM_001042454	Hs.513530	7041
NM_001047160	NM_001047160	NM_001047160	Hs.25155	10276
NM_001206790	NM_001206790	NM_001206790		NA
NM_003612	NM_003612	NM_003612	Hs.24640	8482
NM_005909	NM_005909	NM_005909	Hs.335079	4131

ENST00000310421		AF088033	Hs.632066	80124
NR_034135	NR_034135	NR_034135	Hs.565619	NA
NM_001127208	NM_001127208	NM_001127208	Hs.367639	54790
THC2528869				NA
NM_012180	NM_012180	NM_012180	Hs.76917	26269
NM_004574	NM_004574	NM_004574	Hs.287518	5414
				NA
ENST00000440492				NA
AF086154		AF086154	Hs.142505	NA
NM_007217	NM_007217	NM_007217	Hs.478150	11235
NM_016026	NM_016026	NM_016026	Hs.719925	51109
NM_004040	NM_004040	NM_004040	Hs.502876	388
XR_112069	XR_112069	XR_112069	Hs.632414	374987
NM_001105	NM_001105	NM_001105	Hs.470316	90
NM_031916	NM_031916	NM_031916	Hs.381089	83853
NM_199451	NM_199451	NM_199451	Hs.22653	22891
NM_003407	NM_003407	NM_003407	Hs.534052	7538
NR_045128	NR_045128	NR_045128	Hs.592254	246126
NM_153607	NM_153607	NM_153607	Hs.484195	153222
				NA
NM_007113	NM_007113	NM_007113	Hs.432416	7062
				NA
				NA
NM_015139	NM_015139	NM_015139	Hs.213642	23169
NM_003529	NM_003529	NM_003529	Hs.546315	8350
ENST00000378078		D87447	Hs.493804	9827
THC2532340				NA
NM_152862	NM_152862	NM_152862		NA
BC052561		BC052561	Hs.88297	9262
ENST00000503446				6372
NM_004244	NM_004244	NM_004244	Hs.504641	9332
NM_001025390	NM_001025390	NM_001025390	Hs.501890	272
				NA
NM_025241	NM_025241	NM_025241	Hs.435255	80700
NM_001928	NM_001928	NM_001928	Hs.155597	1675
NM_000405	NM_000405	NM_000405	Hs.483873	2760
NM_032824	NM_032824	NM_032824	Hs.656298	84910
ENST00000466254		EU030678	Hs.382212	NA
NM_199180	NM_199180	NM_199180	Hs.145729	84063
NM_018961	NM_018961	NM_018961	Hs.473912	53347
NM_004163	NM_004163	NM_004163	Hs.25318	NA
TCONS_00024123				NA
NM_015270	NM_015270	NM_015270	Hs.525401	112
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA

NM_033138	NM_033138	NM_033138	Hs.490203	800
NM_174896	NM_174896	NM_174896	Hs.288010	128346
NM_024311	NM_024311	NM_024311	Hs.73965	79157
NM_006200	NM_006200	NM_006200	Hs.368542	5125
NM_012249	NM_012249	NM_012249	Hs.709193	23433
NM_005184	NM_005184	NM_005184	Hs.515487	808
NM_032861	NM_032861	NM_032861	Hs.154706	84947
NM_002631	NM_002631	NM_002631	Hs.464071	5226
NM_001136503	NM_001136503	NM_001136503	Hs.130714	284422
NM_199141	NM_199141	NM_199141	Hs.323213	10498
NM_015461	NM_015461	NM_015461	Hs.116935	25925
NM_080597	NM_080597	NM_080597	Hs.370725	114876
NM_032102	NM_032102	NM_032102	Hs.476680	10929
NR_038993	NR_038993	NR_038993		NA
NM_016274	NM_016274	NM_016274	Hs.438824	51177
NM_199441	NM_199441	NM_199441	Hs.584933	55713
NM_001037738	NM_001037738	NM_001037738	Hs.557550	4869
NM_000948	NM_000948	NM_000948	Hs.1905	5617
NM_002203	NM_002203	NM_002203	Hs.482077	3673
NM_000362	NM_000362	NM_000362	Hs.644633	7078
NM_030981	NM_030981	NM_030981	Hs.300816	81876
NM_006391	NM_006391	NM_006391	Hs.523470	10527
NM_175571	NM_175571	NM_175571	Hs.647121	155038
NM_017432	NM_017432	NM_017432	Hs.587979	53635
NR_002829	NR_002829	NR_002829	Hs.640665	NA
NR_038223	NR_038223	NR_038223	Hs.662111	253264
NR_027049	NR_027049	NR_027049	Hs.127473	388507
NM_015710	NM_015710	NM_015710	Hs.421907	29997
AL353951		AL353951	Hs.676438	NA
NR_024187	NR_024187	NR_024187		NA
NM_145719	NM_145719	NM_145719	Hs.632121	220359
NR_027131	NR_027131	NR_027131	Hs.442518	158801
NM_032442	NM_032442	NM_032442	Hs.654794	84461
AK293046		AK293046	Hs.239500	NA
NR_002987	NR_002987	NR_002987	Hs.730340	NA
NM_194460	NM_194460	NM_194460	Hs.69554	55658
NM_002823	NM_002823	NM_002823	Hs.459927	5757
NM_022163	NM_022163	NM_022163	Hs.534261	26589
NM_031915	NM_031915	NM_031915	Hs.631789	83852
NM_017566	NM_017566	NM_017566	Hs.123450	54758
NM_021008	NM_021008	NM_021008	Hs.243994	10522
NM_024816	NM_024816	NM_024816	Hs.555978	79874
NM_013974	NM_013974	NM_013974	Hs.247362	23564
NM_058182	NM_058182	NM_058182	Hs.656195	54065

NM_022126	NM_022126	NM_022126	Hs.527748	64077
NM_005663	NM_005663	NM_005663	Hs.21771	7469
NR_021492	NR_021492	NR_021492	Hs.657275	100144603
NM_007112	NM_007112	NM_007112	Hs.169875	7059
NM_153005	NM_153005	NM_153005	Hs.437474	83732
NM_001198815	NM_001198815	NM_001198815	Hs.582967	100507679
NR_024248	NR_024248	NR_024248	Hs.640450	NA
NM_021922	NM_021922	NM_021922	Hs.302003	2178
NM_001142651	NM_001142651	NM_001142651	Hs.91521	54492
NM_003703	NM_003703	NM_003703	Hs.627133	8602
NM_018087	NM_018087	NM_018087	Hs.476525	55706
NM_016183	NM_016183	NM_016183	Hs.463797	51154
NM_016122	NM_016122	NM_016122	Hs.279209	51134
NM_001039211	NM_001039211	NM_001039211	Hs.724767	219293
				NA
NM_006392	NM_006392	NM_006392		NA
NM_003899	NM_003899	NM_003899	Hs.508738	8874
NM_001145191	NM_001145191	NM_001145191	Hs.399980	NA
NM_003284	NM_003284	NM_003284	Hs.3017	7141
ENST00000413567		CB158131	Hs.583543	NA
NM_203403	NM_203403	NM_203403	Hs.445356	286343
NM_016184	NM_016184	NM_016184	Hs.504657	50856
NM_002373	NM_002373	NM_002373	Hs.194301	4130
NM_016569	NM_016569	NM_016569	Hs.129895	6926
NM_017925	NM_017925	NM_017925	Hs.249591	55667
NM_004872	NM_004872	NM_004872	Hs.523262	9528
NM_001001852	NM_001001852	NM_001001852	Hs.530381	415116
NR_027105	NR_027105	NR_027105		NA
NR_028049	NR_028049	NR_028049	Hs.159556	NA
ENST00000367534				10092
NM_004972	NM_004972	NM_004972	Hs.656213	3717
TCONS_00022499				NA
NM_022648	NM_022648	NM_022648	Hs.471381	7145
NM_138621	NM_138621	NM_138621	Hs.469658	10018
NM_004513	NM_004513	NM_004513	Hs.459095	3603
				NA
NM_001018077	NM_001018077	NM_001018077	Hs.122926	2908
TCONS_00020905				NA
NM_004850	NM_004850	NM_004850	Hs.58617	9475
ENST00000415809				NA
NM_015942	NM_015942	NM_015942	Hs.308613	51001
NM_001135653	NM_001135653	NM_001135653	Hs.169900	8761
NM_138393	NM_138393	NM_138393	Hs.76277	92840
NM_006282	NM_006282	NM_006282	Hs.472838	6789

NM_001024465	NM_001024465	NM_001024465	Hs.487046	6648
NM_022740	NM_022740	NM_022740	Hs.397465	28996
THC2591825				NA
NM_006461	NM_006461	NM_006461	Hs.514033	10615
NM_017802	NM_017802	NM_017802	Hs.535896	54919
NM_024786	NM_024786	NM_024786	Hs.729226	79844
TCONS_I2_00008611				NA
NM_004828	NM_004828	NM_004828	Hs.194721	9436
BC014063		BC014063	Hs.680377	NA
NM_006904	NM_006904	NM_006904	Hs.491682	5591
NM_001136572	NM_001136572	NM_001136572	Hs.715411	441317
ENST00000310394		AK097892		NA
ENST00000447727		AY358648	Hs.81892	53944
ENST00000370958		BC080568	Hs.479658	57554
NM_001122646	NM_001122646	NM_001122646	Hs.107922	51252
ENST00000298858		BC009182	Hs.309849	80017
NM_032907	NM_032907	NM_032907	Hs.334713	84993
TCONS_00013404				NA
NM_000538	NM_000538	NM_000538	Hs.24422	5994
ENST00000427415				NA
NM_153746	NM_153746	NM_153746	Hs.730761	79683
NM_033196	NM_033196	NM_033196	Hs.306298	91120
NM_058190	NM_058190	NM_058190	Hs.410830	85395
NM_012460	NM_012460	NM_012460	Hs.440525	26520
NM_007363	NM_007363	NM_007363	Hs.533282	4841
NM_012267	NM_012267	NM_012267	Hs.53066	23640
NM_024323	NM_024323	NM_024323	Hs.143288	79173
NM_001935	NM_001935	NM_001935	Hs.368912	1803
NM_207344	NM_207344	NM_207344	Hs.128676	283377
NM_001042533	NM_001042533	NM_001042533	Hs.570562	84864
NM_016121	NM_016121	NM_016121	Hs.335139	51133
NR_045024	NR_045024	NR_045024		NA
NM_013282	NM_013282	NM_013282	Hs.108106	29128
NM_004425	NM_004425	NM_004425	Hs.81071	1893
NM_006395	NM_006395	NM_006395	Hs.730676	10533
NM_001162995	NM_001162995	NM_001162995	Hs.528605	643008
TCONS_00029017				NA
ENST00000377223		AK025913	Hs.327252	84328
NM_175709	NM_175709	NM_175709	Hs.356416	23492
NM_001250	NM_001250	NM_001250	Hs.472860	958
BC066982		BC066982		NA
NM_006077	NM_006077	NM_006077	Hs.524367	10367
NM_001103175	NM_001103175	NM_001103175	Hs.513285	146439
NM_006446	NM_006446	NM_006446	Hs.449738	10599

NM_005433	NM_005433	NM_005433	Hs.194148	7525
ENST00000462747				57679
NM_000474	NM_000474	NM_000474	Hs.66744	7291
NM_001199198	NM_001199198	NM_001199198	Hs.477003	55773
NM_015291	NM_015291	NM_015291	Hs.655410	23341
NM_001002010	NM_001002010	NM_001002010	Hs.487933	51251
NM_000528	NM_000528	NM_000528	Hs.356769	4125
NM_002184	NM_002184	NM_002184	Hs.532082	3572
NM_005721	NM_005721	NM_005721	Hs.433512	10096
NM_153819	NM_153819	NM_153819	Hs.99491	10235
NM_001008528	NM_001008528	NM_001008528	Hs.250723	439921
NM_145690	NM_145690	NM_145690	Hs.492407	7534
NM_001114086	NM_001114086	NM_001114086	Hs.485489	53405
NM_016302	NM_016302	NM_016302	Hs.18925	51185
NM_145803	NM_145803	NM_145803	Hs.591983	7189
NM_031430	NM_031430	NM_031430	Hs.534497	83547
NM_012252	NM_012252	NM_012252	Hs.125962	22797
				NA
XR_132878	XR_132878	XR_132878		NA
NM_016649	NM_016649	NM_016649	Hs.369284	51575
NM_015407	NM_015407	NM_015407	Hs.534400	25864
NM_001005377	NM_001005377	NM_001005377	Hs.466871	5329
ENST00000496886				NA
NM_001678	NM_001678	NM_001678	Hs.643540	482
NM_033014	NM_033014	NM_033014	Hs.109439	4969
NR_003266	NR_003266	NR_003266	Hs.478854	220729
NR_027330	NR_027330	NR_027330	Hs.657377	27099
NM_031902	NM_031902	NM_031902	Hs.655259	64969
NM_181725	NM_181725	NM_181725	Hs.381204	339175
TCONS_00006511				NA
ENST00000436187				NA
NM_017925	NM_017925	NM_017925	Hs.249591	55667
NM_000044	NM_000044	NM_000044	Hs.496240	367
NM_001017535	NM_001017535	NM_001017535	Hs.524368	7421
NM_015691	NM_015691	NM_015691	Hs.527524	55841
NM_006138	NM_006138	NM_006138	Hs.99960	932
NM_005831	NM_005831	NM_005831	Hs.514920	10241
NM_005582	NM_005582	NM_005582	Hs.87205	4064
NM_015999	NM_015999	NM_015999	Hs.5298	51094
NM_003995	NM_003995	NM_003995	Hs.78518	4882
NR_038831	NR_038831	NR_038831	Hs.610216	100133311
NM_006515	NM_006515	NM_006515	Hs.475300	6419
NM_003119	NM_003119	NM_003119	Hs.185597	6687
NM_012407	NM_012407	NM_012407	Hs.180871	9463

NM_000675	NM_000675	NM_000675	Hs.197029	135
NM_033661	NM_033661	NM_033661	Hs.248815	10785
NM_006120	NM_006120	NM_006120	Hs.728759	3108
NM_017691	NM_017691	NM_017691	Hs.12692	54839
NR_027283	NR_027283	NR_027283	Hs.661522	440461
NM_153705	NM_153705	NM_153705	Hs.83286	143888
NM_004187	NM_004187	NM_004187	Hs.631768	8242
NM_138620	NM_138620	NM_138620	Hs.660767	64794
NM_003811	NM_003811	NM_003811	Hs.1524	8744
NM_201629	NM_201629	NM_201629	Hs.50382	9414
NM_005619	NM_005619	NM_005619	Hs.47517	6253
NM_000637	NM_000637	NM_000637	Hs.271510	2936
NM_030801	NM_030801	NM_030801	Hs.522650	81557
NM_014247	NM_014247	NM_014247	Hs.113912	9693
NM_001042519	NM_001042519	NM_001042519	Hs.389311	84281
NM_006608	NM_006608	NM_006608	Hs.655824	10745
NM_001080830	NM_001080830	NM_001080830	Hs.156406	390999
NM_194255	NM_194255	NM_194255	Hs.84190	6573
NM_003630	NM_003630	NM_003630	Hs.7277	8504
ENST00000522356	XM_003403780	XM_003403780	Hs.654874	NA
NM_139285	NM_139285	NM_139285	Hs.591194	246176
XR_110155	XR_110155	XR_110155	Hs.146758	NA
NM_001001437	NM_001001437	NM_001001437	Hs.512304	414062
ENST00000452222				NA
NM_133259	NM_133259	NM_133259	Hs.368084	10128
NM_139207	NM_139207	NM_139207	Hs.524599	4673
XR_109830	XR_109830	XR_109830	Hs.729216	100131826
NR_000012	NR_000012	NR_000012	Hs.684118	NA
NM_000791	NM_000791	NM_000791	Hs.648635	1719
NM_017952	NM_017952	NM_017952	Hs.323489	55037
NM_005964	NM_005964	NM_005964	Hs.16355	4628
NM_022082	NM_022082	NM_022082	Hs.512686	63910
NM_015179	NM_015179	NM_015179	Hs.434251	23223
NM_003504	NM_003504	NM_003504	Hs.474217	8318
NM_004385	NM_004385	NM_004385	Hs.643801	1462
NM_003316	NM_003316	NM_003316	Hs.368214	7267
NM_017612	NM_017612	NM_017612	Hs.37706	55596
NM_024627	NM_024627	NM_024627	Hs.105642	79680
NM_024076	NM_024076	NM_024076	Hs.221873	79047
NM_006347	NM_006347	NM_006347	Hs.256639	10465
NR_002564	NR_002564	NR_002564		NA
NM_002359	NM_002359	NM_002359	Hs.252229	4097
NM_001024858	NM_001024858	NM_001024858	Hs.417303	6710
XR_108749	XR_108749	XR_108749	Hs.512234	541472

NM_201397	NM_201397	NM_201397	Hs.76686	2876
NM_144649	NM_144649	NM_144649	Hs.293842	137835
NR_033359	NR_033359	NR_033359	Hs.728839	NA
NM_005114	NM_005114	NM_005114	Hs.507348	9957
NM_014996	NM_014996	NM_014996	Hs.567423	23007
NM_001080392	NM_001080392	NM_001080392	Hs.521240	57189
NM_016614	NM_016614	NM_016614	Hs.403010	51567
NM_015225	NM_015225	NM_015225	Hs.262857	158471
NR_003076	NR_003076	NR_003076		NA
NM_006486	NM_006486	NM_006486	Hs.24601	2192
NM_004606	NM_004606	NM_004606	Hs.158560	6872
NM_014831	NM_014831	NM_014831	Hs.170999	NA
NM_001752	NM_001752	NM_001752	Hs.502302	847
ENST00000375673	XM_003403733	XM_003403733	Hs.729596	NA
ENST00000390368		AB306227	Hs.511733	NA
NM_023009	NM_023009	NM_023009	Hs.75061	65108
XR_111691	XR_111691	XR_111691		NA
NM_016169	NM_016169	NM_016169	Hs.404089	51684
NM_017951	NM_017951	NM_017951	Hs.516450	55627
NM_199327	NM_199327	NM_199327	Hs.436944	10252
NM_004394	NM_004394	NM_004394	Hs.75189	1611
NM_014945	NM_014945	NM_014945	Hs.49688	22885
NM_025263	NM_025263	NM_025263	Hs.118354	80742
NM_175710	NM_175710	NM_175710	Hs.655194	1379
				NA
ENST00000553668				NA
NM_014806	NM_014806	NM_014806	Hs.493796	9853
NM_022757	NM_022757	NM_022757	Hs.645028	64770
NM_021096	NM_021096	NM_021096	Hs.125116	8911
NM_016230	NM_016230	NM_016230	Hs.5741	51167
NM_012340	NM_012340	NM_012340	Hs.713650	4773
NM_003201	NM_003201	NM_003201	Hs.642966	7019
NM_000211	NM_000211	NM_000211	Hs.375957	3689
NM_152709	NM_152709	NM_152709	Hs.37636	219736
NM_002644	NM_002644	NM_002644	Hs.497589	5284
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NM_007335	NM_007335	NM_007335	Hs.714499	9940
NM_001004695	NM_001004695	NM_001004695	Hs.553783	391195
NM_182943	NM_182943	NM_182943	Hs.477866	5352
NM_021806	NM_021806	NM_021806	Hs.289108	60343
NM_014288	NM_014288	NM_014288	Hs.166539	23421
NM_000885	NM_000885	NM_000885	Hs.440955	3676
XR_109582	XR_109582	XR_109582	Hs.569961	NA
NM_001199691	NM_001199691	NM_001199691		NA

NM_002080	NM_002080	NM_002080	Hs.599470	2806
NM_002285	NM_002285	NM_002285	Hs.444414	NA
NM_016052	NM_016052	NM_016052	Hs.660109	51018
NR_002951	NR_002951	NR_002951		NA
NM_001098426	NM_001098426	NM_001098426	Hs.250581	6603
NR_023311	NR_023311	NR_023311		7696
NM_001005735	NM_001005735	NM_001005735	Hs.291363	11200
NR_002975	NR_002975	NR_002975		NA
NM_001100913	NM_001100913	NM_001100913	Hs.525626	23241
NM_001018112	NM_001018112	NM_001018112	Hs.290154	2175
NM_015629	NM_015629	NM_015629	Hs.515598	26121
TCONS_I2_00008604				NA
NM_005879	NM_005879	NM_005879	Hs.517972	10293
NM_024809	NM_024809	NM_024809	Hs.167165	79867
NR_026811	NR_026811	NR_026811	Hs.454640	80154
NM_032777	NM_032777	NM_032777	Hs.274136	25960
NM_005526	NM_005526	NM_005526	Hs.530227	3297
NM_024631	NM_024631	NM_024631	Hs.146079	79684
NM_003628	NM_003628	NM_003628	Hs.407580	8502
NM_000819	NM_000819	NM_000819	Hs.473648	2618
				NA
NM_002585	NM_002585	NM_002585	Hs.557097	5087
NM_054023	NM_054023	NM_054023	Hs.483765	117156
NM_004034	NM_004034	NM_004034	Hs.631827	310
NM_006795	NM_006795	NM_006795	Hs.523774	10938
NM_003156	NM_003156	NM_003156	Hs.501735	6786
DA714598		DA714598	Hs.625516	NA
ENST00000424215				NA
NM_022740	NM_022740	NM_022740	Hs.397465	NA
ENST00000467198	XR_108503	XR_108503	Hs.518315	NA
NM_145023	NM_145023	NM_145023		NA
NM_022350	NM_022350	NM_022350	Hs.482910	64167
NM_001201329	NM_001201329	NM_001201329	Hs.458513	79660
NM_015167	NM_015167	NM_015167	Hs.514505	23210
ENST00000444464	XR_109456	XR_109456	Hs.615628	NA
NM_005207	NM_005207	NM_005207	Hs.5613	1399
NM_032800	NM_032800	NM_032800	Hs.520494	84886
NM_005596	NM_005596	NM_005596	Hs.644095	4781
AK127766		AK127766	Hs.689483	100133089
NM_005027	NM_005027	NM_005027	Hs.371344	5296
NM_001031714	NM_001031714	NM_001031714	Hs.24956	64423
NM_001025158	NM_001025158	NM_001025158	Hs.436568	972
TCONS_00013402				NA
NM_001014283	NM_001014283	NM_001014283	Hs.369453	55208

NM_014140	NM_014140	NM_014140	Hs.516674	50485
XR_108747	XR_108747	XR_108747		NA
NR_027049	NR_027049	NR_027049	Hs.127473	388507
NM_001040716	NM_001040716	NM_001040716	Hs.89890	5091
NR_024362	NR_024362	NR_024362		286042
NM_003707	NM_003707	NM_003707	Hs.272822	8607
NM_004131	NM_004131	NM_004131	Hs.1051	3002
NM_001001957	NM_001001957	NM_001001957	Hs.269151	343171
NM_001039848	NM_001039848	NM_001039848	Hs.433951	2879
NM_005424	NM_005424	NM_005424	Hs.78824	7075
NM_182776	NM_182776	NM_182776	Hs.438720	4176
NM_015461	NM_015461	NM_015461	Hs.116935	25925
NM_174936	NM_174936	NM_174936	Hs.18844	255738
NM_017688	NM_017688	NM_017688	Hs.614517	54836
NM_152793	NM_152793	NM_152793	Hs.200100	222166
TCONS_00004835				NA
				NA
ENST00000511721				NA
BX538057		BX538057	Hs.408455	NA
NM_001031695	NM_001031695	NM_001031695	Hs.282998	23543
THC2506834				NA
NM_019096	NM_019096	NM_019096	Hs.485449	54676
NM_020531	NM_020531	NM_020531	Hs.472330	57136
NM_000126	NM_000126	NM_000126	Hs.39925	2108
NM_001001481	NM_001001481	NM_001001481	Hs.718604	55284
NM_018360	NM_018360	NM_018360	Hs.555961	55787
NR_003035	NR_003035	NR_003035		NA
NR_028334	NR_028334	NR_028334	Hs.371796	284085
NM_030806	NM_030806	NM_030806	Hs.730688	81563
NM_031303	NM_031303	NM_031303	Hs.404137	83473
NM_015447	NM_015447	NM_015447	Hs.522493	157922
NM_017615	NM_017615	NM_017615	Hs.258798	54780
NM_032207	NM_032207	NM_032207	Hs.730729	84167
NM_020747	NM_020747	NM_020747	Hs.266616	57507
NM_006120	NM_006120	NM_006120	Hs.728759	3108
NM_024989	NM_024989	NM_024989	Hs.229988	80055
NM_172088	NM_172088	NM_172088	Hs.54673	8741
NM_001039707	NM_001039707	NM_001039707	Hs.94300	10807
NM_001018115	NM_001018115	NM_001018115	Hs.208388	2177
NM_007250	NM_007250	NM_007250	Hs.646614	11279
NM_001012334	NM_001012334	NM_001012334	Hs.82045	4192
NM_173511	NM_173511	NM_173511	Hs.471130	150864
TCONS_00021389				NA
NM_020739	NM_020739	NM_020739	Hs.285051	9236

NM_001080843	NM_001080843	NM_001080843	Hs.656498	653689
NM_004663	NM_004663	NM_004663	Hs.321541	8766
NM_001164377	NM_001164377	NM_001164377	Hs.730306	386746
NM_000621	NM_000621	NM_000621	Hs.654586	3356
NM_001031854	NM_001031854	NM_001031854	Hs.558851	390110
NM_182705	NM_182705	NM_182705	Hs.345588	359845
NM_014755	NM_014755	NM_014755	Hs.591569	9792
NM_021137	NM_021137	NM_021137	Hs.76090	7126
NM_001008495	NM_001008495	NM_001008495	Hs.567759	169200
ENST00000467687		AL710266	Hs.664862	NA
NM_000442	NM_000442	NM_000442	Hs.376675	5175
NM_006212	NM_006212	NM_006212	Hs.282702	5208
TCONS_00029036				NA
NM_022060	NM_022060	NM_022060	Hs.445665	63874
NM_004816	NM_004816	NM_004816	Hs.118003	9413
XR_132475	XR_132475	XR_132475		NA
NM_031890	NM_031890	NM_031890	Hs.209577	27439
NM_152386	NM_152386	NM_152386	Hs.591604	130367
NM_001002857	NM_001002857	NM_001002857	Hs.511605	302
NM_001144989	NM_001144989	NM_001144989	Hs.634143	730051
NM_001439	NM_001439	NM_001439	Hs.357637	2135
NM_175075	NM_175075	NM_175075	Hs.289293	157695
TCONS_I2_00024924				NA
NM_001145191	NM_001145191	NM_001145191	Hs.399980	NA
NM_001199182	NM_001199182	NM_001199182		NA
XR_132874	XR_132874	XR_132874	Hs.667843	NA
NM_001077493	NM_001077493	NM_001077493	Hs.73090	4791
NM_004649	NM_004649	NM_004649	Hs.413482	8209
NM_015140	NM_015140	NM_015140	Hs.517670	23170
NM_207426	NM_207426	NM_207426	Hs.449674	399823
NM_025158	NM_025158	NM_025158	Hs.306769	80230
BC035191		BC035191	Hs.714205	NA
TCONS_00014870				NA
NM_005914	NM_005914	NM_005914	Hs.460184	4173
NM_053053	NM_053053	NM_053053	Hs.435967	117143
NM_013341	NM_013341	NM_013341	Hs.157351	29789
NM_005174	NM_005174	NM_005174	Hs.271135	509
NR_033354	NR_033354	NR_033354		NA
NM_004697	NM_004697	NM_004697	Hs.530284	9128
NM_024083	NM_024083	NM_024083	Hs.298351	79058
ENST00000453134	XM_002344452	XM_002344452	Hs.679260	NA
NM_001007169	NM_001007169	NM_001007169	Hs.660784	158399
NM_138807	NM_138807	NM_138807	Hs.475472	132001
ENST00000417335	XR_109675	XR_109675	Hs.729949	NA

NM_005356	NM_005356	NM_005356	Hs.470627	3932
NM_005707	NM_005707	NM_005707	Hs.458596	10081
XR_110306	XR_110306	XR_110306	Hs.689419	100128278
NM_024896	NM_024896	NM_024896	Hs.591078	79956
NR_003704	NR_003704	NR_003704	Hs.693449	NA
NM_000190	NM_000190	NM_000190	Hs.82609	3145
TCONS_00011960				NA
NM_001008727	NM_001008727	NM_001008727	Hs.501537	7675
NM_015566	NM_015566	NM_015566	Hs.91662	26049
NM_001008699	NM_001008699	NM_001008699	Hs.513457	3566
NM_001003818	NM_001003818	NM_001003818	Hs.729048	117854
NM_021241	NM_021241	NM_021241	Hs.442138	58525
NM_014966	NM_014966	NM_014966	Hs.517948	22907
NM_206837	NM_206837	NM_206837	Hs.202207	127700
NR_003132	NR_003132	NR_003132	Hs.731312	391634
ENST00000412115				NA
NM_001164000	NM_001164000	NM_001164000	Hs.659873	2122
NM_000449	NM_000449	NM_000449	Hs.632472	5993
NM_018131	NM_018131	NM_018131	Hs.14559	55165
NM_003932	NM_003932	NM_003932	Hs.712713	6767
NM_006682	NM_006682	NM_006682	Hs.520989	10875
BC109228		BC109228	Hs.597841	84502
NM_001012267	NM_001012267	NM_001012267	Hs.713775	401541
NM_001010924	NM_001010924	NM_001010924	Hs.66762	221061
NR_026975	NR_026975	NR_026975	Hs.720385	NA
NM_003015	NM_003015	NM_003015	Hs.279565	6425
TCONS_00018704				NA
NM_001005735	NM_001005735	NM_001005735	Hs.291363	NA
ENST00000466831		AK092754	Hs.595391	221178
NR_001294	NR_001294	NR_001294	Hs.660427	NA
NM_005009	NM_005009	NM_005009	Hs.9235	4833
NM_003173	NM_003173	NM_003173	Hs.522639	6839
NM_001202560	NM_001202560	NM_001202560	Hs.647063	114049
NM_014573	NM_014573	NM_014573	Hs.199695	27346
BU535024		BU535024	Hs.621182	NA
NM_015950	NM_015950	NM_015950	Hs.55041	51069
NM_001128917	NM_001128917	NM_001128917	Hs.655909	NA
NM_000431	NM_000431	NM_000431	Hs.130607	4598
NM_017518	NM_017518	NM_017518	Hs.170835	55559
NM_198839	NM_198839	NM_198839	Hs.160556	31
ENST00000439386	XR_108649	XR_108649		NA
NM_030576	NM_030576	NM_030576	Hs.591166	80774
ENST00000551187	XR_109311	XR_109311	Hs.659799	NA
NM_170735	NM_170735	NM_170735	Hs.502182	627

ENST00000452657				NA
NM_003564	NM_003564	NM_003564	Hs.517168	8407
NM_018371	NM_018371	NM_018371	Hs.613729	55790
NM_182965	NM_182965	NM_182965	Hs.68061	8877
NM_001002295	NM_001002295	NM_001002295	Hs.524134	2625
NM_014751	NM_014751	NM_014751	Hs.336994	9788
NM_002489	NM_002489	NM_002489	Hs.50098	4697
NM_001185039	NM_001185039	NM_001185039	Hs.464137	51
NM_017839	NM_017839	NM_017839	Hs.460857	54947
NM_001166109	NM_001166109	NM_001166109	Hs.151220	23022
AK022898		AK022898	Hs.729430	NA
TCONS_00021781				NA
TCONS_00008338				NA
NM_020746	NM_020746	NM_020746	Hs.570362	57506
NM_033557	NM_033557	NM_033557	Hs.280741	90522
TCONS_I2_00017656				NA
NM_001082968	NM_001082968	NM_001082968	Hs.462379	146691
NM_005667	NM_005667	NM_005667	Hs.469199	7844
NM_002254	NM_002254	NM_002254	Hs.21611	3797
NM_130439	NM_130439	NM_130439	Hs.501023	4601
NM_002987	NM_002987	NM_002987	Hs.546294	6361
NM_000854	NM_000854	NM_000854	Hs.654462	2953
NM_016275	NM_016275	NM_016275	Hs.369052	51714
NM_001154	NM_001154	NM_001154	Hs.480653	308
TCONS_I2_00022667				NA
NM_007000	NM_007000	NM_007000	Hs.159309	11045
ENST00000422971	XR_109732	XR_109732	Hs.517692	NA
NM_001080452	NM_001080452	NM_001080452	Hs.167641	56927
NM_001343	NM_001343	NM_001343	Hs.481980	1601
NM_001081573	NM_001081573	NM_001081573	Hs.496982	139716
NM_006332	NM_006332	NM_006332	Hs.14623	10437
ENST00000424215		BX104722	Hs.444114	NA
TCONS_00010829				NA
NR_026769	NR_026769	NR_026769	Hs.3134	10895
NM_001200056	NM_001200056	NM_001200056	Hs.496969	80896
NM_018000	NM_018000	NM_018000	Hs.620391	55686
NM_025009	NM_025009	NM_025009	Hs.518767	9662
NM_139207	NM_139207	NM_139207	Hs.646655	NA
NM_004866	NM_004866	NM_004866	Hs.482587	9522
NM_144575	NM_144575	NM_144575	Hs.660911	92291
NM_000900	NM_000900	NM_000900	Hs.365706	4256
NM_002476	NM_002476	NM_002476	Hs.463300	4635
NM_015488	NM_015488	NM_015488	Hs.98475	25953
ENST00000446391		AA393556	Hs.577893	NA

NM_006667	NM_006667	NM_006667	Hs.90061	10857
NM_178140	NM_178140	NM_178140	Hs.481819	23037
NM_017966	NM_017966	NM_017966	Hs.523715	55048
NM_032557	NM_032557	NM_032557	Hs.480848	84640
ENST00000446799				NA
NM_004482	NM_004482	NM_004482	Hs.170986	2591
NM_003874	NM_003874	NM_003874	Hs.398093	8832
NM_001696	NM_001696	NM_001696	Hs.517338	529
ENST00000410098		AK294216	Hs.654611	1124
NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	NA
NM_198390	NM_198390	NM_198390	Hs.594095	80790
NM_145071	NM_145071	NM_145071	Hs.655334	1154
NM_021627	NM_021627	NM_021627	Hs.401388	59343
NM_022818	NM_022818	NM_022818	Hs.356061	81631
NM_213636	NM_213636	NM_213636	Hs.533040	9260
NM_000313	NM_000313	NM_000313	Hs.64016	5627
NM_016275	NM_016275	NM_016275	Hs.369052	51714
NM_005668	NM_005668	NM_005668	Hs.308628	7903
NM_145252	NM_145252	NM_145252	Hs.105887	124220
NM_001547	NM_001547	NM_001547	Hs.437609	3433
NM_138399	NM_138399	NM_138399	Hs.478729	93109
NM_003362	NM_003362	NM_003362	Hs.191334	7374
NM_015354	NM_015354	NM_015354	Hs.308340	23511
NM_021012	NM_021012	NM_021012	Hs.200629	3768
NM_003484	NM_003484	NM_003484	Hs.505924	8091
NR_024214	NR_024214	NR_024214	Hs.723094	100169951
NM_139047	NM_139047	NM_139047	Hs.138211	5599
NM_001190455	NM_001190455	NM_001190455	Hs.511772	1139
NM_001625	NM_001625	NM_001625	Hs.470907	204
NM_031421	NM_031421	NM_031421	Hs.201134	83538
NM_018093	NM_018093	NM_018093	Hs.730651	54663
NM_018449	NM_018449	NM_018449	Hs.493739	55833
TCONS_00024736				NA
NM_005345	NM_005345	NM_005345	Hs.274402	3303
NM_006283	NM_006283	NM_006283	Hs.279245	6867
NM_173674	NM_173674	NM_173674	Hs.658304	285761
ENST00000444848				NA
NM_001136219	NM_001136219	NM_001136219	Hs.352642	2212
AK074144		AK074144	Hs.613111	NA
NM_002661	NM_002661	NM_002661	Hs.413111	5336
BG192243		BG192243	Hs.575081	NA
XR_108319	XR_108319	XR_108319		100292409
NR_002832	NR_002832	NR_002832	Hs.675323	497258
NM_004781	NM_004781	NM_004781	Hs.66708	9341

NM_001005743	NM_001005743	NM_001005743	Hs.654609	8650
NM_153819	NM_153819	NM_153819	Hs.99491	10235
NM_018004	NM_018004	NM_018004	Hs.658956	55076
NM_017913	NM_017913	NM_017913	Hs.561954	55664
NM_006058	NM_006058	NM_006058	Hs.355141	10318
NM_002575	NM_002575	NM_002575	Hs.594481	5055
NM_001001132	NM_001001132	NM_001001132	Hs.160324	6453
NM_175066	NM_175066	NM_175066	Hs.445168	317781
AK023629		AK023629		NA
NM_014891	NM_014891	NM_014891	Hs.632296	11333
NM_016343	NM_016343	NM_016343	Hs.497741	1063
NM_207406	NM_207406	NM_207406	Hs.120591	389206
NM_003627	NM_003627	NM_003627	Hs.591952	8501
NM_005450	NM_005450	NM_005450	Hs.248201	9241
NM_001099684	NM_001099684	NM_001099684	Hs.6451	727866
NM_001243722	NM_001243722	NM_001243722	Hs.513537	NA
NR_004403	NR_004403	NR_004403	Hs.723086	NA
NM_001040442	NM_001040442	NM_001040442	Hs.519719	2172
NM_139314	NM_139314	NM_139314	Hs.9613	51129
NM_139280	NM_139280	NM_139280	Hs.514151	94103
THC2672811				NA
NM_005565	NM_005565	NM_005565	Hs.304475	3937
NR_038108	NR_038108	NR_038108	Hs.288215	NA
NM_017814	NM_017814	NM_017814	Hs.631629	54929
				NA
NM_005189	NM_005189	NM_005189	Hs.368410	84733
NM_001141	NM_001141	NM_001141	Hs.111256	247
THC2768400				NA
NM_152490	NM_152490	NM_152490	Hs.730772	148789
NR_002434	NR_002434	NR_002434		NA
NM_000983	NM_000983	NM_000983	Hs.515329	6146
NM_018449	NM_018449	NM_018449	Hs.493739	55833
NM_024757	NM_024757	NM_024757	Hs.495511	79813
ENST00000424306		AK055694		NA
NM_032360	NM_032360	NM_032360	Hs.200051	84320
NM_030900	NM_030900	NM_030900	Hs.231411	9238
NM_000296	NM_000296	NM_000296	Hs.75813	NA
NM_130844	NM_130844	NM_130844	Hs.461453	51741
NM_001337	NM_001337	NM_001337	Hs.78913	1524
NM_018140	NM_018140	NM_018140	Hs.591741	55722
NM_032143	NM_032143	NM_032143	Hs.658422	84083
NR_027354	NR_027354	NR_027354	Hs.657714	NA
NR_038278	NR_038278	NR_038278		NA
NM_012254	NM_012254	NM_012254	Hs.292177	10998

NM_033331	NM_033331	NM_033331	Hs.40582	8555
NM_006425	NM_006425	NM_006425	Hs.435342	10569
NM_005746	NM_005746	NM_005746	Hs.489615	10135
				NA
XM_002343061	XM_002343061	XM_002343061		NA
NM_003309	NM_003309	NM_003309	Hs.458358	7259
TCONS_00005992				NA
NM_001243372	NM_001243372	NM_001243372	Hs.481186	NA
TCONS_I2_00012703				NA
NM_006367	NM_006367	NM_006367	Hs.370581	10487
				NA
NM_016951	NM_016951	NM_016951	Hs.15159	51192
NM_005265	NM_005265	NM_005265	Hs.645535	2678
NM_001122962	NM_001122962	NM_001122962	Hs.721685	284759
ENST00000504823				NA
NM_001012984	NM_001012984	NM_001012984	Hs.632208	388284
NM_003974	NM_003974	NM_003974	Hs.71215	9046
NM_003544	NM_003544	NM_003544	Hs.143080	8366
NM_012102	NM_012102	NM_012102	Hs.463041	NA
				NA
NM_181661	NM_181661	NM_181661	Hs.191540	157680
NM_144634	NM_144634	NM_144634	Hs.234895	131375
NM_032689	NM_032689	NM_032689	Hs.116622	84775
NM_006811	NM_006811	NM_006811	Hs.272168	10955
NM_001178135	NM_001178135	NM_001178135	Hs.185910	NA
NM_017438	NM_017438	NM_017438	Hs.606200	54093
NM_033104	NM_033104	NM_033104	Hs.14248	85439
NM_003641	NM_003641	NM_003641	Hs.458414	8519
NM_005572	NM_005572	NM_005572	Hs.594444	4000
NM_002840	NM_002840	NM_002840	Hs.272062	5792
XR_109927	XR_109927	XR_109927		NA
NR_024418	NR_024418	NR_024418	Hs.127680	389332
NM_001010844	NM_001010844	NM_001010844	Hs.656212	134728
NM_014600	NM_014600	NM_014600	Hs.368808	30845
NM_001145080	NM_001145080	NM_001145080	Hs.349758	284071
NM_024490	NM_024490	NM_024490	Hs.659258	57194
NM_000057	NM_000057	NM_000057	Hs.725208	641
ENST00000509591		AK057549		51237
NM_018464	NM_018464	NM_018464	Hs.370102	55847
NR_000007	NR_000007	NR_000007		NA
NM_003533	NM_003533	NM_003533	Hs.132854	8354
NM_032997	NM_032997	NM_032997	Hs.591363	11130
NM_000135	NM_000135	NM_000135	Hs.290154	2175
NM_016371	NM_016371	NM_016371	Hs.492925	51478

NM_001029874	NM_001029874	NM_001029874	Hs.269836	387849
NM_138352	NM_138352	NM_138352	Hs.140309	90378
NR_002440	NR_002440	NR_002440	Hs.186350	NA
NM_006306	NM_006306	NM_006306	Hs.211602	8243
NR_038279	NR_038279	NR_038279		NA
NM_019028	NM_019028	NM_019028	Hs.188569	54503
NM_022978	NM_022978	NM_022978	Hs.559428	728492
NM_014489	NM_014489	NM_014489	Hs.133968	27315
NM_207374	NM_207374	NM_207374	Hs.531507	81341
NM_018950	NM_018950	NM_018950	Hs.519972	3134
TCONS_00004409				NA
ENST00000378192		BC020881	Hs.471014	7094
NM_182764	NM_182764	NM_182764	Hs.210469	63916
NM_022970	NM_022970	NM_022970	Hs.533683	2263
TCONS_I2_00024964				NA
THC2610434				NA
TCONS_I2_00005011				NA
NM_015379	NM_015379	NM_015379	Hs.567438	25798
NM_178831	NM_178831	NM_178831	Hs.556063	352954
NM_001299	NM_001299	NM_001299	Hs.465929	1264
NM_014143	NM_014143	NM_014143	Hs.521989	29126
NM_005494	NM_005494	NM_005494	Hs.593923	10049
NM_032714	NM_032714	NM_032714	Hs.24956	64423
NM_001167915	NM_001167915	NM_001167915		NA
TCONS_00029809				NA
				NA
NM_014380	NM_014380	NM_014380	Hs.448588	27018
NM_012268	NM_012268	NM_012268	Hs.257008	23646
NM_000904	NM_000904	NM_000904	Hs.533050	4835
NM_001024401	NM_001024401	NM_001024401	Hs.97837	388228
NM_022497	NM_022497	NM_022497	Hs.715617	64432
NM_024622	NM_024622	NM_024622	Hs.529276	79675
NM_032525	NM_032525	NM_032525	Hs.193491	84617
NM_001014445	NM_001014445	NM_001014445	Hs.85570	54475
BC029473		BC029473	Hs.677019	NA
NR_001293	NR_001293	NR_001293	Hs.564847	NA
NM_030806	NM_030806	NM_030806	Hs.730688	81563
NM_001130404	NM_001130404	NM_001130404	Hs.723090	729233
NM_012099	NM_012099	NM_012099	Hs.710495	10849
NM_005371	NM_005371	NM_005371	Hs.42957	4234
NM_183422	NM_183422	NM_183422	Hs.507916	8848
NM_031917	NM_031917	NM_031917	Hs.712850	83854
NM_171982	NM_171982	NM_171982	Hs.104223	23087
NM_199069	NM_199069	NM_199069	Hs.31387	25915

NM_014819	NM_014819	NM_014819	Hs.483036	9867
NM_007356	NM_007356	NM_007356	Hs.62022	22798
NM_001243133	NM_001243133	NM_001243133	Hs.159483	114548
NM_005923	NM_005923	NM_005923	Hs.186486	4217
NM_003486	NM_003486	NM_003486	Hs.513797	8140
CK001067		CK001067	Hs.689673	NA
NR_038847	NR_038847	NR_038847		NA
NR_027271	NR_027271	NR_027271	Hs.438829	148046
NM_002282	NM_002282	NM_002282	Hs.720768	3889
NM_004114	NM_004114	NM_004114	Hs.6540	2258
NM_006007	NM_006007	NM_006007	Hs.406096	7763
NM_001001976	NM_001001976	NM_001001976	Hs.632080	11101
NM_001017981	NM_001017981	NM_001017981	Hs.592194	200312
NM_021149	NM_021149	NM_021149	Hs.289092	23406
AK055463		AK055463		150378
				NA
NM_022648	NM_022648	NM_022648	Hs.471381	7145
TCONS_00013117				NA
NM_018235	NM_018235	NM_018235	Hs.149185	55748
ENST00000495456				127602
NM_001242739	NM_001242739	NM_001242739	Hs.20879	51058
TCONS_00012631				NA
CN284311		CN284311	Hs.533278	NA
ENST00000342645		AF207702	Hs.397465	28996
NM_021160	NM_021160	NM_021160	Hs.388188	7920
				NA
NM_001011658	NM_001011658	NM_001011658	Hs.592238	6399
NM_024074	NM_024074	NM_024074	Hs.436068	79041
NR_034159	NR_034159	NR_034159	Hs.716785	729975
NM_018643	NM_018643	NM_018643	Hs.283022	54210
NM_003559	NM_003559	NM_003559	Hs.730609	8396
NM_194249	NM_194249	NM_194249	Hs.591262	373863
NM_006907	NM_006907	NM_006907	Hs.163451	5831
BX648417		BX648417	Hs.504534	NA
NM_001011724	NM_001011724	NM_001011724	Hs.447506	144983
NR_002586	NR_002586	NR_002586		NA
NM_001123168	NM_001123168	NM_001123168	Hs.661924	729533
NM_017914	NM_017914	NM_017914	Hs.591383	55009
NM_016371	NM_016371	NM_016371	Hs.492925	51478
NM_001166006	NM_001166006	NM_001166006	Hs.175437	2035
NM_016357	NM_016357	NM_016357	Hs.525419	51474
NM_022902	NM_022902	NM_022902	Hs.631975	64924
NR_040038	NR_040038	NR_040038	Hs.528154	151475
NM_001037160	NM_001037160	NM_001037160	Hs.27092	192668

ENST00000317419		AK022408	Hs.271341	23637
NM_145016	NM_145016	NM_145016	Hs.254271	219970
NM_018099	NM_018099	NM_018099	Hs.728955	55711
NM_197957	NM_197957	NM_197957	Hs.285354	4149
XR_132622	XR_132622	XR_132622	Hs.729590	NA
NM_003074	NM_003074	NM_003074	Hs.476179	6599
CV575364		CV575364	Hs.660704	347148
NM_175738	NM_175738	NM_175738	Hs.351413	326624
NM_020786	NM_020786	NM_020786	Hs.632214	57546
ENST00000460561				NA
TCONS_00004197				NA
NM_001384	NM_001384	NM_001384	Hs.632398	1802
TCONS_00024362				NA
NM_001243195	NM_001243195	NM_001243195	Hs.369755	22876
NR_026779	NR_026779	NR_026779	Hs.41502	79686
NM_004475	NM_004475	NM_004475	Hs.514038	2319
THC2579237				NA
NM_001199654	NM_001199654	NM_001199654		NA
NM_001242932	NM_001242932	NM_001242932	Hs.56729	4046
NM_052850	NM_052850	NM_052850	Hs.515164	90480
NM_005761	NM_005761	NM_005761	Hs.584845	10154
THC2604051				NA
NM_001039886	NM_001039886	NM_001039886	Hs.729294	388558
NM_018951	NM_018951	NM_018951	Hs.110637	3206
NM_001029880	NM_001029880	NM_001029880	Hs.407983	57713
ENST00000544914	XR_109514	XR_109514		NA
NM_012218	NM_012218	NM_012218	Hs.465885	3609
NM_001013693	NM_001013693	NM_001013693	Hs.710255	401944
TCONS_00020396				NA
NM_006317	NM_006317	NM_006317	Hs.201641	10409
NR_024373	NR_024373	NR_024373		NA
				NA
XR_108604	XR_108604	XR_108604		NA
NM_016457	NM_016457	NM_016457	Hs.466987	25865
NM_000313	NM_000313	NM_000313	Hs.64016	NA
TCONS_00009850				NA
NM_014814	NM_014814	NM_014814	Hs.152536	9861
TCONS_00006704				NA
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
ENST00000455309	XR_109951	XR_109951	Hs.652640	NA
ENST00000479369		AK024906	Hs.708687	9659
NM_213566	NM_213566	NM_213566	Hs.484782	1676
NM_000107	NM_000107	NM_000107	Hs.700338	1643
NM_001076786	NM_001076786	NM_001076786	Hs.369368	79832

NM_001005366	NM_001005366	NM_001005366	Hs.524800	84678
NM_020394	NM_020394	NM_020394	Hs.669893	57116
NR_038988	NR_038988	NR_038988	Hs.729408	NA
NM_005795	NM_005795	NM_005795	Hs.470882	10203
NM_002276	NM_002276	NM_002276	Hs.654568	3880
NM_025132	NM_025132	NM_025132	Hs.438482	57728
				NA
				NA
BC110990		BC110990	Hs.495134	26130
NM_025163	NM_025163	NM_025163	Hs.518403	80235
ENST00000472346	XR_112626	XR_112626	Hs.548859	NA
TCONS_00023779				NA
ENST00000433085				NA
NM_058173	NM_058173	NM_058173	Hs.348419	118430
BC015429		BC015429	Hs.380362	NA
TCONS_00029924				NA
NM_002395	NM_002395	NM_002395	Hs.21160	4199
NR_002575	NR_002575	NR_002575	Hs.689719	NA
NM_013227	NM_013227	NM_013227	Hs.2159	176
NM_006295	NM_006295	NM_006295	Hs.520026	7407
NR_024342	NR_024342	NR_024342	Hs.717311	NA
ENST00000432823				NA
NM_001012421	NM_001012421	NM_001012421	Hs.632663	441430
THC2560329				NA
NM_032788	NM_032788	NM_032788	Hs.655109	84874
NM_052814	NM_052814	NM_052814	Hs.694071	64170
NM_000309	NM_000309	NM_000309	Hs.517373	5498
NM_001201482	NM_001201482	NM_001201482	Hs.318775	114880
NM_032351	NM_032351	NM_032351	Hs.462913	84311
NM_002107	NM_002107	NM_002107	Hs.533624	3020
XR_108325	XR_108325	XR_108325	Hs.288478	NA
NM_003005	NM_003005	NM_003005	Hs.73800	6403
NM_014387	NM_014387	NM_014387	Hs.632179	27040
NM_182499	NM_182499	NM_182499	Hs.387671	126668
NM_019604	NM_019604	NM_019604	Hs.159523	56253
NM_000602	NM_000602	NM_000602	Hs.414795	5054
ENST00000395936				5376
BX648603		BX648603	Hs.433728	NA
TCONS_I2_00019377				NA
NM_001145418	NM_001145418	NM_001145418	Hs.387856	23331
NM_016095	NM_016095	NM_016095	Hs.433180	51659
NM_001164315	NM_001164315	NM_001164315	Hs.541894	375248
NM_003184	NM_003184	NM_003184	Hs.122752	6873
NM_182795	NM_182795	NM_182795	Hs.131055	10361

NM_015012	NM_015012	NM_015012	Hs.594563	440026
BC110288		BC110288	Hs.128067	7456
NM_017602	NM_017602	NM_017602	Hs.496098	55593
ENST00000431359				NA
NM_002357	NM_002357	NM_002357	Hs.468908	4084
NM_018659	NM_018659	NM_018659	Hs.13872	54360
NM_024552	NM_024552	NM_024552	Hs.515111	79603
NM_018198	NM_018198	NM_018198	Hs.462640	55735
NM_003920	NM_003920	NM_003920	Hs.118631	8914
NM_001195304	NM_001195304	NM_001195304	Hs.232543	92482
NR_022009	NR_022009	NR_022009	Hs.612027	145624
TCONS_00027310				NA
NM_170740	NM_170740	NM_170740	Hs.371723	7915
NM_025140	NM_025140	NM_025140	Hs.114111	80212
TCONS_I2_00001274				NA
NM_207418	NM_207418	NM_207418	Hs.535577	728833
NM_030935	NM_030935	NM_030935	Hs.469798	81628
NM_198040	NM_198040	NM_198040	Hs.524271	1912
NR_023915	NR_023915	NR_023915		NA
NM_030877	NM_030877	NM_030877	Hs.472667	56259
DA666023		DA666023	Hs.581653	NA
NR_034096	NR_034096	NR_034096	Hs.471039	348751
NM_024509	NM_024509	NM_024509	Hs.143792	79414
CR749422		CR749422	Hs.640474	NA
NM_031485	NM_031485	NM_031485	Hs.400625	83743
NM_181723	NM_181723	NM_181723	Hs.403594	286097
NM_015005	NM_015005	NM_015005	Hs.533721	283638
ENST00000463764				NA
NM_001486	NM_001486	NM_001486	Hs.89771	2646
NM_025107	NM_025107	NM_025107	Hs.18160	80177
NM_001185095	NM_001185095	NM_001185095	Hs.4944	83543
ENST00000534728		AK128036	Hs.640102	NA
NM_022096	NM_022096	NM_022096	Hs.70903	63926
NM_002946	NM_002946	NM_002946	Hs.79411	6118
NM_004079	NM_004079	NM_004079	Hs.181301	1520
XR_110313	XR_110313	XR_110313	Hs.149321	NA
NM_002247	NM_002247	NM_002247	Hs.144795	3778
ENST00000443087		DB029717	Hs.581493	NA
NM_020746	NM_020746	NM_020746	Hs.570362	NA
NM_001031746	NM_001031746	NM_001031746	Hs.522928	196740
NM_002017	NM_002017	NM_002017	Hs.504281	2313
NM_004334	NM_004334	NM_004334	Hs.720344	683
				NA
NM_018438	NM_018438	NM_018438	Hs.464419	26270

NM_078470	NM_078470	NM_078470	Hs.28326	1355
NR_024230	NR_024230	NR_024230	Hs.723095	NA
NM_001001998	NM_001001998	NM_001001998	Hs.632368	5394
NM_152260	NM_152260	NM_152260	Hs.173311	27079
NR_038289	NR_038289	NR_038289	Hs.636103	NA
NM_024654	NM_024654	NM_024654	Hs.59425	79707
NR_003079	NR_003079	NR_003079		NA
ENST00000373838		BC068508		65979
AK090664		AK090664	Hs.655142	729680
NM_015229	NM_015229	NM_015229	Hs.22616	23277
NM_152383	NM_152383	NM_152383	Hs.471637	129563
NM_001042616	NM_001042616	NM_001042616	Hs.26136	84992
NM_005922	NM_005922	NM_005922	Hs.390428	4216
				NA
THC2764105				NA
NM_004627	NM_004627	NM_004627	Hs.198308	7485
NM_004907	NM_004907	NM_004907	Hs.501629	9592
NM_138336	NM_138336	NM_138336	Hs.293884	150678
TCONS_00028980				NA
NM_015967	NM_015967	NM_015967	Hs.535276	26191
NM_174963	NM_174963	NM_174963	Hs.597915	6487
NM_152687	NM_152687	NM_152687	Hs.547697	202309
NM_001166254	NM_001166254	NM_001166254	Hs.520757	NA
NP111779				NA
ENST00000454196		CR604456	Hs.460993	NA
TCONS_00026410				NA
NM_007101	NM_007101	NM_007101	Hs.198003	1757
NM_024626	NM_024626	NM_024626	Hs.546434	79679
NM_021067	NM_021067	NM_021067	Hs.658464	9837
BC133670		BC133670	Hs.131700	100129461
NM_022842	NM_022842	NM_022842	Hs.476093	64866
NR_037177	NR_037177	NR_037177	Hs.559456	NA
NM_001454	NM_001454	NM_001454	Hs.651204	2302
NR_002964	NR_002964	NR_002964	Hs.658237	677811
NM_014226	NM_014226	NM_014226	Hs.104119	5891
TCONS_I2_00030598				NA
ENST00000399010		BG533310	Hs.659005	7267
				NA
NM_001199142	NM_001199142	NM_001199142	Hs.567374	8663
NM_153183	NM_153183	NM_153183	Hs.375178	170685
NM_000851	NM_000851	NM_000851	Hs.75652	2949
AK128720		AK128720		NA
NM_002338	NM_002338	NM_002338	Hs.26409	4045
NM_001171971	NM_001171971	NM_001171971	Hs.137556	92211

NM_002686	NM_002686	NM_002686	Hs.1892	5409
NM_024753	NM_024753	NM_024753	Hs.310672	79809
NM_022817	NM_022817	NM_022817	Hs.58756	8864
NM_002882	NM_002882	NM_002882	Hs.24763	5902
NM_182802	NM_182802	NM_182802	Hs.597484	84515
AK026168		AK026168	Hs.485155	NA
NM_018602	NM_018602	NM_018602	Hs.513053	55466
ENST00000380799				6619
TCONS_00008931				NA
NM_005050	NM_005050	NM_005050	Hs.94395	5826
NM_032530	NM_032530	NM_032530	Hs.658402	84622
NM_001080519	NM_001080519	NM_001080519	Hs.514580	57597
NM_002470	NM_002470	NM_002470	Hs.440895	4621
NM_013372	NM_013372	NM_013372	Hs.40098	26585
NM_006696	NM_006696	NM_006696	Hs.519337	10902
NM_001005464	NM_001005464	NM_001005464	Hs.706618	333932
TCONS_00019972				NA
NM_003089	NM_003089	NM_003089	Hs.467097	6625
NM_013393	NM_013393	NM_013393	Hs.279877	29960
NM_018674	NM_018674	NM_018674	Hs.87469	55515
NM_003730	NM_003730	NM_003730	Hs.529989	8635
NM_001244710	NM_001244710	NM_001244710	Hs.580300	2673
NM_031904	NM_031904	NM_031904	Hs.578433	83786
NM_018179	NM_018179	NM_018179	Hs.729180	55729
NM_020445	NM_020445	NM_020445	Hs.647117	57180
NM_018284	NM_018284	NM_018284	Hs.720167	2635
NM_002292	NM_002292	NM_002292	Hs.439726	3913
NM_006965	NM_006965	NM_006965	Hs.514802	7572
NM_024954	NM_024954	NM_024954	Hs.500724	80019
NM_006219	NM_006219	NM_006219	Hs.239818	5291
NM_147156	NM_147156	NM_147156	Hs.654698	259230
NR_037844	NR_037844	NR_037844		NA
NR_038891	NR_038891	NR_038891	Hs.295012	NA
NM_025045	NM_025045	NM_025045	Hs.474822	80115
NM_002221	NM_002221	NM_002221	Hs.528087	3707
NM_012452	NM_012452	NM_012452	Hs.158341	23495
NM_013246	NM_013246	NM_013246	Hs.502977	23529
NM_001992	NM_001992	NM_001992	Hs.482562	2149
NM_138578	NM_138578	NM_138578	Hs.516966	598
NM_001040446	NM_001040446	NM_001040446	Hs.481836	54545
NM_018686	NM_018686	NM_018686	Hs.311346	55907
ENST00000309775		BU164353	Hs.710930	NA
NM_005723	NM_005723	NM_005723	Hs.118118	10098
XR_110520	XR_110520	XR_110520	Hs.503862	NA

NR_033258	NR_033258	NR_033258		NA
NM_001077594	NM_001077594	NM_001077594	Hs.37712	91828
NM_014743	NM_014743	NM_014743	Hs.79276	9778
NM_016006	NM_016006	NM_016006	Hs.19385	51099
NM_031865	NM_031865	NM_031865	Hs.199343	56136
NM_005025	NM_005025	NM_005025	Hs.478153	5274
NM_003538	NM_003538	NM_003538	Hs.248178	8359
TCONS_00014163				NA
NM_004263	NM_004263	NM_004263	Hs.25887	10505
ENST00000460041				NA
NM_032324	NM_032324	NM_032324	Hs.642715	84284
NM_014350	NM_014350	NM_014350	Hs.656274	25816
NM_006280	NM_006280	NM_006280	Hs.409223	6748
NM_012296	NM_012296	NM_012296	Hs.429434	9846
NM_001042633	NM_001042633	NM_001042633	Hs.472854	90203
NM_001531	NM_001531	NM_001531	Hs.13500	3140
NR_024041	NR_024041	NR_024041	Hs.647968	729338
NM_003200	NM_003200	NM_003200	Hs.371282	6929
NM_033141	NM_033141	NM_033141	Hs.593542	4293
NM_004585	NM_004585	NM_004585	Hs.17466	5920
NR_001285	NR_001285	NR_001285		NA
NM_001100170	NM_001100170	NM_001100170	Hs.148559	10989
				NA
NM_013329	NM_013329	NM_013329	Hs.644004	94104
NM_033083	NM_033083	NM_033083	Hs.716733	85403
NM_012250	NM_012250	NM_012250	Hs.502004	22800
				NA
NM_015916	NM_015916	NM_015916	Hs.241545	51063
NM_020412	NM_020412	NM_020412	Hs.656244	57132
NM_002308	NM_002308	NM_002308	Hs.81337	3965
AK022396		AK022396		NA
BC041478		BC041478	Hs.633102	NA
NR_037177	NR_037177	NR_037177	Hs.559456	NA
NM_005343	NM_005343	NM_005343	Hs.37003	3265
NM_139355	NM_139355	NM_139355	Hs.631845	4145
NM_173717	NM_173717	NM_173717	Hs.434232	60528
NM_014298	NM_014298	NM_014298	Hs.513484	23475
NM_015407	NM_015407	NM_015407	Hs.534400	25864
NM_001135993	NM_001135993	NM_001135993	Hs.128576	125488
ENST00000379612		AB110785	Hs.501928	9645
NM_000395	NM_000395	NM_000395	Hs.592192	1439
NM_031297	NM_031297	NM_031297	Hs.512767	727800
NM_001098787	NM_001098787	NM_001098787	Hs.414418	51272
NM_145791	NM_145791	NM_145791	Hs.389700	4257

NM_080647	NM_080647	NM_080647	Hs.173984	6899
NM_004177	NM_004177	NM_004177	Hs.180711	6809
ENST00000380464				123
NM_001128619	NM_001128619	NM_001128619	Hs.602015	767558
NM_030583	NM_030583	NM_030583	Hs.189445	4147
NR_024495	NR_024495	NR_024495	Hs.647204	642826
NM_001039753	NM_001039753	NM_001039753	Hs.656692	400954
NM_001024916	NM_001024916	NM_001024916	Hs.645337	220869
NR_000013	NR_000013	NR_000013		NA
ENST00000448013				NA
ENST00000424886		DA924772	Hs.640984	NA
NM_004117	NM_004117	NM_004117	Hs.407190	2289
NM_018463	NM_018463	NM_018463	Hs.446098	55846
NM_022124	NM_022124	NM_022124	Hs.656032	64072
NM_001195215	NM_001195215	NM_001195215	Hs.125056	163486
NM_001037330	NM_001037330	NM_001037330	Hs.164324	147166
NM_001184767	NM_001184767	NM_001184767	Hs.403802	139105
NM_002015	NM_002015	NM_002015	Hs.370666	2308
NM_019054	NM_019054	NM_019054	Hs.500419	54537
NM_025158	NM_025158	NM_025158	Hs.306769	80230
NM_015350	NM_015350	NM_015350	Hs.482017	23507
NM_000139	NM_000139	NM_000139	Hs.386748	2206
NM_002107	NM_002107	NM_002107	Hs.533624	3020
AK091052		AK091052	Hs.629770	283270
NM_014021	NM_014021	NM_014021	Hs.22587	117178
NM_007021	NM_007021	NM_007021	Hs.93675	11067
BC065757		BC065757	Hs.713428	728218
NM_015720	NM_015720	NM_015720	Hs.591290	50512
NM_005702	NM_005702	NM_005702	Hs.3426	26284
NM_018338	NM_018338	NM_018338	Hs.584936	55779
NM_007105	NM_007105	NM_007105	Hs.300076	5003
XR_108650	XR_108650	XR_108650	Hs.656652	401261
ENST00000483918		AK097803	Hs.710994	NA
NM_206819	NM_206819	NM_206819	Hs.654589	4604
NM_004736	NM_004736	NM_004736	Hs.227656	9213
AK055250		AK055250	Hs.191599	NA
NM_001828	NM_001828	NM_001828	Hs.889	1178
NM_021181	NM_021181	NM_021181	Hs.517265	57823
NM_005429	NM_005429	NM_005429	Hs.435215	7424
BC009638		BC009638	Hs.647068	6009
NM_001003799	NM_001003799	NM_001003799	Hs.534032	445347
NM_033213	NM_033213	NM_033213	Hs.669893	93474
NM_152608	NM_152608	NM_152608	Hs.520192	163859
NM_001099922	NM_001099922	NM_001099922	Hs.443061	79868

NM_014945	NM_014945	NM_014945	Hs.49688	22885
NM_153347	NM_153347	NM_153347	Hs.502100	144110
NM_005265	NM_005265	NM_005265	Hs.645535	2678
NR_003255	NR_003255	NR_003255	Hs.655450	NA
ENST00000461824				1124
NM_182964	NM_182964	NM_182964	Hs.502116	89797
NM_024066	NM_024066	NM_024066	Hs.132497	79033
NM_016426	NM_016426	NM_016426	Hs.386189	51512
NM_013349	NM_013349	NM_013349	Hs.461787	29937
NM_182922	NM_182922	NM_182922	Hs.313917	55027
NM_001198908	NM_001198908	NM_001198908	Hs.730899	728591
TCONS_00002202				NA
ENST00000426962		AK097934	Hs.633996	NA
TCONS_00029300				NA
NR_015340	NR_015340	NR_015340	Hs.527795	388007
NM_005633	NM_005633	NM_005633	Hs.709893	6654
NM_000341	NM_000341	NM_000341	Hs.112916	6519
XR_132766	XR_132766	XR_132766		NA
NM_020246	NM_020246	NM_020246	Hs.521087	56996
NM_013434	NM_013434	NM_013434	Hs.437376	30818
NM_058230	NM_058230	NM_058230	Hs.724051	117608
NM_003509	NM_003509	NM_003509	Hs.534035	8329
NM_172020	NM_172020	NM_172020	Hs.655217	9883
NM_001164465	NM_001164465	NM_001164465	Hs.723082	NA
NM_031902	NM_031902	NM_031902	Hs.655259	64969
NM_080552	NM_080552	NM_080552	Hs.179080	140679
NM_003631	NM_003631	NM_003631	Hs.499594	8505
NM_016490	NM_016490	NM_016490	Hs.107922	51252
NM_007062	NM_007062	NM_007062	Hs.506652	11137
AK096564		AK096564		NA
NR_003367	NR_003367	NR_003367	Hs.133107	NA
NM_005529	NM_005529	NM_005529	Hs.562227	3339
NR_026764	NR_026764	NR_026764	Hs.569502	414926
NR_026966	NR_026966	NR_026966		NA
NM_018078	NM_018078	NM_018078	Hs.657067	55132
NM_001042490	NM_001042490	NM_001042490	Hs.422901	730394
TCONS_00014724				NA
NR_037701	NR_037701	NR_037701	Hs.56876	150967
NM_003942	NM_003942	NM_003942	Hs.105584	8986
NM_014285	NM_014285	NM_014285	Hs.654643	23404
NM_007186	NM_007186	NM_007186	Hs.443976	11190
NM_004957	NM_004957	NM_004957	Hs.335084	2356
NM_001030288	NM_001030288	NM_001030288	Hs.632188	6693
ENST00000412378		BF246504	Hs.632926	NA

NM_014915	NM_014915	NM_014915	Hs.361041	22852
NM_153264	NM_153264	NM_153264	Hs.205403	256076
NM_006739	NM_006739	NM_006739	Hs.517582	4174
NR_036586	NR_036586	NR_036586	Hs.591565	NA
TCONS_I2_00008541				NA
NM_001142279	NM_001142279	NM_001142279	Hs.306291	79621
NM_203413	NM_203413	NM_203413	Hs.417029	23587
NM_002263	NM_002263	NM_002263	Hs.436912	3833
NM_018110	NM_018110	NM_018110	Hs.279832	55715
NM_005520	NM_005520	NM_005520	Hs.604001	3187
ENST00000373851		AK097636	Hs.653263	11064
ENST00000434565		CK904495	Hs.569249	NA
ENST00000427173		BC031234	Hs.573792	NA
NM_199184	NM_199184	NM_199184	Hs.109752	10591
NM_012124	NM_012124	NM_012124	Hs.22857	26973
NM_052963	NM_052963	NM_052963	Hs.528574	116447
NM_013285	NM_013285	NM_013285	Hs.75528	29889
				NA
ENST00000429521				NA
NM_014831	NM_014831	NM_014831	Hs.170999	NA
NM_001182	NM_001182	NM_001182	Hs.483239	501
NR_004380	NR_004380	NR_004380		NA
NR_002959	NR_002959	NR_002959		NA
NM_005811	NM_005811	NM_005811	Hs.600883	10220
NM_031475	NM_031475	NM_031475	Hs.147953	83715
NM_014149	NM_014149	NM_014149	Hs.459858	29062
NM_001126123	NM_001126123	NM_001126123	Hs.369762	55556
NR_004384	NR_004384	NR_004384	Hs.707968	NA
NM_170735	NM_170735	NM_170735	Hs.502182	627
THC2577654				NA
NM_033256	NM_033256	NM_033256	Hs.631569	94274
NM_004102	NM_004102	NM_004102	Hs.657242	2170
NM_001031713	NM_001031713	NM_001031713	Hs.214043	63933
NM_000372	NM_000372	NM_000372	Hs.503555	7299
NM_021642	NM_021642	NM_021642	Hs.352642	2212
NM_001069	NM_001069	NM_001069	Hs.654543	7280
NM_018201	NM_018201	NM_018201	Hs.3376	54662
NM_001099668	NM_001099668	NM_001099668		NA
				NA
NM_001130111	NM_001130111	NM_001130111	Hs.465542	81926
ENST00000487097				NA
NM_002668	NM_002668	NM_002668	Hs.77422	5355
NM_001002814	NM_001002814	NM_001002814	Hs.191179	80223
NM_174894	NM_174894	NM_174894	Hs.432413	126003

NM_198283	NM_198283	NM_198283	Hs.25067	346007
NM_005938	NM_005938	NM_005938	Hs.584654	4303
NM_006186	NM_006186	NM_006186	Hs.563344	4929
NR_038385	NR_038385	NR_038385	Hs.132563	728084
ENST00000526934				NA
NM_052882	NM_052882	NM_052882	Hs.348622	114026
NM_005907	NM_005907	NM_005907	Hs.102788	4121
NM_020746	NM_020746	NM_020746	Hs.570362	NA
NM_014633	NM_014633	NM_014633	Hs.725151	9646
NM_003874	NM_003874	NM_003874	Hs.398093	8832
NM_025182	NM_025182	NM_025182	Hs.301696	80256
NM_024595	NM_024595	NM_024595	Hs.293563	79647
NM_001085400	NM_001085400	NM_001085400	Hs.283378	768211
NM_138371	NM_138371	NM_138371	Hs.560100	91523
NM_138801	NM_138801	NM_138801	Hs.435012	130589
NM_138799	NM_138799	NM_138799	Hs.467634	129642
NM_021102	NM_021102	NM_021102	Hs.31439	10653
NM_002133	NM_002133	NM_002133	Hs.517581	3162
NM_001198812	NM_001198812	NM_001198812	Hs.598100	100526694
NM_015052	NM_015052	NM_015052	Hs.164453	23072
NM_001042483	NM_001042483	NM_001042483	Hs.513463	26471
TCONS_I2_00024305				NA
NM_138335	NM_138335	NM_138335	Hs.21398	132789
NR_026684	NR_026684	NR_026684	Hs.545218	93668
NM_004290	NM_004290	NM_004290	Hs.483616	9604
NM_001204418	NM_001204418	NM_001204418	Hs.509872	9628
NM_005638	NM_005638	NM_005638	Hs.24167	6845
NM_005064	NM_005064	NM_005064	Hs.169191	6368
NM_015473	NM_015473	NM_015473	Hs.728967	25938
NM_005324	NM_005324	NM_005324	Hs.180877	3021
XR_109594	XR_109594	XR_109594	Hs.405849	NA
NM_207445	NM_207445	NM_207445	Hs.376109	400360
NM_138804	NM_138804	NM_138804	Hs.348645	130951
NM_016150	NM_016150	NM_016150	Hs.510327	51676
NM_001455	NM_001455	NM_001455	Hs.220950	2309
NM_015448	NM_015448	NM_015448	Hs.658128	25911
NM_003388	NM_003388	NM_003388	Hs.647018	7461
NM_020728	NM_020728	NM_020728	Hs.490795	57488
NM_001145125	NM_001145125	NM_001145125	Hs.728819	23608
NR_038099	NR_038099	NR_038099	Hs.535619	100288695
NM_199046	NM_199046	NM_199046	Hs.132976	374739
NR_003005	NR_003005	NR_003005		NA
TCONS_00001003				NA
NM_182503	NM_182503	NM_182503	Hs.709561	134637

ENST00000445279	XR_112271	XR_112271	Hs.385965	NA
NM_016281	NM_016281	NM_016281	Hs.644420	51347
NM_018390	NM_018390	NM_018390	Hs.522568	55344
NM_001001563	NM_001001563	NM_001001563	Hs.590956	92609
NR_003340	NR_003340	NR_003340	Hs.711166	NA
NM_147780	NM_147780	NM_147780	Hs.520898	1508
NM_001163257	NM_001163257	NM_001163257	Hs.632833	5365
NR_001545	NR_001545	NR_001545	Hs.433656	64595
NR_026784	NR_026784	NR_026784	Hs.645177	63914
NR_037642	NR_037642	NR_037642	Hs.496545	NA
				NA
NR_002804	NR_002804	NR_002804	Hs.132045	284367
BI858028		BI858028	Hs.368743	NA
XR_110470	XR_110470	XR_110470	Hs.632414	374987
NM_145044	NM_145044	NM_145044	Hs.401045	115560
TCONS_00022642				NA
NM_002838	NM_002838	NM_002838	Hs.654514	5788
NM_001005735	NM_001005735	NM_001005735	Hs.505297	NA
NM_001905	NM_001905	NM_001905	Hs.473087	1503
NM_032856	NM_032856	NM_032856	Hs.728276	84942
NM_015959	NM_015959	NM_015959	Hs.654965	51075
ENST00000435311		AK056049	Hs.514137	NA
ENST00000460965	XR_108968	XR_108968	Hs.662552	NA
NM_025161	NM_025161	NM_025161	Hs.313905	80233
NM_203401	NM_203401	NM_203401	Hs.209983	3925
NM_001134364	NM_001134364	NM_001134364	Hs.517949	4134
NM_006724	NM_006724	NM_006724	Hs.390428	4216
ENST00000429053		DA624747	Hs.637119	NA
NM_016530	NM_016530	NM_016530	Hs.389733	51762
NM_001145268	NM_001145268	NM_001145268	Hs.202543	NA
NM_020750	NM_020750	NM_020750	Hs.203206	57510
NM_004993	NM_004993	NM_004993	Hs.532632	4287
NM_194449	NM_194449	NM_194449	Hs.465337	23239
NM_003428	NM_003428	NM_003428	Hs.445019	7637
NM_002069	NM_002069	NM_002069	Hs.134587	2770
XM_003403487	XM_003403487	XM_003403487		NA
NM_213604	NM_213604	NM_213604	Hs.371674	339366
NM_021103	NM_021103	NM_021103	Hs.446574	9168
NR_036573	NR_036573	NR_036573	Hs.490512	155060
NM_152424	NM_152424	NM_152424	Hs.314225	139285
NM_018197	NM_018197	NM_018197	Hs.473082	55734
NM_016111	NM_016111	NM_016111	Hs.271044	9894
NM_030665	NM_030665	NM_030665	Hs.655395	10743
NM_001080463	NM_001080463	NM_001080463	Hs.503721	79659

ENST00000453476				NA
				NA
NM_018128	NM_018128	NM_018128	Hs.388170	55720
NM_001204255	NM_001204255	NM_001204255	Hs.349656	950
NM_020775	NM_020775	NM_020775	Hs.708190	57535
NM_024872	NM_024872	NM_024872	Hs.720849	79930
NM_014723	NM_014723	NM_014723	Hs.323833	9751
				NA
				NA
NM_001134404	NM_001134404	NM_001134404	Hs.514682	284613
NR_038847	NR_038847	NR_038847	Hs.634043	NA
NM_013982	NM_013982	NM_013982	Hs.408515	9542
ENST00000557418				3169
NM_002166	NM_002166	NM_002166	Hs.180919	3398
NM_002171	NM_002171	NM_002171	Hs.282275	3446
NM_013292	NM_013292	NM_013292	Hs.50889	29895
NM_005572	NM_005572	NM_005572	Hs.594444	4000
NM_080546	NM_080546	NM_080546	Hs.573495	23446
NM_006954	NM_006954	NM_006954	Hs.435774	7581
NM_181077	NM_181077	NM_181077	Hs.720151	23015
TCONS_I2_00001143				NA
NM_012305	NM_012305	NM_012305	Hs.19121	161
TCONS_00004445				NA
NM_001130679	NM_001130679	NM_001130679	Hs.249718	1977
NM_017899	NM_017899	NM_017899	Hs.525709	54997
				NA
BC078675		BC078675		NA
NM_174953	NM_174953	NM_174953	Hs.513870	489
NM_202002	NM_202002	NM_202002	Hs.239	2305
NR_015410	NR_015410	NR_015410		NA
NM_021197	NM_021197	NM_021197	Hs.36688	58189
NM_032166	NM_032166	NM_032166	Hs.694840	84126
NM_145245	NM_145245	NM_145245	Hs.26870	115704
NM_001105576	NM_001105576	NM_001105576	Hs.355223	347454
NM_015599	NM_015599	NM_015599	Hs.661665	5238
NR_024489	NR_024489	NR_024489	Hs.655313	100129534
NM_022045	NM_022045	NM_022045	Hs.657656	27085
NM_024603	NM_024603	NM_024603	Hs.475348	79656
NM_018194	NM_018194	NM_018194	Hs.58650	55733
NM_145806	NM_145806	NM_145806	Hs.422113	118472
NM_018427	NM_018427	NM_018427	Hs.460078	54700
NM_020770	NM_020770	NM_020770	Hs.591464	57530
NM_013296	NM_013296	NM_013296	Hs.584901	29899
NM_015401	NM_015401	NM_015401	Hs.200063	51564

NM_018352	NM_018352	NM_018352	Hs.267446	55319
NM_052903	NM_052903	NM_052903	Hs.533898	114791
NM_206922	NM_206922	NM_206922	Hs.653165	401262
NM_145041	NM_145041	NM_145041	Hs.536474	113277
NM_015710	NM_015710	NM_015710	Hs.421907	29997
NM_004405	NM_004405	NM_004405	Hs.419	1746
NM_017615	NM_017615	NM_017615	Hs.258798	54780
THC2665678				NA
NM_144680	NM_144680	NM_144680	Hs.370473	7566
BC104430		BC104430	Hs.662784	NA
ENST00000467192		AK097639	Hs.355950	728013
NM_198488	NM_198488	NM_198488	Hs.67776	286077
NM_017450	NM_017450	NM_017450	Hs.128316	10458
NM_005934	NM_005934	NM_005934	Hs.10095	4298
NM_001136537	NM_001136537	NM_001136537	Hs.632400	149478
AA378382		AA378382	Hs.662165	677800
NM_000204	NM_000204	NM_000204	Hs.312485	3426
NM_006258	NM_006258	NM_006258	Hs.654556	5592
NM_017881	NM_017881	NM_017881	Hs.494186	54981
TCONS_I2_00001211				NA
NM_006965	NM_006965	NM_006965	Hs.514802	7572
NM_020169	NM_020169	NM_020169	Hs.478067	56925
NM_012249	NM_012249	NM_012249	Hs.709193	23433
ENST00000458030	XR_109990	XR_109990		NA
NM_007005	NM_007005	NM_007005	Hs.444213	7091
NM_030821	NM_030821	NM_030821	Hs.389452	81579
NM_001010903	NM_001010903	NM_001010903	Hs.162104	389384
XR_108607	XR_108607	XR_108607	Hs.660059	NA
NM_013352	NM_013352	NM_013352	Hs.458358	29940
NM_005714	NM_005714	NM_005714	Hs.175218	10089
NR_003367	NR_003367	NR_003367	Hs.133107	NA
NM_198075	NM_198075	NM_198075	Hs.567655	115399
NM_207327	NM_207327	NM_207327	Hs.592209	150383
TCONS_00013023				NA
NM_004202	NM_004202	NM_004202	Hs.159201	9087
NM_000319	NM_000319	NM_000319	Hs.567327	5830
NM_001042550	NM_001042550	NM_001042550	Hs.119023	10592
NM_198433	NM_198433	NM_198433	Hs.250822	6790
ENST00000406939				NA
NM_001033714	NM_001033714	NM_001033714	Hs.534334	4839
NM_016174	NM_016174	NM_016174	Hs.495230	51148
NR_003054	NR_003054	NR_003054		NA
NM_013943	NM_013943	NM_013943	Hs.440544	25932
NM_001128620	NM_001128620	NM_001128620	Hs.435714	5058

NM_017576	NM_017576	NM_017576	Hs.697514	55582
TCONS_00020784				NA
NR_003111	NR_003111	NR_003111	Hs.652423	132241
NM_003689	NM_003689	NM_003689	Hs.571886	8574
NM_022494	NM_022494	NM_022494	Hs.196990	64429
NM_207338	NM_207338	NM_207338	Hs.680983	197021
NM_152793	NM_152793	NM_152793	Hs.200100	222166
NR_033376	NR_033376	NR_033376		NA
NM_182612	NM_182612	NM_182612	Hs.218362	347862
NM_199340	NM_199340	NM_199340	Hs.551962	374819
NM_177987	NM_177987	NM_177987	Hs.532659	347688
NM_001166461	NM_001166461	NM_001166461	Hs.496984	4354
NM_002768	NM_002768	NM_002768	Hs.589427	5119
NR_002982	NR_002982	NR_002982	Hs.689696	NA
NM_032590	NM_032590	NM_032590	Hs.524800	84678
NM_174889	NM_174889	NM_174889	Hs.591757	91942
NM_206919	NM_206919	NM_206919	Hs.444449	132946
NM_138558	NM_138558	NM_138558	Hs.533474	5511
NM_052831	NM_052831	NM_052831	Hs.347144	116843
NM_001005747	NM_001005747	NM_001005747	Hs.120725	785
NM_032128	NM_032128	NM_032128	Hs.659209	84068
NM_001072	NM_001072	NM_001072	Hs.554822	54578
NM_001039569	NM_001039569	NM_001039569	Hs.632555	130340
ENST00000373401		AK126965	Hs.437993	266727
NR_002604	NR_002604	NR_002604		NA
AK023036		AK023036	Hs.654734	NA
NM_080605	NM_080605	NM_080605	Hs.284284	126792
NR_040113	NR_040113	NR_040113		440482
NM_014038	NM_014038	NM_014038	Hs.487635	28969
NM_001128228	NM_001128228	NM_001128228	Hs.323445	286262
ENST00000415520				NA
NM_006607	NM_006607	NM_006607	Hs.668806	10744
NM_001417	NM_001417	NM_001417	Hs.648394	1975
NM_032637	NM_032637	NM_032637	Hs.23348	6502
DB069106		DB069106	Hs.691526	NA
NM_183008	NM_183008	NM_183008	Hs.145061	91544
TCONS_00003566				NA
CR625773		CR625773	Hs.559426	NA
NM_002718	NM_002718	NM_002718	Hs.518155	5523
NM_023078	NM_023078	NM_023078	Hs.165186	65263
NM_032168	NM_032168	NM_032168	Hs.399984	84128
NM_004666	NM_004666	NM_004666	Hs.12114	8876
NR_002950	NR_002950	NR_002950	Hs.689723	NA
NM_024770	NM_024770	NM_024770	Hs.135146	79828

NR_003491	NR_003491	NR_003491	Hs.517502	440823
NR_024278	NR_024278	NR_024278	Hs.30579	646762
NM_015935	NM_015935	NM_015935	Hs.494705	51603
NM_016021	NM_016021	NM_016021	Hs.163776	51465
ENST00000370222				3785
TCONS_00006678				NA
NM_018999	NM_018999	NM_018999	Hs.461988	54462
NM_000552	NM_000552	NM_000552	Hs.440848	7450
NM_001009899	NM_001009899	NM_001009899	Hs.632570	205717
ENST00000509968	XR_109806	XR_109806	Hs.131412	NA
NM_003383	NM_003383	NM_003383	Hs.370422	7436
NM_173496	NM_173496	NM_173496	Hs.499159	143098
				NA
NM_014867	NM_014867	NM_014867	Hs.5333	9920
NM_017907	NM_017907	NM_017907	Hs.530753	55004
NM_001099680	NM_001099680	NM_001099680	Hs.193170	79917
CB105455		CB105455	Hs.568610	NA
NM_003916	NM_003916	NM_003916	Hs.653504	8905
				NA
NM_018725	NM_018725	NM_018725	Hs.654970	55540
NM_004188	NM_004188	NM_004188	Hs.553160	8328
NM_173626	NM_173626	NM_173626	Hs.4866	284129
NM_007365	NM_007365	NM_007365	Hs.33455	11240
TCONS_I2_00028837				NA
NM_198989	NM_198989	NM_198989	Hs.710878	220107
NM_012325	NM_012325	NM_012325	Hs.472437	22919
TCONS_00026411				NA
NM_001008781	NM_001008781	NM_001008781	Hs.98523	120114
NM_021097	NM_021097	NM_021097	Hs.468274	6546
NM_003780	NM_003780	NM_003780	Hs.632403	8704
NM_001212	NM_001212	NM_001212	Hs.555866	708
NM_015026	NM_015026	NM_015026	Hs.389378	23041
NM_198281	NM_198281	NM_198281	Hs.605082	285513
NM_175065	NM_175065	NM_175065	Hs.664173	317772
NR_003065	NR_003065	NR_003065	Hs.730901	NA
NM_005483	NM_005483	NM_005483	Hs.79018	10036
NM_199180	NM_199180	NM_199180	Hs.145729	84063
NM_001130683	NM_001130683	NM_001130683	Hs.24258	2982
NM_001730	NM_001730	NM_001730	Hs.508234	688
NM_003959	NM_003959	NM_003959	Hs.524815	9026
BC041419		BC041419	Hs.639265	NA
NM_021937	NM_021937	NM_021937	Hs.477498	60678
THC2614488				NA
				NA

NM_016327	NM_016327	NM_016327	Hs.474388	51733
NM_022445	NM_022445	NM_022445	Hs.660232	27010
NM_152896	NM_152896	NM_152896	Hs.493401	115426
NM_020378	NM_020378	NM_020378	Hs.31854	57106
NM_000313	NM_000313	NM_000313	Hs.64016	NA
AK022088		AK022088	Hs.289059	NA
TCONS_00020388				NA
ENST00000394478				10735
NM_138689	NM_138689	NM_138689	Hs.523760	26472
NM_024589	NM_024589	NM_024589	Hs.459795	79641
ENST00000553944				NA
NM_012342	NM_012342	NM_012342	Hs.533336	25805
NM_170753	NM_170753	NM_170753	Hs.654449	267004
NM_012062	NM_012062	NM_012062	Hs.556296	10059
NR_038432	NR_038432	NR_038432	Hs.177930	NA
NM_004951	NM_004951	NM_004951	Hs.784	1880
NR_003321	NR_003321	NR_003321	Hs.712428	NA
NM_006866	NM_006866	NM_006866	Hs.655593	11027
DW009619		DW009619	Hs.502677	NA
XR_108709	XR_108709	XR_108709	Hs.583071	NA
NM_001126121	NM_001126121	NM_001126121	Hs.514470	60386
NM_002482	NM_002482	NM_002482	Hs.319334	4678
AK123657		AK123657		NA
AK075182		AK075182	Hs.306764	NA
NM_022893	NM_022893	NM_022893	Hs.370549	53335
NM_017440	NM_017440	NM_017440	Hs.655702	56890
NM_024060	NM_024060	NM_024060	Hs.502756	79026
XM_003119181		XM_003119181	Hs.589046	NA
NM_004960	NM_004960	NM_004960	Hs.46894	2521
NR_038998	NR_038998	NR_038998	Hs.130961	NA
NM_145027	NM_145027	NM_145027	Hs.588202	221458
NM_001100	NM_001100	NM_001100	Hs.1288	58
NM_002088	NM_002088	NM_002088	Hs.367799	2901
NM_199320	NM_199320	NM_199320	Hs.12420	79960
NM_206921	NM_206921	NM_206921	Hs.656959	387119
NM_032408	NM_032408	NM_032408	Hs.647016	9031
ENST00000450667				NA
NM_198252	NM_198252	NM_198252	Hs.522373	2934
				NA
NM_014909	NM_014909	NM_014909	Hs.525479	22846
NM_033130	NM_033130	NM_033130	Hs.284813	89790
TCONS_00021437				NA
NM_080720	NM_080720	NM_080720	Hs.632841	83740
NM_001204221	NM_001204221	NM_001204221		NA

NM_145204	NM_145204	NM_145204	Hs.513002	123228
TCONS_I2_00002973				NA
NM_013240	NM_013240	NM_013240	Hs.163846	29104
NR_026984	NR_026984	NR_026984	Hs.594051	90784
NM_145061	NM_145061	NM_145061	Hs.88523	221150
NM_004774	NM_004774	NM_004774	Hs.643754	5469
NR_000015	NR_000015	NR_000015		NA
TCONS_00008408				NA
NM_023037	NM_023037	NM_023037	Hs.507669	10129
NM_024577	NM_024577	NM_024577	Hs.483784	79628
ENST00000402468		AJ132443	Hs.239666	56913
NR_033873	NR_033873	NR_033873	Hs.503210	NA
NM_001142483	NM_001142483	NM_001142483	Hs.36053	9315
				NA
NM_001070	NM_001070	NM_001070	Hs.279669	7283
ENST00000379331				10549
NM_001006666	NM_001006666	NM_001006666	Hs.659809	200316
NM_002198	NM_002198	NM_002198	Hs.436061	3659
NM_001166496	NM_001166496	NM_001166496	Hs.75231	6566
NM_014873	NM_014873	NM_014873	Hs.497674	9926
ENST00000538304	XR_132886	XR_132886	Hs.434403	NA
NM_001085447	NM_001085447	NM_001085447	Hs.370111	129881
NM_014254	NM_014254	NM_014254	Hs.216386	10329
NM_002343	NM_002343	NM_002343	Hs.529517	4057
NM_144703	NM_144703	NM_144703	Hs.105379	149986
TCONS_00026283				NA
NM_007174	NM_007174	NM_007174	Hs.119594	11113
NM_001025248	NM_001025248	NM_001025248	Hs.527980	1854
ENST00000445782				653784
NR_024391	NR_024391	NR_024391	Hs.649350	647946
NM_001082538	NM_001082538	NM_001082538	Hs.211511	79600
THC2490007				NA
ENST00000512507	XR_112759	XR_112759	Hs.420272	NA
NM_001151	NM_001151	NM_001151	Hs.246506	291
NM_006505	NM_006505	NM_006505	Hs.171844	5817
NM_138689	NM_138689	NM_138689	Hs.523760	26472
ENST00000467997	XR_112618	XR_112618	Hs.479298	NA
NM_032853	NM_032853	NM_032853	Hs.515016	84939
NM_133334	NM_133334	NM_133334	Hs.113876	7468
NM_001625	NM_001625	NM_001625	Hs.470907	204
NM_003365	NM_003365	NM_003365	Hs.119251	7384
NM_018490	NM_018490	NM_018490	Hs.502176	55366
NM_080596	NM_080596	NM_080596	Hs.352225	85235
TCONS_I2_00009281				NA

NM_007326	NM_007326	NM_007326	Hs.561064	1727
NM_005113	NM_005113	NM_005113	Hs.104320	9950
NM_016475	NM_016475	NM_016475	Hs.446850	51528
NM_182594	NM_182594	NM_182594	Hs.259441	285676
NM_004604	NM_004604	NM_004604	Hs.83734	6810
NR_001588	NR_001588	NR_001588	Hs.585053	155370
NM_020432	NM_020432	NM_020432	Hs.203965	57157
NM_080860	NM_080860	NM_080860	Hs.661069	89765
ENST00000425799				NA
BC025370		BC025370		NA
NM_001201407	NM_001201407	NM_001201407	Hs.647385	197320
NM_058172	NM_058172	NM_058172	Hs.162963	118429
NM_001025579	NM_001025579	NM_001025579	Hs.372123	81565
NM_006336	NM_006336	NM_006336	Hs.147950	10444
NM_016378	NM_016378	NM_016378	Hs.279737	51480
NM_001193278	NM_001193278	NM_001193278		NA
NM_001009939	NM_001009939	NM_001009939	Hs.728762	5413
NR_027145	NR_027145	NR_027145		NA
NM_001145191	NM_001145191	NM_001145191	Hs.399980	NA
NM_001747	NM_001747	NM_001747	Hs.516155	822
NM_002616	NM_002616	NM_002616	Hs.445534	5187
NM_001001547	NM_001001547	NM_001001547	Hs.120949	948
NM_181581	NM_181581	NM_181581	Hs.97627	11062
				NA
NR_024368	NR_024368	NR_024368		402483
NM_016579	NM_016579	NM_016579	Hs.558499	51293
NM_007375	NM_007375	NM_007375	Hs.300624	NA
NR_027793	NR_027793	NR_027793	Hs.44714	221718
NM_153603	NM_153603	NM_153603	Hs.185807	91949
NM_003447	NM_003447	NM_003447	Hs.535177	7718
NM_058180	NM_058180	NM_058180	Hs.236572	54058
ENST00000435062		AK093290	Hs.177930	NA
NM_213655	NM_213655	NM_213655	Hs.356604	65125
NM_007145	NM_007145	NM_007145	Hs.643436	7705
NM_173463	NM_173463	NM_173463	Hs.106432	91050
ENST00000492522	XR_109398	XR_109398	Hs.599877	NA
NM_173508	NM_173508	NM_173508	Hs.158748	148641
NM_005346	NM_005346	NM_005346	Hs.719966	3304
NM_001143978	NM_001143978	NM_001143978	Hs.648338	644353
NM_173636	NM_173636	NM_173636	Hs.116244	284403
NR_026975	NR_026975	NR_026975	Hs.720385	NA
NR_002578	NR_002578	NR_002578	Hs.531856	60674
ENST00000444956		BX115224	Hs.372465	NA
NM_138639	NM_138639	NM_138639	Hs.289052	83596

NP450512				NA
NR_024243	NR_024243	NR_024243	Hs.717309	NA
ENST00000551941				NA
NM_006178	NM_006178	NM_006178	Hs.431279	4905
NM_019029	NM_019029	NM_019029	Hs.233389	54504
NM_005786	NM_005786	NM_005786	Hs.730748	10194
AK311167		AK311167	Hs.584148	NA
NM_001211	NM_001211	NM_001211	Hs.513645	701
NR_002978	NR_002978	NR_002978		NA
NM_001174103	NM_001174103	NM_001174103	Hs.729077	124923
NM_017553	NM_017553	NM_017553	Hs.292949	54617
NM_004230	NM_004230	NM_004230	Hs.655405	9294
NM_177531	NM_177531	NM_177531	Hs.170128	93035
ENST00000514134				NA
NM_012425	NM_012425	NM_012425	Hs.524161	6251
NM_021957	NM_021957	NM_021957	Hs.82614	2998
NM_023016	NM_023016	NM_023016	Hs.355455	65124
ENST00000414747				129852
ENST00000246024		AB032988	Hs.169358	56255
NM_032016	NM_032016	NM_032016	Hs.728820	83930
NM_004049	NM_004049	NM_004049	Hs.227817	597
NM_003795	NM_003795	NM_003795	Hs.12102	8724
NM_015508	NM_015508	NM_015508	Hs.12813	25976
ENST00000506335				NA
NM_181521	NM_181521	NM_181521	Hs.643961	146223
				NA
NM_001105079	NM_001105079	NM_001105079	Hs.247186	64319
DB297613		DB297613	Hs.629500	NA
NM_152468	NM_152468	NM_152468	Hs.592102	147138
NM_003199	NM_003199	NM_003199	Hs.605153	6925
NM_003541	NM_003541	NM_003541	Hs.528055	8362
NM_014715	NM_014715	NM_014715	Hs.440379	9743
NM_017913	NM_017913	NM_017913	Hs.561954	55664
NM_080655	NM_080655	NM_080655	Hs.530272	91283
TCONS_00015178				NA
NM_001143906	NM_001143906	NM_001143906	Hs.5148	10906
NM_017946	NM_017946	NM_017946	Hs.571333	55033
NM_182620	NM_182620	NM_182620	Hs.463607	348235
THC2624074				NA
NM_006807	NM_006807	NM_006807	Hs.77254	10951
NM_198947	NM_198947	NM_198947	Hs.186579	374393
NM_016122	NM_016122	NM_016122	Hs.279209	51134
NM_032246	NM_032246	NM_032246	Hs.104744	84206
NM_013256	NM_013256	NM_013256	Hs.22305	7733

NM_001128144	NM_001128144	NM_001128144	Hs.111749	5378
NM_178858	NM_178858	NM_178858	Hs.44070	118980
NM_005138	NM_005138	NM_005138	Hs.180903	9997
NM_016487	NM_016487	NM_016487	Hs.486084	51250
NM_022068	NM_022068	NM_022068	Hs.436902	63895
NM_001007523	NM_001007523	NM_001007523	Hs.593687	474383
NR_002957	NR_002957	NR_002957	Hs.689706	NA
NR_027451	NR_027451	NR_027451		647979
NR_033652	NR_033652	NR_033652	Hs.137674	100132891
NM_006577	NM_006577	NM_006577	Hs.173203	10678
NM_001159704	NM_001159704	NM_001159704	Hs.435369	2273
				NA
THC2614488				NA
NM_002314	NM_002314	NM_002314	Hs.647035	3984
NM_174893	NM_174893	NM_174893	Hs.511801	124944
NM_004892	NM_004892	NM_004892	Hs.632438	9554
NM_006400	NM_006400	NM_006400	Hs.289123	10540
NM_004596	NM_004596	NM_004596	Hs.466775	6626
NM_025150	NM_025150	NM_025150	Hs.288974	80222
NR_038929	NR_038929	NR_038929	Hs.200573	NA
NM_001978	NM_001978	NM_001978	Hs.106124	2039
NM_006031	NM_006031	NM_006031	Hs.474069	5116
NM_024824	NM_024824	NM_024824	Hs.725164	79882
NM_005252	NM_005252	NM_005252	Hs.728079	2353
ENST00000441459		BC041826	Hs.639388	NA
NM_032626	NM_032626	NM_032626	Hs.188553	5930
NM_021111	NM_021111	NM_021111	Hs.728961	8434
NM_015245	NM_015245	NM_015245	Hs.656492	23294
NM_020141	NM_020141	NM_020141	Hs.82933	56900
NM_001042762	NM_001042762	NM_001042762	Hs.137516	63979
TCONS_00018783				NA
NM_152360	NM_152360	NM_152360	Hs.531262	126231
ENST00000467484	XR_112626	XR_112626	Hs.548859	NA
NM_002001	NM_002001	NM_002001	Hs.897	2205
NM_005234	NM_005234	NM_005234	Hs.466148	2063
NM_023078	NM_023078	NM_023078	Hs.165186	65263
AK124971		AK124971		NA
NM_015982	NM_015982	NM_015982	Hs.567494	51087
NM_174916	NM_174916	NM_174916	Hs.591121	197131
NM_002692	NM_002692	NM_002692	Hs.162777	5427
NR_034024	NR_034024	NR_034024	Hs.97408	338864
NM_003543	NM_003543	NM_003543	Hs.591790	8365
NM_024751	NM_024751	NM_024751	Hs.161429	79807
XR_108828	XR_108828	XR_108828	Hs.362492	NA

ENST00000547114		CX787501	Hs.650741	NA
NM_021992	NM_021992	NM_021992	Hs.56145	11013
NR_038928	NR_038928	NR_038928	Hs.434245	NA
NM_013238	NM_013238	NM_013238	Hs.438830	29103
NM_032728	NM_032728	NM_032728	Hs.134292	84814
NM_003491	NM_003491	NM_003491	Hs.433291	8260
NM_014797	NM_014797	NM_014797	Hs.409876	9841
NM_020945	NM_020945	NM_020945	Hs.287379	57705
NM_014818	NM_014818	NM_014818	Hs.130836	9866
NM_003495	NM_003495	NM_003495	Hs.248172	8294
ENST00000342409		AK001072	Hs.330463	55691
NM_024086	NM_024086	NM_024086	Hs.632237	79066
NM_001004301	NM_001004301	NM_001004301	Hs.710780	126017
NM_004454	NM_004454	NM_004454	Hs.43697	2119
NM_032528	NM_032528	NM_032528	Hs.98265	84620
NM_005374	NM_005374	NM_005374	Hs.514208	4355
AI887274		AI887274	Hs.671378	594839
NM_024580	NM_024580	NM_024580	Hs.459114	NA
NM_006247	NM_006247	NM_006247	Hs.654604	5536
NM_002960	NM_002960	NM_002960	Hs.557609	6274
XR_109936	XR_109936	XR_109936	Hs.610958	729164
AK124340		AK124340		100131068
NM_005178	NM_005178	NM_005178	Hs.31210	602
NM_003263	NM_003263	NM_003263	Hs.654532	7096
ENST00000464610		AK316198	Hs.181244	3105
NM_001659	NM_001659	NM_001659	Hs.119177	377
TCONS_00029079				NA
ENST00000512563		DB078576	Hs.590181	NA
NM_173475	NM_173475	NM_173475	Hs.101007	123879
NM_015872	NM_015872	NM_015872	Hs.729279	51043
NM_020200	NM_020200	NM_020200	Hs.405619	56952
NM_001402	NM_001402	NM_001402	Hs.535192	1915
NM_016132	NM_016132	NM_016132	Hs.6638	50804
NM_213662	NM_213662	NM_213662	Hs.463059	6774
NR_027406	NR_027406	NR_027406	Hs.654980	100129034
TCONS_00019734				NA
ENST00000553134		AF400485	Hs.728856	NA
NR_038263	NR_038263	NR_038263		144481
NM_002413	NM_002413	NM_002413	Hs.81874	4258
NM_000973	NM_000973	NM_000973	Hs.178551	6132
				NA
NM_000856	NM_000856	NM_000856	Hs.24258	2982
TCONS_I2_00014848				NA
NM_005357	NM_005357	NM_005357	Hs.656980	3991

NM_199354	NM_199354	NM_199354	Hs.631726	5542
NM_001096	NM_001096	NM_001096	Hs.387567	47
NM_002136	NM_002136	NM_002136	Hs.546261	3178
NR_003023	NR_003023	NR_003023	Hs.550815	677766
NM_005049	NM_005049	NM_005049	Hs.449076	5822
NM_001039707	NM_001039707	NM_001039707	Hs.94300	10807
NM_015557	NM_015557	NM_015557	Hs.522898	26038
NM_001098622	NM_001098622	NM_001098622	Hs.127982	342977
BX111111		BX111111	Hs.692736	NA
NM_024644	NM_024644	NM_024644	Hs.509916	79697
NM_024735	NM_024735	NM_024735	Hs.567582	79791
NR_037194	NR_037194	NR_037194	Hs.710554	NA
NM_017856	NM_017856	NM_017856	Hs.592237	54960
BC030752		BC030752	Hs.591444	400756
BC071853		BC071853	Hs.467733	9687
NM_020751	NM_020751	NM_020751	Hs.507805	57511
NM_013319	NM_013319	NM_013319	Hs.522933	29914
NM_002156	NM_002156	NM_002156	Hs.727543	3329
				NA
NM_002125	NM_002125	NM_002125	Hs.534322	3127
TCONS_I2_00014793				NA
THC2591825				NA
NM_003546	NM_003546	NM_003546	Hs.533295	8368
NM_032830	NM_032830	NM_032830	Hs.461113	84916
NM_001015885	NM_001015885	NM_001015885	Hs.371698	8480
				NA
NM_000450	NM_000450	NM_000450	Hs.82848	6401
NM_020428	NM_020428	NM_020428	Hs.534560	57153
NM_175872	NM_175872	NM_175872	Hs.50405	126375
XR_110492	XR_110492	XR_110492	Hs.196026	100506459
NM_032831	NM_032831	NM_032831	Hs.363308	80228
NM_004726	NM_004726	NM_004726	Hs.186810	9185
AL832775		AL832775		NA
NR_038845	NR_038845	NR_038845	Hs.519774	NA
NM_001145465	NM_001145465	NM_001145465	Hs.558004	360030
NM_001109	NM_001109	NM_001109	Hs.501574	101
TCONS_00022389				NA
ENST00000496891				NA
NM_005418	NM_005418	NM_005418	Hs.117715	6764
NM_020533	NM_020533	NM_020533	Hs.631858	57192
NM_133264	NM_133264	NM_133264	Hs.421622	147179
NM_030653	NM_030653	NM_030653	Hs.443960	1663
AK057050		AK057050		NA
NR_003255	NR_003255	NR_003255		9383

NM_000186	NM_000186	NM_000186	Hs.363396	3075
NM_001014445	NM_001014445	NM_001014445	Hs.85570	54475
NM_032341	NM_032341	NM_032341	Hs.718857	84301
NM_001080437	NM_001080437	NM_001080437	Hs.471834	25992
NM_005131	NM_005131	NM_005131	Hs.712543	9984
NM_139022	NM_139022	NM_139022	Hs.271954	10077
NM_032160	NM_032160	NM_032160	Hs.124673	92126
NM_184231	NM_184231	NM_184231	Hs.655006	51517
NM_145278	NM_145278	NM_145278	Hs.388765	148823
NM_152890	NM_152890	NM_152890	Hs.659516	255631
NM_001080497	NM_001080497	NM_001080497	Hs.494977	1955
NM_032317	NM_032317	NM_032317	Hs.647046	84277
NM_007363	NM_007363	NM_007363	Hs.533282	4841
NM_021177	NM_021177	NM_021177	Hs.103106	57819
NM_001557	NM_001557	NM_001557	Hs.846	3579
NM_138959	NM_138959	NM_138959	Hs.515130	81839
NM_017668	NM_017668	NM_017668	Hs.655378	54820
NM_007056	NM_007056	NM_007056	Hs.466917	11129
NR_024355	NR_024355	NR_024355		339674
NR_038921	NR_038921	NR_038921		100130992
NM_001145031	NM_001145031	NM_001145031	Hs.77274	5328
NM_005935	NM_005935	NM_005935	Hs.480190	4299
NM_018413	NM_018413	NM_018413	Hs.17569	50515
NM_003901	NM_003901	NM_003901	Hs.499984	8879
NM_006309	NM_006309	NM_006309	Hs.730738	9209
NM_018485	NM_018485	NM_018485	Hs.534412	27202
NM_001242313	NM_001242313	NM_001242313	Hs.376511	NA
NM_014608	NM_014608	NM_014608	Hs.26704	23191
NM_001624	NM_001624	NM_001624	Hs.728842	202
				NA
ENST00000553134		AF400485	Hs.728856	NA
NM_138421	NM_138421	NM_138421	Hs.591998	113174
NM_032780	NM_032780	NM_032780	Hs.564188	84866
NM_004623	NM_004623	NM_004623	Hs.729029	7268
NM_006993	NM_006993	NM_006993	Hs.90691	10360
NM_006600	NM_006600	NM_006600	Hs.263812	10726
NM_005225	NM_005225	NM_005225	Hs.654393	1869
TCONS_00023086				NA
NM_153206	NM_153206	NM_153206	Hs.16291	120425
NM_002101	NM_002101	NM_002101	Hs.59138	2995
ENST00000381090				60526
TCONS_00009151				NA
ENST00000430326		AK056146	Hs.375763	NA
NM_170589	NM_170589	NM_170589	Hs.181855	57082

NM_022349	NM_022349	NM_022349	Hs.523702	64231
NM_004538	NM_004538	NM_004538	Hs.21365	4675
ENST00000444887		BG182723	Hs.568709	NA
NM_003931	NM_003931	NM_003931	Hs.75850	8936
NM_052831	NM_052831	NM_052831	Hs.347144	116843
NM_001017916	NM_001017916	NM_001017916	Hs.355264	1534
NR_029373	NR_029373	NR_029373	Hs.535760	641518
NM_032350	NM_032350	NM_032350	Hs.653258	84310
NM_007018	NM_007018	NM_007018	Hs.653263	11064
TCONS_00018138				NA
NM_021138	NM_021138	NM_021138	Hs.522506	7186
NM_012210	NM_012210	NM_012210	Hs.591910	22954
NM_033196	NM_033196	NM_033196	Hs.306298	91120
NR_036522	NR_036522	NR_036522	Hs.23133	100128252
NM_194280	NM_194280	NM_194280	Hs.460574	124446
ENST00000514597	XR_108577	XR_108577		NA
NM_002207	NM_002207	NM_002207	Hs.113157	3680
NM_016139	NM_016139	NM_016139	Hs.389996	51142
NM_017431	NM_017431	NM_017431	Hs.591634	53632
NM_001008739	NM_001008739	NM_001008739	Hs.571098	441150
NM_001694	NM_001694	NM_001694	Hs.389107	527
NM_014444	NM_014444	NM_014444	Hs.584887	27229
NM_021136	NM_021136	NM_021136	Hs.368626	6252
NM_001002296	NM_001002296	NM_001002296	Hs.654773	51125
NM_173843	NM_173843	NM_173843	Hs.81134	3557
				NA
NM_170683	NM_170683	NM_170683	Hs.258580	22953
NM_057176	NM_057176	NM_057176	Hs.151291	7809
XR_132557	XR_132557	XR_132557		100506390
NM_213649	NM_213649	NM_213649	Hs.655168	119559
NR_004400	NR_004400	NR_004400	Hs.623806	26863
NM_001042550	NM_001042550	NM_001042550	Hs.119023	10592
NM_007242	NM_007242	NM_007242	Hs.221761	11269
NM_015603	NM_015603	NM_015603	Hs.227782	26093
NM_001080473	NM_001080473	NM_001080473	Hs.407482	388931
NM_152381	NM_152381	NM_152381	Hs.73680	129446
NM_005954	NM_005954	NM_005954	Hs.73133	4504
NR_022006	NR_022006	NR_022006	Hs.69749	9808
NM_001013615	NM_001013615	NM_001013615	Hs.568642	541468
NM_001116	NM_001116	NM_001116	Hs.391860	115
NM_006244	NM_006244	NM_006244	Hs.75199	5526
TCONS_I2_00030147				NA
NM_001018067	NM_001018067	NM_001018067	Hs.730604	26135
NM_001005482	NM_001005482	NM_001005482	Hs.554711	79310

NM_014875	NM_014875	NM_014875	Hs.3104	9928
NM_001100624	NM_001100624	NM_001100624	Hs.726537	55839
NM_015516	NM_015516	NM_015516	Hs.8361	25987
NM_000324	NM_000324	NM_000324	Hs.120950	6005
ENST00000326780		AK098126	Hs.570735	NA
BC024764		BC024764	Hs.536319	440073
TCONS_00003808				NA
XR_110587	XR_110587	XR_110587	Hs.639618	100130027
NM_005873	NM_005873	NM_005873	Hs.422336	10287
NM_001136216	NM_001136216	NM_001136216	Hs.465305	55092
NM_181078	NM_181078	NM_181078	Hs.210546	50615
NM_145109	NM_145109	NM_145109	Hs.514012	5606
NM_024873	NM_024873	NM_024873	Hs.208206	79931
NM_016323	NM_016323	NM_016323	Hs.26663	51191
				NA
ENST00000437232	XR_109013	XR_109013	Hs.730717	NA
NM_001008495	NM_001008495	NM_001008495	Hs.567759	169200
NM_032358	NM_032358	NM_032358	Hs.631656	84318
ENST00000327271	XM_003403457	XM_003403457		NA
NM_024953	NM_024953	NM_024953	Hs.530941	80018
NM_024798	NM_024798	NM_024798	Hs.708268	79856
NM_004671	NM_004671	NM_004671	Hs.658013	9063
NM_016581	NM_016581	NM_016581	Hs.515146	51295
THC2776855				NA
NR_003038	NR_003038	NR_003038	Hs.292457	NA
NM_005342	NM_005342	NM_005342	Hs.19114	3149
ENST00000390323		EU937523	Hs.625768	NA
NR_002436	NR_002436	NR_002436		NA
NM_004196	NM_004196	NM_004196	Hs.679430	8814
NM_144701	NM_144701	NM_144701	Hs.677426	149233
NM_018664	NM_018664	NM_018664	Hs.62919	55509
NM_201563	NM_201563	NM_201563	Hs.713617	9103
NM_018077	NM_018077	NM_018077	Hs.274263	55131
NR_023915	NR_023915	NR_023915		NA
NM_001006607	NM_001006607	NM_001006607	Hs.730868	474170
NM_133447	NM_133447	NM_133447	Hs.511787	119385
NM_080832	NM_080832	NM_080832	Hs.246590	140886
NM_006139	NM_006139	NM_006139	Hs.591629	940
NM_033027	NM_033027	NM_033027	Hs.370950	64651
NM_001733	NM_001733	NM_001733	Hs.524224	715
NM_016297	NM_016297	NM_016297	Hs.567502	51449
ENST00000482787		BC036236	Hs.606987	NA
NR_015364	NR_015364	NR_015364	Hs.587432	NA
NM_016080	NM_016080	NM_016080	Hs.279061	51031

NM_016038	NM_016038	NM_016038	Hs.110445	51119
NM_005033	NM_005033	NM_005033	Hs.91728	5393
ENST00000454387		DA781732	Hs.628689	NA
NM_001079863	NM_001079863	NM_001079863	Hs.78888	1622
NM_138493	NM_138493	NM_138493	Hs.284207	154467
NM_020150	NM_020150	NM_020150	Hs.499960	56681
NM_003932	NM_003932	NM_003932	Hs.712713	6767
NM_001004743	NM_001004743	NM_001004743	Hs.553749	390162
NM_003517	NM_003517	NM_003517	Hs.408067	8338
NM_005804	NM_005804	NM_005804	Hs.311609	10212
NR_003045	NR_003045	NR_003045	Hs.680747	692086
NM_002105	NM_002105	NM_002105	Hs.477879	3014
NM_001001481	NM_001001481	NM_001001481	Hs.718604	55284
NR_024100	NR_024100	NR_024100	Hs.106234	284835
NM_005671	NM_005671	NM_005671	Hs.153678	7993
NM_006324	NM_006324	NM_006324	Hs.461361	10428
NM_014712	NM_014712	NM_014712	Hs.297483	9739
NM_005157	NM_005157	NM_005157	Hs.431048	25
NM_001164115	NM_001164115	NM_001164115	Hs.473144	57091
NR_024052	NR_024052	NR_024052	Hs.485041	NA
NM_003324	NM_003324	NM_003324	Hs.655333	7289
NM_002883	NM_002883	NM_002883	Hs.183800	5905
TCONS_00023050				NA
NM_003831	NM_003831	NM_003831	Hs.730629	8780
NM_001010908	NM_001010908	NM_001010908	Hs.676792	389941
NM_033251	NM_033251	NM_033251	Hs.410817	6137
NM_005686	NM_005686	NM_005686	Hs.201671	9580
NR_023915	NR_023915	NR_023915		NA
NM_016641	NM_016641	NM_016641	Hs.512607	51573
NM_002367	NM_002367	NM_002367	Hs.113291	4115
NM_015957	NM_015957	NM_015957	Hs.447794	51074
NM_001142645	NM_001142645	NM_001142645	Hs.659824	100131211
NM_016199	NM_016199	NM_016199	Hs.512610	51690
XM_003119897	XM_003119897	XM_003119897		NA
TCONS_00009003				NA
XR_113288	XR_113288	XR_113288	Hs.622871	NA
NM_017570	NM_017570	NM_017570	Hs.305882	26873
NM_021252	NM_021252	NM_021252	Hs.406799	22931
NM_015482	NM_015482	NM_015482	Hs.713588	63027
NM_032261	NM_032261	NM_032261	Hs.381214	84221
NM_017426	NM_017426	NM_017426	Hs.430435	53371
NR_026755	NR_026755	NR_026755	Hs.580910	54094
NM_002748	NM_002748	NM_002748	Hs.411847	5597
NR_024425	NR_024425	NR_024425	Hs.632678	389791

NM_007207	NM_007207	NM_007207	Hs.497822	11221
NM_001373	NM_001373	NM_001373	Hs.133977	127602
NM_052956	NM_052956	NM_052956	Hs.306812	116285
NM_002981	NM_002981	NM_002981	Hs.72918	6346
NM_016020	NM_016020	NM_016020	Hs.279908	51106
NM_004701	NM_004701	NM_004701	Hs.194698	9133
NM_006817	NM_006817	NM_006817	Hs.75841	10961
NM_018136	NM_018136	NM_018136	Hs.121028	259266
NM_002520	NM_002520	NM_002520	Hs.268326	NA
NR_001456	NR_001456	NR_001456	Hs.512675	NA
NM_003173	NM_003173	NM_003173	Hs.522639	6839
NM_001004470	NM_001004470	NM_001004470	Hs.677766	338596
NM_031940	NM_031940	NM_031940	Hs.7471	83877
NM_002736	NM_002736	NM_002736	Hs.433068	5577
NM_032268	NM_032268	NM_032268	Hs.427284	84937
NM_030954	NM_030954	NM_030954	Hs.491626	81790
NM_001018052	NM_001018052	NM_001018052	Hs.712617	171568
				NA
NM_014732	NM_014732	NM_014732	Hs.301658	9764
NR_015366	NR_015366	NR_015366	Hs.400876	388796
NM_002275	NM_002275	NM_002275	Hs.654570	3866
NR_002920	NR_002920	NR_002920	Hs.355750	NA
NR_027071	NR_027071	NR_027071	Hs.459124	157556
NM_006430	NM_006430	NM_006430	Hs.421509	10575
BQ706985		BQ706985	Hs.657275	NA
NM_001004739	NM_001004739	NM_001004739	Hs.528356	26338
NM_032118	NM_032118	NM_032118	Hs.643480	84058
NM_014764	NM_014764	NM_014764	Hs.369761	9802
NM_002886	NM_002886	NM_002886	Hs.98643	5912
NM_003043	NM_003043	NM_003043	Hs.529488	6533
AK093862		AK093862	Hs.134728	283485
NM_001195541	NM_001195541	NM_001195541	Hs.729333	NA
NM_001145369	NM_001145369	NM_001145369	Hs.436429	5774
NM_139022	NM_139022	NM_139022	Hs.271954	10077
NM_025057	NM_025057	NM_025057	Hs.644621	80127
NM_006901	NM_006901	NM_006901	Hs.546268	4649
ENST00000493476		AB464252		387923
NR_024542	NR_024542	NR_024542	Hs.722646	84973
NM_177559	NM_177559	NM_177559	Hs.644056	1457
NM_001039933	NM_001039933	NM_001039933	Hs.89575	974
NM_021200	NM_021200	NM_021200	Hs.445489	58473
NM_001145441	NM_001145441	NM_001145441	Hs.488614	441250
ENST00000449391				NA
FV367791		FV367791		NA

NR_003002	NR_003002	NR_003002	Hs.728662	677768
NM_020170	NM_020170	NM_020170	Hs.657032	56926
NM_000039	NM_000039	NM_000039	Hs.93194	335
NM_021222	NM_021222	NM_021222	Hs.728223	58497
NM_006634	NM_006634	NM_006634	Hs.534373	10791
TCONS_00008928				NA
NM_000407	NM_000407	NM_000407	Hs.283743	2812
NM_017660	NM_017660	NM_017660	Hs.118964	54815
AK057050		AK057050		NA
NM_020698	NM_020698	NM_020698	Hs.370410	57458
NM_000945	NM_000945	NM_000945	Hs.280604	5534
AL713660		AL713660	Hs.618463	202025
TCONS_00004357				NA
TCONS_00024744				NA
NM_001105079	NM_001105079	NM_001105079	Hs.247186	64319
TCONS_00025302				NA
ENST00000421297		BG196962	Hs.522279	NA
NM_022827	NM_022827	NM_022827	Hs.103147	64847
NM_001003818	NM_001003818	NM_001003818	Hs.729048	117854
NM_014719	NM_014719	NM_014719	Hs.406492	9747
NR_027033	NR_027033	NR_027033	Hs.235838	400931
THC2578919				NA
NM_080706	NM_080706	NM_080706	Hs.655380	7442
NM_014520	NM_014520	NM_014520	Hs.701718	10514
NM_001007237	NM_001007237	NM_001007237	Hs.171057	NA
AY358202		AY358202	Hs.656270	100131943
NR_002981	NR_002981	NR_002981	Hs.689698	NA
BC052334		BC052334	Hs.568369	729887
NM_021076	NM_021076	NM_021076	Hs.198760	4744
NM_001142627	NM_001142627	NM_001142627	Hs.112955	55176
NM_021913	NM_021913	NM_021913	Hs.590970	558
				NA
NM_014583	NM_014583	NM_014583	Hs.475353	29995
NR_040073	NR_040073	NR_040073	Hs.711077	NA
NR_040097	NR_040097	NR_040097	Hs.729484	NA
NM_000969	NM_000969	NM_000969	Hs.532359	6125
NM_145901	NM_145901	NM_145901	Hs.518805	3159
NM_001190825	NM_001190825	NM_001190825	Hs.721300	NA
NM_002632	NM_002632	NM_002632	Hs.252820	5228
NM_005241	NM_005241	NM_005241	Hs.659873	2122
AF289593		AF289593	Hs.543740	100133131
TCONS_00019584				NA
NM_153348	NM_153348	NM_153348	Hs.696428	26259
NM_022371	NM_022371	NM_022371	Hs.584957	64222

NM_001009814	NM_001009814	NM_001009814	Hs.368282	23078
				NA
NM_003090	NM_003090	NM_003090	Hs.528763	6627
NM_025215	NM_025215	NM_025215	Hs.592004	80324
NM_022730	NM_022730	NM_022730	Hs.335061	64708
NM_138730	NM_138730	NM_138730	Hs.77558	9324
NM_145243	NM_145243	NM_145243	Hs.425769	115209
TCONS_I2_00030251				NA
TCONS_I2_00025728				NA
NR_038303	NR_038303	NR_038303	Hs.235795	NA
NM_001166417	NM_001166417	NM_001166417	Hs.22587	117178
NR_002804	NR_002804	NR_002804	Hs.132045	284367
NM_002201	NM_002201	NM_002201	Hs.459265	3669
TCONS_00008452				NA
NM_015252	NM_015252	NM_015252	Hs.271667	23301
				NA
NM_003290	NM_003290	NM_003290	Hs.631618	7171
NR_002330	NR_002330	NR_002330	Hs.597516	93653
NM_080829	NM_080829	NM_080829	Hs.372578	140876
				NA
NM_015482	NM_015482	NM_015482	Hs.713588	63027
ENST00000390361		X58329	Hs.720574	NA
				NA
NR_036540	NR_036540	NR_036540		NA
NM_018284	NM_018284	NM_018284	Hs.720167	NA
NM_006690	NM_006690	NM_006690	Hs.715494	10893
NM_002585	NM_002585	NM_002585	Hs.557097	5087
NM_001164664	NM_001164664	NM_001164664	Hs.595458	375449
NM_001005280	NM_001005280	NM_001005280	Hs.554557	121364
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
				NA
NR_027322	NR_027322	NR_027322	Hs.600547	283070
NM_006136	NM_006136	NM_006136	Hs.446123	830
NM_018125	NM_018125	NM_018125	Hs.443460	55160
NM_002872	NM_002872	NM_002872	Hs.517601	5880
TCONS_00017150				NA
NM_014268	NM_014268	NM_014268	Hs.532824	10982
NM_001004318	NM_001004318	NM_001004318	Hs.448934	390928
NM_001080431	NM_001080431	NM_001080431	Hs.372492	57210
NM_001190981	NM_001190981	NM_001190981	Hs.532082	3572
NR_038386	NR_038386	NR_038386	Hs.469369	728537
NR_033967	NR_033967	NR_033967		NA
NM_017583	NM_017583	NM_017583	Hs.192103	54765
NM_003720	NM_003720	NM_003720	Hs.473838	8624

NM_001554	NM_001554	NM_001554	Hs.8867	3491
NR_003044	NR_003044	NR_003044		NA
NR_027040	NR_027040	NR_027040	Hs.556998	401431
NM_006059	NM_006059	NM_006059	Hs.201805	10319
NR_045180	NR_045180	NR_045180		100507135
NM_006620	NM_006620	NM_006620	Hs.378532	10767
NM_001164617	NM_001164617	NM_001164617	Hs.644108	2719
NM_020825	NM_020825	NM_020825	Hs.603676	57585
				NA
NM_014956	NM_014956	NM_014956	Hs.504009	22897
				NA
NM_153487	NM_153487	NM_153487	Hs.437993	266727
NM_033453	NM_033453	NM_033453	Hs.415299	3704
BJ997522		BJ997522	Hs.128121	NA
NM_031942	NM_031942	NM_031942	Hs.470654	83879
NR_003031	NR_003031	NR_003031		NA
TCONS_00003709				NA
NM_170672	NM_170672	NM_170672	Hs.143674	25780
ENST00000383417		AJ315539	Hs.247883	NA
NM_021738	NM_021738	NM_021738	Hs.499209	6840
NM_000494	NM_000494	NM_000494	Hs.117938	1308
NM_017602	NM_017602	NM_017602	Hs.496098	55593
NM_000265	NM_000265	NM_000265	Hs.647047	653361
NM_020532	NM_020532	NM_020532	Hs.429581	57142
ENST00000426467	XR_109755	XR_109755	Hs.729132	NA
NM_172171	NM_172171	NM_172171	Hs.523045	818
NM_003978	NM_003978	NM_003978	Hs.129758	9051
NM_015864	NM_015864	NM_015864	Hs.559459	9750
NM_001080489	NM_001080489	NM_001080489	Hs.437539	392465
NM_003760	NM_003760	NM_003760	Hs.467084	8672
TCONS_00008798				NA
NM_001001132	NM_001001132	NM_001001132	Hs.160324	6453
NM_002163	NM_002163	NM_002163	Hs.137427	3394
BX108284		BX108284	Hs.664164	NA
NM_199072	NM_199072	NM_199072	Hs.427236	29969
NM_001130071	NM_001130071	NM_001130071	Hs.279953	29924
NR_002593	NR_002593	NR_002593	Hs.664952	81893
AK124122		AK124122	Hs.613108	100288884
NR_026966	NR_026966	NR_026966	Hs.728371	NA
NM_033014	NM_033014	NM_033014	Hs.109439	4969
NM_003935	NM_003935	NM_003935	Hs.436401	8940
TCONS_I2_00008703				NA
NM_032368	NM_032368	NM_032368	Hs.327252	84328
NM_003914	NM_003914	NM_003914	Hs.417050	8900

AX721280		AX721280		NA
ENST00000504799		DB127798	Hs.581736	NA
NM_182755	NM_182755	NM_182755	Hs.660642	220929
NR_027180	NR_027180	NR_027180	Hs.519666	728264
NM_004703	NM_004703	NM_004703	Hs.592121	9135
NM_016642	NM_016642	NM_016642	Hs.709819	51332
ENST00000455583		AA421074	Hs.575679	NA
NM_138999	NM_138999	NM_138999	Hs.465407	81832
NM_018131	NM_018131	NM_018131	Hs.14559	55165
NM_023077	NM_023077	NM_023077	Hs.349905	65260
ENST00000432818		BX647931		NA
NM_138813	NM_138813	NM_138813	Hs.306212	148229
NR_026998	NR_026998	NR_026998	Hs.406766	91450
NM_020850	NM_020850	NM_020850	Hs.368569	57610
NM_138418	NM_138418	NM_138418	Hs.417710	84331
NM_005184	NM_005184	NM_005184	Hs.515487	808
ENST00000503602	XR_109115	XR_109115	Hs.721298	NA
NM_130898	NM_130898	NM_130898	Hs.372924	148327
NM_152988	NM_152988	NM_152988	Hs.330742	56928
NM_003666	NM_003666	NM_003666	Hs.130746	8548
NM_152243	NM_152243	NM_152243	Hs.225356	11135
NM_031432	NM_031432	NM_031432	Hs.9597	83549
NM_001040022	NM_001040022	NM_001040022	Hs.581021	140885
NM_020911	NM_020911	NM_020911	Hs.511454	91584
NM_031453	NM_031453	NM_031453	Hs.446315	83641
NR_024356	NR_024356	NR_024356		345630
NR_027007	NR_027007	NR_027007	Hs.598958	440944
NM_014056	NM_014056	NM_014056	Hs.728813	25994
TCONS_00010294				NA
TCONS_00008153				NA
NM_199285	NM_199285	NM_199285	Hs.585901	284338
NM_014580	NM_014580	NM_014580	Hs.179522	29988
NM_001098506	NM_001098506	NM_001098506	Hs.655885	NA
NM_033417	NM_033417	NM_033417	Hs.404088	93323
NM_020141	NM_020141	NM_020141	Hs.82933	56900
NM_016175	NM_016175	NM_016175	Hs.724025	51149
NM_000895	NM_000895	NM_000895	Hs.524648	4048
NM_001404	NM_001404	NM_001404	Hs.144835	1937
NM_002137	NM_002137	NM_002137	Hs.487774	3181
NM_012282	NM_012282	NM_012282	Hs.522753	23630
NM_024051	NM_024051	NM_024051	Hs.530024	79017
NM_024537	NM_024537	NM_024537	Hs.508725	79587
ENST00000422716				NA
NM_024648	NM_024648	NM_024648	Hs.187505	79701

NM_003662	NM_003662	NM_003662	Hs.495728	8544
NM_006617	NM_006617	NM_006617	Hs.527971	10763
NM_178815	NM_178815	NM_178815	Hs.25362	221079
				NA
ENST00000520259		AK024336	Hs.367827	NA
ENST00000378337		AK023048	Hs.731138	NA
NM_001076678	NM_001076678	NM_001076678	Hs.656558	284443
NR_033879	NR_033879	NR_033879	Hs.404807	NA
NM_000774	NM_000774	NM_000774	Hs.558318	1572
NR_003214	NR_003214	NR_003214		NA
TCONS_00020286				NA
NM_194291	NM_194291	NM_194291	Hs.187646	157378
NM_024583	NM_024583	NM_024583	Hs.470679	79634
NR_002737	NR_002737	NR_002737		NA
NR_023915	NR_023915	NR_023915		NA
NM_003930	NM_003930	NM_003930	Hs.200770	8935
NM_005073	NM_005073	NM_005073	Hs.436893	6564
NR_033773	NR_033773	NR_033773	Hs.730388	441495
				NA
NM_032836	NM_032836	NM_032836	Hs.515617	84922
NM_024334	NM_024334	NM_024334	Hs.517817	79188
NM_001009	NM_001009	NM_001009	Hs.378103	6193
NM_173791	NM_173791	NM_173791	Hs.501149	118987
NM_003152	NM_003152	NM_003152	Hs.437058	6776
NM_015327	NM_015327	NM_015327	Hs.516837	23381
NR_027795	NR_027795	NR_027795	Hs.729655	54718
NM_032822	NM_032822	NM_032822	Hs.516077	84908
NM_004278	NM_004278	NM_004278	Hs.499793	9487
TCONS_I2_00026389				NA
NM_031299	NM_031299	NM_031299	Hs.524216	83461
NM_007266	NM_007266	NM_007266	Hs.18259	11321
NM_178495	NM_178495	NM_178495	Hs.65009	150771
NM_001013254	NM_001013254	NM_001013254	Hs.56729	4046
NM_033271	NM_033271	NM_033271	Hs.7367	90135
NM_016275	NM_016275	NM_016275	Hs.369052	51714
NM_001853	NM_001853	NM_001853	Hs.716639	1299
				NA
NM_000407	NM_000407	NM_000407	Hs.283743	2812
NM_032160	NM_032160	NM_032160	Hs.124673	92126
NM_133477	NM_133477	NM_133477	Hs.655519	171024
NM_007117	NM_007117	NM_007117	Hs.182231	7200
NM_030917	NM_030917	NM_030917	Hs.624245	81608
NM_173674	NM_173674	NM_173674	Hs.658304	285761
TCONS_00026523				NA

ENST00000395742		AL713762	Hs.117835	121512
NM_001042402	NM_001042402	NM_001042402	Hs.437365	27163
NM_020683	NM_020683	NM_020683	Hs.281342	140
NM_001032281	NM_001032281	NM_001032281	Hs.516578	7035
NM_001430	NM_001430	NM_001430	Hs.468410	2034
NM_003569	NM_003569	NM_003569	Hs.593148	8417
AK093691		AK093691	Hs.561160	NA
BC065722		BC065722		NA
NM_014395	NM_014395	NM_014395	Hs.436271	27071
NM_005868	NM_005868	NM_005868	Hs.489132	10282
NM_000849	NM_000849	NM_000849	Hs.2006	2947
NM_152792	NM_152792	NM_152792	Hs.516253	151516
AK130920		AK130920	Hs.686376	NA
NM_001042492	NM_001042492	NM_001042492	Hs.113577	4763
ENST00000397358				79618
NR_038843	NR_038843	NR_038843	Hs.568189	653061
AK124823		AK124823	Hs.567908	387742
AK127601		AK127601	Hs.689518	NA
NM_145011	NM_145011	NM_145011	Hs.499429	219749
NM_030918	NM_030918	NM_030918	Hs.192326	81609
NM_014462	NM_014462	NM_014462	Hs.425311	27257
NR_001562	NR_001562	NR_001562	Hs.546235	303
NM_006367	NM_006367	NM_006367	Hs.370581	10487
NM_052941	NM_052941	NM_052941	Hs.409925	115361
NM_005787	NM_005787	NM_005787	Hs.478481	10195
NM_130847	NM_130847	NM_130847	Hs.503594	154810
NM_001105543	NM_001105543	NM_001105543	Hs.511454	91584
NM_053002	NM_053002	NM_053002	Hs.730822	116931
TCONS_00025695				NA
NM_006521	NM_006521	NM_006521	Hs.730740	7030
NM_021201	NM_021201	NM_021201	Hs.530735	58475
NM_000889	NM_000889	NM_000889	Hs.654470	3695
NM_013328	NM_013328	NM_013328	Hs.654718	29920
ENST00000502767				NA
BQ232757		BQ232757	Hs.453331	NA
ENST00000444947		AK296189	Hs.1581	1652
NM_001431	NM_001431	NM_001431	Hs.486470	2037
NM_001136108	NM_001136108	NM_001136108	Hs.458644	203069
TCONS_00009926				NA
NM_004577	NM_004577	NM_004577	Hs.512656	5723
NM_020385	NM_020385	NM_020385	Hs.438409	57109
NM_020230	NM_020230	NM_020230	Hs.14468	56342
NM_016231	NM_016231	NM_016231	Hs.208759	51701
THC2661040				NA

NM_024512	NM_024512	NM_024512	Hs.657345	79442
NM_024805	NM_024805	NM_024805	Hs.728931	79863
NM_178545	NM_178545	NM_178545	Hs.123423	339456
NM_002487	NM_002487	NM_002487	Hs.50130	4692
NM_016042	NM_016042	NM_016042	Hs.602571	51010
ENST00000432358		AF087973	Hs.633361	NA
AK021845		AK021845	Hs.258855	4297
NM_001159508	NM_001159508	NM_001159508	Hs.513646	3712
NM_004366	NM_004366	NM_004366	Hs.436847	1181
NM_017488	NM_017488	NM_017488	Hs.188528	119
NR_034096	NR_034096	NR_034096	Hs.471039	NA
NM_001195087	NM_001195087	NM_001195087		NA
NM_001723	NM_001723	NM_001723	Hs.604915	667
NM_001039492	NM_001039492	NM_001039492	Hs.443687	2274
XR_110765	XR_110765	XR_110765	Hs.649859	NA
BC016059		BC016059	Hs.482562	2149
NM_002583	NM_002583	NM_002583	Hs.643130	5074
AK127183		AK127183	Hs.224506	NA
ENST00000382893		BC012581	Hs.115277	7404
NM_001114748	NM_001114748	NM_001114748	Hs.668654	339453
NM_020791	NM_020791	NM_020791	Hs.597434	57551
NM_004196	NM_004196	NM_004196	Hs.679430	8814
NM_152772	NM_152772	NM_152772	Hs.696047	255394
NM_173523	NM_173523	NM_173523	Hs.376011	158809
NM_018250	NM_018250	NM_018250	Hs.162397	55756
NM_002415	NM_002415	NM_002415	Hs.407995	4282
NM_002482	NM_002482	NM_002482	Hs.611705	NA
NM_023917	NM_023917	NM_023917	Hs.272391	50835
NM_018097	NM_018097	NM_018097	Hs.14347	55142
NM_005483	NM_005483	NM_005483	Hs.79018	10036
NM_001761	NM_001761	NM_001761	Hs.1973	899
NM_014329	NM_014329	NM_014329	Hs.75682	23644
NM_175058	NM_175058	NM_175058	Hs.12332	144100
NM_024881	NM_024881	NM_024881	Hs.620596	79939
NM_001005492	NM_001005492	NM_001005492	Hs.537145	282775
ENST00000477589	XM_002342405	XM_002342405	Hs.729204	NA
TCONS_00016151				NA
NM_006035	NM_006035	NM_006035	Hs.654634	9578
ENST00000490432				9014
NM_014667	NM_014667	NM_014667	Hs.38032	9686
NM_019045	NM_019045	NM_019045	Hs.98510	54521
				NA
NM_014018	NM_014018	NM_014018	Hs.521124	28957
NM_024989	NM_024989	NM_024989	Hs.229988	80055

NM_206920	NM_206920	NM_206920	Hs.376780	158056
NM_014519	NM_014519	NM_014519	Hs.279914	7775
NM_001636	NM_001636	NM_001636	Hs.350927	293
NM_152321	NM_152321	NM_152321	Hs.162143	121506
NM_001040710	NM_001040710	NM_001040710	Hs.467868	653140
THC2687906				NA
NM_016562	NM_016562	NM_016562	Hs.659215	51284
NM_003803	NM_003803	NM_003803	Hs.464469	8736
NM_002777	NM_002777	NM_002777	Hs.928	5657
NM_052936	NM_052936	NM_052936	Hs.8763	115201
NM_001191009	NM_001191009	NM_001191009	Hs.3530	10772
NM_001042576	NM_001042576	NM_001042576	Hs.472213	6238
NM_001128223	NM_001128223	NM_001128223	Hs.556877	100131827
NM_012478	NM_012478	NM_012478	Hs.514489	23558
NM_006933	NM_006933	NM_006933	Hs.302742	6526
				NA
XR_132604	XR_132604	XR_132604	Hs.715074	NA
NM_004571	NM_004571	NM_004571	Hs.431043	5316
NM_033054	NM_033054	NM_033054	Hs.37617	64005
NM_145297	NM_145297	NM_145297	Hs.657001	199777
NM_016577	NM_016577	NM_016577	Hs.707804	51560
NR_003203	NR_003203	NR_003203		NA
NM_005217	NM_005217	NM_005217	Hs.654448	1668
NM_198491	NM_198491	NM_198491	Hs.125713	339145
NM_017990	NM_017990	NM_017990	Hs.461183	55066
NM_001114121	NM_001114121	NM_001114121	Hs.24529	1111
NM_014571	NM_014571	NM_014571	Hs.472566	26508
TCONS_I2_00029313				NA
NM_001205315	NM_001205315	NM_001205315	Hs.521008	79689
NM_025058	NM_025058	NM_025058	Hs.287735	80128
NM_001243961	NM_001243961	NM_001243961	Hs.409934	3119
NR_037665	NR_037665	NR_037665		NA
NM_001470	NM_001470	NM_001470	Hs.167017	2550
NM_153705	NM_153705	NM_153705	Hs.83286	143888
NM_198859	NM_198859	NM_198859	Hs.708851	166336
NM_001166241	NM_001166241	NM_001166241		NA
TCONS_I2_00009251				NA
NM_144579	NM_144579	NM_144579	Hs.368171	94097
NM_003630	NM_003630	NM_003630	Hs.7277	8504
NM_001102559	NM_001102559	NM_001102559	Hs.567619	84513
AK097799		AK097799	Hs.449227	NA
NM_001018115	NM_001018115	NM_001018115	Hs.208388	2177
NM_002701	NM_002701	NM_002701	Hs.249184	5460
NM_015665	NM_015665	NM_015665	Hs.369144	8086

AL512720		AL512720	Hs.679416	84237
BC036580		BC036580	Hs.691379	NA
ENST00000513853		BU570946	Hs.577271	NA
NM_001029859	NM_001029859	NM_001029859	Hs.528439	283219
NM_194247	NM_194247	NM_194247	Hs.516539	220988
TCONS_00027368				NA
NM_002258	NM_002258	NM_002258	Hs.169824	3820
NM_020678	NM_020678	NM_020678	Hs.591668	57408
NM_173081	NM_173081	NM_173081	Hs.659807	219681
NM_021170	NM_021170	NM_021170	Hs.154029	57801
ENST00000460133		AK125769	Hs.666730	83850
NM_001980	NM_001980	NM_001980	Hs.437585	2054
NM_001145268	NM_001145268	NM_001145268	Hs.202543	NA
NR_034031	NR_034031	NR_034031	Hs.710994	389906
NM_015147	NM_015147	NM_015147	Hs.709257	23177
NM_022774	NM_022774	NM_022774	Hs.59584	64789
				NA
NM_015559	NM_015559	NM_015559	Hs.435458	26040
ENST00000503609		BX094246	Hs.662618	NA
NM_015328	NM_015328	NM_015328	Hs.600789	23382
NM_005373	NM_005373	NM_005373	Hs.82906	4352
NM_015589	NM_015589	NM_015589	Hs.98259	23034
NM_003006	NM_003006	NM_003006	Hs.591014	6404
NM_017596	NM_017596	NM_017596	Hs.169182	23046
				NA
NM_001044392	NM_001044392	NM_001044392	Hs.89603	4582
NM_001165030	NM_001165030	NM_001165030	Hs.594563	NA
NM_001010987	NM_001010987	NM_001010987	Hs.500491	439996
THC2666857				NA
DB335107		DB335107	Hs.656750	NA
NM_004619	NM_004619	NM_004619	Hs.523930	7188
NM_144711	NM_144711	NM_144711	Hs.655150	151230
ENST00000409401				129563
				NA
NR_015363	NR_015363	NR_015363	Hs.721511	389741
NR_001557	NR_001557	NR_001557		NA
NM_001206954	NM_001206954	NM_001206954	Hs.534342	177
XR_110384	XR_110384	XR_110384	Hs.675200	NA
NM_001127401	NM_001127401	NM_001127401	Hs.515890	51646
XM_001717074	XM_001717074	XM_001717074	Hs.298987	NA
NM_004239	NM_004239	NM_004239	Hs.632339	9321
NR_024005	NR_024005	NR_024005	Hs.618434	NA
				NA
ENST00000458316		BC039446	Hs.651529	NA

NM_148901	NM_148901	NM_148901	Hs.212680	8784
TCONS_00012742				NA
NM_032809	NM_032809	NM_032809	Hs.632693	84895
NM_024112	NM_024112	NM_024112	Hs.522412	79095
NM_020424	NM_020424	NM_020424	Hs.729017	57149
NM_020992	NM_020992	NM_020992	Hs.368525	9124
NM_016246	NM_016246	NM_016246	Hs.18788	51171
NM_032476	NM_032476	NM_032476	Hs.302742	64968
NM_017699	NM_017699	NM_017699	Hs.591291	54847
NM_005051	NM_005051	NM_005051	Hs.79322	5859
NM_147195	NM_147195	NM_147195	Hs.679081	253650
AK124216		AK124216	Hs.656333	100130248
				NA
NM_001173517	NM_001173517	NM_001173517	Hs.446275	79649
TCONS_00008904				NA
NM_001166271	NM_001166271	NM_001166271	Hs.595391	221178
NM_013262	NM_013262	NM_013262	Hs.484738	29116
BC038559		BC038559		NA
NM_138414	NM_138414	NM_138414	Hs.655476	112869
NM_198920	NM_198920	NM_198920	Hs.148609	90025
THC2527965				NA
NM_001031665	NM_001031665	NM_001031665	Hs.655592	125893
NM_024420	NM_024420	NM_024420	Hs.497200	5321
XR_108662	XR_108662	XR_108662	Hs.544586	401264
TCONS_I2_00004945				NA
NM_024871	NM_024871	NM_024871	Hs.478465	79929
NM_003853	NM_003853	NM_003853	Hs.158315	8807
NR_027355	NR_027355	NR_027355		645166
NM_001131015	NM_001131015	NM_001131015	Hs.212395	25792
NM_001145526	NM_001145526	NM_001145526	Hs.558614	125061
ENST00000412019				NA
NR_027145	NR_027145	NR_027145		NA
NM_198508	NM_198508	NM_198508	Hs.17572	346689
NM_174942	NM_174942	NM_174942	Hs.20575	283431
ENST00000416861				NA
ENST00000343123		AK307076	Hs.660513	NA
NM_001093772	NM_001093772	NM_001093772	Hs.479754	3815
NM_001127395	NM_001127395	NM_001127395	Hs.664764	151194
TCONS_00007119				NA
NM_001093	NM_001093	NM_001093	Hs.234898	32
NM_005640	NM_005640	NM_005640	Hs.369519	6875
NM_015432	NM_015432	NM_015432	Hs.188781	25894
NM_001136127	NM_001136127	NM_001136127	Hs.654775	26052
NR_027115	NR_027115	NR_027115		NA

NM_173528	NM_173528	NM_173528	Hs.130979	161502
NM_015447	NM_015447	NM_015447	Hs.522493	157922
NM_000420	NM_000420	NM_000420	Hs.368588	3792
NM_021960	NM_021960	NM_021960	Hs.632486	4170
NM_020761	NM_020761	NM_020761	Hs.133044	57521
THC2514053				NA
NM_152781	NM_152781	NM_152781	Hs.514820	256957
NM_002483	NM_002483	NM_002483	Hs.466814	4680
NM_032813	NM_032813	NM_032813	Hs.730679	84899
NR_040057	NR_040057	NR_040057	Hs.534616	NA
NM_001098482	NM_001098482	NM_001098482	Hs.371096	23373
NM_130446	NM_130446	NM_130446	Hs.659147	89857
NM_153708	NM_153708	NM_153708	Hs.518480	132112
NM_015326	NM_015326	NM_015326	Hs.497575	23380
NM_020945	NM_020945	NM_020945	Hs.287379	NA
NM_001042498	NM_001042498	NM_001042498	Hs.21899	7355
ENST00000539178				NA
ENST00000421003		AK022825	Hs.720494	NA
NM_144577	NM_144577	NM_144577	Hs.112645	93233
NM_005596	NM_005596	NM_005596	Hs.644095	4781
NM_017785	NM_017785	NM_017785	Hs.368710	54908
NM_020459	NM_020459	NM_020459	Hs.416735	400961
NM_020760	NM_020760	NM_020760	Hs.654742	57520
NM_017915	NM_017915	NM_017915	Hs.330663	55010
NM_005815	NM_005815	NM_005815	Hs.720755	10224
ENST00000448327				NA
NM_000961	NM_000961	NM_000961	Hs.302085	5740
NM_017646	NM_017646	NM_017646	Hs.356554	54802
NM_001080394	NM_001080394	NM_001080394	Hs.381058	23514
NM_015148	NM_015148	NM_015148	Hs.397891	23178
NM_001145191	NM_001145191	NM_001145191	Hs.399980	NA
TCONS_00018335				NA
NR_034094	NR_034094	NR_034094	Hs.246769	100129827
NM_001144869	NM_001144869	NM_001144869	Hs.591971	387787
NM_002184	NM_002184	NM_002184	Hs.532082	3572
NM_000885	NM_000885	NM_000885	Hs.440955	3676
NM_015658	NM_015658	NM_015658	Hs.405987	26155
NM_006859	NM_006859	NM_006859	Hs.550502	11019
NM_001251902	NM_001251902	NM_001251902	Hs.203420	8711
TCONS_00009845				NA
ENST00000392574		AK127152	Hs.568276	115811
TCONS_I2_00023029				NA
NM_018231	NM_018231	NM_018231	Hs.10499	55238
NM_013373	NM_013373	NM_013373	Hs.63128	29801

NM_001024916	NM_001024916	NM_001024916	Hs.645337	220869
TCONS_00009863				NA
NM_015194	NM_015194	NM_015194	Hs.602063	4642
NR_003029	NR_003029	NR_003029		NA
NM_000884	NM_000884	NM_000884	Hs.654400	3615
XR_133450	XR_133450	XR_133450	Hs.552124	644794
NM_001086521	NM_001086521	NM_001086521	Hs.356545	284184
NM_005319	NM_005319	NM_005319	Hs.7644	3006
NM_001005851	NM_001005851	NM_001005851	Hs.101139	163131
XR_132607	XR_132607	XR_132607	Hs.652665	283887
NM_001080434	NM_001080434	NM_001080434	Hs.207426	114783
NM_024844	NM_024844	NM_024844	Hs.362817	79902
TCONS_I2_00018853				NA
NM_001017417	NM_001017417	NM_001017417	Hs.460937	541466
NM_024656	NM_024656	NM_024656	Hs.418795	79709
NM_001010868	NM_001010868	NM_001010868	Hs.646309	206412
NM_018031	NM_018031	NM_018031	Hs.654815	11180
NM_024086	NM_024086	NM_024086	Hs.632237	79066
NM_145808	NM_145808	NM_145808	Hs.602015	136319
ENST00000535396		AK074589		57584
NM_001183	NM_001183	NM_001183	Hs.6551	537
NM_001964	NM_001964	NM_001964	Hs.326035	1958
NM_014865	NM_014865	NM_014865	Hs.5719	9918
ENST00000443419		BX101379	Hs.149042	NA
NR_002439	NR_002439	NR_002439		NA
NM_173588	NM_173588	NM_173588	Hs.434152	283284
NM_021996	NM_021996	NM_021996	Hs.495419	26301
NM_001316	NM_001316	NM_001316	Hs.90073	1434
NM_017906	NM_017906	NM_017906	Hs.310231	55003
NM_023073	NM_023073	NM_023073	Hs.586199	65250
NM_032558	NM_032558	NM_032558	Hs.727498	84641
NM_004224	NM_004224	NM_004224	Hs.567390	9248
NM_152438	NM_152438	NM_152438	Hs.443960	1663
NR_034006	NR_034006	NR_034006	Hs.529357	100132352
NM_004288	NM_004288	NM_004288	Hs.270	9595
NM_020373	NM_020373	NM_020373	Hs.148970	57101
NM_002344	NM_002344	NM_002344	Hs.434481	4058
NR_040113	NR_040113	NR_040113		NA
NM_019014	NM_019014	NM_019014	Hs.86337	84172
NM_015055	NM_015055	NM_015055	Hs.153026	23075
NM_001080402	NM_001080402	NM_001080402	Hs.515479	729440
NM_001762	NM_001762	NM_001762	Hs.82916	908
NM_173547	NM_173547	NM_173547	Hs.189823	201292
AI924184		AI924184	Hs.580542	NA

NM_052948	NM_052948	NM_052948	Hs.515364	115703
NM_032305	NM_032305	NM_032305	Hs.591456	84265
ENST00000455973				NA
NM_001004722	NM_001004722	NM_001004722	Hs.529244	8440
NM_001025780	NM_001025780	NM_001025780	Hs.380389	51104
NM_000853	NM_000853	NM_000853	Hs.268573	2952
				NA
ENST00000369884	XR_132782	XR_132782		NA
THC2677844				NA
XR_110894	XR_110894	XR_110894	Hs.628183	NA
NM_022757	NM_022757	NM_022757	Hs.645028	64770
AK056246		AK056246	Hs.447665	401037
NM_030783	NM_030783	NM_030783	Hs.12851	81490
NM_032264	NM_032264	NM_032264	Hs.325422	84224
NM_173571	NM_173571	NM_173571	Hs.522775	255313
NM_002398	NM_002398	NM_002398	Hs.526754	4211
NM_001007231	NM_001007231	NM_001007231	Hs.531807	9938
NM_022481	NM_022481	NM_022481	Hs.726187	64411
NM_001005473	NM_001005473	NM_001005473	Hs.145404	345557
NM_002000	NM_002000	NM_002000	Hs.659872	2204
NM_001841	NM_001841	NM_001841	Hs.73037	1269
NM_001494	NM_001494	NM_001494	Hs.299055	2665
NM_080685	NM_080685	NM_080685	Hs.436142	5783
ENST00000489404				5634
NR_029401	NR_029401	NR_029401	Hs.646027	NA
NM_001375	NM_001375	NM_001375	Hs.118243	1777
NM_006006	NM_006006	NM_006006	Hs.591945	7704
NM_014143	NM_014143	NM_014143	Hs.521989	29126
ENST00000492553				NA
NM_022873	NM_022873	NM_022873	Hs.523847	2537
BC063630		BC063630	Hs.541411	NA
ENST00000515127		CD707196	Hs.639829	NA
NM_019105	NM_019105	NM_019105	Hs.485104	7148
NM_019041	NM_019041	NM_019041	Hs.225836	54516
NM_001204424	NM_001204424	NM_001204424	Hs.509872	9628
NM_006759	NM_006759	NM_006759	Hs.516217	7360
NM_000075	NM_000075	NM_000075	Hs.95577	1019
THC2569496				NA
NR_026795	NR_026795	NR_026795	Hs.529965	387644
NM_021146	NM_021146	NM_021146	Hs.146559	10218
THC2610134				NA
NM_018397	NM_018397	NM_018397	Hs.126688	55349
TCONS_00010241				NA
NM_203347	NM_203347	NM_203347	Hs.413902	389812

NM_004717	NM_004717	NM_004717	Hs.242947	9162
NM_138768	NM_138768	NM_138768	Hs.523848	26579
NR_002954	NR_002954	NR_002954	Hs.662165	NA
NR_038342	NR_038342	NR_038342		NA
NM_170606	NM_170606	NM_170606	Hs.647120	58508
NM_015426	NM_015426	NM_015426	Hs.476306	25886
XM_003119920	XM_003119920	XM_003119920	Hs.635286	100129516
NM_014353	NM_014353	NM_014353	Hs.3797	25837
AK310315		AK310315	Hs.532720	NA
NM_080429	NM_080429	NM_080429	Hs.259048	89872
NM_016124	NM_016124	NM_016124	Hs.449968	6007
NM_017593	NM_017593	NM_017593	Hs.146551	55589
NR_003255	NR_003255	NR_003255	Hs.655977	9383
NM_006524	NM_006524	NM_006524	Hs.184080	7697
ENST00000418837		AJ606331	Hs.555076	NA
XR_109642	XR_109642	XR_109642		388780
XR_132564	XR_132564	XR_132564	Hs.640950	NA
ENST00000487412		AY082592	Hs.507704	90627
ENST00000551938	XR_110299	XR_110299	Hs.728856	NA
NM_032340	NM_032340	NM_032340	Hs.93235	84300
NM_031937	NM_031937	NM_031937	Hs.655273	83874
				NA
NM_182797	NM_182797	NM_182797	Hs.472101	5332
NM_001079526	NM_001079526	NM_001079526	Hs.604950	22807
XR_132609	XR_132609	XR_132609		NA
NM_001033045	NM_001033045	NM_001033045	Hs.516604	151556
NM_000147	NM_000147	NM_000147	Hs.370858	2517
NR_015406	NR_015406	NR_015406	Hs.431161	NA
NR_004401	NR_004401	NR_004401		653677
NM_007059	NM_007059	NM_007059	Hs.25441	11133
NM_032548	NM_032548	NM_032548	Hs.107812	80325
TCONS_00025592				NA
THC2646314				NA
NM_005595	NM_005595	NM_005595	Hs.191911	4774
TCONS_00018425				NA
				NA
ENST00000409590		AK056269	Hs.570209	NA
TCONS_I2_00006290				NA
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_001206609	NM_001206609	NM_001206609	Hs.591014	6404
NR_002824	NR_002824	NR_002824	Hs.728176	400322
NM_021179	NM_021179	NM_021179	Hs.567557	57821
ENST00000469078		AK298173		NA
ENST00000443719				NA

NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA
NM_001163315	NM_001163315	NM_001163315	Hs.657225	64839
NM_015483	NM_015483	NM_015483	Hs.372541	25948
NM_003254	NM_003254	NM_003254	Hs.522632	7076
NM_007046	NM_007046	NM_007046	Hs.63348	11117
NM_006617	NM_006617	NM_006617	Hs.527971	10763
NM_018410	NM_018410	NM_018410	Hs.532968	55355
NM_153712	NM_153712	NM_153712	Hs.358997	150465
ENST00000449936				NA
NM_006504	NM_006504	NM_006504	Hs.127022	5791
AK092411		AK092411	Hs.572150	NA
NM_053023	NM_053023	NM_053023	Hs.524920	80829
ENST00000442403				NA
ENST00000402420				79019
NM_021982	NM_021982	NM_021982	Hs.595540	10802
NM_021083	NM_021083	NM_021083	Hs.78919	7504
ENST00000466304		AF298582	Hs.77961	3106
NM_152332	NM_152332	NM_152332	Hs.730744	123036
NM_014640	NM_014640	NM_014640	Hs.471405	9654
DQ272581		DQ272581	Hs.380358	NA
NM_181659	NM_181659	NM_181659	Hs.592142	8202
NM_199254	NM_199254	NM_199254	Hs.406779	NA
NM_001145206	NM_001145206	NM_001145206	Hs.419171	NA
NM_017421	NM_017421	NM_017421	Hs.713623	51805
NM_139013	NM_139013	NM_139013	Hs.485233	1432
NM_001008393	NM_001008393	NM_001008393	Hs.380920	201725
				NA
NM_000281	NM_000281	NM_000281	Hs.3192	5092
NM_000400	NM_000400	NM_000400	Hs.487294	2068
NR_040058	NR_040058	NR_040058	Hs.586876	NA
NM_025059	NM_025059	NM_025059	Hs.660044	80129
NM_002993	NM_002993	NM_002993	Hs.164021	6372
				NA
NM_001416	NM_001416	NM_001416		NA
CK825926		CK825926	Hs.689932	NA
NM_175744	NM_175744	NM_175744	Hs.502659	389
ENST00000479830				NA
NM_002543	NM_002543	NM_002543	Hs.412484	4973
NM_013286	NM_013286	NM_013286	Hs.118738	29890
NM_018127	NM_018127	NM_018127	Hs.434232	60528
NM_007173	NM_007173	NM_007173	Hs.728981	11098
NM_015120	NM_015120	NM_015120	Hs.184720	7840
NM_024827	NM_024827	NM_024827	Hs.404802	79885
NM_032359	NM_032359	NM_032359	Hs.655111	84319

NM_152743	NM_152743	NM_152743	Hs.520623	221927
NM_198494	NM_198494	NM_198494	Hs.434385	339559
NM_152436	NM_152436	NM_152436	Hs.406728	144321
NR_033748	NR_033748	NR_033748	Hs.608412	644189
NM_002107	NM_002107	NM_002107	Hs.533624	3020
NM_032243	NM_032243	NM_032243	Hs.98712	84203
				NA
NM_000593	NM_000593	NM_000593	Hs.352018	6890
NM_000448	NM_000448	NM_000448	Hs.73958	5896
NM_003001	NM_003001	NM_003001	Hs.444472	6391
				NA
AK091003		AK091003	Hs.679783	10916
ENST00000358165		AK001769		8635
NM_173628	NM_173628	NM_173628	Hs.375975	NA
NM_152879	NM_152879	NM_152879	Hs.471675	8527
NM_018641	NM_018641	NM_018641	Hs.213088	55501
NM_001040450	NM_001040450	NM_001040450	Hs.591122	54629
NM_006002	NM_006002	NM_006002	Hs.162241	7347
NM_004595	NM_004595	NM_004595	Hs.727552	NA
BC016958		BC016958	Hs.512767	727800
NR_023921	NR_023921	NR_023921	Hs.569361	55449
NM_203437	NM_203437	NM_203437	Hs.655167	54812
NM_022748	NM_022748	NM_022748	Hs.520814	64759
ENST00000474602		AF064105		NA
NM_001043352	NM_001043352	NM_001043352	Hs.644306	7170
NM_030645	NM_030645	NM_030645	Hs.298573	80851
AK126245		AK126245	Hs.640173	NA
NM_002181	NM_002181	NM_002181	Hs.654504	3549
NM_178136	NM_178136	NM_178136	Hs.505802	84271
NM_005928	NM_005928	NM_005928	Hs.3745	4240
NM_152992	NM_152992	NM_152992	Hs.488877	22932
TCONS_00014755				NA
TCONS_00021749				NA
NM_181671	NM_181671	NM_181671	Hs.591185	26207
TCONS_00023036				NA
ENST00000462552		BC126936	Hs.661576	140733
NM_017872	NM_017872	NM_017872	Hs.353090	54974
NM_000820	NM_000820	NM_000820	Hs.646346	2621
NM_014648	NM_014648	NM_014648	Hs.409210	9666
NM_012426	NM_012426	NM_012426	Hs.514435	23450
NM_005434	NM_005434	NM_005434	Hs.185055	7851
NM_001135650	NM_001135650	NM_001135650	Hs.726163	NA
NM_018555	NM_018555	NM_018555	Hs.185674	55422
XR_132684	XR_132684	XR_132684	Hs.715338	100652805

ENST00000434716	XR_110250	XR_110250		NA
NR_002979	NR_002979	NR_002979	Hs.689699	NA
NR_033350	NR_033350	NR_033350	Hs.454647	390535
NM_022132	NM_022132	NM_022132	Hs.604789	64087
NR_038301	NR_038301	NR_038301		NA
				NA
NM_012323	NM_012323	NM_012323	Hs.517617	23764
ENST00000377469		AK125960	Hs.708649	NA
NM_015100	NM_015100	NM_015100	Hs.489873	23126
NM_003382	NM_003382	NM_003382	Hs.585052	7434
NM_021933	NM_021933	NM_021933	Hs.8595	60672
NR_038279	NR_038279	NR_038279		NA
NM_031419	NM_031419	NM_031419	Hs.319171	64332
NM_001418	NM_001418	NM_001418	Hs.183684	1982
NM_003709	NM_003709	NM_003709	Hs.471221	8609
ENST00000536864	XR_133475	XR_133475	Hs.434403	NA
NM_006644	NM_006644	NM_006644	Hs.36927	10808
NM_000983	NM_000983	NM_000983	Hs.630973	NA
ENST00000375322		AB209539	Hs.432453	1326
NM_007268	NM_007268	NM_007268	Hs.8904	11326
NM_007125	NM_007125	NM_007125	Hs.115277	7404
NM_004508	NM_004508	NM_004508	Hs.283652	3422
TCONS_I2_00024809				NA
NM_001099668	NM_001099668	NM_001099668	Hs.728813	25994
NM_017654	NM_017654	NM_017654	Hs.65641	54809
NM_138435	NM_138435	NM_138435	Hs.197680	113828
BC020495		BC020495		11158
NM_030877	NM_030877	NM_030877	Hs.472667	56259
NM_006360	NM_006360	NM_006360	Hs.502244	10480
				NA
NR_003004	NR_003004	NR_003004		NA
NM_015873	NM_015873	NM_015873	Hs.103665	50853
TCONS_00025888				NA
ENST00000432038	XR_110827	XR_110827	Hs.488388	NA
TCONS_00028434				NA
NM_172367	NM_172367	NM_172367	Hs.146059	286753
NM_198941	NM_198941	NM_198941	Hs.272168	10955
NM_005230	NM_005230	NM_005230	Hs.46523	2004
NM_001040107	NM_001040107	NM_001040107	Hs.334637	84329
ENST00000369942		BG717688	Hs.446962	127003
NM_000578	NM_000578	NM_000578	Hs.591607	6556
NM_020375	NM_020375	NM_020375	Hs.504545	57103
NM_032434	NM_032434	NM_032434	Hs.529178	84450
TCONS_I2_00017422				NA

TCONS_I2_00028603				NA
NM_001173408	NM_001173408	NM_001173408	Hs.526594	23363
TCONS_00004183				NA
NR_033937	NR_033937	NR_033937	Hs.679111	100132077
NR_029192	NR_029192	NR_029192		100133315
NM_016606	NM_016606	NM_016606	Hs.416090	51308
TCONS_00006124				NA
NM_033647	NM_033647	NM_033647	Hs.505941	92797
NM_002822	NM_002822	NM_002822	Hs.189075	5756
NM_001718	NM_001718	NM_001718	Hs.285671	654
NM_001870	NM_001870	NM_001870	Hs.646	1359
BC014023		BC014023		NA
BC060511		BC060511		NA
NM_032812	NM_032812	NM_032812	Hs.658134	84898
NM_014874	NM_014874	NM_014874	Hs.376681	9927
NM_005431	NM_005431	NM_005431	Hs.647093	7516
NM_001143804	NM_001143804	NM_001143804	Hs.405607	162466
NM_153719	NM_153719	NM_153719	Hs.574492	23636
NM_025182	NM_025182	NM_025182	Hs.301696	80256
NM_018337	NM_018337	NM_018337	Hs.24545	55311
XR_108778	XR_108778	XR_108778		NA
NM_206922	NM_206922	NM_206922	Hs.653165	401262
NM_001077664	NM_001077664	NM_001077664	Hs.709317	55665
ENST00000395663				514
NM_000671	NM_000671	NM_000671	Hs.78989	128
NM_005973	NM_005973	NM_005973	Hs.516948	5546
ENST00000230113				NA
NM_020945	NM_020945	NM_020945	Hs.287379	57705
NM_181714	NM_181714	NM_181714	Hs.21945	167691
NM_213601	NM_213601	NM_213601	Hs.200413	283578
ENST00000506710				51307
NM_153000	NM_153000	NM_153000	Hs.293274	147495
THC2505770				NA
ENST00000299350	XM_001716650	XM_001716650	Hs.253773	196446
NM_013330	NM_013330	NM_013330	Hs.706952	29922
NM_080658	NM_080658	NM_080658	Hs.126265	91703
NR_003675	NR_003675	NR_003675	Hs.135705	441046
NM_004792	NM_004792	NM_004792	Hs.727580	9360
NR_002968	NR_002968	NR_002968	Hs.689717	NA
NM_153824	NM_153824	NM_153824	Hs.163451	5831
NM_001205206	NM_001205206	NM_001205206	Hs.84190	6573
BX350880		BX350880	Hs.656848	NA
NM_015035	NM_015035	NM_015035	Hs.380133	23051
NM_000896	NM_000896	NM_000896	Hs.106242	4051

NM_006392	NM_006392	NM_006392	Hs.376064	10528
XR_109234	XR_109234	XR_109234		NA
TCONS_00021223				NA
				NA
NM_001244038	NM_001244038	NM_001244038	Hs.655305	NA
NM_173541	NM_173541	NM_173541	Hs.375059	170393
NR_027426	NR_027426	NR_027426	Hs.623889	648691
NM_001007259	NM_001007259	NM_001007259	Hs.606200	54093
NM_198472	NM_198472	NM_198472	Hs.155823	282969
ENST00000465795				NA
NM_006802	NM_006802	NM_006802	Hs.77897	10946
NM_020724	NM_020724	NM_020724	Hs.659104	57484
NM_052860	NM_052860	NM_052860	Hs.134885	91975
NM_004609	NM_004609	NM_004609	Hs.437	6939
XM_001717149	XM_001717149	XM_001717149	Hs.713605	100130503
NM_000022	NM_000022	NM_000022	Hs.654536	100
NR_034127	NR_034127	NR_034127	Hs.726831	100132356
NM_001025	NM_001025	NM_001025	Hs.527193	6228
NM_002860	NM_002860	NM_002860	Hs.500645	5832
ENST00000474598				NA
				NA
NM_138443	NM_138443	NM_138443	Hs.436617	115106
NM_007300	NM_007300	NM_007300	Hs.194143	672
ENST00000439818		AK023149		80174
NM_006232	NM_006232	NM_006232	Hs.432574	5437
THC2641422				NA
NM_020248	NM_020248	NM_020248	Hs.463759	56998
NM_201636	NM_201636	NM_201636	Hs.442530	6915
ENST00000422048		BC024027		NA
NM_021995	NM_021995	NM_021995	Hs.715862	10911
ENST00000424119		AL355732		NA
NM_014547	NM_014547	NM_014547	Hs.4998	29766
NM_005662	NM_005662	NM_005662	Hs.699301	7419
NM_000694	NM_000694	NM_000694	Hs.523841	221
NM_001083112	NM_001083112	NM_001083112	Hs.512382	2820
NM_138371	NM_138371	NM_138371	Hs.560100	91523
NM_001039877	NM_001039877	NM_001039877	Hs.631590	29888
NM_001680	NM_001680	NM_001680	Hs.413137	486
NM_032592	NM_032592	NM_032592	Hs.126706	84680
NM_032801	NM_032801	NM_032801	Hs.150718	83700
AK092728		AK092728	Hs.451802	400765
NM_203344	NM_203344	NM_203344	Hs.515412	29946
NM_015633	NM_015633	NM_015633	Hs.591162	26127
THC2507453				NA

ENST00000509666		DA190327	Hs.581938	NA
NR_003108	NR_003108	NR_003108	Hs.373818	10230
NM_025078	NM_025078	NM_025078	Hs.288284	80148
NR_034128	NR_034128	NR_034128	Hs.662205	NA
NM_001542	NM_001542	NM_001542	Hs.171057	NA
TCONS_00011912				NA
NM_001195124	NM_001195124	NM_001195124	Hs.729380	100506581
				NA
NM_003258	NM_003258	NM_003258	Hs.515122	7083
THC2554014				NA
NM_021034	NM_021034	NM_021034	Hs.374650	10410
NM_018728	NM_018728	NM_018728	Hs.487036	55930
NM_001008743	NM_001008743	NM_001008743	Hs.535156	442038
ENST00000490010		BC024905	Hs.432424	7174
NM_002525	NM_002525	NM_002525	Hs.584782	4898
NR_002914	NR_002914	NR_002914		NA
NM_003944	NM_003944	NM_003944	Hs.632460	8991
NR_002815	NR_002815	NR_002815	Hs.406779	374491
XR_108720	XR_108720	XR_108720	Hs.557780	NA
NM_175734	NM_175734	NM_175734	Hs.380704	201243
ENST00000264370		AK002193	Hs.380346	55345
NR_023915	NR_023915	NR_023915		3653
NM_178348	NM_178348	NM_178348	Hs.534645	353131
NR_038826	NR_038826	NR_038826	Hs.507664	NA
CQ819097		CQ819097	Hs.533212	NA
NM_015446	NM_015446	NM_015446	Hs.300887	25909
NM_001039140	NM_001039140	NM_001039140	Hs.274422	54976
XR_132706	XR_132706	XR_132706	Hs.684535	NA
TCONS_00004561				NA
NM_014844	NM_014844	NM_014844	Hs.195667	9895
NM_000631	NM_000631	NM_000631	Hs.474781	4689
XM_003403833	XM_003403833	XM_003403833		NA
NM_002501	NM_002501	NM_002501	Hs.257970	4784
NR_027424	NR_027424	NR_027424	Hs.694680	NA
XR_133508	XR_133508	XR_133508		NA
ENST00000354451		BC004918		NA
NM_152562	NM_152562	NM_152562	Hs.33366	157313
NM_175085	NM_175085	NM_175085	Hs.473648	2618
NM_031501	NM_031501	NM_031501	Hs.199343	56143
NM_007006	NM_007006	NM_007006	Hs.528834	11051
NM_018224	NM_018224	NM_018224	Hs.655165	55744
NM_001014765	NM_001014765	NM_001014765	Hs.556006	93611
ENST00000538304	XR_132886	XR_132886	Hs.696467	NA
NM_006101	NM_006101	NM_006101	Hs.414407	10403

BC037867		BC037867	Hs.552684	NA
NM_006633	NM_006633	NM_006633	Hs.291030	10788
NM_020163	NM_020163	NM_020163	Hs.59729	56920
NM_015175	NM_015175	NM_015175	Hs.437043	23218
NM_005451	NM_005451	NM_005451	Hs.533040	9260
NM_001125	NM_001125	NM_001125	Hs.99884	141
NM_022136	NM_022136	NM_022136	Hs.473341	64092
NM_001130699	NM_001130699	NM_001130699	Hs.146100	26034
NR_002174	NR_002174	NR_002174	Hs.484918	8418
NM_015679	NM_015679	NM_015679	Hs.632685	26995
NM_145697	NM_145697	NM_145697	Hs.651950	83540
NR_034033	NR_034033	NR_034033	Hs.647110	NA
NM_001305	NM_001305	NM_001305	Hs.647036	1364
NM_001084393	NM_001084393	NM_001084393	Hs.1581	100037417
NM_001007188	NM_001007188	NM_001007188	Hs.435022	9681
NM_133455	NM_133455	NM_133455	Hs.289106	129080
NM_005724	NM_005724	NM_005724	Hs.728882	10099
NM_019896	NM_019896	NM_019896	Hs.469060	56655
NM_053044	NM_053044	NM_053044	Hs.479119	94031
NR_024426	NR_024426	NR_024426	Hs.658995	64098
NR_036473	NR_036473	NR_036473	Hs.469723	8420
NM_003656	NM_003656	NM_003656	Hs.434875	8536
NM_002319	NM_002319	NM_002319	Hs.125742	4034
TCONS_I2_00003643				NA
NR_028077	NR_028077	NR_028077	Hs.134816	9753
AK127423		AK127423	Hs.679912	100128851
NM_178497	NM_178497	NM_178497	Hs.24510	152816
NR_003521	NR_003521	NR_003521	Hs.729399	339005
TCONS_I2_00011289				NA
NM_030581	NM_030581	NM_030581	Hs.280951	79726
NR_015370	NR_015370	NR_015370	Hs.12082	114915
NM_020653	NM_020653	NM_020653	Hs.99724	57336
NM_016261	NM_016261	NM_016261	Hs.463638	51174
NM_018358	NM_018358	NM_018358	Hs.361323	55324
NM_001497	NM_001497	NM_001497	Hs.272011	2683
NM_021979	NM_021979	NM_021979	Hs.728938	3306
NM_003503	NM_003503	NM_003503	Hs.533573	8317
CB121594		CB121594	Hs.722538	NA
NM_016491	NM_016491	NM_016491	Hs.584908	51253
NM_015210	NM_015210	NM_015210	Hs.650822	23255
AF190155		AF190155		100131515
NM_207325	NM_207325	NM_207325	Hs.194392	147991
NM_173083	NM_173083	NM_173083	Hs.120817	286826
NM_133478	NM_133478	NM_133478	Hs.594099	57835

NR_002776	NR_002776	NR_002776	Hs.655095	114044
NM_033200	NM_033200	NM_033200	Hs.150540	91289
NR_026880	NR_026880	NR_026880	Hs.597458	84815
NM_003082	NM_003082	NM_003082	Hs.179312	6617
BC025320		BC025320		NA
NM_000985	NM_000985	NM_000985	Hs.374588	6139
ENST00000433952		BC034606	Hs.385528	NA
NM_003902	NM_003902	NM_003902	Hs.567380	8880
ENST00000359035		AK091711		118472
NM_001145418	NM_001145418	NM_001145418	Hs.387856	23331
NM_001039703	NM_001039703	NM_001039703	Hs.714127	100132406
NM_004595	NM_004595	NM_004595	Hs.727552	6611
NM_001039535	NM_001039535	NM_001039535	Hs.134726	220134
NM_013976	NM_013976	NM_013976	Hs.532699	2639
NM_006601	NM_006601	NM_006601	Hs.50425	10728
NR_002435	NR_002435	NR_002435		NA
TCONS_00018102				NA
NM_002439	NM_002439	NM_002439	Hs.280987	4437
NM_014905	NM_014905	NM_014905	Hs.116448	2744
NM_017813	NM_017813	NM_017813	Hs.438689	54928
NM_144661	NM_144661	NM_144661	Hs.121347	143379
NM_001017920	NM_001017920	NM_001017920	Hs.59761	92196
NM_139177	NM_139177	NM_139177	Hs.221127	201266
NM_013943	NM_013943	NM_013943	Hs.440544	25932
NR_033986	NR_033986	NR_033986	Hs.131037	400238
NM_152636	NM_152636	NM_152636	Hs.243326	196074
NM_175068	NM_175068	NM_175068	Hs.55410	319101
ENST00000428056		AF050145		3423
NM_006411	NM_006411	NM_006411	Hs.409230	10554
NM_001130105	NM_001130105	NM_001130105	Hs.270437	10087
TCONS_00022824				NA
NM_024667	NM_024667	NM_024667	Hs.507162	79720
NM_001031835	NM_001031835	NM_001031835	Hs.78060	5257
NM_002969	NM_002969	NM_002969	Hs.432642	6300
NM_019625	NM_019625	NM_019625	Hs.511951	23457
NM_016157	NM_016157	NM_016157	Hs.633653	7216
NM_022091	NM_022091	NM_022091	Hs.486031	10973
NM_006644	NM_006644	NM_006644	Hs.36927	10808
XR_132905	XR_132905	XR_132905	Hs.528369	100287195
NM_003639	NM_003639	NM_003639	Hs.43505	8517
NM_139015	NM_139015	NM_139015	Hs.507087	121665
AK127678		AK127678	Hs.662009	100129322
THC2611572				NA
NM_000969	NM_000969	NM_000969	Hs.532359	6125

NM_015680	NM_015680	NM_015680	Hs.4973	27013
ENST00000380922		AB102798	Hs.513457	3566
ENST00000234668		AL834286	Hs.670497	84144
NM_004393	NM_004393	NM_004393	Hs.76111	1605
XR_109024	XR_109024	XR_109024		NA
NM_198141	NM_198141	NM_198141	Hs.730806	2595
NM_020367	NM_020367	NM_020367	Hs.657268	57097
AF001893		AF001893	Hs.523789	NA
NM_152595	NM_152595	NM_152595	Hs.156317	161779
NM_020379	NM_020379	NM_020379	Hs.197043	57134
NM_152278	NM_152278	NM_152278	Hs.21861	56849
AF339799		AF339799	Hs.594160	NA
NM_005468	NM_005468	NM_005468	Hs.13967	10004
NR_027058	NR_027058	NR_027058	Hs.720923	NA
NM_014666	NM_014666	NM_014666	Hs.644000	9685
NM_003607	NM_003607	NM_003607	Hs.35433	8476
NM_001394	NM_001394	NM_001394	Hs.417962	1846
NM_173502	NM_173502	NM_173502	Hs.256632	146547
NR_026966	NR_026966	NR_026966	Hs.728371	100130691
NM_001076785	NM_001076785	NM_001076785	Hs.679580	9057
NM_024918	NM_024918	NM_024918	Hs.632268	79980
NM_020166	NM_020166	NM_020166	Hs.47649	56922
NM_006954	NM_006954	NM_006954	Hs.435774	7581
NM_005186	NM_005186	NM_005186	Hs.502842	823
NM_001010846	NM_001010846	NM_001010846	Hs.591481	126669
AL050097		AL050097	Hs.667735	26069
TCONS_00021986				NA
NR_015382	NR_015382	NR_015382	Hs.655224	678655
NM_004054	NM_004054	NM_004054	Hs.591148	719
ENST00000473756	XR_108458	XR_108458	Hs.307772	NA
NM_006421	NM_006421	NM_006421	Hs.656902	10565
NM_001231	NM_001231	NM_001231	Hs.632476	844
TCONS_I2_00030943				NA
NM_032290	NM_032290	NM_032290	Hs.657315	84250
NM_017415	NM_017415	NM_017415	Hs.655084	26249
ENST00000423292	XM_002342351	XM_002342351	Hs.657572	NA
NM_080387	NM_080387	NM_080387	Hs.351811	338339
NM_181515	NM_181515	NM_181515	Hs.503047	219927
NM_022366	NM_022366	NM_022366	Hs.7395	64216
NM_024811	NM_024811	NM_024811	Hs.730795	79869
NM_003088	NM_003088	NM_003088	Hs.118400	6624
NM_005956	NM_005956	NM_005956	Hs.652308	4522
NM_004552	NM_004552	NM_004552	Hs.632385	4725
NR_026815	NR_026815	NR_026815	Hs.546454	84222

TCONS_I2_00003294				NA
XR_132709	XR_132709	XR_132709		100128857
BC028204		BC028204	Hs.407197	646241
NM_031297	NM_031297	NM_031297	Hs.512767	727800
NM_001039481	NM_001039481	NM_001039481	Hs.29464	55500
				NA
NM_003081	NM_003081	NM_003081	Hs.167317	6616
NM_019644	NM_019644	NM_019644	Hs.729340	56311
NM_021095	NM_021095	NM_021095	Hs.435735	8884
NM_024090	NM_024090	NM_024090	Hs.412939	79071
NM_016553	NM_016553	NM_016553	Hs.574492	23636
NM_001123066	NM_001123066	NM_001123066	Hs.101174	NA
NM_032588	NM_032588	NM_032588	Hs.279709	84676
NM_014751	NM_014751	NM_014751	Hs.336994	9788
AB209486		AB209486		28988
NM_025228	NM_025228	NM_025228	Hs.147434	80342
NM_012249	NM_012249	NM_012249	Hs.709193	23433
NM_001244808	NM_001244808	NM_001244808	Hs.431498	27086
NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	NA
NM_001004692	NM_001004692	NM_001004692	Hs.553582	127064
BI765130		BI765130	Hs.570096	NA
ENST00000411596				NA
NM_198315	NM_198315	NM_198315	Hs.152944	4013
NM_007045	NM_007045	NM_007045	Hs.487175	11116
NM_130468	NM_130468	NM_130468	Hs.442449	113189
NM_153042	NM_153042	NM_153042	Hs.709336	221656
NM_177983	NM_177983	NM_177983	Hs.643951	5496
NM_032977	NM_032977	NM_032977	Hs.5353	843
NM_021231	NM_021231	NM_021231	Hs.128425	58509
NR_003674	NR_003674	NR_003674	Hs.535063	387628
BC012881		BC012881		NA
NM_133330	NM_133330	NM_133330	Hs.113876	7468
ENST00000523862		CB962925	Hs.571415	NA
ENST00000552634		DA654953	Hs.587730	NA
NM_205834	NM_205834	NM_205834	Hs.466507	51599
NM_032025	NM_032025	NM_032025	Hs.655782	83939
NM_001124756	NM_001124756	NM_001124756	Hs.641481	80336
NM_018946	NM_018946	NM_018946	Hs.522310	54187
NM_025138	NM_025138	NM_025138	Hs.318526	80209
				NA
NM_001163287	NM_001163287	NM_001163287	Hs.374477	2130
NM_031310	NM_031310	NM_031310	Hs.107125	83483
NM_001110	NM_001110	NM_001110	Hs.578508	102
NM_001005388	NM_001005388	NM_001005388	Hs.13349	23114

NM_181847	NM_181847	NM_181847	Hs.121520	347902
ENST00000460471		BC022431	Hs.352357	NA
NM_017519	NM_017519	NM_017519	Hs.724539	57492
NM_006845	NM_006845	NM_006845	Hs.720061	11004
NM_020740	NM_020740	NM_020740	Hs.696087	51479
NM_001006946	NM_001006946	NM_001006946	Hs.224607	6382
NM_145914	NM_145914	NM_145914	Hs.632294	7589
NM_005707	NM_005707	NM_005707	Hs.458596	10081
NM_012415	NM_012415	NM_012415	Hs.30561	25788
NM_201222	NM_201222	NM_201222	Hs.522665	10916
ENST00000456897		AK055120	Hs.668359	NA
CN388809		CN388809	Hs.713933	NA
ENST00000415882		EU154352		NA
NM_003558	NM_003558	NM_003558	Hs.534371	8395
NM_002410	NM_002410	NM_002410	Hs.651869	4249
NM_207377	NM_207377	NM_207377	Hs.592307	387990
XR_108657	XR_108657	XR_108657	Hs.664979	100131283
NR_026575	NR_026575	NR_026575	Hs.654557	NA
NM_138711	NM_138711	NM_138711	Hs.162646	5468
				NA
NR_015364	NR_015364	NR_015364	Hs.587432	NA
NR_027436	NR_027436	NR_027436	Hs.657131	283788
THC2657073				NA
NM_024576	NM_024576	NM_024576	Hs.656091	79627
NM_006029	NM_006029	NM_006029	Hs.194709	9240
NM_001093730	NM_001093730	NM_001093730	Hs.640667	391475
NM_002626	NM_002626	NM_002626	Hs.255093	5211
NM_001243879	NM_001243879	NM_001243879	Hs.533122	6434
NM_152288	NM_152288	NM_152288	Hs.729239	93129
NM_207351	NM_207351	NM_207351	Hs.598147	285368
NM_004271	NM_004271	NM_004271	Hs.653138	9450
NM_001008739	NM_001008739	NM_001008739	Hs.571098	441150
NM_001010934	NM_001010934	NM_001010934	Hs.396530	3082
NM_001130042	NM_001130042	NM_001130042	Hs.83114	1429
NM_001044385	NM_001044385	NM_001044385	Hs.12319	65062
NM_017760	NM_017760	NM_017760	Hs.18616	54892
NM_001487	NM_001487	NM_001487	Hs.94672	2647
NM_024653	NM_024653	NM_024653	Hs.406395	79706
NM_016050	NM_016050	NM_016050	Hs.418450	65003
BC022054		BC022054	Hs.217409	118812
				NA
ENST00000557246		BC037850	Hs.385477	NA
NM_001033112	NM_001033112	NM_001033112	Hs.396644	51247
THC2660784				NA

TCONS_00008384			NA	
NM_014725	NM_014725	NM_014725	Hs.95140	9754
NM_152721	NM_152721	NM_152721	Hs.278285	220164
NM_182795	NM_182795	NM_182795	Hs.131055	10361
NR_033801	NR_033801	NR_033801	Hs.620643	121456
NR_003700	NR_003700	NR_003700	Hs.448225	375133
NM_003951	NM_003951	NM_003951	Hs.194686	9016
NM_018186	NM_018186	NM_018186	Hs.443551	55732
NM_001127899	NM_001127899	NM_001127899	Hs.166486	1184
NM_015274	NM_015274	NM_015274	Hs.188464	23324
NM_015085	NM_015085	NM_015085	Hs.499659	23108
NM_013326	NM_013326	NM_013326	Hs.464779	29919
NM_016526	NM_016526	NM_016526	Hs.414418	51272
NM_170776	NM_170776	NM_170776	Hs.383403	222487
NM_020845	NM_020845	NM_020845	Hs.272759	57605
NM_022823	NM_022823	NM_022823	Hs.707362	64838
NM_032014	NM_032014	NM_032014	Hs.284286	64951
NM_003764	NM_003764	NM_003764	Hs.118958	8676
NM_014604	NM_014604	NM_014604	Hs.12956	30851
NM_201400	NM_201400	NM_201400	Hs.406461	196483
NM_024567	NM_024567	NM_024567	Hs.591836	79618
NM_001335	NM_001335	NM_001335	Hs.416848	1521
TCONS_00014570			NA	
NM_139155	NM_139155	NM_139155	Hs.352156	140766
NM_176818	NM_176818	NM_176818	Hs.728777	283459
NM_003560	NM_003560	NM_003560	Hs.170479	8398
NM_018455	NM_018455	NM_018455	Hs.726537	55839
ENST00000481658		AB053315	Hs.471130	150864
NM_001040438	NM_001040438	NM_001040438	Hs.640836	50854
NM_002121	NM_002121	NM_002121	Hs.485130	3115
NM_182838	NM_182838	NM_182838	Hs.707620	9906
AK097493		AK097493	Hs.443685	NA
NM_021007	NM_021007	NM_021007	Hs.93485	6326
NM_002099	NM_002099	NM_002099	Hs.434973	2993
ENST00000429480	XR_109862	XR_109862	Hs.185688	NA
NR_036515	NR_036515	NR_036515	Hs.436426	284454
TCONS_00004332			NA	
XR_133505	XR_133505	XR_133505		NA
NM_178273	NM_178273	NM_178273	Hs.444407	29992
NM_178171	NM_178171	NM_178171	Hs.448873	284110
TCONS_00014981			NA	
NM_021088	NM_021088	NM_021088	Hs.590916	7549
NM_206949	NM_206949	NM_206949	Hs.19414	122509
TCONS_00021009			NA	

NM_006909	NM_006909	NM_006909	Hs.162129	5924
NM_005759	NM_005759	NM_005759	Hs.471156	10152
NM_016290	NM_016290	NM_016290	Hs.232721	51720
ENST00000408998				55339
NM_015409	NM_015409	NM_015409	Hs.595201	57634
NM_001145268	NM_001145268	NM_001145268	Hs.202543	222234
NM_003980	NM_003980	NM_003980	Hs.486548	9053
NM_145233	NM_145233	NM_145233	Hs.512823	90589
NM_001105521	NM_001105521	NM_001105521	Hs.106254	282973
ENST00000342294		U87836	Hs.533122	6434
NM_005583	NM_005583	NM_005583	Hs.46446	4066
NM_020924	NM_020924	NM_020924	Hs.5638	57684
THC2777210				NA
NM_003283	NM_003283	NM_003283	Hs.631558	7138
NM_006328	NM_006328	NM_006328	Hs.714949	10432
ENST00000433825				NA
NM_014653	NM_014653	NM_014653	Hs.143591	9671
NR_003271	NR_003271	NR_003271	Hs.658815	26851
TCONS_00023094				NA
NM_033059	NM_033059	NM_033059	Hs.307015	653240
NR_024872	NR_024872	NR_024872	Hs.645492	92014
NM_000898	NM_000898	NM_000898	Hs.654473	4129
NM_020801	NM_020801	NM_020801	Hs.24684	57561
				NA
NM_020408	NM_020408	NM_020408	Hs.387755	57128
NR_024380	NR_024380	NR_024380	Hs.255729	441666
ENST00000428056		AF050145		3423
NM_001527	NM_001527	NM_001527	Hs.3352	3066
NM_001855	NM_001855	NM_001855	Hs.409034	1306
NM_024772	NM_024772	NM_024772	Hs.471243	79830
XR_109143	XR_109143	XR_109143		NA
NM_032361	NM_032361	NM_032361	Hs.484227	84321
NM_001243765	NM_001243765	NM_001243765	Hs.585378	9910
NM_013300	NM_013300	NM_013300	Hs.436618	29902
ENST00000460355	XR_133285	XR_133285	Hs.408054	65065
NM_031300	NM_031300	NM_031300	Hs.726161	83463
NR_027123	NR_027123	NR_027123		NA
NM_000197	NM_000197	NM_000197	Hs.477	3293
NM_002797	NM_002797	NM_002797	Hs.422990	5693
ENST00000400839		AK096952	Hs.632605	NA
NM_004421	NM_004421	NM_004421	Hs.730615	1855
NM_003682	NM_003682	NM_003682	Hs.82548	8567
NM_212479	NM_212479	NM_212479	Hs.292265	10771
NM_173562	NM_173562	NM_173562	Hs.188757	222658

NM_000437	NM_000437	NM_000437	Hs.477083	5051
XR_110918	XR_110918	XR_110918		NA
NM_033199	NM_033199	NM_033199	Hs.631914	90226
NR_015376	NR_015376	NR_015376	Hs.721191	399706
NM_052999	NM_052999	NM_052999	Hs.698621	113540
NM_207401	NM_207401	NM_207401	Hs.456511	388759
NM_000179	NM_000179	NM_000179	Hs.445052	2956
ENST00000439964	XR_109942	XR_109942		NA
NM_001103167	NM_001103167	NM_001103167	Hs.709296	100125288
NM_182491	NM_182491	NM_182491	Hs.648111	90637
NM_005496	NM_005496	NM_005496	Hs.58992	10051
NM_002332	NM_002332	NM_002332	Hs.162757	4035
ENST00000383418		AJ245419	Hs.247883	NA
NM_022770	NM_022770	NM_022770	Hs.47125	64785
NM_001789	NM_001789	NM_001789	Hs.437705	993
NM_173200	NM_173200	NM_173200	Hs.279522	8013
NM_014326	NM_014326	NM_014326	Hs.237886	23604
ENST00000396184		AK126467	Hs.290550	5137
NM_006891	NM_006891	NM_006891	Hs.546247	1421
ENST00000507579		BX110533	Hs.635578	NA
NM_005325	NM_005325	NM_005325	Hs.150206	3024
NM_022833	NM_022833	NM_022833	Hs.522401	64855
NM_002697	NM_002697	NM_002697	Hs.283402	5451
NM_032424	NM_032424	NM_032424	Hs.266782	84437
NM_130847	NM_130847	NM_130847	Hs.503594	154810
NM_032776	NM_032776	NM_032776	Hs.413416	221037
NM_003943	NM_003943	NM_003943	Hs.109590	8987
NM_001190981	NM_001190981	NM_001190981	Hs.532082	3572
NM_017998	NM_017998	NM_017998	Hs.532296	55071
NM_001164586	NM_001164586	NM_001164586	Hs.519024	91156
NM_030940	NM_030940	NM_030940	Hs.449291	81689
NM_198159	NM_198159	NM_198159	Hs.166017	4286
NM_182919	NM_182919	NM_182919	Hs.29344	148022
BF683093		BF683093	Hs.604234	NA
TCONS_I2_00010135				NA
NM_080749	NM_080749	NM_080749	Hs.517094	140825
NM_025214	NM_025214	NM_025214	Hs.120790	80323
NM_018659	NM_018659	NM_018659	Hs.13872	54360
NM_006840	NM_006840	NM_006840	Hs.655338	10990
TCONS_00008969				NA
NM_001444	NM_001444	NM_001444	Hs.408061	2171
NM_001014279	NM_001014279	NM_001014279	Hs.529385	389289
NM_013313	NM_013313	NM_013313	Hs.517436	29799
NM_001001551	NM_001001551	NM_001001551	Hs.530261	414328

NM_017780	NM_017780	NM_017780	Hs.20395	55636
NM_032180	NM_032180	NM_032180	Hs.440466	84140
TCONS_00024435				NA
NM_005686	NM_005686	NM_005686	Hs.201671	9580
NM_003617	NM_003617	NM_003617	Hs.24950	8490
NM_144575	NM_144575	NM_144575	Hs.660911	92291
NR_015363	NR_015363	NR_015363	Hs.721511	NA
ENST00000414210		BC039095	Hs.250839	NA
NM_001007027	NM_001007027	NM_001007027	Hs.503368	79053
NM_030979	NM_030979	NM_030979	Hs.458280	5042
NM_012326	NM_012326	NM_012326	Hs.515860	22924
THC2767054				NA
NR_038827	NR_038827	NR_038827	Hs.568643	100130197
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_004310	NM_004310	NM_004310	Hs.654594	399
TCONS_00006196				NA
NM_002979	NM_002979	NM_002979	Hs.476365	6342
NM_139015	NM_139015	NM_139015	Hs.507087	121665
NM_006823	NM_006823	NM_006823	Hs.433700	5569
NM_206827	NM_206827	NM_206827	Hs.192131	387496
NM_012236	NM_012236	NM_012236	Hs.571874	22955
NM_030641	NM_030641	NM_030641	Hs.257352	80830
NM_002429	NM_002429	NM_002429	Hs.591033	4327
NM_000298	NM_000298	NM_000298	Hs.95990	5313
NM_014344	NM_014344	NM_014344	Hs.39384	24147
NM_020664	NM_020664	NM_020664	Hs.628831	26063
THC2690732				NA
NR_033908	NR_033908	NR_033908	Hs.650882	NA
ENST00000487043				55037
AF113016		AF113016		NA
NM_031945	NM_031945	NM_031945	Hs.208219	83882
BG211210		BG211210	Hs.648607	NA
NM_001018004	NM_001018004	NM_001018004	Hs.133892	7168
NM_021785	NM_021785	NM_021785	Hs.446680	10742
NM_194320	NM_194320	NM_194320	Hs.387623	169841
NM_207381	NM_207381	NM_207381	Hs.306343	388121
NM_031464	NM_031464	NM_031464	Hs.414481	83694
NM_003149	NM_003149	NM_003149	Hs.56045	6769
NM_001003408	NM_001003408	NM_001003408	Hs.438236	3983
NM_032641	NM_032641	NM_032641	Hs.479856	84727
NM_001012421	NM_001012421	NM_001012421	Hs.709909	NA
NM_001001417	NM_001001417	NM_001001417	Hs.454713	414059
NM_000254	NM_000254	NM_000254	Hs.498187	4548
NM_003724	NM_003724	NM_003724	Hs.535903	8629

NM_033211	NM_033211	NM_033211	Hs.482976	90355
NM_001018104	NM_001018104	NM_001018104	Hs.513265	81889
BC012894		BC012894	Hs.400876	388796
NM_138471	NM_138471	NM_138471	Hs.502793	144097
NM_030956	NM_030956	NM_030956	Hs.120551	81793
NM_001363	NM_001363	NM_001363	Hs.4747	1736
ENST00000394810				79933
AK129682		AK129682	Hs.689426	100507236
NM_003217	NM_003217	NM_003217	Hs.730613	7009
XR_132464	XR_132464	XR_132464	Hs.520384	401357
NM_015463	NM_015463	NM_015463	Hs.212885	25927
NM_207309	NM_207309	NM_207309	Hs.142076	91373
BC030094		BC030094	Hs.498418	NA
NM_013260	NM_013260	NM_013260	Hs.655088	29115
NM_005814	NM_005814	NM_005814	Hs.651244	10223
NR_033908	NR_033908	NR_033908	Hs.527521	100288069
NM_006256	NM_006256	NM_006256	Hs.440833	5586
NM_021135	NM_021135	NM_021135	Hs.655277	6196
NM_001004492	NM_001004492	NM_001004492	Hs.446999	127623
NM_014350	NM_014350	NM_014350	Hs.656274	25816
NR_028502	NR_028502	NR_028502	Hs.597755	84981
NM_032242	NM_032242	NM_032242	Hs.432329	5361
XM_003118581	XM_003118581	XM_003118581	Hs.669210	NA
NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	NA
NM_001199417	NM_001199417	NM_001199417	Hs.374446	57636
NM_001556	NM_001556	NM_001556	Hs.597664	3551
NM_000361	NM_000361	NM_000361	Hs.2030	7056
NM_133452	NM_133452	NM_133452	Hs.707428	125950
NM_144703	NM_144703	NM_144703	Hs.105379	149986
ENST00000360954		AK023723	Hs.48384	9953
ENST00000411733		GD257545	Hs.637192	NA
XR_112106	XR_112106	XR_112106	Hs.504540	284561
NM_172215	NM_172215	NM_172215	Hs.297343	10645
NM_020647	NM_020647	NM_020647	Hs.657367	56704
AK056201		AK056201	Hs.529161	1
NM_144683	NM_144683	NM_144683	Hs.631760	147015
NM_001040694	NM_001040694	NM_001040694	Hs.142179	3619
AK123450		AK123450	Hs.536063	645195
NR_003255	NR_003255	NR_003255		NA
NM_001039396	NM_001039396	NM_001039396	Hs.730677	219972
NM_016651	NM_016651	NM_016651	Hs.48950	51339
NM_182739	NM_182739	NM_182739	Hs.493668	4712
NM_152485	NM_152485	NM_152485	Hs.497642	148304
AK096924		AK096924	Hs.517601	5880

NM_022908	NM_022908	NM_022908	Hs.84753	64943
NM_001039127	NM_001039127	NM_001039127	Hs.636638	255403
TCONS_I2_00029068				NA
NM_003798	NM_003798	NM_003798	Hs.58488	8727
THC2689015				NA
NM_006070	NM_006070	NM_006070	Hs.518123	10342
NM_002116	NM_002116	NM_002116	Hs.181244	3105
XR_109421	XR_109421	XR_109421		NA
TCONS_00027298				NA
NM_001548	NM_001548	NM_001548	Hs.20315	3434
NM_015908	NM_015908	NM_015908	Hs.111801	51593
NM_145343	NM_145343	NM_145343	Hs.114309	8542
NM_004867	NM_004867	NM_004867	Hs.17109	9452
NM_003528	NM_003528	NM_003528	Hs.2178	8349
NR_015341	NR_015341	NR_015341	Hs.568209	147172
				NA
AB014771		AB014771	Hs.679418	643616
				NA
NM_002405	NM_002405	NM_002405	Hs.517603	4242
NR_038842	NR_038842	NR_038842		NA
BC068609		BC068609		NA
AK310041		AK310041	Hs.672754	NA
NR_002741	NR_002741	NR_002741	Hs.692800	NA
NM_199342	NM_199342	NM_199342	Hs.113919	374969
NM_001171832	NM_001171832	NM_001171832	Hs.272294	245934
TCONS_I2_00029480				NA
NM_003621	NM_003621	NM_003621	Hs.655714	8495
TCONS_00014152				NA
NM_153257	NM_153257	NM_153257	Hs.590972	92283
NM_004870	NM_004870	NM_004870	Hs.246381	9526
NR_003365	NR_003365	NR_003365	Hs.442781	283507
XR_110349	XR_110349	XR_110349		NA
NM_000597	NM_000597	NM_000597	Hs.438102	3485
NM_001039966	NM_001039966	NM_001039966	Hs.20961	2852
NM_004722	NM_004722	NM_004722	Hs.632317	9179
NM_001004317	NM_001004317	NM_001004317	Hs.23616	389421
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_018117	NM_018117	NM_018117	Hs.144447	55717
NM_006357	NM_006357	NM_006357	Hs.470804	10477
NR_026543	NR_026543	NR_026543	Hs.375120	114041
NM_201589	NM_201589	NM_201589	Hs.521914	389692
NM_005532	NM_005532	NM_005532	Hs.532634	3429
NR_003260	NR_003260	NR_003260	Hs.567763	196968
NM_133629	NM_133629	NM_133629	Hs.631757	5892

NM_052852	NM_052852	NM_052852	Hs.590991	90649
NM_005318	NM_005318	NM_005318	Hs.226117	3005
NM_024319	NM_024319	NM_024319	Hs.726193	79169
NM_194247	NM_194247	NM_194247	Hs.516539	220988
ENST00000418837		AJ606331	Hs.555076	NA
NM_206962	NM_206962	NM_206962	Hs.154163	3275
NM_152531	NM_152531	NM_152531	Hs.478741	152002
NM_001040445	NM_001040445	NM_001040445	Hs.516788	51665
NM_001042429	NM_001042429	NM_001042429	Hs.6799	283742
AF113687		AF113687	Hs.608775	51217
NM_024028	NM_024028	NM_024028	Hs.644397	78991
NM_018670	NM_018670	NM_018670	Hs.447531	55897
NM_022780	NM_022780	NM_022780	Hs.75277	64795
NM_007001	NM_007001	NM_007001	Hs.494556	11046
NM_014866	NM_014866	NM_014866	Hs.522500	9919
NM_014172	NM_014172	NM_014172	Hs.409834	29085
TCONS_I2_00026655				NA
NM_006185	NM_006185	NM_006185	Hs.325978	4926
NM_001017977	NM_001017977	NM_001017977	Hs.435741	55827
NM_002562	NM_002562	NM_002562	Hs.729169	5027
NM_005030	NM_005030	NM_005030	Hs.592049	5347
NM_004044	NM_004044	NM_004044	Hs.90280	471
NR_029401	NR_029401	NR_029401	Hs.652849	731275
NM_001905	NM_001905	NM_001905	Hs.473087	1503
NM_145257	NM_145257	NM_145257	Hs.708367	126731
NM_001739	NM_001739	NM_001739	Hs.177446	763
ENST00000429274	XR_132593	XR_132593	Hs.370479	NA
ENST00000430316				NA
NR_024361	NR_024361	NR_024361	Hs.656318	286042
NM_172374	NM_172374	NM_172374	Hs.574492	259307
TCONS_00018093				NA
NR_015353	NR_015353	NR_015353	Hs.623708	NA
NM_005012	NM_005012	NM_005012	Hs.654491	4919
ENST00000440604				NA
NM_015832	NM_015832	NM_015832	Hs.25674	8932
THC2702246				NA
NM_182640	NM_182640	NM_182640	Hs.590900	64965
NR_024420	NR_024420	NR_024420	Hs.434403	389634
NM_199287	NM_199287	NM_199287	Hs.405942	339230
NM_032611	NM_032611	NM_032611	Hs.43666	11156
NM_133456	NM_133456	NM_133456	Hs.519574	134549
NM_015302	NM_015302	NM_015302	Hs.7426	23354
NM_032784	NM_032784	NM_032784	Hs.135254	84870
NM_004965	NM_004965	NM_004965	Hs.356285	3150

NM_013376	NM_013376	NM_013376	Hs.269898	29950
NM_001145353	NM_001145353	NM_001145353	Hs.135646	1997
NR_003242	NR_003242	NR_003242	Hs.632440	767846
NM_001040034	NM_001040034	NM_001040034	Hs.445570	967
NM_000419	NM_000419	NM_000419	Hs.411312	3674
NM_002049	NM_002049	NM_002049	Hs.765	2623
NM_006015	NM_006015	NM_006015	Hs.468972	8289
XR_109905	XR_109905	XR_109905		NA
NM_032985	NM_032985	NM_032985	Hs.369373	10483
NM_022051	NM_022051	NM_022051	Hs.444450	54583
NM_005204	NM_005204	NM_005204	Hs.432453	1326
NM_001009183	NM_001009183	NM_001009183	Hs.652307	NA
NM_003922	NM_003922	NM_003922	Hs.210385	8925
NR_024397	NR_024397	NR_024397	Hs.647195	NA
BC029410		BC029410	Hs.544999	NA
NM_017636	NM_017636	NM_017636	Hs.467101	54795
XR_110494	XR_110494	XR_110494	Hs.655156	NA
NM_017916	NM_017916	NM_017916	Hs.5245	55011
NM_002356	NM_002356	NM_002356	Hs.519909	4082
NM_005931	NM_005931	NM_005931	Hs.130838	4277
ENST00000422638				NA
NM_170681	NM_170681	NM_170681	Hs.277154	84340
NM_024569	NM_024569	NM_024569	Hs.493919	9019
NR_038849	NR_038849	NR_038849	Hs.445045	NA
ENST00000421003		AK022825	Hs.720494	NA
NM_080654	NM_080654	NM_080654	Hs.143733	91057
NM_024536	NM_024536	NM_024536	Hs.516711	79586
NR_034022	NR_034022	NR_034022		100131257
NR_027655	NR_027655	NR_027655	Hs.154276	571
NM_015545	NM_015545	NM_015545	Hs.632313	26024
NR_015404	NR_015404	NR_015404	Hs.333120	NA
NM_014850	NM_014850	NM_014850	Hs.654743	9901
NM_003679	NM_003679	NM_003679	Hs.725604	8564
NR_040039	NR_040039	NR_040039	Hs.650222	157273
BC049373		BC049373	Hs.420716	NA
NM_199040	NM_199040	NM_199040	Hs.506325	11163
NM_134470	NM_134470	NM_134470	Hs.478673	3556
NR_040115	NR_040115	NR_040115		NA
NR_037178	NR_037178	NR_037178		NA
XR_108915	XR_108915	XR_108915	Hs.450280	NA
NM_020117	NM_020117	NM_020117	Hs.432674	51520
NM_017514	NM_017514	NM_017514	Hs.632839	55558
NM_145256	NM_145256	NM_145256	Hs.332156	126364
NM_004898	NM_004898	NM_004898	Hs.436975	9575

NM_022662	NM_022662	NM_022662	Hs.436527	NA
TCONS_00028330				NA
TCONS_I2_00011143				NA
NM_014062	NM_014062	NM_014062	Hs.271695	28987
NM_001127232	NM_001127232	NM_001127232	Hs.21631	26053
NM_001134434	NM_001134434	NM_001134434	Hs.523009	9806
NM_002592	NM_002592	NM_002592	Hs.147433	5111
NM_138787	NM_138787	NM_138787		NA
NM_003318	NM_003318	NM_003318	Hs.169840	7272
XR_109047	XR_109047	XR_109047	Hs.559970	399886
NM_016040	NM_016040	NM_016040	Hs.482873	50999
NM_003842	NM_003842	NM_003842	Hs.521456	8795
NM_152727	NM_152727	NM_152727	Hs.339809	221184
NM_001168399	NM_001168399	NM_001168399	Hs.398989	84707
NM_020896	NM_020896	NM_020896	Hs.436166	114879
NM_014931	NM_014931	NM_014931	Hs.515610	22870
NM_001042440	NM_001042440	NM_001042440	Hs.436186	831
NM_014715	NM_014715	NM_014715	Hs.440379	9743
NM_000553	NM_000553	NM_000553	Hs.632050	7486
BF733045		BF733045	Hs.650086	NA
NM_005493	NM_005493	NM_005493	Hs.708182	10048
NM_001169107	NM_001169107	NM_001169107	Hs.365286	253725
NM_002235	NM_002235	NM_002235	Hs.306190	NA
NM_000997	NM_000997	NM_000997	Hs.80545	6167
ENST00000502952				NA
NM_001142807	NM_001142807	NM_001142807	Hs.253320	55289
NM_012124	NM_012124	NM_012124	Hs.22857	NA
NM_018380	NM_018380	NM_018380	Hs.458313	55794
NM_004738	NM_004738	NM_004738	Hs.182625	9217
NM_152911	NM_152911	NM_152911	Hs.532469	196743
NM_005726	NM_005726	NM_005726	Hs.632704	10102
NM_014067	NM_014067	NM_014067	Hs.602898	28992
AK024487		AK024487	Hs.343828	90850
NR_003595	NR_003595	NR_003595	Hs.567757	168448
NM_153831	NM_153831	NM_153831	Hs.395482	5747
NM_003029	NM_003029	NM_003029	Hs.433795	6464
NM_173197	NM_173197	NM_173197	Hs.97044	30819
NM_176880	NM_176880	NM_176880	Hs.708153	126382
NM_032778	NM_032778	NM_032778	Hs.570562	84864
ENST00000442192		BX457161	Hs.721707	NA
NM_001444	NM_001444	NM_001444	Hs.408061	2171
NM_001008401	NM_001008401	NM_001008401	Hs.433293	388561
NM_030667	NM_030667	NM_030667	Hs.160871	5800
NM_001165978	NM_001165978	NM_001165978	Hs.469313	150696

NM_006042	NM_006042	NM_006042	Hs.462270	9955
AK022140		AK022140		NA
XR_133285	XR_133285	XR_133285		648771
NM_173500	NM_173500	NM_173500	Hs.646511	146057
TCONS_00024751				NA
NM_017762	NM_017762	NM_017762	Hs.30141	54893
NM_006813	NM_006813	NM_006813	Hs.75969	10957
NM_006865	NM_006865	NM_006865	Hs.113277	11026
AK310041		AK310041	Hs.672754	NA
ENST00000374945		AK128457		NA
NM_016594	NM_016594	NM_016594	Hs.655103	51303
NM_144962	NM_144962	NM_144962	Hs.491242	157310
AK126997		AK126997		100130430
AK093279		AK093279		NA
NM_000246	NM_000246	NM_000246	Hs.701991	4261
ENST00000456771				NA
NM_005842	NM_005842	NM_005842	Hs.18676	10253
NM_001161528	NM_001161528	NM_001161528	Hs.671729	401387
NM_000544	NM_000544	NM_000544	Hs.502	6891
ENST00000442780				NA
				NA
TCONS_00020094				NA
NM_017635	NM_017635	NM_017635	Hs.632120	51111
NM_145637	NM_145637	NM_145637	Hs.474740	23780
NM_005236	NM_005236	NM_005236	Hs.567265	2072
NM_032846	NM_032846	NM_032846	Hs.22399	84932
ENST00000322834		AK298929	Hs.439551	201514
NM_015944	NM_015944	NM_015944	Hs.433499	51005
ENST00000451399		AK125228	Hs.485434	23113
NM_001143759	NM_001143759	NM_001143759	Hs.119897	80313
NM_002602	NM_002602	NM_002602	Hs.654482	5148
THC2541884				NA
NM_001172655	NM_001172655	NM_001172655	Hs.235167	55762
NM_020406	NM_020406	NM_020406	Hs.232165	57126
AK130436		AK130436	Hs.689344	644686
NM_130759	NM_130759	NM_130759	Hs.647087	170575
NM_002856	NM_002856	NM_002856	Hs.655455	5819
NM_000982	NM_000982	NM_000982	Hs.381123	6144
AJ291676		AJ291676	Hs.591395	157740
ENST00000529743				NA
NM_014772	NM_014772	NM_014772	Hs.145230	9811
ENST00000427722				NA
NM_001017928	NM_001017928	NM_001017928	Hs.220594	131076
TCONS_00023783				NA

NR_015379	NR_015379	NR_015379	Hs.644234	652995
BC069683		BC069683	Hs.662841	NA
NM_017785	NM_017785	NM_017785	Hs.368710	54908
NM_052969	NM_052969	NM_052969	Hs.647900	116832
NM_015215	NM_015215	NM_015215	Hs.397705	23261
BC006438		BC006438	Hs.649184	100132167
NM_001634	NM_001634	NM_001634	Hs.159118	262
NM_003011	NM_003011	NM_003011	Hs.436687	6418
NM_003203	NM_003203	NM_003203	Hs.303808	6936
NM_000143	NM_000143	NM_000143	Hs.592490	2271
NM_004093	NM_004093	NM_004093	Hs.149239	1948
NM_020733	NM_020733	NM_020733	Hs.477420	57493
NM_006824	NM_006824	NM_006824	Hs.346868	10969
ENST00000444037	XR_108336	XR_108336	Hs.657705	NA
NM_001159531	NM_001159531	NM_001159531	Hs.211751	57596
NR_034096	NR_034096	NR_034096		NA
NM_015204	NM_015204	NM_015204	Hs.120855	221981
NM_001017922	NM_001017922	NM_001017922	Hs.439437	114625
AK092544		AK092544	Hs.638992	100131581
NM_001243564	NM_001243564	NM_001243564	Hs.369385	79947
NM_001039464	NM_001039464	NM_001039464	Hs.412482	374977
NM_030573	NM_030573	NM_030573	Hs.512756	80764
THC2707941				NA
				NA
NM_031407	NM_031407	NM_031407	Hs.136905	10075
NM_000026	NM_000026	NM_000026	Hs.75527	158
XR_132900	XR_132900	XR_132900		NA
BC024246		BC024246		NA
NR_027045	NR_027045	NR_027045	Hs.568595	644997
NM_014252	NM_014252	NM_014252	Hs.646645	10166
NM_203282	NM_203282	NM_203282	Hs.729302	9534
NM_175736	NM_175736	NM_175736	Hs.179838	91010
NM_080876	NM_080876	NM_080876	Hs.132237	142679
				NA
NM_000071	NM_000071	NM_000071	Hs.533013	875
NM_152852	NM_152852	NM_152852	Hs.523702	64231
NM_001748	NM_001748	NM_001748	Hs.350899	824
NM_015695	NM_015695	NM_015695	Hs.520096	27154
NM_020456	NM_020456	NM_020456	Hs.44235	57213
NM_153367	NM_153367	NM_153367	Hs.523080	219654
NM_134269	NM_134269	NM_134269	Hs.149098	6525
NM_001164440	NM_001164440	NM_001164440	Hs.26039	651746
NM_001512	NM_001512	NM_001512	Hs.485557	2941
NM_001086521	NM_001086521	NM_001086521	Hs.356545	284184

NM_080737	NM_080737	NM_080737	Hs.592224	94121
AK094921		AK094921	Hs.588117	100131763
NM_003488	NM_003488	NM_003488	Hs.463506	8165
NR_038831	NR_038831	NR_038831	Hs.610216	100133311
NM_001145710	NM_001145710	NM_001145710		NA
NM_021100	NM_021100	NM_021100	Hs.194692	9054
NM_182488	NM_182488	NM_182488	Hs.42400	219333
NM_016069	NM_016069	NM_016069	Hs.730693	51025
NR_002221	NR_002221	NR_002221		503645
NM_207435	NM_207435	NM_207435	Hs.44817	400073
NM_145170	NM_145170	NM_145170	Hs.591367	118491
				NA
NM_001031689	NM_001031689	NM_001031689	Hs.27182	9373
NM_153211	NM_153211	NM_153211	Hs.128576	125488
NM_152431	NM_152431	NM_152431	Hs.660188	143689
AF289562		AF289562	Hs.729752	NA
ENST00000376376				56952
NM_019020	NM_019020	NM_019020	Hs.369819	125058
ENST00000446053				NA
NM_006983	NM_006983	NM_006983	Hs.192316	8510
NM_020937	NM_020937	NM_020937	Hs.509229	57697
XR_109456	XR_109456	XR_109456		NA
NM_001385	NM_001385	NM_001385	Hs.443161	1807
NM_016238	NM_016238	NM_016238	Hs.719935	51434
NM_015040	NM_015040	NM_015040	Hs.173939	200576
NM_022744	NM_022744	NM_022744	Hs.9003	64755
NM_001162997	NM_001162997	NM_001162997	Hs.662541	100130933
NR_033896	NR_033896	NR_033896		NA
TCONS_I2_00007206				NA
				NA
NR_027451	NR_027451	NR_027451	Hs.401218	647979
ENST00000412091				NA
NR_040662	NR_040662	NR_040662	Hs.728757	10866
NM_006585	NM_006585	NM_006585	Hs.125113	10694
NM_000745	NM_000745	NM_000745	Hs.1614	1138
NM_004529	NM_004529	NM_004529	Hs.591085	4300
NR_034107	NR_034107	NR_034107	Hs.12326	NA
NM_014053	NM_014053	NM_014053	Hs.7055	28982
NM_001104587	NM_001104587	NM_001104587	Hs.730812	91607
BC038559		BC038559	Hs.529860	NA
NM_001201407	NM_001201407	NM_001201407	Hs.647385	197320
				NA
NM_001082486	NM_001082486	NM_001082486	Hs.78019	65057
ENST00000370958		AF498274	Hs.479658	57554

NM_004237	NM_004237	NM_004237	Hs.436187	9319
ENST00000398984	XM_003119183	XM_003119183	Hs.559934	NA
NM_004483	NM_004483	NM_004483	Hs.546256	2653
NM_152644	NM_152644	NM_152644	Hs.114648	196792
NM_016082	NM_016082	NM_016082	Hs.435952	51654
NM_025159	NM_025159	NM_025159	Hs.665009	80231
NM_001242524	NM_001242524	NM_001242524	Hs.347270	3113
TCONS_00025234				NA
NR_024052	NR_024052	NR_024052	Hs.485041	NA
NM_002647	NM_002647	NM_002647	Hs.464971	5289
TCONS_I2_00018962				NA
NM_016018	NM_016018	NM_016018	Hs.304362	51105
NM_032227	NM_032227	NM_032227	Hs.496572	84187
NM_001083112	NM_001083112	NM_001083112	Hs.512382	2820
NR_033245	NR_033245	NR_033245		641746
NM_020365	NM_020365	NM_020365	Hs.533549	8891
NR_002910	NR_002910	NR_002910	Hs.400876	NA
NM_014625	NM_014625	NM_014625	Hs.412710	7827
NM_001436	NM_001436	NM_001436	Hs.299002	2091
NM_020070	NM_020070	NM_020070	Hs.348935	3543
NM_032331	NM_032331	NM_032331	Hs.146161	9718
NM_004169	NM_004169	NM_004169	Hs.513987	6470
TCONS_00029212				NA
NM_020914	NM_020914	NM_020914	Hs.195642	57674
NM_001127211	NM_001127211	NM_001127211	Hs.501140	57698
NM_213607	NM_213607	NM_213607	Hs.730762	388389
NM_001080494	NM_001080494	NM_001080494	Hs.112949	22996
NM_001242840	NM_001242840	NM_001242840	Hs.376933	2987
NM_175850	NM_175850	NM_175850	Hs.713611	1789
NR_002185	NR_002185	NR_002185	Hs.327033	79315
NM_003235	NM_003235	NM_003235	Hs.654591	7038
NM_001002901	NM_001002901	NM_001002901	Hs.517422	127943
NM_020070	NM_020070	NM_020070	Hs.348935	3543
NM_181304	NM_181304	NM_181304	Hs.355935	122704
THC2779256				NA
NM_022362	NM_022362	NM_022362	Hs.500721	64210
NM_000534	NM_000534	NM_000534	Hs.111749	5378
NM_001033580	NM_001033580	NM_001033580	Hs.302051	80179
NM_000364	NM_000364	NM_000364	Hs.533613	7139
				NA
NM_001083602	NM_001083602	NM_001083602	Hs.494538	5727
NM_017515	NM_017515	NM_017515	Hs.524014	54733
NM_006669	NM_006669	NM_006669	Hs.667388	10859
NM_004494	NM_004494	NM_004494	Hs.506748	3068

ENST00000397846				3689
NM_016475	NM_016475	NM_016475	Hs.446850	51528
NM_005004	NM_005004	NM_005004	Hs.523215	4714
NR_002812	NR_002812	NR_002812	Hs.132807	352961
ENST00000553134		AF400485	Hs.728856	NA
NR_026640	NR_026640	NR_026640		7686
NM_001042603	NM_001042603	NM_001042603	Hs.76272	5927
NM_015131	NM_015131	NM_015131	Hs.709228	23160
ENST00000424407	XR_109700	XR_109700		NA
NR_003260	NR_003260	NR_003260	Hs.585319	196968
NM_182664	NM_182664	NM_182664	Hs.497579	83593
ENST00000376410		BX537570		57584
NM_003538	NM_003538	NM_003538	Hs.248178	8359
NM_014686	NM_014686	NM_014686	Hs.330073	9710
AK127969		AK127969		100128202
NM_015107	NM_015107	NM_015107	Hs.133352	23133
NM_005375	NM_005375	NM_005375	Hs.606320	4602
NM_022451	NM_022451	NM_022451	Hs.74899	64318
THC2555583				NA
NM_012087	NM_012087	NM_012087	Hs.495417	9328
TCONS_00002142				NA
				NA
				NA
NM_012291	NM_012291	NM_012291	Hs.153479	9700
ENST00000449154		AA397625	Hs.371879	NA
ENST00000370131		M19301	Hs.709187	1629
NM_005022	NM_005022	NM_005022	Hs.494691	5216
NM_030798	NM_030798	NM_030798	Hs.723684	81554
NM_024042	NM_024042	NM_024042	Hs.533772	79006
NR_034125	NR_034125	NR_034125	Hs.617801	NA
NM_006272	NM_006272	NM_006272	Hs.422181	6285
NM_012261	NM_012261	NM_012261	Hs.22920	24141
NM_080599	NM_080599	NM_080599	Hs.370689	26019
NM_001007094	NM_001007094	NM_001007094	Hs.278064	NA
NM_018420	NM_018420	NM_018420	Hs.125482	55356
NM_021976	NM_021976	NM_021976	Hs.388034	6257
ENST00000382674	XR_108541	XR_108541	Hs.666267	NA
NR_003341	NR_003341	NR_003341	Hs.605154	NA
XR_109511	XR_109511	XR_109511	Hs.157101	NA
NR_003584	NR_003584	NR_003584	Hs.535762	100093630
NM_001160305	NM_001160305	NM_001160305	Hs.460923	79918
NM_018958	NM_018958	NM_018958	Hs.649663	23742
NM_001160389	NM_001160389	NM_001160389		NA
AK097143		AK097143		NA

NM_000475	NM_000475	NM_000475	Hs.268490	190
NM_018984	NM_018984	NM_018984	Hs.199763	54434
NM_030938	NM_030938	NM_030938	Hs.444569	81671
NM_001039476	NM_001039476	NM_001039476	Hs.19699	8131
NM_015909	NM_015909	NM_015909	Hs.467759	51594
NM_017840	NM_017840	NM_017840	Hs.530734	54948
NM_032317	NM_032317	NM_032317	Hs.647046	84277
NM_001062	NM_001062	NM_001062	Hs.2012	6947
NM_002341	NM_002341	NM_002341	Hs.376208	4050
NM_001037537	NM_001037537	NM_001037537	Hs.498732	5264
NM_207103	NM_207103	NM_207103	Hs.462080	388325
NM_032899	NM_032899	NM_032899	Hs.379821	84985
NM_148175	NM_148175	NM_148175	Hs.438587	23759
NM_014697	NM_014697	NM_014697	Hs.655000	9722
NR_003255	NR_003255	NR_003255		NA
NM_018427	NM_018427	NM_018427	Hs.460078	54700
XR_110352	XR_110352	XR_110352	Hs.709845	283401
TCONS_00012134				NA
NM_018838	NM_018838	NM_018838	Hs.506374	55967
NM_001184997	NM_001184997	NM_001184997	Hs.446194	140545
NM_006216	NM_006216	NM_006216	Hs.38449	5270
NM_002068	NM_002068	NM_002068	Hs.73797	2769
NM_001712	NM_001712	NM_001712	Hs.512682	634
NM_031919	NM_031919	NM_031919	Hs.136901	83856
NM_002374	NM_002374	NM_002374	Hs.368281	4133
NM_002901	NM_002901	NM_002901	Hs.97887	5954
NM_004124	NM_004124	NM_004124	Hs.151413	2764
NM_001139459	NM_001139459	NM_001139459	Hs.368353	163882
TCONS_00010403				NA
NM_014176	NM_014176	NM_014176	Hs.5199	29089
NM_025074	NM_025074	NM_025074	Hs.369448	80144
NM_020817	NM_020817	NM_020817	Hs.477159	57577
ENST00000418309				NA
NM_022917	NM_022917	NM_022917	Hs.493709	65083
ENST00000485331		AK095679		84253
TCONS_I2_00011955				NA
				NA
ENST00000436046				10129
NM_001098824	NM_001098824	NM_001098824	Hs.709417	641649
NM_032351	NM_032351	NM_032351	Hs.462913	84311
AF370457		AF370457	Hs.131226	665
NM_001163771	NM_001163771	NM_001163771	Hs.390171	1302
NM_005772	NM_005772	NM_005772	Hs.194121	10171
NM_005456	NM_005456	NM_005456	Hs.234249	9479

NM_001037866	NM_001037866	NM_001037866	Hs.645445	729540
NM_023076	NM_023076	NM_023076	Hs.643536	64718
NM_022052	NM_022052	NM_022052	Hs.60386	56000
NM_000102	NM_000102	NM_000102	Hs.438016	1586
BC043205		BC043205	Hs.667366	340414
NM_153646	NM_153646	NM_153646	Hs.385530	123041
NM_001617	NM_001617	NM_001617	Hs.188528	119
NM_001102594	NM_001102594	NM_001102594	Hs.187058	NA
NM_194324	NM_194324	NM_194324	Hs.709594	286527
NM_001008393	NM_001008393	NM_001008393	Hs.380920	201725
NR_003561	NR_003561	NR_003561	Hs.148768	349152
NM_015315	NM_015315	NM_015315	Hs.292078	23367
NM_153827	NM_153827	NM_153827	Hs.443417	50488
NM_017491	NM_017491	NM_017491	Hs.128548	9948
				NA
TCONS_I2_00012635				NA
NM_001024227	NM_001024227	NM_001024227	Hs.286221	375
NM_025010	NM_025010	NM_025010	Hs.517946	23276
NM_003455	NM_003455	NM_003455	Hs.112556	7753
NM_145232	NM_145232	NM_145232	Hs.148425	90353
NM_001083614	NM_001083614	NM_001083614	Hs.620541	124454
NM_015383	NM_015383	NM_015383	Hs.714127	25832
NM_031420	NM_031420	NM_031420	Hs.288936	65005
NM_001099645	NM_001099645	NM_001099645	Hs.380933	200916
NM_006379	NM_006379	NM_006379	Hs.269109	10512
NM_002949	NM_002949	NM_002949	Hs.109059	6182
NM_005932	NM_005932	NM_005932	Hs.507498	4285
NM_015101	NM_015101	NM_015101	Hs.387995	23127
NM_024717	NM_024717	NM_024717	Hs.655087	79772
NR_038842	NR_038842	NR_038842		NA
NM_033304	NM_033304	NM_033304	Hs.709175	148
NM_033158	NM_033158	NM_033158	Hs.76873	8692
NM_024855	NM_024855	NM_024855	Hs.371585	79913
NM_003390	NM_003390	NM_003390	Hs.249441	7465
NM_207397	NM_207397	NM_207397	Hs.664836	388611
NM_014831	NM_014831	NM_014831	Hs.170999	9881
NM_021821	NM_021821	NM_021821	Hs.311072	60488
NR_033854	NR_033854	NR_033854	Hs.657060	283335
NM_004048	NM_004048	NM_004048	Hs.534255	567
NM_001244910	NM_001244910	NM_001244910	Hs.635062	NA
NM_012318	NM_012318	NM_012318	Hs.120165	3954
NR_003244	NR_003244	NR_003244	Hs.549606	768096
ENST00000518967		BX095488	Hs.571455	NA
ENST00000540599	XR_110433	XR_110433	Hs.713690	NA

NM_000755	NM_000755	NM_000755	Hs.12068	1384
NR_024061	NR_024061	NR_024061		503693
NR_034178	NR_034178	NR_034178	Hs.632517	647135
NM_001104647	NM_001104647	NM_001104647	Hs.144130	55186
NM_021254	NM_021254	NM_021254	Hs.5811	56683
NM_021183	NM_021183	NM_021183	Hs.119889	57826
NM_033111	NM_033111	NM_033111	Hs.507680	10443
NR_003319	NR_003319	NR_003319	Hs.712428	NA
NM_001035003	NM_001035003	NM_001035003	Hs.655705	80333
NM_014049	NM_014049	NM_014049	Hs.567482	28976
NR_028501	NR_028501	NR_028501	Hs.452575	347694
NM_001001660	NM_001001660	NM_001001660	Hs.209151	144363
NM_012292	NM_012292	NM_012292	Hs.465521	23526
NM_001353	NM_001353	NM_001353	Hs.460260	1645
NM_030567	NM_030567	NM_030567	Hs.534492	80758
ENST00000554129	XR_110290	XR_110290	Hs.728904	NA
NM_198253	NM_198253	NM_198253	Hs.492203	7015
				NA
NM_145018	NM_145018	NM_145018	Hs.165607	220042
NM_001673	NM_001673	NM_001673	Hs.489207	440
NM_004708	NM_004708	NM_004708	Hs.443831	9141
NM_080661	NM_080661	NM_080661	Hs.38085	92292
NM_002674	NM_002674	NM_002674	Hs.707990	5367
NM_020201	NM_020201	NM_020201	Hs.513977	56953
XR_108343	XR_108343	XR_108343	Hs.631791	642691
XR_109177	XR_109177	XR_109177	Hs.640255	390660
NM_031460	NM_031460	NM_031460	Hs.162282	89822
NR_027044	NR_027044	NR_027044	Hs.655746	440040
NM_024860	NM_024860	NM_024860	Hs.460923	79918
NM_002771	NM_002771	NM_002771	Hs.654513	5646
XR_110533	XR_110533	XR_110533	Hs.661469	100130428
NM_018708	NM_018708	NM_018708	Hs.515082	55527
ENST00000443467	XR_109905	XR_109905		NA
NM_001005	NM_001005	NM_001005	Hs.546286	6188
NR_015363	NR_015363	NR_015363	Hs.380240	389741
NM_018125	NM_018125	NM_018125	Hs.443460	55160
NM_145243	NM_145243	NM_145243	Hs.425769	115209
NM_003514	NM_003514	NM_003514	Hs.134999	8336
NM_003540	NM_003540	NM_003540	Hs.247816	8361
ENST00000440612				10669
NM_031451	NM_031451	NM_031451	Hs.97978	83639
NM_006281	NM_006281	NM_006281	Hs.492333	6788
NM_180991	NM_180991	NM_180991	Hs.127648	353189
NM_001010898	NM_001010898	NM_001010898	Hs.128382	388662

NM_003137	NM_003137	NM_003137	Hs.443861	6732
NM_001429	NM_001429	NM_001429	Hs.517517	2033
NM_004327	NM_004327	NM_004327	Hs.517461	613
				NA
NM_002862	NM_002862	NM_002862	Hs.368157	5834
NM_016055	NM_016055	NM_016055	Hs.503239	51642
NM_012395	NM_012395	NM_012395	Hs.258576	5218
ENST00000447999				NA
TCONS_00006915				NA
NM_001018116	NM_001018116	NM_001018116	Hs.99004	347273
NM_006084	NM_006084	NM_006084	Hs.1706	10379
NM_018252	NM_018252	NM_018252	Hs.445386	55248
NM_001198	NM_001198	NM_001198	Hs.436023	639
NM_015697	NM_015697	NM_015697	Hs.729069	27235
ENST00000513207		BC039514	Hs.407574	NA
NM_002906	NM_002906	NM_002906	Hs.263671	5962
NM_004311	NM_004311	NM_004311	Hs.182215	403
NM_015084	NM_015084	NM_015084	Hs.482491	23107
NM_013363	NM_013363	NM_013363	Hs.8944	26577
TCONS_00003868				NA
NM_177951	NM_177951	NM_177951	Hs.130036	5494
TCONS_00014807				NA
ENST00000453173		AK311502		NA
NM_015112	NM_015112	NM_015112	Hs.319481	23139
NM_016353	NM_016353	NM_016353	Hs.726197	51201
TCONS_I2_00030260				NA
NM_001079525	NM_001079525	NM_001079525	Hs.518774	10606
NM_000651	NM_000651	NM_000651	Hs.334019	1378
NM_144715	NM_144715	NM_144715	Hs.120196	151651
NM_138357	NM_138357	NM_138357	Hs.591366	90550
TCONS_00001714				NA
XR_110467	XR_110467	XR_110467		NA
THC2630254				NA
NM_031372	NM_031372	NM_031372	Hs.527105	9987
XR_110199	XR_110199	XR_110199	Hs.487182	401286
NM_014865	NM_014865	NM_014865	Hs.5719	9918
ENST00000437814		AK091261	Hs.243326	196074
NM_153339	NM_153339	NM_153339	Hs.400659	126789
NM_005762	NM_005762	NM_005762	Hs.467408	10155
NM_018150	NM_018150	NM_018150	Hs.456557	55182
NM_006397	NM_006397	NM_006397	Hs.532851	10535
ENST00000369242		AK056955	Hs.713623	51805
NR_040002	NR_040002	NR_040002	Hs.407570	255654
NM_001251	NM_001251	NM_001251	Hs.647419	968

NM_007261	NM_007261	NM_007261	Hs.9688	11314
NM_001244910	NM_001244910	NM_001244910	Hs.635062	NA
NM_016594	NM_016594	NM_016594	Hs.655103	51303
NM_001987	NM_001987	NM_001987	Hs.504765	2120
AK092783		AK092783	Hs.646699	283028
NM_024734	NM_024734	NM_024734	Hs.301478	79789
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.597835	NA
NM_003830	NM_003830	NM_003830	Hs.310333	8778
XR_132765	XR_132765	XR_132765		NA
BF570972		BF570972	Hs.446545	100170224
NM_024658	NM_024658	NM_024658	Hs.411865	79711
NM_018203	NM_018203	NM_018203	Hs.10414	55220
ENST00000456890	XM_003118594	XM_003118594	Hs.512544	NA
THC2676251				NA
NM_178833	NM_178833	NM_178833	Hs.546482	133308
NM_024312	NM_024312	NM_024312	Hs.46850	79158
NM_138722	NM_138722	NM_138722	Hs.210343	79370
NM_002574	NM_002574	NM_002574	Hs.180909	5052
NM_021194	NM_021194	NM_021194	Hs.519469	7779
NM_139279	NM_139279	NM_139279	Hs.730655	90411
NM_002100	NM_002100	NM_002100	Hs.654368	2994
NM_000530	NM_000530	NM_000530	Hs.591486	4359
NM_001938	NM_001938	NM_001938	Hs.348418	1810
NM_004925	NM_004925	NM_004925	Hs.234642	360
NR_033896	NR_033896	NR_033896		NA
NM_001128854	NM_001128854	NM_001128854	Hs.111801	51593
ENST00000434255		BY994446	Hs.583034	NA
NM_031965	NM_031965	NM_031965	Hs.534059	83903
NM_144666	NM_144666	NM_144666	Hs.720080	144132
NR_026854	NR_026854	NR_026854	Hs.383197	401127
NM_001959	NM_001959	NM_001959	Hs.421608	1933
NM_001037171	NM_001037171	NM_001037171	Hs.298885	23597
NM_020127	NM_020127	NM_020127	Hs.489922	7286
TCONS_I2_00030891				NA
NM_032333	NM_032333	NM_032333	Hs.500333	84293
NM_153240	NM_153240	NM_153240	Hs.511991	27031
NR_038924	NR_038924	NR_038924	Hs.569205	NA
NM_001098210	NM_001098210	NM_001098210	Hs.476018	1499
AI525606		AI525606	Hs.639935	NA
NR_038201	NR_038201	NR_038201		NA
NM_001034077	NM_001034077	NM_001034077	Hs.706635	554313
NR_003367	NR_003367	NR_003367	Hs.133107	5820
NM_025224	NM_025224	NM_025224	Hs.585028	140685
NM_006515	NM_006515	NM_006515	Hs.475300	6419

NM_020914	NM_020914	NM_020914	Hs.195642	NA
TCONS_00022896				NA
TCONS_00018357				NA
ENST00000442526				NA
NM_181877	NM_181877	NM_181877	Hs.728945	54993
NM_001655	NM_001655	NM_001655	Hs.33642	372
NM_018064	NM_018064	NM_018064	Hs.485915	55122
NM_024430	NM_024430	NM_024430	Hs.567384	9050
NM_004998	NM_004998	NM_004998	Hs.654506	4643
NM_004746	NM_004746	NM_004746	Hs.654793	9229
ENST00000445161	XR_110461	XR_110461		NA
NM_001242901	NM_001242901	NM_001242901	Hs.678135	100131094
NM_001128592	NM_001128592	NM_001128592	Hs.207069	389362
NM_032997	NM_032997	NM_032997	Hs.591363	11130
NM_021148	NM_021148	NM_021148	Hs.520889	10793
ENST00000429227				NA
NM_004946	NM_004946	NM_004946	Hs.586174	1794
NM_207352	NM_207352	NM_207352	Hs.587231	285440
NM_006887	NM_006887	NM_006887	Hs.503093	678
NM_001102426	NM_001102426	NM_001102426	Hs.442657	11138
				NA
NM_003370	NM_003370	NM_003370	Hs.515469	7408
NM_198514	NM_198514	NM_198514	Hs.369924	374354
ENST00000394488		AY358852	Hs.480596	9348
NM_001004051	NM_001004051	NM_001004051	Hs.522729	114928
NM_006045	NM_006045	NM_006045	Hs.649234	10079
NM_001242701	NM_001242701	NM_001242701	Hs.728788	NA
NM_015568	NM_015568	NM_015568	Hs.45719	26051
NR_003210	NR_003210	NR_003210		NA
NM_012393	NM_012393	NM_012393	Hs.573976	5198
NM_004785	NM_004785	NM_004785	Hs.440896	9351
NM_006351	NM_006351	NM_006351	Hs.465784	10469
TCONS_00024175				NA
AK126112		AK126112	Hs.655030	641737
NM_015231	NM_015231	NM_015231	Hs.643526	23279
NM_177995	NM_177995	NM_177995	Hs.437943	138639
NM_015160	NM_015160	NM_015160	Hs.495471	23203
NM_152622	NM_152622	NM_152622	Hs.657594	166968
NM_015169	NM_015169	NM_015169	Hs.71827	23212
NM_023080	NM_023080	NM_023080	Hs.169615	65265
NM_144963	NM_144963	NM_144963	Hs.459174	157769
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NM_001444	NM_001444	NM_001444	Hs.408061	2171
NM_024758	NM_024758	NM_024758	Hs.567583	79814

XR_108807	XR_108807	XR_108807	Hs.552129	157247
ENST00000493082				NA
NM_022353	NM_022353	NM_022353	Hs.60772	64172
NM_207446	NM_207446	NM_207446	Hs.27373	400451
AK096995		AK096995	Hs.647978	729558
XR_109753	XR_109753	XR_109753	Hs.405877	NA
NR_023312	NR_023312	NR_023312	Hs.618145	1153
NM_020954	NM_020954	NM_020954	Hs.195642	57674
TCONS_00013572				NA
NM_031954	NM_031954	NM_031954	Hs.524731	83892
				NA
EB385853		EB385853	Hs.642114	NA
NM_001100422	NM_001100422	NM_001100422	Hs.120323	26010
NM_001033575	NM_001033575	NM_001033575	Hs.369297	285193
NM_024787	NM_024787	NM_024787	Hs.151237	79845
NM_001634	NM_001634	NM_001634	Hs.159118	262
NM_001025357	NM_001025357	NM_001025357	Hs.437551	441376
ENST00000434562				NA
AK124265		AK124265	Hs.718640	100131490
ENST00000439362	XR_109905	XR_109905	Hs.562920	NA
NM_032356	NM_032356	NM_032356	Hs.565094	84316
NR_038206	NR_038206	NR_038206		NA
NM_003465	NM_003465	NM_003465	Hs.201688	1118
NM_021810	NM_021810	NM_021810	Hs.729046	60437
				NA
BG036557		BG036557	Hs.662029	NA
NM_006194	NM_006194	NM_006194	Hs.132576	5083
NM_016207	NM_016207	NM_016207	Hs.515972	51692
NM_001033	NM_001033	NM_001033	Hs.445705	6240
AK127110		AK127110	Hs.145284	100129888
ENST00000436714		BG209803	Hs.571244	NA
NR_040050	NR_040050	NR_040050	Hs.514518	NA
NM_018695	NM_018695	NM_018695	Hs.591774	55914
NM_004259	NM_004259	NM_004259	Hs.632229	9400
NM_024591	NM_024591	NM_024591	Hs.514560	79643
NR_033847	NR_033847	NR_033847	Hs.535286	NA
NM_016014	NM_016014	NM_016014	Hs.380389	51104
NM_015029	NM_015029	NM_015029	Hs.252828	10940
NR_026849	NR_026849	NR_026849	Hs.657197	147525
NM_025152	NM_025152	NM_025152	Hs.288981	80224
NR_026676	NR_026676	NR_026676	Hs.367935	256355
NM_006190	NM_006190	NM_006190	Hs.444870	4999
NM_001190987	NM_001190987	NM_001190987	Hs.479693	9295
NM_001039844	NM_001039844	NM_001039844	Hs.644598	414149

NM_182487	NM_182487	NM_182487	Hs.357004	169611
NM_016510	NM_016510	NM_016510	Hs.471785	51540
ENST00000359193		L19778	Hs.51011	NA
NM_058190	NM_058190	NM_058190	Hs.410830	85395
AK027667		AK027667		NA
BC030106		BC030106	Hs.547831	NA
ENST00000425578		AL557700	Hs.570138	NA
NM_016025	NM_016025	NM_016025	Hs.279583	51108
ENST00000294161		AF289605	Hs.31704	283237
NM_006623	NM_006623	NM_006623	Hs.487296	26227
				NA
NM_001136022	NM_001136022	NM_001136022	Hs.77810	4776
ENST00000366353		AK126933	Hs.162868	8110
BC000817		BC000817	Hs.356467	NA
NM_017848	NM_017848	NM_017848	Hs.86045	54954
NM_194298	NM_194298	NM_194298	Hs.499709	220963
NM_006763	NM_006763	NM_006763	Hs.519162	7832
NM_001145073	NM_001145073	NM_001145073	Hs.143587	389856
TCONS_00026462				NA
NM_024881	NM_024881	NM_024881	Hs.620596	79939
NM_000019	NM_000019	NM_000019	Hs.232375	38
NM_001137610	NM_001137610	NM_001137610	Hs.656318	NA
NM_130898	NM_130898	NM_130898	Hs.372924	148327
NR_037184	NR_037184	NR_037184		NA
ENST00000395807				23164
XR_110120	XR_110120	XR_110120		NA
ENST00000414795				NA
NM_024519	NM_024519	NM_024519	Hs.152717	79567
BC034720		BC034720	Hs.385535	NA
NM_001002880	NM_001002880	NM_001002880	Hs.334911	25776
NM_012320	NM_012320	NM_012320	Hs.632199	23659
ENST00000551503	XR_110375	XR_110375	Hs.729166	NA
NM_018502	NM_018502	NM_018502	Hs.712585	55374
NM_014080	NM_014080	NM_014080	Hs.71377	50506
TCONS_00016491				NA
NM_152787	NM_152787	NM_152787	Hs.188256	257397
				NA
NM_016627	NM_016627	NM_016627	Hs.293560	51321
NM_002493	NM_002493	NM_002493	Hs.493668	NA
TCONS_I2_00029085				NA
NM_006893	NM_006893	NM_006893	Hs.497581	1939
NR_003674	NR_003674	NR_003674	Hs.722102	NA
ENST00000451775	XR_111729	XR_111729	Hs.675997	NA
NM_030625	NM_030625	NM_030625	Hs.567594	80312

NM_022042	NM_022042	NM_022042	Hs.658244	10861
NM_030813	NM_030813	NM_030813	Hs.523877	81570
AK092835		AK092835		NA
NM_002646	NM_002646	NM_002646	Hs.497487	5287
NM_003754	NM_003754	NM_003754	Hs.516023	8665
NM_001042631	NM_001042631	NM_001042631	Hs.356460	644096
NM_001012421	NM_001012421	NM_001012421	Hs.632663	441430
ENST00000360087		BC045607		4058
ENST00000504082				NA
NR_003195	NR_003195	NR_003195	Hs.613596	NA
NM_001100829	NM_001100829	NM_001100829	Hs.146317	100113407
NM_176798	NM_176798	NM_176798	Hs.16362	5031
NM_006401	NM_006401	NM_006401	Hs.730654	10541
NM_005837	NM_005837	NM_005837	Hs.416994	10248
NM_001136509	NM_001136509	NM_001136509	Hs.722243	283933
ENST00000397036				23263
THC2747663				NA
NM_139346	NM_139346	NM_139346	Hs.193163	274
NR_037877	NR_037877	NR_037877	Hs.270471	NA
NM_017669	NM_017669	NM_017669	Hs.47558	54821
NM_003489	NM_003489	NM_003489	Hs.155017	8204
NM_175866	NM_175866	NM_175866	Hs.127310	127933
NM_013320	NM_013320	NM_013320	Hs.506558	29915
NM_032818	NM_032818	NM_032818	Hs.534579	84904
NM_030753	NM_030753	NM_030753	Hs.445884	7473
NM_004690	NM_004690	NM_004690	Hs.716697	9113
NM_004362	NM_004362	NM_004362	Hs.86368	1047
AK124325		AK124325		NA
NM_004255	NM_004255	NM_004255	Hs.401903	9377
NM_006638	NM_006638	NM_006638	Hs.511756	10799
NR_033858	NR_033858	NR_033858	Hs.434882	642924
NR_024584	NR_024584	NR_024584	Hs.551637	728875
NM_001113434	NM_001113434	NM_001113434	Hs.514016	NA
NM_080764	NM_080764	NM_080764	Hs.43834	140883
TCONS_00029706				NA
NM_014935	NM_014935	NM_014935	Hs.253146	22874
NM_005316	NM_005316	NM_005316	Hs.577202	2965
XR_112445	XR_112445	XR_112445	Hs.292026	NA
NM_001001938	NM_001001938	NM_001001938	Hs.585118	286223
NM_022488	NM_022488	NM_022488	Hs.477126	64422
NM_015252	NM_015252	NM_015252	Hs.271667	23301
NM_001356	NM_001356	NM_001356	Hs.380774	1654
XR_113070	XR_113070	XR_113070		NA
TCONS_I2_00013845				NA

ENST00000510261				NA
NM_014593	NM_014593	NM_014593	Hs.180933	30827
NM_015124	NM_015124	NM_015124	Hs.475150	23151
NM_032389	NM_032389	NM_032389	Hs.436204	84364
NM_015660	NM_015660	NM_015660	Hs.647071	26157
NM_024707	NM_024707	NM_024707	Hs.466919	79760
TCONS_I2_00014795				NA
NM_018092	NM_018092	NM_018092	Hs.645802	81831
				NA
NM_139241	NM_139241	NM_139241	Hs.117835	121512
				NA
NM_001978	NM_001978	NM_001978	Hs.106124	2039
DB026495		DB026495	Hs.722874	NA
NR_034118	NR_034118	NR_034118	Hs.709677	100132273
NM_030643	NM_030643	NM_030643	Hs.726733	80832
NM_004650	NM_004650	NM_004650	Hs.264	8228
NR_024052	NR_024052	NR_024052	Hs.485041	NA
NM_145115	NM_145115	NM_145115	Hs.446297	221785
ENST00000451884	XR_109905	XR_109905		NA
NM_032108	NM_032108	NM_032108	Hs.465642	10501
ENST00000412800				NA
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.608918	NA
NM_022480	NM_022480	NM_022480	Hs.498371	64410
NM_014985	NM_014985	NM_014985	Hs.597323	22995
NR_038266	NR_038266	NR_038266		NA
NM_000885	NM_000885	NM_000885	Hs.440955	3676
NM_199330	NM_199330	NM_199330	Hs.578443	9455
NM_152896	NM_152896	NM_152896	Hs.493401	115426
NM_012255	NM_012255	NM_012255	Hs.255932	22803
NM_199360	NM_199360	NM_199360	Hs.473296	7165
NM_003456	NM_003456	NM_003456	Hs.592088	7755
NM_016343	NM_016343	NM_016343	Hs.497741	1063
NM_016077	NM_016077	NM_016077	Hs.12677	51651
NR_003088	NR_003088	NR_003088	Hs.366575	150000
NM_002532	NM_002532	NM_002532	Hs.584784	4927
NM_031458	NM_031458	NM_031458	Hs.518200	83666
				NA
NM_014419	NM_014419	NM_014419	Hs.515855	NA
NR_027034	NR_027034	NR_027034		150381
NM_012263	NM_012263	NM_012263	Hs.660298	25809
NM_152283	NM_152283	NM_152283	Hs.509227	643836
NM_024010	NM_024010	NM_024010	Hs.481551	4552
BC039426		BC039426	Hs.53565	NA
				NA

NM_004654	NM_004654	NM_004654	Hs.598540	8287
NM_003335	NM_003335	NM_003335	Hs.16695	7318
NM_018462	NM_018462	NM_018462	Hs.649307	55845
NM_015132	NM_015132	NM_015132	Hs.487648	23161
NR_026657	NR_026657	NR_026657		100240734
NM_144576	NM_144576	NM_144576	Hs.4096	93058
NM_152504	NM_152504	NM_152504	Hs.529340	149840
				NA
NM_175055	NM_175055	NM_175055	Hs.376691	128312
NM_016192	NM_016192	NM_016192	Hs.144513	23671
NM_013446	NM_013446	NM_013446	Hs.572212	NA
NM_006573	NM_006573	NM_006573	Hs.525157	10673
NM_030965	NM_030965	NM_030965	Hs.303609	81849
NR_027442	NR_027442	NR_027442		NA
NM_021045	NM_021045	NM_021045	Hs.528423	57209
NM_005436	NM_005436	NM_005436	Hs.591360	8030
NM_018101	NM_018101	NM_018101	Hs.524571	55143
NM_006630	NM_006630	NM_006630	Hs.235992	10780
XR_109078	XR_109078	XR_109078	Hs.608000	NA
NM_033382	NM_033382	NM_033382	Hs.335614	23541
NM_003321	NM_003321	NM_003321	Hs.12084	7284
NM_181718	NM_181718	NM_181718	Hs.655761	253982
ENST00000482382				NA
NM_001012241	NM_001012241	NM_001012241	Hs.532786	339287
NM_006210	NM_006210	NM_006210	Hs.201776	5178
NR_003285	NR_003285	NR_003285	Hs.631413	100008587
NM_001247996	NM_001247996	NM_001247996	Hs.655552	50807
NM_014603	NM_014603	NM_014603	Hs.78358	30850
NM_018717	NM_018717	NM_018717	Hs.586165	55534
NM_015103	NM_015103	NM_015103	Hs.301685	23129
NM_003970	NM_003970	NM_003970	Hs.443683	9172
NM_020777	NM_020777	NM_020777	Hs.479099	57537
NR_027131	NR_027131	NR_027131	Hs.442518	NA
NM_001011552	NM_001011552	NM_001011552	Hs.447686	389015
NM_198892	NM_198892	NM_198892	Hs.146551	55589
NM_015721	NM_015721	NM_015721	Hs.499620	50628
NM_005689	NM_005689	NM_005689	Hs.107911	10058
NM_002567	NM_002567	NM_002567		NA
NM_014232	NM_014232	NM_014232	Hs.25348	6844
ENST00000449573				NA
NM_032121	NM_032121	NM_032121	Hs.323562	84061
NM_006013	NM_006013	NM_006013	Hs.534404	6134
NM_004053	NM_004053	NM_004053	Hs.106880	705
NM_033222	NM_033222	NM_033222	Hs.708514	11168

NM_024662	NM_024662	NM_024662	Hs.577281	55226
NM_003965	NM_003965	NM_003965	Hs.535713	9034
NM_001130849	NM_001130849	NM_001130849	Hs.603930	51719
NM_022068	NM_022068	NM_022068	Hs.436902	63895
NM_152493	NM_152493	NM_152493	Hs.524248	149076
THC2572360				NA
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NM_017640	NM_017640	NM_017640	Hs.649550	55604
NM_032167	NM_032167	NM_032167	Hs.458401	92017
NM_006114	NM_006114	NM_006114	Hs.655909	10452
AK021772		AK021772	Hs.657294	79904
ENST00000453136	XR_108358	XR_108358	Hs.658188	NA
NM_182500	NM_182500	NM_182500	Hs.406894	130813
XR_109559	XR_109559	XR_109559	Hs.634471	100130856
NM_001536	NM_001536	NM_001536	Hs.20521	NA
NM_133265	NM_133265	NM_133265	Hs.528051	154796
ENST00000413518	XR_132660	XR_132660		NA
NM_000740	NM_000740	NM_000740	Hs.7138	1131
NM_003434	NM_003434	NM_003434	Hs.472221	7692
NM_005379	NM_005379	NM_005379	Hs.5394	4640
ENST00000426509				NA
NM_023071	NM_023071	NM_023071	Hs.654826	65244
TCONS_00014948				NA
NM_018838	NM_018838	NM_018838	Hs.506374	55967
NM_012474	NM_012474	NM_012474	Hs.458360	7371
NR_024363	NR_024363	NR_024363	Hs.656318	286042
NM_017651	NM_017651	NM_017651	Hs.386684	54806
ENST00000436433		DA767045	Hs.574774	NA
NM_020848	NM_020848	NM_020848	Hs.533953	57608
NM_000238	NM_000238	NM_000238	Hs.647099	3757
DB226000		DB226000	Hs.577832	NA
NM_033656	NM_033656	NM_033656	Hs.654740	54014
NM_018221	NM_018221	NM_018221	Hs.728829	55233
NM_004375	NM_004375	NM_004375	Hs.591171	1353
				NA
NM_001630	NM_001630	NM_001630	Hs.705389	244
NM_198513	NM_198513	NM_198513	Hs.304362	51105
ENST00000335083	XM_003403544	XM_003403544	Hs.463110	100652762
NM_058187	NM_058187	NM_058187	Hs.615578	NA
NM_014252	NM_014252	NM_014252	Hs.646645	NA
NM_001001974	NM_001001974	NM_001001974	Hs.643512	59338
ENST00000550029	XR_110336	XR_110336	Hs.657998	NA
NM_004420	NM_004420	NM_004420	Hs.41688	1850
NR_002915	NR_002915	NR_002915	Hs.684893	26821

NM_031460	NM_031460	NM_031460	Hs.162282	89822
NM_006785	NM_006785	NM_006785	Hs.601217	10892
NM_032117	NM_032117	NM_032117	Hs.294088	84057
NM_032532	NM_032532	NM_032532	Hs.520525	84624
ENST00000548121		AX721292	Hs.668549	NA
NM_148956	NM_148956	NM_148956	Hs.647060	55695
NM_016835	NM_016835	NM_016835	Hs.101174	4137
NM_003618	NM_003618	NM_003618	Hs.655750	8491
NM_002309	NM_002309	NM_002309	Hs.2250	3976
ENST00000456687				NA
NM_139281	NM_139281	NM_139281	Hs.533237	134430
NM_015420	NM_015420	NM_015420	Hs.532265	25879
XM_003118492	XM_003118492	XM_003118492	Hs.568075	400682
NM_001242767	NM_001242767	NM_001242767	Hs.404758	NA
NM_033081	NM_033081	NM_033081	Hs.517172	11083
NM_007192	NM_007192	NM_007192	Hs.213724	11198
NM_001740	NM_001740	NM_001740	Hs.106857	794
NM_032427	NM_032427	NM_032427	Hs.428214	84441
ENST00000436373				NA
NR_026887	NR_026887	NR_026887	Hs.287521	NA
NM_152601	NM_152601	NM_152601	Hs.631623	163051
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.434890	8924
NM_133484	NM_133484	NM_133484	Hs.132257	10010
TCONS_00023036				NA
ENST00000378350		AY766452	Hs.655293	NA
TCONS_00020432				NA
NM_144682	NM_144682	NM_144682	Hs.462833	146857
NR_033407	NR_033407	NR_033407	Hs.568350	1517
ENST00000529017		DB451323	Hs.641711	NA
THC2690892				NA
TCONS_00022876				NA
NM_052854	NM_052854	NM_052854	Hs.405961	90993
NR_026800	NR_026800	NR_026800	Hs.649259	9834
NM_138736	NM_138736	NM_138736	Hs.644524	2775
NM_002703	NM_002703	NM_002703	Hs.331420	5471
TCONS_00011650				NA
NR_003260	NR_003260	NR_003260	Hs.585319	196968
NM_015681	NM_015681	NM_015681	Hs.462445	27077
NM_004716	NM_004716	NM_004716		NA
				NA
ENST00000361350	XR_112074	XR_112074	Hs.591438	NA
NM_153341	NM_153341	NM_153341	Hs.591504	127544
NR_002588	NR_002588	NR_002588		NA
ENST00000439494				NA

NM_002754	NM_002754	NM_002754	Hs.178695	5603
NR_029401	NR_029401	NR_029401	Hs.722350	731275
				NA
NM_003094	NM_003094	NM_003094	Hs.334612	6635
NM_000687	NM_000687	NM_000687	Hs.388004	191
NM_003733	NM_003733	NM_003733	Hs.118633	8638
ENST00000360485				NA
NM_001220494	NM_001220494	NM_001220494	Hs.502677	NA
NM_001836	NM_001836	NM_001836	Hs.135626	1215
NM_006467	NM_006467	NM_006467	Hs.282387	10622
NM_001126049	NM_001126049	NM_001126049	Hs.559820	100144748
NM_021184	NM_021184	NM_021184	Hs.247323	57827
NM_006852	NM_006852	NM_006852	Hs.445078	11011
NM_025265	NM_025265	NM_025265	Hs.335550	80746
BF105084		BF105084	Hs.434984	NA
NM_144627	NM_144627	NM_144627	Hs.534539	128229
CR625008		CR625008	Hs.444913	NA
BC041894		BC041894	Hs.12326	257396
NM_001813	NM_001813	NM_001813	Hs.75573	1062
NM_080476	NM_080476	NM_080476	Hs.253319	128869
NM_015629	NM_015629	NM_015629	Hs.515598	26121
TCONS_00026898				NA
NM_177925	NM_177925	NM_177925	Hs.524280	55766
NM_022746	NM_022746	NM_022746	Hs.497816	64757
NM_005625	NM_005625	NM_005625	Hs.200804	6386
NR_015361	NR_015361	NR_015361	Hs.643596	440896
NM_002836	NM_002836	NM_002836	Hs.269577	5786
NM_016221	NM_016221	NM_016221	Hs.675564	51164
NM_031207	NM_031207	NM_031207	Hs.709864	81888
NM_006992	NM_006992	NM_006992	Hs.155586	10233
NM_006736	NM_006736	NM_006736	Hs.77768	3300
NM_005101	NM_005101	NM_005101	Hs.458485	9636
NM_006449	NM_006449	NM_006449	Hs.369574	10602
NM_025260	NM_025260	NM_025260	Hs.247879	80739
NM_018660	NM_018660	NM_018660	Hs.435535	55893
NM_001172557	NM_001172557	NM_001172557		NA
NM_001145661	NM_001145661	NM_001145661	Hs.367725	2624
NM_000489	NM_000489	NM_000489	Hs.533526	546
NM_004331	NM_004331	NM_004331	Hs.131226	665
TCONS_I2_00012688				NA
NM_004398	NM_004398	NM_004398	Hs.591931	1662
NM_182728	NM_182728	NM_182728	Hs.596643	23428
NM_001164273	NM_001164273	NM_001164273	Hs.187569	23269
NM_014028	NM_014028	NM_014028	Hs.226780	28962

NR_033932	NR_033932	NR_033932	Hs.586188	503569
NR_038238	NR_038238	NR_038238	Hs.559309	NA
NM_001008563	NM_001008563	NM_001008563	Hs.5452	10868
NM_199464	NM_199464	NM_199464	Hs.660161	283518
NM_030631	NM_030631	NM_030631	Hs.730857	89874
NM_017623	NM_017623	NM_017623	Hs.711617	26505
NM_147130	NM_147130	NM_147130	Hs.509513	259197
NM_024293	NM_024293	NM_024293	Hs.516707	79137
NM_001040167	NM_001040167	NM_001040167	Hs.159142	3955
NR_026927	NR_026927	NR_026927	Hs.132272	115110
NM_015493	NM_015493	NM_015493	Hs.284208	25959
NM_001077489	NM_001077489	NM_001077489	Hs.125898	2778
TCONS_00014659				NA
NR_003127	NR_003127	NR_003127	Hs.467326	147947
NM_001000	NM_001000	NM_001000	Hs.558387	6170
NR_026925	NR_026925	NR_026925	Hs.424165	151174
NM_005697	NM_005697	NM_005697	Hs.458917	10066
NM_033092	NM_033092	NM_033092	Hs.370515	85363
NM_033334	NM_033334	NM_033334	Hs.586460	2649
BC065228		BC065228	Hs.536913	NA
NM_005733	NM_005733	NM_005733	Hs.718626	10112
NM_007013	NM_007013	NM_007013	Hs.655189	11059
NM_024615	NM_024615	NM_024615	Hs.369581	79668
NM_000366	NM_000366	NM_000366	Hs.133892	7168
NM_144570	NM_144570	NM_144570	Hs.513261	90861
THC2646226				NA
NM_001195076	NM_001195076	NM_001195076	Hs.531650	NA
NM_001353	NM_001353	NM_001353	Hs.460260	1645
NM_001204478	NM_001204478	NM_001204478	Hs.164595	100533496
THC2538262				NA
				NA
NM_138464	NM_138464	NM_138464	Hs.446702	116349
NM_002451	NM_002451	NM_002451	Hs.193268	4507
NM_001013694	NM_001013694	NM_001013694	Hs.709914	402055
NM_006640	NM_006640	NM_006640	Hs.440932	10801
NM_014976	NM_014976	NM_014976	Hs.239499	22984
NM_138459	NM_138459	NM_138459	Hs.289008	116150
NM_004184	NM_004184	NM_004184	Hs.497599	7453
ENST00000499715				NA
BX088900		BX088900	Hs.123547	NA
NM_007353	NM_007353	NM_007353	Hs.487341	2768
NM_001113434	NM_001113434	NM_001113434	Hs.514016	NA
NM_001130518	NM_001130518	NM_001130518	Hs.613729	55790
CN263935		CN263935	Hs.534624	731223

NM_016428	NM_016428	NM_016428	Hs.130719	51225
ENST00000446912		AK092558	Hs.652849	NA
NM_003940	NM_003940	NM_003940	Hs.175322	8975
NM_000946	NM_000946	NM_000946	Hs.534339	5557
NM_020158	NM_020158	NM_020158	Hs.283741	56915
NM_015232	NM_015232	NM_015232	Hs.536319	440073
ENST00000397648				6285
ENST00000424487				NA
NM_152655	NM_152655	NM_152655	Hs.729172	199704
NM_018428	NM_018428	NM_018428	Hs.589862	55813
NM_133635	NM_133635	NM_133635	Hs.592164	23275
NM_015894	NM_015894	NM_015894	Hs.639609	50861
NR_038955	NR_038955	NR_038955	Hs.297343	100506190
NM_198188	NM_198188	NM_198188	Hs.601562	23245
NM_001243952	NM_001243952	NM_001243952	Hs.558351	3796
NM_002531	NM_002531	NM_002531	Hs.590869	4923
XR_111632	XR_111632	XR_111632	Hs.683875	440337
AF300871		AF300871		59347
AK126102		AK126102	Hs.660513	NA
NM_015677	NM_015677	NM_015677	Hs.730730	26751
TCONS_00010594				NA
NM_018717	NM_018717	NM_018717	Hs.586165	55534
THC2625913				NA
NM_001077691	NM_001077691	NM_001077691	Hs.730893	79796
ENST00000425189	XR_132816	XR_132816	Hs.223858	NA
NM_018323	NM_018323	NM_018323	Hs.191701	55300
NM_138771	NM_138771	NM_138771	Hs.232296	90693
NM_015113	NM_015113	NM_015113	Hs.277624	23140
NM_004210	NM_004210	NM_004210	Hs.730611	9148
NM_024711	NM_024711	NM_024711	Hs.647105	474344
NM_022087	NM_022087	NM_022087	Hs.647109	63917
NR_037178	NR_037178	NR_037178		NA
NM_001023561	NM_001023561	NM_001023561	Hs.695781	388567
NM_014317	NM_014317	NM_014317	Hs.558468	23590
NM_001024736	NM_001024736	NM_001024736	Hs.77873	80381
ENST00000430978		BI829679	Hs.547957	NA
NM_001101	NM_001101	NM_001101	Hs.520640	60
NM_001032374	NM_001032374	NM_001032374	Hs.145956	7769
NM_002139	NM_002139	NM_002139	Hs.380118	27316
NM_001130686	NM_001130686	NM_001130686	Hs.24258	2982
NM_138740	NM_138740	NM_138740	Hs.287471	25912
NM_001005855	NM_001005855	NM_001005855	Hs.435700	57198
NM_016437	NM_016437	NM_016437	Hs.708059	27175
NM_003953	NM_003953	NM_003953	Hs.493919	9019

NM_024884	NM_024884	NM_024884	Hs.256034	79944
NM_138802	NM_138802	NM_138802	Hs.534540	130617
ENST00000478163		EU030677	Hs.74647	NA
NM_033318	NM_033318	NM_033318	Hs.306083	91689
NM_024923	NM_024923	NM_024923	Hs.475525	23225
NM_001164840	NM_001164840	NM_001164840		NA
NM_003025	NM_003025	NM_003025	Hs.97616	6455
DA798455		DA798455	Hs.575906	NA
CR612178		CR612178	Hs.540051	NA
NM_145080	NM_145080	NM_145080	Hs.284295	197370
NM_004198	NM_004198	NM_004198	Hs.103128	8973
XR_108575	XR_108575	XR_108575	Hs.535791	NA
TCONS_00018449				NA
NM_001195216	NM_001195216	NM_001195216		NA
AK126977		AK126977	Hs.551713	100129089
				NA
NM_015604	NM_015604	NM_015604	Hs.331491	26094
NM_005608	NM_005608	NM_005608	Hs.155975	5790
AK123276		AK123276	Hs.104950	57582
				NA
NM_177965	NM_177965	NM_177965	Hs.548157	157657
NM_198042	NM_198042	NM_198042	Hs.632034	64236
NM_001924	NM_001924	NM_001924	Hs.80409	1647
NM_001416	NM_001416	NM_001416	Hs.129673	1973
NM_199044	NM_199044	NM_199044	Hs.163424	387338
NR_002556	NR_002556	NR_002556		388242
NM_024820	NM_024820	NM_024820	Hs.568340	57706
NR_034137	NR_034137	NR_034137	Hs.726427	729013
NM_001167856	NM_001167856	NM_001167856	Hs.7012	55206
NM_006711	NM_006711	NM_006711	Hs.355643	10921
NM_007104	NM_007104	NM_007104	Hs.546269	4736
NM_207015	NM_207015	NM_207015	Hs.660010	254827
AK001057		AK001057	Hs.661642	NA
ENST00000416673		AK055264	Hs.720253	NA
NR_034089	NR_034089	NR_034089	Hs.624073	NA
ENST00000473333				2969
NM_012199	NM_012199	NM_012199	Hs.22867	26523
ENST00000390450		AB305710	Hs.495056	NA
BC037261		BC037261	Hs.591185	26207
NM_002094	NM_002094	NM_002094	Hs.528780	2935
NM_000876	NM_000876	NM_000876	Hs.487062	3482
NM_001620	NM_001620	NM_001620	Hs.502756	79026
NM_019051	NM_019051	NM_019051	Hs.288224	54534
NM_002473	NM_002473	NM_002473	Hs.474751	4627

NM_015484	NM_015484	NM_015484	Hs.20013	25949
XR_109987	XR_109987	XR_109987		NA
NM_017762	NM_017762	NM_017762	Hs.30141	54893
NM_015448	NM_015448	NM_015448	Hs.658128	25911
ENST00000514475				NA
NM_016836	NM_016836	NM_016836	Hs.470412	5937
NR_003042	NR_003042	NR_003042		NA
ENST00000497824		BC054045	Hs.380027	10485
NM_004665	NM_004665	NM_004665	Hs.293130	8875
NR_026808	NR_026808	NR_026808		80035
NM_003270	NM_003270	NM_003270	Hs.43233	7105
ENST00000449576		AK310450	Hs.467740	23175
NM_014454	NM_014454	NM_014454	Hs.591336	27244
NM_020925	NM_020925	NM_020925	Hs.443891	57685
NM_153201	NM_153201	NM_153201	Hs.180414	3312
XR_132653	XR_132653	XR_132653		NA
ENST00000430316				NA
NM_015692	NM_015692	NM_015692	Hs.631644	27151
ENST00000485364	XM_003118803	XM_003118803	Hs.729734	NA
NM_018206	NM_018206	NM_018206	Hs.454528	55737
NM_017714	NM_017714	NM_017714	Hs.348297	55617
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
AK095655		AK095655	Hs.638436	285300
NM_198827	NM_198827	NM_198827	Hs.719239	283383
NM_004161	NM_004161	NM_004161	Hs.310645	5861
NM_006844	NM_006844	NM_006844	Hs.78880	10994
TCONS_00024498				NA
ENST00000451228	XR_110395	XR_110395		NA
XR_110300	XR_110300	XR_110300	Hs.592473	NA
NM_138810	NM_138810	NM_138810	Hs.529984	117289
ENST00000421185				NA
NR_003255	NR_003255	NR_003255		NA
NM_001034853	NM_001034853	NM_001034853	Hs.61438	6103
NM_144978	NM_144978	NM_144978	Hs.362702	165055
ENST00000523572				NA
CR627448		CR627448	Hs.626676	442240
NM_014886	NM_014886	NM_014886	Hs.482526	10412
ENST00000407780				23308
NM_002634	NM_002634	NM_002634	Hs.514303	5245
NM_012341	NM_012341	NM_012341	Hs.215766	23560
AK126579		AK126579	Hs.661664	100130930
NM_144594	NM_144594	NM_144594	Hs.524476	121355
NM_004263	NM_004263	NM_004263	Hs.25887	10505
NM_000997	NM_000997	NM_000997	Hs.80545	6167

NM_001790	NM_001790	NM_001790	Hs.656	995
NM_001130089	NM_001130089	NM_001130089	Hs.3100	3735
NM_003132	NM_003132	NM_003132	Hs.76244	6723
NM_019842	NM_019842	NM_019842	Hs.445324	56479
TCONS_00004596				NA
NM_012124	NM_012124	NM_012124	Hs.22857	26973
ENST00000402908		AK098174	Hs.526754	4211
NM_173174	NM_173174	NM_173174	Hs.491322	2185
ENST00000416100		BM151928	Hs.638620	NA
NM_016505	NM_016505	NM_016505	Hs.524094	51538
NM_001024680	NM_001024680	NM_001024680	Hs.164117	554251
ENST00000414976				NA
NM_001184703	NM_001184703	NM_001184703	Hs.567381	8908
NM_005461	NM_005461	NM_005461	Hs.169487	9935
NR_003204	NR_003204	NR_003204		NA
NR_003267	NR_003267	NR_003267	Hs.645533	2679
ENST00000529783	XR_109948	XR_109948	Hs.503348	NA
NM_018976	NM_018976	NM_018976	Hs.221847	54407
NM_058197	NM_058197	NM_058197	Hs.512599	1029
NM_030771	NM_030771	NM_030771	Hs.143733	91057
				NA
				NA
				NA
NM_006642	NM_006642	NM_006642	Hs.591530	10806
NM_032828	NM_032828	NM_032828	Hs.658251	84914
NM_152679	NM_152679	NM_152679	Hs.132591	201780
				NA
ENST00000433066		BC035867	Hs.548073	NA
NM_016338	NM_016338	NM_016338	Hs.482269	51194
ENST00000555214		AK096026		2592
NM_015359	NM_015359	NM_015359	Hs.491232	23516
NM_181425	NM_181425	NM_181425	Hs.20685	2395
NR_000010	NR_000010	NR_000010	Hs.419463	NA
NM_206965	NM_206965	NM_206965	Hs.415846	10841
ENST00000156471		AK001173	Hs.510958	9716
NM_002881	NM_002881	NM_002881	Hs.469820	5899
ENST00000441295		BI461253	Hs.583321	NA
NM_145912	NM_145912	NM_145912	Hs.436677	150372
NM_015897	NM_015897	NM_015897	Hs.105779	51588
NR_038927	NR_038927	NR_038927	Hs.586774	NA
NM_016541	NM_016541	NM_016541	Hs.247888	51764
ENST00000454295		AK055094	Hs.726520	153562
NM_005167	NM_005167	NM_005167	Hs.655231	333926
NM_001080546	NM_001080546	NM_001080546	Hs.7626	219854

NM_175629	NM_175629	NM_175629	Hs.515840	1788
NM_014285	NM_014285	NM_014285	Hs.654643	23404
NM_003027	NM_003027	NM_003027	Hs.270055	6457
NM_001113434	NM_001113434	NM_001113434	Hs.514016	NA
ENST00000481762				NA
NM_178019	NM_178019	NM_178019	Hs.631804	347732
NM_005596	NM_005596	NM_005596	Hs.644095	4781
NM_005969	NM_005969	NM_005969	Hs.501684	4676
NM_002316	NM_002316	NM_002316	Hs.129133	4010
NM_007121	NM_007121	NM_007121	Hs.432976	7376
THC2601170				NA
TCONS_00015185				NA
NR_003288	NR_003288	NR_003288	Hs.674810	729603
NR_029401	NR_029401	NR_029401	Hs.722350	NA
NM_017887	NM_017887	NM_017887	Hs.525391	54987
NM_016506	NM_016506	NM_016506	Hs.718483	55709
NM_000053	NM_000053	NM_000053	Hs.492280	540
NM_001128853	NM_001128853	NM_001128853	Hs.111801	51593
NM_004060	NM_004060	NM_004060	Hs.79101	900
NM_012121	NM_012121	NM_012121	Hs.3903	23580
NM_024698	NM_024698	NM_024698	Hs.99486	79751
NR_024458	NR_024458	NR_024458		NA
NM_033544	NM_033544	NM_033544	Hs.655895	91433
NM_152465	NM_152465	NM_152465	Hs.207471	147011
NM_153608	NM_153608	NM_153608	Hs.511883	163071
NM_015359	NM_015359	NM_015359	Hs.491232	23516
AW382724		AW382724	Hs.674388	654321
NR_033734	NR_033734	NR_033734	Hs.633624	NA
NM_172231	NM_172231	NM_172231	Hs.515274	57794
NM_182633	NM_182633	NM_182633	Hs.660834	349075
				NA
NM_004865	NM_004865	NM_004865	Hs.486507	9519
NM_152904	NM_152904	NM_152904	Hs.431045	92521
AK127847		AK127847		399975
NM_024599	NM_024599	NM_024599	Hs.464157	79651
NM_005987	NM_005987	NM_005987	Hs.46320	6698
NM_000476	NM_000476	NM_000476	Hs.175473	203
ENST00000370177				79144
NM_022154	NM_022154	NM_022154	Hs.288034	64116
NM_001037335	NM_001037335	NM_001037335	Hs.517180	85441
NM_004267	NM_004267	NM_004267	Hs.8786	9435
NM_012197	NM_012197	NM_012197	Hs.271341	23637
NR_034089	NR_034089	NR_034089	Hs.648647	100131564
NM_006291	NM_006291	NM_006291	Hs.525607	7127

NM_014008	NM_014008	NM_014008	Hs.26333	28952
TCONS_00029182				NA
NM_012234	NM_012234	NM_012234	Hs.7910	23429
THC2576836				NA
AA627135		AA627135	Hs.728396	NA
NM_021076	NM_021076	NM_021076	Hs.198760	4744
NM_022492	NM_022492	NM_022492	Hs.557709	64427
NM_173854	NM_173854	NM_173854	Hs.20274	254428
NM_015959	NM_015959	NM_015959	Hs.654965	51075
NM_001304	NM_001304	NM_001304	Hs.446079	1362
NM_033546	NM_033546	NM_033546	Hs.464472	103910
NM_000396	NM_000396	NM_000396	Hs.632466	1513
NM_016551	NM_016551	NM_016551	Hs.438641	51768
NR_039988	NR_039988	NR_039988	Hs.26192	100130899
NR_044995	NR_044995	NR_044995	Hs.369201	650669
NR_040082	NR_040082	NR_040082		100128714
NM_153036	NM_153036	NM_153036	Hs.350750	221301
NM_003474	NM_003474	NM_003474	Hs.594537	8038
NM_015295	NM_015295	NM_015295	Hs.8118	23347
NM_003659	NM_003659	NM_003659	Hs.516543	8540
NM_001105565	NM_001105565	NM_001105565	Hs.68756	NA
NM_006372	NM_006372	NM_006372	Hs.571177	10492
NM_015621	NM_015621	NM_015621	Hs.655336	26112
THC2524192				NA
NM_018281	NM_018281	NM_018281	Hs.476319	55268
NM_032051	NM_032051	NM_032051	Hs.517557	23598
NM_182765	NM_182765	NM_182765	Hs.596096	143279
ENST00000318787		BC061520	Hs.32826	51020
NM_001636	NM_001636	NM_001636	Hs.350927	293
ENST00000479566				5590
NM_001025101	NM_001025101	NM_001025101	Hs.551713	4155
NM_017638	NM_017638	NM_017638	Hs.479911	54797
NM_173587	NM_173587	NM_173587	Hs.98788	283248
NR_028093	NR_028093	NR_028093		NA
NM_173698	NM_173698	NM_173698	Hs.110069	286499
NR_038344	NR_038344	NR_038344		NA
TCONS_00026930				NA
THC2512536				NA
NM_031858	NM_031858	NM_031858	Hs.277721	4077
NM_015312	NM_015312	NM_015312	Hs.408142	84162
TCONS_00003843				NA
NM_032756	NM_032756	NM_032756	Hs.162717	84842
NM_001170944	NM_001170944	NM_001170944	Hs.533301	100287428
NM_002397	NM_002397	NM_002397	Hs.649965	4208

BM473780		BM473780	Hs.650646	NA
NM_024979	NM_024979	NM_024979	Hs.170422	23263
TCONS_00004479				NA
NM_006558	NM_006558	NM_006558	Hs.444558	10656
ENST00000416851		AL832069	Hs.314437	NA
				NA
NM_032270	NM_032270	NM_032270	Hs.412836	84230
NM_001968	NM_001968	NM_001968	Hs.249718	1977
NR_027686	NR_027686	NR_027686	Hs.97840	284739
NM_001050	NM_001050	NM_001050	Hs.514451	6752
NM_001122607	NM_001122607	NM_001122607	Hs.149261	861
NM_023036	NM_023036	NM_023036	Hs.147472	64446
AK091996		AK091996	Hs.587688	NA
NM_003686	NM_003686	NM_003686	Hs.498248	9156
AK091759		AK091759	Hs.410678	286071
NM_031461	NM_031461	NM_031461	Hs.436542	83690
NM_001993	NM_001993	NM_001993	Hs.62192	2152
NM_007341	NM_007341	NM_007341	Hs.473847	6450
NM_001098811	NM_001098811	NM_001098811	Hs.522057	23176
NM_145755	NM_145755	NM_145755	Hs.443935	199223
				NA
NM_139045	NM_139045	NM_139045	Hs.298990	6595
NM_145313	NM_145313	NM_145313	Hs.125293	221002
NR_033321	NR_033321	NR_033321	Hs.517502	NA
NM_022490	NM_022490	NM_022490	Hs.591087	64425
NM_016466	NM_016466	NM_016466	Hs.709507	51239
NM_012140	NM_012140	NM_012140	Hs.548187	1468
ENST00000411802				NA
BG202645		BG202645	Hs.599404	NA
ENST00000536349		CR749534	Hs.279881	11253
NM_005760	NM_005760	NM_005760	Hs.135406	10153
NM_001206627	NM_001206627	NM_001206627	Hs.705301	399939
XR_108550	XR_108550	XR_108550	Hs.612535	NA
NM_003002	NM_003002	NM_003002	Hs.647227	6392
ENST00000514768		AK126743	Hs.521937	NA
BC031271		BC031271	Hs.621218	NA
				NA
NM_002167	NM_002167	NM_002167	Hs.76884	3399
NM_033502	NM_033502	NM_033502	Hs.485392	55809
NM_002767	NM_002767	NM_002767	Hs.632236	5636
NM_018242	NM_018242	NM_018242	Hs.232054	55244
NM_024783	NM_024783	NM_024783	Hs.147377	79841
NM_024979	NM_024979	NM_024979	Hs.170422	23263
NR_045484	NR_045484	NR_045484		646626

NR_024008	NR_024008	NR_024008	Hs.182635	152641
NM_012269	NM_012269	NM_012269	Hs.28673	23553
NM_021224	NM_021224	NM_021224	Hs.370379	58499
NR_002174	NR_002174	NR_002174	Hs.484918	8418
AK123865		AK123865	Hs.728829	NA
NM_001123375	NM_001123375	NM_001123375	Hs.712062	653604
NM_003388	NM_003388	NM_003388	Hs.647018	7461
ENST00000321800		BC101214	Hs.464079	NA
TCONS_I2_00022568				NA
NM_015361	NM_015361	NM_015361	Hs.412462	23518
NM_153045	NM_153045	NM_153045	Hs.522357	203197
NR_026777	NR_026777	NR_026777		100129482
TCONS_00027384				NA
XM_003118619	XM_003118619	XM_003118619	Hs.689434	NA
NM_138789	NM_138789	NM_138789	Hs.420662	120379
NM_016479	NM_016479	NM_016479	Hs.414579	51246
NM_003104	NM_003104	NM_003104	Hs.878	6652
AK097109		AK097109	Hs.578443	100131860
NM_032530	NM_032530	NM_032530	Hs.658402	84622
NM_001099771	NM_001099771	NM_001099771	Hs.580547	728378
NM_001083602	NM_001083602	NM_001083602	Hs.494538	5727
NP111954				NA
NM_004240	NM_004240	NM_004240	Hs.515094	9322
NM_032839	NM_032839	NM_032839	Hs.477346	84925
NM_001042481	NM_001042481	NM_001042481	Hs.434914	122786
NM_001024732	NM_001024732	NM_001024732	Hs.183646	51102
NM_001237	NM_001237	NM_001237	Hs.58974	890
				NA
NM_020819	NM_020819	NM_020819	Hs.211700	57579
ENST00000374511				255220
NM_001144933	NM_001144933	NM_001144933	Hs.152670	146779
NM_022725	NM_022725	NM_022725	Hs.713574	2188
NM_001011516	NM_001011516	NM_001011516	Hs.480311	10611
NR_002766	NR_002766	NR_002766	Hs.728839	55384
NM_006678	NM_006678	NM_006678	Hs.2605	10871
NM_207585	NM_207585	NM_207585	Hs.708195	3455
NM_032017	NM_032017	NM_032017	Hs.730721	83931
NM_153704	NM_153704	NM_153704	Hs.116240	91147
NM_016454	NM_016454	NM_016454	Hs.250905	51234
NM_006848	NM_006848	NM_006848	Hs.66713	11007
NM_001135187	NM_001135187	NM_001135187	Hs.352962	3267
NM_016429	NM_016429	NM_016429	Hs.408434	51226
NM_004593	NM_004593	NM_004593	Hs.533122	6434
NM_001130415	NM_001130415	NM_001130415	Hs.23388	81575

NM_017447	NM_017447	NM_017447	Hs.293811	54149
NM_001172646	NM_001172646	NM_001172646	Hs.472101	5332
NM_182647	NM_182647	NM_182647	Hs.2859	4987
AK128128		AK128128	Hs.637572	100128348
CU677518		CU677518		NA
TCONS_I2_00001638				NA
NM_005283	NM_005283	NM_005283	Hs.248116	2829
				NA
ENST00000369246				57700
NM_005353	NM_005353	NM_005353	Hs.679163	3681
NM_017858	NM_017858	NM_017858	Hs.572318	54962
NM_014063	NM_014063	NM_014063	Hs.436500	28988
ENST00000425031				NA
TCONS_00029275				NA
NM_004255	NM_004255	NM_004255		NA
NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA
NM_004910	NM_004910	NM_004910	Hs.372295	9600
NM_024678	NM_024678	NM_024678	Hs.503389	79731
NM_001001414	NM_001001414	NM_001001414	Hs.726934	342897
ENST00000419394		AK298283	Hs.649819	NA
NM_022458	NM_022458	NM_022458	Hs.209989	64327
NR_027995	NR_027995	NR_027995	Hs.694496	NA
NM_130803	NM_130803	NM_130803	Hs.423348	4221
NM_144689	NM_144689	NM_144689	Hs.444992	147923
TCONS_00014729				NA
NM_020377	NM_020377	NM_020377	Hs.253706	57105
NM_002346	NM_002346	NM_002346	Hs.521903	4061
NR_024389	NR_024389	NR_024389		NA
NM_001050	NM_001050	NM_001050	Hs.514451	6752
ENST00000513604		AK127248		79628
TCONS_I2_00019040				NA
NM_009587	NM_009587	NM_009587	Hs.81337	3965
BC065002		BC065002	Hs.495553	54932
NM_018146	NM_018146	NM_018146	Hs.182729	55178
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.633945	NA
NM_031304	NM_031304	NM_031304	Hs.515064	83475
NM_080599	NM_080599	NM_080599	Hs.370689	26019
NM_002528	NM_002528	NM_002528	Hs.66196	4913
NM_005805	NM_005805	NM_005805	Hs.567410	10213
NM_001010	NM_001010	NM_001010	Hs.408073	6194
NM_024422	NM_024422	NM_024422	Hs.95612	1824
NM_015694	NM_015694	NM_015694	Hs.38512	27153
NM_175834	NM_175834	NM_175834	Hs.711471	338785
NM_002779	NM_002779	NM_002779	Hs.154658	5662

NM_032824	NM_032824	NM_032824	Hs.656298	84910
NM_001003678	NM_001003678	NM_001003678	Hs.368296	79096
AK096370		AK096370	Hs.585206	399972
NM_080672	NM_080672	NM_080672	Hs.473218	116154
NM_001786	NM_001786	NM_001786	Hs.334562	983
NM_006378	NM_006378	NM_006378	Hs.494406	10507
NM_005556	NM_005556	NM_005556	Hs.411501	3855
NM_001859	NM_001859	NM_001859	Hs.532315	1317
BC042649		BC042649	Hs.730119	NA
XM_001717714	XM_001717714	XM_001717714		389217
NR_027003	NR_027003	NR_027003	Hs.569940	93429
TCONS_00010344				NA
NM_012062	NM_012062	NM_012062	Hs.556296	10059
NM_001012762	NM_001012762	NM_001012762	Hs.592074	348180
NM_012106	NM_012106	NM_012106	Hs.632873	23568
NM_004569	NM_004569	NM_004569	Hs.553497	5283
TCONS_I2_00010577				NA
NM_006666	NM_006666	NM_006666	Hs.515846	10856
NM_014849	NM_014849	NM_014849	Hs.516153	9900
NM_007209	NM_007209	NM_007209	Hs.182825	11224
NM_033358	NM_033358	NM_033358	Hs.599762	841
NM_001142761	NM_001142761	NM_001142761	Hs.525796	90417
NR_038929	NR_038929	NR_038929	Hs.200573	100131289
XR_110132	XR_110132	XR_110132	Hs.400432	400099
NM_014429	NM_014429	NM_014429	Hs.591296	27136
NM_178435	NM_178435	NM_178435	Hs.490208	353145
NM_144674	NM_144674	NM_144674	Hs.143519	146279
NM_181690	NM_181690	NM_181690	Hs.498292	10000
NM_013284	NM_013284	NM_013284	Hs.596982	27434
NM_020655	NM_020655	NM_020655	Hs.592068	57338
NM_020243	NM_020243	NM_020243	Hs.595072	56993
NM_181340	NM_181340	NM_181340	Hs.331491	26094
NM_031213	NM_031213	NM_031213	Hs.465542	81926
NM_002410	NM_002410	NM_002410	Hs.651869	4249
NR_026927	NR_026927	NR_026927	Hs.132272	115110
ENST00000401851		BC004960		NA
TCONS_00001275				NA
NR_028272	NR_028272	NR_028272	Hs.523789	NA
NM_030637	NM_030637	NM_030637	Hs.125525	80821
NM_024741	NM_024741	NM_024741	Hs.726461	79797
ENST00000456036		BX103103	Hs.128163	NA
				NA
NM_017510	NM_017510	NM_017510	Hs.279929	54732
NR_038208	NR_038208	NR_038208		NA

NM_004163	NM_004163	NM_004163	Hs.729432	5874
NR_034113	NR_034113	NR_034113	Hs.436366	NA
NM_001242369	NM_001242369	NM_001242369	Hs.62003	11094
NM_005029	NM_005029	NM_005029	Hs.137568	5309
NM_021971	NM_021971	NM_021971	Hs.567488	29925
NM_017789	NM_017789	NM_017789	Hs.516220	54910
NM_032587	NM_032587	NM_032587	Hs.200242	84674
NM_022135	NM_022135	NM_022135	Hs.656031	64091
THC2624247				NA
ENST00000354689				NA
NP511085				NA
ENST00000435419				NA
NM_003575	NM_003575	NM_003575	Hs.729056	8427
NM_144705	NM_144705	NM_144705	Hs.631517	150483
ENST00000427722		AK126819	Hs.122828	NA
NM_006218	NM_006218	NM_006218	Hs.85701	NA
THC2634785				NA
NR_033947	NR_033947	NR_033947	Hs.712889	NA
NM_019073	NM_019073	NM_019073	Hs.538103	54558
NM_182643	NM_182643	NM_182643	Hs.134296	10395
NR_028346	NR_028346	NR_028346		642569
ENST00000372261				84814
ENST00000503208				NA
NM_207304	NM_207304	NM_207304	Hs.657347	10150
NM_001013672	NM_001013672	NM_001013672	Hs.499607	400566
NM_005578	NM_005578	NM_005578	Hs.5724	4026
NM_005444	NM_005444	NM_005444	Hs.148767	9125
NM_007034	NM_007034	NM_007034	Hs.13852	11080
NM_005026	NM_005026	NM_005026	Hs.518451	5293
AK124361		AK124361	Hs.658271	100131000
				NA
AK128250		AK128250	Hs.444446	390963
ENST00000439156		AF279783	Hs.551175	NA
NM_001010917	NM_001010917	NM_001010917	Hs.567524	401647
NM_053275	NM_053275	NM_053275	Hs.546285	6175
NM_003750	NM_003750	NM_003750	Hs.523299	8661
				NA
NM_144713	NM_144713	NM_144713	Hs.591566	151393
NM_199340	NM_199340	NM_199340	Hs.551962	374819
NR_039996	NR_039996	NR_039996	Hs.547419	NA
ENST00000556033		BC029479	Hs.525513	NA
NR_038427	NR_038427	NR_038427	Hs.666503	NA
NM_003157	NM_003157	NM_003157	Hs.631921	6787
AK095567		AK095567	Hs.721461	284014

NM_014679	NM_014679	NM_014679	Hs.101014	9702
NM_001170781	NM_001170781	NM_001170781	Hs.269127	NA
NM_016619	NM_016619	NM_016619	Hs.546392	51316
THC2620530				NA
NM_176787	NM_176787	NM_176787	Hs.157031	23556
ENST00000422938		DB053889	Hs.652651	NA
ENST00000403810		BC121000	Hs.370854	7248
NM_006467	NM_006467	NM_006467	Hs.282387	10622
NM_173680	NM_173680	NM_173680	Hs.655734	285971
NR_026658	NR_026658	NR_026658	Hs.635297	100240735
NM_001039619	NM_001039619	NM_001039619	Hs.367854	10419
NM_181558	NM_181558	NM_181558	Hs.115474	5983
NM_000019	NM_000019	NM_000019	Hs.232375	38
NM_001674	NM_001674	NM_001674	Hs.460	467
NM_016591	NM_016591	NM_016591	Hs.272404	51301
XR_132804	XR_132804	XR_132804		NA
NM_015526	NM_015526	NM_015526	Hs.466539	25999
NM_001013638	NM_001013638	NM_001013638	Hs.528461	388199
NR_023925	NR_023925	NR_023925	Hs.541165	56651
TCONS_00018414				NA
ENST00000547640		AK123906		10059
XR_113307	XR_113307	XR_113307	Hs.381355	139629
NM_030758	NM_030758	NM_030758	Hs.517546	23762
NM_001005353	NM_001005353	NM_001005353	Hs.10862	205
NM_002375	NM_002375	NM_002375	Hs.517949	4134
NM_000400	NM_000400	NM_000400	Hs.487294	2068
NM_000032	NM_000032	NM_000032	Hs.522666	212
NM_012091	NM_012091	NM_012091	Hs.729312	23536
NM_144779	NM_144779	NM_144779	Hs.333418	53827
NM_003040	NM_003040	NM_003040	Hs.647069	6522
NR_024484	NR_024484	NR_024484		NA
ENST00000444731				NA
BC014023		BC014023		NA
NM_024710	NM_024710	NM_024710	Hs.467306	79763
THC2527567				NA
NM_000924	NM_000924	NM_000924	Hs.530871	5153
TCONS_00008273				NA
ENST00000374933				8672
NM_021732	NM_021732	NM_021732	Hs.23918	60370
NM_017838	NM_017838	NM_017838	Hs.728908	55651
NM_021090	NM_021090	NM_021090	Hs.474536	8897
ENST00000339437		AK124137	Hs.567495	51095
NM_030940	NM_030940	NM_030940	Hs.449291	81689
NM_145735	NM_145735	NM_145735	Hs.508738	8874

NM_080626	NM_080626	NM_080626	Hs.596464	140707
NM_001039803	NM_001039803	NM_001039803	Hs.522274	23552
NM_013277	NM_013277	NM_013277	Hs.505469	29127
ENST00000415215		AK056172		NA
NM_007237	NM_007237	NM_007237	Hs.632549	11262
NM_020711	NM_020711	NM_020711	Hs.443894	57471
NM_206996	NM_206996	NM_206996	Hs.528821	200162
NM_139201	NM_139201	NM_139201	Hs.434996	9815
				NA
NR_027123	NR_027123	NR_027123	Hs.633724	100129075
NM_022078	NM_022078	NM_022078	Hs.10903	63906
NR_038955	NR_038955	NR_038955		NA
THC2678782				NA
NM_001080495	NM_001080495	NM_001080495	Hs.721291	84629
NM_000347	NM_000347	NM_000347	Hs.417303	6710
NM_000436	NM_000436	NM_000436	Hs.278277	5019
TCONS_I2_00014935				NA
ENST00000392193				4133
				NA
NM_001147	NM_001147	NM_001147	Hs.583870	285
NM_181738	NM_181738	NM_181738	Hs.432121	7001
NM_032335	NM_032335	NM_032335	Hs.356501	84295
ENST00000424257		BX104130	Hs.145188	NA
NM_018170	NM_018170	NM_018170	Hs.464912	55197
NR_024420	NR_024420	NR_024420	Hs.434403	389634
NM_002770	NM_002770	NM_002770	Hs.728780	5645
ENST00000553134		AF319524	Hs.728856	NA
NM_014178	NM_014178	NM_014178	Hs.508958	29091
NM_152733	NM_152733	NM_152733	Hs.603858	114781
NM_001199119	NM_001199119	NM_001199119	Hs.413493	202658
NM_004882	NM_004882	NM_004882	Hs.632531	9541
NM_002184	NM_002184	NM_002184	Hs.532082	3572
NM_030966	NM_030966	NM_030966	Hs.534495	81850
NM_015316	NM_015316	NM_015316	Hs.709297	23368
NM_198540	NM_198540	NM_198540	Hs.441681	374907
NM_032876	NM_032876	NM_032876	Hs.655832	84962
NM_021947	NM_021947	NM_021947	Hs.461954	63826
NM_001042369	NM_001042369	NM_001042369	Hs.288178	6738
NM_003528	NM_003528	NM_003528	Hs.2178	8349
DQ272581		DQ272581		NA
NM_003104	NM_003104	NM_003104	Hs.878	NA
NM_022817	NM_022817	NM_022817	Hs.58756	8864
NM_172369	NM_172369	NM_172369	Hs.467753	714
NM_175617	NM_175617	NM_175617	Hs.647370	NA

NM_001002251	NM_001002251	NM_001002251	Hs.103561	51329
NM_005664	NM_005664	NM_005664	Hs.72964	7681
NM_024514	NM_024514	NM_024514	Hs.371427	120227
THC2569255				NA
NM_133374	NM_133374	NM_133374	Hs.349208	114991
NM_005378	NM_005378	NM_005378	Hs.25960	4613
NM_024037	NM_024037	NM_024037	Hs.725400	79000
NM_016028	NM_016028	NM_016028	Hs.632120	51111
NM_000483	NM_000483	NM_000483	Hs.75615	344
NM_006226	NM_006226	NM_006226	Hs.153322	5334
NM_003826	NM_003826	NM_003826	Hs.464622	8774
NR_036632	NR_036632	NR_036632	Hs.524660	55592
NM_001060	NM_001060	NM_001060	Hs.442530	6915
THC2572285				NA
NM_172390	NM_172390	NM_172390	Hs.534074	4772
NM_000195	NM_000195	NM_000195	Hs.404568	3257
NM_025113	NM_025113	NM_025113	Hs.98117	80183
NM_139283	NM_139283	NM_139283	Hs.13854	160760
TCONS_00025345				NA
NM_012322	NM_012322	NM_012322	Hs.424908	23658
NM_001126	NM_001126	NM_001126	Hs.498313	159
NR_024541	NR_024541	NR_024541		79136
NM_001004304	NM_001004304	NM_001004304	Hs.524458	283337
NM_000477	NM_000477	NM_000477	Hs.418167	213
NM_001398	NM_001398	NM_001398	Hs.196176	1891
NM_153358	NM_153358	NM_153358	Hs.720677	163049
BC030809		BC030809	Hs.669824	641510
NM_005030	NM_005030	NM_005030	Hs.592049	5347
NM_144772	NM_144772	NM_144772	Hs.528320	128240
NM_003776	NM_003776	NM_003776	Hs.431307	64976
NM_003760	NM_003760	NM_003760	Hs.467084	8672
ENST00000303521		AB040887		49855
NM_024792	NM_024792	NM_024792	Hs.154396	79850
XR_111182	XR_111182	XR_111182	Hs.528437	399900
NM_013360	NM_013360	NM_013360	Hs.279840	7673
NM_001015053	NM_001015053	NM_001015053	Hs.438782	10014
NR_003222	NR_003222	NR_003222		NA
				NA
NM_004954	NM_004954	NM_004954	Hs.567261	2011
NM_001167820	NM_001167820	NM_001167820	Hs.472651	10904
NM_003666	NM_003666	NM_003666	Hs.130746	8548
THC2519238				NA
NM_001025199	NM_001025199	NM_001025199	Hs.514840	1117
NM_080825	NM_080825	NM_080825	Hs.324104	128864

NM_182734	NM_182734	NM_182734	Hs.431173	23236
NM_001412	NM_001412	NM_001412	Hs.522590	1964
NM_006510	NM_006510	NM_006510	Hs.440382	5987
NR_024420	NR_024420	NR_024420	Hs.434403	389634
AK130930		AK130930	Hs.660042	NA
NM_001172640	NM_001172640	NM_001172640	Hs.595333	NA
NM_001145176	NM_001145176	NM_001145176	Hs.6664	729956
NM_001134848	NM_001134848	NM_001134848	Hs.275775	100129792
NM_005292	NM_005292	NM_005292	Hs.631765	2841
NM_001498	NM_001498	NM_001498	Hs.654465	2729
TCONS_00003590				NA
NM_178564	NM_178564	NM_178564	Hs.521926	340371
TCONS_00024174				NA
NR_027363	NR_027363	NR_027363	Hs.198853	83695
NM_033185	NM_033185	NM_033185	Hs.662759	85293
ENST00000424756		BX648740	Hs.147563	NA
NM_178580	NM_178580	NM_178580	Hs.373741	81502
NM_001173989	NM_001173989	NM_001173989	Hs.370555	55684
				NA
NM_002861	NM_002861	NM_002861	Hs.569843	5833
ENST00000378941				2710
XR_109307	XR_109307	XR_109307	Hs.729295	NA
NR_024388	NR_024388	NR_024388	Hs.118820	152217
NM_025219	NM_025219	NM_025219	Hs.164419	80331
NM_014718	NM_014718	NM_014718	Hs.535378	9746
NM_004658	NM_004658	NM_004658	Hs.528693	8437
NR_033738	NR_033738	NR_033738	Hs.708949	NA
NM_017493	NM_017493	NM_017493	Hs.270851	54726
NM_007277	NM_007277	NM_007277	Hs.481464	11336
NM_016399	NM_016399	NM_016399	Hs.69499	51499
NM_014550	NM_014550	NM_014550	Hs.57973	29775
NM_001205281	NM_001205281	NM_001205281		NA
TCONS_00025631				NA
NM_017868	NM_017868	NM_017868	Hs.288772	54970
NM_001004310	NM_001004310	NM_001004310	Hs.196955	343413
NM_001204818	NM_001204818	NM_001204818		NA
NM_022917	NM_022917	NM_022917	Hs.493709	65083
NM_000599	NM_000599	NM_000599	Hs.607212	3488
AK091998		AK091998	Hs.655602	NA
NM_017565	NM_017565	NM_017565	Hs.268874	54757
NM_007124	NM_007124	NM_007124	Hs.133135	7402
ENST00000370562		BC027976	Hs.190968	6227
				NA
NM_025262	NM_025262	NM_025262	Hs.25738	80741

NM_016406	NM_016406	NM_016406	Hs.301412	51506
NM_006698	NM_006698	NM_006698	Hs.472651	10904
NR_034120	NR_034120	NR_034120	Hs.150556	NA
NM_000572	NM_000572	NM_000572	Hs.193717	3586
NM_003798	NM_003798	NM_003798	Hs.58488	8727
NM_000052	NM_000052	NM_000052	Hs.496414	538
NM_018026	NM_018026	NM_018026	Hs.644326	55690
NM_024913	NM_024913	NM_024913	Hs.189652	79974
NM_015166	NM_015166	NM_015166	Hs.517729	23209
NM_004937	NM_004937	NM_004937	Hs.187667	1497
TCONS_00024691				NA
NM_138346	NM_138346	NM_138346	Hs.520094	90231
TCONS_00022575				NA
NM_021009	NM_021009	NM_021009	Hs.520348	7316
ENST00000366188				NA
				NA
ENST00000412295		DA853107	Hs.628674	NA
NM_014741	NM_014741	NM_014741	Hs.127403	9776
AK128687		AK128687	Hs.675281	NA
NM_001032292	NM_001032292	NM_001032292	Hs.155204	7727
NM_014798	NM_014798	NM_014798	Hs.514242	9842
NM_006810	NM_006810	NM_006810	Hs.477352	10954
NM_005737	NM_005737	NM_005737	Hs.730678	10123
NM_003348	NM_003348	NM_003348	Hs.524630	7334
NR_034089	NR_034089	NR_034089	Hs.648647	NA
ENST00000508945				NA
NM_001195192	NM_001195192	NM_001195192	Hs.463303	124989
AK092494		AK092494	Hs.592074	NA
NM_001017927	NM_001017927	NM_001017927	Hs.99488	130355
NM_153246	NM_153246	NM_153246	Hs.531926	221416
NM_001171134	NM_001171134	NM_001171134	Hs.289108	60343
				NA
NR_027001	NR_027001	NR_027001	Hs.546614	388152
NM_007355	NM_007355	NM_007355	Hs.509736	3326
TCONS_00014334				NA
NM_002871	NM_002871	NM_002871	Hs.90875	5877
NM_001757	NM_001757	NM_001757	Hs.88778	873
NM_000490	NM_000490	NM_000490	Hs.89648	551
ENST00000519412		BU502338	Hs.621192	NA
NM_058172	NM_058172	NM_058172	Hs.162963	118429
NM_006877	NM_006877	NM_006877	Hs.484741	2766
NM_001173539	NM_001173539	NM_001173539	Hs.461705	54971
NM_004879	NM_004879	NM_004879	Hs.730638	9538
NM_152565	NM_152565	NM_152565	Hs.436360	245972

NM_145295	NM_145295	NM_145295	Hs.526665	199692
XR_110202	XR_110202	XR_110202		NA
AK309693		AK309693	Hs.722209	NA
NM_001408	NM_001408	NM_001408	Hs.57652	1952
NM_133452	NM_133452	NM_133452	Hs.707428	125950
NM_000767	NM_000767	NM_000767	Hs.1360	1555
NM_024121	NM_024121	NM_024121	Hs.593852	79134
NM_030615	NM_030615	NM_030615	Hs.150013	3834
NM_016001	NM_016001	NM_016001	Hs.709327	51096
NM_139158	NM_139158	NM_139158	Hs.348711	65061
NR_027788	NR_027788	NR_027788	Hs.520785	NA
NM_080923	NM_080923	NM_080923	Hs.654514	5788
AB073349		AB073349	Hs.731146	NA
NM_032228	NM_032228	NM_032228	Hs.501991	84188
NM_014777	NM_014777	NM_014777	Hs.533628	9816
NM_032860	NM_032860	NM_032860	Hs.185675	84946
NM_004450	NM_004450	NM_004450	Hs.509791	2079
NM_017882	NM_017882	NM_017882	Hs.584921	54982
ENST00000514258				NA
NR_002448	NR_002448	NR_002448		NA
ENST00000314174		BC051733	Hs.257900	7798
TCONS_00026599				NA
NM_003334	NM_003334	NM_003334	Hs.533273	7317
NM_001184938	NM_001184938	NM_001184938	Hs.369232	57669
NM_014818	NM_014818	NM_014818	Hs.130836	9866
NM_152346	NM_152346	NM_152346	Hs.160550	124935
NM_014805	NM_014805	NM_014805	Hs.28020	9852
NM_183372	NM_183372	NM_183372	Hs.515947	200030
NM_015937	NM_015937	NM_015937	Hs.437388	51604
ENST00000378305		AK128867	Hs.674050	NA
NM_014312	NM_014312	NM_014312	Hs.112377	23584
AK057627		AK057627	Hs.660388	440952
NM_022968	NM_022968	NM_022968	Hs.726820	8293
TCONS_00026596				NA
NM_001004704	NM_001004704	NM_001004704	Hs.731307	219432
NR_002809	NR_002809	NR_002809	Hs.524804	338799
NM_004763	NM_004763	NM_004763	Hs.467662	9270
NM_138368	NM_138368	NM_138368	Hs.591957	91056
				NA
THC2539563				NA
ENST00000427872	XM_001721393	XM_001721393	Hs.568526	NA
NR_024261	NR_024261	NR_024261	Hs.524660	NA
NM_152544	NM_152544	NM_152544	Hs.566191	152992
NM_000213	NM_000213	NM_000213	Hs.632226	3691

NM_144997	NM_144997	NM_144997	Hs.31652	201163
NM_003726	NM_003726	NM_003726	Hs.316931	8631
NM_017432	NM_017432	NM_017432	Hs.587979	53635
NM_001007533	NM_001007533	NM_001007533	Hs.454720	116729
NM_032630	NM_032630	NM_032630	Hs.129634	51550
NM_001184941	NM_001184941	NM_001184941	Hs.493771	203259
NM_024745	NM_024745	NM_024745	Hs.123253	79801
NM_018028	NM_018028	NM_018028	Hs.612332	55095
TCONS_I2_00030929				NA
NM_001190825	NM_001190825	NM_001190825	Hs.632605	727764
NM_001024921	NM_001024921	NM_001024921	Hs.412370	6133
ENST00000512472		CA416988	Hs.731098	9533
XM_003403504	XM_003403504	XM_003403504		NA
NM_001145073	NM_001145073	NM_001145073	Hs.143587	389856
NM_001244766	NM_001244766	NM_001244766	Hs.700445	92597
NM_001242680	NM_001242680	NM_001242680	Hs.531629	100287226
				NA
NR_027082	NR_027082	NR_027082		NA
NR_038369	NR_038369	NR_038369	Hs.446195	400941
NM_020390	NM_020390	NM_020390	Hs.164144	56648
NM_004027	NM_004027	NM_004027	Hs.469386	3631
THC2487640				NA
THC2580099				NA
NM_001547	NM_001547	NM_001547	Hs.437609	3433
NM_153813	NM_153813	NM_153813	Hs.632218	161882
NM_001037500	NM_001037500	NM_001037500	Hs.381373	245937
NM_018947	NM_018947	NM_018947	Hs.437060	54205
NM_018283	NM_018283	NM_018283	Hs.144407	55270
BC007236		BC007236		NA
NM_031989	NM_031989	NM_031989	Hs.546271	5094
NM_007186	NM_007186	NM_007186	Hs.443976	11190
NM_206808	NM_206808	NM_206808	Hs.655642	171425
NM_024299	NM_024299	NM_024299	Hs.79625	79144
NM_203437	NM_203437	NM_203437	Hs.655167	54812
NM_032390	NM_032390	NM_032390	Hs.367842	84365
NM_206886	NM_206886	NM_206886	Hs.310637	343099
NM_198584	NM_198584	NM_198584	Hs.127189	377677
NM_022767	NM_022767	NM_022767	Hs.436102	64782
NM_001142646	NM_001142646	NM_001142646	Hs.6418	131601
NM_001207008	NM_001207008	NM_001207008	Hs.614974	4301
NM_020245	NM_020245	NM_020245	Hs.486993	56995
NM_001558	NM_001558	NM_001558	Hs.504035	3587
NM_018715	NM_018715	NM_018715	Hs.380857	55920
NM_001207008	NM_001207008	NM_001207008	Hs.614974	4301

NM_021817	NM_021817	NM_021817	Hs.410719	60484
NR_026999	NR_026999	NR_026999		NA
NR_039999	NR_039999	NR_039999	Hs.632979	NA
ENST00000528663		BC004544	Hs.459379	50626
ENST00000454262				NA
NM_006938	NM_006938	NM_006938	Hs.464734	6632
AF132973		AF132973	Hs.448226	NA
TCONS_00012216				NA
NM_133263	NM_133263	NM_133263	Hs.483816	133522
NM_001040214	NM_001040214	NM_001040214	Hs.656604	154215
NM_007124	NM_007124	NM_007124	Hs.133135	7402
				NA
ENST00000504210				NA
NM_017542	NM_017542	NM_017542	Hs.432752	57645
NM_152889	NM_152889	NM_152889	Hs.292375	166012
				NA
ENST00000418557		BC016972	Hs.520684	NA
NR_027898	NR_027898	NR_027898	Hs.170475	646300
BI224516		BI224516	Hs.631599	NA
NM_003307	NM_003307	NM_003307	Hs.369759	7226
NM_020993	NM_020993	NM_020993	Hs.530970	605
NM_145306	NM_145306	NM_145306	Hs.522992	219738
NM_001040057	NM_001040057	NM_001040057	Hs.489105	257415
NM_006165	NM_006165	NM_006165	Hs.530539	4798
NM_001005851	NM_001005851	NM_001005851	Hs.101139	163131
NM_001005369	NM_001005369	NM_001005369	Hs.149894	4528
ENST00000463943		BC056883	Hs.381178	NA
NM_004328	NM_004328	NM_004328	Hs.471401	617
NM_139078	NM_139078	NM_139078	Hs.413901	8550
NM_001205019	NM_001205019	NM_001205019	Hs.1466	2710
NM_006869	NM_006869	NM_006869	Hs.602573	11033
NM_177439	NM_177439	NM_177439	Hs.23170	24140
NM_001109662	NM_001109662	NM_001109662	Hs.530943	283450
NM_181054	NM_181054	NM_181054	Hs.597216	3091
NM_198994	NM_198994	NM_198994	Hs.452039	343641
NM_005239	NM_005239	NM_005239	Hs.644231	2114
				NA
NM_144988	NM_144988	NM_144988	Hs.408927	199857
				NA
NM_018073	NM_018073	NM_018073	Hs.523438	55128
NM_001242546	NM_001242546	NM_001242546	Hs.426296	119504
NM_019555	NM_019555	NM_019555	Hs.476402	50650
NM_001155	NM_001155	NM_001155	Hs.412117	309
ENST00000444227	XR_132661	XR_132661	Hs.664152	NA

NM_181608	NM_181608	NM_181608	Hs.553692	337969
AF176922		AF176922	Hs.187569	NA
NM_006628	NM_006628	NM_006628	Hs.713393	10776
NM_032846	NM_032846	NM_032846	Hs.22399	84932
NM_001130528	NM_001130528	NM_001130528	Hs.463439	9043
NM_001163075	NM_001163075	NM_001163075	Hs.633034	100141515
				NA
NM_198315	NM_198315	NM_198315	Hs.152944	4013
ENST00000446200				NA
THC2695122				NA
NM_001032731	NM_001032731	NM_001032731	Hs.414332	4939
NM_152574	NM_152574	NM_152574	Hs.563630	158219
NP336097				NA
NM_015963	NM_015963	NM_015963	Hs.435759	51078
NM_017815	NM_017815	NM_017815	Hs.442782	54930
NM_015094	NM_015094	NM_015094	Hs.632767	23119
AK127511		AK127511	Hs.625945	375743
AK090817		AK090817		NA
XR_109147	XR_109147	XR_109147	Hs.594844	NA
NM_005401	NM_005401	NM_005401	Hs.193557	NA
NM_139247	NM_139247	NM_139247	Hs.443428	196883
ENST00000475369		BU656309	Hs.162595	NA
NM_000247	NM_000247	NM_000247	Hs.130838	100507436
NM_012137	NM_012137	NM_012137	Hs.379858	23576
				NA
NM_144571	NM_144571	NM_144571	Hs.592519	246175
NM_005530	NM_005530	NM_005530	Hs.591110	3419
NM_015509	NM_015509	NM_015509	Hs.555927	25977
NM_014719	NM_014719	NM_014719	Hs.406492	9747
TCONS_00018208				NA
NM_012456	NM_012456	NM_012456	Hs.235750	26519
TCONS_I2_00030929				NA
NR_040113	NR_040113	NR_040113	Hs.364456	440482
NM_198459	NM_198459	NM_198459	Hs.654928	163259
NM_014282	NM_014282	NM_014282	Hs.494567	22927
NM_001011546	NM_001011546	NM_001011546	Hs.304192	11034
NM_018082	NM_018082	NM_018082	Hs.62696	55703
NM_177403	NM_177403	NM_177403	Hs.534612	338382
XR_132900	XR_132900	XR_132900		NA
NM_003855	NM_003855	NM_003855	Hs.469521	8809
NM_018273	NM_018273	NM_018273	Hs.351335	55260
NM_020458	NM_020458	NM_020458	Hs.370603	57217
NM_002526	NM_002526	NM_002526	Hs.153952	4907
NM_024419	NM_024419	NM_024419	Hs.654671	9489

NM_002266	NM_002266	NM_002266	Hs.594238	3838
NM_014554	NM_014554	NM_014554	Hs.603289	29843
NM_001783	NM_001783	NM_001783	Hs.631567	973
NM_213674	NM_213674	NM_213674	Hs.300772	7169
NM_006805	NM_006805	NM_006805	Hs.96996	10949
TCONS_I2_00005906				NA
NM_002710	NM_002710	NM_002710	Hs.79081	5501
NM_001076680	NM_001076680	NM_001076680	Hs.434386	201229
NM_000148	NM_000148	NM_000148	Hs.69747	2523
NM_001105520	NM_001105520	NM_001105520	Hs.262480	388327
				NA
NM_002892	NM_002892	NM_002892	Hs.161000	5926
NR_038444	NR_038444	NR_038444	Hs.538374	728558
NM_001099412	NM_001099412	NM_001099412	Hs.491577	7994
NM_004336	NM_004336	NM_004336	Hs.469649	699
NM_001033505	NM_001033505	NM_001033505	Hs.44402	1479
ENST00000441809				NA
NM_052818	NM_052818	NM_052818	Hs.161220	90634
NM_001103167	NM_001103167	NM_001103167	Hs.709296	100125288
XR_110339	XR_110339	XR_110339		NA
XR_110532	XR_110532	XR_110532	Hs.651710	100128242
AY239294		AY239294		NA
NM_000967	NM_000967	NM_000967	Hs.119598	6122
NR_027083	NR_027083	NR_027083	Hs.558614	125061
NR_024584	NR_024584	NR_024584	Hs.465405	728875
XR_111050	XR_111050	XR_111050		NA
NM_003368	NM_003368	NM_003368	Hs.35086	7398
NM_001242837	NM_001242837	NM_001242837	Hs.19121	161
NM_016395	NM_016395	NM_016395	Hs.512973	51495
				NA
TCONS_00019550				NA
NM_020690	NM_020690	NM_020690	Hs.594084	404734
NM_206824	NM_206824	NM_206824	Hs.324844	79001
NM_003549	NM_003549	NM_003549	Hs.729310	8372
ENST00000539956		BQ271425	Hs.683419	NA
CR590938		CR590938	Hs.534012	NA
NM_001266	NM_001266	NM_001266	Hs.558865	1066
NR_027130	NR_027130	NR_027130	Hs.124384	148203
NM_001144904	NM_001144904	NM_001144904	Hs.421437	10332
NM_032565	NM_032565	NM_032565	Hs.433278	84650
NM_033626	NM_033626	NM_033626	Hs.522643	90060
ENST00000556260				5527
				NA
				NA

NM_001144978	NM_001144978	NM_001144978	Hs.479954	441024
NM_138442	NM_138442	NM_138442	Hs.100043	115098
NM_015481	NM_015481	NM_015481	Hs.505653	25946
NM_018288	NM_018288	NM_018288	Hs.435933	55274
NM_004775	NM_004775	NM_004775	Hs.591063	9331
NM_001722	NM_001722	NM_001722	Hs.148342	661
NM_001039614	NM_001039614	NM_001039614	Hs.40794	388135
NM_138402	NM_138402	NM_138402	Hs.589661	93349
NM_145212	NM_145212	NM_145212	Hs.346736	51263
NR_015424	NR_015424	NR_015424		NA
NR_033933	NR_033933	NR_033933	Hs.676962	NA
NM_025185	NM_025185	NM_025185	Hs.410889	26115
ENST00000399966		CR605219	Hs.498519	NA
ENST00000381732				10171
NM_005163	NM_005163	NM_005163	Hs.525622	207
NM_001169106	NM_001169106	NM_001169106	Hs.365286	NA
NM_001307	NM_001307	NM_001307	Hs.513915	NA
NM_002586	NM_002586	NM_002586	Hs.509545	5089
NM_024671	NM_024671	NM_024671	Hs.85658	79724
EL584821		EL584821	Hs.710654	NA
THC2564014				NA
BC031974		BC031974	Hs.149762	NA
NM_016147	NM_016147	NM_016147	Hs.503251	51400
NM_017802	NM_017802	NM_017802	Hs.535896	54919
CR997556		CR997556	Hs.682246	NA
NR_026903	NR_026903	NR_026903	Hs.396447	NA
NM_024641	NM_024641	NM_024641	Hs.730770	79694
NR_028379	NR_028379	NR_028379	Hs.349570	NA
TCONS_00006777				NA
NM_018256	NM_018256	NM_018256	Hs.73291	55759
NM_001164811	NM_001164811	NM_001164811		NA
XR_110418	XR_110418	XR_110418	Hs.559827	NA
AK001439		AK001439	Hs.663903	257152
XR_113294	XR_113294	XR_113294		NA
NM_001134408	NM_001134408	NM_001134408	Hs.411472	2903
NM_001763	NM_001763	NM_001763	Hs.1309	909
NR_003655	NR_003655	NR_003655	Hs.657028	84820
NM_016633	NM_016633	NM_016633	Hs.274309	51327
NM_001166579	NM_001166579	NM_001166579	Hs.431417	15
NM_001042751	NM_001042751	NM_001042751	Hs.496710	10735
NM_031284	NM_031284	NM_031284	Hs.730668	83440
NM_020186	NM_020186	NM_020186	Hs.592269	57001
NM_002657	NM_002657	NM_002657	Hs.154104	5326
NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA

NM_001135575	NM_001135575	NM_001135575	Hs.656600	NA
NR_027021	NR_027021	NR_027021	Hs.473554	642976
ENST00000422554				NA
NM_001039141	NM_001039141	NM_001039141	Hs.533030	11078
NM_017749	NM_017749	NM_017749	Hs.654644	55626
NR_024086	NR_024086	NR_024086	Hs.715567	53844
NR_038346	NR_038346	NR_038346		NA
ENST00000415246		BU567630	Hs.214174	NA
NM_006136	NM_006136	NM_006136	Hs.446123	830
NM_021080	NM_021080	NM_021080	Hs.477370	1600
NM_004926	NM_004926	NM_004926	Hs.85155	677
NM_003864	NM_003864	NM_003864	Hs.591715	8819
NM_002214	NM_002214	NM_002214	Hs.592171	3696
NM_032872	NM_032872	NM_032872	Hs.469175	84958
AK128779		AK128779	Hs.715264	NA
NM_000070	NM_000070	NM_000070	Hs.143261	825
NM_173843	NM_173843	NM_173843	Hs.81134	3557
				NA
NR_034033	NR_034033	NR_034033	Hs.647110	285972
NM_153757	NM_153757	NM_153757	Hs.12554	266812
NM_006858	NM_006858	NM_006858	Hs.515139	11018
NM_138433	NM_138433	NM_138433	Hs.137007	113730
ENST00000367808		U79751	Hs.130746	8548
NM_030811	NM_030811	NM_030811	Hs.18946	64949
NM_016355	NM_016355	NM_016355	Hs.719938	51202
NM_000355	NM_000355	NM_000355	Hs.417948	6948
ENST00000525941	XR_109072	XR_109072		NA
NM_001170406	NM_001170406	NM_001170406	Hs.334562	NA
BC036435		BC036435	Hs.645945	100132147
NM_152578	NM_152578	NM_152578	Hs.128580	158521
NM_002512	NM_002512	NM_002512	Hs.463456	4831
				NA
NM_005503	NM_005503	NM_005503	Hs.618112	321
NM_006739	NM_006739	NM_006739	Hs.517582	4174
NM_003038	NM_003038	NM_003038	Hs.654352	6509
NR_033997	NR_033997	NR_033997		NA
NM_001144967	NM_001144967	NM_001144967	Hs.185677	23327
NM_001080533	NM_001080533	NM_001080533	Hs.127610	84747
NM_170707	NM_170707	NM_170707	Hs.594444	4000
NM_021963	NM_021963	NM_021963	Hs.730784	4674
NM_003653	NM_003653	NM_003653	Hs.6076	8533
NM_182513	NM_182513	NM_182513	Hs.381225	147841
NM_003069	NM_003069	NM_003069	Hs.152292	6594
NM_172056	NM_172056	NM_172056	Hs.647099	3757

AF088007		AF088007	Hs.46689	NA
NM_003740	NM_003740	NM_003740	Hs.444448	8645
NM_014811	NM_014811	NM_014811	Hs.533260	9858
BC014023		BC014023		NA
TCONS_I2_00003640				NA
THC2665784				NA
NM_178352	NM_178352	NM_178352	Hs.490235	353134
NM_003037	NM_003037	NM_003037	Hs.523660	6504
NR_038359	NR_038359	NR_038359	Hs.161397	284365
ENST00000373626				6191
NR_002599	NR_002599	NR_002599	Hs.372680	641638
NM_020951	NM_020951	NM_020951	Hs.654960	57711
THC2672667				NA
NM_173526	NM_173526	NM_173526	Hs.412818	161142
NR_026906	NR_026906	NR_026906	Hs.128813	147081
				NA
NM_001204056	NM_001204056	NM_001204056	Hs.464585	23253
NM_145109	NM_145109	NM_145109	Hs.514012	5606
NM_171998	NM_171998	NM_171998	Hs.632832	116442
NM_023924	NM_023924	NM_023924	Hs.449278	65980
XM_001720463	XM_001720463	XM_001720463	Hs.31240	100131997
NM_033543	NM_033543	NM_033543	Hs.655885	90273
NM_001144927	NM_001144927	NM_001144927	Hs.632252	28511
NR_026675	NR_026675	NR_026675	Hs.578949	400508
NM_024909	NM_024909	NM_024909	Hs.654798	79969
NM_198047	NM_198047	NM_198047	Hs.656685	26275
NM_030810	NM_030810	NM_030810	Hs.150837	81567
NM_015723	NM_015723	NM_015723	Hs.617340	50640
NM_022094	NM_022094	NM_022094	Hs.567562	63924
NR_033851	NR_033851	NR_033851	Hs.8162	221756
NR_003706	NR_003706	NR_003706	Hs.693446	NA
NM_003611	NM_003611	NM_003611	Hs.6483	8481
NM_033103	NM_033103	NM_033103	Hs.466435	85415
NM_022555	NM_022555	NM_022555	Hs.696211	3125
NM_206818	NM_206818	NM_206818	Hs.347655	126014
NM_012104	NM_012104	NM_012104	Hs.504003	23621
NM_016944	NM_016944	NM_016944	Hs.669863	50832
NM_022358	NM_022358	NM_022358	Hs.528664	60598
ENST00000425264		BI911851	Hs.576579	NA
THC2737662				NA
BG216262		BG216262	Hs.637431	NA
NM_003034	NM_003034	NM_003034	Hs.408614	6489
NM_001077351	NM_001077351	NM_001077351	Hs.4997	55147
NM_003660	NM_003660	NM_003660	Hs.413748	8541

				NA
NM_002946	NM_002946	NM_002946	Hs.79411	6118
ENST00000369232				85015
NM_144975	NM_144975	NM_144975	Hs.709347	162394
NM_005342	NM_005342	NM_005342	Hs.19114	3149
NM_006598	NM_006598	NM_006598	Hs.172613	10723
NM_176885	NM_176885	NM_176885	Hs.688197	259290
NR_038273	NR_038273	NR_038273	Hs.150824	NA
XR_108600	XR_108600	XR_108600	Hs.482141	441072
TCONS_00017642				NA
ENST00000435526		BF246030	Hs.576800	NA
THC2570509				NA
NM_012243	NM_012243	NM_012243	Hs.448979	23443
BQ009527		BQ009527	Hs.495569	751580
NM_002728	NM_002728	NM_002728	Hs.512633	5553
BC150296		BC150296	Hs.654709	5101
NM_138636	NM_138636	NM_138636	Hs.660543	51311
				NA
NM_003542	NM_003542	NM_003542	Hs.46423	8364
NM_022918	NM_022918	NM_022918	Hs.188591	65084
NM_033296	NM_033296	NM_033296	Hs.406590	93621
NM_001037132	NM_001037132	NM_001037132	Hs.21422	4897
NM_004551	NM_004551	NM_004551	Hs.502528	4722
NM_001012288	NM_001012288	NM_001012288	Hs.287729	64109
NM_005830	NM_005830	NM_005830	Hs.596607	10240
NM_001127202	NM_001127202	NM_001127202	Hs.508769	55795
NM_012345	NM_012345	NM_012345	Hs.525006	26747
NM_018835	NM_018835	NM_018835	Hs.533499	54542
NM_000284	NM_000284	NM_000284	Hs.530331	5160
ENST00000382331				81704
NM_001039702	NM_001039702	NM_001039702	Hs.24309	55301
NM_053274	NM_053274	NM_053274	Hs.49105	11146
NM_001014440	NM_001014440	NM_001014440	Hs.531314	440836
NM_030649	NM_030649	NM_030649	Hs.535257	116983
NM_003171	NM_003171	NM_003171	Hs.106469	6832
NM_001099220	NM_001099220	NM_001099220	Hs.301277	643641
NM_178276	NM_178276	NM_178276	Hs.288232	256987
NR_024435	NR_024435	NR_024435	Hs.668927	100133991
NM_017633	NM_017633	NM_017633	Hs.10784	55603
NM_018347	NM_018347	NM_018347	Hs.104806	55317
NM_020530	NM_020530	NM_020530	Hs.248156	5008
NM_139284	NM_139284	NM_139284	Hs.65256	163175
NM_024046	NM_024046	NM_024046	Hs.145156	79012
NM_018437	NM_018437	NM_018437	Hs.176626	55363

NR_034110	NR_034110	NR_034110		NA
NM_002534	NM_002534	NM_002534	Hs.524760	4938
TCONS_00017121				NA
NM_014601	NM_014601	NM_014601	Hs.631554	30846
ENST00000458154				NA
TCONS_I2_00006771				NA
NM_022834	NM_022834	NM_022834	Hs.449009	64856
NM_002894	NM_002894	NM_002894	Hs.546282	5932
NM_006052	NM_006052	NM_006052	Hs.369488	10311
NM_015432	NM_015432	NM_015432	Hs.188781	25894
NM_001039111	NM_001039111	NM_001039111	Hs.567678	131405
TCONS_00022882				NA
NM_153027	NM_153027	NM_153027	Hs.178648	152756
NM_172193	NM_172193	NM_172193	Hs.509258	122773
NM_024761	NM_024761	NM_024761	Hs.369022	79817
NM_006391	NM_006391	NM_006391	Hs.523470	10527
NM_001004301	NM_001004301	NM_001004301	Hs.710780	126017
AK090827		AK090827	Hs.595153	100506930
NM_012212	NM_012212	NM_012212	Hs.584864	22949
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.608918	NA
NM_207468	NM_207468	NM_207468	Hs.697608	400823
NM_002834	NM_002834	NM_002834	Hs.506852	5781
ENST00000431770				NA
NM_003795	NM_003795	NM_003795	Hs.12102	8724
NM_153226	NM_153226	NM_153226	Hs.632085	159371
NM_001009924	NM_001009924	NM_001009924	Hs.472024	29058
AL136837		AL136837	Hs.588334	84214
THC2562448				NA
NM_015190	NM_015190	NM_015190	Hs.408577	23234
NR_033735	NR_033735	NR_033735	Hs.451294	646396
NM_001136571	NM_001136571	NM_001136571	Hs.569254	646799
NM_182557	NM_182557	NM_182557	Hs.414740	283149
NM_001990	NM_001990	NM_001990	Hs.185774	2140
ENST00000393389		BX648690	Hs.503438	338699
NM_001009881	NM_001009881	NM_001009881	Hs.655407	23318
NR_038448	NR_038448	NR_038448	Hs.707910	NA
NM_021619	NM_021619	NM_021619	Hs.495311	59335
NM_020700	NM_020700	NM_020700	Hs.435479	57460
NR_038447	NR_038447	NR_038447		NA
NM_000411	NM_000411	NM_000411	Hs.371350	3141
XR_111243	XR_111243	XR_111243	Hs.586788	100129223
NM_001080501	NM_001080501	NM_001080501	Hs.530463	79064
NM_002706	NM_002706	NM_002706	Hs.416769	5495
NM_001172128	NM_001172128	NM_001172128	Hs.459095	3603

NM_144972	NM_144972	NM_144972	Hs.668877	160287
NM_003304	NM_003304	NM_003304	Hs.250687	7220
				NA
NM_002370	NM_002370	NM_002370	Hs.421576	4116
NM_003799	NM_003799	NM_003799	Hs.592347	8731
AK127261		AK127261	Hs.640138	401557
NM_006319	NM_006319	NM_006319	Hs.692949	10423
NM_003468	NM_003468	NM_003468	Hs.17631	7855
TCONS_I2_00013207				NA
NM_012249	NM_012249	NM_012249	Hs.709193	NA
ENST00000455965	XR_108388	XR_108388		NA
CR627384		CR627384	Hs.144795	NA
NM_000031	NM_000031	NM_000031	Hs.1227	210
NM_001221	NM_001221	NM_001221	Hs.144114	817
NM_032523	NM_032523	NM_032523	Hs.318775	114880
NM_000051	NM_000051	NM_000051	Hs.367437	472
TCONS_I2_00007785				NA
NM_018393	NM_018393	NM_018393	Hs.655341	55346
NM_002106	NM_002106	NM_002106	Hs.119192	3015
NM_001104546	NM_001104546	NM_001104546	Hs.139120	10556
AK126778		AK126778	Hs.529357	NA
NM_207328	NM_207328	NM_207328	Hs.348629	150763
NM_016546	NM_016546	NM_016546	Hs.631730	51279
NM_080701	NM_080701	NM_080701	Hs.644635	11219
NM_012423	NM_012423	NM_012423	Hs.523185	23521
NM_019103	NM_019103	NM_019103	Hs.713647	55954
				NA
AK125941		AK125941	Hs.631724	284001
NM_145305	NM_145305	NM_145305	Hs.496658	203427
NR_034009	NR_034009	NR_034009	Hs.6891	6431
NM_015918	NM_015918	NM_015918	Hs.279913	51367
TCONS_00021656				NA
NM_001198533	NM_001198533	NM_001198533	Hs.148778	55074
NM_019087	NM_019087	NM_019087	Hs.659125	54622
NM_000344	NM_000344	NM_000344	Hs.535788	6606
NM_145065	NM_145065	NM_145065	Hs.656875	246330
NM_145699	NM_145699	NM_145699	Hs.226307	200315
TCONS_00012341				NA
NM_198881	NM_198881	NM_198881	Hs.351798	54885
NM_016052	NM_016052	NM_016052	Hs.660109	51018
XM_002342076	XM_002342076	XM_002342076		NA
NM_020345	NM_020345	NM_020345	Hs.173202	28512
NM_013290	NM_013290	NM_013290	Hs.383019	29893
ENST00000514475				NA

NM_003374	NM_003374	NM_003374	Hs.519320	7416
NR_003699	NR_003699	NR_003699	Hs.352638	170958
AB029007		AB029007		22847
NM_001048166	NM_001048166	NM_001048166	Hs.525198	6491
NM_020710	NM_020710	NM_020710	Hs.268488	57470
ENST00000361997				51105
ENST00000398387		AK130932		NA
ENST00000432011		XM_003119024	Hs.404758	NA
AK001678		AK001678	Hs.86337	84172
ENST00000355147		BC000807	Hs.655967	90338
NM_001145450	NM_001145450	NM_001145450	Hs.729207	729967
NM_001004487	NM_001004487	NM_001004487	Hs.527480	392309
XR_133170	XR_133170	XR_133170	Hs.369632	100509175
NM_003414	NM_003414	NM_003414	Hs.460645	10308
NM_001242629	NM_001242629	NM_001242629	Hs.674313	54438
NM_002270	NM_002270	NM_002270	Hs.482497	3842
NM_001135914	NM_001135914	NM_001135914	Hs.371746	375616
				NA
NM_001099221	NM_001099221	NM_001099221	Hs.552091	497189
NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA
				NA
ENST00000436710	XR_108951	XR_108951		NA
ENST00000445031				NA
AF088007		AF088007	Hs.46689	NA
NM_213674	NM_213674	NM_213674	Hs.300772	7169
NM_207391	NM_207391	NM_207391	Hs.528491	388531
NM_001170464	NM_001170464	NM_001170464	Hs.506415	5128
NM_024866	NM_024866	NM_024866	Hs.449099	79924
NM_033625	NM_033625	NM_033625	Hs.438227	6164
NM_000967	NM_000967	NM_000967	Hs.119598	6122
NM_014234	NM_014234	NM_014234	Hs.415058	7923
NM_033402	NM_033402	NM_033402	Hs.193115	85444
NM_017569	NM_017569	NM_017569	Hs.435815	55578
ENST00000329968				6470
AK094324		AK094324	Hs.570010	284408
NM_031220	NM_031220	NM_031220	Hs.183983	83394
NM_152484	NM_152484	NM_152484	Hs.511848	148266
TCONS_00022531				NA
NM_006569	NM_006569	NM_006569	Hs.159525	10669
BC015320		BC015320	Hs.655428	29053
NM_001807	NM_001807	NM_001807	Hs.533258	1056
ENST00000477589	XM_002342405	XM_002342405	Hs.729204	NA
NM_003419	NM_003419	NM_003419	Hs.362324	25850
NM_000918	NM_000918	NM_000918	Hs.464336	5034

NM_001243	NM_001243	NM_001243	Hs.1314	943
NM_004209	NM_004209	NM_004209	Hs.435277	9143
NM_170589	NM_170589	NM_170589	Hs.181855	57082
NM_152308	NM_152308	NM_152308	Hs.347524	116028
NM_015670	NM_015670	NM_015670	Hs.513926	26168
NR_024271	NR_024271	NR_024271		NA
NM_020156	NM_020156	NM_020156	Hs.239666	56913
TCONS_00006667				NA
TCONS_00017641				NA
NM_015911	NM_015911	NM_015911	Hs.20879	51058
NM_001101676	NM_001101676	NM_001101676	Hs.359393	401474
NM_021052	NM_021052	NM_021052	Hs.121017	3012
AK128758		AK128758	Hs.518414	84859
NM_013275	NM_013275	NM_013275	Hs.335003	29123
				NA
NM_000546	NM_000546	NM_000546	Hs.654481	7157
NM_001010883	NM_001010883	NM_001010883	Hs.200230	284611
NM_198154	NM_198154	NM_198154	Hs.259432	339168
NM_152622	NM_152622	NM_152622	Hs.657594	166968
NM_001165969	NM_001165969	NM_001165969	Hs.514402	92335
NM_001002259	NM_001002259	NM_001002259	Hs.234355	65981
NM_152640	NM_152640	NM_152640	Hs.130934	196513
ENST00000342207				5747
NM_001759	NM_001759	NM_001759	Hs.376071	894
NM_006818	NM_006818	NM_006818	Hs.75823	10962
NR_033266	NR_033266	NR_033266	Hs.521961	375690
NM_182485	NM_182485	NM_182485	Hs.656937	132864
NR_004405	NR_004405	NR_004405		22973
NM_001193286	NM_001193286	NM_001193286	Hs.466693	22933
NM_001042548	NM_001042548	NM_001042548	Hs.258563	9637
NM_016656	NM_016656	NM_016656	Hs.50282	10325
NM_001145261	NM_001145261	NM_001145261	Hs.643658	8031
NR_033711	NR_033711	NR_033711	Hs.49658	57212
NM_138704	NM_138704	NM_138704	Hs.94011	56160
ENST00000416502		CD693121	Hs.614083	NA
NM_005828	NM_005828	NM_005828	Hs.410596	10238
NM_032970	NM_032970	NM_032970	Hs.445892	9117
ENST00000390377		AB306200	Hs.449366	NA
NM_138383	NM_138383	NM_138383	Hs.432387	92154
NM_004037	NM_004037	NM_004037	Hs.82927	271
NM_033394	NM_033394	NM_033394	Hs.61590	85461
TCONS_00006375				NA
TCONS_I2_00001619				NA
AL049987		AL049987	Hs.519371	NA

NR_003542	NR_003542	NR_003542	Hs.689630	643036
TCONS_00012091				NA
NM_003801	NM_003801	NM_003801	Hs.627962	8733
NM_181655	NM_181655	NM_181655	Hs.90790	284018
NM_001735	NM_001735	NM_001735	Hs.494997	727
NM_173543	NM_173543	NM_173543	Hs.351403	199221
NM_181453	NM_181453	NM_181453	Hs.436505	9648
NM_024594	NM_024594	NM_024594	Hs.591729	79646
NM_032195	NM_032195	NM_032195	Hs.517262	6651
NM_015585	NM_015585	NM_015585	Hs.729168	26074
XR_110300	XR_110300	XR_110300	Hs.592473	NA
NM_000971	NM_000971	NM_000971	Hs.571841	6129
NM_002006	NM_002006	NM_002006	Hs.284244	2247
NM_031307	NM_031307	NM_031307	Hs.660922	83480
NM_023075	NM_023075	NM_023075	Hs.712666	65258
XR_133065	XR_133065	XR_133065	Hs.722631	100132101
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.434890	NA
NM_144989	NM_144989	NM_144989	Hs.133977	127602
THC2758301				NA
ENST00000442636		BU566406	Hs.429843	NA
TCONS_00013856				NA
NM_173491	NM_173491	NM_173491	Hs.631954	134353
				NA
ENST00000445739				NA
NM_024708	NM_024708	NM_024708	Hs.31845	140460
NM_005915	NM_005915	NM_005915	Hs.444118	4175
NM_015047	NM_015047	NM_015047	Hs.439200	23065
NR_037596	NR_037596	NR_037596	Hs.647985	401149
NM_033212	NM_033212	NM_033212	Hs.644611	92922
NM_001031739	NM_001031739	NM_001031739	Hs.19404	140462
NM_014838	NM_014838	NM_014838	Hs.475208	9889
ENST00000478468		BC039518		NA
NM_018211	NM_018211	NM_018211	Hs.591443	55225
NM_014225	NM_014225	NM_014225	Hs.467192	5518
AK289844		AK289844	Hs.632423	55599
NM_000052	NM_000052	NM_000052	Hs.496414	538
ENST00000265538		DC392227	Hs.714276	387
NM_001104595	NM_001104595	NM_001104595	Hs.265018	55007
NM_032023	NM_032023	NM_032023	Hs.522895	83937
NM_020764	NM_020764	NM_020764	Hs.643537	57524
				NA
NM_001949	NM_001949	NM_001949	Hs.269408	1871
NM_080616	NM_080616	NM_080616	Hs.516978	140688
NM_003294	NM_003294	NM_003294	Hs.405479	7177

ENST00000446399		AK026386	Hs.256080	NA
NM_001201584	NM_001201584	NM_001201584	Hs.445892	9117
ENST00000448859		BC033557	Hs.385604	NA
ENST00000444919				NA
NM_005955	NM_005955	NM_005955	Hs.471991	4520
NM_021939	NM_021939	NM_021939	Hs.463035	60681
NR_028308	NR_028308	NR_028308		NA
NR_024424	NR_024424	NR_024424	Hs.435515	NA
ENST00000391859		AK058093	Hs.166556	951
NM_007221	NM_007221	NM_007221	Hs.530479	11243
NM_024426	NM_024426	NM_024426	Hs.591980	7490
NR_034126	NR_034126	NR_034126	Hs.689728	100129269
BC022023		BC022023		440482
NM_033554	NM_033554	NM_033554	Hs.347270	3113
ENST00000452629				NA
NM_198175	NM_198175	NM_198175	Hs.463456	4830
NM_012205	NM_012205	NM_012205	Hs.368805	23498
NM_198046	NM_198046	NM_198046	Hs.76662	84287
NM_032545	NM_032545	NM_032545	Hs.567542	55997
NM_178450	NM_178450	NM_178450	Hs.132441	115123
NM_005370	NM_005370	NM_005370	Hs.642874	4218
NM_015627	NM_015627	NM_015627	Hs.590911	26119
NM_001142641	NM_001142641	NM_001142641	Hs.411138	57666
NM_014857	NM_014857	NM_014857	Hs.585378	9910
NM_002242	NM_002242	NM_002242	Hs.467338	3769
NM_005776	NM_005776	NM_005776	Hs.728811	10175
XM_003403651	XM_003403651	XM_003403651		NA
NM_024083	NM_024083	NM_024083	Hs.298351	79058
NR_033938	NR_033938	NR_033938	Hs.147881	100131366
XR_132551	XR_132551	XR_132551	Hs.454036	100129960
				NA
NM_002120	NM_002120	NM_002120	Hs.1802	3112
NM_007353	NM_007353	NM_007353	Hs.487341	2768
NM_171828	NM_171828	NM_171828	Hs.591285	NA
NM_018328	NM_018328	NM_018328	Hs.458312	NA
NM_000749	NM_000749	NM_000749	Hs.654576	1142
NM_022830	NM_022830	NM_022830	Hs.728983	64852
NM_001002915	NM_001002915	NM_001002915	Hs.99376	147920
XM_001721771	XM_001721771	XM_001721771	Hs.675311	100127885
NM_031901	NM_031901	NM_031901	Hs.405880	54460
NM_080662	NM_080662	NM_080662	Hs.515100	92960
L23866		L23866		NA
ENST00000381786		AK057831	Hs.676025	348738
NM_001243766	NM_001243766	NM_001243766	Hs.525134	55624

NM_006039	NM_006039	NM_006039	Hs.7835	9902
AK096098		AK096098	Hs.660534	284513
NM_004526	NM_004526	NM_004526	Hs.477481	4171
NM_004550	NM_004550	NM_004550	Hs.173611	4720
NR_028272	NR_028272	NR_028272	Hs.523789	NA
NM_001078173	NM_001078173	NM_001078173	Hs.378813	441518
XR_112040	XR_112040	XR_112040		NA
ENST00000462527		CD654100	Hs.688653	8661
ENST00000420313				NA
THC2523097				NA
NM_001008657	NM_001008657	NM_001008657	Hs.519672	6949
NM_001756	NM_001756	NM_001756	Hs.532635	866
ENST00000527983		AK310467	Hs.180414	3312
				NA
NM_002689	NM_002689	NM_002689	Hs.201897	23649
NM_001145815	NM_001145815	NM_001145815	Hs.730755	NA
NR_002190	NR_002190	NR_002190	Hs.449977	474338
NM_139241	NM_139241	NM_139241	Hs.117835	121512
NM_001146	NM_001146	NM_001146	Hs.369675	284
NM_005401	NM_005401	NM_005401	Hs.193557	5784
NM_001106	NM_001106	NM_001106	Hs.174273	93
NM_198956	NM_198956	NM_198956	Hs.195922	221833
NM_001102609	NM_001102609	NM_001102609	Hs.519749	133874
BC022881		BC022881	Hs.652926	644450
ENST00000415957		AK131358	Hs.505601	266629
XR_109875	XR_109875	XR_109875	Hs.699065	NA
NM_174928	NM_174928	NM_174928	Hs.26674	221143
				NA
NM_001130514	NM_001130514	NM_001130514	Hs.649452	100170765
NM_002463	NM_002463	NM_002463	Hs.926	4600
				NA
NM_007371	NM_007371	NM_007371	Hs.522472	8019
ENST00000425124				NA
NM_006369	NM_006369	NM_006369	Hs.144941	10489
NM_153376	NM_153376	NM_153376	Hs.656757	257236
NM_024007	NM_024007	NM_024007	Hs.573143	1879
NR_024274	NR_024274	NR_024274	Hs.721053	51198
NR_038955	NR_038955	NR_038955		NA
NM_001009993	NM_001009993	NM_001009993	Hs.534679	130074
ENST00000244070				NA
NM_022342	NM_022342	NM_022342	Hs.373947	64147
NM_000887	NM_000887	NM_000887	Hs.248472	3687
NR_037871	NR_037871	NR_037871	Hs.595418	100233156
NM_005502	NM_005502	NM_005502	Hs.659274	19

ENST00000373976				5592
NM_001163547	NM_001163547	NM_001163547	Hs.594647	11276
NM_032343	NM_032343	NM_032343	Hs.518119	84303
BC043009		BC043009	Hs.660499	338620
NM_006230	NM_006230	NM_006230	Hs.306791	5425
NM_020192	NM_020192	NM_020192	Hs.83313	57002
TCONS_00024148				NA
NR_003579	NR_003579	NR_003579	Hs.529357	284802
NM_014911	NM_014911	NM_014911	Hs.468878	22848
NM_018040	NM_018040	NM_018040	Hs.420757	55105
NR_038863	NR_038863	NR_038863	Hs.359399	285758
NM_001080425	NM_001080425	NM_001080425	Hs.184736	56271
NM_013341	NM_013341	NM_013341	Hs.157351	29789
NM_001003684	NM_001003684	NM_001003684	Hs.284292	29796
NM_138392	NM_138392	NM_138392	Hs.26506	92799
NM_032966	NM_032966	NM_032966	Hs.113916	643
ENST00000420876				NA
NM_152994	NM_152994	NM_152994	Hs.654619	129285
THC2528599				NA
NM_001336	NM_001336	NM_001336	Hs.252549	1522
NM_001012967	NM_001012967	NM_001012967	Hs.535011	91351
NM_014788	NM_014788	NM_014788	Hs.575631	9830
NM_203463	NM_203463	NM_203463	Hs.506829	253782
				NA
NM_002562	NM_002562	NM_002562	Hs.729169	5027
NM_032521	NM_032521	NM_032521	Hs.589848	84612
NM_001017964	NM_001017964	NM_001017964	Hs.355952	150223
NM_024775	NM_024775	NM_024775	Hs.143818	79833
NR_024062	NR_024062	NR_024062	Hs.460809	100131816
ENST00000448835		CR749724	Hs.576825	NA
NM_000294	NM_000294	NM_000294	Hs.65735	5261
NM_001560	NM_001560	NM_001560	Hs.496646	3597
AW963279		AW963279	Hs.654925	NA
NM_002794	NM_002794	NM_002794	Hs.471441	5690
NM_024039	NM_024039	NM_024039	Hs.267194	79003
NM_007326	NM_007326	NM_007326	Hs.561064	1727
NM_001015882	NM_001015882	NM_001015882	Hs.534196	548645
NR_026855	NR_026855	NR_026855	Hs.720158	401232
NR_004847	NR_004847	NR_004847	Hs.641964	100134869
NM_032272	NM_032272	NM_032272	Hs.19673	84232
NM_001165958	NM_001165958	NM_001165958	Hs.306777	55876
NM_183057	NM_183057	NM_183057	Hs.418175	51160
BC032840		BC032840	Hs.727244	283387
ENST00000490617		BC020095		170082

ENST00000445938	XR_108774	XR_108774	Hs.413238	NA
NM_004220	NM_004220	NM_004220	Hs.115284	7760
NM_005479	NM_005479	NM_005479	Hs.126057	10023
NM_001195831	NM_001195831	NM_001195831		149465
NM_014397	NM_014397	NM_014397	Hs.197071	10783
NM_006023	NM_006023	NM_006023	Hs.412842	8872
NM_001012991	NM_001012991	NM_001012991	Hs.585209	400506
				NA
NM_005866	NM_005866	NM_005866	Hs.522087	10280
XM_003119183	XM_003119183	XM_003119183	Hs.559934	643680
NM_001009814	NM_001009814	NM_001009814	Hs.368282	23078
				NA
NM_001080483	NM_001080483	NM_001080483	Hs.512467	389827
NR_015395	NR_015395	NR_015395		NA
NM_005920	NM_005920	NM_005920	Hs.314327	4209
ENST00000436672				NA
NM_012176	NM_012176	NM_012176	Hs.165575	26272
NM_012458	NM_012458	NM_012458	Hs.75056	26517
NM_006498	NM_006498	NM_006498	Hs.531776	3957
NR_003032	NR_003032	NR_003032	Hs.355750	NA
				NA
NR_024567	NR_024567	NR_024567	Hs.233458	100130557
NM_138924	NM_138924	NM_138924	Hs.81131	2593
NM_181342	NM_181342	NM_181342	Hs.410378	51661
NM_018112	NM_018112	NM_018112	Hs.411925	55151
NM_003972	NM_003972	NM_003972	Hs.500526	9044
NM_001004353	NM_001004353	NM_001004353	Hs.372640	441476
NM_001030055	NM_001030055	NM_001030055	Hs.592313	394
NM_001142777	NM_001142777	NM_001142777	Hs.460618	80270
NM_016232	NM_016232	NM_016232	Hs.66	9173
THC2592463				NA
CR604878		CR604878	Hs.646314	NA
NM_020928	NM_020928	NM_020928	Hs.650537	57688
NM_144620	NM_144620	NM_144620	Hs.44277	127495
NM_024940	NM_024940	NM_024940	Hs.195403	80005
NM_198335	NM_198335	NM_198335	Hs.595071	23193
NM_003491	NM_003491	NM_003491	Hs.433291	8260
NM_014049	NM_014049	NM_014049	Hs.567482	28976
THC2740132				NA
NM_005773	NM_005773	NM_005773	Hs.596242	10172
AK074630		AK074630	Hs.675332	NA
NM_206894		NM_206894	Hs.282067	388536
TCONS_I2_00010813				NA
NM_022049	NM_022049	NM_022049	Hs.170053	54112

ENST00000418353		BX102253	Hs.91147	NA
NM_005951	NM_005951	NM_005951	Hs.438462	4496
NM_032977	NM_032977	NM_032977	Hs.5353	843
NM_000414	NM_000414	NM_000414	Hs.406861	3295
NM_005002	NM_005002	NM_005002	Hs.75227	4704
NM_001080450	NM_001080450	NM_001080450	Hs.418045	57673
NM_020843	NM_020843	NM_020843	Hs.458986	49855
TCONS_I2_00003853				NA
NM_145020	NM_145020	NM_145020	Hs.658630	220136
NM_014345	NM_014345	NM_014345	Hs.509718	24149
ENST00000431767	XR_110395	XR_110395		NA
NM_001105662	NM_001105662	NM_001105662	Hs.631527	391627
NM_004458	NM_004458	NM_004458	Hs.268785	2182
NM_032667	NM_032667	NM_032667	Hs.533709	26580
NR_002938	NR_002938	NR_002938	Hs.631571	284379
NM_018983	NM_018983	NM_018983	Hs.69851	54433
NM_032611	NM_032611	NM_032611	Hs.43666	11156
				NA
AK095213		AK095213	Hs.683858	100129115
NM_001173977	NM_001173977	NM_001173977	Hs.649550	55604
ENST00000484389		BC020604	Hs.525061	81550
TCONS_00012017				NA
NM_004612	NM_004612	NM_004612	Hs.494622	7046
ENST00000540461				NA
NR_002827	NR_002827	NR_002827	Hs.531536	440362
NM_033133	NM_033133	NM_033133	Hs.273621	1267
BC061919		BC061919	Hs.561671	NA
ENST00000502514	XR_133415	XR_133415	Hs.710582	NA
NM_020203	NM_020203	NM_020203	Hs.676357	56955
NM_005543	NM_005543	NM_005543	Hs.37062	3640
NM_006358	NM_006358	NM_006358	Hs.474938	10478
NM_021035	NM_021035	NM_021035	Hs.371794	57169
NM_001127395	NM_001127395	NM_001127395	Hs.664764	151194
NM_001013657	NM_001013657	NM_001013657	Hs.304673	390637
ENST00000450520	XM_002344257	XM_002344257	Hs.535065	NA
NM_001128175	NM_001128175	NM_001128175	Hs.643454	1837
NM_006114	NM_006114	NM_006114	Hs.655909	10452
NM_012229	NM_012229	NM_012229	Hs.97439	22978
NM_002517	NM_002517	NM_002517	Hs.79564	4861
NM_032142	NM_032142	NM_032142	Hs.100914	55125
NM_030925	NM_030925	NM_030925	Hs.87159	81617
NM_001128208	NM_001128208	NM_001128208	Hs.146585	23484
NM_001099791	NM_001099791	NM_001099791	Hs.655055	NA
				NA

XR_110599	XR_110599	XR_110599	Hs.667183	NA
NM_032336	NM_032336	NM_032336	Hs.656996	84296
NM_025139	NM_025139	NM_025139	Hs.471610	80210
NM_153634	NM_153634	NM_153634	Hs.40910	144402
NM_133631	NM_133631	NM_133631	Hs.13640	6091
ENST00000450016		BE972828	Hs.529598	NA
NM_021626	NM_021626	NM_021626	Hs.514950	59342
				NA
NM_005681	NM_005681	NM_005681	Hs.153088	9015
NM_001512	NM_001512	NM_001512	Hs.485557	2941
NM_017682	NM_017682	NM_017682	Hs.435611	54831
NM_017617	NM_017617	NM_017617	Hs.495473	4851
NM_000391	NM_000391	NM_000391	Hs.523454	1200
NM_017724	NM_017724	NM_017724	Hs.730738	9209
NM_006871	NM_006871	NM_006871	Hs.268551	11035
NM_000182	NM_000182	NM_000182	Hs.516032	3030
ENST00000299468		AL137655	Hs.568279	NA
NM_006345	NM_006345	NM_006345	Hs.479634	10463
NM_001613	NM_001613	NM_001613	Hs.500483	59
NM_175871	NM_175871	NM_175871	Hs.631619	126074
NM_152715	NM_152715	NM_152715	Hs.504136	219899
AK127052		AK127052	Hs.585100	100499221
ENST00000430650				NA
NM_014790	NM_014790	NM_014790	Hs.184323	9832
				NA
ENST00000556705	XR_110279	XR_110279		NA
NM_014827	NM_014827	NM_014827	Hs.532399	9877
NM_138790	NM_138790	NM_138790	Hs.407101	122618
ENST00000382520		AY358342	Hs.501624	59307
NM_001640	NM_001640	NM_001640	Hs.517969	327
NM_004182	NM_004182	NM_004182	Hs.172791	8409
TCONS_00024895				NA
NM_001204303	NM_001204303	NM_001204303	Hs.434980	351
NM_017593	NM_017593	NM_017593	Hs.146551	55589
NM_015260	NM_015260	NM_015260	Hs.13999	23309
NM_020685	NM_020685	NM_020685	Hs.47166	57415
NM_001135586	NM_001135586	NM_001135586	Hs.708536	134553
ENST00000413722		BC036645		NA
NM_005872	NM_005872	NM_005872	Hs.22960	10286
NM_015134	NM_015134	NM_015134	Hs.462341	23164
NR_027345	NR_027345	NR_027345	Hs.441601	100287569
NM_130803	NM_130803	NM_130803	Hs.423348	4221
NM_022337	NM_022337	NM_022337	Hs.591975	23682
NM_052944	NM_052944	NM_052944	Hs.164118	115584

NR_039978	NR_039978	NR_039978		NA
AY129018		AY129018		NA
THC2516708				NA
NM_004346	NM_004346	NM_004346	Hs.141125	836
				NA
NM_006191	NM_006191	NM_006191	Hs.524498	5036
NM_020443	NM_020443	NM_020443	Hs.585374	89796
ENST00000379225		AY358682	Hs.493739	55833
NM_002271	NM_002271	NM_002271	Hs.712598	3843
NR_024052	NR_024052	NR_024052	Hs.485041	NA
NM_001033952	NM_001033952	NM_001033952	Hs.37058	796
NM_032390	NM_032390	NM_032390	Hs.367842	84365
NM_006653	NM_006653	NM_006653	Hs.194208	10817
NM_021129	NM_021129	NM_021129	Hs.437403	5464
NM_153186	NM_153186	NM_153186	Hs.306764	23189
				NA
NM_016210	NM_016210	NM_016210	Hs.517860	51161
NR_024452	NR_024452	NR_024452	Hs.114449	NA
NM_198256	NM_198256	NM_198256	Hs.603093	1876
THC2526015				NA
NM_017673	NM_017673	NM_017673	Hs.134183	54823
NM_030940	NM_030940	NM_030940	Hs.449291	81689
NM_014003	NM_014003	NM_014003	Hs.151218	9785
NM_018440	NM_018440	NM_018440	Hs.266175	55824
ENST00000495527		BX648271	Hs.532399	9877
NM_003248	NM_003248	NM_003248	Hs.211426	7060
NM_019045	NM_019045	NM_019045	Hs.98510	54521
NM_001657	NM_001657	NM_001657	Hs.270833	374
THC2478115				NA
NM_172249	NM_172249	NM_172249	Hs.520937	1438
				NA
NR_024565	NR_024565	NR_024565	Hs.314246	10778
AK092791		AK092791	Hs.485899	100129406
TCONS_I2_00001781				NA
NM_002601	NM_002601	NM_002601	Hs.516808	5147
NM_001014990	NM_001014990	NM_001014990	Hs.483924	29093
NM_017909	NM_017909	NM_017909	Hs.486835	55005
NM_130786	NM_130786	NM_130786	Hs.529161	1
ENST00000373677		BC033261	Hs.397836	340527
				NA
NM_006433	NM_006433	NM_006433	Hs.105806	10578
NM_005496	NM_005496	NM_005496	Hs.58992	10051
NM_152834	NM_152834	NM_152834	Hs.43899	129787
NM_015509	NM_015509	NM_015509	Hs.555927	25977

NM_080612	NM_080612	NM_080612	Hs.496982	139716
NM_033100	NM_033100	NM_033100	Hs.137556	92211
NM_006261	NM_006261	NM_006261	Hs.158301	5626
NM_207009	NM_207009	NM_207009	Hs.730780	404636
AK097159		AK097159	Hs.632800	55634
TCONS_00012040				NA
NM_031208	NM_031208	NM_031208	Hs.513265	81889
NM_015072	NM_015072	NM_015072	Hs.709609	23093
NR_002929	NR_002929	NR_002929	Hs.162880	148709
NM_024949	NM_024949	NM_024949	Hs.333179	80014
NM_000449	NM_000449	NM_000449	Hs.632472	5993
NM_016578	NM_016578	NM_016578	Hs.420229	51773
NM_024854	NM_024854	NM_024854	Hs.709545	79912
NM_152354	NM_152354	NM_152354	Hs.709428	26974
NM_022474	NM_022474	NM_022474	Hs.652312	64398
NM_001114632	NM_001114632	NM_001114632	Hs.198161	100137047
NR_024492	NR_024492	NR_024492	Hs.722376	NA
XR_109888	XR_109888	XR_109888		NA
NM_181425	NM_181425	NM_181425	Hs.20685	2395
NM_006453	NM_006453	NM_006453	Hs.513267	10607
NM_003855	NM_003855	NM_003855	Hs.469521	8809
NM_016195	NM_016195	NM_016195	Hs.240	9585
NR_002579	NR_002579	NR_002579	Hs.628272	NA
TCONS_I2_00030483				NA
NM_194460	NM_194460	NM_194460	Hs.69554	55658
XR_110482	XR_110482	XR_110482		NA
				NA
ENST00000519738	XR_110878	XR_110878	Hs.730062	NA
NM_015035	NM_015035	NM_015035	Hs.380133	23051
NM_178507	NM_178507	NM_178507	Hs.445081	220323
NM_000947	NM_000947	NM_000947	Hs.654580	5558
THC2505849				NA
NM_015004	NM_015004	NM_015004	Hs.719958	23016
ENST00000401491				29117
NM_182896	NM_182896	NM_182896	Hs.533086	200894
NR_040584	NR_040584	NR_040584	Hs.632310	442582
NM_139126	NM_139126	NM_139126	Hs.726494	85313
NM_001207008	NM_001207008	NM_001207008	Hs.614974	4301
				NA
AK125630		AK125630	Hs.195464	2316
NM_032273	NM_032273	NM_032273	Hs.533725	84233
NM_015162	NM_015162	NM_015162	Hs.655760	23205
NM_005177	NM_005177	NM_005177	Hs.463074	535
				NA

NR_000039	NR_000039	NR_000039	Hs.158296	9366
NR_033907	NR_033907	NR_033907		NA
NM_014710	NM_014710	NM_014710	Hs.729265	9737
NM_138793	NM_138793	NM_138793	Hs.8859	124583
TCONS_00026332				NA
NM_016049	NM_016049	NM_016049	Hs.271614	51016
NR_026792	NR_026792	NR_026792	Hs.229613	441455
ENST00000441797				NA
BI826863		BI826863	Hs.636166	NA
ENST00000428896		BG214914	Hs.171384	NA
ENST00000381503				22982
NR_023925	NR_023925	NR_023925	Hs.541165	56651
NM_006608	NM_006608	NM_006608	Hs.655824	10745
NM_001013437	NM_001013437	NM_001013437	Hs.301048	81929
NM_004209	NM_004209	NM_004209	Hs.435277	9143
ENST00000376339		DQ884401	Hs.193170	79917
NM_139169	NM_139169	NM_139169	Hs.21187	142940
NM_182690	NM_182690	NM_182690	Hs.449913	1945
NR_038996	NR_038996	NR_038996	Hs.660996	100131733
NM_022731	NM_022731	NM_022731	Hs.213061	64710
NM_001467	NM_001467	NM_001467	Hs.719203	2542
				NA
NR_040027	NR_040027	NR_040027		NA
NR_038253	NR_038253	NR_038253	Hs.668950	NA
NM_001048210	NM_001048210	NM_001048210	Hs.658489	23155
				NA
ENST00000428940				NA
NM_024766	NM_024766	NM_024766	Hs.468349	79823
NM_007199	NM_007199	NM_007199	Hs.369265	11213
NM_199427	NM_199427	NM_199427	Hs.473082	55734
TCONS_00018110				NA
XR_110124	XR_110124	XR_110124	Hs.594897	NA
NM_001003940	NM_001003940	NM_001003940	Hs.591104	90427
NM_173584	NM_173584	NM_173584	Hs.660936	283229
NM_001902	NM_001902	NM_001902	Hs.19904	1491
NM_001004354	NM_001004354	NM_001004354	Hs.535075	441478
NM_152341	NM_152341	NM_152341	Hs.351474	124222
NM_012470	NM_012470	NM_012470	Hs.193613	23534
NR_003503	NR_003503	NR_003503	Hs.650223	645367
BC018681		BC018681		8509
NM_007271	NM_007271	NM_007271	Hs.409578	11329
TCONS_00020392				NA
NM_000368	NM_000368	NM_000368	Hs.370854	7248
NM_022044	NM_022044	NM_022044	Hs.303116	23753

NM_004120	NM_004120	NM_004120	Hs.386567	2634
NM_018407	NM_018407	NM_018407	Hs.492314	55353
BX649145		BX649145	Hs.27371	157562
NM_006807	NM_006807	NM_006807	Hs.77254	10951
NM_001412	NM_001412	NM_001412	Hs.522590	1964
NM_033547	NM_033547	NM_033547	Hs.567827	NA
ENST00000464758		AK024058		64978
NM_003904	NM_003904	NM_003904	Hs.7165	8882
NM_148912	NM_148912	NM_148912	Hs.647045	83451
NM_032195	NM_032195	NM_032195	Hs.517262	6651
NM_002873	NM_002873	NM_002873	Hs.16184	5884
NM_138477	NM_138477	NM_138477	Hs.599232	146059
NM_017915	NM_017915	NM_017915	Hs.330663	55010
NM_017956	NM_017956	NM_017956	Hs.9925	55039
NM_001988	NM_001988	NM_001988	Hs.500635	2125
NR_038396	NR_038396	NR_038396	Hs.729453	NA
NM_021004	NM_021004	NM_021004	Hs.692654	10901
NM_001040441	NM_001040441	NM_001040441	Hs.546479	653121
NM_000666	NM_000666	NM_000666	Hs.334707	95
NM_005262	NM_005262	NM_005262	Hs.27184	2671
NM_001184	NM_001184	NM_001184	Hs.271791	545
ENST00000430387		BG210915	Hs.155793	NA
NM_001046	NM_001046	NM_001046	Hs.162585	6558
NR_003200	NR_003200	NR_003200		NA
TCONS_I2_00024571				NA
NM_144609	NM_144609	NM_144609	Hs.579115	124808
NM_004272	NM_004272	NM_004272	Hs.591761	9456
NM_001040199	NM_001040199	NM_001040199	Hs.531371	56650
TCONS_I2_00002951				NA
NM_020242	NM_020242	NM_020242	Hs.658939	56992
NM_020914	NM_020914	NM_020914	Hs.195642	NA
NM_203290	NM_203290	NM_203290	Hs.584839	9533
NM_014675	NM_014675	NM_014675	Hs.309403	NA
NR_001591	NR_001591	NR_001591	Hs.474116	387590
NM_004793	NM_004793	NM_004793	Hs.350265	9361
BC040551		BC040551		146183
NM_014515	NM_014515	NM_014515	Hs.730666	4848
ENST00000420945				NA
NM_016033	NM_016033	NM_016033	Hs.145386	51115
AK307308		AK307308		NA
TCONS_I2_00020484				NA
NM_018061	NM_018061	NM_018061	Hs.342307	55119
NM_014499	NM_014499	NM_014499	Hs.296433	27334
AL525197		AL525197	Hs.662132	55389

TCONS_00012332				NA
NM_001136263	NM_001136263	NM_001136263	Hs.223770	126567
NR_036470	NR_036470	NR_036470	Hs.525680	NA
NR_037845	NR_037845	NR_037845	Hs.731284	NA
NM_001145418	NM_001145418	NM_001145418	Hs.387856	23331
NM_001010984	NM_001010984	NM_001010984	Hs.554892	83932
NM_003810	NM_003810	NM_003810	Hs.478275	8743
NR_026913	NR_026913	NR_026913		100133669
NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	NA
NM_032440	NM_032440	NM_032440	Hs.729136	84458
				NA
NM_001031716	NM_001031716	NM_001031716	Hs.591610	64859
BC036880		BC036880	Hs.523529	653464
XR_132736	XR_132736	XR_132736	Hs.729493	440132
NM_139164	NM_139164	NM_139164	Hs.93842	134429
NM_001198593	NM_001198593	NM_001198593		NA
NM_017988	NM_017988	NM_017988	Hs.506481	55681
NM_002842	NM_002842	NM_002842	Hs.179770	5794
TCONS_00029084				NA
NM_013441	NM_013441	NM_013441	Hs.656799	11123
NM_001137552	NM_001137552	NM_001137552	Hs.471779	9208
NM_001184889	NM_001184889	NM_001184889	Hs.591003	81614
NR_003262	NR_003262	NR_003262	Hs.609978	619190
NM_144571	NM_144571	NM_144571	Hs.592519	246175
ENST00000515542		BC007984	Hs.435710	NA
NM_004453	NM_004453	NM_004453	Hs.155729	2110
NM_144981	NM_144981	NM_144981	Hs.502223	196294
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.650756	NA
NM_017518	NM_017518	NM_017518	Hs.170835	55559
NM_016371	NM_016371	NM_016371	Hs.492925	51478
NM_032959	NM_032959	NM_032959	Hs.610255	246721
NM_015024	NM_015024	NM_015024	Hs.172685	23039
NM_014701	NM_014701	NM_014701	Hs.9997	9728
NM_024059	NM_024059	NM_024059	Hs.197755	79025
NM_001001661	NM_001001661	NM_001001661	Hs.31743	155054
NM_006516	NM_006516	NM_006516	Hs.473721	6513
NM_022367	NM_022367	NM_022367	Hs.408846	64218
NM_001080414	NM_001080414	NM_001080414	Hs.525536	440193
NM_002916	NM_002916	NM_002916	Hs.714318	5984
NM_018085	NM_018085	NM_018085	Hs.596014	55705
Z39353		Z39353	Hs.657439	26782
NR_038379	NR_038379	NR_038379	Hs.552959	554206
NM_016360	NM_016360	NM_016360	Hs.174134	51204
NM_003153	NM_003153	NM_003153	Hs.524518	6778

NM_198449	NM_198449	NM_198449	Hs.561411	133418
NR_027321	NR_027321	NR_027321	Hs.651593	157381
NM_015094	NM_015094	NM_015094	Hs.632767	23119
NM_001172630	NM_001172630	NM_001172630	Hs.515364	115703
NR_034006	NR_034006	NR_034006	Hs.231861	100132352
NM_007048	NM_007048	NM_007048	Hs.191510	11119
NM_018217	NM_018217	NM_018217	Hs.720177	55741
NM_152592	NM_152592	NM_152592	Hs.354645	161176
NM_002165	NM_002165	NM_002165	Hs.504609	3397
NR_026660	NR_026660	NR_026660		100129424
NM_001014812	NM_001014812	NM_001014812	Hs.439548	84191
NR_003716	NR_003716	NR_003716	Hs.197076	NA
NM_014572	NM_014572	NM_014572	Hs.78960	26524
				NA
NM_001136123	NM_001136123	NM_001136123	Hs.447458	55719
NM_006716	NM_006716	NM_006716	Hs.485380	10926
NM_001966	NM_001966	NM_001966	Hs.429879	1962
NM_032129	NM_032129	NM_032129	Hs.528691	84069
TCONS_00006285				NA
NM_014177	NM_014177	NM_014177	Hs.532835	29090
NM_001013632	NM_001013632	NM_001013632	Hs.585137	343521
NM_006775	NM_006775	NM_006775	Hs.510324	9444
NM_016486	NM_016486	NM_016486	Hs.436502	51249
TCONS_I2_00026509				NA
NM_001005920	NM_001005920	NM_001005920	Hs.533771	339123
NM_016454	NM_016454	NM_016454	Hs.250905	51234
NM_014911	NM_014911	NM_014911	Hs.468878	22848
NM_019041	NM_019041	NM_019041	Hs.225836	54516
NM_004773	NM_004773	NM_004773	Hs.2210	9326
TCONS_00025730				NA
NM_005738	NM_005738	NM_005738	Hs.245540	10124
NM_002109	NM_002109	NM_002109	Hs.528050	3035
NR_003661	NR_003661	NR_003661	Hs.498348	NA
NM_001002860	NM_001002860	NM_001002860	Hs.525549	55727
NM_012112	NM_012112	NM_012112	Hs.244580	22974
TCONS_00008000				NA
NM_014255	NM_014255	NM_014255	Hs.8752	10330
NM_005095	NM_005095	NM_005095	Hs.269211	9202
NM_001051	NM_001051	NM_001051	Hs.225995	6753
NR_024005	NR_024005	NR_024005	Hs.712940	84771
NM_001198858	NM_001198858	NM_001198858	Hs.409934	3120
NM_002705	NM_002705	NM_002705	Hs.192233	5493
NM_023947	NM_023947	NM_023947	Hs.144468	66005
NR_026938	NR_026938	NR_026938	Hs.374076	221442

NM_015726	NM_015726	NM_015726	Hs.632447	50717
ENST00000342020				1514
ENST00000378430		AK309268	Hs.116481	971
NM_152680	NM_152680	NM_152680	Hs.518900	201799
NM_004973	NM_004973	NM_004973	Hs.269059	3720
NM_001039348	NM_001039348	NM_001039348	Hs.76224	2202
NM_025184	NM_025184	NM_025184	Hs.521953	80258
NM_018367	NM_018367	NM_018367	Hs.23862	55331
TCONS_00014880				NA
ENST00000507787		AK311660		NA
NR_015377	NR_015377	NR_015377	Hs.656660	654433
TCONS_00029312				NA
NM_181788	NM_181788	NM_181788	Hs.155833	341567
NM_000635	NM_000635	NM_000635	Hs.465709	5990
NM_138690	NM_138690	NM_138690	Hs.660378	116444
				NA
TCONS_00010852				NA
NM_012144	NM_012144	NM_012144	Hs.112667	27019
NR_001591	NR_001591	NR_001591	Hs.474116	NA
				NA
NM_015428	NM_015428	NM_015428	Hs.440553	25888
TCONS_00015744				NA
NM_152740	NM_152740	NM_152740	Hs.406758	11112
NM_017773	NM_017773	NM_017773	Hs.272794	54900
NM_017768	NM_017768	NM_017768	Hs.147836	55631
NM_004059	NM_004059	NM_004059	Hs.495250	883
NM_024963	NM_024963	NM_024963	Hs.623974	80028
NM_005481	NM_005481	NM_005481	Hs.365207	10025
BQ216890		BQ216890	Hs.620049	NA
AK124193		AK124193		23582
NM_138436	NM_138436	NM_138436	Hs.655320	114926
NM_001195545	NM_001195545	NM_001195545	Hs.145136	100505591
NM_016010	NM_016010	NM_016010	Hs.271876	51101
NM_001677	NM_001677	NM_001677	Hs.291196	481
NM_002872	NM_002872	NM_002872	Hs.517601	5880
NR_039982	NR_039982	NR_039982	Hs.675941	283547
NM_001042422	NM_001042422	NM_001042422	Hs.500761	9123
AK126439		AK126439	Hs.651436	100131929
NM_003011	NM_003011	NM_003011	Hs.436687	6418
ENST00000430244		BC017910		NA
NM_173480	NM_173480	NM_173480	Hs.591378	126295
NM_033518	NM_033518	NM_033518	Hs.195155	92745
NM_021795	NM_021795	NM_021795	Hs.497520	2005
NM_015416	NM_015416	NM_015416	Hs.655272	25875

NM_014883	NM_014883	NM_014883	Hs.97270	10144
NM_001080475	NM_001080475	NM_001080475	Hs.159188	389072
NM_198991	NM_198991	NM_198991	Hs.526630	284252
NR_027237	NR_027237	NR_027237	Hs.650365	NA
ENST00000402430		BC028162	Hs.163909	50636
NM_014657	NM_014657	NM_014657	Hs.655481	9675
NM_018120	NM_018120	NM_018120	Hs.269542	55156
NM_145230	NM_145230	NM_145230	Hs.698060	155066
NM_031473	NM_031473	NM_031473	Hs.528382	28981
NM_022780	NM_022780	NM_022780	Hs.75277	64795
NM_153021	NM_153021	NM_153021	Hs.444933	151056
NM_182551	NM_182551	NM_182551	Hs.468048	253558
NM_173625	NM_173625	NM_173625	Hs.439154	284099
NR_029389	NR_029389	NR_029389	Hs.635932	NA
NM_015305	NM_015305	NM_015305	Hs.497448	23357
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.434890	8924
ENST00000523011		BX104472	Hs.55166	NA
NM_024332	NM_024332	NM_024332	Hs.558537	79184
NM_001012515	NM_001012515	NM_001012515	Hs.365365	2235
NM_021873	NM_021873	NM_021873	Hs.153752	994
NM_024096	NM_024096	NM_024096	Hs.632191	79077
NM_134323	NM_134323	NM_134323	Hs.326	6895
NM_003511	NM_003511	NM_003511	Hs.233568	8332
NM_001164	NM_001164	NM_001164	Hs.372840	322
NM_000392	NM_000392	NM_000392	Hs.368243	1244
NM_016359	NM_016359	NM_016359	Hs.615092	51203
NM_001105578	NM_001105578	NM_001105578	Hs.655173	256126
NM_002573	NM_002573	NM_002573	Hs.466831	5050
NM_021996	NM_021996	NM_021996	Hs.495419	26301
NM_005065	NM_005065	NM_005065	Hs.181300	6400
				NA
NM_001039775	NM_001039775	NM_001039775	Hs.128738	55057
NR_038903	NR_038903	NR_038903	Hs.503429	NA
NM_005125	NM_005125	NM_005125	Hs.502917	9973
NM_031905	NM_031905	NM_031905	Hs.287412	83787
NM_015589	NM_015589	NM_015589	Hs.98259	23034
ENST00000423311		CB111670	Hs.581009	NA
NM_003489	NM_003489	NM_003489	Hs.155017	8204
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.608918	NA
NM_004923	NM_004923	NM_004923	Hs.145932	9633
NM_012284	NM_012284	NM_012284	Hs.64064	23416
NM_006803	NM_006803	NM_006803	Hs.654529	10947
NM_024661	NM_024661	NM_024661	Hs.187657	79714
ENST00000466812				NA

ENST00000412877		CR590527	Hs.432574	5437
NM_015578	NM_015578	NM_015578	Hs.407368	NA
				NA
NM_002649	NM_002649	NM_002649	Hs.32942	5294
ENST00000425031				NA
NM_015239	NM_015239	NM_015239	Hs.719980	23287
NM_003876	NM_003876	NM_003876	Hs.592945	8834
NM_020644	NM_020644	NM_020644	Hs.501853	56674
NM_001549	NM_001549	NM_001549	Hs.47338	3437
NM_018845	NM_018845	NM_018845	Hs.292154	55974
				NA
NM_152504	NM_152504	NM_152504	Hs.529340	149840
AK093315		AK093315	Hs.638487	285173
NM_001127	NM_001127	NM_001127	Hs.368794	162
NM_015048	NM_015048	NM_015048	Hs.507122	23067
XM_001722136	XM_001722136	XM_001722136		NA
NR_026920	NR_026920	NR_026920	Hs.592202	150291
NM_017549	NM_017549	NM_017549	Hs.563491	54749
NM_022151	NM_022151	NM_022151	Hs.24719	64112
NM_002124	NM_002124	NM_002124	Hs.696211	3123
TCONS_00017230				NA
NM_198159	NM_198159	NM_198159	Hs.166017	4286
NM_022100	NM_022100	NM_022100	Hs.654858	63931
NM_018676	NM_018676	NM_018676	Hs.325667	55901
NM_178469	NM_178469	NM_178469	Hs.323991	138307
ENST00000437798		BC055007	Hs.591591	NA
NM_001080825	NM_001080825	NM_001080825	Hs.644504	144404
NM_001136134	NM_001136134	NM_001136134	Hs.652114	6158
				NA
NM_021214	NM_021214	NM_021214	Hs.459072	58489
NM_020145	NM_020145	NM_020145	Hs.460238	56904
				NA
NR_024074	NR_024074	NR_024074	Hs.375441	NA
NM_080599	NM_080599	NM_080599	Hs.370689	26019
ENST00000453760				NA
				NA
NM_002637	NM_002637	NM_002637	Hs.201379	5255
NM_178177	NM_178177	NM_178177	Hs.208673	349565
NM_005155	NM_005155	NM_005155	Hs.332138	9374
NM_001190702	NM_001190702	NM_001190702	Hs.717003	NA
NM_007022	NM_007022	NM_007022	Hs.149443	11068
TCONS_I2_00017629				NA
NM_025203	NM_025203	NM_025203	Hs.24624	80304
NM_015172	NM_015172	NM_015172	Hs.494614	23215

NM_017625	NM_017625	NM_017625	Hs.50813	55600
NM_016485	NM_016485	NM_016485	Hs.431367	51534
NM_032377	NM_032377	NM_032377	Hs.631633	84337
NR_034108	NR_034108	NR_034108		643749
NM_022140	NM_022140	NM_022140	Hs.584954	64097
NM_206918	NM_206918	NM_206918	Hs.159643	123099
NM_032146	NM_032146	NM_032146	Hs.373801	84100
NM_024886	NM_024886	NM_024886	Hs.225084	79946
NM_006209	NM_006209	NM_006209	Hs.190977	5168
NM_001144931	NM_001144931	NM_001144931	Hs.678440	391322
NM_178836	NM_178836	NM_178836	Hs.729079	201164
ENST00000399576		AK098491		NA
NM_001002913	NM_001002913	NM_001002913	Hs.653265	138428
NM_152551	NM_152551	NM_152551	Hs.13366	154007
NM_001294	NM_001294	NM_001294	Hs.444441	1209
NM_052880	NM_052880	NM_052880	Hs.26670	113791
				NA
BF106382		BF106382	Hs.612592	NA
NR_002710	NR_002710	NR_002710	Hs.378695	NA
NM_201397	NM_201397	NM_201397	Hs.76686	2876
NM_001007544	NM_001007544	NM_001007544	Hs.662248	440712
TCONS_00016213				NA
NM_033276	NM_033276	NM_033276	Hs.61188	91419
NM_016588	NM_016588	NM_016588	Hs.103291	51299
NM_172364	NM_172364	NM_172364	Hs.13768	93589
ENST00000449075	XR_109883	XR_109883		NA
NM_005949	NM_005949	NM_005949	Hs.513626	4494
NM_001111322	NM_001111322	NM_001111322	Hs.506861	79039
NM_012145	NM_012145	NM_012145	Hs.471873	1841
NM_016653	NM_016653	NM_016653	Hs.444451	51776
ENST00000357721		AL832339	Hs.585084	254013
NM_012229	NM_012229	NM_012229	Hs.97439	22978
NM_015979	NM_015979	NM_015979	Hs.29679	9439
NR_036695	NR_036695	NR_036695	Hs.677723	645884
XR_109972	XR_109972	XR_109972		NA
NM_012151	NM_012151	NM_012151	Hs.533543	8263
NM_001099456	NM_001099456	NM_001099456	Hs.233533	283869
NM_022145	NM_022145	NM_022145	Hs.529778	64105
NM_001416	NM_001416	NM_001416	Hs.129673	1973
TCONS_00001800				NA
NM_032737	NM_032737	NM_032737	Hs.728836	84823
NM_152363	NM_152363	NM_152363	Hs.721610	126549
NR_037934	NR_037934	NR_037934		NA
NM_001167674	NM_001167674	NM_001167674	Hs.164578	253559

NM_005175	NM_005175	NM_005175	Hs.80986	516
ENST00000424524		AF252280		NA
NM_018135	NM_018135	NM_018135	Hs.520149	55168
NM_012466	NM_012466	NM_012466	Hs.579784	26526
NR_001458	NR_001458	NR_001458	Hs.697120	114614
NM_020185	NM_020185	NM_020185	Hs.29106	56940
NM_138390	NM_138390	NM_138390	Hs.334916	92691
				NA
NM_032558	NM_032558	NM_032558	Hs.727498	84641
NM_183416	NM_183416	NM_183416	Hs.97858	23095
AK126019		AK126019	Hs.537348	NA
NM_194247	NM_194247	NM_194247	Hs.701256	NA
AK124475		AK124475	Hs.659259	NA
NM_018177	NM_018177	NM_018177	Hs.391463	55728
THC2715267				NA
NM_001008493	NM_001008493	NM_001008493	Hs.497893	55740
ENST00000372154		AK055407		221421
AK128128		AK128128	Hs.637572	100128348
NM_004064	NM_004064	NM_004064	Hs.238990	1027
NM_021983	NM_021983	NM_021983	Hs.723344	3126
NM_001645	NM_001645	NM_001645	Hs.110675	341
NM_021727	NM_021727	NM_021727	Hs.21765	3995
NM_153613	NM_153613	NM_153613	Hs.352614	254531
NM_152636	NM_152636	NM_152636	Hs.243326	NA
NM_007162	NM_007162	NM_007162	Hs.485360	7942
NM_001004297	NM_001004297	NM_001004297	Hs.532435	79290
NM_020435	NM_020435	NM_020435	Hs.100072	57165
				NA
NM_003250	NM_003250	NM_003250	Hs.724	7067
AK123920		AK123920	Hs.640231	100130453
NM_006753	NM_006753	NM_006753	Hs.274430	6838
NR_026774	NR_026774	NR_026774	Hs.150840	145200
NM_004269	NM_004269	NM_004269	Hs.374262	9442
ENST00000371937		AF111705	Hs.100874	64756
TCONS_I2_00001532				NA
ENST00000439926		BG189579	Hs.637373	NA
ENST00000552745		BC008585	Hs.387679	NA
AB007978		AB007978	Hs.554381	57242
ENST00000532886				NA
				NA
NM_016248	NM_016248	NM_016248	Hs.105105	11215
NM_005327	NM_005327	NM_005327	Hs.438289	3033
ENST00000335589		AJ535838	Hs.458713	84750
NM_138338	NM_138338	NM_138338	Hs.712617	171568

NR_003255	NR_003255	NR_003255		NA
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.608918	NA
NM_004628	NM_004628	NM_004628	Hs.475538	7508
NM_000289	NM_000289	NM_000289	Hs.75160	5213
BU568994		BU568994	Hs.621594	NA
NM_022750	NM_022750	NM_022750	Hs.12646	64761
NM_173808	NM_173808	NM_173808	Hs.146542	257194
ENST00000510956		BC034799	Hs.555072	NA
AK311417		AK311417	Hs.631698	NA
NM_001005159	NM_001005159	NM_001005159	Hs.343679	51460
NM_000437	NM_000437	NM_000437	Hs.477083	5051
TCONS_I2_00030903				NA
NR_026900	NR_026900	NR_026900		200058
NM_138793	NM_138793	NM_138793	Hs.8859	124583
NM_015678	NM_015678	NM_015678	Hs.491172	26960
NM_018397	NM_018397	NM_018397	Hs.126688	55349
XR_109021	XR_109021	XR_109021		NA
NM_001033026	NM_001033026	NM_001033026	Hs.515003	91304
NM_133646	NM_133646	NM_133646	Hs.444451	51776
NM_001355	NM_001355	NM_001355	Hs.656723	1652
NR_028090	NR_028090	NR_028090	Hs.193172	NA
NM_015653	NM_015653	NM_015653	Hs.475110	26150
NR_037178	NR_037178	NR_037178	Hs.559456	NA
NM_000283	NM_000283	NM_000283	Hs.654544	5158
NM_001753	NM_001753	NM_001753	Hs.74034	857
NM_012269	NM_012269	NM_012269	Hs.28673	23553
NM_001137560	NM_001137560	NM_001137560	Hs.632851	441151
NM_032497	NM_032497	NM_032497	Hs.172979	84527
TCONS_00021771				NA
NM_001615	NM_001615	NM_001615	Hs.516105	72
NR_026852	NR_026852	NR_026852	Hs.314114	NA
XR_110824	XR_110824	XR_110824	Hs.729259	NA
AK024464		AK024464		NA
NM_005500	NM_005500	NM_005500	Hs.515500	10055
NR_027005	NR_027005	NR_027005	Hs.433062	NA
NM_003142	NM_003142	NM_003142	Hs.632535	6741
NM_001194986	NM_001194986	NM_001194986	Hs.61504	388630
TCONS_I2_00024911				NA
NR_026949	NR_026949	NR_026949	Hs.177927	NA
NM_005746	NM_005746	NM_005746	Hs.489615	10135
NM_005611	NM_005611	NM_005611	Hs.513609	5934
NM_015441	NM_015441	NM_015441	Hs.507515	25903
NM_003213	NM_003213	NM_003213	Hs.94865	7004
NM_006016	NM_006016	NM_006016	Hs.520313	8763

TCONS_00001882				NA
NM_001321	NM_001321	NM_001321	Hs.530904	1466
NM_005576	NM_005576	NM_005576	Hs.65436	4016
NM_001142946	NM_001142946	NM_001142946	Hs.559181	29125
NR_027162	NR_027162	NR_027162	Hs.368934	125144
NM_014694	NM_014694	NM_014694	Hs.522543	9719
NM_003410	NM_003410	NM_003410	Hs.336681	7543
TCONS_00025273				NA
NM_198282	NM_198282	NM_198282	Hs.379754	340061
ENST00000382516		AK093562		54436
NM_005059	NM_005059	NM_005059	Hs.127032	6019
				NA
NM_005077	NM_005077	NM_005077	Hs.197320	7088
ENST00000402311				23637
NM_153437	NM_153437	NM_153437		NA
TCONS_I2_00014773				NA
NM_024587	NM_024587	NM_024587	Hs.22157	79639
NM_152373	NM_152373	NM_152373	Hs.524767	127396
NM_024600	NM_024600	NM_024600	Hs.459652	79652
XR_108575	XR_108575	XR_108575	Hs.535791	NA
NM_032121	NM_032121	NM_032121	Hs.323562	84061
NM_001755	NM_001755	NM_001755	Hs.460988	865
NM_001003828	NM_001003828	NM_001003828	Hs.475074	29780
NM_003002	NM_003002	NM_003002	Hs.647227	6392
ENST00000506386				NA
NM_144613	NM_144613	NM_144613	Hs.550544	125965
ENST00000521128		AK074818	Hs.638681	NA
ENST00000455460				NA
NM_003195	NM_003195	NM_003195	Hs.505004	6919
NM_005792	NM_005792	NM_005792	Hs.344400	10200
NR_003531	NR_003531	NR_003531	Hs.728839	55384
NM_021158	NM_021158	NM_021158	Hs.516826	57761
NM_006820	NM_006820	NM_006820	Hs.389724	10964
NM_003143	NM_003143	NM_003143	Hs.490394	6742
NM_001145717	NM_001145717	NM_001145717	Hs.407002	285848
XR_110024	XR_110024	XR_110024	Hs.730041	NA
THC2674548				NA
NM_052961	NM_052961	NM_052961	Hs.435836	116369
NM_001033053	NM_001033053	NM_001033053	Hs.652273	22861
NM_022730	NM_022730	NM_022730	Hs.335061	64708
NM_015020	NM_015020	NM_015020	Hs.709458	23035
NM_182931	NM_182931	NM_182931	Hs.592262	55904
NM_003276	NM_003276	NM_003276	Hs.11355	7112
NM_014941	NM_014941	NM_014941	Hs.555918	22880

NM_000222	NM_000222	NM_000222	Hs.479754	3815
NM_001199860	NM_001199860	NM_001199860	Hs.440497	8514
XR_108586	XR_108586	XR_108586	Hs.586193	728769
NM_001195446	NM_001195446	NM_001195446	Hs.309090	6432
NR_033244	NR_033244	NR_033244		729080
NM_005994	NM_005994	NM_005994	Hs.531085	6909
NM_017772	NM_017772	NM_017772	Hs.485270	55633
TCONS_I2_00012321				NA
AY533203		AY533203	Hs.537231	NA
NM_006602	NM_006602	NM_006602	Hs.126248	10732
NM_001190992	NM_001190992	NM_001190992	Hs.478031	9197
				NA
NM_133261	NM_133261	NM_133261	Hs.266873	126326
NM_024407	NM_024407	NM_024407	Hs.211914	374291
NM_006253	NM_006253	NM_006253	Hs.726001	5564
NM_001146265	NM_001146265	NM_001146265	Hs.152009	54329
TCONS_00028427				NA
NM_004758	NM_004758	NM_004758	Hs.112499	9256
NM_022896	NM_022896	NM_022896	Hs.25897	64900
NM_018348	NM_018348	NM_018348	Hs.72782	55783
NM_002819	NM_002819	NM_002819	Hs.172550	5725
NM_006579	NM_006579	NM_006579	Hs.30619	10682
NM_015975	NM_015975	NM_015975	Hs.592248	51616
TCONS_00022114				NA
AK093004		AK093004	Hs.648390	286272
NM_001098537	NM_001098537	NM_001098537	Hs.294147	375775
				NA
TCONS_00012054				NA
				NA
				NA
NR_039993	NR_039993	NR_039993		NA
NM_017782	NM_017782	NM_017782	Hs.610717	54906
NM_005211	NM_005211	NM_005211	Hs.586219	1436
NM_001243007	NM_001243007	NM_001243007	Hs.675293	283571
NM_020307	NM_020307	NM_020307	Hs.4859	57018
NM_153033	NM_153033	NM_153033	Hs.546627	154881
NM_001130955	NM_001130955	NM_001130955	Hs.465761	23370
NM_002875	NM_002875	NM_002875	Hs.631709	5888
NR_003064	NR_003064	NR_003064	Hs.157195	23615
NM_003756	NM_003756	NM_003756	Hs.492599	8667
ENST00000452381		CD358889	Hs.580584	NA
TCONS_I2_00008931				NA
NM_017414	NM_017414	NM_017414	Hs.38260	11274
NM_001017992	NM_001017992	NM_001017992	Hs.482167	345651
NM_198189	NM_198189	NM_198189	Hs.531713	10920

NM_002254	NM_002254	NM_002254	Hs.21611	3797
NM_018285	NM_018285	NM_018285	Hs.513043	55272
NR_027123	NR_027123	NR_027123		NA
NM_002535	NM_002535	NM_002535	Hs.414332	4939
NR_038359	NR_038359	NR_038359		NA
NM_001033081	NM_001033081	NM_001033081	Hs.437922	4610
NM_138458	NM_138458	NM_138458	Hs.631877	116143
NM_001193653	NM_001193653	NM_001193653	Hs.163113	79415
NM_020905	NM_020905	NM_020905	Hs.708385	57665
NM_078467	NM_078467	NM_078467	Hs.370771	1026
NM_184231	NM_184231	NM_184231	Hs.655006	51517
NM_012239	NM_012239	NM_012239	Hs.716456	23410
XR_110573	XR_110573	XR_110573		NA
XR_109511	XR_109511	XR_109511	Hs.157101	NA
NM_006788	NM_006788	NM_006788	Hs.528993	10928
NM_001973	NM_001973	NM_001973	Hs.497520	2005
NM_024580	NM_024580	NM_024580	Hs.459114	NA
XR_133430	XR_133430	XR_133430	Hs.645747	NA
AF090938		AF090938	Hs.655428	100127886
NR_024437	NR_024437	NR_024437	Hs.546918	NA
NM_001190467	NM_001190467	NM_001190467	Hs.288540	80164
ENST00000469758				63877
NM_012139	NM_012139	NM_012139	Hs.32470	26297
NM_001142356	NM_001142356	NM_001142356	Hs.145284	60491
NM_018142	NM_018142	NM_018142	Hs.512627	55174
ENST00000413145	XR_108927	XR_108927		NA
NM_004043	NM_004043	NM_004043	Hs.522572	438
ENST00000404147				113130
NM_001145139	NM_001145139	NM_001145139	Hs.719592	100132994
NM_153046	NM_153046	NM_153046	Hs.21454	122402
NM_005216	NM_005216	NM_005216	Hs.523145	1650
NM_001005566	NM_001005566	NM_001005566	Hs.553753	390190
NM_001173990	NM_001173990	NM_001173990	Hs.26745	51259
NM_001802	NM_001802	NM_001802	Hs.513430	1039
CF127220		CF127220	Hs.584346	NA
TCONS_00016583				NA
NM_014798	NM_014798	NM_014798	Hs.514242	9842
NM_175883	NM_175883	NM_175883	Hs.531755	162998
NM_002823	NM_002823	NM_002823	Hs.459927	5757
ENST00000377259				9414
ENST00000525257		CR749502	Hs.577256	55031
NM_001698	NM_001698	NM_001698	Hs.175905	549
NM_017681	NM_017681	NM_017681	Hs.163629	54830
NM_033407	NM_033407	NM_033407	Hs.406156	85440

NM_182529	NM_182529	NM_182529	Hs.723931	168451
NM_194313	NM_194313	NM_194313	Hs.710246	347240
NM_007361	NM_007361	NM_007361	Hs.369840	22795
NM_001037540	NM_001037540	NM_001037540	Hs.109655	6322
NM_032292	NM_032292	NM_032292	Hs.656361	54856
NM_033184	NM_033184	NM_033184	Hs.560502	85294
NM_024635	NM_024635	NM_024635	Hs.436098	60560
ENST00000555342				NA
NM_014726	NM_014726	NM_014726	Hs.94790	9755
NM_002887	NM_002887	NM_002887	Hs.654907	5917
NM_001252231	NM_001252231	NM_001252231	Hs.595540	10802
NR_003500	NR_003500	NR_003500	Hs.648086	441212
THC2511093				NA
NM_006756	NM_006756	NM_006756	Hs.491745	6917
NM_014035	NM_014035	NM_014035	Hs.483200	28966
TCONS_I2_00029272				NA
NR_040058	NR_040058	NR_040058		NA
				NA
NR_015431	NR_015431	NR_015431	Hs.702887	NA
NM_198551	NM_198551	NM_198551	Hs.118474	375056
NR_027626	NR_027626	NR_027626	Hs.484918	NA
NM_014761	NM_014761	NM_014761	Hs.232194	9798
NM_007069	NM_007069	NM_007069	Hs.502775	11145
NM_032646	NM_032646	NM_032646	Hs.27935	94015
NR_038301	NR_038301	NR_038301		NA
NM_014641	NM_014641	NM_014641	Hs.653495	9656
NM_006649	NM_006649	NM_006649	Hs.458598	10813
BC066989		BC066989	Hs.111749	NA
NM_005504	NM_005504	NM_005504	Hs.438993	586
NM_023935	NM_023935	NM_023935	Hs.471975	65992
NM_173353	NM_173353	NM_173353	Hs.376337	121278
NM_001136493	NM_001136493	NM_001136493	Hs.655177	84879
NM_001018111	NM_001018111	NM_001018111	Hs.16426	5420
NM_016391	NM_016391	NM_016391	Hs.696283	51491
NM_032597	NM_032597	NM_032597	Hs.709736	84689
XM_001133153	XM_001133153	XM_001133153	Hs.444913	NA
ENST00000456253				NA
NM_004529	NM_004529	NM_004529	Hs.591085	4300
THC2554858				NA
ENST00000457535				NA
NM_212492	NM_212492	NM_212492	Hs.268530	2873
NM_000082	NM_000082	NM_000082	Hs.435237	1161
NM_181806	NM_181806	NM_181806	Hs.104347	132949
NM_001012662	NM_001012662	NM_001012662	Hs.502769	6520

NM_004097	NM_004097	NM_004097	Hs.516090	2016
NM_001145191	NM_001145191	NM_001145191	Hs.399980	285550
NM_003932	NM_003932	NM_003932	Hs.712713	6767
NM_014957	NM_014957	NM_014957	Hs.18166	22898
NM_138782	NM_138782	NM_138782	Hs.165762	115548
NM_024318	NM_024318	NM_024318	Hs.688335	NA
NR_001591	NR_001591	NR_001591		NA
NM_002731	NM_002731	NM_002731	Hs.487325	5567
NM_019054	NM_019054	NM_019054	Hs.500419	54537
NM_015276	NM_015276	NM_015276	Hs.462492	23326
NM_201999	NM_201999	NM_201999	Hs.634040	1998
NM_018992	NM_018992	NM_018992	Hs.61960	54442
THC2633387				NA
XR_109771	XR_109771	XR_109771		NA
NR_003717	NR_003717	NR_003717	Hs.490401	100124692
NM_030777	NM_030777	NM_030777	Hs.305971	81031
NR_040093	NR_040093	NR_040093	Hs.730814	NA
ENST00000395358		U78169	Hs.8578	10411
NM_001017924	NM_001017924	NM_001017924	Hs.450425	340745
NM_001008529	NM_001008529	NM_001008529	Hs.250723	439921
ENST00000432272				NA
XR_110597	XR_110597	XR_110597		NA
BF515046		BF515046	Hs.720773	NA
AK127296		AK127296	Hs.710155	100130051
NM_004175	NM_004175	NM_004175	Hs.356549	6634
NM_005845	NM_005845	NM_005845	Hs.508423	10257
ENST00000518765		BX500531	Hs.730320	NA
ENST00000390629		S73508	Hs.703938	NA
NM_005387	NM_005387	NM_005387	Hs.524750	4928
				NA
NM_001011552	NM_001011552	NM_001011552	Hs.447686	389015
NM_015440	NM_015440	NM_015440	Hs.591343	25902
NM_013417	NM_013417	NM_013417	Hs.445403	3376
NM_016305	NM_016305	NM_016305	Hs.534454	51188
TCONS_I2_00017004				NA
NM_005502	NM_005502	NM_005502	Hs.659274	19
NM_006468	NM_006468	NM_006468	Hs.591457	10623
NM_145291	NM_145291	NM_145291	Hs.419997	166793
NM_004219	NM_004219	NM_004219	Hs.350966	9232
AF128541		AF128541	Hs.657680	100128843
NM_001099692	NM_001099692	NM_001099692	Hs.104825	143244
NM_022752	NM_022752	NM_022752	Hs.700166	64763
NM_001167942	NM_001167942	NM_001167942	Hs.465643	126282
NM_000056	NM_000056	NM_000056	Hs.654441	594

NM_173078	NM_173078	NM_173078	Hs.272284	139065
NM_007086	NM_007086	NM_007086	Hs.385998	11169
ENST00000493883				8209
NR_033339	NR_033339	NR_033339	Hs.561314	92070
NM_001039396	NM_001039396	NM_001039396	Hs.730677	219972
NM_024069	NM_024069	NM_024069	Hs.369785	79036
NR_002599	NR_002599	NR_002599		NA
XR_132877	XR_132877	XR_132877	Hs.653095	644339
ENST00000290144		AB384543	Hs.303454	23233
NM_012111	NM_012111	NM_012111	Hs.204041	10598
NM_001927	NM_001927	NM_001927	Hs.594952	1674
NM_016506	NM_016506	NM_016506	Hs.718483	55709
NM_152475	NM_152475	NM_152475	Hs.567710	147687
NM_001143965	NM_001143965	NM_001143965	Hs.484678	51256
NM_017969	NM_017969	NM_017969	Hs.469879	55677
AK090766		AK090766	Hs.655064	NA
NM_004694	NM_004694	NM_004694	Hs.42645	9120
NM_152391	NM_152391	NM_152391	Hs.274415	130814
TCONS_00017174				NA
NR_027329	NR_027329	NR_027329	Hs.436146	114796
NM_033396	NM_033396	NM_033396	Hs.530730	85456
NM_025191	NM_025191	NM_025191	Hs.523811	80267
NM_032486	NM_032486	NM_032486	Hs.435941	84516
NR_024207	NR_024207	NR_024207	Hs.272822	340390
NM_012259	NM_012259	NM_012259	Hs.144287	23493
NM_021129	NM_021129	NM_021129		NA
NM_032256	NM_032256	NM_032256	Hs.444668	84216
NM_003896	NM_003896	NM_003896	Hs.415117	8869
NR_004378	NR_004378	NR_004378	Hs.723087	NA
NM_207354	NM_207354	NM_207354	Hs.438673	338692
NM_014721	NM_014721	NM_014721	Hs.102471	9749
NM_001129765	NM_001129765	NM_001129765	Hs.57698	50814
NM_006278	NM_006278	NM_006278	Hs.591947	6484
NM_001145664	NM_001145664	NM_001145664	Hs.662488	731220
BM918074		BM918074	Hs.681779	26777
NM_022786	NM_022786	NM_022786	Hs.275736	64801
NM_015261	NM_015261	NM_015261	Hs.438550	23310
NM_002375	NM_002375	NM_002375	Hs.517949	4134
NM_212552	NM_212552	NM_212552	Hs.61472	388962
NM_004514	NM_004514	NM_004514	Hs.591140	3607
BC066775		BC066775	Hs.322473	256949
NM_207002	NM_207002	NM_207002	Hs.469658	10018
NM_015649	NM_015649	NM_015649	Hs.515477	26145

NA

XR_110249	XR_110249	XR_110249		NA
NM_024629	NM_024629	NM_024629	Hs.575032	79682
TCONS_I2_00027342				NA
TCONS_00022710				NA
NM_004845	NM_004845	NM_004845	Hs.660708	9468
NM_178448	NM_178448	NM_178448	Hs.19322	89958
NM_152426	NM_152426	NM_152426	Hs.658626	140564
NM_020967	NM_020967	NM_020967	Hs.654991	57727
NM_014812	NM_014812	NM_014812	Hs.533635	9859
AK098287		AK098287	Hs.723763	NA
NR_024607	NR_024607	NR_024607		NA
NM_000606	NM_000606	NM_000606	Hs.1285	733
NM_020810	NM_020810	NM_020810	Hs.380159	57570
NM_004851	NM_004851	NM_004851	Hs.512843	9476
TCONS_I2_00019667				NA
XR_132792	XR_132792	XR_132792		NA
NM_012330	NM_012330	NM_012330	Hs.35758	23522
NM_012100	NM_012100	NM_012100	Hs.258551	23549
NM_001144936	NM_001144936	NM_001144936	Hs.191073	65998
NR_033769	NR_033769	NR_033769	Hs.684129	NA
XR_132617	XR_132617	XR_132617		NA
NM_020841	NM_020841	NM_020841	Hs.430849	114882
NM_003636	NM_003636	NM_003636	Hs.440497	8514
NM_006839	NM_006839	NM_006839	Hs.148559	10989
NR_023916	NR_023916	NR_023916	Hs.654711	5301
NM_001002265	NM_001002265	NM_001002265	Hs.499489	220972
NM_001523	NM_001523	NM_001523	Hs.57697	3036
NM_201278	NM_201278	NM_201278	Hs.181326	8898
NM_006837	NM_006837	NM_006837	Hs.491912	10987
NM_002022	NM_002022	NM_002022	Hs.386502	2329
NM_001038628	NM_001038628	NM_001038628	Hs.418062	8706
NR_024630	NR_024630	NR_024630	Hs.458319	56936
NM_018351	NM_018351	NM_018351	Hs.506381	55785
ENST00000503186		BG217250	Hs.145224	NA
NM_018590	NM_018590	NM_018590	Hs.657569	55454
THC2630478				NA
BX640903		BX640903		100526835
NM_145080	NM_145080	NM_145080	Hs.284295	197370
NM_052838	NM_052838	NM_052838	Hs.632176	1731
NM_001242804	NM_001242804	NM_001242804		NA
				NA
NM_017883	NM_017883	NM_017883	Hs.521973	64743
NM_178129	NM_178129	NM_178129	Hs.111377	286530
NM_023934	NM_023934	NM_023934	Hs.356050	65991

NM_175747	NM_175747	NM_175747	Hs.195398	167826
XR_108680	XR_108680	XR_108680	Hs.664092	NA
AL390159		AL390159	Hs.448912	NA
NR_003237	NR_003237	NR_003237		NA
BX538347		BX538347	Hs.430439	27247
NM_145168	NM_145168	NM_145168	Hs.87779	93517
NM_001136262	NM_001136262	NM_001136262	Hs.727494	552889
ENST00000422045		DA306449	Hs.574589	NA
NM_152446	NM_152446	NM_152446	Hs.162889	145508
				NA
NM_001079519	NM_001079519	NM_001079519	Hs.446357	283635
NM_003021	NM_003021	NM_003021	Hs.203910	6449
ENST00000398364		AB208892	Hs.43071	84717
NM_018986	NM_018986	NM_018986	Hs.479116	54436
NM_003095	NM_003095	NM_003095	Hs.105465	6636
NM_018569	NM_018569	NM_018569	Hs.435991	55435
NR_002779	NR_002779	NR_002779	Hs.441287	119369
NR_024358	NR_024358	NR_024358		140875
XR_108884	XR_108884	XR_108884	Hs.633137	NA
NM_017631	NM_017631	NM_017631	Hs.591710	55601
				NA
NM_025209	NM_025209	NM_025209	Hs.167805	80314
TCONS_I2_00011144				NA
				NA
NM_024638	NM_024638	NM_024638	Hs.477162	79691
NM_024793	NM_024793	NM_024793	Hs.155995	23059
NM_020153	NM_020153	NM_020153	Hs.533738	56912
NM_182762	NM_182762	NM_182762	Hs.598388	346389
NM_138967	NM_138967	NM_138967	Hs.374180	192683
NM_000459	NM_000459	NM_000459	Hs.89640	7010
NM_152833	NM_152833	NM_152833	Hs.287411	90120
NM_004564	NM_004564	NM_004564	Hs.119316	5188
AB593152		AB593152	Hs.604079	645967
NM_004461	NM_004461	NM_004461	Hs.23111	2193
NM_006049	NM_006049	NM_006049	Hs.30174	10302
NM_207336	NM_207336	NM_207336	Hs.726477	168544
				NA
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.722568	NA
NM_016104	NM_016104	NM_016104	Hs.532164	51389
NM_001923	NM_001923	NM_001923	Hs.290758	1642
NM_016447	NM_016447	NM_016447	Hs.533355	51678
NM_003642	NM_003642	NM_003642	Hs.632532	8520
NM_006166	NM_006166	NM_006166	Hs.84928	4801
NM_032900	NM_032900	NM_032900	Hs.80305	84986

NM_001190848	NM_001190848	NM_001190848	Hs.490224	4850
				NA
NM_003679	NM_003679	NM_003679	Hs.725604	8564
ENST00000376310				4007
XR_108345	XR_108345	XR_108345	Hs.594273	NA
NM_178570	NM_178570	NM_178570	Hs.502618	349667
TCONS_I2_00005785				NA
NM_001025300	NM_001025300	NM_001025300	Hs.270074	201475
NM_181643	NM_181643	NM_181643	Hs.172510	128344
				NA
NM_016817	NM_016817	NM_016817	Hs.414332	4939
NM_138732	NM_138732	NM_138732	Hs.372938	9379
NM_001164502	NM_001164502	NM_001164502	Hs.517559	56478
TCONS_00015025				NA
NM_201263	NM_201263	NM_201263	Hs.523506	10352
NM_001720	NM_001720	NM_001720	Hs.664022	656
NM_033547	NM_033547	NM_033547	Hs.567827	NA
NM_001077269	NM_001077269	NM_001077269	Hs.128067	7456
NM_020182	NM_020182	NM_020182	Hs.517155	56937
NM_003145	NM_003145	NM_003145	Hs.74564	6746
NM_173552	NM_173552	NM_173552	Hs.288954	205428
NM_003899	NM_003899	NM_003899	Hs.508738	8874
NM_006831	NM_006831	NM_006831	Hs.523687	10978
AK124556		AK124556	Hs.730332	100132966
NM_001099781	NM_001099781	NM_001099781	Hs.437156	2687
NM_004409	NM_004409	NM_004409	Hs.631596	1760
NM_012383	NM_012383	NM_012383	Hs.494192	26578
NM_017836	NM_017836	NM_017836	Hs.573007	54946
TCONS_00024776				NA
NM_012451	NM_012451	NM_012451	Hs.408333	23546
NM_001167676	NM_001167676	NM_001167676	Hs.512763	NA
ENST00000368686		AK097870	Hs.728799	26097
NM_004705	NM_004705	NM_004705	Hs.503315	5612
NM_178014	NM_178014	NM_178014	Hs.636480	203068
NM_032164	NM_032164	NM_032164	Hs.386324	84124
ENST00000367915				51478
TCONS_00008556				NA
NM_014142	NM_014142	NM_014142	Hs.555956	11164
NM_004477	NM_004477	NM_004477	Hs.203772	NA
Y10483		Y10483	Hs.674953	NA
NM_030568	NM_030568	NM_030568	Hs.715645	80759
NM_003725	NM_003725	NM_003725	Hs.524513	8630
NM_004092	NM_004092	NM_004092	Hs.76394	1892
NM_181844	NM_181844	NM_181844	Hs.22575	255877

XM_001718914	XM_001718914	XM_001718914		100130009
NM_003257	NM_003257	NM_003257	Hs.730633	7082
NM_014272	NM_014272	NM_014272	Hs.16441	11173
NM_006196	NM_006196	NM_006196	Hs.2853	5093
CR595167		CR595167	Hs.533982	NA
NM_006814	NM_006814	NM_006814	Hs.471917	9491
ENST00000372981		AL832596		94121
BC040579		BC040579	Hs.434703	NA
NM_052845	NM_052845	NM_052845	Hs.12106	326625
NM_002155	NM_002155	NM_002155	Hs.654614	3310
NM_001031746	NM_001031746	NM_001031746	Hs.522928	NA
NM_017769	NM_017769	NM_017769	Hs.509008	55632
NM_001001923	NM_001001923	NM_001001923	Hs.534761	392391
NM_001024916	NM_001024916	NM_001024916	Hs.645337	220869
NM_014874	NM_014874	NM_014874	Hs.376681	9927
ENST00000454679	XM_003403619	XM_003403619	Hs.646734	NA
NM_004997	NM_004997	NM_004997	Hs.927	4608
NM_002831	NM_002831	NM_002831	Hs.63489	5777
XR_108786	XR_108786	XR_108786		NA
NM_004607	NM_004607	NM_004607	Hs.291212	6902
NM_001039374	NM_001039374	NM_001039374	Hs.728796	84960
NM_173793	NM_173793	NM_173793	Hs.659565	128977
THC2652934				NA
NM_001039477	NM_001039477	NM_001039477	Hs.10649	9473
NM_207645	NM_207645	NM_207645	Hs.172982	399947
NM_001110792	NM_001110792	NM_001110792	Hs.200716	4204
NM_194325	NM_194325	NM_194325	Hs.657402	90075
ENST00000273009		AK094293	Hs.471637	129563
NM_173644	NM_173644	NM_173644	Hs.335319	284756
NM_001197234	NM_001197234	NM_001197234	Hs.159028	11120
NM_203458	NM_203458	NM_203458	Hs.728902	388677
NM_004470	NM_004470	NM_004470	Hs.227729	2286
NM_001244767	NM_001244767	NM_001244767	Hs.700445	92597
TCONS_00011871				NA
NM_007149	NM_007149	NM_007149	Hs.158174	7738
NM_015534	NM_015534	NM_015534	Hs.480506	26009
NM_004335	NM_004335	NM_004335	Hs.118110	684
NM_014564	NM_014564	NM_014564	Hs.148427	8022
NM_024119	NM_024119	NM_024119	Hs.55918	79132
NM_007124	NM_007124	NM_007124	Hs.133135	7402
NM_005107	NM_005107	NM_005107	Hs.517897	9941
NM_031280	NM_031280	NM_031280	Hs.352839	64960
ENST00000529937		AK074992	Hs.716456	23410
NM_017738	NM_017738	NM_017738	Hs.435381	54875

THC2668011				NA
NM_018933	NM_018933	NM_018933	Hs.283803	56123
NM_080663	NM_080663	NM_080663	Hs.248437	112479
NM_001031734	NM_001031734	NM_001031734	Hs.654865	112812
ENST00000531821		BC046415	Hs.655305	NA
NM_013940	NM_013940	NM_013940	Hs.533925	26539
THC2750292				NA
NM_145005	NM_145005	NM_145005	Hs.493639	203228
L26245		L26245	Hs.728893	NA
NM_003151	NM_003151	NM_003151	Hs.80642	6775
NM_013271	NM_013271	NM_013271	Hs.522640	27344
NM_018241	NM_018241	NM_018241	Hs.203896	55751
THC2569926				NA
NM_001161473	NM_001161473	NM_001161473	Hs.523841	221
NM_000247	NM_000247	NM_000247	Hs.130838	100507436
NM_145326	NM_145326	NM_145326	Hs.656558	284443
NR_038905	NR_038905	NR_038905	Hs.559920	NA
NM_032829	NM_032829	NM_032829	Hs.661785	84915
ENST00000447729				NA
ENST00000551629				NA
NM_198706	NM_198706	NM_198706	Hs.631840	374875
NM_003680	NM_003680	NM_003680	Hs.213264	8565
NM_016063	NM_016063	NM_016063	Hs.32826	51020
NR_024417	NR_024417	NR_024417	Hs.589947	100192420
NM_004418	NM_004418	NM_004418	Hs.1183	1844
NM_022089	NM_022089	NM_022089	Hs.128866	23400
AK126241		AK126241	Hs.595418	100233156
NM_052853	NM_052853	NM_052853	Hs.534141	90956
NM_001167882	NM_001167882	NM_001167882	Hs.480694	57182
THC2751543				NA
TCONS_00008353				NA
NM_020726	NM_020726	NM_020726	Hs.247460	57486
				NA
NM_015313	NM_015313	NM_015313	Hs.24598	23365
NM_014795	NM_014795	NM_014795	Hs.34871	9839
NM_002076	NM_002076	NM_002076	Hs.334534	2799
				NA
NM_021248	NM_021248	NM_021248	Hs.472861	64405
				NA
BX092781		BX092781	Hs.729531	NA
NM_181845	NM_181845	NM_181845	Hs.652513	284349
NM_032193	NM_032193	NM_032193	Hs.718438	84153
NM_020381	NM_020381	NM_020381	Hs.730764	57107
ENST00000381984				5991

NM_001167858	NM_001167858	NM_001167858	Hs.444403	4660
NM_003389	NM_003389	NM_003389	Hs.113094	7464
NM_006052	NM_006052	NM_006052	Hs.369488	10311
NM_001242704	NM_001242704	NM_001242704		NA
NM_152331	NM_152331	NM_152331	Hs.49433	122970
NM_006540	NM_006540	NM_006540	Hs.446678	10499
NM_053004	NM_053004	NM_053004	Hs.105642	54584
NM_145729	NM_145729	NM_145729	Hs.418233	79590
ENST00000416309		BC045813	Hs.652626	NA
NM_001025105	NM_001025105	NM_001025105	Hs.712555	1452
NM_006533	NM_006533	NM_006533	Hs.646364	8190
AK056077		AK056077	Hs.664626	NA
XR_111219	XR_111219	XR_111219		NA
NM_021916	NM_021916	NM_021916	Hs.382874	7621
NM_198460	NM_198460	NM_198460	Hs.254338	163351
NM_005422	NM_005422	NM_005422	Hs.248162	7007
NM_001145207	NM_001145207	NM_001145207	Hs.378532	10767
NM_002711	NM_002711	NM_002711	Hs.458309	5506
ENST00000425894				NA
THC2622951				NA
				NA
NM_001040185	NM_001040185	NM_001040185	Hs.685640	91661
NM_203290	NM_203290	NM_203290	Hs.584839	9533
NM_002951	NM_002951	NM_002951	Hs.370895	6185
ENST00000382795		BC040474	Hs.98594	9639
NM_004292	NM_004292	NM_004292	Hs.1030	9610
NM_001283	NM_001283	NM_001283	Hs.489365	1174
THC2653254				NA
ENST00000472407				90693
NM_017585	NM_017585	NM_017585	Hs.244378	11182
NM_001145004	NM_001145004	NM_001145004	Hs.125917	727832
NR_026983	NR_026983	NR_026983	Hs.567241	690
TCONS_00019322				NA
TCONS_00019700				NA
AK021767		AK021767		NA
NM_001077693	NM_001077693	NM_001077693	Hs.483538	641700
NM_174919	NM_174919	NM_174919	Hs.205326	201176
NM_022103	NM_022103	NM_022103	Hs.676605	63934
NM_005003	NM_005003	NM_005003	Hs.189716	4706
NM_012394	NM_012394	NM_012394	Hs.492516	5202
NM_001136007	NM_001136007	NM_001136007	Hs.301350	5349
				NA
NM_015562	NM_015562	NM_015562	Hs.518524	26043
NR_024592	NR_024592	NR_024592	Hs.558711	NA

NM_213611	NM_213611	NM_213611	Hs.290404	5250
				NA
NM_173631	NM_173631	NM_173631	Hs.446620	284306
NM_177967	NM_177967	NM_177967	Hs.508545	337867
NM_001010887	NM_001010887	NM_001010887	Hs.41379	340485
NM_003614	NM_003614	NM_003614	Hs.158353	8484
NM_002629	NM_002629	NM_002629	Hs.632918	5223
NM_024567	NM_024567	NM_024567	Hs.591836	79618
NM_004768	NM_004768	NM_004768	Hs.479693	9295
NM_001012974	NM_001012974	NM_001012974	Hs.445552	221424
NM_178460	NM_178460	NM_178460	Hs.729560	128646
NM_001078172	NM_001078172	NM_001078172	Hs.460924	26071
NM_016340	NM_016340	NM_016340	Hs.483329	51735
TCONS_00016111				NA
NM_153837	NM_153837	NM_153837	Hs.187884	221188
NR_022011	NR_022011	NR_022011	Hs.564847	347746
THC2634132				NA
ENST00000517839				9415
NM_018365	NM_018365	NM_018365	Hs.444483	55329
ENST00000378340		AK130578	Hs.513818	NA
NM_005850	NM_005850	NM_005850	Hs.516160	10262
ENST00000326831		AK090832	Hs.109358	23120
NM_001040033	NM_001040033	NM_001040033	Hs.443057	963
NM_014671	NM_014671	NM_014671	Hs.118351	9690
NM_014311	NM_014311	NM_014311	Hs.632721	23583
NR_027436	NR_027436	NR_027436	Hs.657131	283788
XR_109536	XR_109536	XR_109536	Hs.631550	100505585
NM_182915	NM_182915	NM_182915	Hs.647822	55240
NM_001170905	NM_001170905	NM_001170905	Hs.535881	728927
AK128431		AK128431	Hs.642701	100129110
NR_026962	NR_026962	NR_026962		284900
NM_003286	NM_003286	NM_003286	Hs.472737	7150
NM_022061	NM_022061	NM_022061	Hs.523456	63875
NM_015380	NM_015380	NM_015380	Hs.505824	25813
NM_175872	NM_175872	NM_175872	Hs.50405	126375
NM_174964	NM_174964	NM_174964	Hs.597915	6487
NR_034118	NR_034118	NR_034118	Hs.709677	100132273
XR_109995	XR_109995	XR_109995	Hs.559386	285286
NM_174959	NM_174959	NM_174959	Hs.99414	136306
AK128705		AK128705	Hs.640065	100128591
NM_020429	NM_020429	NM_020429	Hs.189329	57154
THC2751630				NA
				NA
AK021542		AK021542	Hs.611431	440200

NM_015534	NM_015534	NM_015534	Hs.480506	26009
NM_018244	NM_018244	NM_018244	Hs.726290	55245
NM_000965	NM_000965	NM_000965	Hs.654490	5915
NM_024945	NM_024945	NM_024945	Hs.726327	80010
				NA
NM_004762	NM_004762	NM_004762	Hs.191215	9267
				NA
NM_032299	NM_032299	NM_032299	Hs.503716	84259
NM_015020	NM_015020	NM_015020	Hs.709458	23035
BC126993		BC126993	Hs.533357	NA
NM_004957	NM_004957	NM_004957	Hs.335084	2356
NR_024492	NR_024492	NR_024492		645644
ENST00000474969				10989
ENST00000366699		AK074623	Hs.599464	81559
NM_016565	NM_016565	NM_016565	Hs.475387	51287
NM_145664	NM_145664	NM_145664	Hs.434105	100133171
NM_152755	NM_152755	NM_152755	Hs.632293	245812
NR_038978	NR_038978	NR_038978		NA
AK092544		AK092544	Hs.638992	100131581
BC039678		BC039678	Hs.326933	NA
NM_001145004	NM_001145004	NM_001145004	Hs.125917	727832
TCONS_00019717				NA
ENST00000442269				NA
NM_053276	NM_053276	NM_053276	Hs.137415	5212
NM_002150	NM_002150	NM_002150	Hs.2899	3242
NM_001080391	NM_001080391	NM_001080391	Hs.369056	6672
ENST00000358739		BC112254	Hs.534035	NA
ENST00000451884				NA
AL834121		AL834121	Hs.184080	168474
NM_173666	NM_173666	NM_173666	Hs.655891	285605
NM_032536	NM_032536	NM_032536	Hs.163642	84628
NM_002930	NM_002930	NM_002930	Hs.464985	6014
NM_006521	NM_006521	NM_006521	Hs.730740	7030
NM_138620	NM_138620	NM_138620	Hs.660767	64794
ENST00000390346		M27336	Hs.534032	NA
NM_144987	NM_144987	NM_144987	Hs.351558	199746
NR_038290	NR_038290	NR_038290	Hs.683912	NA
NM_000303	NM_000303	NM_000303	Hs.625732	5373
NM_001099402	NM_001099402	NM_001099402	Hs.510409	8812
NM_014825	NM_014825	NM_014825	Hs.473611	9875
NM_173179	NM_173179	NM_173179	Hs.593344	51006
NM_003777	NM_003777	NM_003777	Hs.730733	8701
NM_014390	NM_014390	NM_014390	Hs.122523	27044
NR_003228	NR_003228	NR_003228	Hs.534773	172

ENST00000449697	XR_133123	XR_133123	Hs.164324	NA
NM_007077	NM_007077	NM_007077	Hs.293411	11154
TCONS_00014594				NA
TCONS_00000839				NA
NM_017633	NM_017633	NM_017633	Hs.10784	55603
NM_001042697	NM_001042697	NM_001042697	Hs.593985	125150
NM_001109977	NM_001109977	NM_001109977	Hs.633810	729830
NM_030819	NM_030819	NM_030819	Hs.307084	81577
XM_001130287	XM_001130287	XM_001130287		NA
TCONS_00011012				NA
BC037281		BC037281	Hs.590986	439951
NM_016327	NM_016327	NM_016327	Hs.474388	51733
				NA
TCONS_00021887				NA
NM_016361	NM_016361	NM_016361	Hs.562154	51205
NM_002519	NM_002519	NM_002519	Hs.171061	4863
NM_003282	NM_003282	NM_003282	Hs.523403	7136
NM_183050	NM_183050	NM_183050	Hs.654441	594
NR_027263	NR_027263	NR_027263	Hs.496755	84837
NM_022778	NM_022778	NM_022778	Hs.63795	64793
NM_018691	NM_018691	NM_018691	Hs.166551	10827
XR_109121	XR_109121	XR_109121	Hs.564504	NA
NM_012089	NM_012089	NM_012089	Hs.17614	23456
NM_153332	NM_153332	NM_153332	Hs.20000	90459
NM_203370	NM_203370	NM_203370	Hs.86674	389119
NM_138353	NM_138353	NM_138353	Hs.443636	90379
NM_025235	NM_025235	NM_025235	Hs.329327	80351
TCONS_00024343				NA
NM_001048183	NM_001048183	NM_001048183	Hs.225641	65979
NM_001113434	NM_001113434	NM_001113434	Hs.514016	339263
NM_173359	NM_173359	NM_173359	Hs.581355	317649
NM_000754	NM_000754	NM_000754	Hs.370408	1312
NM_031449	NM_031449	NM_031449	Hs.77978	83637
				NA
NM_194279	NM_194279	NM_194279	Hs.291079	122961
NM_203406	NM_203406	NM_203406	Hs.64004	153364
NM_001772	NM_001772	NM_001772	Hs.83731	945
NM_002114	NM_002114	NM_002114	Hs.567284	3096
NM_001002901	NM_001002901	NM_001002901	Hs.517422	127943
ENST00000415138				NA
NM_002560	NM_002560	NM_002560	Hs.321709	5025
NM_207127	NM_207127	NM_207127	Hs.532469	196743
NM_006938	NM_006938	NM_006938	Hs.464734	6632
NM_001190807	NM_001190807	NM_001190807	Hs.465413	1528

XR_113108	XR_113108	XR_113108	Hs.662094	100129129
NM_025136	NM_025136	NM_025136	Hs.466945	80207
NM_003194	NM_003194	NM_003194	Hs.590872	6908
NM_001207030	NM_001207030	NM_001207030	Hs.451336	643802
ENST00000551318		BC007663	Hs.533782	3856
NM_001006	NM_001006	NM_001006	Hs.356572	6189
NM_174923	NM_174923	NM_174923	Hs.730860	203260
NM_014886	NM_014886	NM_014886	Hs.482526	10412
NM_002663	NM_002663	NM_002663	Hs.104519	5338
				NA
BM147583		BM147583	Hs.730231	NA
NM_002342	NM_002342	NM_002342	Hs.1116	4055
NR_024249	NR_024249	NR_024249	Hs.535094	645332
NM_001184898	NM_001184898	NM_001184898	Hs.133352	23133
NR_028272	NR_028272	NR_028272	Hs.523789	NA
NM_001152	NM_001152	NM_001152	Hs.632282	292
NM_012481	NM_012481	NM_012481	Hs.444388	22806
NM_173633	NM_173633	NM_173633	Hs.382075	284339
TCONS_00023702				NA
NM_004134	NM_004134	NM_004134	Hs.184233	3313
NM_182616	NM_182616	NM_182616	Hs.728822	348110
AY956766		AY956766	Hs.627167	442083
NM_001135652	NM_001135652	NM_001135652	Hs.131431	5610
				NA
NR_040245	NR_040245	NR_040245	Hs.355210	100287314
NM_144604	NM_144604	NM_144604	Hs.93670	124245
				NA
TCONS_00029518				NA
NM_005275	NM_005275	NM_005275	Hs.83147	2794
NM_001113434	NM_001113434	NM_001113434	Hs.514016	NA
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NM_130438	NM_130438	NM_130438	Hs.368240	1859
NM_015631	NM_015631	NM_015631	Hs.438991	26123
BC066361		BC066361	Hs.480792	80854
NM_001144989	NM_001144989	NM_001144989	Hs.634143	730051
NM_001048210	NM_001048210	NM_001048210	Hs.658489	23155
BM697165		BM697165	Hs.560115	NA
NM_018035	NM_018035	NM_018035	Hs.351099	55101
NM_014987	NM_014987	NM_014987	Hs.204121	22997
NM_015146	NM_015146	NM_015146	Hs.522057	23176
				NA
NM_032370	NM_032370	NM_032370	Hs.515114	84330
NR_027182	NR_027182	NR_027182	Hs.659950	84989
				NA

NM_020870	NM_020870	NM_020870	Hs.301804	57630
NM_001008225	NM_001008225	NM_001008225	Hs.490224	4850
NM_005026	NM_005026	NM_005026	Hs.518451	5293
NM_001010926	NM_001010926	NM_001010926	Hs.57971	388585
				NA
BC041650		BC041650	Hs.676041	NA
				NA
NM_138463	NM_138463	NM_138463	Hs.499952	116238
NR_004844	NR_004844	NR_004844	Hs.663461	645683
NM_170606	NM_170606	NM_170606	Hs.647120	58508
NM_001082488	NM_001082488	NM_001082488	Hs.647569	728635
NM_001031684	NM_001031684	NM_001031684	Hs.309090	6432
NM_017944	NM_017944	NM_017944	Hs.577256	55031
NM_001721	NM_001721	NM_001721	Hs.495731	660
NM_018622	NM_018622	NM_018622	Hs.478469	55486
NM_017988	NM_017988	NM_017988	Hs.506481	55681
NM_152515	NM_152515	NM_152515	Hs.434250	150468
				NA
NM_005455	NM_005455	NM_005455	Hs.194718	9406
NM_024089	NM_024089	NM_024089	Hs.408629	79070
NR_038911	NR_038911	NR_038911	Hs.707281	284889
NM_001039690	NM_001039690	NM_001039690	Hs.85962	54921
NM_016201	NM_016201	NM_016201	Hs.426312	51421
NM_001007125	NM_001007125	NM_001007125	Hs.570316	198437
NM_002552	NM_002552	NM_002552	Hs.558364	5000
NM_001815	NM_001815	NM_001815	Hs.11	1084
NM_015459	NM_015459	NM_015459	Hs.356719	25923
NM_003645	NM_003645	NM_003645	Hs.11729	11001
NR_038383	NR_038383	NR_038383	Hs.129589	643770
NM_002043	NM_002043	NM_002043	Hs.719891	2570
NM_024927	NM_024927	NM_024927	Hs.632251	79990
AK130766		AK130766	Hs.676976	NA
NM_014688	NM_014688	NM_014688	Hs.498661	9712
NM_024092	NM_024092	NM_024092	Hs.13662	79073
CU676483		CU676483	Hs.706187	NA
ENST00000506394				NA
NM_033109	NM_033109	NM_033109	Hs.388733	NA
TCONS_00014191				NA
NM_152764	NM_152764	NM_152764	Hs.729604	254528
NM_178326	NM_178326	NM_178326	Hs.283610	23192
XR_109425	XR_109425	XR_109425	Hs.694655	NA
NM_001098801	NM_001098801	NM_001098801	Hs.13034	125228
NM_020421	NM_020421	NM_020421	Hs.413208	57143
NM_002592	NM_002592	NM_002592	Hs.147433	5111

THC2569478				NA
NM_025081	NM_025081	NM_025081	Hs.288348	57523
NM_176869	NM_176869	NM_176869	Hs.654957	27068
NM_012242	NM_012242	NM_012242	Hs.40499	22943
NM_003569	NM_003569	NM_003569	Hs.593148	8417
				NA
NM_181782	NM_181782	NM_181782	Hs.171426	135112
AL568675		AL568675	Hs.567831	286480
NM_001077186	NM_001077186	NM_001077186	Hs.467142	79784
THC2496390				NA
NM_004281	NM_004281	NM_004281	Hs.523309	9531
NM_001011724	NM_001011724	NM_001011724	Hs.447506	144983
ENST00000426418				NA
AK025151		AK025151	Hs.655858	728061
XM_001724322	XM_001724322	XM_001724322	Hs.694626	100130539
NM_203467	NM_203467	NM_203467	Hs.451090	122769
ENST00000429843		BX100223	Hs.124532	NA
ENST00000432194	XR_110395	XR_110395		NA
ENST00000393389		AK310765	Hs.503438	338699
NM_004375	NM_004375	NM_004375	Hs.591171	1353
NR_023343	NR_023343	NR_023343	Hs.689638	NA
XR_132608	XR_132608	XR_132608		647086
NM_006895	NM_006895	NM_006895	Hs.42151	3176
NM_174855	NM_174855	NM_174855	Hs.436405	3420
NM_003825	NM_003825	NM_003825	Hs.728237	8773
NM_001024957	NM_001024957	NM_001024957	Hs.100426	25855
NM_004031	NM_004031	NM_004031	Hs.166120	3665
NM_138420	NM_138420	NM_138420	Hs.441783	113146
NM_002948	NM_002948	NM_002948	Hs.381219	6138
ENST00000458667		AK026667	Hs.612916	NA
NM_001080509	NM_001080509	NM_001080509	Hs.505141	441631
NM_203500	NM_203500	NM_203500	Hs.465870	9817
NM_015027	NM_015027	NM_015027	Hs.370781	23042
NM_173515	NM_173515	NM_173515	Hs.16064	154043
NM_000968	NM_000968	NM_000968	Hs.644628	6124
AK058117		AK058117	Hs.724217	NA
NM_001114132	NM_001114132	NM_001114132	Hs.648846	65065
NM_207387	NM_207387	NM_207387	Hs.25425	388341
NM_017554	NM_017554	NM_017554	Hs.518203	54625
NM_001144002	NM_001144002	NM_001144002	Hs.227049	56474
ENST00000496414				NA
NM_006807	NM_006807	NM_006807	Hs.77254	10951
NM_000983	NM_000983	NM_000983	Hs.515329	6146
ENST00000479369		AK024906	Hs.708687	9659

BC026731		BC026731	Hs.656759	NA
NM_001143987	NM_001143987	NM_001143987	Hs.712226	653149
NM_146421	NM_146421	NM_146421	Hs.301961	2944
NM_006184	NM_006184	NM_006184	Hs.631602	4924
NR_033420	NR_033420	NR_033420	Hs.684860	6459
AA489744		AA489744	Hs.577721	NA
NM_017750	NM_017750	NM_017750	Hs.440401	54884
TCONS_00016378				NA
NM_001014	NM_001014	NM_001014	Hs.645317	6204
NM_004438	NM_004438	NM_004438	Hs.371218	2043
NM_001006640	NM_001006640	NM_001006640	Hs.95243	9338
NM_001134999	NM_001134999	NM_001134999	Hs.509343	10979
NM_017837	NM_017837	NM_017837	Hs.259605	55650
NR_024063	NR_024063	NR_024063	Hs.721232	221584
NR_028301	NR_028301	NR_028301	Hs.543039	NA
NM_173828	NM_173828	NM_173828	Hs.120094	285613
NM_144686	NM_144686	NM_144686	Hs.355126	147798
NM_024958	NM_024958	NM_024958	Hs.416024	80023
NM_003683	NM_003683	NM_003683	Hs.110757	8568
CR936824		CR936824		118490
THC2774178				NA
NM_005192	NM_005192	NM_005192	Hs.84113	1033
NM_001178063	NM_001178063	NM_001178063	Hs.408903	717
NM_015365	NM_015365	NM_015365	Hs.656243	9949
ENST00000328737		AK097086		91526
NM_001628	NM_001628	NM_001628	Hs.521212	231
AK128227		AK128227	Hs.635866	100130236
NM_006784	NM_006784	NM_006784	Hs.310809	10885
NM_003355	NM_003355	NM_003355	Hs.80658	7351
NM_004070	NM_004070	NM_004070	Hs.591533	1187
THC2764236				NA
NM_134424	NM_134424	NM_134424	Hs.410355	5893
NM_005717	NM_005717	NM_005717	Hs.518609	10092
ENST00000443747		DB080210	Hs.580825	NA
NM_018097	NM_018097	NM_018097	Hs.14347	55142
NR_033930	NR_033930	NR_033930	Hs.125706	646743
NM_006838	NM_006838	NM_006838	Hs.444986	10988
THC2500351				NA
NM_005692	NM_005692	NM_005692	Hs.654958	10061
NM_002757	NM_002757	NM_002757	Hs.114198	5607
NM_002295	NM_002295	NM_002295	Hs.449909	3921
NM_001198690	NM_001198690	NM_001198690	Hs.14468	692312
NM_033084	NM_033084	NM_033084	Hs.208388	2177
NM_032479	NM_032479	NM_032479	Hs.719465	64979

NM_152411	NM_152411	NM_152411	Hs.729572	136051
AK128866		AK128866		NA
AY358167		AY358167	Hs.920	10865
BC042984		BC042984	Hs.723715	NA
TCONS_00004538				NA
NM_014619	NM_014619	NM_014619	Hs.568901	2900
NM_003860	NM_003860	NM_003860	Hs.433759	8815
NM_025134	NM_025134	NM_025134	Hs.59159	80205
NM_005149	NM_005149	NM_005149	Hs.716656	9095
NM_000719	NM_000719	NM_000719	Hs.118262	775
NM_018396	NM_018396	NM_018396	Hs.433213	55798
NR_026543	NR_026543	NR_026543	Hs.375120	114041
NM_032410	NM_032410	NM_032410	Hs.162852	84376
NM_030926	NM_030926	NM_030926	Hs.111577	81618
NR_026812	NR_026812	NR_026812	Hs.672131	80215
NR_003661	NR_003661	NR_003661	Hs.498348	388165
NM_006305	NM_006305	NM_006305	Hs.458747	8125
NR_038453	NR_038453	NR_038453		728978
ENST00000538228		CR590757	Hs.730931	NA
NM_022551	NM_022551	NM_022551	Hs.627414	6222
NM_005826	NM_005826	NM_005826	Hs.373763	10236
NR_027237	NR_027237	NR_027237	Hs.650365	728743
NM_015288	NM_015288	NM_015288	Hs.483419	23338
ENST00000418001				NA
NM_015059	NM_015059	NM_015059	Hs.569438	83660
NM_017769	NM_017769	NM_017769	Hs.509008	55632
NM_003377	NM_003377	NM_003377	Hs.78781	7423
TCONS_00024099				NA
NM_152282	NM_152282	NM_152282	Hs.657887	92370
NM_172175	NM_172175	NM_172175	Hs.168132	3600
NM_019862	NM_019862	NM_019862	Hs.391464	4363
NM_005833	NM_005833	NM_005833	Hs.19012	10244
NM_170721	NM_170721	NM_170721	Hs.658922	124540
NM_003031	NM_003031	NM_003031	Hs.713615	6477
NM_006267	NM_006267	NM_006267	Hs.199561	5903
NM_198041	NM_198041	NM_198041	Hs.558459	11162
NM_004814	NM_004814	NM_004814	Hs.33962	9410
NR_003003	NR_003003	NR_003003	Hs.668351	677769
NM_001144936	NM_001144936	NM_001144936	Hs.191073	65998
ENST00000438878		AB231703		NA
NM_014345	NM_014345	NM_014345	Hs.509718	24149
XM_002342510	XM_002342510	XM_002342510		NA
NR_024172	NR_024172	NR_024172	Hs.130423	91948
				NA

NM_020917	NM_020917	NM_020917	Hs.35524	57677
NM_002902	NM_002902	NM_002902	Hs.79088	5955
AK126671		AK126671	Hs.81964	386671
NM_014683	NM_014683	NM_014683	Hs.168762	9706
AK123495		AK123495	Hs.389638	NA
NM_032107	NM_032107	NM_032107	Hs.709356	26013
NM_024122	NM_024122	NM_024122	Hs.495851	79135
NM_032848	NM_032848	NM_032848	Hs.524762	84934
NR_040245	NR_040245	NR_040245	Hs.355210	NA
NM_153334	NM_153334	NM_153334	Hs.474251	91179
NM_173573	NM_173573	NM_173573	Hs.669395	256329
NM_001177376	NM_001177376	NM_001177376	Hs.725918	441056
NM_006580	NM_006580	NM_006580	Hs.251391	10686
NM_003243	NM_003243	NM_003243	Hs.482390	7049
NM_017702	NM_017702	NM_017702	Hs.62771	54849
NM_006825	NM_006825	NM_006825	Hs.74368	10970
NM_001024858	NM_001024858	NM_001024858	Hs.417303	6710
NM_004999	NM_004999	NM_004999	Hs.149387	4646
NM_001080450	NM_001080450	NM_001080450	Hs.418045	57673
NM_024652	NM_024652	NM_024652	Hs.407918	79705
NM_024660	NM_024660	NM_024660	Hs.352548	79713
NM_001043351	NM_001043351	NM_001043351	Hs.644306	7170
TCONS_00004131				NA
XR_132823	XR_132823	XR_132823		100132249
NM_005735	NM_005735	NM_005735	Hs.98791	10120
ENST00000343318		AK091323	Hs.671729	401387
NM_021210	NM_021210	NM_021210	Hs.24379	58485
AK124587		AK124587	Hs.654423	NA
NM_015374	NM_015374	NM_015374	Hs.517622	25777
NM_139280	NM_139280	NM_139280	Hs.514151	94103
NM_018204	NM_018204	NM_018204	Hs.444028	26586
NM_021204	NM_021204	NM_021204	Hs.18442	58478
NM_018645	NM_018645	NM_018645	Hs.42949	55502
NM_022807	NM_022807	NM_022807	Hs.564847	6638
NM_152320	NM_152320	NM_152320	Hs.23492	121274
NM_032111	NM_032111	NM_032111	Hs.311190	64928
NM_024825	NM_024825	NM_024825	Hs.448497	79883
NM_001024074	NM_001024074	NM_001024074	Hs.42151	3176
				NA
NM_006003	NM_006003	NM_006003	Hs.726119	7386
NM_016224	NM_016224	NM_016224	Hs.191213	51429
				NA
NM_002611	NM_002611	NM_002611	Hs.256667	5164
ENST00000509548				NA

BC033982		BC033982		644000
NM_001025237	NM_001025237	NM_001025237	Hs.654836	7106
NM_022719	NM_022719	NM_022719	Hs.517407	8220
NM_015904	NM_015904	NM_015904	Hs.158688	9669
NM_001242307	NM_001242307	NM_001242307	Hs.528300	10531
				NA
NM_133374	NM_133374	NM_133374	Hs.349208	114991
ENST00000432194	XR_110395	XR_110395		NA
XR_108867	XR_108867	XR_108867	Hs.667131	100132183
NM_020376	NM_020376	NM_020376	Hs.654697	57104
NM_014078	NM_014078	NM_014078	Hs.333823	28998
NR_040585	NR_040585	NR_040585	Hs.632013	64940
NM_031903	NM_031903	NM_031903	Hs.50252	64983
NM_197954	NM_197954	NM_197954	Hs.143929	64581
NM_016078	NM_016078	NM_016078	Hs.87295	51030
NM_020679	NM_020679	NM_020679	Hs.325631	57409
NM_013332	NM_013332	NM_013332	Hs.706124	29923
				NA
NM_020781	NM_020781	NM_020781	Hs.632032	57541
NM_003633	NM_003633	NM_003633	Hs.104925	8507
NM_194281	NM_194281	NM_194281	Hs.464903	125476
NM_001001396	NM_001001396	NM_001001396	Hs.343522	493
NM_003958	NM_003958	NM_003958	Hs.485278	9025
ENST00000502514				NA
ENST00000449914				NA
NR_002953	NR_002953	NR_002953	Hs.679783	NA
NM_001166599	NM_001166599	NM_001166599	Hs.404706	159090
NM_000943	NM_000943	NM_000943	Hs.110364	5480
NM_002773	NM_002773	NM_002773	Hs.75799	5652
THC2686815				NA
XR_109498	XR_109498	XR_109498	Hs.721209	NA
TCONS_00016872				NA
NM_014048	NM_014048	NM_014048	Hs.49143	57496
XR_132811	XR_132811	XR_132811	Hs.457696	401357
NM_018050	NM_018050	NM_018050	Hs.591145	54682
NM_130848	NM_130848	NM_130848	Hs.152477	140947
NM_022081	NM_022081	NM_022081	Hs.474436	89781
ENST00000414483				NA
NM_002242	NM_002242	NM_002242	Hs.467338	3769
NM_145648	NM_145648	NM_145648	Hs.728188	121260
ENST00000552367		DA381791	Hs.628359	NA
NM_017931	NM_017931	NM_017931	Hs.435832	55020
NM_032313	NM_032313	NM_032313	Hs.8715	84273
NM_001030	NM_001030	NM_001030	Hs.546291	6232

NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	NA
NM_014963	NM_014963	NM_014963	Hs.408708	22904
NM_002746	NM_002746	NM_002746	Hs.861	5595
NM_001545	NM_001545	NM_001545	Hs.407955	3396
NM_005298	NM_005298	NM_005298	Hs.534316	2848
				NA
ENST00000339805		BX538082	Hs.688940	2840
NM_014729	NM_014729	NM_014729	Hs.491805	9760
NR_003661	NR_003661	NR_003661	Hs.498348	NA
NM_033224	NM_033224	NM_033224	Hs.728785	5814
ENST00000344085		AF088022	Hs.502314	400713
NM_003374	NM_003374	NM_003374	Hs.519320	7416
TCONS_00010554				NA
NM_024908	NM_024908	NM_024908	Hs.250154	79968
NM_001080416	NM_001080416	NM_001080416	Hs.445898	4603
TCONS_I2_00030590				NA
ENST00000448204				NA
NM_001011	NM_001011	NM_001011	Hs.546287	6201
TCONS_I2_00010600				NA
NM_018381	NM_018381	NM_018381	Hs.655613	55337
NM_019891	NM_019891	NM_019891	Hs.558519	56605
AK057218		AK057218		NA
NM_019009	NM_019009	NM_019009	Hs.368527	54472
NM_005242	NM_005242	NM_005242	Hs.154299	2150
NM_006775	NM_006775	NM_006775	Hs.510324	9444
XR_108528	XR_108528	XR_108528		NA
NM_032750	NM_032750	NM_032750	Hs.420796	84836
NM_001142594	NM_001142594	NM_001142594	Hs.308122	3705
NR_038279	NR_038279	NR_038279	Hs.633102	NA
AK303802		AK303802	Hs.292026	9470
NM_032859	NM_032859	NM_032859	Hs.183528	84945
NM_130469	NM_130469	NM_130469	Hs.196482	122953
NM_018429	NM_018429	NM_018429	Hs.258272	55814
NM_001914	NM_001914	NM_001914	Hs.465413	1528
ENST00000479767		BC042109	Hs.323991	138307
NM_004354	NM_004354	NM_004354	Hs.13291	901
NM_014602	NM_014602	NM_014602	Hs.149032	30849
NM_002273	NM_002273	NM_002273	Hs.533782	3856
NR_034113	NR_034113	NR_034113	Hs.436366	729723
NR_002749	NR_002749	NR_002749		NA
NM_032139	NM_032139	NM_032139	Hs.59236	84079
NM_025072	NM_025072	NM_025072	Hs.495219	80142
				NA
ENST00000512521		DB030232	Hs.518991	NA

NM_020223	NM_020223	NM_020223	Hs.134742	56975
ENST00000374359				253725
NM_205852	NM_205852	NM_205852	Hs.127937	387837
NM_172239	NM_172239	NM_172239	Hs.373854	254958
NM_007051	NM_007051	NM_007051	Hs.530402	11124
ENST00000390549		BC024289	Hs.510635	NA
NM_198537	NM_198537	NM_198537	Hs.729508	374887
ENST00000510551		JN120857		NA
NM_018951	NM_018951	NM_018951	Hs.110637	3206
NM_032228	NM_032228	NM_032228	Hs.501991	84188
NM_198681	NM_198681	NM_198681	Hs.284232	57449
NM_152345	NM_152345	NM_152345	Hs.662164	124930
NR_002569	NR_002569	NR_002569		619383
AF336885		AF336885		NA
NM_203459	NM_203459	NM_203459	Hs.23585	23271
NM_018418	NM_018418	NM_018418	Hs.525518	55812
				NA
NR_027317	NR_027317	NR_027317	Hs.647949	646600
NM_001100165	NM_001100165	NM_001100165	Hs.102471	9749
NM_015150	NM_015150	NM_015150	Hs.98910	23180
THC2642603				NA
NM_007166	NM_007166	NM_007166	Hs.163893	8301
NM_001040202	NM_001040202	NM_001040202	Hs.657312	152559
NM_006963	NM_006963	NM_006963	Hs.462693	7570
NM_014287	NM_014287	NM_014287	Hs.730610	23420
NM_052859	NM_052859	NM_052859	Hs.631910	91869
NM_024693	NM_024693	NM_024693	Hs.22242	79746
NM_032548	NM_032548	NM_032548	Hs.107812	80325
NM_021943	NM_021943	NM_021943	Hs.36959	60685
NR_003239	NR_003239	NR_003239		NA
				NA
NM_014580	NM_014580	NM_014580	Hs.179522	29988
NM_001146310	NM_001146310	NM_001146310	Hs.107101	199990
NR_026979	NR_026979	NR_026979	Hs.410126	NA
TCONS_I2_00026014				NA
NM_001201335	NM_001201335	NM_001201335		NA
AK127494		AK127494		NA
				NA
ENST00000556620				NA
NM_052876	NM_052876	NM_052876	Hs.531614	112939
TCONS_I2_00011032				NA
NM_019105	NM_019105	NM_019105	Hs.485104	7148
ENST00000418471				NA
NM_006642	NM_006642	NM_006642	Hs.591530	10806

ENST00000433406				NA
NR_028272	NR_028272	NR_028272	Hs.729910	NA
NM_001030001	NM_001030001	NM_001030001	Hs.156367	6235
NM_002428	NM_002428	NM_002428	Hs.80343	4324
NR_040772	NR_040772	NR_040772	Hs.657533	NA
NM_004153	NM_004153	NM_004153	Hs.17908	4998
NR_033890	NR_033890	NR_033890	Hs.524257	338817
XR_132888	XR_132888	XR_132888		NA
NM_138285	NM_138285	NM_138285	Hs.180591	129401
NM_001111101	NM_001111101	NM_001111101	Hs.212885	25927
NR_027005	NR_027005	NR_027005	Hs.433062	NA
NR_045118	NR_045118	NR_045118		100289509
NM_015984	NM_015984	NM_015984	Hs.145469	51377
NM_016044	NM_016044	NM_016044	Hs.546387	51011
NM_004147	NM_004147	NM_004147	Hs.115242	4733
NM_006137	NM_006137	NM_006137	Hs.36972	924
NM_005018	NM_005018	NM_005018	Hs.158297	5133
NM_014962	NM_014962	NM_014962	Hs.709366	22903
				NA
NM_001145154	NM_001145154	NM_001145154	Hs.133977	127602
NM_005147	NM_005147	NM_005147	Hs.688238	9093
NM_032856	NM_032856	NM_032856	Hs.728276	84942
NM_152503	NM_152503	NM_152503	Hs.349125	140699
NM_020764	NM_020764	NM_020764	Hs.643537	57524
NM_003809	NM_003809	NM_003809	Hs.54673	8742
NM_017971	NM_017971	NM_017971	Hs.730767	55052
THC2756939				NA
NM_001165903	NM_001165903	NM_001165903	Hs.647024	6804
NM_001171894	NM_001171894	NM_001171894	Hs.268675	4205
NM_138347	NM_138347	NM_138347	Hs.109540	90233
NR_028324	NR_028324	NR_028324	Hs.638866	399844
NM_003472	NM_003472	NM_003472	Hs.484813	7913
TCONS_I2_00030952				NA
NM_001080533	NM_001080533	NM_001080533	Hs.127610	84747
NM_148887	NM_148887	NM_148887	Hs.347535	NA
NM_173688	NM_173688	NM_173688	Hs.654662	286183
XR_110541	XR_110541	XR_110541	Hs.577348	NA
NM_015555	NM_015555	NM_015555	Hs.485628	26036
NM_018401	NM_018401	NM_018401	Hs.133062	55351
ENST00000373847				11064
NM_133259	NM_133259	NM_133259	Hs.368084	10128
NR_036531	NR_036531	NR_036531	Hs.225914	NA
XR_132538	XR_132538	XR_132538	Hs.520384	100288292
NM_033502	NM_033502	NM_033502	Hs.485392	55809

NM_001031727	NM_001031727	NM_001031727	Hs.439370	84245
NM_001040108	NM_001040108	NM_001040108	Hs.436650	27030
NM_152703	NM_152703	NM_152703	Hs.489118	219285
NM_001099338	NM_001099338	NM_001099338	Hs.710565	728118
NM_198389	NM_198389	NM_198389	Hs.468675	10630
NM_022771	NM_022771	NM_022771	Hs.284630	64786
NR_001566	NR_001566	NR_001566	Hs.436182	7012
ENST00000356128		AK002042	Hs.134795	100128327
NM_017774	NM_017774	NM_017774	Hs.657604	54901
NM_001039182	NM_001039182	NM_001039182	Hs.647333	654483
NM_012298	NM_012298	NM_012298	Hs.343664	23066
NM_013248	NM_013248	NM_013248	Hs.516933	29107
NM_006717	NM_006717	NM_006717	Hs.146804	10927
NM_024325	NM_024325	NM_024325	Hs.516846	79175
NM_000240	NM_000240	NM_000240	Hs.183109	4128
NM_002220	NM_002220	NM_002220	Hs.2722	3706
NM_001184768	NM_001184768	NM_001184768	Hs.83530	54470
NM_004421	NM_004421	NM_004421	Hs.730615	1855
NM_020219	NM_020219	NM_020219	Hs.416925	56971
NM_018247	NM_018247	NM_018247	Hs.108530	55754
NM_080390	NM_080390	NM_080390	Hs.401835	140597
BC030111		BC030111	Hs.591071	439933
CD641957		CD641957	Hs.577156	NA
NM_031429	NM_031429	NM_031429	Hs.21162	83546
NM_001040437	NM_001040437	NM_001040437	Hs.640836	50854
				NA
				NA
XM_003120259	XM_003120259	XM_003120259		
NM_001024599	NM_001024599	NM_001024599	Hs.632451	440689
NM_000373	NM_000373	NM_000373	Hs.2057	7372
NR_024437	NR_024437	NR_024437	Hs.471887	728323
NM_001134493	NM_001134493	NM_001134493	Hs.525899	100188893
NM_148912	NM_148912	NM_148912	Hs.647045	83451
NR_003554	NR_003554	NR_003554	Hs.462475	NA
NM_138458	NM_138458	NM_138458	Hs.631877	116143
ENST00000278949		AK095399	Hs.15396	196264
NM_016044	NM_016044	NM_016044	Hs.546387	51011
NM_032199	NM_032199	NM_032199	Hs.535297	84159
NR_038366	NR_038366	NR_038366		NA
NM_014042	NM_014042	NM_014042	Hs.38044	25906
NM_000978	NM_000978	NM_000978	Hs.406300	9349
NM_015681	NM_015681	NM_015681	Hs.462445	27077
NM_001170820	NM_001170820	NM_001170820	Hs.121575	402778
THC2516708				NA
NM_014703	NM_014703	NM_014703	Hs.716623	9730

NM_024587	NM_024587	NM_024587	Hs.22157	79639
NM_016108	NM_016108	NM_016108	Hs.567501	51390
NM_024116	NM_024116	NM_024116	Hs.355750	79101
NM_181704	NM_181704	NM_181704	Hs.545789	85317
NM_001113528	NM_001113528	NM_001113528	Hs.243326	196074
NM_207103	NM_207103	NM_207103	Hs.462080	388325
NM_018138	NM_018138	NM_018138	Hs.518469	55171
NR_026962	NR_026962	NR_026962		NA
NM_000206	NM_000206	NM_000206	Hs.84	3561
NM_001325	NM_001325	NM_001325	Hs.132370	1478
NM_022036	NM_022036	NM_022036	Hs.446438	55890
ENST00000396049		AK001650	Hs.728829	55233
NM_005486	NM_005486	NM_005486	Hs.153504	10040
NM_001007279	NM_001007279	NM_001007279	Hs.73088	10633
ENST00000258457		AK127661	Hs.549577	79074
NM_006249	NM_006249	NM_006249	Hs.73031	5544
				NA
NM_003096	NM_003096	NM_003096	Hs.516076	6637
ENST00000424194				NA
NM_014306	NM_014306	NM_014306	Hs.474643	51493
NM_018420	NM_018420	NM_018420	Hs.125482	55356
NR_027693	NR_027693	NR_027693	Hs.271462	84808
NM_020854	NM_020854	NM_020854	Hs.465323	57614
NM_003054	NM_003054	NM_003054	Hs.596992	6571
TCONS_I2_00011128				NA
NM_001142928	NM_001142928	NM_001142928	Hs.647119	65999
NM_022077	NM_022077	NM_022077	Hs.6126	63905
NM_148887	NM_148887	NM_148887	Hs.347535	124995
ENST00000523123		BC047326		NA
TCONS_00010341				NA
XM_002343891	XM_002343891	XM_002343891	Hs.529357	NA
NR_036592	NR_036592	NR_036592	Hs.446271	100506710
ENST00000375947				79670
NM_006089	NM_006089	NM_006089	Hs.495774	10389
				NA
AK123770		AK123770	Hs.530791	NA
NM_000603	NM_000603	NM_000603	Hs.647092	4846
NM_016059	NM_016059	NM_016059	Hs.27693	51645
NR_033374	NR_033374	NR_033374	Hs.729732	NA
NM_024047	NM_024047	NM_024047	Hs.149500	53343
ENST00000327867		AK131472	Hs.720743	100129543
NM_001004478	NM_001004478	NM_001004478	Hs.553590	128368
NM_018207	NM_018207	NM_018207	Hs.656006	55223
NM_006238	NM_006238	NM_006238	Hs.696032	5467

NM_144698	NM_144698	NM_144698	Hs.710624	148741
NR_027105	NR_027105	NR_027105		NA
ENST00000501725				NA
NM_016082	NM_016082	NM_016082	Hs.435952	51654
AK127655		AK127655	Hs.667515	100131231
				NA
NM_001105	NM_001105	NM_001105	Hs.470316	90
NM_018045	NM_018045	NM_018045	Hs.353454	55108
NM_145047	NM_145047	NM_145047	Hs.202207	127700
NR_026993	NR_026993	NR_026993	Hs.679408	90834
NM_004731	NM_004731	NM_004731	Hs.439643	9194
NM_003907	NM_003907	NM_003907	Hs.283551	8893
NM_016063	NM_016063	NM_016063	Hs.32826	51020
TCONS_00025825				NA
TCONS_00015544				NA
NM_020711	NM_020711	NM_020711	Hs.443894	57471
NM_022465	NM_022465	NM_022465	Hs.553221	64375
NM_012156	NM_012156	NM_012156	Hs.437422	2036
NM_016647	NM_016647	NM_016647	Hs.368402	51337
BI114595		BI114595	Hs.536336	NA
NM_030767	NM_030767	NM_030767	Hs.494895	80709
NR_027350	NR_027350	NR_027350	Hs.24115	407975
AK128830		AK128830	Hs.640061	100128703
AL512723		AL512723	Hs.567600	81787
NM_002235	NM_002235	NM_002235	Hs.306190	NA
NR_045217	NR_045217	NR_045217		NA
NM_001233	NM_001233	NM_001233	Hs.212332	858
NR_024480	NR_024480	NR_024480	Hs.128066	NA
NM_001826	NM_001826	NM_001826	Hs.374378	1163
NM_007170	NM_007170	NM_007170	Hs.591499	10420
NM_206907	NM_206907	NM_206907	Hs.43322	5562
TCONS_00029850				NA
ENST00000301008		AB593088	Hs.592068	57338
NM_206965	NM_206965	NM_206965	Hs.415846	10841
NM_002687	NM_002687	NM_002687	Hs.409965	5411
NM_001040436	NM_001040436	NM_001040436	Hs.505231	51067
NM_001767	NM_001767	NM_001767	Hs.523500	914
NM_001009993	NM_001009993	NM_001009993	Hs.534679	130074
NM_025228	NM_025228	NM_025228	Hs.147434	80342
NM_017812	NM_017812	NM_017812	Hs.655010	54927
NM_001164234	NM_001164234	NM_001164234		NA
NM_020806	NM_020806	NM_020806	Hs.208765	10243
NM_016498	NM_016498	NM_016498	Hs.713636	51537
NM_198516	NM_198516	NM_198516	Hs.655152	374378

NM_024094	NM_024094	NM_024094	Hs.315167	79075
NM_007273	NM_007273	NM_007273	Hs.504620	11331
NM_001402	NM_001402	NM_001402	Hs.535192	1915
XR_132887	XR_132887	XR_132887		NA
NM_133640	NM_133640	NM_133640	Hs.78354	6837
NM_012426	NM_012426	NM_012426	Hs.514435	23450
NM_004613	NM_004613	NM_004613	Hs.517033	7052
NM_024824	NM_024824	NM_024824	Hs.725164	79882
NM_014214	NM_014214	NM_014214	Hs.367992	3613
NM_002795	NM_002795	NM_002795	Hs.82793	5691
NM_030674	NM_030674	NM_030674	Hs.533770	81539
NM_013411	NM_013411	NM_013411	Hs.470907	204
NM_019112	NM_019112	NM_019112	Hs.134514	10347
NM_145266	NM_145266	NM_145266	Hs.140443	134492
NM_000979	NM_000979	NM_000979	Hs.515517	6141
NM_018266	NM_018266	NM_018266	Hs.594171	55254
NM_014428	NM_014428	NM_014428	Hs.25527	27134
NR_033797	NR_033797	NR_033797	Hs.142307	54553
NM_019053	NM_019053	NM_019053	Hs.655657	54536
AK125579		AK125579	Hs.650702	100128019
NM_015282	NM_015282	NM_015282	Hs.469840	23332
ENST00000424241				NA
NM_013258	NM_013258	NM_013258	Hs.499094	29108
				NA
THC2665248				NA
NM_032492	NM_032492	NM_032492	Hs.24054	84522
NM_001144950	NM_001144950	NM_001144950	Hs.554182	284297
NM_152773	NM_152773	NM_152773	Hs.135997	255758
				NA
NM_005517	NM_005517	NM_005517	Hs.181163	3151
NM_022900	NM_022900	NM_022900	Hs.260041	64921
ENST00000469435		FW339972	Hs.4055	1316
NR_024470	NR_024470	NR_024470		100127888
NM_004642	NM_004642	NM_004642	Hs.725139	8099
				NA
NM_000502	NM_000502	NM_000502	Hs.279259	8288
NM_017811	NM_017811	NM_017811	Hs.643648	54926
NM_015074	NM_015074	NM_015074	Hs.97858	23095
NM_003446	NM_003446	NM_003446	Hs.89897	7712
NM_001145053	NM_001145053	NM_001145053	Hs.662411	374786
ENST00000450304		AK092751	Hs.635171	NA
NM_005999	NM_005999	NM_005999	Hs.13318	7257
NM_024838	NM_024838	NM_024838	Hs.645274	79896
NM_018717	NM_018717	NM_018717	Hs.586165	55534

NM_024670	NM_024670	NM_024670	Hs.554883	79723
NM_024294	NM_024294	NM_024294	Hs.643498	64771
NM_003330	NM_003330	NM_003330	Hs.728817	7296
NM_001003938	NM_001003938	NM_001003938	Hs.647389	3042
NM_207128	NM_207128	NM_207128	Hs.532469	196743
NM_001949	NM_001949	NM_001949	Hs.269408	1871
NM_025128	NM_025128	NM_025128	Hs.288798	80198
NR_038318	NR_038318	NR_038318	Hs.627426	NA
ENST00000428309	XM_003403712	XM_003403712	Hs.662922	NA
NM_152546	NM_152546	NM_152546	Hs.107622	153443
NM_001089	NM_001089	NM_001089	Hs.26630	21
NR_038301	NR_038301	NR_038301		NA
NM_002834	NM_002834	NM_002834	Hs.506852	NA
NM_181523	NM_181523	NM_181523	Hs.132225	5295
NM_015917	NM_015917	NM_015917	Hs.390667	373156
NM_173478	NM_173478	NM_173478	Hs.12272	124817
NM_177405	NM_177405	NM_177405	Hs.170310	51816
NR_040084	NR_040084	NR_040084	Hs.728809	100133286
NR_024464	NR_024464	NR_024464		100188949
NM_001031737	NM_001031737	NM_001031737	Hs.381943	124093
NM_020381	NM_020381	NM_020381	Hs.730764	57107
NR_002830	NR_002830	NR_002830	Hs.550796	492303
NM_005065	NM_005065	NM_005065	Hs.181300	6400
NM_001003408	NM_001003408	NM_001003408	Hs.438236	3983
XM_003403704	XM_003403704	XM_003403704	Hs.569971	646457
NM_006974	NM_006974	NM_006974	Hs.435774	7581
NM_000314	NM_000314	NM_000314	Hs.500466	5728
NM_001003827	NM_001003827	NM_001003827	Hs.729048	53840
NM_016142	NM_016142	NM_016142	Hs.132513	51144
NM_024332	NM_024332	NM_024332	Hs.558537	79184
XR_109392	XR_109392	XR_109392		NA
AF279782		AF279782	Hs.553947	NA
NM_030966	NM_030966	NM_030966	Hs.534495	81850
NM_138417	NM_138417	NM_138417	Hs.655082	112970
NM_001145206	NM_001145206	NM_001145206	Hs.723060	NA
ENST00000366347		BC039333	Hs.408241	NA
NM_022818	NM_022818	NM_022818	Hs.356061	81631
NM_018049	NM_018049	NM_018049	Hs.501353	55111
NM_006067	NM_006067	NM_006067	Hs.173162	10328
NM_138459	NM_138459	NM_138459	Hs.525826	NA
ENST00000425648				NA
NM_002852	NM_002852	NM_002852	Hs.591286	5806
NM_031157	NM_031157	NM_031157	Hs.546261	3178
NM_001463	NM_001463	NM_001463	Hs.128453	2487

NM_001008709	NM_001008709	NM_001008709	Hs.183994	5499
NM_000288	NM_000288	NM_000288	Hs.280932	5191
ENST00000546995		BC008292	Hs.524488	1606
AK131315		AK131315	Hs.533590	NA
NM_015462	NM_015462	NM_015462	Hs.463936	25926
NM_022909	NM_022909	NM_022909	Hs.631967	64946
NM_007264	NM_007264	NM_007264	Hs.483909	11318
NM_001001710	NM_001001710	NM_001001710	Hs.522530	401565
TCONS_00029528				NA
THC2566648				NA
NM_173660	NM_173660	NM_173660	Hs.122110	285489
THC2668129				NA
				NA
NM_005586	NM_005586	NM_005586	Hs.520119	4188
ENST00000483366	XM_003403552	XM_003403552	Hs.489354	NA
ENST00000446201		DB455945	Hs.584312	NA
ENST00000438772				NA
THC2714922				NA
NM_001145118	NM_001145118	NM_001145118	Hs.512174	392862
NM_173362	NM_173362	NM_173362	Hs.399758	317671
NR_003132	NR_003132	NR_003132		391634
XR_108662	XR_108662	XR_108662	Hs.544586	NA
NM_006565	NM_006565	NM_006565	Hs.368367	10664
NM_015364	NM_015364	NM_015364	Hs.726603	23643
NR_003238	NR_003238	NR_003238	Hs.496530	767811
XR_110916	XR_110916	XR_110916		NA
NR_040050	NR_040050	NR_040050	Hs.637098	NA
NM_015986	NM_015986	NM_015986	Hs.370168	51379
NM_152266	NM_152266	NM_152266	Hs.579899	91442
NM_078468	NM_078468	NM_078468	Hs.715543	56647
NM_001178138	NM_001178138	NM_001178138	Hs.379018	7029
NM_014214	NM_014214	NM_014214	Hs.367992	3613
NM_152383	NM_152383	NM_152383	Hs.471637	129563
NM_007375	NM_007375	NM_007375	Hs.300624	23435
NM_006862	NM_006862	NM_006862	Hs.144439	11022
NM_000395	NM_000395	NM_000395	Hs.592192	1439
TCONS_00012260				NA
NM_017972	NM_017972	NM_017972	Hs.410231	55668
NM_001025	NM_001025	NM_001025	Hs.527193	6228
NM_214710	NM_214710	NM_214710	Hs.245146	400668
NM_001033886	NM_001033886	NM_001033886	Hs.522891	6387
NR_003595	NR_003595	NR_003595	Hs.567757	168448
NM_005961	NM_005961	NM_005961	Hs.528432	4588
NM_174898	NM_174898	NM_174898	Hs.164589	129530

NM_014815	NM_014815	NM_014815	Hs.462983	9862
NM_007176	NM_007176	NM_007176	Hs.15106	11161
NM_001123	NM_001123	NM_001123	Hs.656586	132
NM_001144823	NM_001144823	NM_001144823	Hs.654567	10260
ENST00000419587	XM_003118522	XM_003118522	Hs.730904	NA
NM_005381	NM_005381	NM_005381	Hs.79110	4691
NM_017867	NM_017867	NM_017867		NA
NM_006826	NM_006826	NM_006826	Hs.74405	10971
TCONS_00013289				NA
NM_003932	NM_003932	NM_003932	Hs.712713	6767
NM_138501	NM_138501	NM_138501	Hs.515642	9524
NM_005507	NM_005507	NM_005507	Hs.170622	1072
THC2666140				NA
NM_001136483	NM_001136483	NM_001136483	Hs.252707	284067
TCONS_00026722				NA
NM_003853	NM_003853	NM_003853	Hs.158315	8807
NM_002358	NM_002358	NM_002358	Hs.591697	4085
NM_018058	NM_018058	NM_018058	Hs.500736	55118
NM_000805	NM_000805	NM_000805	Hs.2681	2520
NM_001137608	NM_001137608	NM_001137608	Hs.698668	654254
NM_022101	NM_022101	NM_022101	Hs.248572	63932
NM_004067	NM_004067	NM_004067	Hs.654611	1124
NM_015440	NM_015440	NM_015440	Hs.591343	25902
NM_014614	NM_014614	NM_014614	Hs.413801	23198
NM_001134430	NM_001134430	NM_001134430	Hs.444106	27433
NM_145119	NM_145119	NM_145119	Hs.522679	64219
NM_176814	NM_176814	NM_176814	Hs.159006	168850
NM_080606	NM_080606	NM_080606	Hs.551230	128408
TCONS_I2_00015638				NA
TCONS_00019294				NA
TCONS_I2_00030216				NA
T53825		T53825	Hs.702098	NA
NR_033913	NR_033913	NR_033913	Hs.679904	100128593
NM_013318	NM_013318	NM_013318	Hs.495349	84726
NR_024282	NR_024282	NR_024282	Hs.372775	113230
NM_004843	NM_004843	NM_004843	Hs.132781	9466
NM_024033	NM_024033	NM_024033	Hs.730714	78996
NM_003931	NM_003931	NM_003931	Hs.75850	8936
NM_181578	NM_181578	NM_181578	Hs.506985	5985
XR_109995	XR_109995	XR_109995	Hs.559386	NA
NM_000056	NM_000056	NM_000056	Hs.654441	594
NM_001001433	NM_001001433	NM_001001433	Hs.307913	8675
NM_000972	NM_000972	NM_000972	Hs.499839	6130
NM_001746	NM_001746	NM_001746	Hs.567968	821

ENST00000557232				NA
NR_002799	NR_002799	NR_002799	Hs.448554	256880
THC2530888				NA
NM_001037165	NM_001037165	NM_001037165	Hs.487393	221937
NM_005238	NM_005238	NM_005238	Hs.369438	2113
NM_023034	NM_023034	NM_023034	Hs.608111	54904
NM_001080495	NM_001080495	NM_001080495	Hs.721291	84629
NM_006875	NM_006875	NM_006875	Hs.496096	11040
NM_017891	NM_017891	NM_017891	Hs.235095	54991
NM_001198834	NM_001198834	NM_001198834	Hs.708687	9659
NM_015884	NM_015884	NM_015884	Hs.443490	51360
NM_001013690	NM_001013690	NM_001013690	Hs.648218	401720
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NR_002803	NR_002803	NR_002803	Hs.720698	283345
NM_005730	NM_005730	NM_005730	Hs.524530	10106
				NA
NM_032782	NM_032782	NM_032782	Hs.710500	84868
NM_003501	NM_003501	NM_003501	Hs.479122	8310
				NA
TCONS_00019731				NA
NM_003162	NM_003162	NM_003162	Hs.656726	6801
NM_138555	NM_138555	NM_138555	Hs.270845	9493
NM_001076678	NM_001076678	NM_001076678	Hs.656558	284443
TCONS_00022629				NA
NM_199132	NM_199132	NM_199132	Hs.467223	90333
NM_015602	NM_015602	NM_015602	Hs.496459	26092
NM_031478	NM_031478	NM_031478	Hs.558560	83723
NM_015160	NM_015160	NM_015160	Hs.495471	NA
XR_108482	XR_108482	XR_108482		NA
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NM_015972	NM_015972	NM_015972	Hs.507584	51082
NM_001080461	NM_001080461	NM_001080461	Hs.232272	340260
NR_027995	NR_027995	NR_027995		284232
NM_014046	NM_014046	NM_014046	Hs.655329	28973
NR_038279	NR_038279	NR_038279	Hs.633102	NA
NM_020827	NM_020827	NM_020827	Hs.535734	57587
NM_002119	NM_002119	NM_002119	Hs.631991	3111
NM_002859	NM_002859	NM_002859	Hs.446336	5829
ENST00000369697		AF070632	Hs.23729	3752
TCONS_00007330				NA
NM_032376	NM_032376	NM_032376	Hs.514211	84336
				NA
NM_006510	NM_006510	NM_006510	Hs.440382	5987
NM_000359	NM_000359	NM_000359	Hs.508950	7051

ENST00000378925		AK126057		80014
				NA
NM_032789	NM_032789	NM_032789	Hs.348609	84875
NM_152444	NM_152444	NM_152444	Hs.632344	145482
ENST00000435023		BC039493	Hs.637822	NA
NM_030930	NM_030930	NM_030930	Hs.726559	NA
TCONS_00010209				NA
ENST00000476313		AK094630	Hs.284491	8566
NM_018179	NM_018179	NM_018179	Hs.729180	55729
NM_005484	NM_005484	NM_005484	Hs.409412	10038
				NA
CU688199		CU688199	Hs.606561	NA
NM_183040	NM_183040	NM_183040	Hs.571148	84062
NM_015476	NM_015476	NM_015476	Hs.436636	25941
NM_004083	NM_004083	NM_004083	Hs.505777	1649
NM_173794	NM_173794	NM_173794	Hs.7549	139341
NM_001034996	NM_001034996	NM_001034996	Hs.730621	9045
NM_007188	NM_007188	NM_007188	Hs.647118	11194
NM_183387	NM_183387	NM_183387	Hs.325846	161436
NM_002849	NM_002849	NM_002849	Hs.506076	5801
AK001299		AK001299	Hs.640076	NA
NM_052868	NM_052868	NM_052868	Hs.332012	93185
NM_018332	NM_018332	NM_018332	Hs.656037	55308
NM_001098516	NM_001098516	NM_001098516	Hs.308992	200958
CN294843		CN294843	Hs.640402	NA
NR_027481	NR_027481	NR_027481	Hs.673877	642280
TCONS_00009989				NA
NM_003981	NM_003981	NM_003981	Hs.366401	9055
NM_001255	NM_001255	NM_001255	Hs.524947	991
NM_017803	NM_017803	NM_017803	Hs.534460	54920
TCONS_I2_00029647				NA
				NA
				NA
NM_198513	NM_198513	NM_198513	Hs.304362	51105
NM_002208	NM_002208	NM_002208	Hs.513867	3682
NR_038384	NR_038384	NR_038384		728012
NM_012170	NM_012170	NM_012170	Hs.591115	26263
NM_020353	NM_020353	NM_020353	Hs.477869	57088
NM_030927	NM_030927	NM_030927	Hs.718943	81619
NM_001105206	NM_001105206	NM_001105206	Hs.654572	3910
NM_001165136	NM_001165136	NM_001165136	Hs.529317	55008
ENST00000505637		BG116503	Hs.575213	NA
NM_145313	NM_145313	NM_145313	Hs.125293	221002
NM_170722	NM_170722	NM_170722	Hs.524082	79671

NM_052888	NM_052888	NM_052888	Hs.514071	114659
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.728176	NA
NR_026943	NR_026943	NR_026943	Hs.11637	642852
NM_001193339	NM_001193339	NM_001193339	Hs.655498	64849
NM_001145191	NM_001145191	NM_001145191	Hs.399980	NA
NR_026936	NR_026936	NR_026936	Hs.8373	202299
NM_013449	NM_013449	NM_013449	Hs.314263	11176
NM_006423	NM_006423	NM_006423	Hs.11417	10567
NM_017762	NM_017762	NM_017762	Hs.30141	54893
NM_012217	NM_012217	NM_012217	Hs.677789	23430
NM_001013663	NM_001013663	NM_001013663	Hs.406607	391356
NM_003485	NM_003485	NM_003485	Hs.8882	8111
NM_017964	NM_017964	NM_017964	Hs.23248	55676
XM_001716361	XM_001716361	XM_001716361	Hs.188007	NA
XR_109905	XR_109905	XR_109905		NA
NM_080656	NM_080656	NM_080656	Hs.156506	91368
NM_001144829	NM_001144829	NM_001144829	Hs.642706	2330
NM_212481	NM_212481	NM_212481	Hs.920	10865
NM_032134	NM_032134	NM_032134	Hs.252739	84074
ENST00000428485		AK093219	Hs.500498	NA
NM_006327	NM_006327	NM_006327	Hs.524308	100287932
NM_001243079	NM_001243079	NM_001243079	Hs.195352	126520
NM_007024	NM_007024	NM_007024	Hs.91566	11070
XR_132689	XR_132689	XR_132689	Hs.721878	100652838
XR_132623	XR_132623	XR_132623	Hs.661255	728054
NM_013234	NM_013234	NM_013234	Hs.314359	27335
NM_001195243	NM_001195243	NM_001195243		NA
NM_023940	NM_023940	NM_023940	Hs.8035	65997
NM_032470	NM_032470	NM_032470	Hs.485104	7148
NM_022059	NM_022059	NM_022059	Hs.730800	58191
NM_001001325	NM_001001325	NM_001001325	Hs.553815	408187
TCONS_00001304				NA
NM_052952	NM_052952	NM_052952	Hs.470892	116093
NM_018442	NM_018442	NM_018442	Hs.435741	55827
				NA
ENST00000440978				253738
NM_004730	NM_004730	NM_004730	Hs.483494	2107
NM_001005463	NM_001005463	NM_001005463	Hs.591374	253738
BF742660		BF742660	Hs.678836	619338
NM_173487	NM_173487	NM_173487	Hs.567679	132321
NM_001174123	NM_001174123	NM_001174123	Hs.465414	644041
				NA
ENST00000316079		AK090448		9138
ENST00000392994				NA

NM_005744	NM_005744	NM_005744	Hs.268787	25820
NM_001005291	NM_001005291	NM_001005291	Hs.592123	6720
NM_012425	NM_012425	NM_012425	Hs.524161	6251
NM_005523	NM_005523	NM_005523	Hs.249171	3207
NM_018081	NM_018081	NM_018081	Hs.437460	55135
NM_004339	NM_004339	NM_004339	Hs.474010	754
NM_015041	NM_015041	NM_015041	Hs.155995	23059
NM_015506	NM_015506	NM_015506	Hs.13024	25974
NM_145280	NM_145280	NM_145280	Hs.664764	151194
NM_014811	NM_014811	NM_014811	Hs.533260	9858
NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	NA
NM_002913	NM_002913	NM_002913	Hs.507475	5981
XR_108794	XR_108794	XR_108794		NA
NM_001006630	NM_001006630	NM_001006630	Hs.535891	1129
				NA
NM_022374	NM_022374	NM_022374	Hs.727652	64225
NM_001143959	NM_001143959	NM_001143959	Hs.140617	339804
NM_174926	NM_174926	NM_174926	Hs.643516	219902
NM_001135575	NM_001135575	NM_001135575	Hs.656600	221710
NM_001127899	NM_001127899	NM_001127899	Hs.166486	1184
BC033227		BC033227	Hs.620382	NA
				NA
NR_024399	NR_024399	NR_024399	Hs.499548	NA
THC2633659				NA
ENST00000399026				79184
NM_021822	NM_021822	NM_021822	Hs.660143	60489
NM_001031	NM_001031	NM_001031	Hs.728794	6234
NM_031244	NM_031244	NM_031244	Hs.567431	23408
NM_001013439	NM_001013439	NM_001013439	Hs.478407	8087
NM_001080417	NM_001080417	NM_001080417	Hs.301094	23361
NM_004854	NM_004854	NM_004854	Hs.516370	9486
NM_004523	NM_004523	NM_004523	Hs.8878	3832
THC2666840				NA
				NA
NM_021732	NM_021732	NM_021732	Hs.23918	60370
NM_001243212	NM_001243212	NM_001243212	Hs.355357	643669
NR_003697	NR_003697	NR_003697	Hs.25892	285958
NR_036636	NR_036636	NR_036636		NA
ENST00000442860				NA
NM_207366	NM_207366	NM_207366	Hs.729656	NA
NM_014321	NM_014321	NM_014321	Hs.49760	23594
NM_138787	NM_138787	NM_138787	Hs.159376	119710
NM_001019	NM_001019	NM_001019	Hs.370504	6210
NM_004900	NM_004900	NM_004900	Hs.226307	9582

ENST00000372179		AY358165	Hs.163642	84628
NM_001079529	NM_001079529	NM_001079529	Hs.646912	202134
NR_037167	NR_037167	NR_037167		NA
NM_030641	NM_030641	NM_030641	Hs.257352	80830
NM_001009565	NM_001009565	NM_001009565	Hs.403201	344387
NM_018319	NM_018319	NM_018319	Hs.209945	55775
ENST00000389168		AK126951		201163
NM_001012981	NM_001012981	NM_001012981	Hs.513451	342357
ENST00000459752		AJ001306	Hs.478125	10207
ENST00000442800		DB517619	Hs.263912	NA
NM_021203	NM_021203	NM_021203	Hs.12152	58477
NM_194292	NM_194292	NM_194292	Hs.591447	163786
NM_133471	NM_133471	NM_133471	Hs.101150	170954
NM_152900	NM_152900	NM_152900	Hs.486189	260425
NM_032730	NM_032730	NM_032730	Hs.155839	84816
AK057085		AK057085	Hs.41423	NA
NM_001081550	NM_001081550	NM_001081550	Hs.149991	57187
ENST00000447310		BC053858	Hs.180257	NA
NM_013354	NM_013354	NM_013354	Hs.645009	29883
ENST00000446344		AY251274	Hs.123450	NA
NM_202001	NM_202001	NM_202001	Hs.435981	2067
NR_024103	NR_024103	NR_024103	Hs.236557	360205
NM_173554	NM_173554	NM_173554	Hs.673160	219621
NM_001804	NM_001804	NM_001804	Hs.1545	1044
NR_002936	NR_002936	NR_002936	Hs.161441	222699
ENST00000535200		CR607463	Hs.569205	NA
				NA
NM_020188	NM_020188	NM_020188	Hs.55028	56942
NM_080739	NM_080739	NM_080739	Hs.352187	128653
NM_007131	NM_007131	NM_007131	Hs.533540	7626
NM_052997	NM_052997	NM_052997	Hs.373787	NA
NM_001562	NM_001562	NM_001562	Hs.83077	3606
NM_015859	NM_015859	NM_015859	Hs.592334	2957
NM_014220	NM_014220	NM_014220	Hs.730617	4071
TCONS_00008877				NA
NM_145039	NM_145039	NM_145039	Hs.513832	92806
NM_003932	NM_003932	NM_003932	Hs.712713	6767
NM_001142522	NM_001142522	NM_001142522	Hs.520506	26271
NM_004487	NM_004487	NM_004487	Hs.213389	2804
ENST00000550173		DC378344	Hs.719858	81539
NM_024619	NM_024619	NM_024619	Hs.31431	79672
NM_033257	NM_033257	NM_033257	Hs.410965	85359
TCONS_00029904				NA
NM_001083601	NM_001083601	NM_001083601	Hs.513296	79903

TCONS_I2_00030913				NA
NM_138369	NM_138369	NM_138369	Hs.425091	91272
NM_000987	NM_000987	NM_000987	Hs.644794	6154
NM_000405	NM_000405	NM_000405	Hs.483873	2760
NM_002292	NM_002292	NM_002292	Hs.439726	3913
NR_024484	NR_024484	NR_024484	Hs.61508	400657
NM_031950	NM_031950	NM_031950	Hs.98785	83888
NR_026766	NR_026766	NR_026766	Hs.651453	10408
NM_002093	NM_002093	NM_002093	Hs.445733	2932
NM_016081	NM_016081	NM_016081	Hs.151220	23022
NM_004965	NM_004965	NM_004965	Hs.356285	3150
ENST00000551021				NA
ENST00000425412				NA
NM_052893	NM_052893	NM_052893	Hs.603858	114781
NM_152292	NM_152292	NM_152292	Hs.380412	93587
NM_001129891	NM_001129891	NM_001129891	Hs.721917	100131897
NM_001162435	NM_001162435	NM_001162435		NA
NM_173548	NM_173548	NM_173548	Hs.439551	201514
ENST00000511579				NA
NM_006396	NM_006396	NM_006396	Hs.654840	10534
ENST00000415417				NA
NM_020143	NM_020143	NM_020143	Hs.262858	56902
NM_001170738	NM_001170738	NM_001170738	Hs.536319	440073
NM_000063	NM_000063	NM_000063	Hs.408903	717
NM_020827	NM_020827	NM_020827	Hs.535734	57587
NM_001010983	NM_001010983	NM_001010983	Hs.297304	55830
NM_005917	NM_005917	NM_005917	Hs.526521	4190
NM_005775	NM_005775	NM_005775	Hs.528572	10174
NM_173546	NM_173546	NM_173546	Hs.13781	200942
NM_004067	NM_004067	NM_004067	Hs.654611	1124
AL049275				NA
NR_003064	NR_003064	NR_003064	Hs.157195	23615
NM_001198784	NM_001198784	NM_001198784	Hs.97300	145788
NM_014957	NM_014957	NM_014957	Hs.18166	22898
NM_000690	NM_000690	NM_000690	Hs.604551	217
NM_002890	NM_002890	NM_002890	Hs.664080	5921
XR_132698	XR_132698	XR_132698		100652764
				NA
TCONS_00014180				NA
NM_001001937	NM_001001937	NM_001001937	Hs.298280	498
NM_004674	NM_004674	NM_004674	Hs.521530	9070
NR_027001	NR_027001	NR_027001	Hs.405809	388152
NM_174892	NM_174892	NM_174892	Hs.313343	124599
NM_000984	NM_000984	NM_000984	Hs.419463	6147

NM_002838	NM_002838	NM_002838	Hs.654514	5788
NM_003772	NM_003772	NM_003772	Hs.105940	8690
ENST00000290460		BC047916	Hs.133995	80274
NM_001032	NM_001032	NM_001032	Hs.156367	6235
NM_005020	NM_005020	NM_005020	Hs.728862	5137
NM_001114091	NM_001114091	NM_001114091	Hs.463295	996
NM_001025370	NM_001025370	NM_001025370	Hs.73793	7422
ENST00000307499		AK097701	Hs.730223	NA
NM_018303	NM_018303	NM_018303	Hs.484412	55770
ENST00000482292		CR609151	Hs.446374	10471
NM_001080493	NM_001080493	NM_001080493	Hs.142167	55552
NM_003594	NM_003594	NM_003594	Hs.486818	8458
ENST00000508998				NA
NM_152533	NM_152533	NM_152533	Hs.178210	152065
XR_132906	XR_132906	XR_132906		NA
NM_001616	NM_001616	NM_001616	Hs.470174	92
NM_018265	NM_018265	NM_018265	Hs.518997	55765
NM_016104	NM_016104	NM_016104	Hs.532164	51389
NM_030792	NM_030792	NM_030792	Hs.503297	81544
NM_018480	NM_018480	NM_018480	Hs.525063	55863
NM_212551	NM_212551	NM_212551	Hs.591482	388695
NR_038269	NR_038269	NR_038269		NA
ENST00000442627				NA
NM_003115	NM_003115	NM_003115	Hs.492859	6675
NM_172037	NM_172037	NM_172037	Hs.244940	157506
NM_030919	NM_030919	NM_030919	Hs.726442	81610
NM_006827	NM_006827	NM_006827	Hs.74137	10972
NM_005701	NM_005701	NM_005701	Hs.21577	10073
NR_001447	NR_001447	NR_001447	Hs.647358	4500
NM_012338	NM_012338	NM_012338	Hs.16529	23554
NM_016831	NM_016831	NM_016831	Hs.162200	8863
XR_109462	XR_109462	XR_109462		NA
NM_004282	NM_004282	NM_004282	Hs.729098	9532
TCONS_00006093				NA
NM_001933	NM_001933	NM_001933	Hs.525459	1743
NM_004168	NM_004168	NM_004168	Hs.440475	6389
BE613848		BE613848	Hs.652806	NA
ENST00000447197	XM_003119543	XM_003119543	Hs.709813	NA
NM_018171	NM_018171	NM_018171	Hs.506603	55198
TCONS_00004944				NA
NM_003875	NM_003875	NM_003875	Hs.591314	8833
NM_178169	NM_178169	NM_178169	Hs.655521	283349
NM_001018055	NM_001018055	NM_001018055	Hs.558537	79184
BC041435		BC041435	Hs.639263	NA

NR_033929	NR_033929	NR_033929	Hs.407087	401106
NM_003367	NM_003367	NM_003367	Hs.454534	7392
NR_036467	NR_036467	NR_036467	Hs.15243	25900
NM_006013	NM_006013	NM_006013	Hs.534404	6134
NM_194249	NM_194249	NM_194249	Hs.591262	373863
NM_004072	NM_004072	NM_004072	Hs.197143	1240
NM_001731	NM_001731	NM_001731	Hs.255935	694
NM_020738	NM_020738	NM_020738	Hs.9873	57498
ENST00000324659		AK090476	Hs.728268	197358
ENST00000438148				NA
NR_038351	NR_038351	NR_038351	Hs.429843	NA
NM_173690	NM_173690	NM_173690	Hs.59504	286205
XR_109205	XR_109205	XR_109205	Hs.602995	100128979
NR_033998	NR_033998	NR_033998		729970
NM_018993	NM_018993	NM_018993	Hs.472270	54453
NM_001162536	NM_001162536	NM_001162536	Hs.481898	NA
NM_003418	NM_003418	NM_003418	Hs.518249	7555
NM_017446	NM_017446	NM_017446	Hs.420696	54148
TCONS_00022267				NA
				NA
XM_003119562	XM_003119562	XM_003119562	Hs.704267	100507747
TCONS_00024354				NA
NM_005972	NM_005972	NM_005972	Hs.524719	5540
ENST00000492160	XR_110925	XR_110925	Hs.636199	NA
ENST00000419587	XM_003118522	XM_003118522	Hs.730904	NA
AL706006		AL706006	Hs.675336	677807
NM_003967	NM_003967	NM_003967	Hs.248198	9038
NR_003206	NR_003206	NR_003206		NA
NM_006913	NM_006913	NM_006913	Hs.718462	6048
NR_027062	NR_027062	NR_027062		NA
NM_201430	NM_201430	NM_201430	Hs.473761	10313
NM_024408	NM_024408	NM_024408	Hs.487360	4853
NM_006606	NM_006606	NM_006606	Hs.69330	10741
AK131099		AK131099	Hs.369993	340665
NM_004590	NM_004590	NM_004590	Hs.10458	6360
NM_015085	NM_015085	NM_015085	Hs.499659	23108
NP1207855				NA
ENST00000373596		AL832574	Hs.197071	10783
NM_001191033	NM_001191033	NM_001191033	Hs.187912	150946
NM_080628	NM_080628	NM_080628	Hs.472630	140711
NM_014795	NM_014795	NM_014795	Hs.34871	9839
ENST00000521585				NA
NM_080820	NM_080820	NM_080820	Hs.659442	92675
NM_000050	NM_000050	NM_000050	Hs.160786	445

NM_005585	NM_005585	NM_005585	Hs.153863	4091
XR_132648	XR_132648	XR_132648	Hs.631680	NA
NM_144650	NM_144650	NM_144650	Hs.720023	137872
THC2669257				NA
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NM_001043229	NM_001043229	NM_001043229	Hs.640726	751071
NM_201525	NM_201525	NM_201525	Hs.513633	9289
NM_014675	NM_014675	NM_014675	Hs.309403	NA
NM_018293	NM_018293	NM_018293	Hs.591650	55279
NM_014929	NM_014929	NM_014929	Hs.5930	22868
NM_001000	NM_001000	NM_001000	Hs.558387	6170
NM_005652	NM_005652	NM_005652	Hs.63335	7014
THC2761499				NA
NM_032025	NM_032025	NM_032025	Hs.655782	83939
NM_006430	NM_006430	NM_006430	Hs.421509	10575
NM_022098	NM_022098	NM_022098	Hs.529163	63929
NR_033873	NR_033873	NR_033873		NA
NM_032506	NM_032506	NM_032506	Hs.468653	84542
NM_001243962	NM_001243962	NM_001243962	Hs.409934	3119
NM_005039	NM_005039	NM_005039	Hs.631726	5542
NM_145288	NM_145288	NM_145288	Hs.192237	162979
NR_023920	NR_023920	NR_023920	Hs.567499	51352
XR_110056	XR_110056	XR_110056		643783
NM_054113	NM_054113	NM_054113	Hs.255432	117286
NM_004284	NM_004284	NM_004284	Hs.191164	9557
NM_017819	NM_017819	NM_017819	Hs.730817	54931
NM_005013	NM_005013	NM_005013	Hs.654599	4925
NM_014165	NM_014165	NM_014165	Hs.512144	29078
AK123839		AK123839	Hs.659741	100129112
NM_004756	NM_004756	NM_004756	Hs.326953	9253
NM_001145855	NM_001145855	NM_001145855	Hs.167679	6452
NM_006716	NM_006716	NM_006716	Hs.485380	10926
NM_021216	NM_021216	NM_021216	Hs.301431	58491
XM_003403441	XM_003403441	XM_003403441		NA
NM_012253	NM_012253	NM_012253	Hs.102866	8277
NM_133263	NM_133263	NM_133263	Hs.483816	133522
BC010535		BC010535	Hs.729714	5380
NM_003934	NM_003934	NM_003934	Hs.98751	8939
NM_003855	NM_003855	NM_003855	Hs.469521	8809
NR_036505	NR_036505	NR_036505	Hs.660395	100128361
NM_018089	NM_018089	NM_018089	Hs.437647	55139
				NA
NM_031313	NM_031313	NM_031313	Hs.333509	251
NM_024324	NM_024324	NM_024324	Hs.211282	79174

NM_013236	NM_013236	NM_013236	Hs.475125	25814
BC034319		BC034319		NA
NM_024098	NM_024098	NM_024098	Hs.4253	79080
NR_002443	NR_002443	NR_002443	Hs.186350	NA
NM_000969	NM_000969	NM_000969	Hs.532359	6125
THC2552980				NA
ENST00000453636		BM687923	Hs.637829	NA
TCONS_00028426				NA
NM_004111	NM_004111	NM_004111	Hs.409065	2237
AK095243		AK095243	Hs.636509	100130654
NR_024046	NR_024046	NR_024046		100129354
NM_138619	NM_138619	NM_138619	Hs.87726	23163
NM_001380	NM_001380	NM_001380	Hs.159195	1793
NM_002434	NM_002434	NM_002434	Hs.459596	4350
NM_018164	NM_018164	NM_018164	Hs.505077	55726
NM_001198952	NM_001198952	NM_001198952		NA
NM_001195243	NM_001195243	NM_001195243		NA
NM_001621	NM_001621	NM_001621	Hs.171189	196
NM_147686	NM_147686	NM_147686	Hs.561514	10758
ENST00000556699				NA
AK094407		AK094407	Hs.683873	645427
NM_002224	NM_002224	NM_002224	Hs.65758	3710
XR_108426	XR_108426	XR_108426		NA
TCONS_00028329				NA
NM_152552	NM_152552	NM_152552	Hs.440508	154075
NM_031903	NM_031903	NM_031903	Hs.50252	64983
THC2693011				NA
AK128169		AK128169		NA
NM_004496	NM_004496	NM_004496	Hs.163484	3169
NM_002186	NM_002186	NM_002186	Hs.406228	3581
NM_020453	NM_020453	NM_020453	Hs.437241	57205
NM_003615	NM_003615	NM_003615	Hs.250072	9497
NM_001113239	NM_001113239	NM_001113239	Hs.397465	28996
NM_001018005	NM_001018005	NM_001018005	Hs.133892	7168
BX648511		BX648511	Hs.441039	401233
NM_138451	NM_138451	NM_138451	Hs.568276	115811
NM_004724	NM_004724	NM_004724	Hs.503886	9183
NM_001734	NM_001734	NM_001734	Hs.458355	716
NM_030926	NM_030926	NM_030926	Hs.111577	81618
NR_026825	NR_026825	NR_026825	Hs.558686	204010
NR_038974	NR_038974	NR_038974	Hs.709795	NA
NM_145814	NM_145814	NM_145814	Hs.631560	59285
THC2753069				NA
NM_003961	NM_003961	NM_003961	Hs.137572	9028

NM_001005172	NM_001005172	NM_001005172	Hs.553568	119774
NM_032323	NM_032323	NM_032323	Hs.347408	84283
NM_020199	NM_020199	NM_020199	Hs.730670	56951
ENST00000321023		BC022258	Hs.440848	7450
NM_024057	NM_024057	NM_024057	Hs.444276	79023
ENST00000381261		BC028151	Hs.522572	NA
NM_014026	NM_014026	NM_014026	Hs.504249	28960
NM_152547	NM_152547	NM_152547	Hs.546502	153579
NM_001017402	NM_001017402	NM_001017402	Hs.497636	3914
ENST00000459989		AK097997	Hs.523221	84445
NM_001040455	NM_001040455	NM_001040455	Hs.712144	51092
NM_007043	NM_007043	NM_007043	Hs.645517	11103
NM_021643	NM_021643	NM_021643	Hs.467751	28951
NM_000512	NM_000512	NM_000512	Hs.271383	2588
TCONS_00019778				NA
AF130079		AF130079	Hs.728952	114224
AK091114		AK091114	Hs.587187	151657
NM_018226	NM_018226	NM_018226	Hs.5345	57140
BC022164		BC022164	Hs.596176	152048
NM_021932	NM_021932	NM_021932	Hs.592292	60626
NM_152553	NM_152553	NM_152553	Hs.368639	154214
NM_018663	NM_018663	NM_018663	Hs.430299	5827
XR_110417	XR_110417	XR_110417		NA
NM_017905	NM_017905	NM_017905	Hs.317593	55002
ENST00000420579		DB514633	Hs.642516	NA
NM_021134	NM_021134	NM_021134	Hs.3254	6150
NR_002748	NR_002748	NR_002748	Hs.626391	NA
ENST00000358389		AL133647		4849
NM_002139	NM_002139	NM_002139	Hs.380118	27316
NM_144990	NM_144990	NM_144990	Hs.194609	200172
THC2657771				NA
NM_001077198	NM_001077198	NM_001077198	Hs.323363	79065
NM_007065	NM_007065	NM_007065	Hs.160958	11140
ENST00000455672		CD684123	Hs.634150	NA
NM_016492	NM_016492	NM_016492	Hs.408233	29098
NM_001080507	NM_001080507	NM_001080507	Hs.671212	441161
NM_199123	NM_199123	NM_199123	Hs.510407	84193
NM_001113324	NM_001113324	NM_001113324	Hs.593566	100134934
ENST00000374414				83937
THC2647795				NA
NM_003234	NM_003234	NM_003234	Hs.529618	7037
NM_006969	NM_006969	NM_006969	Hs.467223	7576
NM_033004	NM_033004	NM_033004	Hs.652273	22861
NM_006187	NM_006187	NM_006187	Hs.528634	4940

ENST00000383657		AL832532	Hs.705480	201562
NM_001042510	NM_001042510	NM_001042510	Hs.374485	51123
NM_016093	NM_016093	NM_016093	Hs.546390	51121
AB062488		AB062488	Hs.497125	NA
NR_003098	NR_003098	NR_003098		23642
NM_016196	NM_016196	NM_016196	Hs.7482	9904
NM_152277	NM_152277	NM_152277	Hs.131570	92181
NR_002323	NR_002323	NR_002323		NA
AK128312		AK128312		64419
ENST00000349014		BQ425510	Hs.729009	23394
NR_004383	NR_004383	NR_004383	Hs.621635	NA
NM_001017979	NM_001017979	NM_001017979	Hs.656060	9364
NM_000969	NM_000969	NM_000969		NA
NM_006303	NM_006303	NM_006303	Hs.301613	7965
ENST00000472621				377
ENST00000422861	XR_109604	XR_109604	Hs.709356	NA
NM_148179	NM_148179	NM_148179	Hs.15961	138716
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.434890	8924
NM_138445	NM_138445	NM_138445	Hs.729332	115330
NM_005953	NM_005953	NM_005953	Hs.647371	4502
NM_002345	NM_002345	NM_002345	Hs.406475	4060
NM_007243	NM_007243	NM_007243	Hs.519993	11270
TCONS_00027066				NA
NM_020654	NM_020654	NM_020654	Hs.529551	57337
NM_145804	NM_145804	NM_145804	Hs.23361	25841
TCONS_00018398				NA
ENST00000476487		AK093737	Hs.715055	85007
AK123797		AK123797	Hs.640233	NA
NM_152429	NM_152429	NM_152429	Hs.466120	143282
NM_004001	NM_004001	NM_004001	Hs.654395	2213
NM_020750	NM_020750	NM_020750	Hs.203206	57510
NM_024102	NM_024102	NM_024102	Hs.204773	79084
NM_001195386	NM_001195386	NM_001195386	Hs.353163	147184
NM_005874	NM_005874	NM_005874	Hs.655652	10288
TCONS_00016018				NA
NM_198216	NM_198216	NM_198216	Hs.83753	6628
				NA
NM_031899	NM_031899	NM_031899	Hs.613614	64689
ENST00000375188				2584
NR_015404	NR_015404	NR_015404	Hs.333120	NA
NM_015221	NM_015221	NM_015221	Hs.500771	23268
NM_024571	NM_024571	NM_024571	Hs.15277	79622
NM_000980	NM_000980	NM_000980	Hs.337766	6142
NM_005021	NM_005021	NM_005021	Hs.486489	5169

TCONS_00026273				NA
NM_003616	NM_003616	NM_003616	Hs.652307	8487
AK309505		AK309505	Hs.664071	NA
ENST00000498768		AK025657	Hs.632527	80255
NM_032177	NM_032177	NM_032177	Hs.555731	51808
NM_152387	NM_152387	NM_152387	Hs.605775	130535
NM_001040282	NM_001040282	NM_001040282	Hs.617010	654341
TCONS_00012214				NA
NR_037596	NR_037596	NR_037596	Hs.531193	401149
NM_004728	NM_004728	NM_004728	Hs.223141	9188
NM_014400	NM_014400	NM_014400	Hs.631594	27076
NM_007058	NM_007058	NM_007058	Hs.225953	11131
NM_138415	NM_138415	NM_138415	Hs.254097	112885
				NA
NM_001012	NM_001012	NM_001012	Hs.512675	6202
NM_020633	NM_020633	NM_020633	Hs.677423	57191
NM_178123	NM_178123	NM_178123	Hs.30977	91404
NM_001019	NM_001019	NM_001019	Hs.370504	6210
ENST00000381177				NA
ENST00000431981				NA
NM_212550	NM_212550	NM_212550	Hs.103902	388552
NM_020928	NM_020928	NM_020928	Hs.650537	NA
NM_007162	NM_007162	NM_007162	Hs.485360	7942
NM_000657	NM_000657	NM_000657	Hs.150749	596
AK024362		AK024362		NA
NM_033510	NM_033510	NM_033510	Hs.355645	85455
NM_001190764	NM_001190764	NM_001190764	Hs.534672	388564
THC2654949				NA
AK125891		AK125891	Hs.521719	401471
THC2556858				NA
NM_020133	NM_020133	NM_020133	Hs.353175	56895
NM_173568	NM_173568	NM_173568	Hs.242520	89766
NM_182574	NM_182574	NM_182574	Hs.191815	284358
ENST00000409203		BC048349	Hs.655182	151246
NM_014636	NM_014636	NM_014636	Hs.432842	9649
TCONS_00029387				NA
TCONS_00023147				NA
NM_014940	NM_014940	NM_014940	Hs.513743	22879
NM_030885	NM_030885	NM_030885	Hs.517949	4134
NM_152265	NM_152265	NM_152265	Hs.429839	91408
NM_175887	NM_175887	NM_175887	Hs.728338	222171
NM_006056	NM_006056	NM_006056	Hs.471619	10316
ENST00000536678	XM_003118494	XM_003118494	Hs.619553	NA
TCONS_00020412				NA

ENST00000502421		DA350472	Hs.628443	NA
NM_033296	NM_033296	NM_033296	Hs.406590	93621
NM_016836	NM_016836	NM_016836	Hs.470412	5937
NM_001014	NM_001014	NM_001014	Hs.645317	6204
ENST00000442563		AK290678		NA
NM_020165	NM_020165	NM_020165	Hs.375684	56852
NM_001217	NM_001217	NM_001217	Hs.428446	770
NM_005497	NM_005497	NM_005497	Hs.726252	10052
ENST00000520482		AK125506		22898
NM_201264	NM_201264	NM_201264	Hs.471200	8828
NM_022746	NM_022746	NM_022746	Hs.497816	64757
NM_058179	NM_058179	NM_058179	Hs.494261	29968
ENST00000445098	XR_108314	XR_108314	Hs.591460	NA
NM_005017	NM_005017	NM_005017	Hs.135997	5130
NM_001024809	NM_001024809	NM_001024809	Hs.654583	5914
NM_002295	NM_002295	NM_002295	Hs.449909	3921
NR_027420	NR_027420	NR_027420	Hs.720653	389834
NR_040050	NR_040050	NR_040050	Hs.637098	NA
NM_139266	NM_139266	NM_139266	Hs.642990	6772
NM_015718	NM_015718	NM_015718	Hs.247776	50508
NM_144695	NM_144695	NM_144695	Hs.552608	148362
NM_000938	NM_000938	NM_000938	Hs.602757	5431
XM_003119910	XM_003119910	XM_003119910	Hs.722532	NA
NM_001002258	NM_001002258	NM_001002258	Hs.429	518
NR_015415	NR_015415	NR_015415		400242
NM_001111307	NM_001111307	NM_001111307	Hs.89901	5141
NM_203304	NM_203304	NM_203304	Hs.436495	399664
NM_001184714	NM_001184714	NM_001184714	Hs.492348	114836
NM_015528	NM_015528	NM_015528	Hs.7158	26001
AK091697		AK091697	Hs.588388	NA
NM_001493	NM_001493	NM_001493	Hs.74576	2664
NM_017991	NM_017991	NM_017991	Hs.516341	55683
NM_001005487	NM_001005487	NM_001005487	Hs.553834	441933
NM_004264	NM_004264	NM_004264	Hs.286145	9412
NM_175080	NM_175080	NM_175080	Hs.12956	5026
NM_001145348	NM_001145348	NM_001145348	Hs.145717	79831
NM_178554	NM_178554	NM_178554	Hs.146730	339855
NM_006009	NM_006009	NM_006009	Hs.654422	7846
NM_020205	NM_020205	NM_020205	Hs.98322	56957
NM_021974	NM_021974	NM_021974	Hs.436578	5435
NM_006559	NM_006559	NM_006559	Hs.445893	10657
NM_002530	NM_002530	NM_002530	Hs.410969	4916
NM_001034173	NM_001034173	NM_001034173	Hs.42572	160428
NM_199334	NM_199334	NM_199334	Hs.724	7067

NM_182848	NM_182848	NM_182848	Hs.534377	9071
NM_001017392	NM_001017392	NM_001017392	Hs.515271	10147
ENST00000425271				NA
NR_038269	NR_038269	NR_038269	Hs.90286	NA
NR_026667	NR_026667	NR_026667	Hs.605989	376693
NR_026757	NR_026757	NR_026757	Hs.380164	729082
THC2739199				NA
THC2776683				NA
NM_001079528	NM_001079528	NM_001079528	Hs.442182	368
NM_153251	NM_153251	NM_153251	Hs.564611	253832
				NA
NM_004757	NM_004757	NM_004757	Hs.591680	9255
BC032910		BC032910	Hs.382230	NA
ENST00000512128				NA
NM_006074	NM_006074	NM_006074	Hs.501778	10346
NR_015432	NR_015432	NR_015432	Hs.349092	388789
NM_002157	NM_002157	NM_002157	Hs.1197	3336
NM_018699	NM_018699	NM_018699	Hs.666782	11107
NM_015492	NM_015492	NM_015492	Hs.17936	56905
XR_113168	XR_113168	XR_113168		NA
NM_004169	NM_004169	NM_004169	Hs.513987	6470
NR_027270	NR_027270	NR_027270		NA
NM_003609	NM_003609	NM_003609	Hs.592046	8479
NM_138575	NM_138575	NM_138575	Hs.102558	192111
NM_001412	NM_001412	NM_001412	Hs.522590	1964
NR_026772	NR_026772	NR_026772	Hs.159352	26138
NM_015343	NM_015343	NM_015343	Hs.513913	23399
NM_002653	NM_002653	NM_002653	Hs.84136	5307
TCONS_00012215				NA
NR_024399	NR_024399	NR_024399	Hs.499548	197187
TCONS_00022559				NA
NM_020914	NM_020914	NM_020914	Hs.671470	NA
TCONS_00014242				NA
THC2750096				NA
BC030764		BC030764	Hs.469287	NA
NM_015047	NM_015047	NM_015047	Hs.439200	23065
NM_172250	NM_172250	NM_172250	Hs.452864	166785
NM_022156	NM_022156	NM_022156	Hs.514599	64118
NM_006086	NM_006086	NM_006086	Hs.511743	10381
NM_152606	NM_152606	NM_152606	Hs.728927	163255
NM_201626	NM_201626	NM_201626	Hs.480597	23032
NM_016395	NM_016395	NM_016395	Hs.512973	51495
NM_181699	NM_181699	NM_181699	Hs.584790	5519
NM_001040057	NM_001040057	NM_001040057	Hs.489105	257415

NM_001024662	NM_001024662	NM_001024662	Hs.546283	6128
NM_001009924	NM_001009924	NM_001009924	Hs.472024	29058
NM_020233	NM_020233	NM_020233	Hs.47668	56985
XR_110228	XR_110228	XR_110228		NA
NM_001002878	NM_001002878	NM_001002878	Hs.75361	8563
NM_001605	NM_001605	NM_001605	Hs.315137	16
ENST00000367368				84918
NM_014247	NM_014247	NM_014247	Hs.113912	9693
NM_001017971	NM_001017971	NM_001017971	Hs.364045	92270
NM_020315	NM_020315	NM_020315	Hs.632762	57026
NR_002819	NR_002819	NR_002819	Hs.621695	NA
AK055570		AK055570	Hs.549667	NA
NM_198560	NM_198560	NM_198560	Hs.56782	375323
NM_022373	NM_022373	NM_022373	Hs.729113	64224
NM_012276	NM_012276	NM_012276	Hs.406708	23547
NM_138705	NM_138705	NM_138705	Hs.85902	163688
NM_017867	NM_017867	NM_017867	Hs.406756	54969
NM_000421	NM_000421	NM_000421	Hs.99936	3858
NM_138433	NM_138433	NM_138433	Hs.137007	113730
NM_002947	NM_002947	NM_002947	Hs.487540	6119
NM_182501	NM_182501	NM_182501	Hs.159556	130916
NM_001823	NM_001823	NM_001823	Hs.173724	1152
NM_003177	NM_003177	NM_003177	Hs.371720	6850
NM_001142587	NM_001142587	NM_001142587	Hs.713051	4802
NM_001025200	NM_001025200	NM_001025200	Hs.632211	440387
XR_110904	XR_110904	XR_110904		NA
NM_001033667	NM_001033667	NM_001033667	Hs.403857	4063
ENST00000266182				NA
NM_005977	NM_005977	NM_005977	Hs.136885	6049
TCONS_00004035				NA
NM_006864	NM_006864	NM_006864	Hs.631592	11025
NM_032704	NM_032704	NM_032704	Hs.652390	84790
THC2591311				NA
NM_021925	NM_021925	NM_021925	Hs.187823	60526
ENST00000367203		BC040649		9580
ENST00000423963		BG189643	Hs.615709	NA
NM_012307	NM_012307	NM_012307	Hs.213394	23136
AL043142		AL043142	Hs.595878	317730
NM_001013646	NM_001013646	NM_001013646	Hs.287759	388799
ENST00000425802				NA
NM_005892	NM_005892	NM_005892	Hs.100217	752
NM_006793	NM_006793	NM_006793	Hs.523302	10935
THC2670760				NA
NM_018002	NM_018002	NM_018002	Hs.730351	NA

NM_001925	NM_001925	NM_001925	Hs.591391	1669
ENST00000323433		BC029857	Hs.585745	92017
NM_005451	NM_005451	NM_005451	Hs.533040	9260
NM_004050	NM_004050	NM_004050	Hs.410026	599
NM_005188	NM_005188	NM_005188	Hs.504096	867
NM_030906	NM_030906	NM_030906	Hs.501833	65975
NM_002804	NM_002804	NM_002804	Hs.250758	5702
NM_001042493	NM_001042493	NM_001042493	Hs.70769	57150
				NA
BC137009		BC137009	Hs.108106	NA
NM_052863	NM_052863	NM_052863	Hs.62492	92304
NM_032452	NM_032452	NM_032452	Hs.597841	84502
NM_021975	NM_021975	NM_021975	Hs.502875	5970
NM_024308	NM_024308	NM_024308	Hs.462859	79154
NM_019101	NM_019101	NM_019101	Hs.534468	55937
NM_058181	NM_058181	NM_058181	Hs.474066	54059
ENST00000513211		CX756508	Hs.575118	NA
NM_001080480	NM_001080480	NM_001080480	Hs.377830	154141
ENST00000390301		DQ098690	Hs.474325	NA
TCONS_00007086				NA
				NA
NM_006323	NM_006323	NM_006323	Hs.292472	10427
NM_004071	NM_004071	NM_004071	Hs.433732	1195
				NA
NM_001025231	NM_001025231	NM_001025231	Hs.149386	448834
THC2785820				NA
NM_005734	NM_005734	NM_005734	Hs.201918	10114
				NA
NM_033445	NM_033445	NM_033445	Hs.26331	92815
NM_018181	NM_018181	NM_018181	Hs.529023	NA
NM_052971	NM_052971	NM_052971	Hs.337588	116842
NM_016032	NM_016032	NM_016032	Hs.193566	51114
TCONS_I2_00005546				NA
NM_080746	NM_080746	NM_080746	Hs.308332	140801
NM_001032288	NM_001032288	NM_001032288	Hs.420529	7335
				NA
NR_033873	NR_033873	NR_033873	Hs.503210	400955
NM_152559	NM_152559	NM_152559	Hs.647042	155368
NM_003389	NM_003389	NM_003389	Hs.113094	7464
ENST00000430825				NA
NM_002634	NM_002634	NM_002634	Hs.514303	5245
ENST00000556386	XR_110242	XR_110242	Hs.633538	NA
XR_112375	XR_112375	XR_112375	Hs.656660	NA
ENST00000379110		AK131558	Hs.512681	NA

				NA
NR_034182	NR_034182	NR_034182	Hs.659751	100129196
NM_001110792	NM_001110792	NM_001110792	Hs.200716	4204
NM_015155	NM_015155	NM_015155	Hs.631814	23185
ENST00000449819	XR_109883	XR_109883	Hs.116176	NA
NM_015208	NM_015208	NM_015208	Hs.464585	23253
NM_181705	NM_181705	NM_181705	Hs.115467	90624
NR_024497	NR_024497	NR_024497	Hs.568279	399744
NM_000256	NM_000256	NM_000256	Hs.524906	4607
ENST00000428474		AK125001	Hs.580074	NA
NM_023068	NM_023068	NM_023068	Hs.31869	6614
TCONS_I2_00008499				NA
NM_001040619	NM_001040619	NM_001040619	Hs.460	467
NM_145115	NM_145115	NM_145115	Hs.446297	221785
NM_003227	NM_003227	NM_003227	Hs.544932	7036
NM_001243195	NM_001243195	NM_001243195	Hs.369755	22876
ENST00000393393		AB029084	Hs.66	9173
NM_017975	NM_017975	NM_017975	Hs.21331	55055
NM_015655	NM_015655	NM_015655	Hs.661684	26152
ENST00000380381				6194
NM_001163438	NM_001163438	NM_001163438	Hs.42239	644538
NM_001316	NM_001316	NM_001316	Hs.90073	1434
NR_027898	NR_027898	NR_027898	Hs.170475	NA
NM_022458	NM_022458	NM_022458	Hs.209989	64327
NM_022831	NM_022831	NM_022831	Hs.534965	64853
NM_176889	NM_176889	NM_176889	Hs.686384	259295
BC041468		BC041468	Hs.434746	339988
NM_000254	NM_000254	NM_000254	Hs.498187	4548
ENST00000432195		CR992331	Hs.704021	NA
NM_207315	NM_207315	NM_207315	Hs.7155	129607
TCONS_00022517				NA
NM_002154	NM_002154	NM_002154	Hs.90093	3308
ENST00000397064				NA
NM_030789	NM_030789	NM_030789	Hs.373741	81502
NM_014707	NM_014707	NM_014707	Hs.196054	9734
NM_001130686	NM_001130686	NM_001130686	Hs.24258	2982
ENST00000432230		CR614803	Hs.561040	NA
NM_001553	NM_001553	NM_001553	Hs.479808	3490
ENST00000412655				NA
NM_152698	NM_152698	NM_152698	Hs.369289	205147
NM_018590	NM_018590	NM_018590	Hs.657569	55454
AK126997		AK126997		100130430
NM_002991	NM_002991	NM_002991	Hs.247838	6369
NM_014763	NM_014763	NM_014763	Hs.44024	9801

NM_016491	NM_016491	NM_016491	Hs.584908	51253
NM_001030055	NM_001030055	NM_001030055	Hs.592313	394
NM_001015050	NM_001015050	NM_001015050	Hs.591299	200810
NM_005195	NM_005195	NM_005195	Hs.440829	1052
NM_001193636	NM_001193636	NM_001193636	Hs.528385	317749
NM_000574	NM_000574	NM_000574	Hs.126517	1604
NM_004913	NM_004913	NM_004913	Hs.164410	9605
NM_017949	NM_017949	NM_017949	Hs.46679	404093
THC2674224				NA
AK128708		AK128708	Hs.641142	440918
NM_018048	NM_018048	NM_018048	Hs.104650	55110
NM_007137	NM_007137	NM_007137	Hs.114246	347344
NM_153186	NM_153186	NM_153186	Hs.306764	23189
NM_014675	NM_014675	NM_014675	Hs.631865	NA
NM_016143	NM_016143	NM_016143	Hs.12865	55968
NM_080912	NM_080912	NM_080912	Hs.654440	433
NM_001014443	NM_001014443	NM_001014443	Hs.8015	27005
NM_001517	NM_001517	NM_001517	Hs.485070	2968
ENST00000377803		BC130558	Hs.46423	NA
NM_001040445	NM_001040445	NM_001040445	Hs.516788	51665
NM_001005354	NM_001005354	NM_001005354	Hs.426359	54458
NM_001146340	NM_001146340	NM_001146340	Hs.712041	390010
NP100974				NA
NM_052932	NM_052932	NM_052932	Hs.503709	114908
NM_182527	NM_182527	NM_182527	Hs.643608	164633
NM_012197	NM_012197	NM_012197	Hs.271341	23637
NM_003975	NM_003975	NM_003975	Hs.103527	9047
THC2553854				NA
NM_138740	NM_138740	NM_138740	Hs.287471	25912
ENST00000375948				79670
NM_000119	NM_000119	NM_000119	Hs.368642	2038
NM_002520	NM_002520	NM_002520	Hs.557550	4869
NM_020999	NM_020999	NM_020999	Hs.532682	50674
XM_001716361	XM_001716361	XM_001716361	Hs.188007	NA
NM_016304	NM_016304	NM_016304	Hs.274772	51187
NM_203284	NM_203284	NM_203284	Hs.479396	3516
NM_004108	NM_004108	NM_004108	Hs.54517	2220
AK128451		AK128451	Hs.199368	100134237
ENST00000419105		BM718701	Hs.635722	NA
NM_004412	NM_004412	NM_004412	Hs.351665	1787
TCONS_I2_00008417				NA
NM_182751	NM_182751	NM_182751	Hs.198363	55388
NR_033754	NR_033754	NR_033754	Hs.712861	645158
NM_006325	NM_006325	NM_006325	Hs.10842	5901

NM_001078177	NM_001078177	NM_001078177	Hs.25450	2030
NM_032869	NM_032869	NM_032869	Hs.380291	84955
NR_015363	NR_015363	NR_015363	Hs.721511	389741
AK124918		AK124918	Hs.625990	NA
TCONS_00008035				NA
NM_001003940	NM_001003940	NM_001003940	Hs.591104	90427
NM_001626	NM_001626	NM_001626	Hs.631535	208
BC035191		BC035191	Hs.714205	NA
NM_001244438	NM_001244438	NM_001244438	Hs.440934	383
NR_026656	NR_026656	NR_026656	Hs.19193	NA
NM_020202	NM_020202	NM_020202	Hs.439152	56954
NM_201274	NM_201274	NM_201274	Hs.513971	NA
THC2555910				NA
ENST00000478553		BC110385	Hs.631504	9770
NM_005072	NM_005072	NM_005072	Hs.10094	6560
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.434890	NA
ENST00000449463				NA
ENST00000382477				255057
NR_037883	NR_037883	NR_037883	Hs.437281	NA
NM_018139	NM_018139	NM_018139	Hs.231761	55172
NM_006340	NM_006340	NM_006340	Hs.128316	10458
NM_012215	NM_012215	NM_012215	Hs.500842	10724
NR_024563	NR_024563	NR_024563		100130238
TCONS_00013374				NA
TCONS_I2_00019181				NA
NM_173465	NM_173465	NM_173465	Hs.660026	91522
ENST00000439157				NA
TCONS_I2_00024643				NA
NM_015931	NM_015931	NM_015931	Hs.561182	51066
NM_181789	NM_181789	NM_181789	Hs.526441	342035
NM_017836	NM_017836	NM_017836	Hs.573007	54946
NM_144636	NM_144636	NM_144636	Hs.517815	131474
NM_021615	NM_021615	NM_021615	Hs.655622	4166
NM_001609	NM_001609	NM_001609	Hs.81934	36
NM_003338	NM_003338	NM_003338	Hs.129683	7321
NM_001008219	NM_001008219	NM_001008219	Hs.655232	278
NM_015339	NM_015339	NM_015339	Hs.570355	23394
NM_152513	NM_152513	NM_152513	Hs.116419	150365
NM_170677	NM_170677	NM_170677	Hs.510989	4212
THC2608358				NA
NM_024641	NM_024641	NM_024641	Hs.730770	79694
NM_152421	NM_152421	NM_152421	Hs.495480	138311
NM_152290	NM_152290	NM_152290	Hs.98095	93190
NM_018098	NM_018098	NM_018098	Hs.518299	1894

NM_013342	NM_013342	NM_013342	Hs.590939	29844
NM_001919	NM_001919	NM_001919	Hs.403436	1632
NM_024888	NM_024888	NM_024888	Hs.546439	79948
				NA
				NA
NM_205836	NM_205836	NM_205836	Hs.483772	81545
NM_001013703	NM_001013703	NM_001013703	Hs.656673	440275
NM_024713	NM_024713	NM_024713	Hs.633566	79768
NR_026885	NR_026885	NR_026885	Hs.598768	100270804
NM_000139	NM_000139	NM_000139	Hs.386748	2206
NM_152463	NM_152463	NM_152463	Hs.514330	146956
NM_145238	NM_145238	NM_145238	Hs.442705	7579
THC2638856				NA
ENST00000537616		BC040884	Hs.686934	NA
NR_002734	NR_002734	NR_002734	Hs.647156	26255
NM_144994	NM_144994	NM_144994	Hs.643430	200539
ENST00000374189		AB074280	Hs.522924	5599
NM_032437	NM_032437	NM_032437	Hs.652324	84455
NM_000963	NM_000963	NM_000963	Hs.196384	5743
TCONS_I2_00000881				NA
NR_033990	NR_033990	NR_033990	Hs.514487	100129138
				NA
NM_001007072	NM_001007072	NM_001007072	Hs.728945	54993
NM_006187	NM_006187	NM_006187	Hs.528634	4940
BC141802		BC141802	Hs.7155	129607
THC2591158				NA
AK309764		AK309764	Hs.264208	112942
NM_001177317	NM_001177317	NM_001177317	Hs.432442	142680
NM_006337	NM_006337	NM_006337	Hs.25313	10445
NM_144772	NM_144772	NM_144772	Hs.528320	128240
NM_002295	NM_002295	NM_002295	Hs.449909	3921
ENST00000476050		AK126139	Hs.147434	80342
NM_004408	NM_004408	NM_004408	Hs.522413	1759
NM_005246	NM_005246	NM_005246	Hs.221472	2241
NM_016308	NM_016308	NM_016308	Hs.11463	51727
NM_020923	NM_020923	NM_020923	Hs.110489	57683
NM_001424	NM_001424	NM_001424	Hs.531561	2013
NR_038361	NR_038361	NR_038361		NA
NM_001200001	NM_001200001	NM_001200001	Hs.487360	4853
THC2645076				NA
NM_030752	NM_030752	NM_030752	Hs.363137	6950
NR_003111	NR_003111	NR_003111		NA
NM_025234	NM_025234	NM_025234	Hs.513055	80349
NM_006814	NM_006814	NM_006814	Hs.471917	9491

AK098115		AK098115	Hs.675255	8241
AK127184		AK127184	Hs.640143	100131129
NM_004354	NM_004354	NM_004354	Hs.13291	901
NM_001159293	NM_001159293	NM_001159293	Hs.515696	100129842
BM981407		BM981407	Hs.535032	NA
THC2681754				NA
NM_002065	NM_002065	NM_002065	Hs.518525	2752
NM_004429	NM_004429	NM_004429	Hs.144700	1947
NM_004705	NM_004705	NM_004705	Hs.503315	5612
ENST00000511000	XR_108594	XR_108594	Hs.729043	NA
TCONS_00023566				NA
DQ786249		DQ786249	Hs.664672	NA
ENST00000507296				NA
BC021182		BC021182		NA
NM_012455	NM_012455	NM_012455	Hs.516306	23550
NM_021255	NM_021255	NM_021255	Hs.657926	57161
ENST00000442865				NA
				NA
NM_025077	NM_025077	NM_025077	Hs.525091	114034
THC2653071				NA
NM_014747	NM_014747	NM_014747	Hs.654808	9783
NM_201269	NM_201269	NM_201269	Hs.173001	84146
TCONS_00023629				NA
ENST00000557659				10175
NM_052905	NM_052905	NM_052905	Hs.654630	114793
THC2520792				NA
NM_014284	NM_014284	NM_014284	Hs.121870	23154
NM_001042635	NM_001042635	NM_001042635	Hs.9043	25983
NM_006816	NM_006816	NM_006816	Hs.75864	10960
ENST00000463391				158219
NM_020820	NM_020820	NM_020820	Hs.153310	57580
NM_013451	NM_013451	NM_013451	Hs.602086	26509
NM_023936	NM_023936	NM_023936	Hs.720388	65993
NM_181471	NM_181471	NM_181471	Hs.647062	5982
NR_003138	NR_003138	NR_003138	Hs.448753	283596
NM_006007	NM_006007	NM_006007	Hs.406096	7763
TCONS_I2_00000849				NA
ENST00000338435		AF097492	Hs.116448	2744
NM_001039582	NM_001039582	NM_001039582	Hs.436667	139728
AK127527		AK127527	Hs.640129	100130587
NM_015149	NM_015149	NM_015149	Hs.497148	23179
NM_032995	NM_032995	NM_032995	Hs.469935	50649
NM_006998	NM_006998	NM_006998	Hs.116428	10590
TCONS_I2_00030169				NA

NM_021648	NM_021648	NM_021648	Hs.284141	23270
NM_022070	NM_022070	NM_022070	Hs.591183	63897
NM_173091	NM_173091	NM_173091	Hs.713650	4773
AL119424		AL119424	Hs.562353	NA
NM_013319	NM_013319	NM_013319	Hs.522933	29914
NM_001007125	NM_001007125	NM_001007125	Hs.570316	198437
NM_138281	NM_138281	NM_138281	Hs.591167	1748
NM_003159	NM_003159	NM_003159	Hs.659851	6792
NM_001172086	NM_001172086	NM_001172086	Hs.437966	5828
ENST00000532821		AY010113	Hs.445846	NA
NM_005780	NM_005780	NM_005780	Hs.507798	10186
NM_001064	NM_001064	NM_001064	Hs.89643	7086
NM_032038	NM_032038	NM_032038	Hs.617449	83985
AK092531		AK092531	Hs.638992	NA
NM_006586	NM_006586	NM_006586	Hs.414099	10695
NM_001239	NM_001239	NM_001239	Hs.292524	902
NM_001007467	NM_001007467	NM_001007467	Hs.62209	9814
NM_003878	NM_003878	NM_003878	Hs.78619	8836
TCONS_I2_00021455				NA
NM_001017373	NM_001017373	NM_001017373	Hs.440508	154075
THC2677895				NA
NM_003135	NM_003135	NM_003135	Hs.637001	6728
				NA
NM_004280	NM_004280	NM_004280	Hs.726163	9521
NM_014908	NM_014908	NM_014908	Hs.531563	22845
NM_004598	NM_004598	NM_004598	Hs.596136	6695
NM_005788	NM_005788	NM_005788	Hs.152337	10196
TCONS_00010838				NA
NM_005671	NM_005671	NM_005671	Hs.153678	7993
NM_145235	NM_145235	NM_145235	Hs.352591	92565
NM_005499	NM_005499	NM_005499	Hs.631580	10054
NM_001039140	NM_001039140	NM_001039140	Hs.274422	54976
BX538250		BX538250	Hs.513091	NA
				NA
NM_015134	NM_015134	NM_015134	Hs.462341	23164
AK094188		AK094188	Hs.565253	148189
NM_006007	NM_006007	NM_006007	Hs.406096	7763
TCONS_00025629				NA
NM_001009936	NM_001009936	NM_001009936	Hs.460124	26147
NM_015633	NM_015633	NM_015633	Hs.591162	26127
NM_080387	NM_080387	NM_080387	Hs.351811	338339
ENST00000388807		BC003517	Hs.489603	222255
XR_110080	XR_110080	XR_110080		NA
AK124538		AK124538	Hs.639447	100132874

NM_020362	NM_020362	NM_020362	Hs.31819	57095
NM_001242797	NM_001242797	NM_001242797	Hs.126280	79692
NM_032436	NM_032436	NM_032436	Hs.7542	283489
ENST00000479610		BI826287	Hs.581602	NA
NM_033082	NM_033082	NM_033082	Hs.505676	84324
NM_002199	NM_002199	NM_002199	Hs.654566	3660
NM_000221	NM_000221	NM_000221	Hs.567297	3795
ENST00000520259		AK024336	Hs.367827	NA
NM_000791	NM_000791	NM_000791	Hs.648635	1719
NM_002137	NM_002137	NM_002137	Hs.487774	3181
NM_014508	NM_014508	NM_014508	Hs.441124	27350
NM_015895	NM_015895	NM_015895	Hs.234896	51053
NM_020547	NM_020547	NM_020547	Hs.659889	269
AK123110		AK123110	Hs.594823	NA
NM_014569	NM_014569	NM_014569	Hs.110839	23660
BC039367		BC039367	Hs.637665	NA
AK226145		AK226145	Hs.474116	NA
XR_109654	XR_109654	XR_109654		100505683
NR_024158	NR_024158	NR_024158	Hs.719132	25845
NM_020918	NM_020918	NM_020918	Hs.42586	57678
NM_182931	NM_182931	NM_182931	Hs.592262	55904
NM_020133	NM_020133	NM_020133	Hs.353175	56895
NM_138412	NM_138412	NM_138412	Hs.327631	112724
NM_133493	NM_133493	NM_133493	Hs.399891	135228
NM_001123040	NM_001123040	NM_001123040	Hs.720727	646450
NR_034125	NR_034125	NR_034125	Hs.127394	NA
AK128830		AK128830	Hs.640061	100128703
NM_145207	NM_145207	NM_145207	Hs.709648	166378
NM_001042432	NM_001042432	NM_001042432	Hs.534667	1201
NM_001048226	NM_001048226	NM_001048226	Hs.730643	55861
NM_001137601	NM_001137601	NM_001137601	Hs.170853	100128927
NM_001087	NM_001087	NM_001087	Hs.83347	14
NM_014674	NM_014674	NM_014674	Hs.224616	9695
ENST00000371198		AK123423		387707
TCONS_I2_00028817				NA
TCONS_I2_00013034				NA
NR_027183	NR_027183	NR_027183	Hs.348292	NA
NM_006838	NM_006838	NM_006838	Hs.444986	10988
NM_025184	NM_025184	NM_025184	Hs.521953	80258
NM_182538	NM_182538	NM_182538	Hs.657543	201305
NM_000916	NM_000916	NM_000916	Hs.2820	5021
NM_172102	NM_172102	NM_172102	Hs.405667	926
XR_112726	XR_112726	XR_112726	Hs.697792	646719
NM_032087	NM_032087	NM_032087	Hs.368160	56108

NR_003524	NR_003524	NR_003524		729668
				NA
NM_032257	NM_032257	NM_032257	Hs.294009	84217
NM_001080554	NM_001080554	NM_001080554	Hs.240053	83445
NM_006088	NM_006088	NM_006088	Hs.433615	10383
NM_022338	NM_022338	NM_022338	Hs.303025	53838
DQ786249		DQ786249	Hs.664672	NA
NM_018244	NM_018244	NM_018244	Hs.726290	55245
NM_001010862	NM_001010862	NM_001010862	Hs.522672	169981
NM_144660	NM_144660	NM_144660	Hs.727615	142891
TCONS_00020966				NA
ENST00000490314		DB059001	Hs.590482	NA
NM_016657	NM_016657	NM_016657	Hs.730819	11015
AL119424		AL119424	Hs.562353	NA
AK130802		AK130802	Hs.689295	NA
NM_001130823	NM_001130823	NM_001130823	Hs.202672	1786
NM_003367	NM_003367	NM_003367	Hs.454534	7392
HQ013231		HQ013231	Hs.721992	NA
AK095012		AK095012	Hs.683861	100130456
NM_021238	NM_021238	NM_021238	Hs.505154	58516
NM_000199	NM_000199	NM_000199	Hs.31074	6448
NM_017423	NM_017423	NM_017423	Hs.548088	51809
ENST00000252593		AK291099	Hs.118110	684
TCONS_00006620				NA
NM_016108	NM_016108	NM_016108	Hs.567501	51390
NR_026903	NR_026903	NR_026903	Hs.396447	NA
NR_003242	NR_003242	NR_003242	Hs.657186	767846
THC2600290				NA
ENST00000424948				NA
NM_004307	NM_004307	NM_004307	Hs.479602	323
NR_024606	NR_024606	NR_024606	Hs.516124	151534
ENST00000409396				440585
NM_022839	NM_022839	NM_022839	Hs.111286	64963
NM_032098	NM_032098	NM_032098	Hs.368160	8641
NM_007365	NM_007365	NM_007365	Hs.33455	11240
NM_005008	NM_005008	NM_005008	Hs.182255	4809
NM_001025195	NM_001025195	NM_001025195	Hs.558865	1066
NM_021935	NM_021935	NM_021935	Hs.528665	60675
ENST00000343123		BC020552		NA
				NA
				NA
NM_001079528	NM_001079528	NM_001079528	Hs.442182	368
NM_018248	NM_018248	NM_018248	Hs.405467	55247
NM_006267	NM_006267	NM_006267	Hs.199561	5903

				NA
ENST00000440689	XR_110487	XR_110487	Hs.659047	NA
NR_040050	NR_040050	NR_040050	Hs.637098	NA
NM_005452	NM_005452	NM_005452	Hs.520063	9277
NM_003617	NM_003617	NM_003617	Hs.24950	8490
NM_013441	NM_013441	NM_013441	Hs.656799	11123
NR_036530	NR_036530	NR_036530	Hs.552095	NA
NM_198458	NM_198458	NM_198458	Hs.447840	162968
NM_023037	NM_023037	NM_023037	Hs.507669	10129
NM_006315	NM_006315	NM_006315	Hs.144309	10336
NM_018083	NM_018083	NM_018083	Hs.133475	140467
XR_132899	XR_132899	XR_132899		NA
NM_001172684	NM_001172684	NM_001172684	Hs.348342	60677
NM_004913	NM_004913	NM_004913	Hs.164410	9605
NM_001032278	NM_001032278	NM_001032278	Hs.380710	79148
TCONS_00001034				NA
NM_206818	NM_206818	NM_206818	Hs.347655	126014
NM_198077	NM_198077	NM_198077	Hs.26226	148423
NM_001031623	NM_001031623	NM_001031623	Hs.485628	26036
NM_018359	NM_018359	NM_018359	Hs.713548	55325
THC2648133				NA
NM_001161779	NM_001161779	NM_001161779	Hs.22265	54704
NM_017702	NM_017702	NM_017702	Hs.62771	54849
				NA
NM_003561	NM_003561	NM_003561	Hs.567366	8399
AK124173		AK124173	Hs.729388	100130476
NM_024318	NM_024318	NM_024318	Hs.688335	79168
NM_031938	NM_031938	NM_031938	Hs.728325	83875
NM_018066	NM_018066	NM_018066	Hs.14333	54707
NM_003080	NM_003080	NM_003080	Hs.55235	6610
NM_001014	NM_001014	NM_001014	Hs.645317	6204
TCONS_00017112				NA
NM_018195	NM_018195	NM_018195	Hs.195060	55216
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NM_138419	NM_138419	NM_138419	Hs.121536	113115
ENST00000375713				NA
NM_004487	NM_004487	NM_004487	Hs.213389	2804
NM_022763	NM_022763	NM_022763	Hs.159430	64778
NM_001031	NM_001031	NM_001031	Hs.728794	6234
NM_199425	NM_199425	NM_199425	Hs.274264	30813
NM_000579	NM_000579	NM_000579	Hs.450802	1234
NM_016113	NM_016113	NM_016113	Hs.279746	51393
NM_003273	NM_003273	NM_003273	Hs.31130	7108
NM_013446	NM_013446	NM_013446	Hs.728819	23608

NM_145738	NM_145738	NM_145738	Hs.216226	9145
NM_001032296	NM_001032296	NM_001032296	Hs.508514	8428
NR_024438	NR_024438	NR_024438	Hs.721681	648740
NM_017842	NM_017842	NM_017842	Hs.438867	55652
THC2719594				NA
NM_174902	NM_174902	NM_174902	Hs.636203	143458
NM_002945	NM_002945	NM_002945	Hs.461925	6117
TCONS_00016656				NA
TCONS_00007118				NA
NM_024940	NM_024940	NM_024940	Hs.195403	80005
NM_130443	NM_130443	NM_130443	Hs.502914	10072
NM_144726	NM_144726	NM_144726	Hs.729363	153830
NM_024623	NM_024623	NM_024623	Hs.524817	79676
NR_003194	NR_003194	NR_003194	Hs.709551	NA
NM_001011724	NM_001011724	NM_001011724	Hs.447506	144983
AK125522		AK125522		9114
NM_022803	NM_022803	NM_022803	Hs.101337	7352
ENST00000494591		BC070327	Hs.655145	NA
NM_006223	NM_006223	NM_006223	Hs.655623	5303
NM_018456	NM_018456	NM_018456	Hs.477325	55840
NM_030788	NM_030788	NM_030788	Hs.652230	81501
AK057884		AK057884	Hs.507948	NA
NM_018191	NM_018191	NM_018191	Hs.508021	55213
NM_006495	NM_006495	NM_006495	Hs.5509	2124
NR_033972	NR_033972	NR_033972	Hs.677541	NA
TCONS_00022504				NA
NM_025015	NM_025015	NM_025015	Hs.648448	259217
NR_027420	NR_027420	NR_027420	Hs.720653	389834
NM_198236	NM_198236	NM_198236	Hs.516954	9826
ENST00000449105				92906
NM_194278	NM_194278	NM_194278	Hs.594157	91748
NM_017444	NM_017444	NM_017444	Hs.279704	54108
				NA
NM_022164	NM_022164	NM_022164	Hs.199368	64129
NM_018441	NM_018441	NM_018441	Hs.281680	55825
NM_000285	NM_000285	NM_000285	Hs.36473	5184
NM_181720	NM_181720	NM_181720	Hs.389374	257106
NM_033178	NM_033178	NM_033178	Hs.553518	22947
NM_001012732	NM_001012732	NM_001012732	Hs.183850	1635
NM_175886	NM_175886	NM_175886	Hs.169284	221823
NM_014855	NM_014855	NM_014855	Hs.558440	9907
NM_003122	NM_003122	NM_003122	Hs.407856	6690
BC128161		BC128161	Hs.719557	144766
TCONS_I2_00028630				NA

NM_007260	NM_007260	NM_007260	Hs.533479	11313
NM_002748	NM_002748	NM_002748	Hs.411847	5597
NM_152683	NM_152683	NM_152683	Hs.481307	201973
NM_003757	NM_003757	NM_003757	Hs.530096	8668
NM_030791	NM_030791	NM_030791	Hs.24678	81537
ENST00000538008		DB097934	Hs.135774	NA
NM_145352	NM_145352	NM_145352	Hs.647430	8578
NM_170744	NM_170744	NM_170744	Hs.522997	219699
NM_032012	NM_032012	NM_032012	Hs.308074	23731
NM_018340	NM_018340	NM_018340	Hs.460002	55313
NM_006389	NM_006389	NM_006389	Hs.277704	10525
NM_000152	NM_000152	NM_000152	Hs.1437	2548
NM_018683	NM_018683	NM_018683	Hs.144949	55905
NM_014695	NM_014695	NM_014695	Hs.721149	9720
NM_019012	NM_019012	NM_019012	Hs.188614	54477
NM_001012421	NM_001012421	NM_001012421	Hs.722199	NA
AK226145		AK226145	Hs.474116	NA
NM_016172	NM_016172	NM_016172	Hs.9194	10422
NM_031219	NM_031219	NM_031219	Hs.7739	81932
NR_002314	NR_002314	NR_002314	Hs.722531	163742
NM_018136	NM_018136	NM_018136	Hs.121028	259266
BC036859		BC036859	Hs.679453	NA
NM_001012426	NM_001012426	NM_001012426	Hs.131436	116113
THC2546670				NA
XR_132718	XR_132718	XR_132718		NA
NR_003223	NR_003223	NR_003223		NA
NM_014739	NM_014739	NM_014739	Hs.486542	9774
NM_030639	NM_030639	NM_030639	Hs.4276	80823
				NA
NM_003358	NM_003358	NM_003358	Hs.304249	7357
NM_033631	NM_033631	NM_033631	Hs.257900	7798
NM_023037	NM_023037	NM_023037	Hs.507669	10129
NM_001233	NM_001233	NM_001233	Hs.212332	858
NM_021129	NM_021129	NM_021129		NA
NM_198275	NM_198275	NM_198275	Hs.15396	196264
NM_001174097	NM_001174097	NM_001174097	Hs.446149	3945
TCONS_I2_00021481				NA
NM_178517	NM_178517	NM_178517	Hs.378885	284098
XR_109071	XR_109071	XR_109071	Hs.711081	171391
TCONS_00006158				NA
AK090448		AK090448	Hs.631550	NA
NM_006677	NM_006677	NM_006677	Hs.255596	10869
NM_198951	NM_198951	NM_198951	Hs.517033	7052
NM_001199873	NM_001199873	NM_001199873	Hs.321231	8703

NM_022149	NM_022149	NM_022149	Hs.306123	64110
NM_002759	NM_002759	NM_002759	Hs.131431	5610
NM_017679	NM_017679	NM_017679	Hs.655028	54828
TCONS_00014246				NA
NM_022895	NM_022895	NM_022895	Hs.528671	64897
THC2686626				NA
NM_033238	NM_033238	NM_033238	Hs.526464	5371
NM_001172574	NM_001172574	NM_001172574	Hs.656769	NA
ENST00000484786	XM_002342327	XM_002342327	Hs.662154	NA
NM_005935	NM_005935	NM_005935	Hs.480190	4299
ENST00000521696				NA
NM_001001484	NM_001001484	NM_001001484	Hs.444321	9317
ENST00000407600		AK093253	Hs.375092	NA
NM_001067	NM_001067	NM_001067	Hs.156346	7153
				NA
NR_038383	NR_038383	NR_038383	Hs.129589	NA
BC032795		BC032795	Hs.535775	NA
NM_022372	NM_022372	NM_022372	Hs.29203	64223
NM_014241	NM_014241	NM_014241	Hs.114062	9200
NM_018189	NM_018189	NM_018189	Hs.317659	55211
TCONS_I2_00008964				NA
NM_014498	NM_014498	NM_014498	Hs.143600	27333
NR_015433	NR_015433	NR_015433	Hs.6815	NA
NM_020399	NM_020399	NM_020399	Hs.191539	57120
NM_170692	NM_170692	NM_170692	Hs.496139	9462
NM_014868	NM_014868	NM_014868	Hs.442798	9921
ENST00000394607		AK026192	Hs.17519	79071
NR_003242	NR_003242	NR_003242	Hs.632440	767846
AK057085		AK057085	Hs.41423	NA
NM_000831	NM_000831	NM_000831	Hs.128848	2899
NM_001193272	NM_001193272	NM_001193272	Hs.519230	5929
				NA
NM_024955	NM_024955	NM_024955	Hs.387601	80020
NM_002764	NM_002764	NM_002764	Hs.56	5631
NP105946				NA
NR_003491	NR_003491	NR_003491	Hs.715106	NA
TCONS_00001367				NA
NM_144635	NM_144635	NM_144635	Hs.591307	131408
NM_017763	NM_017763	NM_017763	Hs.584916	54894
NM_002462	NM_002462	NM_002462	Hs.517307	4599
NM_006038	NM_006038	NM_006038	Hs.48513	9825
NM_001020	NM_001020	NM_001020	Hs.397609	6217
ENST00000383765		AJ786388	Hs.82028	7048
NM_032597	NM_032597	NM_032597	Hs.709736	84689

NR_045000	NR_045000	NR_045000		399746
NM_022551	NM_022551	NM_022551	Hs.627414	6222
NR_003287	NR_003287	NR_003287	Hs.694534	100008589
AY129027		AY129027	Hs.609301	NA
NM_017877	NM_017877	NM_017877	Hs.516034	54978
NR_027420	NR_027420	NR_027420	Hs.720653	389834
NM_001136001	NM_001136001	NM_001136001	Hs.159472	27
NM_015114	NM_015114	NM_015114	Hs.654628	23141
NM_006591	NM_006591	NM_006591	Hs.82502	10714
THC2686826				NA
NM_006331	NM_006331	NM_006331	Hs.558447	10436
XR_110526	XR_110526	XR_110526	Hs.303653	84796
AK095025		AK095025	Hs.432364	375748
NM_001273	NM_001273	NM_001273	Hs.162233	1108
NM_002758	NM_002758	NM_002758	Hs.463978	5608
NM_002482	NM_002482	NM_002482		NA
NM_001410	NM_001410	NM_001410	Hs.132483	1954
NM_014251	NM_014251	NM_014251	Hs.489190	10165
NM_138446	NM_138446	NM_138446	Hs.87385	115416
NM_080861	NM_080861	NM_080861	Hs.592080	90864
NM_001703	NM_001703	NM_001703	Hs.524138	576
NM_018645	NM_018645	NM_018645	Hs.42949	55502
NR_015439	NR_015439	NR_015439	Hs.479879	NA
NM_003747	NM_003747	NM_003747	Hs.370267	8658
NM_001303	NM_001303	NM_001303	Hs.462278	1352
				NA
THC2513598				NA
AK090765		AK090765		NA
ENST00000373844				11064
NM_006243	NM_006243	NM_006243	Hs.497684	5525
TCONS_00020512				NA
NM_004086	NM_004086	NM_004086	Hs.21016	1690
NM_138348	NM_138348	NM_138348	Hs.406335	90268
				NA
BC092509		BC092509		NA
AK054946		AK054946	Hs.661564	100129447
TCONS_00016214				NA
				NA
NM_006876	NM_006876	NM_006876	Hs.8526	11041
NM_001080826	NM_001080826	NM_001080826	Hs.657673	157285
NM_207366	NM_207366	NM_207366	Hs.584736	NA
NM_001074	NM_001074	NM_001074	Hs.654424	7364
				NA
NM_012089	NM_012089	NM_012089	Hs.17614	23456

ENST00000414071				NA
NM_015360	NM_015360	NM_015360	Hs.274531	23517
NM_001916	NM_001916	NM_001916	Hs.289271	1537
AK124996		AK124996	Hs.707548	NA
NM_016310	NM_016310	NM_016310	Hs.632223	51728
NM_020943	NM_020943	NM_020943	Hs.311363	57703
NR_027033	NR_027033	NR_027033	Hs.235838	400931
NM_001039374	NM_001039374	NM_001039374	Hs.728796	84960
NM_000226	NM_000226	NM_000226	Hs.654569	3857
ENST00000480549		AK056459	Hs.524496	79729
NM_013939	NM_013939	NM_013939	Hs.247694	26538
NM_001011713	NM_001011713	NM_001011713	Hs.165465	122830
NM_033550	NM_033550	NM_033550	Hs.440263	112858
NM_024546	NM_024546	NM_024546	Hs.567576	79596
NM_032509	NM_032509	NM_032509	Hs.583805	84549
TCONS_00004060				NA
NM_198479	NM_198479	NM_198479	Hs.629812	284355
NM_004215	NM_004215	NM_004215	Hs.409368	9166
NM_194314	NM_194314	NM_194314	Hs.529439	360023
ENST00000457976	XR_108975	XR_108975		NA
BX116740		BX116740	Hs.409619	NA
NM_016462	NM_016462	NM_016462	Hs.519557	51522
NM_016176	NM_016176	NM_016176	Hs.42806	51150
				NA
NM_012138	NM_012138	NM_012138	Hs.195740	26574
ENST00000469806				NA
NM_012079	NM_012079	NM_012079	Hs.521954	8694
NM_199165	NM_199165	NM_199165	Hs.592327	122622
THC2520829				NA
NR_003230	NR_003230	NR_003230		NA
NM_014351	NM_014351	NM_014351	Hs.189810	25830
NM_001681	NM_001681	NM_001681	Hs.506759	488
NM_018376	NM_018376	NM_018376	Hs.429294	55335
NM_001122838	NM_001122838	NM_001122838	Hs.324271	222236
NM_003992	NM_003992	NM_003992	Hs.584748	1198
ENST00000380424		AK000627	Hs.249591	55667
NR_033844	NR_033844	NR_033844	Hs.97386	NA
NM_003592	NM_003592	NM_003592	Hs.146806	8454
TCONS_00005950				NA
NM_001079670	NM_001079670	NM_001079670	Hs.87159	81617
NM_006947	NM_006947	NM_006947	Hs.237825	6731
ENST00000377525	XM_001719283	XM_001719283	Hs.567050	NA
NM_002542	NM_002542	NM_002542	Hs.380271	4968
NM_003113	NM_003113	NM_003113	Hs.369056	6672

NM_014206	NM_014206	NM_014206	Hs.437779	746
XR_112611	XR_112611	XR_112611		NA
AK023394		AK023394	Hs.600342	NA
XR_132616	XR_132616	XR_132616	Hs.610421	NA
NM_016085	NM_016085	NM_016085	Hs.9527	51374
NM_001160266	NM_001160266	NM_001160266	Hs.462086	84268
NM_182898	NM_182898	NM_182898	Hs.437075	9586
AK098143		AK098143	Hs.192155	283861
NM_012105	NM_012105	NM_012105	Hs.529408	25825
NM_001172697	NM_001172697	NM_001172697		NA
ENST00000487811	XR_132704	XR_132704		NA
NM_001242740	NM_001242740	NM_001242740	Hs.571054	NA
BU601128		BU601128	Hs.31562	207107
NR_002165	NR_002165	NR_002165	Hs.558624	128872
NM_001838	NM_001838	NM_001838	Hs.370036	1236
NM_025207	NM_025207	NM_025207	Hs.118666	80308
NM_032309	NM_032309	NM_032309	Hs.375707	84269
NM_014849	NM_014849	NM_014849	Hs.516153	9900
THC2660571				NA
NM_080611	NM_080611	NM_080611	Hs.585017	128853
NM_182581	NM_182581	NM_182581	Hs.97784	284680
NM_002371	NM_002371	NM_002371	Hs.80395	4118
ENST00000366784		BC015009	Hs.528087	3707
NM_000975	NM_000975	NM_000975	Hs.719951	6135
NM_182569	NM_182569	NM_182569	Hs.631744	284161
NM_005946	NM_005946	NM_005946	Hs.655199	4489
NM_152625	NM_152625	NM_152625	Hs.370303	167465
AK095104		AK095104	Hs.100691	286052
NM_032346	NM_032346	NM_032346	Hs.515344	84306
NM_022743	NM_022743	NM_022743	Hs.567571	64754
NM_001076683	NM_001076683	NM_001076683	Hs.89781	7343
NM_000218	NM_000218	NM_000218	Hs.95162	3784
NM_021952	NM_021952	NM_021952	Hs.213050	1996
NM_017923	NM_017923	NM_017923	Hs.592804	55016
ENST00000388995		DJ031151		644815
NM_000798	NM_000798	NM_000798	Hs.380681	1816
XR_110050	XR_110050	XR_110050		NA
NM_021129	NM_021129	NM_021129	Hs.437403	5464
NM_000878	NM_000878	NM_000878	Hs.474787	3560
NM_212472	NM_212472	NM_212472	Hs.280342	5573
TCONS_00008392				NA
NM_001031711	NM_001031711	NM_001031711	Hs.509163	57222
				NA
TCONS_00001956				NA

NM_005561	NM_005561	NM_005561	Hs.494419	3916
				NA
NM_020972	NM_020972	NM_020972	Hs.292056	57732
NM_001135745	NM_001135745	NM_001135745	Hs.471096	57679
NM_205833	NM_205833	NM_205833	Hs.22111	3547
ENST00000455671		L38282	Hs.523404	NA
NM_014175	NM_014175	NM_014175	Hs.18349	29088
NM_145048	NM_145048	NM_145048	Hs.479298	133015
XR_132811	XR_132811	XR_132811	Hs.520384	401357
NM_013279	NM_013279	NM_013279	Hs.473109	745
NM_014711	NM_014711	NM_014711	Hs.279912	9738
				NA
THC2701769				NA
NM_001161533	NM_001161533	NM_001161533		NA
NM_203497	NM_203497	NM_203497	Hs.508266	170622
NM_020408	NM_020408	NM_020408	Hs.387755	57128
NM_001007559	NM_001007559	NM_001007559	Hs.404263	6760
NM_144626	NM_144626	NM_144626	Hs.104476	128218
NM_012424	NM_012424	NM_012424	Hs.591416	26750
NR_028514	NR_028514	NR_028514	Hs.633815	NA
NM_020122	NM_020122	NM_020122	Hs.654968	56888
NM_020347	NM_020347	NM_020347	Hs.30824	54585
NM_001017986	NM_001017986	NM_001017986	Hs.534956	2210
NM_021077	NM_021077	NM_021077	Hs.386470	4828
NM_005601	NM_005601	NM_005601	Hs.10306	4818
NM_001010853	NM_001010853	NM_001010853	Hs.356247	135293
NM_033198	NM_033198	NM_033198	Hs.462550	94005
XR_109254	XR_109254	XR_109254	Hs.720980	NA
NM_006233	NM_006233	NM_006233	Hs.47062	5438
				NA
ENST00000549378		BC111488		23041
				NA
				NA
CR745891		CR745891	Hs.577816	NA
ENST00000408913		AK097098	Hs.655774	677
NM_001040153	NM_001040153	NM_001040153	Hs.349955	122060
AK090827		AK090827		NA
NR_038989	NR_038989	NR_038989	Hs.547104	NA
NM_006479	NM_006479	NM_006479	Hs.730696	10635
NM_017859	NM_017859	NM_017859	Hs.504998	54963
NM_014442	NM_014442	NM_014442	Hs.447899	27181
NM_004435	NM_004435	NM_004435	Hs.224137	2021
AK128409		AK128409	Hs.531363	401230
ENST00000381056		AY203940		256949

ENST00000505317		AF189251	Hs.479223	202018
NM_001030055	NM_001030055	NM_001030055	Hs.592313	394
NM_002079	NM_002079	NM_002079	Hs.500756	2805
NM_017953	NM_017953	NM_017953	Hs.5111	54680
NM_053045	NM_053045	NM_053045	Hs.726301	94107
TCONS_I2_00028188				NA
NM_152713	NM_152713	NM_152713	Hs.504237	3703
NM_032265	NM_032265	NM_032265	Hs.47223	84225
NM_001293	NM_001293	NM_001293	Hs.430733	1207
TCONS_00025051				NA
NM_203376	NM_203376	NM_203376	Hs.146928	388730
NM_001002919	NM_001002919	NM_001002919	Hs.355207	285016
NM_152316	NM_152316	NM_152316	Hs.502208	120534
NM_005732	NM_005732	NM_005732	Hs.633509	10111
TCONS_I2_00008470				NA
ENST00000416930				NA
NR_024380	NR_024380	NR_024380	Hs.730454	441666
NM_001461	NM_001461	NM_001461	Hs.642706	2330
TCONS_00023714				NA
NM_013242	NM_013242	NM_013242	Hs.532755	29105
NM_080597	NM_080597	NM_080597	Hs.370725	114876
NM_001130845	NM_001130845	NM_001130845	Hs.478588	604
AK054718		AK054718	Hs.523913	NA
NM_030665	NM_030665	NM_030665	Hs.655395	10743
NM_000552	NM_000552	NM_000552	Hs.581072	NA
NM_177964	NM_177964	NM_177964	Hs.357567	130576
NM_182975	NM_182975	NM_182975	Hs.306221	284695
NM_001827	NM_001827	NM_001827	Hs.83758	1164
TCONS_I2_00011380				NA
NM_001004353	NM_001004353	NM_001004353	Hs.372640	441476
NM_002893	NM_002893	NM_002893	Hs.495755	5931
NM_006635	NM_006635	NM_006635	Hs.99971	10794
NR_003693	NR_003693	NR_003693		NA
XR_108596	XR_108596	XR_108596	Hs.728549	NA
ENST00000296312		AL390128		57654
NM_020718	NM_020718	NM_020718	Hs.183817	57478
XM_003118895	XM_003118895	XM_003118895	Hs.656351	NA
TCONS_00019652				NA
NM_024790	NM_024790	NM_024790	Hs.370147	79848
NM_030674	NM_030674	NM_030674	Hs.533770	81539
NM_002547	NM_002547	NM_002547	Hs.128824	4983
NM_012467	NM_012467	NM_012467	Hs.592076	25823
NM_030775	NM_030775	NM_030775	Hs.306051	81029
NM_014501	NM_014501	NM_014501	Hs.396393	27338

NM_022769	NM_022769	NM_022769	Hs.567572	64784
NM_001164761	NM_001164761	NM_001164761	Hs.520851	5575
NR_045260	NR_045260	NR_045260	Hs.449499	NA
NM_001197104	NM_001197104	NM_001197104	Hs.258855	4297
NM_001001890	NM_001001890	NM_001001890	Hs.149261	861
ENST00000505682				4245
NM_138554	NM_138554	NM_138554	Hs.174312	7099
ENST00000452037		BE407125	Hs.570237	NA
NM_001728	NM_001728	NM_001728	Hs.501293	682
				NA
NM_024297	NM_024297	NM_024297	Hs.644724	79142
TCONS_I2_00025628				NA
NM_054026	NM_054026	NM_054026	Hs.645009	29883
NM_144710	NM_144710	NM_144710	Hs.469615	151011
ENST00000361681				4541
NM_031905	NM_031905	NM_031905	Hs.287412	83787
				NA
				NA
				NA
NM_015659	NM_015659	NM_015659	Hs.401842	26156
NR_024279	NR_024279	NR_024279	Hs.119298	729614
NM_001009812	NM_001009812	NM_001009812	Hs.722114	85474
NM_148956	NM_148956	NM_148956	Hs.647060	55695
NM_001035507	NM_001035507	NM_001035507	Hs.138207	60509
NM_018233	NM_018233	NM_018233	Hs.231883	55239
TCONS_00011706				NA
XR_109254	XR_109254	XR_109254	Hs.720980	NA
NM_014695	NM_014695	NM_014695	Hs.721149	9720
NM_001057	NM_001057	NM_001057	Hs.88372	6865
NM_001382	NM_001382	NM_001382	Hs.524081	1798
ENST00000390237		AY538254	Hs.449621	NA
ENST00000412655				NA
TCONS_00013683				NA
NM_198440	NM_198440	NM_198440	Hs.593679	91319
NM_005893	NM_005893	NM_005893	Hs.115460	881
NM_001146684	NM_001146684	NM_001146684	Hs.526550	643904
NM_153006	NM_153006	NM_153006	Hs.8876	162417
ENST00000457371				NA
NM_002908	NM_002908	NM_002908	Hs.631886	5966
NM_080386	NM_080386	NM_080386	Hs.503749	113457
NM_001172660	NM_001172660	NM_001172660	Hs.292056	NA
NM_133443	NM_133443	NM_133443	Hs.460693	84706
NM_153331	NM_153331	NM_153331	Hs.13982	200845
NM_152735	NM_152735	NM_152735	Hs.591805	221504

NM_002158	NM_002158	NM_002158	Hs.468478	3344
NM_015230	NM_015230	NM_015230	Hs.479451	116984
TCONS_00022120				NA
TCONS_I2_00006892				NA
BM544686		BM544686	Hs.254509	NA
				NA
NM_003022	NM_003022	NM_003022	Hs.108029	6451
NM_030973	NM_030973	NM_030973	Hs.656639	81857
NM_052928	NM_052928	NM_052928	Hs.514602	114826
NM_001632	NM_001632	NM_001632	Hs.284255	250
NM_001002033	NM_001002033	NM_001002033	Hs.532803	51155
THC2577892				NA
THC2690543				NA
NM_012484	NM_012484	NM_012484	Hs.728200	3161
NM_003934	NM_003934	NM_003934	Hs.98751	8939
NM_001568	NM_001568	NM_001568	Hs.405590	3646
ENST00000498712				NA
NM_178012	NM_178012	NM_178012	Hs.300701	347733
NM_014744	NM_014744	NM_014744	Hs.475629	9779
NM_001159280	NM_001159280	NM_001159280	Hs.533913	NA
NM_017613	NM_017613	NM_017613	Hs.436341	29980
NM_001033030	NM_001033030	NM_001033030	Hs.173438	55179
NM_017911	NM_017911	NM_017911	Hs.265018	55007
NM_022731	NM_022731	NM_022731	Hs.213061	64710
NM_024686	NM_024686	NM_024686	Hs.445826	79739
XM_001719518	XM_001719518	XM_001719518	Hs.694468	100128869
NM_177542	NM_177542	NM_177542	Hs.515472	6633
NM_004422	NM_004422	NM_004422	Hs.118640	1856
ENST00000391480				NA
XR_110199	XR_110199	XR_110199	Hs.487182	NA
NM_145034	NM_145034	NM_145034	Hs.571797	163590
NM_001136152	NM_001136152	NM_001136152	Hs.722197	644974
NR_037631	NR_037631	NR_037631		NA
AK124809		AK124809	Hs.591171	1353
ENST00000555156	XR_110298	XR_110298		NA
XR_108911	XR_108911	XR_108911	Hs.586401	NA
NR_038970	NR_038970	NR_038970	Hs.525210	283624
NM_021783	NM_021783	NM_021783	Hs.302017	60401
NM_182851	NM_182851	NM_182851	Hs.107003	57820
NR_003239	NR_003239	NR_003239		NA
NR_002746	NR_002746	NR_002746	Hs.728103	NA
NM_175617	NM_175617	NM_175617	Hs.534330	4493
				NA
NR_038970	NR_038970	NR_038970	Hs.525210	NA

NM_033360	NM_033360	NM_033360	Hs.505033	3845
BC071847		BC071847	Hs.559677	NA
NM_198699	NM_198699	NM_198699	Hs.297526	386685
NM_020814	NM_020814	NM_020814	Hs.170388	57574
NM_198536	NM_198536	NM_198536	Hs.8036	374882
NM_012310	NM_012310	NM_012310	Hs.648326	24137
				NA
THC2623999				NA
NM_018316	NM_018316	NM_018316	Hs.250632	55295
				NA
NM_007240	NM_007240	NM_007240	Hs.416216	11266
NM_018667	NM_018667	NM_018667	Hs.368421	55512
NM_007104	NM_007104	NM_007104	Hs.546269	4736
NM_001236	NM_001236	NM_001236	Hs.154510	874
				NA
NM_002853	NM_002853	NM_002853	Hs.38114	5810
NM_177951	NM_177951	NM_177951	Hs.130036	5494
NM_015294	NM_015294	NM_015294	Hs.579079	4591
NM_015241	NM_015241	NM_015241	Hs.528024	57553
				NA
BF570948		BF570948	Hs.560634	100170219
NM_001113402	NM_001113402	NM_001113402	Hs.591146	196394
NM_000274	NM_000274	NM_000274	Hs.523332	4942
NR_002140	NR_002140	NR_002140	Hs.339818	89883
NM_007137	NM_007137	NM_007137	Hs.114246	347344
NM_016436	NM_016436	NM_016436	Hs.517044	51230
AK096041		AK096041	Hs.368631	100129572
NM_001164741	NM_001164741	NM_001164741	Hs.701324	393
NM_181611	NM_181611	NM_181611	Hs.553694	337972
NM_007067	NM_007067	NM_007067	Hs.21907	11143
				NA
AK124509		AK124509	Hs.591633	100131015
NM_004715	NM_004715	NM_004715	Hs.465490	9150
NR_015431	NR_015431	NR_015431		NA
NM_001199835	NM_001199835	NM_001199835	Hs.728930	29887
				NA
TCONS_00018312				NA
NM_014736	NM_014736	NM_014736	Hs.81892	9768
NM_014709	NM_014709	NM_014709	Hs.644708	9736
NM_130441	NM_130441	NM_130441	Hs.351812	170482
NM_001190470	NM_001190470	NM_001190470	Hs.666077	NA
NM_001013842	NM_001013842	NM_001013842	Hs.730863	541565
NM_014065	NM_014065	NM_014065	Hs.100878	28990
NR_024061	NR_024061	NR_024061	Hs.67553	503693

NM_006111	NM_006111	NM_006111	Hs.200136	10449
NM_024834	NM_024834	NM_024834	Hs.124246	79892
NR_028090	NR_028090	NR_028090		202781
XR_110105	XR_110105	XR_110105		NA
TCONS_I2_00009565				NA
NM_003236	NM_003236	NM_003236	Hs.170009	7039
AK308670		AK308670		NA
NM_001174108	NM_001174108	NM_001174108	Hs.716666	NA
NM_017944	NM_017944	NM_017944	Hs.577256	55031
NM_001199219	NM_001199219	NM_001199219	Hs.632629	11185
NM_018593	NM_018593	NM_018593	Hs.591327	117247
AK129685		AK129685	Hs.625909	100131831
AK095964		AK095964	Hs.730225	23107
NM_003094	NM_003094	NM_003094	Hs.334612	6635
NM_002295	NM_002295	NM_002295	Hs.449909	3921
ENST00000551557				7050
NR_015395	NR_015395	NR_015395		541471
NM_012123	NM_012123	NM_012123	Hs.347614	25821
NM_001202439	NM_001202439	NM_001202439	Hs.146274	374383
AK226145		AK226145	Hs.474116	387590
NR_034128	NR_034128	NR_034128		NA
NM_013445	NM_013445	NM_013445	Hs.420036	2571
NM_004863	NM_004863	NM_004863	Hs.435661	9517
NR_038926	NR_038926	NR_038926	Hs.649054	NA
NM_000817	NM_000817	NM_000817	Hs.420036	2571
NM_003902	NM_003902	NM_003902	Hs.567380	8880
NM_005853	NM_005853	NM_005853	Hs.435730	10265
NM_024785	NM_024785	NM_024785	Hs.147585	79843
NM_001019	NM_001019	NM_001019	Hs.370504	6210
NM_014060	NM_014060	NM_014060	Hs.102696	28985
AB593144		AB593144		NA
NM_014718	NM_014718	NM_014718	Hs.535378	9746
NM_005839	NM_005839	NM_005839	Hs.18192	10250
XR_108638	XR_108638	XR_108638		NA
NM_001099280	NM_001099280	NM_001099280	Hs.443139	727957
NM_001039213	NM_001039213	NM_001039213	Hs.456381	388551
NR_038865	NR_038865	NR_038865	Hs.719726	404665
NM_001129	NM_001129	NM_001129	Hs.439463	165
CB178477		CB178477	Hs.560908	NA
NM_012164	NM_012164	NM_012164	Hs.494985	26190
NM_031905	NM_031905	NM_031905	Hs.287412	83787
NM_000992	NM_000992	NM_000992	Hs.425125	6159
NM_004765	NM_004765	NM_004765	Hs.658547	9274
NM_001144961	NM_001144961	NM_001144961	Hs.2764	4795

NM_017491	NM_017491	NM_017491	Hs.128548	9948
NM_003313	NM_003313	NM_003313	Hs.404119	7264
NM_032222	NM_032222	NM_032222	Hs.660192	84182
NM_016040	NM_016040	NM_016040	Hs.482873	50999
NM_001166175	NM_001166175	NM_001166175	Hs.54473	1482
NM_024665	NM_024665	NM_024665	Hs.715026	79718
NM_001521	NM_001521	NM_001521	Hs.75782	2976
NM_015607	NM_015607	NM_015607	Hs.728799	26097
NM_021004	NM_021004	NM_021004	Hs.692654	10901
BX538202		BX538202	Hs.587092	NA
TCONS_I2_00030124				NA
NM_177965	NM_177965	NM_177965	Hs.548157	157657
NM_024841	NM_024841	NM_024841	Hs.19987	79899
XM_001719118	XM_001719118	XM_001719118	Hs.710367	100130800
				NA
XR_132460	XR_132460	XR_132460		NA
NM_001110781	NM_001110781	NM_001110781	Hs.655255	728661
AK124190		AK124190	Hs.636523	NA
NM_152511	NM_152511	NM_152511	Hs.517544	150290
NM_001190708	NM_001190708	NM_001190708	Hs.722730	NA
NM_001110199	NM_001110199	NM_001110199	Hs.511025	222183
NM_175732	NM_175732	NM_175732	Hs.728160	114971
NM_005869	NM_005869	NM_005869	Hs.371372	10283
NM_001042440	NM_001042440	NM_001042440	Hs.436186	831
NM_033416	NM_033416	NM_033416	Hs.91579	92856
NR_033189	NR_033189	NR_033189	Hs.662922	100130000
ENST00000444985		AK093363	Hs.147110	NA
TCONS_00010334				NA
NM_138431	NM_138431	NM_138431	Hs.7678	113655
NM_001976	NM_001976	NM_001976	Hs.224171	2027
NM_001145314	NM_001145314	NM_001145314	Hs.555989	80817
XR_133099	XR_133099	XR_133099		NA
NM_001008529	NM_001008529	NM_001008529	Hs.250723	439921
NM_199188	NM_199188	NM_199188	Hs.26613	NA
ENST00000398957		AK130228		NA
NM_022128	NM_022128	NM_022128	Hs.11916	64080
XR_110050	XR_110050	XR_110050	Hs.131918	NA
NM_001130042	NM_001130042	NM_001130042	Hs.83114	1429
NM_004232	NM_004232	NM_004232	Hs.44439	9306
NM_018426	NM_018426	NM_018426	Hs.414473	55362
				NA
AK127783		AK127783	Hs.592022	400968
NM_013442	NM_013442	NM_013442	Hs.3439	30968
NM_001137552	NM_001137552	NM_001137552	Hs.471779	9208

AK023835		AK023835	Hs.676993	246318
NM_152995	NM_152995	NM_152995	Hs.646325	152518
NM_012455	NM_012455	NM_012455	Hs.516306	23550
ENST00000379350		AB051520	Hs.436996	221692
THC2615674				NA
NM_032448	NM_032448	NM_032448	Hs.369522	84498
NM_005247	NM_005247	NM_005247	Hs.37092	2248
ENST00000462493		AK056792	Hs.372578	140876
NM_005566	NM_005566	NM_005566	Hs.2795	3939
NM_017412	NM_017412	NM_017412	Hs.40735	7976
NM_182764	NM_182764	NM_182764	Hs.210469	63916
ENST00000429368	XR_111467	XR_111467	Hs.301755	NA
				NA
ENST00000503470				NA
NM_006843	NM_006843	NM_006843	Hs.439023	10993
THC2506834				NA
NM_006464	NM_006464	NM_006464	Hs.593382	10618
NM_001024594	NM_001024594	NM_001024594	Hs.61329	388722
NM_058187	NM_058187	NM_058187	Hs.208358	59271
NM_004944	NM_004944	NM_004944	Hs.476453	1776
NR_033937	NR_033937	NR_033937	Hs.679111	NA
ENST00000374747		AB040932	Hs.464333	55666
NR_003945	NR_003945	NR_003945	Hs.721746	387751
NM_020371	NM_020371	NM_020371	Hs.555966	57099
NM_001142459	NM_001142459	NM_001142459	Hs.647081	136371
BC019017		BC019017	Hs.647565	730202
TCONS_00003554				NA
NM_182541	NM_182541	NM_182541	Hs.98843	203562
NM_014232	NM_014232	NM_014232	Hs.25348	6844
NM_021975	NM_021975	NM_021975	Hs.502875	5970
NM_153268	NM_153268	NM_153268	Hs.603252	257068
				NA
NM_000394	NM_000394	NM_000394	Hs.184085	1409
NM_023943	NM_023943	NM_023943	Hs.191616	66000
BC028196		BC028196	Hs.176503	23216
NM_004622	NM_004622	NM_004622	Hs.75066	7247
NM_015966	NM_015966	NM_015966	Hs.472558	51614
NM_201555	NM_201555	NM_201555	Hs.443687	2274
NM_203394	NM_203394	NM_203394	Hs.416375	144455
BQ950045		BQ950045	Hs.438480	400128
NM_001098668	NM_001098668	NM_001098668	Hs.523084	729238
NM_001240	NM_001240	NM_001240	Hs.279906	904
NM_182641	NM_182641	NM_182641	Hs.444200	2186
NM_015161	NM_015161	NM_015161	Hs.634882	23204

AF239727		AF239727		NA
ENST00000505319				10252
NM_002606	NM_002606	NM_002606	Hs.473927	5152
NM_020133	NM_020133	NM_020133	Hs.353175	56895
NM_018313	NM_018313	NM_018313	Hs.189920	55193
NM_004073	NM_004073	NM_004073	Hs.632415	1263
NM_013366	NM_013366	NM_013366	Hs.533262	29882
NM_003037	NM_003037	NM_003037	Hs.523660	6504
NR_026835	NR_026835	NR_026835	Hs.679445	NA
NM_014394	NM_014394	NM_014394	Hs.352656	27069
NM_005751	NM_005751	NM_005751	Hs.651221	10142
NM_001042572	NM_001042572	NM_001042572	Hs.220864	1106
NM_025246	NM_025246	NM_025246	Hs.477692	80723
NM_001197234	NM_001197234	NM_001197234		NA
NM_015460	NM_015460	NM_015460	Hs.594535	25924
NM_145062	NM_145062	NM_145062	Hs.29857	221302
NM_021140	NM_021140	NM_021140	Hs.522616	7403
NM_178335	NM_178335	NM_178335	Hs.478682	152137
NM_004720	NM_004720	NM_004720	Hs.122575	9170
NM_013432	NM_013432	NM_013432	Hs.675285	4796
NM_016315	NM_016315	NM_016315	Hs.470887	51454
ENST00000326348		AK097463	Hs.638409	NA
NM_182476	NM_182476	NM_182476	Hs.131555	51004
NM_001165899	NM_001165899	NM_001165899	Hs.117545	5144
ENST00000550687		DA880232	Hs.577495	NA
NM_006541	NM_006541	NM_006541	Hs.42644	10539
TCONS_00010227				NA
TCONS_I2_00026968				NA
NM_032875	NM_032875	NM_032875	Hs.462946	84961
NR_028326	NR_028326	NR_028326	Hs.661255	100133161
AK128204		AK128204	Hs.634508	100129186
NM_003105	NM_003105	NM_003105	Hs.368592	6653
NR_027345	NR_027345	NR_027345	Hs.441601	NA
NM_021626	NM_021626	NM_021626	Hs.514950	59342
NM_016929	NM_016929	NM_016929	Hs.485489	53405
NM_002392	NM_002392	NM_002392	Hs.484551	4193
NM_001950	NM_001950	NM_001950	Hs.108371	1874
BC014382		BC014382	Hs.720466	NA
NM_014189	NM_014189	NM_014189	Hs.183706	118
NM_001031803	NM_001031803	NM_001031803	Hs.514477	3993
NM_021151	NM_021151	NM_021151	Hs.125039	54677
NM_002658	NM_002658	NM_002658	Hs.77274	5328
NM_020931	NM_020931	NM_020931	Hs.709521	57691
AK025743		AK025743	Hs.170296	NA

ENST00000339381		AK122959	Hs.74375	83756
NM_001162893	NM_001162893	NM_001162893	Hs.518138	9674
NM_017523	NM_017523	NM_017523	Hs.441975	54739
NM_014055	NM_014055	NM_014055	Hs.528382	28981
NM_080614	NM_080614	NM_080614	Hs.419126	140686
NM_014246	NM_014246	NM_014246	Hs.252387	9620
NM_005573	NM_005573	NM_005573	Hs.89497	4001
NM_018157	NM_018157	NM_018157	Hs.131306	55188
TCONS_00025555				NA
AY239294		AY239294		NA
XR_109706	XR_109706	XR_109706		NA
NM_003655	NM_003655	NM_003655	Hs.730763	8535
NM_014500	NM_014500	NM_014500	Hs.204475	27336
NM_015705	NM_015705	NM_015705	Hs.474914	27352
ENST00000399306				1497
NM_004696	NM_004696	NM_004696	Hs.351306	9122
NM_003705	NM_003705	NM_003705	Hs.470608	8604
NM_004563	NM_004563	NM_004563	Hs.75812	5106
NM_018046	NM_018046	NM_018046	Hs.634849	55109
CD674525		CD674525	Hs.728568	NA
ENST00000411694				NA
NM_173657	NM_173657	NM_173657	Hs.350846	285315
NR_002182	NR_002182	NR_002182	Hs.567608	83955
NM_001014446	NM_001014446	NM_001014446	Hs.95835	132299
THC2660992				NA
NR_026740	NR_026740	NR_026740		389033
XM_003119593	XM_003119593	XM_003119593		100134285
GU357550		GU357550		NA
				NA
NM_023083	NM_023083	NM_023083	Hs.728234	11132
NM_000243	NM_000243	NM_000243	Hs.632221	4210
NR_039982	NR_039982	NR_039982	Hs.675941	NA
NM_003839	NM_003839	NM_003839	Hs.204044	8792
TCONS_00012060				NA
ENST00000474333				387923
NM_080660	NM_080660	NM_080660	Hs.659143	92092
NM_006996	NM_006996	NM_006996	Hs.30246	10560
NM_004723	NM_004723	NM_004723	Hs.730719	9181
NM_004087	NM_004087	NM_004087	Hs.292549	1739
NM_001070	NM_001070	NM_001070	Hs.279669	7283
NM_001002919	NM_001002919	NM_001002919	Hs.355207	285016
NM_001080420	NM_001080420	NM_001080420	Hs.149035	85358
NR_040059	NR_040059	NR_040059		NA
NR_003287	NR_003287	NR_003287	Hs.552217	100008589

BC008289		BC008289	Hs.658999	91370
NM_016319	NM_016319	NM_016319	Hs.530823	50813
NM_003494	NM_003494	NM_003494	Hs.252180	8291
NM_000992	NM_000992	NM_000992	Hs.425125	6159
NR_024160	NR_024160	NR_024160	Hs.250624	79100
ENST00000446593				NA
NM_002739	NM_002739	NM_002739	Hs.631564	5582
				NA
NM_019004	NM_019004	NM_019004	Hs.83293	54467
NM_020675	NM_020675	NM_020675	Hs.421956	57405
NM_152903	NM_152903	NM_152903	Hs.534040	89890
NM_018122	NM_018122	NM_018122	Hs.647707	55157
NM_002475	NM_002475	NM_002475	Hs.632731	140465
NM_001012288	NM_001012288	NM_001012288	Hs.287729	64109
NM_016091	NM_016091	NM_016091	Hs.446852	51386
NM_173631	NM_173631	NM_173631	Hs.446620	284306
NM_001003679	NM_001003679	NM_001003679	Hs.723178	3953
NR_037596	NR_037596	NR_037596	Hs.647985	401149
NM_152523	NM_152523	NM_152523	Hs.471234	151195
NR_024586	NR_024586	NR_024586	Hs.631150	100216545
TCONS_I2_00027739				NA
NM_032423	NM_032423	NM_032423	Hs.662043	84436
NM_000216	NM_000216	NM_000216	Hs.521869	3730
ENST00000503050		AB209135	Hs.631951	9794
ENST00000505109				NA
NM_144653	NM_144653	NM_144653	Hs.112895	138151
NR_027006	NR_027006	NR_027006	Hs.291198	NA
TCONS_00012422				NA
NM_175748	NM_175748	NM_175748	Hs.728932	55148
NM_138929	NM_138929	NM_138929	Hs.169611	56616
NM_007208	NM_007208	NM_007208	Hs.205163	11222
NM_001162407	NM_001162407	NM_001162407	Hs.433732	1195
NM_001018070	NM_001018070	NM_001018070	Hs.6191	57175
AK127846		AK127846		388560
NM_032382	NM_032382	NM_032382	Hs.130849	84342
NM_020829	NM_020829	NM_020829	Hs.211520	57589
NM_194455	NM_194455	NM_194455	Hs.531987	889
NR_003713	NR_003713	NR_003713	Hs.720393	NA
TCONS_I2_00025900				NA
NM_033505	NM_033505	NM_033505	Hs.189073	85465
NM_181491	NM_181491	NM_181491	Hs.78354	6837
NM_001144950	NM_001144950	NM_001144950	Hs.554182	284297
NM_002520	NM_002520	NM_002520	Hs.557550	4869
NM_014409	NM_014409	NM_014409	Hs.270621	27097

AK094480		AK094480	Hs.478048	389170
				NA
NM_006427	NM_006427	NM_006427	Hs.112058	10572
NM_024863	NM_024863	NM_024863	Hs.194329	79921
NM_012213	NM_012213	NM_012213	Hs.644610	23417
NM_054108	NM_054108	NM_054108	Hs.410316	117245
NM_017617	NM_017617	NM_017617	Hs.495473	4851
NM_001171796	NM_001171796	NM_001171796	Hs.440643	286144
XR_109856	XR_109856	XR_109856	Hs.559511	157927
NM_031945	NM_031945	NM_031945	Hs.208219	83882
NM_017740	NM_017740	NM_017740	Hs.461610	55625
TCONS_I2_00011027				NA
NM_002265	NM_002265	NM_002265	Hs.532793	3837
NM_001039619	NM_001039619	NM_001039619	Hs.367854	10419
TCONS_00026503				NA
ENST00000439745				NA
NM_138430	NM_138430	NM_138430	Hs.98669	113622
NM_031946	NM_031946	NM_031946	Hs.647075	116988
NM_017523	NM_017523	NM_017523	Hs.441975	54739
NM_001145536	NM_001145536	NM_001145536	Hs.579243	100130311
ENST00000430296		BC035400	Hs.571062	NA
NM_002265	NM_002265	NM_002265	Hs.532793	3837
TCONS_I2_00028401				NA
TCONS_00019776				NA
NM_001001522	NM_001001522	NM_001001522	Hs.410977	6876
ENST00000411845		AK098314	Hs.568066	NA
NM_012423	NM_012423	NM_012423	Hs.523185	23521
ENST00000424587	XR_111620	XR_111620	Hs.552202	NA
TCONS_I2_00013243				NA
NM_001462	NM_001462	NM_001462	Hs.99855	2358
XR_132586	XR_132586	XR_132586		NA
NR_037631	NR_037631	NR_037631	Hs.432924	100288911
NM_020313	NM_020313	NM_020313	Hs.4900	57019
ENST00000448327				NA
XM_001129515	XM_001129515	XM_001129515		729159
NM_178311	NM_178311	NM_178311	Hs.595809	NA
NM_000982	NM_000982	NM_000982	Hs.381123	6144
NM_007068	NM_007068	NM_007068	Hs.339396	11144
NM_005952	NM_005952	NM_005952	Hs.374950	4501
NR_029407	NR_029407	NR_029407	Hs.164298	642361
NM_000481	NM_000481	NM_000481	Hs.102	275
NM_020784	NM_020784	NM_020784	Hs.532609	57544
				NA
NM_198717	NM_198717	NM_198717	Hs.445000	5733

ENST00000390375		A25493	Hs.716215	NA
M12623		M12623	Hs.181163	3151
				NA
NM_001164722	NM_001164722	NM_001164722	Hs.77542	5724
ENST00000555157				NA
NM_000576	NM_000576	NM_000576	Hs.126256	3553
NM_021127	NM_021127	NM_021127	Hs.96	5366
NM_203453	NM_203453	NM_203453	Hs.107510	403313
NM_016612	NM_016612	NM_016612	Hs.726050	51312
NM_024701	NM_024701	NM_024701	Hs.445899	79754
NP1245239				NA
NM_001011720	NM_001011720	NM_001011720	Hs.458938	389668
NM_178311	NM_178311	NM_178311	Hs.355394	92086
AK127417		AK127417	Hs.292949	NA
NM_020448	NM_020448	NM_020448	Hs.523442	57185
NM_021107	NM_021107	NM_021107	Hs.411125	6183
NM_003310	NM_003310	NM_003310	Hs.502770	7260
TCONS_00025688				NA
XR_109361	XR_109361	XR_109361	Hs.688866	100130876
NR_027457	NR_027457	NR_027457	Hs.322826	338005
NR_023918	NR_023918	NR_023918	Hs.279842	29092
NM_001164375	NM_001164375	NM_001164375	Hs.568788	414152
NM_000394	NM_000394	NM_000394	Hs.184085	1409
NM_014324	NM_014324	NM_014324	Hs.508343	23600
NM_015634	NM_015634	NM_015634	Hs.279580	26128
NM_003439	NM_003439	NM_003439	Hs.615360	7586
NM_005253	NM_005253	NM_005253	Hs.220971	2355
NM_024625	NM_024625	NM_024625	Hs.133512	56829
NM_017425	NM_017425	NM_017425	Hs.286233	53340
ENST00000458492		BC017752	Hs.462281	NA
NR_002785	NR_002785	NR_002785	Hs.122718	149775
NM_032250	NM_032250	NM_032250	Hs.632671	84210
ENST00000287667				23420
XM_001714320	XM_001714320	XM_001714320		729424
ENST00000369123		BF223582	Hs.649249	NA
NM_001160246	NM_001160246	NM_001160246	Hs.462086	84268
NM_005672	NM_005672	NM_005672	Hs.652235	8000
TCONS_00006917				NA
NM_001040697	NM_001040697	NM_001040697	Hs.407991	55293
				NA
NM_005628	NM_005628	NM_005628	Hs.631582	6510
NM_001137550	NM_001137550	NM_001137550		NA
AL117431		AL117431	Hs.561180	152286
NM_001199803	NM_001199803	NM_001199803	Hs.467898	79172

NM_004181	NM_004181	NM_004181	Hs.518731	7345
ENST00000521696				NA
NM_022168	NM_022168	NM_022168	Hs.163173	64135
NM_017797	NM_017797	NM_017797	Hs.465543	55643
NR_021485	NR_021485	NR_021485		NA
NM_005340	NM_005340	NM_005340	Hs.483305	3094
NM_181837	NM_181837	NM_181837	Hs.410228	23595
NM_001005514	NM_001005514	NM_001005514	Hs.554714	403273
TCONS_00029633				NA
NM_138462	NM_138462	NM_138462	Hs.128096	116225
NM_032566	NM_032566	NM_032566	Hs.244569	84651
NM_015102	NM_015102	NM_015102	Hs.462348	261734
NM_019027	NM_019027	NM_019027	Hs.518727	54502
TCONS_00014248				NA
ENST00000505713		AK299501	Hs.654957	27068
NM_001166	NM_001166	NM_001166	Hs.696238	329
AK090966		AK090966		NA
NM_153688	NM_153688	NM_153688	Hs.388813	162239
NM_005015	NM_005015	NM_005015	Hs.151134	5018
ENST00000535746		BX956036	Hs.446495	NA
NM_030899	NM_030899	NM_030899	Hs.656413	64288
NM_005004	NM_005004	NM_005004	Hs.523215	4714
ENST00000463841				3336
NM_183238	NM_183238	NM_183238	Hs.29698	NA
NM_004656	NM_004656	NM_004656	Hs.106674	8314
NM_173555	NM_173555	NM_173555	Hs.533655	219743
NM_005918	NM_005918	NM_005918	Hs.520967	4191
NM_004805	NM_004805	NM_004805	Hs.728890	5433
NM_001205119	NM_001205119	NM_001205119	Hs.127403	9776
NM_138426	NM_138426	NM_138426	Hs.131673	113263
ENST00000398067				NA
NM_002824	NM_002824	NM_002824	Hs.504613	5763
NM_012225	NM_012225	NM_012225	Hs.256549	10101
X52357		X52357	Hs.684886	7577
NM_004566	NM_004566	NM_004566	Hs.195471	5209
NM_147133	NM_147133	NM_147133	Hs.413074	4799
NM_032711	NM_032711	NM_032711	Hs.252229	4097
TCONS_00011799				NA
NM_001164479	NM_001164479	NM_001164479	Hs.49573	401207
NM_001145850	NM_001145850	NM_001145850	Hs.614734	8842
NM_021044	NM_021044	NM_021044	Hs.524382	50846
				NA
NM_144495	NM_144495	NM_144495	Hs.534384	10084
ENST00000507766		AK124569		23244

				NA
NM_133466	NM_133466	NM_133466	Hs.558734	284406
XR_132521	XR_132521	XR_132521	Hs.188825	NA
NM_012418	NM_012418	NM_012418	Hs.118555	25794
NM_213589	NM_213589	NM_213589	Hs.471162	65059
NM_001031740	NM_001031740	NM_001031740	Hs.534562	149175
NM_001007561	NM_001007561	NM_001007561	Hs.6217	126298
TCONS_00021811				NA
				NA
NM_001620	NM_001620	NM_001620	Hs.502756	79026
NM_000989	NM_000989	NM_000989	Hs.400295	6156
NM_021824	NM_021824	NM_021824	Hs.145284	60491
NM_080616	NM_080616	NM_080616	Hs.516978	140688
NM_012104	NM_012104	NM_012104	Hs.504003	23621
ENST00000463835		AB208808	Hs.512898	8764
NM_020457	NM_020457	NM_020457	Hs.632200	57215
NM_001001413	NM_001001413	NM_001001413	Hs.531569	283767
NM_016094	NM_016094	NM_016094	Hs.432729	51122
TCONS_00023171				NA
NM_016521	NM_016521	NM_016521	Hs.142908	51270
NM_001943	NM_001943	NM_001943	Hs.412597	1829
				NA
XR_132917	XR_132917	XR_132917		NA
NM_000993	NM_000993	NM_000993	Hs.469473	NA
THC2620084				NA
ENST00000221482		AB058717	Hs.713641	84444
NM_001143936	NM_001143936	NM_001143936	Hs.438385	145853
NM_032034	NM_032034	NM_032034	Hs.105607	83959
NM_018719	NM_018719	NM_018719	Hs.520245	55536
NM_001099666	NM_001099666	NM_001099666	Hs.625945	375743
NM_006417	NM_006417	NM_006417	Hs.82316	10561
NM_000629	NM_000629	NM_000629	Hs.529400	3454
NR_015404	NR_015404	NR_015404	Hs.333120	51275
NM_001174118	NM_001174118	NM_001174118	Hs.436495	399664
NM_018002	NM_018002	NM_018002	Hs.730351	NA
NM_006098	NM_006098	NM_006098	Hs.5662	10399
BC004968		BC004968	Hs.121180	440330
NM_153695	NM_153695	NM_153695	Hs.494557	195828
NM_000194	NM_000194	NM_000194	Hs.412707	3251
ENST00000344649	XM_003118689	XM_003118689	Hs.459937	400499
NM_181805	NM_181805	NM_181805	Hs.472831	11142
NM_002067	NM_002067	NM_002067	Hs.650575	2767
NR_002984	NR_002984	NR_002984		NA
				NA

NM_032478	NM_032478	NM_032478	Hs.442609	64978
NM_020406	NM_020406	NM_020406	Hs.232165	NA
				NA
AW963197		AW963197	Hs.652562	NA
NM_014322	NM_014322	NM_014322	Hs.409081	23596
NM_001039656	NM_001039656	NM_001039656	Hs.145932	9633
NM_030930	NM_030930	NM_030930	Hs.726559	81622
NM_032357	NM_032357	NM_032357	Hs.104203	84317
NM_000320	NM_000320	NM_000320	Hs.75438	5860
NM_001025071	NM_001025071	NM_001025071	Hs.381126	6208
NR_028496	NR_028496	NR_028496	Hs.487035	202459
				NA
NM_022826	NM_022826	NM_022826	Hs.529272	64844
XM_003403404	XM_003403404	XM_003403404		NA
ENST00000422473		AK094771		NA
				NA
NM_001012421	NM_001012421	NM_001012421	Hs.721855	NA
XR_109667	XR_109667	XR_109667	Hs.729814	400863
NM_000532	NM_000532	NM_000532	Hs.63788	5096
NM_001120	NM_001120	NM_001120	Hs.632581	10227
NM_001124758	NM_001124758	NM_001124758	Hs.22824	124976
NM_001198832	NM_001198832	NM_001198832	Hs.708687	NA
NM_004080	NM_004080	NM_004080	Hs.567255	1607
NM_032125	NM_032125	NM_032125	Hs.469171	84065
NM_000789	NM_000789	NM_000789	Hs.298469	1636
NM_152612	NM_152612	NM_152612	Hs.131615	164592
NM_004722	NM_004722	NM_004722	Hs.632317	9179
NM_001961	NM_001961	NM_001961	Hs.515070	1938
NM_145057	NM_145057	NM_145057	Hs.415791	148170
ENST00000523123		BC082237		NA
NM_021033	NM_021033	NM_021033	Hs.508480	5911
NM_022470	NM_022470	NM_022470	Hs.371609	64393
TCONS_00019562				NA
ENST00000461527		AJ412054	Hs.616702	NA
AY203961		AY203961	Hs.689803	NA
ENST00000432984				NA
NM_014007	NM_014007	NM_014007	Hs.355581	23099
				NA
NM_001160115	NM_001160115	NM_001160115	Hs.352541	NA
TCONS_00023483				NA
NM_018466	NM_018466	NM_018466	Hs.443061	79868
NM_001145513	NM_001145513	NM_001145513	Hs.520740	9805
XR_132545	XR_132545	XR_132545	Hs.665518	286149
NM_002744	NM_002744	NM_002744	Hs.496255	5590

NM_004734	NM_004734	NM_004734	Hs.507755	9201
NM_014663	NM_014663	NM_014663	Hs.155983	9682
NM_015397	NM_015397	NM_015397	Hs.493750	25853
XR_132538	XR_132538	XR_132538	Hs.520384	100288292
				NA
TCONS_00023741				NA
NM_054016	NM_054016	NM_054016	Hs.3530	10772
NM_000986	NM_000986	NM_000986	Hs.477028	6152
NM_014787	NM_014787	NM_014787	Hs.647643	9829
NM_001243533	NM_001243533	NM_001243533	Hs.468801	149420
NM_014338	NM_014338	NM_014338	Hs.420559	23761
AF001893		AF001893	Hs.523789	283131
NM_024876	NM_024876	NM_024876	Hs.130712	79934
				NA
ENST00000441510		AF229166	Hs.503160	NA
NM_006451	NM_006451	NM_006451	Hs.482038	10605
THC2523617				NA
XM_003403859	XM_003403859	XM_003403859		NA
NM_005218	NM_005218	NM_005218	Hs.32949	1672
NM_001008489	NM_001008489	NM_001008489	Hs.655150	493911
NR_026742	NR_026742	NR_026742		158572
NM_020309	NM_020309	NM_020309	Hs.375616	57030
NR_026906	NR_026906	NR_026906	Hs.128813	147081
NM_002720	NM_002720	NM_002720	Hs.534338	5531
ENST00000553174				NA
ENST00000366779		AK123980	Hs.118241	56997
NM_207414	NM_207414	NM_207414	Hs.689547	389690
AK056507		AK056507	Hs.183953	440137
NM_022836	NM_022836	NM_022836	Hs.591412	64858
NM_005653	NM_005653	NM_005653	Hs.48849	7024
NM_001001502	NM_001001502	NM_001001502	Hs.90297	6620
NM_006325	NM_006325	NM_006325	Hs.10842	5901
NM_005105	NM_005105	NM_005105	Hs.591455	9939
NM_014847	NM_014847	NM_014847	Hs.490551	9898
NM_001145951	NM_001145951	NM_001145951		NA
NM_004507	NM_004507	NM_004507	Hs.152983	3364
NM_020717	NM_020717	NM_020717	Hs.420541	57477
NM_138459	NM_138459	NM_138459	Hs.289008	116150
NM_007210	NM_007210	NM_007210	Hs.505575	11226
NM_007161	NM_007161	NM_007161	Hs.436066	7940
XR_109498	XR_109498	XR_109498	Hs.721209	NA
NR_024271	NR_024271	NR_024271		NA
NM_006313	NM_006313	NM_006313	Hs.434951	9958
NM_181803	NM_181803	NM_181803	Hs.93002	11065

NM_014855	NM_014855	NM_014855	Hs.558440	9907
NM_016523	NM_016523	NM_016523	Hs.183125	51348
NM_021646	NM_021646	NM_021646	Hs.513316	26048
NM_022105	NM_022105	NM_022105	Hs.517172	11083
NM_001011	NM_001011	NM_001011	Hs.546287	6201
NM_001136498	NM_001136498	NM_001136498	Hs.713595	284106
ENST00000409310		BC022294	Hs.652169	NA
XR_108694	XR_108694	XR_108694	Hs.659413	100129195
NM_000877	NM_000877	NM_000877	Hs.701982	3554
NM_001025204	NM_001025204	NM_001025204		NA
NM_012090	NM_012090	NM_012090	Hs.472475	23499
AF258587		AF258587		645261
TCONS_00004750				NA
NM_003609	NM_003609	NM_003609	Hs.592046	8479
NM_153353	NM_153353	NM_153353	Hs.591289	151827
NM_006777	NM_006777	NM_006777	Hs.143604	10009
NM_001888	NM_001888	NM_001888	Hs.924	1428
NM_001099678	NM_001099678	NM_001099678	Hs.518084	116064
NM_020819	NM_020819	NM_020819	Hs.211700	57579
NM_001080413	NM_001080413	NM_001080413	Hs.558628	135935
NM_004479	NM_004479	NM_004479	Hs.457	2529
NR_003605	NR_003605	NR_003605	Hs.356766	441951
NM_033487	NM_033487	NM_033487	Hs.709182	984
NM_001205262	NM_001205262	NM_001205262	Hs.729746	25788
NM_024068	NM_024068	NM_024068	Hs.240170	79035
NM_001122772	NM_001122772	NM_001122772	Hs.302435	116986
NM_024503	NM_024503	NM_024503	Hs.729693	59269
NM_182985	NM_182985	NM_182985	Hs.489254	140691
NM_006012	NM_006012	NM_006012	Hs.515092	8192
AK023629		AK023629		NA
TCONS_00017313				NA
XR_108672	XR_108672	XR_108672	Hs.104774	NA
NM_001079675	NM_001079675	NM_001079675	Hs.434059	2118
NM_014820	NM_014820	NM_014820	Hs.227253	9868
NM_001167	NM_001167	NM_001167	Hs.356076	331
THC2540172				NA
NM_018115	NM_018115	NM_018115	Hs.632604	55153
XR_109683	XR_109683	XR_109683	Hs.171428	246704
XR_109925	XR_109925	XR_109925	Hs.673671	NA
NM_014691	NM_014691	NM_014691	Hs.510958	9716
NM_022334	NM_022334	NM_022334	Hs.467662	9270
NM_004505	NM_004505	NM_004505	Hs.448851	9098
NM_018389	NM_018389	NM_018389	Hs.12211	55343
NM_001076787	NM_001076787	NM_001076787	Hs.554791	9537

NM_003331	NM_003331	NM_003331	Hs.75516	7297
AK309642		AK309642	Hs.248472	3687
NM_199294	NM_199294	NM_199294	Hs.412311	378708
NM_005439	NM_005439	NM_005439	Hs.524214	8079
NM_016320	NM_016320	NM_016320	Hs.524750	4928
NM_018197	NM_018197	NM_018197	Hs.473082	55734
NM_138574	NM_138574	NM_138574	Hs.629246	154150
TCONS_00010076				NA
NM_032888	NM_032888	NM_032888	Hs.494892	85301
				NA
NM_003512	NM_003512	NM_003512	Hs.730735	8334
ENST00000395215	XR_109175	XR_109175	Hs.635230	NA
NM_003475	NM_003475	NM_003475	Hs.72925	8045
NM_003357	NM_003357	NM_003357	Hs.523732	7356
				NA
NM_031435	NM_031435	NM_031435	Hs.245798	83591
NM_012249	NM_012249	NM_012249	Hs.709193	23433
NM_032854	NM_032854	NM_032854	Hs.143046	84940
ENST00000442128		AK024144		NA
NR_036513	NR_036513	NR_036513	Hs.152129	100131138
NM_021733	NM_021733	NM_021733	Hs.515858	60385
NM_080657	NM_080657	NM_080657	Hs.17518	91543
NM_004168	NM_004168	NM_004168	Hs.440475	6389
NM_025125	NM_025125	NM_025125	Hs.169982	80195
NM_153218	NM_153218	NM_153218	Hs.210586	144811
NM_002505	NM_002505	NM_002505	Hs.10441	4800
ENST00000390285		BC023973	Hs.535668	NA
ENST00000366116		AL157466	Hs.664105	NA
NM_178353	NM_178353	NM_178353	Hs.250236	353135
NR_024627	NR_024627	NR_024627	Hs.127821	55539
TCONS_00015134				NA
TCONS_00000293				NA
NM_002077	NM_002077	NM_002077	Hs.133469	2800
XR_109053	XR_109053	XR_109053	Hs.672472	NA
NM_001146685	NM_001146685	NM_001146685	Hs.729765	643965
NM_001102653	NM_001102653	NM_001102653	Hs.270851	54726
NM_004565	NM_004565	NM_004565	Hs.149983	5195
NM_016535	NM_016535	NM_016535	Hs.20768	51545
NM_001135005	NM_001135005	NM_001135005	Hs.237506	25822
NR_037629	NR_037629	NR_037629		728739
NM_173510	NM_173510	NM_173510	Hs.406460	150275
BC030754		BC030754	Hs.729517	NA
NM_014750	NM_014750	NM_014750	Hs.77695	9787
ENST00000429274	XR_132593	XR_132593	Hs.370479	NA

ENST00000453179		DA142060	Hs.582960	NA
NM_017446	NM_017446	NM_017446		NA
NM_000456	NM_000456	NM_000456	Hs.558403	6821
ENST00000453135		BC039491	Hs.568616	NA
NM_000942	NM_000942	NM_000942	Hs.434937	5479
NM_014272	NM_014272	NM_014272	Hs.16441	11173
THC2541083				NA
ENST00000500161		AK090893	Hs.458377	79673
ENST00000313664		AK172864	Hs.632079	81621
NR_039984	NR_039984	NR_039984	Hs.566412	NA
NM_022126	NM_022126	NM_022126	Hs.527748	64077
NM_020944	NM_020944	NM_020944	Hs.443134	57704
ENST00000401695				6208
THC2784169				NA
NM_001001824	NM_001001824	NM_001001824	Hs.553814	403239
NM_003721	NM_003721	NM_003721	Hs.296776	8625
TCONS_I2_00000968				NA
NM_001197	NM_001197	NM_001197	Hs.475055	638
ENST00000447197	XM_003119663	XM_003119663	Hs.726759	NA
THC2558373				NA
ENST00000082259		BC034225	Hs.367649	146754
NM_014956	NM_014956	NM_014956	Hs.504009	22897
NM_007331	NM_007331	NM_007331	Hs.113876	7468
XR_110221	XR_110221	XR_110221		NA
XR_111773	XR_111773	XR_111773	Hs.730381	147341
NM_019589	NM_019589	NM_019589	Hs.531111	56252
NM_001242898	NM_001242898	NM_001242898	Hs.449098	9701
TCONS_00025349				NA
NM_018668	NM_018668	NM_018668	Hs.728254	26276
ENST00000535746		BX956036	Hs.446495	NA
NM_001024	NM_001024	NM_001024	Hs.190968	6227
NM_004368	NM_004368	NM_004368	Hs.651512	1265
NM_017666	NM_017666	NM_017666	Hs.308418	55609
NM_178135	NM_178135	NM_178135	Hs.284414	345275
				NA
				NA
NM_001024071	NM_001024071	NM_001024071	Hs.86724	2643
NM_144597	NM_144597	NM_144597	Hs.352541	123207
NR_036488	NR_036488	NR_036488		NA
NM_000982	NM_000982	NM_000982	Hs.381123	6144
NR_002793	NR_002793	NR_002793	Hs.528448	NA
ENST00000370702				NA
NM_001012716	NM_001012716	NM_001012716	Hs.723326	494514
NR_024343	NR_024343	NR_024343	Hs.717310	NA

NM_003866	NM_003866	NM_003866	Hs.531403	8821
NM_000112	NM_000112	NM_000112	Hs.302738	1836
ENST00000410117				7456
AW503309		AW503309	Hs.592113	NA
NM_138287	NM_138287	NM_138287	Hs.518201	151636
XR_108910	XR_108910	XR_108910	Hs.586401	100505501
NM_001168214	NM_001168214	NM_001168214	Hs.729755	401097
NM_024296	NM_024296	NM_024296	Hs.728913	79140
AK127589		AK127589		400666
BC034319		BC034319		NA
TCONS_00022627				NA
THC2712321				NA
ENST00000481340		AF160499	Hs.528631	414
NR_024074	NR_024074	NR_024074	Hs.375441	NA
NM_012135	NM_012135	NM_012135	Hs.140944	26240
ENST00000520549		BC038539	Hs.519680	345611
TCONS_00015974				NA
NM_001003408	NM_001003408	NM_001003408	Hs.438236	3983
NM_178181	NM_178181	NM_178181	Hs.476093	64866
NM_182584	NM_182584	NM_182584	Hs.353262	284805
ENST00000398495				4152
NR_039989	NR_039989	NR_039989	Hs.42197	NA
NM_000992	NM_000992	NM_000992	Hs.425125	6159
TCONS_00003794				NA
NM_007080	NM_007080	NM_007080	Hs.190520	11157
ENST00000429853				NA
NM_176072	NM_176072	NM_176072	Hs.339	5029
D50525		D50525		NA
NM_014412	NM_014412	NM_014412	Hs.508524	27101
NM_001166208	NM_001166208	NM_001166208	Hs.435228	11346
NM_032164	NM_032164	NM_032164	Hs.386324	84124
NM_001560	NM_001560	NM_001560	Hs.496646	3597
NM_005836	NM_005836	NM_005836	Hs.18426	10247
NM_001009905	NM_001009905	NM_001009905	Hs.730724	146712
AK090438		AK090438	Hs.653679	81926
NM_001136116	NM_001136116	NM_001136116	Hs.445740	345462
NM_145012	NM_145012	NM_145012	Hs.14745	219771
TCONS_I2_00003281				NA
NM_014308	NM_014308	NM_014308	Hs.278901	23533
NR_027456	NR_027456	NR_027456	Hs.496916	NA
NM_014383	NM_014383	NM_014383	Hs.99430	27033
NM_019027	NM_019027	NM_019027	Hs.518727	54502
NM_057749	NM_057749	NM_057749	Hs.521693	9134
NR_002778	NR_002778	NR_002778	Hs.658086	118432

NR_038871	NR_038871	NR_038871	Hs.473425	246312
NM_007372	NM_007372	NM_007372	Hs.702010	11325
				NA
AK309218		AK309218		NA
NM_001024666	NM_001024666	NM_001024666	Hs.726365	30011
NR_033877	NR_033877	NR_033877	Hs.577960	400123
NR_027282	NR_027282	NR_027282	Hs.113871	399815
TCONS_I2_00020780				NA
NM_002592	NM_002592	NM_002592		NA
NM_207672	NM_207672	NM_207672	Hs.109929	56850
NR_024031	NR_024031	NR_024031	Hs.17719	57291
				NA
ENST00000434007		BC172311		NA
				NA
NM_015987	NM_015987	NM_015987	Hs.642618	50865
NM_001012264	NM_001012264	NM_001012264	Hs.666729	440163
NM_024597	NM_024597	NM_024597	Hs.446275	79649
TCONS_I2_00012260				NA
NM_022080	NM_022080	NM_022080	Hs.269471	63908
NM_023944	NM_023944	NM_023944	Hs.131459	66002
NM_005947	NM_005947	NM_005947	Hs.656629	4490
NM_002952	NM_002952	NM_002952	Hs.356366	6187
NM_014305	NM_014305	NM_014305	Hs.12393	23483
NR_002171	NR_002171	NR_002171	Hs.363054	283491
NM_024958	NM_024958	NM_024958	Hs.416024	80023
NM_006440	NM_006440	NM_006440	Hs.443430	10587
NM_000565	NM_000565	NM_000565	Hs.709210	3570
NM_053052	NM_053052	NM_053052	Hs.325081	116841
NR_036470	NR_036470	NR_036470	Hs.404449	NA
NM_001178056	NM_001178056	NM_001178056	Hs.369581	NA
NM_138387	NM_138387	NM_138387	Hs.294005	92579
THC2525615				NA
BX114012		BX114012	Hs.558816	NA
NM_018369	NM_018369	NM_018369	Hs.482233	55789
ENST00000366877				55061
NM_001031734	NM_001031734	NM_001031734	Hs.654865	112812
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
AK123527		AK123527	Hs.635499	NA
NM_001145305	NM_001145305	NM_001145305	Hs.313471	80726
NM_001989	NM_001989	NM_001989	Hs.369879	2128
NM_004968	NM_004968	NM_004968	Hs.487561	3382
NM_022727	NM_022727	NM_022727	Hs.713579	27037
THC2715283				NA
NM_015310	NM_015310	NM_015310	Hs.434255	23362

NM_025191	NM_025191	NM_025191	Hs.523811	80267
NM_015694	NM_015694	NM_015694	Hs.38512	27153
NM_002226	NM_002226	NM_002226	Hs.433445	3714
				NA
NM_005917	NM_005917	NM_005917	Hs.526521	4190
NM_032412	NM_032412	NM_032412	Hs.529798	84418
XR_108596	XR_108596	XR_108596	Hs.628363	NA
NM_145715	NM_145715	NM_145715	Hs.58924	166815
NM_006943	NM_006943	NM_006943	Hs.43627	6666
ENST00000485282				NA
NM_004474	NM_004474	NM_004474	Hs.166188	2306
TCONS_00006644				NA
NM_001204827	NM_001204827	NM_001204827		NA
NM_003820	NM_003820	NM_003820	Hs.512898	8764
XM_001718823	XM_001718823	XM_001718823	Hs.632640	100134663
TCONS_00008278				NA
NM_000982	NM_000982	NM_000982	Hs.381123	6144
NM_001006	NM_001006	NM_001006	Hs.356572	6189
NM_001031701	NM_001031701	NM_001031701	Hs.48428	51559
NM_014258	NM_014258	NM_014258	Hs.202676	10388
NM_175861	NM_175861	NM_175861	Hs.401954	83857
NM_172387	NM_172387	NM_172387	Hs.534074	4772
NM_182971	NM_182971	NM_182971	Hs.666459	341947
NM_004426	NM_004426	NM_004426	Hs.305985	1911
NM_004183	NM_004183	NM_004183	Hs.712676	7439
NM_001018067	NM_001018067	NM_001018067	Hs.730604	26135
NM_152644	NM_152644	NM_152644	Hs.114648	NA
TCONS_I2_00012889				NA
NM_000061	NM_000061	NM_000061	Hs.159494	695
NM_020313	NM_020313	NM_020313	Hs.4900	57019
NM_012428	NM_012428	NM_012428	Hs.187866	27020
ENST00000507391				NA
NM_004946	NM_004946	NM_004946	Hs.586174	1794
NM_006589	NM_006589	NM_006589	Hs.348308	10712
ENST00000423112		BX118352	Hs.122828	NA
ENST00000382938		AK124794	Hs.618112	321
NR_002184	NR_002184	NR_002184	Hs.728878	91695
				NA
NM_023931	NM_023931	NM_023931	Hs.592032	65988
XR_132608	XR_132608	XR_132608	Hs.681104	647086
NM_021177	NM_021177	NM_021177	Hs.103106	57819
ENST00000375922		BC104025	Hs.712915	164395
				NA
NM_001520	NM_001520	NM_001520	Hs.371718	2975

NR_015434	NR_015434	NR_015434	Hs.182698	148413
NR_027256	NR_027256	NR_027256	Hs.93698	340206
NM_005738	NM_005738	NM_005738	Hs.245540	10124
NM_032632	NM_032632	NM_032632	Hs.253726	10914
ENST00000377186		BX118328	Hs.453549	NA
NM_021974	NM_021974	NM_021974	Hs.436578	5435
NM_016144	NM_016144	NM_016144	Hs.483136	51397
NM_001162371	NM_001162371	NM_001162371	Hs.104305	728392
NM_030943	NM_030943	NM_030943	Hs.534494	81693
NM_139159	NM_139159	NM_139159	Hs.515081	91039
NM_001031722	NM_001031722	NM_001031722	Hs.654798	79969
THC2598763				NA
				NA
NM_004493	NM_004493	NM_004493	Hs.171280	3028
NM_002438	NM_002438	NM_002438	Hs.75182	4360
NR_024403	NR_024403	NR_024403	Hs.7921	730101
NM_017825	NM_017825	NM_017825	Hs.18021	54936
NM_001637	NM_001637	NM_001637	Hs.488007	313
NM_001031716	NM_001031716	NM_001031716	Hs.591610	64859
NM_001114120	NM_001114120	NM_001114120	Hs.445098	55635
ENST00000507296				NA
NM_001242802	NM_001242802	NM_001242802	Hs.282067	NA
NM_000984	NM_000984	NM_000984	Hs.419463	6147
NP106769				NA
NM_001082488	NM_001082488	NM_001082488	Hs.647569	728635
TCONS_I2_00025055				NA
NM_001164458	NM_001164458	NM_001164458	Hs.664579	653857
BC032817		BC032817	Hs.528450	NA
NM_139045	NM_139045	NM_139045	Hs.298990	6595
NM_006773	NM_006773	NM_006773	Hs.363492	8886
NM_001085423	NM_001085423	NM_001085423	Hs.631749	284021
NR_027084	NR_027084	NR_027084	Hs.514016	284124
NM_006049	NM_006049	NM_006049	Hs.30174	10302
NM_015130	NM_015130	NM_015130	Hs.480819	23158
THC2691182				NA
NM_175698	NM_175698	NM_175698	Hs.661107	6757
AK096995		AK096995	Hs.647978	729558
BC050395		BC050395	Hs.655602	130872
NM_198468	NM_198468	NM_198468	Hs.444292	253714
NM_000953	NM_000953	NM_000953	Hs.306831	5729
NM_001199417	NM_001199417	NM_001199417	Hs.374446	57636
AL832729		AL832729	Hs.190365	NA
NM_005406	NM_005406	NM_005406	Hs.306307	6093
NM_007274	NM_007274	NM_007274	Hs.126137	11332

NM_001127208	NM_001127208	NM_001127208	Hs.367639	54790
NR_002454	NR_002454	NR_002454	Hs.654867	606724
XR_110291	XR_110291	XR_110291	Hs.474095	642477
TCONS_00025267				NA
NM_001203	NM_001203	NM_001203	Hs.598475	658
NM_144598	NM_144598	NM_144598	Hs.578684	123355
TCONS_I2_00003421				NA
NM_020650	NM_020650	NM_020650	Hs.567550	57333
NM_014765	NM_014765	NM_014765	Hs.533192	9804
				NA
NM_024837	NM_024837	NM_024837	Hs.511311	79895
NR_040513	NR_040513	NR_040513	Hs.663924	NA
ENST00000367716				NA
TCONS_I2_00002974				NA
NM_001172702	NM_001172702	NM_001172702	Hs.200738	145389
NM_001670	NM_001670	NM_001670	Hs.713616	421
NM_181787	NM_181787	NM_181787	Hs.567828	286148
ENST00000529783	XR_109948	XR_109948	Hs.503348	NA
NM_138774	NM_138774	NM_138774	Hs.557655	91300
NM_020414	NM_020414	NM_020414	Hs.510328	57062
NM_018434	NM_018434	NM_018434	Hs.484363	55819
NM_015394	NM_015394	NM_015394	Hs.507355	7556
NM_002799	NM_002799	NM_002799	Hs.213470	5695
ENST00000443016	XR_109008	XR_109008	Hs.688100	NA
NM_000985	NM_000985	NM_000985	Hs.374588	6139
NM_018216	NM_018216	NM_018216	Hs.26156	55229
NM_024313	NM_024313	NM_024313	Hs.632778	79159
NM_016456	NM_016456	NM_016456	Hs.181444	252839
NM_000947	NM_000947	NM_000947	Hs.654580	5558
NR_003239	NR_003239	NR_003239		NA
TCONS_00019400				NA
NM_175911	NM_175911	NM_175911	Hs.372936	284521
NM_017436	NM_017436	NM_017436	Hs.105956	53947
NM_001099670	NM_001099670	NM_001099670	Hs.443072	401466
XM_003119000	XM_003119000	XM_003119000	Hs.658098	NA
NM_001029954	NM_001029954	NM_001029954	Hs.559067	441549
NM_017816	NM_017816	NM_017816	Hs.425427	55646
NR_024497	NR_024497	NR_024497	Hs.497951	399744
TCONS_00022524				NA
NM_002561	NM_002561	NM_002561	Hs.12956	5026
NM_021130	NM_021130	NM_021130	Hs.356331	5478
ENST00000453579		BG196029	Hs.158769	NA
NM_015255	NM_015255	NM_015255	Hs.529925	23304
NR_044999	NR_044999	NR_044999	Hs.568153	10821

NM_057161	NM_057161	NM_057161	Hs.412468	116138
ENST00000374440				4593
ENST00000403506				130162
BC040189		BC040189	Hs.514516	400622
TCONS_I2_00008986				NA
NM_004077	NM_004077	NM_004077	Hs.728168	1431
NM_199297	NM_199297	NM_199297	Hs.13645	29087
NM_016206	NM_016206	NM_016206	Hs.435013	389136
NM_006911	NM_006911	NM_006911	Hs.368996	6013
NR_033976	NR_033976	NR_033976	Hs.165899	NA
NM_001079935	NM_001079935	NM_001079935	Hs.129832	26648
NM_020928	NM_020928	NM_020928	Hs.650537	NA
ENST00000444663	XR_110118	XR_110118		NA
NM_000215	NM_000215	NM_000215	Hs.515247	3718
NM_032107	NM_032107	NM_032107	Hs.709356	26013
				NA
NM_002061	NM_002061	NM_002061	Hs.315562	2730
NM_001387	NM_001387	NM_001387	Hs.519659	1809
NM_175732	NM_175732	NM_175732	Hs.728160	114971
NM_016377	NM_016377	NM_016377	Hs.486483	9465
NM_148894	NM_148894	NM_148894	Hs.444517	259282
NM_024496	NM_024496	NM_024496	Hs.728364	64207
				NA
				NA
NM_003016	NM_003016	NM_003016	Hs.584801	6427
				NA
NM_001145146	NM_001145146	NM_001145146	Hs.417628	1394
TCONS_00021769				NA
NM_024580	NM_024580	NM_024580	Hs.459114	79631
NM_033070	NM_033070	NM_033070	Hs.26890	27440
NM_002553	NM_002553	NM_002553	Hs.432948	5001
ENST00000417703		AK057820		NA
BC027847		BC027847	Hs.551860	NA
NM_014665	NM_014665	NM_014665	Hs.459391	9684
NM_001184970	NM_001184970	NM_001184970	Hs.162877	11252
NM_178832	NM_178832	NM_178832	Hs.217409	118812
NM_001005386	NM_001005386	NM_001005386	Hs.728857	10097
NM_000984	NM_000984	NM_000984	Hs.419463	6147
NM_006013	NM_006013	NM_006013	Hs.534404	6134
				NA
NM_032575	NM_032575	NM_032575	Hs.592087	84662
NM_005011	NM_005011	NM_005011	Hs.654363	4899
NM_001080825	NM_001080825	NM_001080825	Hs.644504	144404
NM_005680	NM_005680	NM_005680	Hs.584833	9014

NM_174941	NM_174941	NM_174941	Hs.631727	283316
CR749588		CR749588	Hs.585221	NA
NM_015202	NM_015202	NM_015202	Hs.460459	23247
NM_000982	NM_000982	NM_000982	Hs.381123	6144
TCONS_00018571				NA
NM_001135844	NM_001135844	NM_001135844	Hs.664861	10326
BC007940		BC007940		NA
NM_173659	NM_173659	NM_173659	Hs.33719	285367
NM_000358	NM_000358	NM_000358	Hs.369397	7045
ENST00000427775		CR614876	Hs.571122	NA
AK074662		AK074662		5152
NR_002161	NR_002161	NR_002161		401630
NM_000282	NM_000282	NM_000282	Hs.80741	5095
NM_014757	NM_014757	NM_014757	Hs.631951	9794
NM_001145312	NM_001145312	NM_001145312	Hs.105636	2117
NR_024344	NR_024344	NR_024344	Hs.504370	NA
NR_038906	NR_038906	NR_038906	Hs.520367	NA
NM_006987	NM_006987	NM_006987	Hs.651925	9501
				NA
NM_013406	NM_013406	NM_013406	Hs.79064	1725
NM_007280	NM_007280	NM_007280	Hs.661645	11339
				NA
TCONS_00019571				NA
TCONS_00026578				NA
NM_001145045	NM_001145045	NM_001145045	Hs.534279	729288
NR_003219	NR_003219	NR_003219		NA
NM_016188	NM_016188	NM_016188	Hs.259831	51412
NM_030763	NM_030763	NM_030763	Hs.282204	79366
NM_019896	NM_019896	NM_019896	Hs.469060	56655
NM_006020	NM_006020	NM_006020	Hs.94542	8846
				NA
NM_032128	NM_032128	NM_032128	Hs.659209	84068
NM_145260	NM_145260	NM_145260	Hs.123933	130497
NM_015257	NM_015257	NM_015257	Hs.591040	23306
NM_080738	NM_080738	NM_080738	Hs.352224	128178
NM_006426	NM_006426	NM_006426	Hs.100058	10570
TCONS_00004576				NA
NM_005066	NM_005066	NM_005066	Hs.355934	6421
NM_017629	NM_017629	NM_017629	Hs.471492	192670
NM_000984	NM_000984	NM_000984	Hs.419463	6147
NM_014654	NM_014654	NM_014654	Hs.158287	9672
NM_022106	NM_022106	NM_022106	Hs.54973	63939
NM_033449	NM_033449	NM_033449	Hs.591257	89848
NM_139162	NM_139162	NM_139162	Hs.655555	125170

NR_026885	NR_026885	NR_026885	Hs.598768	NA
NM_152307	NM_152307	NM_152307	Hs.525610	115708
NM_018119	NM_018119	NM_018119	Hs.460298	55718
NM_024782	NM_024782	NM_024782	Hs.225988	79840
NR_038397	NR_038397	NR_038397		NA
ENST00000512335		AK126102	Hs.660513	NA
BF570763		BF570763	Hs.467061	100170226
BC092509		BC092509		NA
THC2550570				NA
NM_181745	NM_181745	NM_181745	Hs.661022	338557
ENST00000454651		DB229023	Hs.716063	NA
NM_001004708	NM_001004708	NM_001004708	Hs.553650	219983
NM_015079	NM_015079	NM_015079	Hs.567426	23102
NM_001774	NM_001774	NM_001774	Hs.166556	951
NM_002889	NM_002889	NM_002889	Hs.647064	5919
NM_016417	NM_016417	NM_016417	Hs.728210	51218
NM_199461	NM_199461	NM_199461	Hs.591918	340719
AK129671		AK129671	Hs.664886	NA
NM_031216	NM_031216	NM_031216	Hs.301048	81929
NM_203342	NM_203342	NM_203342	Hs.175437	2035
NR_037195	NR_037195	NR_037195	Hs.655713	NA
NM_145315	NM_145315	NM_145315	Hs.259666	246269
TCONS_I2_00008270				NA
NM_032294	NM_032294	NM_032294	Hs.8417	84254
NM_207366	NM_207366	NM_207366	Hs.471887	NA
NM_002598	NM_002598	NM_002598	Hs.367900	5134
NM_014652	NM_014652	NM_014652	Hs.158497	9670
NM_007157	NM_007157	NM_007157	Hs.156257	158586
NM_030756	NM_030756	NM_030756	Hs.593995	6934
NM_001204513	NM_001204513	NM_001204513	Hs.396178	100533952
NM_016492	NM_016492	NM_016492	Hs.408233	29098
NM_001280	NM_001280	NM_001280	Hs.618145	1153
NM_003133	NM_003133	NM_003133	Hs.511425	6726
NM_024040	NM_024040	NM_024040	Hs.500874	79004
NM_014441	NM_014441	NM_014441	Hs.245828	27180
NM_003224	NM_003224	NM_003224	Hs.389277	10139
NM_032303	NM_032303	NM_032303	Hs.59486	84263
NM_018100	NM_018100	NM_018100	Hs.403171	114327
NM_001008657	NM_001008657	NM_001008657	Hs.519672	6949
NM_000251	NM_000251	NM_000251	Hs.597656	4436
NM_198461	NM_198461	NM_198461	Hs.21380	164832
NM_001190489	NM_001190489	NM_001190489	Hs.727092	NA
NM_018489	NM_018489	NM_018489	Hs.491060	55870
NM_004645	NM_004645	NM_004645	Hs.532795	8161

NM_022767	NM_022767	NM_022767	Hs.436102	64782
NM_001358	NM_001358	NM_001358	Hs.696074	1665
NM_152599	NM_152599	NM_152599	Hs.213603	162387
NM_022831	NM_022831	NM_022831	Hs.534965	64853
ENST00000405673				55007
TCONS_I2_00017151				NA
NM_002467	NM_002467	NM_002467	Hs.202453	4609
NM_001127208	NM_001127208	NM_001127208	Hs.367639	54790
NM_014848	NM_014848	NM_014848	Hs.21754	9899
TCONS_00014759				NA
NM_032582	NM_032582	NM_032582	Hs.730751	NA
TCONS_00003998				NA
AK124556		AK124556	Hs.730332	100132966
NM_002072	NM_002072	NM_002072	Hs.269782	2776
ENST00000422343		BX119021	Hs.134153	NA
NM_001195304	NM_001195304	NM_001195304	Hs.232543	92482
CB270075		CB270075	Hs.722546	NA
NM_032194	NM_032194	NM_032194	Hs.372265	84154
NM_032900	NM_032900	NM_032900	Hs.80305	84986
NM_021934	NM_021934	NM_021934	Hs.9911	60673
THC2636507				NA
NM_017782	NM_017782	NM_017782	Hs.610717	NA
THC2746386				NA
TCONS_00026270				NA
NM_207362	NM_207362	NM_207362	Hs.469398	343990
NM_020821	NM_020821	NM_020821	Hs.511668	54832
XR_109102	XR_109102	XR_109102	Hs.535392	NA
NM_025138	NM_025138	NM_025138	Hs.318526	80209
AF161364		AF161364	Hs.551062	NA
NM_198887	NM_198887	NM_198887	Hs.510375	348995
NM_005148	NM_005148	NM_005148	Hs.410455	9094
NM_004122	NM_004122	NM_004122	Hs.130212	2693
NM_002598	NM_002598	NM_002598	Hs.367900	5134
NR_038430	NR_038430	NR_038430	Hs.606550	NA
NM_015306	NM_015306	NM_015306	Hs.477009	23358
				NA
NM_001071	NM_001071	NM_001071	Hs.592338	7298
				NA
NM_000154	NM_000154	NM_000154	Hs.407966	2584
NM_033255	NM_033255	NM_033255	Hs.546467	94240
NM_014791	NM_014791	NM_014791	Hs.184339	9833
NM_000060	NM_000060	NM_000060	Hs.517830	686
NM_005911	NM_005911	NM_005911	Hs.516157	4144
NM_138777	NM_138777	NM_138777	Hs.368011	92399

NM_020401	NM_020401	NM_020401	Hs.524574	57122
NM_007349	NM_007349	NM_007349	Hs.443881	22976
NM_001079515	NM_001079515	NM_001079515	Hs.498143	6905
NM_145176	NM_145176	NM_145176	Hs.486508	154091
NR_038431	NR_038431	NR_038431		NA
NM_019066	NM_019066	NM_019066	Hs.141496	54551
ENST00000524079				NA
ENST00000383038	XR_133276	XR_133276	Hs.648247	NA
NM_033406	NM_033406	NM_033406	Hs.406787	26273
NM_032738	NM_032738	NM_032738	Hs.266331	84824
NM_002741	NM_002741	NM_002741	Hs.466044	5585
NM_199460	NM_199460	NM_199460	Hs.118262	775
NM_001171689	NM_001171689	NM_001171689	Hs.656243	9949
NM_016322	NM_016322	NM_016322	Hs.371563	51552
NM_031966	NM_031966	NM_031966	Hs.23960	891
XR_132642	XR_132642	XR_132642		NA
NM_007111	NM_007111	NM_007111	Hs.79353	7027
NM_017662	NM_017662	NM_017662	Hs.272225	140803
NM_004906	NM_004906	NM_004906	Hs.446091	9589
THC2532393				NA
NM_001077419	NM_001077419	NM_001077419	Hs.156784	79583
NM_017696	NM_017696	NM_017696	Hs.279008	254394
NM_005610	NM_005610	NM_005610	Hs.16003	5928
ENST00000412204		AK090412	Hs.709909	NA
NM_001006	NM_001006	NM_001006	Hs.356572	6189
ENST00000349937				6934
NM_014423	NM_014423	NM_014423	Hs.519313	27125
NM_001145638	NM_001145638	NM_001145638	Hs.239370	26086
NM_000982	NM_000982	NM_000982	Hs.381123	6144
NM_000262	NM_000262	NM_000262	Hs.75372	4668
NM_016070	NM_016070	NM_016070	Hs.5836	51649
				NA
NM_201380	NM_201380	NM_201380	Hs.434248	5339
				NA
NM_005499	NM_005499	NM_005499	Hs.631580	10054
NM_018163	NM_018163	NM_018163	Hs.511069	55192
NM_198883	NM_198883	NM_198883	Hs.490874	4580
NM_012204	NM_012204	NM_012204	Hs.656646	9329
NM_001142625	NM_001142625	NM_001142625	Hs.301853	83871
NM_006864	NM_006864	NM_006864	Hs.631592	11025
NM_004829	NM_004829	NM_004829	Hs.97084	9437
NM_001427	NM_001427	NM_001427	Hs.134989	2020
NM_174921	NM_174921	NM_174921	Hs.576320	201895
NM_199001	NM_199001	NM_199001	Hs.512469	375791

ENST00000361453		AK026903	Hs.631494	4536
				NA
				NA
THC2773489				NA
NM_001010878	NM_001010878	NM_001010878	Hs.58373	283951
NM_174889	NM_174889	NM_174889	Hs.591757	NA
NM_014949	NM_014949	NM_014949	Hs.728984	22889
XR_111905	XR_111905	XR_111905	Hs.664213	NA
TCONS_00010121				NA
NM_018119	NM_018119	NM_018119	Hs.460298	55718
BC034806		BC034806	Hs.572321	NA
NM_001015072	NM_001015072	NM_001015072	Hs.534845	402682
AK130860		AK130860		NA
AK026502		AK026502	Hs.730728	NA
ENST00000448102		BC044241	Hs.535586	NA
NM_005082	NM_005082	NM_005082	Hs.528952	7706
XR_132526	XR_132526	XR_132526	Hs.713360	NA
NM_025219	NM_025219	NM_025219	Hs.164419	80331
NM_002257	NM_002257	NM_002257	Hs.123107	3816
NM_025151	NM_025151	NM_025151	Hs.191179	80223
NM_001146106	NM_001146106	NM_001146106	Hs.518200	NA
TCONS_00029589				NA
NM_006613	NM_006613	NM_006613	Hs.567416	10750
NM_001206710	NM_001206710	NM_001206710	Hs.530862	5571
NM_002354	NM_002354	NM_002354	Hs.542050	4072
NM_145267	NM_145267	NM_145267	Hs.418495	135154
NR_026558	NR_026558	NR_026558	Hs.658215	441432
NR_026829	NR_026829	NR_026829	Hs.302131	84657
NM_018571	NM_018571	NM_018571	Hs.652338	55437
NR_028443	NR_028443	NR_028443	Hs.729650	NA
				NA
BC032569		BC032569		NA
XR_109525	XR_109525	XR_109525		NA
NM_001013632	NM_001013632	NM_001013632	Hs.585137	343521
NM_030786	NM_030786	NM_030786	Hs.712631	81493
NM_001082575	NM_001082575	NM_001082575	Hs.135229	146713
NM_197964	NM_197964	NM_197964	Hs.718441	154791
NM_005127	NM_005127	NM_005127	Hs.85201	9976
TCONS_I2_00006779				NA
NM_018157	NM_018157	NM_018157	Hs.131306	55188
NM_178509	NM_178509	NM_178509	Hs.35199	252983
NM_002574	NM_002574	NM_002574	Hs.180909	5052
NM_001618	NM_001618	NM_001618	Hs.177766	142
NM_052874	NM_052874	NM_052874	Hs.542230	112755

NM_152780	NM_152780	NM_152780	Hs.127951	256714
NM_001034	NM_001034	NM_001034	Hs.226390	6241
NM_001030059	NM_001030059	NM_001030059	Hs.40479	196051
ENST00000403208				66035
THC2481163				NA
				NA
NM_024899	NM_024899	NM_024899	Hs.236940	79959
NR_027153	NR_027153	NR_027153	Hs.452943	402176
NM_032047	NM_032047	NM_032047	Hs.718506	84002
NM_006255	NM_006255	NM_006255	Hs.333907	5583
ENST00000380278		BC030225	Hs.708268	79856
NM_015722	NM_015722	NM_015722	Hs.148680	50632
NM_152658	NM_152658	NM_152658	Hs.350209	199745
NM_001077239	NM_001077239	NM_001077239	Hs.591934	257160
NM_002810	NM_002810	NM_002810	Hs.505059	5710
NR_026921	NR_026921	NR_026921		202181
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.434890	NA
				NA
				NA
NM_022467	NM_022467	NM_022467	Hs.165724	64377
NM_001013732	NM_001013732	NM_001013732	Hs.659409	442213
ENST00000452440				NA
				NA
NM_181832	NM_181832	NM_181832	Hs.187898	4771
NM_006026	NM_006026	NM_006026	Hs.75307	8971
NM_032315	NM_032315	NM_032315	Hs.568613	84275
XR_109479	XR_109479	XR_109479	Hs.334493	84322
NM_014862	NM_014862	NM_014862	Hs.459070	9915
NM_000393	NM_000393	NM_000393	Hs.445827	1290
NM_134268	NM_134268	NM_134268	Hs.95120	114757
NM_020957	NM_020957	NM_020957	Hs.147674	57717
NM_014232	NM_014232	NM_014232	Hs.25348	6844
ENST00000458693				NA
NM_001252	NM_001252	NM_001252	Hs.501497	970
AK124741		AK124741	Hs.585046	NA
NM_001077394	NM_001077394	NM_001077394	Hs.440776	51611
TCONS_00025573				NA
NM_020396	NM_020396	NM_020396	Hs.283672	10017
NM_016504	NM_016504	NM_016504	Hs.7736	51264
NM_006123	NM_006123	NM_006123	Hs.460960	3423
NM_145731	NM_145731	NM_145731	Hs.216226	9145
AK129842		AK129842	Hs.651819	440766
NM_178582	NM_178582	NM_178582	Hs.373741	81502
TCONS_I2_00004704				NA

NM_006431	NM_006431	NM_006431	Hs.189772	10576
NM_182854	NM_182854	NM_182854	Hs.715778	124460
NM_005423	NM_005423	NM_005423	Hs.2979	7032
BM453041		BM453041	Hs.698027	653464
NM_153261	NM_153261	NM_153261	Hs.59134	255919
NM_000992	NM_000992	NM_000992	Hs.425125	6159
NM_001113203	NM_001113203	NM_001113203	Hs.505735	4666
NM_018645	NM_018645	NM_018645	Hs.42949	55502
NM_004939	NM_004939	NM_004939	Hs.440599	1653
NM_018137	NM_018137	NM_018137	Hs.26006	55170
NM_001105539	NM_001105539	NM_001105539	Hs.591868	65986
TCONS_00015184				NA
NM_002168	NM_002168	NM_002168	Hs.596461	3418
NM_001817	NM_001817	NM_001817	Hs.12	1089
NM_006066	NM_006066	NM_006066	Hs.474584	10327
NM_015316	NM_015316	NM_015316	Hs.709297	23368
BC065737		BC065737	Hs.626174	NA
NM_000215	NM_000215	NM_000215	Hs.515247	3718
NM_000985	NM_000985	NM_000985	Hs.374588	6139
NM_021144	NM_021144	NM_021144	Hs.708514	11168
NM_178831	NM_178831	NM_178831	Hs.556063	352954
				NA
NM_032199	NM_032199	NM_032199	Hs.535297	84159
NM_015434	NM_015434	NM_015434	Hs.369285	25896
NM_198277	NM_198277	NM_198277	Hs.352661	219855
NM_001102657	NM_001102657	NM_001102657	Hs.631584	162962
AK130024		AK130024	Hs.663278	NA
NM_001226	NM_001226	NM_001226	Hs.654616	839
NM_016023	NM_016023	NM_016023	Hs.30532	51633
NM_002838	NM_002838	NM_002838	Hs.654514	5788
NM_001168214	NM_001168214	NM_001168214	Hs.729755	401097
NR_015404	NR_015404	NR_015404	Hs.333120	NA
NM_000618	NM_000618	NM_000618	Hs.160562	3479
DA197111		DA197111	Hs.712140	NA
NM_007011	NM_007011	NM_007011	Hs.122337	11057
NM_133375	NM_133375	NM_133375	Hs.446251	115752
NM_025129	NM_025129	NM_025129	Hs.288800	80199
NM_016143	NM_016143	NM_016143	Hs.12865	55968
NM_001024662	NM_001024662	NM_001024662	Hs.689533	NA
NM_021035	NM_021035	NM_021035	Hs.371794	57169
NM_000998	NM_000998	NM_000998	Hs.433701	6168
BC020828		BC020828	Hs.684462	100191039
XR_109132	XR_109132	XR_109132	Hs.211461	NA
NM_006544	NM_006544	NM_006544	Hs.645295	10640

TCONS_00027223				NA
NM_003073	NM_003073	NM_003073	Hs.534350	6598
NM_018015	NM_018015	NM_018015	Hs.274267	55086
NM_152705	NM_152705	NM_152705	Hs.507584	51082
ENST00000423166	XR_108831	XR_108831		NA
NM_173059	NM_173059	NM_173059	Hs.307004	7455
TCONS_00003916				NA
NM_000296	NM_000296	NM_000296	Hs.75813	5310
THC2662571				NA
NM_001131064	NM_001131064	NM_001131064	Hs.532492	53
NM_153232	NM_153232	NM_153232	Hs.18949	163126
NM_001190460	NM_001190460	NM_001190460	Hs.727478	728318
NM_021004	NM_021004	NM_021004	Hs.692654	10901
NM_002336	NM_002336	NM_002336	Hs.584775	4040
NR_026704	NR_026704	NR_026704		NA
NM_000249	NM_000249	NM_000249	Hs.195364	4292
ENST00000441638		DA270978	Hs.577366	NA
NM_207328	NM_207328	NM_207328	Hs.348629	150763
TCONS_00024747				NA
NM_000954	NM_000954	NM_000954	Hs.446429	5730
TCONS_00001990				NA
NM_004760	NM_004760	NM_004760	Hs.709489	9263
NM_198150	NM_198150	NM_198150	Hs.585051	153642
				NA
NR_026542	NR_026542	NR_026542	Hs.375120	114041
				NA
				NA
NM_001100874	NM_001100874	NM_001100874	Hs.666728	NA
NM_004248	NM_004248	NM_004248	Hs.248119	2834
NM_006055	NM_006055	NM_006055	Hs.13351	10314
NM_014763	NM_014763	NM_014763	Hs.44024	9801
NM_003566	NM_003566	NM_003566	Hs.567367	8411
NM_001142685	NM_001142685	NM_001142685	Hs.440379	NA
NM_032306	NM_032306	NM_032306	Hs.111099	84266
NM_002309	NM_002309	NM_002309	Hs.2250	3976
NM_000172	NM_000172	NM_000172	Hs.517978	2779
NM_001161528	NM_001161528	NM_001161528	Hs.671729	401387
ENST00000437898	XR_132481	XR_132481		NA
NM_001492	NM_001492	NM_001492	Hs.412355	2657
NM_020360	NM_020360	NM_020360	Hs.534591	57048
NM_004446	NM_004446	NM_004446	Hs.497788	2058
NM_002270	NM_002270	NM_002270	Hs.482497	NA
NM_078474	NM_078474	NM_078474	Hs.288912	80213
NM_017662	NM_017662	NM_017662	Hs.272225	140803

NM_004776	NM_004776	NM_004776	Hs.370487	9334
				NA
NM_004582	NM_004582	NM_004582	Hs.78948	5876
NM_004515	NM_004515	NM_004515	Hs.75117	3608
TCONS_00001938				NA
ENST00000458006				NA
NM_001017420	NM_001017420	NM_001017420	Hs.99480	157570
NM_001015892	NM_001015892	NM_001015892	Hs.653163	6880
NM_006372	NM_006372	NM_006372	Hs.571177	10492
NR_015375	NR_015375	NR_015375		NA
NR_003680	NR_003680	NR_003680	Hs.568045	399670
NM_173042	NM_173042	NM_173042	Hs.591967	10068
ENST00000390477		AY312959	Hs.74647	NA
NR_024015	NR_024015	NR_024015	Hs.180197	NA
NM_001004351	NM_001004351	NM_001004351	Hs.703626	441272
NR_003037	NR_003037	NR_003037		NA
NM_018154	NM_018154	NM_018154	Hs.26516	55723
NM_181519	NM_181519	NM_181519	Hs.696346	83849
NM_019083	NM_019083	NM_019083	Hs.729095	54482
NM_007169	NM_007169	NM_007169	Hs.287717	10400
NR_027673	NR_027673	NR_027673	Hs.474018	104
ENST00000545967		AK292160	Hs.410355	5893
NM_015000	NM_015000	NM_015000	Hs.184523	23012
NM_001199417	NM_001199417	NM_001199417	Hs.374446	57636
ENST00000423380	XR_108974	XR_108974		NA
NM_207042	NM_207042	NM_207042	Hs.632456	2029
NM_003932	NM_003932	NM_003932	Hs.712713	6767
				NA
NM_021111	NM_021111	NM_021111	Hs.728961	8434
NR_026791	NR_026791	NR_026791	Hs.659818	253018
DA569430		DA569430	Hs.729139	NA
NM_030912	NM_030912	NM_030912	Hs.336810	81603
AB025286		AB025286	Hs.446352	2064
NM_183420	NM_183420	NM_183420	Hs.438454	NA
NM_022753	NM_022753	NM_022753	Hs.440880	64766
CR624447		CR624447	Hs.594938	284926
NM_001017420	NM_001017420	NM_001017420	Hs.99480	157570
NM_032408	NM_032408	NM_032408	Hs.647016	9031
NM_012446	NM_012446	NM_012446	Hs.102735	23635
NM_033512	NM_033512	NM_033512	Hs.173094	85453
NM_001018053	NM_001018053	NM_001018053	Hs.282702	5208
NR_033690	NR_033690	NR_033690	Hs.61884	148898
THC2662545				NA
NM_014112	NM_014112	NM_014112	Hs.657018	7227

NM_002417	NM_002417	NM_002417	Hs.80976	4288
NM_020317	NM_020317	NM_020317	Hs.259412	57035
NM_133496	NM_133496	NM_133496	Hs.533903	148867
NM_001077351	NM_001077351	NM_001077351	Hs.4997	55147
NM_001025195	NM_001025195	NM_001025195	Hs.558865	NA
AK127427		AK127427	Hs.640133	100130581
NM_016548	NM_016548	NM_016548	Hs.494337	51280
THC2610631				NA
NM_018479	NM_018479	NM_018479	Hs.486410	55862
NM_001190438	NM_001190438	NM_001190438	Hs.462323	9611
NM_001006617	NM_001006617	NM_001006617	Hs.495138	79109
BC012174		BC012174		NA
THC2786593				NA
BC062328		BC062328	Hs.613068	645553
NM_001826	NM_001826	NM_001826	Hs.374378	1163
NM_052938	NM_052938	NM_052938	Hs.656112	115350
NM_003828	NM_003828	NM_003828	Hs.347187	8776
				NA
NM_007322	NM_007322	NM_007322	Hs.531752	8498
NM_003093	NM_003093	NM_003093	Hs.1063	6631
NM_020695	NM_020695	NM_020695	Hs.192477	57455
BC111372		BC111372	Hs.634550	NA
NR_038889	NR_038889	NR_038889	Hs.561708	NA
NR_026865	NR_026865	NR_026865	Hs.647014	129790
NM_001022	NM_001022	NM_001022	Hs.438429	6223
NM_012392	NM_012392	NM_012392	Hs.470417	553115
NR_034163	NR_034163	NR_034163	Hs.690815	NA
NM_001019	NM_001019	NM_001019	Hs.370504	6210
NM_000403	NM_000403	NM_000403	Hs.632380	2582
NM_021215	NM_021215	NM_021215	Hs.278839	58490
NM_000259	NM_000259	NM_000259	Hs.21213	4644
TCONS_00003544				NA
BC031633		BC031633	Hs.288773	26046
NM_001733	NM_001733	NM_001733	Hs.524224	715
NM_004553	NM_004553	NM_004553	Hs.408257	4726
ENST00000390345		BC030554	Hs.534032	NA
NR_000029	NR_000029	NR_000029	Hs.541177	118433
NM_001003760	NM_001003760	NM_001003760	Hs.131064	401265
ENST00000382225	XR_109245	XR_109245	Hs.666223	NA
NR_037903	NR_037903	NR_037903	Hs.434505	NA
ENST00000400768				NA
NM_031210	NM_031210	NM_031210	Hs.655105	81892
NM_024742	NM_024742	NM_024742	Hs.121915	79798
NM_033427	NM_033427	NM_033427	Hs.592285	83992

NM_015421	NM_015421	NM_015421	Hs.513330	25880
NM_004925	NM_004925	NM_004925	Hs.234642	360
NM_080675	NM_080675	NM_080675	Hs.375186	140732
NM_152991	NM_152991	NM_152991	Hs.503510	8726
NM_001184801	NM_001184801	NM_001184801	Hs.529925	23304
NM_005645	NM_005645	NM_005645	Hs.632426	6884
NM_003311	NM_003311	NM_003311	Hs.154036	7262
NM_003094	NM_003094	NM_003094	Hs.334612	6635
NM_152374	NM_152374	NM_152374	Hs.112023	127703
ENST00000424219		BG221948	Hs.580921	NA
NM_022374	NM_022374	NM_022374	Hs.727652	64225
NM_003626	NM_003626	NM_003626	Hs.530749	8500
NM_145296	NM_145296	NM_145296	Hs.370984	199731
DW422112		DW422112	Hs.589143	NA
NM_170606	NM_170606	NM_170606	Hs.578075	NA
NM_006368	NM_006368	NM_006368	Hs.522110	10488
AK124949		AK124949	Hs.719003	100289388
NM_001136004	NM_001136004	NM_001136004	Hs.528024	57553
NM_182906	NM_182906	NM_182906	Hs.54403	10462
NM_001142864	NM_001142864	NM_001142864	Hs.377001	NA
NM_178841	NM_178841	NM_178841	Hs.513804	115992
NM_024038	NM_024038	NM_024038	Hs.515155	79002
NM_033274	NM_033274	NM_033274	Hs.483944	8728
ENST00000371337				9528
NM_002218	NM_002218	NM_002218	Hs.709406	3700
NM_002484	NM_002484	NM_002484	Hs.81469	4682
NM_018343	NM_018343	NM_018343	Hs.27021	55781
ENST00000381105	XR_110925	XR_110925	Hs.636199	NA
NR_026972	NR_026972	NR_026972	Hs.646985	285830
ENST00000431677				NA
NM_138493	NM_138493	NM_138493	Hs.284207	154467
NM_004667	NM_004667	NM_004667	Hs.633945	NA
NM_207360	NM_207360	NM_207360	Hs.632618	340152
NM_003690	NM_003690	NM_003690	Hs.570274	8575
NM_199242	NM_199242	NM_199242	Hs.41045	201294
NM_053056	NM_053056	NM_053056	Hs.523852	595
NM_206883	NM_206883	NM_206883	Hs.585146	375611
XR_132801	XR_132801	XR_132801	Hs.730074	NA
BU190374		BU190374	Hs.701992	55547
NR_026676	NR_026676	NR_026676	Hs.367935	256355
				NA
NM_003507	NM_003507	NM_003507	Hs.173859	8324
NM_001077628	NM_001077628	NM_001077628	Hs.108408	51107
ENST00000448595				NA

THC2497493				NA
NR_036680	NR_036680	NR_036680	Hs.633705	100129460
NM_024293	NM_024293	NM_024293	Hs.516707	79137
NM_016484	NM_016484	NM_016484	Hs.11042	51248
NM_017645	NM_017645	NM_017645	Hs.533468	54801
NM_002952	NM_002952	NM_002952	Hs.356366	6187
NM_003126	NM_003126	NM_003126	Hs.119825	6708
				NA
ENST00000440246		DB279316	Hs.128892	NA
BC101081		BC101081		NA
NM_001003702	NM_001003702	NM_001003702	Hs.534621	445328
				NA
NM_013380	NM_013380	NM_013380	Hs.48589	7771
NM_153350	NM_153350	NM_153350	Hs.513244	146330
NM_001145664	NM_001145664	NM_001145664	Hs.662488	NA
NM_173495	NM_173495	NM_173495	Hs.319503	139411
NR_024074	NR_024074	NR_024074	Hs.375441	283796
NM_002099	NM_002099	NM_002099	Hs.434973	2993
THC2656073				NA
TCONS_00017237				NA
NM_001034116	NM_001034116	NM_001034116	Hs.169474	8890
NM_001242757	NM_001242757	NM_001242757	Hs.447544	146429
NM_001080418	NM_001080418	NM_001080418	Hs.436393	58512
NM_001113755	NM_001113755	NM_001113755	Hs.180903	1890
NM_203456	NM_203456	NM_203456	Hs.524690	10450
NM_001145112	NM_001145112	NM_001145112	Hs.11594	197135
TCONS_00020939				NA
NM_181726	NM_181726	NM_181726	Hs.508154	353322
NM_172208	NM_172208	NM_172208	Hs.370937	6892
NM_000349	NM_000349	NM_000349	Hs.521535	6770
NM_024921	NM_024921	NM_024921	Hs.267038	79983
NM_012224	NM_012224	NM_012224	Hs.481181	4750
NM_016396	NM_016396	NM_016396	Hs.497967	51496
THC2682661				NA
NM_152282	NM_152282	NM_152282	Hs.657887	92370
NM_018271	NM_018271	NM_018271	Hs.516179	55258
NR_024027	NR_024027	NR_024027	Hs.234016	54072
NM_014969	NM_014969	NM_014969	Hs.570055	22911
NM_002361	NM_002361	NM_002361	Hs.643440	4099
BX360095		BX360095	Hs.124515	NA
NM_199290	NM_199290	NM_199290	Hs.591178	342538
NM_053275	NM_053275	NM_053275	Hs.546285	6175
NM_001127202	NM_001127202	NM_001127202	Hs.508769	55795
NM_021968	NM_021968	NM_021968	Hs.278483	8363

NM_014900	NM_014900	NM_014900	Hs.470457	22837
XR_132952	XR_132952	XR_132952	Hs.657010	100131262
NM_153686	NM_153686	NM_153686	Hs.446201	254251
NM_033029	NM_033029	NM_033029	Hs.518540	89782
NM_022077	NM_022077	NM_022077	Hs.6126	63905
NM_006988	NM_006988	NM_006988	Hs.643357	9510
NM_014793	NM_014793	NM_014793	Hs.200596	9836
NM_003924	NM_003924	NM_003924	Hs.87202	8929
				NA
NM_003762	NM_003762	NM_003762	Hs.6651	8674
FJ466686		FJ466686		NA
NM_024701	NM_024701	NM_024701	Hs.445899	79754
NM_139245	NM_139245	NM_139245	Hs.389027	151742
				NA
BC022967		BC022967	Hs.509780	8816
NM_014399	NM_014399	NM_014399	Hs.364544	27075
NM_032635	NM_032635	NM_032635	Hs.9234	10430
				NA
NM_172251	NM_172251	NM_172251	Hs.356578	116541
NM_001654	NM_001654	NM_001654	Hs.446641	369
				NA
BC034319		BC034319		NA
NM_017996	NM_017996	NM_017996	Hs.690871	55070
NM_006547	NM_006547	NM_006547	Hs.700696	10643
NM_014754	NM_014754	NM_014754	Hs.292579	9791
ENST00000371162	XR_109904	XR_109904	Hs.652426	NA
ENST00000485551		AB058740	Hs.456507	79932
NM_006309	NM_006309	NM_006309	Hs.730738	9209
NM_001169107	NM_001169107	NM_001169107	Hs.365286	253725
NM_001204056	NM_001204056	NM_001204056	Hs.464585	23253
XR_110541	XR_110541	XR_110541	Hs.577348	644277
ENST00000407622		CU692082		91522
NM_172208	NM_172208	NM_172208	Hs.370937	6892
NM_005932	NM_005932	NM_005932	Hs.507498	4285
NM_199352	NM_199352	NM_199352	Hs.332119	387601
NM_019606	NM_019606	NM_019606	Hs.178011	56257
NM_032352	NM_032352	NM_032352	Hs.525299	84312
NM_001536	NM_001536	NM_001536	Hs.20521	3276
NM_005567	NM_005567	NM_005567	Hs.514535	3959
NR_036513	NR_036513	NR_036513		NA
				NA
NM_178310	NM_178310	NM_178310	Hs.499548	333929
ENST00000426067				NA
TCONS_00024485				NA

NM_002129	NM_002129	NM_002129	Hs.434953	3148
NM_004155	NM_004155	NM_004155	Hs.104879	5272
NM_031966	NM_031966	NM_031966	Hs.23960	891
NM_005258	NM_005258	NM_005258	Hs.631717	2644
NM_001069	NM_001069	NM_001069	Hs.654543	7280
NM_032982	NM_032982	NM_032982	Hs.368982	835
NM_014484	NM_014484	NM_014484	Hs.159410	27304
				NA
NM_001357	NM_001357	NM_001357	Hs.191518	NA
NM_000314	NM_000314	NM_000314	Hs.500466	5728
BC038778		BC038778	Hs.615348	NA
NM_030650	NM_030650	NM_030650	Hs.209561	80856
ENST00000431300		CR609725	Hs.729096	NA
				NA
NM_002145	NM_002145	NM_002145	Hs.514289	3212
NM_015185	NM_015185	NM_015185	Hs.54697	23229
NM_030915	NM_030915	NM_030915	Hs.567598	81606
NM_004375	NM_004375	NM_004375		NA
NM_001184985	NM_001184985	NM_001184985	Hs.356604	65125
NM_006311	NM_006311	NM_006311	Hs.462323	9611
ENST00000555138				NA
NR_003231	NR_003231	NR_003231		NA
ENST00000382488		AK127863	Hs.518622	NA
NM_022357	NM_022357	NM_022357	Hs.302028	64180
XR_109689	XR_109689	XR_109689	Hs.473952	100126693
XR_109012	XR_109012	XR_109012	Hs.658287	NA
THC2587207				NA
XR_132799	XR_132799	XR_132799		NA
NM_014695	NM_014695	NM_014695	Hs.721149	NA
NR_015367	NR_015367	NR_015367	Hs.355559	NA
NM_006246	NM_006246	NM_006246	Hs.334868	5529
				NA
NM_024936	NM_024936	NM_024936	Hs.278945	29063
NM_178454	NM_178454	NM_178454	Hs.485606	128338
NM_176793	NM_176793	NM_176793	Hs.421848	84545
NM_004708	NM_004708	NM_004708	Hs.443831	9141
NR_023391	NR_023391	NR_023391	Hs.710729	100132708
NM_020841	NM_020841	NM_020841	Hs.430849	114882
				NA
ENST00000398049				NA
NM_025008	NM_025008	NM_025008	Hs.516243	54507
TCONS_00028422				NA
NM_001012968	NM_001012968	NM_001012968	Hs.612782	139886
NM_173463	NM_173463	NM_173463	Hs.106432	NA

AK123890		AK123890	Hs.553954	644248
NM_004481	NM_004481	NM_004481	Hs.654649	2590
XM_003403517	XM_003403517	XM_003403517		100652953
XR_109863	XR_109863	XR_109863	Hs.668606	100130071
XR_132823	XR_132823	XR_132823		100132249
NM_005219	NM_005219	NM_005219	Hs.529451	1729
NR_003082	NR_003082	NR_003082	Hs.652398	653399
NR_002933	NR_002933	NR_002933	Hs.438623	493754
NM_005864	NM_005864	NM_005864	Hs.24587	10278
NM_174899	NM_174899	NM_174899	Hs.140666	130888
NM_015971	NM_015971	NM_015971	Hs.71787	51081
NM_014740	NM_014740	NM_014740	Hs.389649	9775
NM_001002034	NM_001002034	NM_001002034	Hs.368312	150368
NM_001164372	NM_001164372	NM_001164372	Hs.634680	51184
NM_021008	NM_021008	NM_021008	Hs.243994	10522
XR_111536	XR_111536	XR_111536		NA
NM_001242829	NM_001242829	NM_001242829	Hs.386168	9807
NM_000249	NM_000249	NM_000249	Hs.195364	4292
NM_015340	NM_015340	NM_015340	Hs.526975	23395
NM_006562	NM_006562	NM_006562	Hs.37128	10660
NM_003688	NM_003688	NM_003688	Hs.495984	8573
NM_181713	NM_181713	NM_181713	Hs.591576	165324
NM_015999	NM_015999	NM_015999	Hs.5298	51094
ENST00000557121		AF150244	Hs.441078	NA
				NA
NM_173083	NM_173083	NM_173083	Hs.120817	286826
NM_025065	NM_025065	NM_025065	Hs.481202	80135
THC2570319				NA
				NA
NM_006241	NM_006241	NM_006241	Hs.535731	5504
NM_024722	NM_024722	NM_024722	Hs.110298	79777
NM_003481	NM_003481	NM_003481	Hs.631661	8078
ENST00000296147		AK092871	Hs.437043	23218
NM_001009991	NM_001009991	NM_001009991	Hs.436977	94120
NM_012090	NM_012090	NM_012090	Hs.472475	23499
NM_152405	NM_152405	NM_152405	Hs.482605	133746
NM_003185	NM_003185	NM_003185	Hs.18857	6874
AL390183		AL390183	Hs.546711	NA
NM_021978	NM_021978	NM_021978	Hs.504315	6768
				NA
NM_053045	NM_053045	NM_053045	Hs.726301	94107
NM_000950	NM_000950	NM_000950	Hs.190341	5638
NM_153485	NM_153485	NM_153485	Hs.547696	9631
NM_021038	NM_021038	NM_021038	Hs.201858	4154

AK126945		AK126945	Hs.689515	100128670
ENST00000421851				NA
ENST00000421059				5447
TCONS_00017001				NA
THC2688744				NA
BC107743		BC107743		NA
ENST00000447610				NA
NM_017553	NM_017553	NM_017553	Hs.292949	54617
NM_181688	NM_181688	NM_181688	Hs.474001	353333
NM_016609	NM_016609	NM_016609	Hs.373498	51310
				NA
				NA
ENST00000448379		BX118385	Hs.149067	NA
NM_020447	NM_020447	NM_020447	Hs.367690	57184
THC2552880				NA
NM_014064	NM_014064	NM_014064	Hs.522433	28989
NM_198976	NM_198976	NM_198976	Hs.517148	51497
NM_004581	NM_004581	NM_004581	Hs.377992	5875
NM_175738	NM_175738	NM_175738	Hs.351413	326624
NR_002785	NR_002785	NR_002785	Hs.122718	NA
THC2654170				NA
NM_002164	NM_002164	NM_002164	Hs.840	3620
TCONS_00026577				NA
NM_001134363	NM_001134363	NM_001134363	Hs.116630	282996
NM_020919	NM_020919	NM_020919	Hs.471096	57679
XM_001716361	XM_001716361	XM_001716361	Hs.188007	NA
NR_039982	NR_039982	NR_039982	Hs.675941	NA
NM_133494	NM_133494	NM_133494	Hs.728964	140609
NM_001903	NM_001903	NM_001903	Hs.445981	1495
NM_206997	NM_206997	NM_206997	Hs.567997	390212
NM_006307	NM_006307	NM_006307	Hs.15154	8406
ENST00000519496		AK122833		729873
NM_018269	NM_018269	NM_018269	Hs.502773	55256
NR_026807	NR_026807	NR_026807	Hs.729593	NA
NM_080625	NM_080625	NM_080625	Hs.382151	140706
NM_001022	NM_001022	NM_001022	Hs.438429	6223
NM_024700	NM_024700	NM_024700	Hs.471951	79753
NM_016350	NM_016350	NM_016350	Hs.310429	51199
NM_001142590	NM_001142590	NM_001142590	Hs.713051	4802
NM_001012507	NM_001012507	NM_001012507	Hs.486401	387103
				NA
NM_001014	NM_001014	NM_001014	Hs.645317	6204
NM_001098482	NM_001098482	NM_001098482	Hs.371096	23373
AK126441		AK126441	Hs.531403	401157

NM_003577	NM_003577	NM_003577	Hs.458406	8433
NM_003131	NM_003131	NM_003131	Hs.520140	6722
NM_001193552	NM_001193552	NM_001193552	Hs.406307	342892
ENST00000432148				NA
NM_004970	NM_004970	NM_004970	Hs.839	3483
NR_027420	NR_027420	NR_027420	Hs.720653	389834
ENST00000503572				NA
NM_001017372	NM_001017372	NM_001017372	Hs.49765	28965
XM_003118986		XM_003118986	Hs.730469	NA
AK094521		AK094521	Hs.467627	285147
				NA
				NA
NM_001011663	NM_001011663	NM_001011663	Hs.730825	84108
NM_005120	NM_005120	NM_005120	Hs.409226	9968
BC033643		BC033643		NA
TCONS_I2_00004705				NA
NR_036650	NR_036650	NR_036650	Hs.562620	NA
NM_138639	NM_138639	NM_138639	Hs.289052	83596
NM_001362	NM_001362	NM_001362	Hs.49322	1735
NM_004168	NM_004168	NM_004168	Hs.440475	6389
ENST00000376476				4878
NM_014362	NM_014362	NM_014362	Hs.656685	26275
NM_002940	NM_002940	NM_002940	Hs.12013	6059
				NA
NM_153208	NM_153208	NM_153208	Hs.460217	124152
ENST00000449391				NA
NM_052873	NM_052873	NM_052873	Hs.532626	112752
NM_015440	NM_015440	NM_015440	Hs.591343	25902
NM_001100915	NM_001100915	NM_001100915	Hs.299127	146212
NM_001190979	NM_001190979	NM_001190979	Hs.708084	10138
TCONS_00012087				NA
NM_001015891	NM_001015891	NM_001015891	Hs.653163	6880
TCONS_I2_00029566				NA
ENST00000478824	XR_109398	XR_109398	Hs.599877	NA
NM_005998	NM_005998	NM_005998	Hs.491494	7203
NM_033417	NM_033417	NM_033417	Hs.404088	93323
NM_001005333	NM_001005333	NM_001005333	Hs.5258	9500
NM_032287	NM_032287	NM_032287	Hs.332795	84247
NM_014260	NM_014260	NM_014260	Hs.446374	10471
NM_017955	NM_017955	NM_017955	Hs.34045	55038
NM_000167	NM_000167	NM_000167	Hs.1466	2710
NM_004695	NM_004695	NM_004695	Hs.592095	9121
NM_024900	NM_024900	NM_024900	Hs.12420	79960
NM_018406	NM_018406	NM_018406	Hs.369646	4585

NM_003731	NM_003731	NM_003731	Hs.530314	8636
NM_003004	NM_003004	NM_003004	Hs.558009	6398
NM_001082480	NM_001082480	NM_001082480	Hs.694018	9831
				NA
NM_033446	NM_033446	NM_033446	Hs.162659	89853
NM_182931	NM_182931	NM_182931	Hs.592262	55904
ENST00000312033		AB075848	Hs.494895	80709
NM_032205	NM_032205	NM_032205	Hs.304362	51105
NM_020477	NM_020477	NM_020477	Hs.654438	286
NM_033380	NM_033380	NM_033380	Hs.369089	1287
XM_001717980		XM_001717980	Hs.709968	NA
NR_015433	NR_015433	NR_015433	Hs.6815	93622
ENST00000462299		BC071735	Hs.591426	606495
BC063316		BC063316		64839
NM_198868	NM_198868	NM_198868	Hs.155829	23061
NM_199132	NM_199132	NM_199132	Hs.467223	90333
THC2605119				NA
NM_017851	NM_017851	NM_017851	Hs.30634	54956
NM_032438	NM_032438	NM_032438	Hs.658051	84456
NM_170692	NM_170692	NM_170692	Hs.496139	9462
NM_001004691	NM_001004691	NM_001004691	Hs.530570	391196
NM_170750	NM_170750	NM_170750	Hs.522752	5716
NM_021227	NM_021227	NM_021227	Hs.445803	58505
NM_033160	NM_033160	NM_033160	Hs.522147	26149
NM_030647	NM_030647	NM_030647	Hs.308710	80853
NM_002446	NM_002446	NM_002446	Hs.466743	4294
NM_001655	NM_001655	NM_001655	Hs.33642	372
NM_017904	NM_017904	NM_017904	Hs.16230	55001
XM_003403440	XM_003403440	XM_003403440		NA
NM_015130	NM_015130	NM_015130	Hs.480819	23158
NR_015367	NR_015367	NR_015367	Hs.355559	550643
BX648511		BX648511	Hs.441039	401233
NM_001145199	NM_001145199	NM_001145199	Hs.368938	387882
NM_030969	NM_030969	NM_030969	Hs.95600	81853
NM_001013407	NM_001013407	NM_001013407	Hs.567864	343068
NM_002764	NM_002764	NM_002764	Hs.56	5631
XR_132545	XR_132545	XR_132545		NA
NM_207340	NM_207340	NM_207340	Hs.659933	254359
NM_003272	NM_003272	NM_003272	Hs.498160	7107
ENST00000465044		AK096705	Hs.29169	79663
NM_032271	NM_032271	NM_032271	Hs.713632	84231
NM_016230	NM_016230	NM_016230	Hs.5741	51167
NM_001207058	NM_001207058	NM_001207058	Hs.6686	81556
NM_001006	NM_001006	NM_001006	Hs.356572	6189

ENST00000455995	XR_133518	XR_133518	Hs.584289	NA
NM_000655	NM_000655	NM_000655	Hs.728756	6402
NM_015093	NM_015093	NM_015093	Hs.269775	23118
NM_003425	NM_003425	NM_003425	Hs.381285	7596
AL117574		AL117574		NA
ENST00000403537		AK307754	Hs.468254	80745
				NA
NR_036511	NR_036511	NR_036511	Hs.707307	100129917
ENST00000376535				440051
NM_198686	NM_198686	NM_198686	Hs.512492	376267
NM_153706	NM_153706	NM_153706	Hs.85950	133383
ENST00000458386				NA
NM_018407	NM_018407	NM_018407	Hs.492314	55353
ENST00000390293				NA
NM_000875	NM_000875	NM_000875	Hs.643120	3480
NM_021081	NM_021081	NM_021081	Hs.37023	2691
				NA
NM_004258	NM_004258	NM_004258	Hs.654598	9398
NM_006260	NM_006260	NM_006260	Hs.59214	5611
BC133006		BC133006	Hs.472856	643549
XM_001720798	XM_001720798	XM_001720798		652119
NM_005032	NM_005032	NM_005032	Hs.496622	5358
NM_006897	NM_006897	NM_006897	Hs.658823	3225
NM_004064	NM_004064	NM_004064	Hs.238990	1027
NM_001008726	NM_001008726	NM_001008726	Hs.655666	112840
ENST00000497705		AK096148	Hs.148778	55074
NM_001194	NM_001194	NM_001194	Hs.124161	610
NM_003087	NM_003087	NM_003087	Hs.349470	6623
AL582488		AL582488	Hs.730882	NA
NM_000971	NM_000971	NM_000971	Hs.571841	6129
TCONS_00006780				NA
NM_201649	NM_201649	NM_201649	Hs.442590	6536
NM_015136	NM_015136	NM_015136	Hs.301989	23166
XR_110473	XR_110473	XR_110473	Hs.546492	NA
NM_001079526	NM_001079526	NM_001079526	Hs.604950	22807
NM_152652	NM_152652	NM_152652	Hs.513501	197407
NM_138355	NM_138355	NM_138355	Hs.239718	90507
				NA
NM_000821	NM_000821	NM_000821	Hs.77719	2677
NM_001190472	NM_001190472	NM_001190472	Hs.727477	NA
NM_031370	NM_031370	NM_031370	Hs.480073	3184
NR_038895	NR_038895	NR_038895	Hs.627208	201477
NM_014485	NM_014485	NM_014485	Hs.128433	27306
NM_052899	NM_052899	NM_052899	Hs.150549	114787

NM_033495	NM_033495	NM_033495	Hs.348262	90293
NM_007266	NM_007266	NM_007266	Hs.18259	11321
BC044608		BC044608	Hs.635056	NA
TCONS_00008337				NA
NM_012335	NM_012335	NM_012335	Hs.465818	4542
TCONS_00004611				NA
NM_018406	NM_018406	NM_018406	Hs.369646	4585
NM_000922	NM_000922	NM_000922	Hs.445711	5140
AK123449		AK123449	Hs.494023	441441
NM_015939	NM_015939	NM_015939	Hs.128791	51605
AK125675		AK125675	Hs.445885	56243
NM_001004419	NM_001004419	NM_001004419	Hs.634598	NA
NM_180989	NM_180989	NM_180989	Hs.439363	160897
TCONS_00005491				NA
NM_005275	NM_005275	NM_005275	Hs.83147	2794
NM_003036	NM_003036	NM_003036	Hs.656507	6497
NR_003664	NR_003664	NR_003664	Hs.711232	389517
NM_012334	NM_012334	NM_012334	Hs.481720	4651
NM_016084	NM_016084	NM_016084	Hs.25829	51655
THC2626473				NA
NM_014971	NM_014971	NM_014971	Hs.4892	22979
ENST00000427280				NA
NM_001164313	NM_001164313	NM_001164313		NA
NM_001242415	NM_001242415	NM_001242415	Hs.36859	91833
NM_001013	NM_001013	NM_001013	Hs.546288	6203
NM_001080424	NM_001080424	NM_001080424	Hs.730881	23135
ENST00000521804		CB960608	Hs.624831	NA
THC2648557				NA
NM_021096	NM_021096	NM_021096	Hs.125116	8911
TCONS_I2_00012941				NA
NM_002155	NM_002155	NM_002155	Hs.654614	3310
NM_053043	NM_053043	NM_053043	Hs.591815	155435
NM_017771	NM_017771	NM_017771	Hs.190544	54899
NM_025008	NM_025008	NM_025008	Hs.516243	54507
NM_015584	NM_015584	NM_015584	Hs.241543	26073
NM_152569	NM_152569	NM_152569	Hs.190877	157983
NM_001040057	NM_001040057	NM_001040057	Hs.489105	257415
NM_022761	NM_022761	NM_022761	Hs.17546	64776
NM_005660	NM_005660	NM_005660	Hs.21899	7355
NM_001931	NM_001931	NM_001931	Hs.335551	1737
NM_147148	NM_147148	NM_147148	Hs.348387	2948
NM_002838	NM_002838	NM_002838	Hs.654514	5788
NM_023018	NM_023018	NM_023018	Hs.654792	65220
NM_001172655	NM_001172655	NM_001172655	Hs.235167	55762

NM_001193460	NM_001193460	NM_001193460	Hs.339024	253827
TCONS_00001856				NA
NM_016548	NM_016548	NM_016548	Hs.494337	51280
NM_018215	NM_018215	NM_018215	Hs.8395	55228
XR_108713	XR_108713	XR_108713		NA
				NA
NM_001193335	NM_001193335	NM_001193335	Hs.435655	54829
TCONS_I2_00009676				NA
NM_001123395	NM_001123395	NM_001123395	Hs.496270	149461
NM_004901	NM_004901	NM_004901	Hs.444389	9583
NM_030916	NM_030916	NM_030916	Hs.492490	81607
NM_022553	NM_022553	NM_022553	Hs.480356	6293
NM_001003790	NM_001003790	NM_001003790	Hs.705490	11160
NM_005895	NM_005895	NM_005895	Hs.507333	2802
NM_018416	NM_018416	NM_018416	Hs.120844	55810
ENST00000379123				5080
NM_152686	NM_152686	NM_152686	Hs.483537	202052
NR_027005	NR_027005	NR_027005	Hs.433062	NA
NM_014762	NM_014762	NM_014762	Hs.498727	1718
NM_005337	NM_005337	NM_005337	Hs.182014	3071
NM_000637	NM_000637	NM_000637	Hs.271510	2936
NM_001142595	NM_001142595	NM_001142595	Hs.500047	5033
NM_001402	NM_001402	NM_001402	Hs.535192	1915
NM_015677	NM_015677	NM_015677	Hs.730730	26751
NM_015311	NM_015311	NM_015311	Hs.526594	23363
NM_181846	NM_181846	NM_181846	Hs.388162	342945
				NA
NM_024819	NM_024819	NM_024819	Hs.463148	79877
ENST00000473756	XR_108458	XR_108458		NA
XR_111107	XR_111107	XR_111107		NA
NM_014168	NM_014168	NM_014168	Hs.470553	29081
NM_001010931	NM_001010931	NM_001010931	Hs.396530	3082
NM_015642	NM_015642	NM_015642	Hs.655108	26137
TCONS_00001523				NA
				NA
NM_080686	NM_080686	NM_080686	Hs.436093	7916
NM_032429	NM_032429	NM_032429	Hs.523221	84445
BC144024		BC144024		NA
NM_001324	NM_001324	NM_001324	Hs.172865	1477
NM_024996	NM_024996	NM_024996	Hs.518355	85476
NM_000386	NM_000386	NM_000386	Hs.371914	642
NM_003094	NM_003094	NM_003094	Hs.334612	6635
NM_144632	NM_144632	NM_144632	Hs.436203	130827
THC2520127				NA

TCONS_I2_00026546				NA
NM_198440	NM_198440	NM_198440	Hs.593679	91319
				NA
NM_173462	NM_173462	NM_173462	Hs.509909	89932
NM_016073	NM_016073	NM_016073	Hs.513954	50810
				NA
NM_178842	NM_178842	NM_178842	Hs.662371	204219
NM_052897	NM_052897	NM_052897	Hs.524523	114785
				NA
NM_030923	NM_030923	NM_030923	Hs.369471	81615
NM_182623	NM_182623	NM_182623	Hs.126825	348487
NM_001163922	NM_001163922	NM_001163922	Hs.293236	147645
NM_018260	NM_018260	NM_018260	Hs.235167	55762
NM_012321	NM_012321	NM_012321	Hs.515255	25804
NM_006429	NM_006429	NM_006429	Hs.368149	10574
NM_001134433	NM_001134433	NM_001134433	Hs.706676	64343
				NA
TCONS_00014964				NA
NM_001013	NM_001013	NM_001013	Hs.546288	6203
NM_138285	NM_138285	NM_138285	Hs.180591	129401
NM_014473	NM_014473	NM_014473	Hs.533222	27292
NM_002287	NM_002287	NM_002287	Hs.572535	3903
XR_109231	XR_109231	XR_109231	Hs.730396	145757

GeneName

homeobox A6

homeobox A5

hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1

cytochrome P450, family 27, subfamily A, polypeptide 1

matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kDa gelatinase, 92kDa type IV collagenase)

homeobox A7

acid phosphatase 5, tartrate resistant

chemokine (C-C motif) ligand 13

phosphodiesterase 4D interacting protein

phospholipase A2, group VII (platelet-activating factor acetylhydrolase, plasma)

homeobox A6

complement component 1, q subcomponent, B chain

homeobox A3

collagen, type V, alpha 1

uncharacterized LOC404266

zinc finger protein 503

early growth response 2

matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase)

inhibin, beta A

glycoprotein (transmembrane) nmb

natriuretic peptide receptor C/guanylate cyclase C (atrionatriuretic peptide receptor C)

homeobox A9

Rho GTPase activating protein 22

aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1

cancer/testis antigen family 45, member A1

ZNF503 antisense RNA 2 (non-protein coding)

ribosomal RNA processing 7 homolog A (*S. cerevisiae*)

5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 1F

aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1

SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 1

cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial)

FRAS1 related extracellular matrix 1

uncharacterized LOC284551

ST6 (alpha-N-acetyl-neuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1,3)-N-acetylgalactosaminide alpha-2,6-sialyltransferase-like 4 (*Drosophila*)

homeobox C4

B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein)

nuclear pore complex interacting protein
corticotropin releasing hormone binding protein
X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
calcium and integrin binding family member 2
vasohibin 2
coiled-coil domain containing 6

X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
sarcosine dehydrogenase
minichromosome maintenance complex component 7
X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
integrin, alpha 8
X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
RAB40B, member RAS oncogene family
anaphase promoting complex subunit 1
carboxypeptidase X (M14 family), member 1
nuclear pore complex interacting protein
mex-3 homolog A (C. elegans)
cholesterol 25-hydroxylase
StAR-related lipid transfer (START) domain containing 9
solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, GABA), member 13
brain and acute leukemia, cytoplasmic
homeobox C6
arylformamidase
cingulin-like 1
schwannomin interacting protein 1
X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
Pvt1 oncogene (non-protein coding)
homeobox B5
aminoadipate aminotransferase
uncharacterized protein FLJ20444
uncharacterized LOC284219
potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 18
autism susceptibility candidate 2
TNF receptor-associated protein 1
uncharacterized LOC100289092

G-protein signaling modulator 1

titin

THO complex 3
RAD54-like (S. cerevisiae)

ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8A, member 2
mutS homolog 5 (E. coli)
FAT tumor suppressor homolog 1 (Drosophila)
X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
IQ motif containing GTPase activating protein 3
chromosome 19 open reading frame 48
zinc finger homeobox 3

ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8A, member 2
myelin protein zero-like 2
X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
DEP domain containing MTOR-interacting protein
methionyl aminopeptidase type 1D (mitochondrial)
smoothed, frizzled family receptor

X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
IQCJ-SCHIP1 readthrough
solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, GABA), member 13
homeobox B3
Na⁺/K⁺ transporting ATPase interacting 2
adenylate kinase 4
StAR-related lipid transfer (START) domain containing 9

pre-B-cell leukemia homeobox 3
cathepsin G
von Willebrand factor C and EGF domains
RRN3 RNA polymerase I transcription factor homolog (S. cerevisiae)
syntaxin binding protein 4
B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein)
G protein-coupled receptor 20
trophinin associated protein (tastin)
mitogen-activated protein kinase kinase kinase kinase 1

nuclear pore complex interacting protein
potassium channel, subfamily K, member 10
histone cluster 1, H4d
WD repeat domain 90
B-cell linker
transmembrane protein 56
zinc finger, BED-type containing 3
homeobox B9

immunoglobulin J polypeptide, linker protein for immunoglobulin alpha and mu polypeptides
transmembrane protein 132E
ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 5
DBF4 homolog B (*S. cerevisiae*)
occludin
leucine rich repeat containing 4
uncharacterized LOC100129846
kinesin family member 4A
collagen, type V, alpha 1
emopamil binding protein-like
protein tyrosine phosphatase, receptor type, S
small nucleolar RNA, C/D box 29
CD8b molecule
chemokine (C-X-C motif) receptor 3
transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene 1

G protein-coupled receptor 125
protein tyrosine phosphatase, receptor type, D

B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein)
transmembrane and immunoglobulin domain containing 2

nuclear pore complex interacting protein related gene
heparan sulfate proteoglycan 2
Spi-B transcription factor (Spi-1/PU.1 related)
uncharacterized LOC645722
protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor beta
microtubule-associated protein 7
FANCD2/FANCI-associated nuclease 1
zinc finger protein 839 pseudogene
uncharacterized LOC645722
C-type lectin domain family 18, member B
protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member A
phenylalanyl-tRNA synthetase, beta subunit
small nucleolar RNA, C/D box 22
K(lysine) acetyltransferase 2A

histone cluster 1, H4e

TYRO3 protein tyrosine kinase
uncharacterized LOC283588
naked cuticle homolog 2 (*Drosophila*)
helicase, lymphoid-specific
glucuronidase, beta pseudogene 1

homeobox B6
nuclear pore complex interacting protein-like 2

GTP binding protein 6 (putative)
chromosome 10 open reading frame 114
Fanconi anemia, complementation group L

small nucleolar RNA, H/ACA box 64
pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 2, pseudogene
RecQ protein-like 4

DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 3
mutS homolog 5 (E. coli)
transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene 1
chromosome 9 open reading frame 114

chromosome 6 open reading frame 26
allograft inflammatory factor 1

G protein-coupled receptor 125
tRNA methyltransferase 11 homolog (S. cerevisiae)
Ras homolog enriched in brain like 1
G protein-coupled receptor 135
uncharacterized LOC100132495
dpy-19-like 2 pseudogene 3 (C. elegans)
copine VII
gremlin 1
seryl-tRNA synthetase 2, mitochondrial
G patch domain containing 4
nei endonuclease VIII-like 1 (E. coli)
phenylalanyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial
helicase, lymphoid-specific
ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8A, member 2
scavenger receptor class B, member 1
leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 4
ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 10
arginine decarboxylase pseudogene
KRAB-A domain containing 1
histone cluster 1, H4d
killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 4
small nucleolar RNA, C/D box 52
basic leucine zipper and W2 domains 2
C-type lectin-like 1

tripartite motif containing 45
peroxidasin homolog (Drosophila)
X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 3
pyruvate dehydrogenase phosphatase regulatory subunit
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 8
solute carrier family 14 (urea transporter), member 1 (Kidd blood group)

ST6 beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 2
glycophorin E (MNS blood group)
chromatin licensing and DNA replication factor 1
lysyl oxidase
ryanodine receptor 3
tetratricopeptide repeat domain 24
v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog (avian)

protein kinase, DNA-activated, catalytic polypeptide
Fanconi anemia, complementation group A
isoleucyl-tRNA synthetase
vav 2 guanine nucleotide exchange factor
uncharacterized LOC388152
HEAT repeat containing 1
peroxidasin homolog (Drosophila)
methylthioadenosine phosphorylase
RNA binding protein with multiple splicing
malic enzyme 3, NADP(+)-dependent, mitochondrial
Kruppel-like factor 1 (erythroid)
ras-related C3 botulinum toxin substrate 3 (rho family, small GTP binding protein Rac3)
MIS18 kinetochore protein homolog A (S. pombe)
ribonuclease, RNase A family, k6
cell division cycle associated 7
small nucleolar RNA, H/ACA box 3
F-box protein 41
zinc finger protein 839 pseudogene
histone cluster 1, H4I
vang-like 2 (van gogh, Drosophila)
eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1
Fanconi anemia, complementation group L

small nucleolar RNA, C/D box 12
cathepsin F
uncharacterized LOC100506662
zinc finger protein 324B
OTU domain containing 7A pseudogene
small nucleolar RNA, C/D box 108

anaphase promoting complex subunit 1
chromosome 5 open reading frame 25 pseudogene
chromosome 10 open reading frame 2
solute carrier family 25, member 36
polymerase (DNA directed), delta 1, catalytic subunit 125kDa

ryanodine receptor 1 (skeletal)

major histocompatibility complex, class II, DP beta 1
aryl-hydrocarbon receptor repressor
cathepsin L2

integrin, alpha 7
leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 4
tet methylcytosine dioxygenase 1
family with sequence similarity 161, member A
zinc finger protein 837
proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase, 5
centromere protein J
interferon-related developmental regulator 2
uncharacterized locus MGC21881
glucuronidase, beta pseudogene 1

chromosome 12 open reading frame 74

unc-51-like kinase 4 (ULK4) pseudogene

ovostatin homolog 2-like
inositol polyphosphate-5-phosphatase, 72 kDa

cyclin-dependent kinase 10
eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 3 gamma, 58kDa
malic enzyme 3, NADP(+)-dependent, mitochondrial
small nucleolar RNA, H/ACA box 65
interleukin enhancer binding factor 3, 90kDa
tripartite motif containing 61
uncharacterized LOC100506392
glucuronidase, beta pseudogene 1
protein kinase, membrane associated tyrosine/threonine 1
nuclear pore complex interacting protein-like 2

golgin subfamily A member 2-like
dihydropyrimidinase-like 4
familial acute myelogenous leukemia related factor
collagen, type II, alpha 1
poly(A) binding protein, cytoplasmic 1-like
HEAT repeat containing 1

histone cluster 1, H2ab

3-hydroxybutyrate dehydrogenase, type 1
chromosome 9 open reading frame 125
spastic ataxia of Charlevoix-Saguenay (sacsin)
p53-induced death domain protein
cyclin E1

spire homolog 2 (*Drosophila*)
ankyrin repeat domain 36B pseudogene 2
AFG3 ATPase family gene 3-like 1 (*S. cerevisiae*), pseudogene

CTF18, chromosome transmission fidelity factor 18 homolog (*S. cerevisiae*)
Rho GTPase activating protein 11B

homeobox A4
chemokine (C-X-C motif) ligand 12
chromosome 9 open reading frame 142

coiled-coil domain containing 102B
solute carrier family 25 (mitochondrial thiamine pyrophosphate carrier), member 19
stromal antigen 3
MAM domain containing glycosylphosphatidylinositol anchor 2
DTX2P1-UPK3BP1-PMS2P11 readthrough (non-protein coding)
small nucleolar RNA, C/D box 76

chromosome 12 open reading frame 45
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 39B
small nucleolar RNA, H/ACA box 67
small nucleolar RNA, C/D box 56
polymerase I and transcript release factor
N-acetyltransferase 8-like (GCN5-related, putative)
casein kinase 1, epsilon
X-ray radiation resistance associated 1
TNF receptor-associated factor 2
family with sequence similarity 86, member A pseudogene

high mobility group AT-hook 2
renin
uncharacterized LOC100505874
KCNQ1 opposite strand/antisense transcript 1 (non-protein coding)
WD repeat domain 5
small nucleolar RNA, C/D box 110
potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 14
small nucleolar RNA, C/D box 96A
amiloride-sensitive cation channel 2, neuronal
nucleolar complex associated 2 homolog (*S. cerevisiae*)
acetyl-CoA carboxylase alpha

transcription factor AP-4 (activating enhancer binding protein 4)
importin 5

intraflagellar transport 140 homolog (*Chlamydomonas*)
heparan sulfate proteoglycan 2
solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, noradrenalin), member 2
small nucleolar RNA, C/D box 30
thimet oligopeptidase 1
small nucleolar RNA, C/D box 35A

solute carrier family 4, anion exchanger, member 3
postmeiotic segregation increased 2 pseudogene 4

collagen-like tail subunit (single strand of homotrimer) of asymmetric acetylcholinesterase
zinc and ring finger 2 pseudogene 1
BMS1 pseudogene 5
glucuronidase, beta pseudogene
tonsoku-like, DNA repair protein

ecotropic viral integration site 2A
fibulin 1
glutathione S-transferase pi 1
StAR-related lipid transfer (START) domain containing 9
RhoX homeobox family, member 2
C1q and tumor necrosis factor related protein 3
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 55
inositol hexakisphosphate kinase 2
nuclear receptor subfamily 6, group A, member 1

BMS1 pseudogene 1

ubiquitin specific peptidase 11

OTU domain containing 3

polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant)

RNA binding motif protein 14

neurofibromin 1

HOXA11 antisense RNA 1 (non-protein coding)

decorin

pescadillo homolog 1, containing BRCT domain (zebrafish)

zinc finger protein 469

ceramide synthase 1

small nucleolar RNA, C/D box 21

zinc finger protein 502

golgin subfamily A member 2-like

metastasis associated 1

regulator of telomere elongation helicase 1

phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase

potassium channel tetramerisation domain containing 3

kinesin family member 22

small nucleolar RNA, C/D box 80

StAR-related lipid transfer (START) domain containing 5

homeobox B4

glypican 2

Vpr (HIV-1) binding protein

CD19 molecule

uncharacterized LOC284581

uncharacterized LOC100506934

TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, C, 110kDa

CXXC finger protein 5

MPV17 mitochondrial membrane protein-like

syntaxin binding protein 6 (amisyn)

PHD finger protein 5A

GCN1 general control of amino-acid synthesis 1-like 1 (yeast)

family with sequence similarity 156, member A

small nucleolar RNA, C/D box 12B

small nucleolar RNA, H/ACA box 75

potassium channel tetramerisation domain containing 5 pseudogene

apolipoprotein L domain containing 1
LAS1-like (*S. cerevisiae*)
HAUS augmin-like complex, subunit 5
ADAM metallopeptidase domain 15
inositol-3-phosphate synthase 1
huntingtin interacting protein 1
chromosome 1 open reading frame 141
small nucleolar RNA, H/ACA box 10
PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (*S. cerevisiae*)
glycophorin B (MNS blood group)
leucine rich repeat containing 20
small nucleolar RNA, C/D box 83B

NLR family, pyrin domain containing 2
serine peptidase inhibitor, Kazal type 2 (acrosin-trypsin inhibitor)
acyl-CoA synthetase medium-chain family member 3
E2F transcription factor 5, p130-binding
NYN domain and retroviral integrase containing
mucin 1, cell surface associated
small nucleolar RNA, C/D box 116-19
centrosomal protein 78kDa

cyclin-dependent kinase inhibitor 1C (p57, Kip2)
solute carrier family 43, member 3
KIAA0664-like 3
insulin-like growth factor 2 mRNA binding protein 1
chromosome 16 open reading frame 13

ATPase family, AAA domain containing 3A
zinc finger protein 711
homeobox B8
zinc finger protein 485
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
denticleless homolog (*Drosophila*)
uncharacterized LOC100652740
protein kinase C and casein kinase substrate in neurons 1
small nucleolar RNA, C/D box 68
small nucleolar RNA, C/D box 48
SHQ1 homolog (*S. cerevisiae*)
TBC1 domain family, member 4

tumor necrosis factor receptor superfamily, member 25
zinc finger protein 593
small nucleolar RNA, C/D box 1B

small nucleolar RNA, C/D box 79
plasminogen activator, tissue
uncharacterized LOC100190986
ATPase family, AAA domain containing 3B
acetyl-CoA acetyltransferase 1

uncharacterized LOC100507303
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
zinc finger protein 711
major histocompatibility complex, class II, DP beta 1
methyltransferase like 21B
TELO2 interacting protein 1
uncharacterized LOC283588
Kruppel-like factor 12
aldehyde dehydrogenase 1 family, member B1
glucuronidase, beta pseudogene
coiled-coil domain containing 109B
RNA, U2 small nuclear 2
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 56
ATPase family, AAA domain containing 3B
homeobox A2

arachidonate 12-lipoxygenase pseudogene 2
centromere protein M
lymphoid enhancer-binding factor 1
small nucleolar RNA, C/D box 32B
centromere protein O
marginal zone B and B1 cell-specific protein
multiple inositol-polyphosphate phosphatase 1

C-type lectin domain family 2, member D
checkpoint kinase 2
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B
gem (nuclear organelle) associated protein 5
uncharacterized LOC100507520

protein-O-mannosyltransferase 2

mitochondrial poly(A) polymerase
exosome component 6
phosphatidylethanolamine binding protein 1
proprotein convertase subtilisin/kexin type 4
chromosome 2 open reading frame 43
eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1

leprecan-like 2

chromosome 14 open reading frame 126

ATPase family, AAA domain containing 3B

ankyrin repeat and sterile alpha motif domain containing 6

anterior gradient 2 homolog (*Xenopus laevis*)

checkpoint kinase 2

coiled-coil domain containing 150

growth differentiation factor 10

small nucleolar RNA, H/ACA box 71C

eukaryotic translation initiation factor 4E binding protein 1

intraflagellar transport 172 homolog (*Chlamydomonas*)

uncharacterized LOC100507520

carbamoyl-phosphate synthetase 2, aspartate transcarbamylase, and dihydroorotase

WD repeat domain 62

histone cluster 1, H1d

complement component 4B (Chido blood group)

tetratricopeptide repeat domain 12

zinc finger protein 519

homeobox A9

kinesin family member 22

checkpoint kinase 2

v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian)-like 2

GDP-mannose 4,6-dehydratase

PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (*S. cerevisiae*)

glucuronidase, beta pseudogene 11

occludin

postmeiotic segregation increased 2-like 2 pseudogene

suppressor of Ty 3 homolog (*S. cerevisiae*)

serpin peptidase inhibitor, clade G (C1 inhibitor), member 1

Fanconi anemia, complementation group I

EGF-like-domain, multiple 8

ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7

WD repeat domain 34

connector enhancer of kinase suppressor of Ras 1

small nucleolar RNA, C/D box 87

BMS1 homolog, ribosome assembly protein (yeast)

uncharacterized LOC100507803

C-type lectin domain family 11, member A

small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)

histone cluster 1, H2bf

small nucleolar RNA, H/ACA box 17

leprecan-like 1

H2A histone family, member Y

RNA guanylyltransferase and 5'-phosphatase

mitochondrial GTPase 1 homolog (*S. cerevisiae*)

fibronectin type III and SPRY domain containing 1

polo-like kinase 4

polymerase (DNA directed), epsilon

NYN domain and retroviral integrase containing

branched chain amino-acid transaminase 2, mitochondrial

zinc finger protein 598

NmrA-like family domain containing 1

YLP motif containing 1

PRP3 pre-mRNA processing factor 3 homolog (*S. cerevisiae*)

small Cajal body-specific RNA 14

immunoglobulin superfamily, member 9

ribosomal protein S2

chromosome 16 open reading frame 59

postmeiotic segregation increased 2 pseudogene 5

regulator of chromosome condensation 1

AF4/FMR2 family, member 3

zinc finger protein 578

frizzled family receptor 2

B-cell linker

PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (*S. cerevisiae*)

small nucleolar RNA, C/D box 114-20

coxsackie virus and adenovirus receptor

WD repeat domain 27

solute carrier family 39 (zinc transporter), member 10

euchromatic histone-lysine N-methyltransferase 2

chromosome 22 open reading frame 34

solute carrier family 8 (sodium/calcium exchanger), member 3

sodium channel, voltage-gated, type IX, alpha subunit

uncharacterized LOC100507918
TAF6-like RNA polymerase II, p300/CBP-associated factor (PCAF)-associated factor, 65kDa
glucuronidase, beta pseudogene
DTX2P1-UPK3BP1-PMS2P11 readthrough (non-protein coding)
thyroid adenoma associated
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 55
small nucleolar RNA, C/D box 15A
pleiomorphic adenoma gene-like 1
LUC7-like (*S. cerevisiae*)
X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
small nucleolar RNA, C/D box 86

polymerase (DNA directed), theta
autism susceptibility candidate 2
small nucleolar RNA, H/ACA box 24
ubiquilin-like
non-SMC condensin II complex, subunit H2
kinesin family member 23
dihydroorotate dehydrogenase (quinone)
proline rich 22
small nucleolar RNA, H/ACA box 22

small nucleolar RNA, H/ACA box 80B
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
NOP56 ribonucleoprotein homolog (yeast)

aldehyde oxidase 2 pseudogene
chromosome 19 open reading frame 2
uncharacterized protein LOC100652933
ring finger protein 220
histone cluster 1, H1b
nucleoporin like 1
nucleoporin like 1
uncharacterized LOC389831
uncharacterized FLJ39653
long intergenic non-protein coding RNA 340
zinc finger protein 41 homolog (mouse)
Src homology 2 domain containing transforming protein D
ubiquilin 4
small nucleolar RNA, H/ACA box 58

hematological and neurological expressed 1-like
multiple inositol-polyphosphate phosphatase 1
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
disrupted in schizophrenia 1
neurofibromin 1
POM121 and ZP3 fusion
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
small nucleolar RNA, C/D box 27
microtubule associated monooxygenase, calponin and LIM domain containing 1
zinc finger protein 793
glucuronidase, beta pseudogene 2
family with sequence similarity 86, member C1

adducin 2 (beta)
aurora kinase B
uncharacterized LOC100129940
uncharacterized LOC100506930
KH-type splicing regulatory protein

cysteine-rich secretory protein 2
TBC1 domain family, member 19
C1q and tumor necrosis factor related protein 4
pre-B-cell leukemia homeobox 3
B melanoma antigen

uncharacterized LOC730101

protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor gamma
uncharacterized LOC284385
Treacher Collins-Franceschetti syndrome 1

biphenyl hydrolase-like (serine hydrolase)
forkhead box P1

tubulin tyrosine ligase-like family, member 1

RAB23, member RAS oncogene family

elongation protein 2 homolog (*S. cerevisiae*)
hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 4
alanyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative)

coiled-coil domain containing 18

suppressor of Ty 3 homolog (*S. cerevisiae*)
FAD-dependent oxidoreductase domain containing 1
tetratricopeptide repeat domain 19
small nucleolar RNA, C/D box 36C
inhibitor of growth family, member 5

serine dehydratase-like
poly (ADP-ribose) glycohydrolase pseudogene
zinc finger protein 195
helicase-like transcription factor

human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 3
ribosomal RNA processing 9, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast)
structural maintenance of chromosomes 1A
solute carrier family 40 (iron-regulated transporter), member 1

nasal embryonic LHRH factor
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
proliferation-associated 2G4, 38kDa
WD repeat domain 18
small Cajal body-specific RNA 12
uncharacterized LOC100506965
cyclin-dependent kinase 6
long intergenic non-protein coding RNA 174
small Cajal body-specific RNA 23
RNA, U105A small nucleolar
chromatin assembly factor 1, subunit B (p60)
G protein-coupled receptor 162
small nucleolar RNA, H/ACA box 57
nuclear pore complex interacting protein related gene
uncharacterized LOC100272216
small nucleolar RNA, C/D box 58A
sperm associated antigen 4
Sec61 alpha 2 subunit (*S. cerevisiae*)
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
DNA replication helicase 2 homolog (yeast)
neurofibromin 1 pseudogene 2
small nucleolar RNA, C/D box 15B
small nucleolar RNA, H/ACA box 76

inositol-3-phosphate synthase 1
FtsJ homolog 3 (*E. coli*)
small nucleolar RNA, C/D box 88C

secreted frizzled-related protein 1
transmembrane protein 121
polymerase (RNA) I polypeptide A, 194kDa
MARVEL domain containing 1
baculoviral IAP repeat containing 5
hook homolog 1 (Drosophila)
A kinase (PRKA) anchor protein 1
rhotekin 2
CCR4 carbon catabolite repression 4-like (S. cerevisiae)
ribosomal RNA processing 1 homolog B (S. cerevisiae)
zinc finger protein 692
granzyme H (cathepsin G-like 2, protein h-CCPX)
LIM domain binding 1
zinc finger protein 135
RNA binding motif protein 15
solute carrier family 25, member 29
caspase recruitment domain family, member 14
small nucleolar RNA, C/D box 33
eukaryotic translation initiation factor 4B
CTP synthase II
zinc finger protein 497
chromosome 15 open reading frame 42

CSRP2 binding protein
FAD-dependent oxidoreductase domain containing 2
STAM binding protein-like 1
obscurin, cytoskeletal calmodulin and titin-interacting RhoGEF
WAS protein family homolog 1
zinc finger protein 280A
centromere protein M
LIM domain only 4
pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 2, pseudogene
transmembrane protein 63C
guanine nucleotide binding protein-like 3 (nucleolar)-like

SLC2A4 regulator
CNKSR family member 3
phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 3 (gamma)
methionine adenosyltransferase II, alpha
protein phosphatase 2, regulatory subunit B'', beta
uncharacterized LOC100506882

kinetochore associated 1
von Willebrand factor D and EGF domains

uncharacterized LOC100506966
PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (*S. cerevisiae*)
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
zinc finger protein 589
uncharacterized protein FLJ25694
family with sequence similarity 171, member A1
G patch domain containing 4
prefoldin subunit 4
spastic ataxia of Charlevoix-Saguenay (sacsin)
latent transforming growth factor beta binding protein 3
tetratricopeptide repeat domain 8
ankyrin repeat and sterile alpha motif domain containing 3
ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7
leucine rich repeat containing 36
PHOSPHO2-KLHL23 readthrough
diaphanous homolog 3 (*Drosophila*)
chemokine (C-X-C motif) ligand 12
Pvt1 oncogene (non-protein coding)
uncharacterized LOC100507437
RWD domain containing 3

importin 5 pseudogene
ribosomal L1 domain containing 1
DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 26B
ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7

PHD finger protein 14
SPC24, NDC80 kinetochore complex component, homolog (*S. cerevisiae*)

APEX nuclease (multifunctional DNA repair enzyme) 1
WDFY family member 4
pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 2, pseudogene
KIAA0020
small nucleolar RNA, C/D box 60
contactin associated protein-like 2
exosome component 8
piezo-type mechanosensitive ion channel component 1

peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator-related 1
RAN binding protein 17
chromosome 6 open reading frame 10
Rho GTPase activating protein 42
small nucleolar RNA, H/ACA box 6
chromosome 1 open reading frame 138

RAP1 interacting factor homolog (yeast)
mitochondrial ribosomal protein L4
non-SMC condensin I complex, subunit G

hexosaminidase (glycosyl hydrolase family 20, catalytic domain) containing

small nucleolar RNA, C/D box 24
chromosome 1 open reading frame 226
transmembrane protein 177

prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 1
zinc finger protein 124
small nucleolar RNA, C/D box 32A
ceramide synthase 6
tubulin tyrosine ligase-like family, member 11

anaphase promoting complex subunit 1
zinc finger protein 599
allograft inflammatory factor 1-like
small nucleolar RNA, C/D box 91B

Pvt1 oncogene (non-protein coding)
uncharacterized LOC645566
ankyrin repeat domain 36B

suppression of tumorigenicity 18 (breast carcinoma) (zinc finger protein)

branched chain amino-acid transaminase 1, cytosolic

transmembrane protein 201

ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7
ATP-binding cassette, sub-family E (OABP), member 1
smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (*C. elegans*)
TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, A, 48kDa
histone cluster 1, H3b
WD repeat domain 85
small nucleolar RNA, H/ACA box 81

heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 1
eukaryotic translation initiation factor 4A1
scribbled homolog (*Drosophila*)
hydatidiform mole associated and imprinted (non-protein coding)
LIM domain only 4

forkhead box P1

zinc finger, RAN-binding domain containing 3

chemokine (C-X-C motif) ligand 12

HLA complex group 18 (non-protein coding)

small nucleolar RNA, C/D box 34

GTP binding protein 6 (putative)

mitochondrial rRNA methyltransferase 1 homolog (*S. cerevisiae*)

PCI domain containing 2

solute carrier family 46 (folate transporter), member 1

small nucleolar RNA, H/ACA box 9

small nucleolar RNA, C/D box 46

synaptogyrin 1

solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 7

isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) beta

spindlin 1

SET domain, bifurcated 2

CDK5 regulatory subunit associated protein 3

proline, glutamate and leucine rich protein 1

Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1

uncharacterized LOC92659

misato homolog 1 (*Drosophila*)

WW domain containing oxidoreductase

WDFY family member 4

TAR (HIV-1) RNA binding protein 1

heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C (C1/C2)

transcription elongation regulator 1

zinc and ring finger 3

frizzled family receptor 4

obscurin, cytoskeletal calmodulin and titin-interacting RhoGEF

vacuolar protein sorting 35 homolog (*S. cerevisiae*)

potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, beta member 1

WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pseudogene 2

Ras-related GTP binding C

BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 1

serine/threonine kinase 17b

family with sequence similarity 110, member A
BCL2 binding component 3
tropomyosin 4
egl nine homolog 3 (C. elegans)
dachshund homolog 1 (Drosophila)
CD58 molecule
uncharacterized LOC400612
DNA-damage regulated autophagy modulator 1
uncharacterized LOC378805
chromosome 12 open reading frame 39
kinesin family member C3
uncharacterized LOC100128262

prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 (soluble)
deoxyribose-phosphate aldolase (putative)

golgin A7
CD44 molecule (Indian blood group)
uncharacterized LOC378805
ADP-ribosylation-like factor 6 interacting protein 5
G patch domain and ankyrin repeats 1
laminin, beta 1
CD58 molecule
pleckstrin homology domain containing, family O member 2
ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 (rho family, small GTP binding protein Rac1)
methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2, methenyltetrahydrofolate cyclo
GTPase activating protein (SH3 domain) binding protein 2
fucose-1-phosphate guanylyltransferase
thromboxane A2 receptor
ATPase, H+ transporting, lysosomal 42kDa, V1 subunit C1
N-acetyltransferase 8B (GCN5-related, putative, gene/pseudogene)
long intergenic non-protein coding RNA 486

uncharacterized LOC100507286
major histocompatibility complex, class I, G
major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 2

calmin (calponin-like, transmembrane)

thymidine kinase 2, mitochondrial
ras homolog gene family, member F (in filopodia)

chromosome 9 open reading frame 30
phosphodiesterase 2A, cGMP-stimulated
atlastin GTPase 1
histone cluster 3, H3

DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 6
IL2-inducible T-cell kinase
CDC14 cell division cycle 14 homolog B (*S. cerevisiae*)
pituitary tumor-transforming 1 interacting protein
kinase suppressor of ras 1
Nedd4 family interacting protein 2

coiled-coil domain containing 107
nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, beta
chemokine (C-X-C motif) receptor 1
protein kinase, AMP-activated, alpha 1 catalytic subunit
family with sequence similarity 102, member A
chromosome 4 open reading frame 3
mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isozyme B

tyrosylprotein sulfotransferase 2
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha inhibiting activity polypeptide 3
dipeptidase 2
CD244 molecule, natural killer cell receptor 2B4
hemoglobin, theta 1
TRAF2 and NCK interacting kinase
lipin 2
protein phosphatase 1, regulatory subunit 3D
runt-related transcription factor 1
chitinase, di-N-acetyl-
adrenergic, alpha-2A-, receptor
CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 5
interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
coatamer protein complex, subunit alpha
cysteine-serine-rich nuclear protein 1
CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 2
v-raf murine sarcoma 3611 viral oncogene homolog

solute carrier family 37 (glycerol-3-phosphate transporter), member 1
phosphodiesterase 3A, cGMP-inhibited

inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 1
regulator of G-protein signaling 10
ferritin, heavy polypeptide 1

immediate early response 5-like
transmembrane protein 41A
tetratricopeptide repeat domain 27
endothelial cell adhesion molecule
mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 2
free fatty acid receptor 3

family with sequence similarity 160, member B1
thioredoxin-like 4B
legumain
solute carrier family 44, member 1
anterior pharynx defective 1 homolog B (*C. elegans*)
phosphorylase, glycogen, liver
ADP-ribosylation factor 4
selenoprotein K
TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2
sialic acid binding Ig-like lectin 12 (gene/pseudogene)
major histocompatibility complex, class I, C
phosphoribosyl transferase domain containing 1
v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog (avian)
exocyst complex component 3-like 2
tumor protein p53 inducible nuclear protein 1
myocyte enhancer factor 2D
tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, eta polypeptide
major facilitator superfamily domain containing 6
chromosome 17 open reading frame 72
kalirin, RhoGEF kinase
uncharacterized LOC339260
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 13
leucine rich repeat containing 8 family, member B
ATPase, class II, type 9B
SCY1-like 2 (*S. cerevisiae*)
serine/threonine kinase 4

YOD1 OTU deubiquinating enzyme 1 homolog (*S. cerevisiae*)
musculin
guanylate cyclase 1, soluble, beta 3
spla/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 1
FERM domain containing 3
hematopoietic cell signal transducer
ankyrin repeat domain 5
oligosaccharyltransferase 4 homolog (*S. cerevisiae*)
pre-B-cell leukemia homeobox 4
T-cell leukemia translocation altered gene

mitochondrial fission factor
uncharacterized LOC100652948
glycosyltransferase-like domain containing 1
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5
CAP-GLY domain containing linker protein 1
solute carrier organic anion transporter family, member 3A1
phospholipid scramblase 1
annexin A3
ADAM metallopeptidase domain 10
uncharacterized LOC378805
paraneoplastic antigen MA1
zinc finger protein, Y-linked

beta 1,3-galactosyltransferase-like
epidermal growth factor
chloride channel 4
egf-like module containing, mucin-like, hormone receptor-like 3
KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 2
solute carrier family 24 (sodium/potassium/calcium exchanger), member 3
Mdm1 nuclear protein homolog (mouse)
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 6
family with sequence similarity 26, member E
uncharacterized LOC285401
filamin A, alpha

chemokine (C-C motif) ligand 18 (pulmonary and activation-regulated)
CD14 molecule
uncharacterized LOC100132891

CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 6
ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 6

zinc finger protein, multitype 2
Kruppel-like factor 6
keratin 83
MOB kinase activator 1B

four and a half LIM domains 3
hepcidin antimicrobial peptide
ring finger protein 141
tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor)
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 70kDa, V1 subunit A
protease, serine, 50
SH3-domain GRB2-like endophilin B1

F11 receptor
galactose mutarotase (aldose 1-epimerase)
ring finger protein 14
ovostatin 2

pyrroline-5-carboxylate reductase family, member 2
RAB1A, member RAS oncogene family
chromosome 2 open reading frame 49
transmembrane BAX inhibitor motif containing 1
cell growth regulator with ring finger domain 1
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 12A
calcium binding protein 39
tousled-like kinase 1
transmembrane protein 140
Kallmann syndrome 1 sequence
forkhead box O3
SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 3
chloride intracellular channel 4

multimerin 1
dynamin 3

0
heparanase

serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 1
actinin, alpha 1
akirin 1
alpha-2-macroglobulin
cytochrome P450, family 11, subfamily B, polypeptide 1
ferritin, heavy polypeptide 1

prostaglandin I2 (prostacyclin) receptor (IP)

protein phosphatase 1, regulatory subunit 15A
stomatin
proline-rich protein BstNI subfamily 3
HRAS-like suppressor family, member 5
oxoeicosanoid (OXE) receptor 1
akirin 1
chemokine (C-C motif) receptor 3

ATPase, Ca⁺⁺ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2

perilipin 2
CD83 molecule
chemokine (C-C motif) ligand 3
neurogranin (protein kinase C substrate, RC3)

tyrosylprotein sulfotransferase 1
platelet/endothelial cell adhesion molecule
arachidonate 15-lipoxygenase
complement component 5a receptor 1
transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 6

uncharacterized LOC647979
tet methylcytosine dioxygenase 2
uncharacterized LOC100506190
neutrophil cytosolic factor 1
testis expressed 14

GABA(A) receptor-associated protein like 1
forkhead box O3
cytochrome b5 domain containing 2
chromosome 18 open reading frame 32
leukotriene C4 synthase
microtubule-associated proteins 1A/1B light chain 3B-like
SKI-like oncogene
myocardial zonula adherens protein

SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 2
cell death-inducing DFFA-like effector c
uncharacterized LOC100506190
interleukin 17 receptor A
uncharacterized LOC729178
TRAF2 and NCK interacting kinase
inositol polyphosphate-4-phosphatase, type II, 105kDa
prostaglandin E receptor 4 (subtype EP4)
coenzyme Q10 homolog B (*S. cerevisiae*)
cystatin B (stefin B)
insulin receptor substrate 2
cathepsin D
galactose mutarotase (aldose 1-epimerase)
aquaporin 1 (Colton blood group)
stress-associated endoplasmic reticulum protein family member 2
uncharacterized LOC100507195
WW domain binding protein 5

3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate synthase 2
solute carrier family 22 (organic anion/urate transporter), member 12
tetraspanin 2
aryl hydrocarbon receptor nuclear translocator-like
F11 receptor
hexokinase 1
sphingosine-1-phosphate receptor 1
fucosyltransferase 8 (alpha (1,6) fucosyltransferase)
complement component 3
insulin receptor substrate 1
regulator of G-protein signaling 9
chromosome 22 open reading frame 43
magnesium transporter 1
ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 2
glyoxalase I
formin homology 2 domain containing 1
lectin, galactoside-binding, soluble, 3
uncharacterized LOC148824
sushi domain containing 3
pyruvate dehydrogenase kinase, isozyme 1
nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2
endothelin converting enzyme 1
Yip1 interacting factor homolog B (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC100506007
beaded filament structural protein 1, filensin
ankyrin 3, node of Ranvier (ankyrin G)

F-box protein 40
uncharacterized LOC645431
TBP-like 1
family with sequence similarity 81, member B
bromodomain, testis-specific pseudogene
Rh blood group, CcEe antigens
adenylate kinase 8
hemoglobin, alpha 2
S-phase response (cyclin related)
hemoglobin, alpha 2
uncharacterized LOC729451
G protein-coupled receptor 65
glycoprotein V (platelet)
CD244 molecule, natural killer cell receptor 2B4

SEC14-like 1 (*S. cerevisiae*)
HIV-1 Tat interactive protein 2, 30kDa
organic solute transporter alpha
serine incorporator 1
peptidylglycine alpha-amidating monooxygenase

LanC lantibiotic synthetase component C-like 3 (bacterial)
FYN oncogene related to SRC, FGR, YES
NLR family, CARD domain containing 5
zinc finger protein 175
uncharacterized LOC100507360
regulator of G-protein signaling 2, 24kDa
platelet endothelial aggregation receptor 1
myeloid-associated differentiation marker
coagulation factor XIII, A1 polypeptide
junctional sarcoplasmic reticulum protein 1
N-acylsphingosine amidohydrolase (acid ceramidase) 1
ALX homeobox 1
ubiquitin specific peptidase 53

CD69 molecule
FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog B
v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog B
pleckstrin
GABA(A) receptor-associated protein like 1
ras homolog gene family, member U
purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 1
G protein-coupled receptor 137B
presenilin 2 (Alzheimer disease 4)
brain protein I3
aldo-keto reductase family 1, member C3 (3-alpha hydroxysteroid dehydrogenase, type II)
mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isozyme A
tubulin, alpha-like 3
lysyl oxidase-like 3
family with sequence similarity 149, member B1
SEC14-like 1 (*S. cerevisiae*)
KIAA0247
RAS p21 protein activator 3
hexamethylene bis-acetamide inducible 2
calcium binding and coiled-coil domain 1
zinc finger protein 683
SLX4 structure-specific endonuclease subunit homolog (*S. cerevisiae*)
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 4
matrix Gla protein

intercellular adhesion molecule 5, telencephalin
adenosine A3 receptor
interleukin 16

ring finger and CHY zinc finger domain containing 1

LPS-responsive vesicle trafficking, beach and anchor containing
SMAD family member 1

cytochrome P450, family 1, subfamily B, polypeptide 1
protein tyrosine phosphatase-like A domain containing 2
hemoglobin, delta

CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) small phosphatase-like
tripartite motif containing 13

selenoprotein P, plasma, 1

integrin-linked kinase

TCR gamma alternate reading frame protein

major histocompatibility complex, class I, A

succinate receptor 1

peptidylprolyl isomerase F

uncharacterized LOC728431

hexokinase 3 (white cell)

sal-like 2 (Drosophila)

heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like

uncharacterized LOC400087

chemokine (C-X-C motif) ligand 2

amidohydrolase domain containing 1

RAS (RAD and GEM)-like GTP binding 2

tripartite motif containing 40

uncharacterized LOC100287177

solute carrier family 35, member E1

transmembrane protein 154

uncharacterized LOC100507392

consortin, connexin sorting protein

filamin A interacting protein 1-like

transmembrane protein 104

solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 3

chromosome 9 open reading frame 89

calcium binding protein 5

pellino homolog 1 (Drosophila)

purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 1

salvador homolog 1 (Drosophila)
intercellular adhesion molecule 2
proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 1
epoxide hydrolase 3
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 3, 12kDa
mitochondrial antiviral signaling protein
FERM domain containing 3
integrin, beta 5
hydrogen voltage-gated channel 1
synemin, intermediate filament protein
phosphodiesterase 4D interacting protein
translin-associated factor X
guanylate cyclase 1, soluble, beta 3
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); translocated to, 4
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 10
galactosidase, alpha
non-protein coding RNA 185
interferon, alpha-inducible protein 27-like 2
cortactin
ubiquitin-conjugating enzyme E2H
arginase, type II

F-box and leucine-rich repeat protein 5
integrin, beta 3 (platelet glycoprotein IIIa, antigen CD61)
CD48 molecule
S100 calcium binding protein A11
enkurin, TRPC channel interacting protein

runt-related transcription factor 1; translocated to, 1 (cyclin D-related)
chromosome 15 open reading frame 53
chromosome 3 open reading frame 52
nescient helix loop helix 2
ninjurin 2

actin filament associated protein 1

platelet-derived growth factor receptor, alpha polypeptide
potassium channel, subfamily K, member 6
S100 calcium binding protein A12
wingless-type MMTV integration site family, member 2B
leucine rich repeat containing 8 family, member B
nuclear receptor interacting protein 3

talin 1

collagen, type VI, alpha 2

delta-like 1 (Drosophila)

dynein, light chain, Tctex-type 3

major histocompatibility complex, class I, C

leucine rich repeat containing 71

translocation associated membrane protein 2

SLAM family member 8

myeloperoxidase

PR domain containing 5

chloride channel 3

major histocompatibility complex, class I, E

chromosome 6 open reading frame 211

mannosyl (beta-1,4-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase

chromosome 9 open reading frame 82

growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma

dihydropyrimidine dehydrogenase

pelota homolog (Drosophila)

dual specificity phosphatase 13

transforming growth factor, beta receptor II (70/80kDa)

Purkinje cell protein 2

SH3 and PX domains 2A

myocardial zonula adherens protein

coiled-coil domain containing 103

interleukin 4

GRB2-related adaptor protein 2

myosin, heavy chain 9, non-muscle

aquaporin 9

chromosome 19 open reading frame 51

collagen, type VI, alpha 2

breast cancer anti-estrogen resistance 3

WW and C2 domain containing 1

proprotein convertase subtilisin/kexin type 6

ribonuclease, RNase A family, 3

leucine rich repeat containing 32

mitogen-activated protein kinase 13

apoptosis-associated tyrosine kinase

transmembrane BAX inhibitor motif containing 4

interferon gamma receptor 1

villin 1

neuroepithelial cell transforming 1

purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 1
family with sequence similarity 55, member A
MYC associated factor X
interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
par-3 partitioning defective 3 homolog (C. elegans)
chromosome 20 open reading frame 108
C-type lectin domain family 5, member A
thromboxane A synthase 1 (platelet)
spermine oxidase
X antigen family, member 2B
lin-7 homolog A (C. elegans)
platelet-derived growth factor alpha polypeptide

chromosome 7 open reading frame 74
iroquois homeobox 3
hexamethylene bis-acetamide inducible 1
tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor)
lipoma HMGIC fusion partner-like 2
caspase recruitment domain family, member 6
chromosome 8 open reading frame 83

glycosyltransferase 25 domain containing 2

tumor necrosis factor receptor superfamily, member 4
uncharacterized LOC100506190
TSC22 domain family, member 3
endoplasmic reticulum aminopeptidase 1
Rho-related BTB domain containing 3

hemoglobin, beta pseudogene 1
dachshund homolog 1 (Drosophila)
K(lysine) acetyltransferase 2B
coiled-coil domain containing 122
chromosome 1 open reading frame 56
ryanodine receptor 2 (cardiac)
glycosyltransferase-like 1B
myosin light chain kinase
tetraspanin 14
latent transforming growth factor beta binding protein 1
CD47 molecule
trinucleotide repeat containing 6C
fermitin family member 3
melanocortin 2 receptor accessory protein 2

dual specificity phosphatase 1
interleukin 7 receptor
sterile alpha motif domain containing 14
hemoglobin, gamma A
glutaminy-peptide cyclotransferase
transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 6
protein phosphatase 2, regulatory subunit B, delta
chromosome 7 open reading frame 53

emerin
caspase 4, apoptosis-related cysteine peptidase
jagged 1
uncharacterized LOC100652760
phospholipase A2, group XIA

chondroadherin-like
bridging integrator 2

uncharacterized LOC100132774
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 13
transmembrane 4 L six family member 19
serine/threonine kinase 17b
cylindromatosis (turban tumor syndrome)

uncharacterized LOC100505500

prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
cyclin D3
caspase recruitment domain family, member 17
solute carrier organic anion transporter family, member 3A1
guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 8
chromosome 16 open reading frame 5
activating transcription factor 3
cathepsin A
coagulation factor II (thrombin) receptor-like 3
LIM and senescent cell antigen-like domains 1
WD repeat domain, phosphoinositide interacting 1

uncharacterized LOC100291105
BTB (POZ) domain containing 11
FERM domain containing 3
family with sequence similarity 65, member B
translocation associated membrane protein 1
RALBP1 associated Eps domain containing 2

latent transforming growth factor beta binding protein 1
phosphodiesterase 4D interacting protein
uncharacterized LOC100134229
Rho GTPase activating protein 6

hemoglobin, gamma A
sortilin 1

splA/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 4
thioredoxin interacting protein
uncharacterized LOC440896
sulfatase 2
zinc finger protein 770

tripartite motif containing 10
RAB30, member RAS oncogene family
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 11
uncharacterized LOC100507319
ATPase, Ca⁺⁺ transporting, type 2C, member 1

N-deacetylase/N-sulfotransferase (heparan glucosaminy) 1
uncharacterized LOC100287375
hypoxia inducible factor 3, alpha subunit

MYC associated factor X

chromosome 5 open reading frame 4
formin binding protein 1-like

v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 3 (protein kinase B, gamma)
transmembrane protein 189
lipocalin 2
ArfGAP with SH3 domain, ankyrin repeat and PH domain 2
general transcription factor IIB
chemokine (C-C motif) receptor-like 2
protein S (alpha)
long intergenic non-protein coding RNA 346
long intergenic non-protein coding RNA 152
tubulin, alpha 4a
platelet derived growth factor C
phosphatidic acid phosphatase type 2A
CDP-diacylglycerol synthase (phosphatidate cytidyltransferase) 2
keratin 81

yippee-like 2 (Drosophila)
Rho GTPase activating protein 10
microtubule-associated protein 1B
glucose-fructose oxidoreductase domain containing 1
sushi domain containing 1

uncharacterized LOC100507540
arachidonate 5-lipoxygenase-activating protein
yippee-like 5 (Drosophila)
CD200 receptor 1
basic helix-loop-helix family, member e41
SH2B adaptor protein 3
ring finger protein 11
tripartite motif containing 58
inverted formin, FH2 and WH2 domain containing
uncharacterized LOC728228
transmembrane protein 111
N-acetylneuraminate pyruvate lyase (dihydrodipicolinate synthase)
neuroplastin

calmodulin-like 3
folate receptor 3 (gamma)
SH3 and PX domains 2A
chromosome 5 open reading frame 62
V-set and immunoglobulin domain containing 8
dual specificity phosphatase 22
secreted phosphoprotein 1
myosin, light chain 6, alkali, smooth muscle and non-muscle
myelin basic protein
interleukin 3 receptor, alpha (low affinity)
tetratricopeptide repeat domain 7B
receptor (G protein-coupled) activity modifying protein 1
myeloid cell nuclear differentiation antigen
related RAS viral (r-ras) oncogene homolog
WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pseudogene 3
solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, serotonin), member 4
xylosyltransferase II
HtrA serine peptidase 4
potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 3
small glutamine-rich tetratricopeptide repeat (TPR)-containing, beta
X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P) 1, soluble
homeodomain interacting protein kinase 2
transmembrane 4 L six family member 1
plakophilin 2

uncharacterized LOC100506190
interleukin 17 receptor A
hydroxycarboxylic acid receptor 3
Kruppel-like factor 10
S100 calcium binding protein A11
NCK-associated protein 1
BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 2
uncharacterized LOC255411

nexilin (F actin binding protein)
arginine vasopressin receptor 1A
insulin induced gene 1
FK506 binding protein 1B, 12.6 kDa

ubiquitin D
transmembrane protein 63A

uncharacterized LOC644246
family with sequence similarity 196, member A

Ras-like without CAAX 1
zinc finger protein 185 (LIM domain)
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like
secretory leukocyte peptidase inhibitor
cytochrome P450, family 1, subfamily B, polypeptide 1
transmembrane and tetratricopeptide repeat containing 2
chemokine (C-C motif) ligand 3-like 3
transmembrane 4 L six family member 19
phosphodiesterase 4D interacting protein
cytochrome b-245, beta polypeptide

CD9 molecule

toll-like receptor 4
interferon induced transmembrane protein 4 pseudogene
protein kinase C, beta
integral membrane protein 2B
hippocalcin-like 1
collagen, type VI, alpha 1
TRAF family member-associated NFKB activator
CDC14 cell division cycle 14 homolog C (*S. cerevisiae*)

lysophosphatidic acid receptor 5
glycoprotein, alpha-galactosyltransferase 1 pseudogene

transmembrane 6 superfamily member 1
coronin, actin binding protein, 1C
ferritin, heavy polypeptide-like 17
phosphatidic acid phosphatase type 2B
galanin prepropeptide
uncharacterized LOC728431
SEC14-like 5 (*S. cerevisiae*)
spermidine/spermine N1-acetyltransferase 1
interleukin 17 receptor A
suppressor of cytokine signaling 1
immunoglobulin superfamily, member 6

uncharacterized LOC100505592
v-src sarcoma (Schmidt-Ruppin A-2) viral oncogene homolog (avian)
RAB33A, member RAS oncogene family
solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 9
ring finger protein 19A
ribonuclease, RNase A family, 1 (pancreatic)
CD40 ligand
tetraspanin 9
bactericidal/permeability-increasing protein
sarcolemma associated protein
ubiquitin specific peptidase 9, Y-linked
epoxide hydrolase 2, cytoplasmic
G protein-coupled receptor 84
cathepsin A
membrane-associated ring finger (C3HC4) 2
Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 2
thrombospondin 1
caspase recruitment domain family, member 16
prostaglandin E receptor 3 (subtype EP3)
uncharacterized LOC100128822
phosphatidylinositol-5-phosphate 4-kinase, type II, alpha
inositol polyphosphate-5-phosphatase, 40kDa
centrosomal protein 44kDa
major facilitator superfamily domain containing 1
zinc finger and BTB domain containing 34
arrestin domain containing 4
LP2209
glutathione S-transferase omega 1

RNA binding motif protein 38
secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin)
adaptor-related protein complex 1, sigma 2 subunit

RAB42, member RAS oncogene family
protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 12
chemokine (C-X-C motif) ligand 3
vasorin

chemokine-like factor
Rho-related BTB domain containing 1
amiloride binding protein 1 (amine oxidase (copper-containing))
peptidoglycan recognition protein 1
myosin light chain kinase
LMBR1 domain containing 1
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 43
BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 2
uncharacterized LOC100507195
sequestosome 1

lysophospholipase-like 1
relaxin 3
carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 13
chemokine (C-X-C motif) receptor 2 pseudogene 1

chemokine (C-X-C motif) ligand 2
spermidine/spermine N1-acetyltransferase 1
ELOVL fatty acid elongase 7
collectin sub-family member 12
caspase 14, apoptosis-related cysteine peptidase
receptor (G protein-coupled) activity modifying protein 1
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6
PDZK1 interacting protein 1
uridine phosphorylase 1

taxilin gamma 2, pseudogene
protein kinase C, alpha

pleckstrin homology domain containing, family A (phosphoinositide binding specific) member 8
aminolevulinate, delta-, synthase 1
DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 like 9

myosin, light chain 12A, regulatory, non-sarcomeric
tetraspanin 33

lysosomal-associated membrane protein 3
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 7

uncharacterized LOC378805
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 9
glycoprotein IX (platelet)
sialic acid acetyltransferase
solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 3
integrin, beta 1 (fibronectin receptor, beta polypeptide, antigen CD29 includes MDF2, MSK12)
caspase 5, apoptosis-related cysteine peptidase
trichohyalin
family with sequence similarity 174, member A
WAS protein family, member 3
chemokine (C-X-C motif) ligand 5

thymosin beta 4, X-linked
brain expressed, X-linked 1
progesterone and adiponectin receptor family member V
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 14
RAB31, member RAS oncogene family
CD69 molecule
Krüppel-like factor 3 (basic)
carbohydrate (N-acetylglucosamine 6-O) sulfotransferase 7
protein disulfide isomerase family A, member 5
ST8 alpha-N-acetylneuraminidase alpha-2,8-sialyltransferase 5
serum deprivation response
protein kinase C, beta
chromosome 10 open reading frame 47
arachidonate 5-lipoxygenase
DNA cross-link repair 1A
gamma-aminobutyric acid (GABA) A receptor, epsilon

N-acetylneuraminidase pyruvate lyase (dihydrodipicolinate synthase)
tetraspanin 14
integrin alpha FG-GAP repeat containing 1
kazrin, periplakin interacting protein
sulfiredoxin 1
thrombospondin 1
elastase, neutrophil expressed
testis-specific transcript, Y-linked 15 (non-protein coding)
guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 11
regulator of G-protein signaling 18
cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 1, cytosolic
chromosome 10 open reading frame 47
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 3
armadillo repeat containing, X-linked 3

endothelin converting enzyme 1
cortactin
T cell receptor associated transmembrane adaptor 1
Bardet-Biedl syndrome 12
ficolin (collagen/fibrinogen domain containing) 1
uncharacterized LOC100507800
msh homeobox 2 pseudogene 1
transmembrane protein 104
dynein, light chain, Tctex-type 3
Rho GTPase activating protein 6
abl-interactor 1
phosphodiesterase 8B
NCK adaptor protein 2
pleckstrin homology domain containing, family O member 1
aquaporin 2 (collecting duct)
protein tyrosine phosphatase, receptor type, N polypeptide 2
resistin
keratin 86
Src-like-adaptor 2
glycoprotein VI (platelet)
laminin, gamma 1 (formerly LAMB2)
phosphoglucomutase 1

transmembrane 6 superfamily member 1
intercellular adhesion molecule 1
Src-like-adaptor 2
G protein-coupled receptor 160
uncharacterized LOC100505906
lysosomal trafficking regulator

calcium/calmodulin-dependent protein kinase ID
thymosin beta 4, X-linked

solute carrier family 2 (facilitated glucose/fructose transporter), member 5
adenosine A2a receptor
purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 12
RAP1B, member of RAS oncogene family
leukocyte receptor cluster (LRC) member 8
acrosin binding protein
proprotein convertase subtilisin/kexin type 6

long intergenic non-protein coding RNA 244
platelet factor 4
proline-rich nuclear receptor coactivator 1

uncharacterized LOC100505906
tubulin, alpha 4a
uncharacterized LOC100506779
heparanase
chromosome 15 open reading frame 52

snail homolog 1 (Drosophila)
TNF receptor-associated factor 1
chemokine (C-C motif) ligand 8

arachidonate 12-lipoxygenase
optineurin
wingless-type MMTV integration site family, member 11
egf-like module containing, mucin-like, hormone receptor-like 4 pseudogene
matrix metalloproteinase 25
tubulin, alpha 4a
notch 3
clusterin
lactate dehydrogenase C
S100 calcium binding protein A9
cystatin A (stefin A)
integrin, alpha V (vitronectin receptor, alpha polypeptide, antigen CD51)
golgin A2
solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 8
ribosomal protein S4, Y-linked 1
pro-platelet basic protein (chemokine (C-X-C motif) ligand 7)
major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1

uncharacterized LOC729178
uncharacterized LOC283050
uncharacterized LOC100128420
PDZ and LIM domain 5
CD226 molecule
formyl peptide receptor 1
chemokine-like factor

solute carrier family 17 (anion/sugar transporter), member 5

interleukin 8
growth arrest-specific 2 like 1
major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1

protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14C

enkurin, TRPC channel interacting protein

chemokine (C-C motif) receptor 2

cytoplasmic polyadenylation element binding protein 4

chemokine (C-C motif) receptor 4

grainyhead-like 1 (Drosophila)

uncharacterized LOC100507540

histamine receptor H4

uncharacterized LOC440934

transmembrane protein 170B

uncharacterized LOC100653030

chemokine (C-C motif) receptor 2

DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 3, Y-linked

cyclin-dependent kinase inhibitor 2D (p19, inhibits CDK4)

histone cluster 1, H2ac

uncharacterized LOC100128420

G0/G1switch 2

FYN binding protein

pleckstrin homology domain containing, family F (with FYVE domain) member 2

histone cluster 1, H2bk

major histocompatibility complex, class I, J (pseudogene)

interferon-related developmental regulator 1

tubulin, beta 1 class VI

kalirin, RhoGEF kinase

protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14A

kinesin-associated protein 3

uncharacterized LOC100130938

tubulin, alpha-like 3

sorting nexin family member 21

formyl peptide receptor 3

follicle-stimulating hormone receptor 1

dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 3 (Xenopus laevis)

complement component 3

spermidine/spermine N1-acetyltransferase 1

tumor protein p53 inducible nuclear protein 1

lipopolysaccharide-induced TNF factor

transmembrane protein 55A

microphthalmia-associated transcription factor

peptidylglycine alpha-amidating monooxygenase

cathepsin L1 pseudogene 8
platelet-derived growth factor beta polypeptide
RNA binding protein with multiple splicing 2
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 2
regulator of G-protein signaling 1
ral guanine nucleotide dissociation stimulator-like 4

Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; gamma polypeptide
family with sequence similarity 198, member B
uncharacterized LOC100130938
Epstein-Barr virus induced 3
platelet-derived growth factor alpha polypeptide
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 14
NUAK family, SNF1-like kinase, 2
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 8
heat shock 27kDa protein 3
ribosomal protein S4, Y-linked 2
amyloid beta (A4) precursor protein
uncharacterized LOC100130938
Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; gamma polypeptide
regulator of G-protein signaling 3
family with sequence similarity 107, member B
S100 calcium binding protein P
transmembrane and coiled-coil domain family 2

myocardial zonula adherens protein
eukaryotic translation initiation factor 1A, Y-linked
ATPase, aminophospholipid transporter (APLT), class I, type 8A, member 1
kelch-like 35 (Drosophila)
human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 2
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 4
LY6/PLAUR domain containing 1
ST6 beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 1
lymphocyte antigen 6 complex, locus G6D
major facilitator superfamily domain containing 1
taxilin gamma 2, pseudogene
integrin, alpha 6
chromosome 19 open reading frame 33
mannosidase, alpha, class 2A, member 1
phosphodiesterase 5A, cGMP-specific
serum/glucocorticoid regulated kinase 1
ubiquitin-conjugating enzyme E2H
chromosome 13 open reading frame 15

FERM domain containing 4B
dual specificity phosphatase 5
RAB32, member RAS oncogene family
RAP1B, member of RAS oncogene family
ubiquitin associated and SH3 domain containing B
solute carrier family 7 (anionic amino acid transporter light chain, xc- system), member 11
prion protein
nidogen 1

tumor necrosis factor

transmembrane protein 40
solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, y+L system), member 7

chemokine (C-X-C motif) ligand 1 (melanoma growth stimulating activity, alpha)
SWI5 recombination repair homolog (yeast)
uncharacterized LOC100130938
uncharacterized LOC728431
immediate early response 3
hemoglobin, beta
egf-like module containing, mucin-like, hormone receptor-like 1

tripartite motif containing 13
phosphodiesterase 4B, cAMP-specific

uncharacterized LOC100505573
chitinase 1 (chitotriosidase)
left-right determination factor 1
chromosome 18 open reading frame 1
growth arrest-specific 2 like 1 pseudogene
uncharacterized LOC100129973
mesoderm specific transcript homolog (mouse)
integrin, alpha 6
family with sequence similarity 63, member A
uncharacterized LOC441307
mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,6-N-acetyl-glucosaminyltransferase, isozyme B
retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1
coiled-coil domain containing 19
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 3
chromosome 1 open reading frame 116

cyclin J-like
nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, alpha
haptoglobin

uncharacterized LOC728975
stannin
TRAF2 and NCK interacting kinase
tubulin, alpha 8
solute carrier family 31 (copper transporters), member 2
tubulin, alpha 3c
lipase, hepatic
Rho GTPase activating protein 21

sphingomyelin phosphodiesterase, acid-like 3A
enkurin, TRPC channel interacting protein
G protein-coupled receptor 34
diacylglycerol kinase, gamma 90kDa
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha z polypeptide
glutaminy-peptide cyclotransferase
lectin, galactoside-binding, soluble, 3
neuralized homolog 3 (Drosophila) pseudogene
ADAM-like, decysin 1

delta-like 1 homolog (Drosophila)
Kruppel-like factor 9

C-type lectin domain family 1, member B
uncharacterized LOC100507507
SPOC domain containing 1
interleukin 8
B-cell scaffold protein with ankyrin repeats 1

lymphatic vessel endothelial hyaluronan receptor 1
jun proto-oncogene
tissue factor pathway inhibitor 2
chromosome 6 open reading frame 97
v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog B (avian)
phospholipase C, eta 1
MOB kinase activator 3C
coagulation factor II (thrombin) receptor-like 2
ninjurin 1
phosphodiesterase 4D, cAMP-specific
transmembrane protein 176B
C-type lectin domain family 1, member B
pleckstrin homology-like domain, family A, member 1
sulfide quinone reductase-like (yeast)
inhibitor of DNA binding 2, dominant negative helix-loop-helix protein

pigeon homolog (Drosophila)
adducin 3 (gamma)
hemoglobin, zeta
immediate early response 3
prickle homolog 1 (Drosophila)

tetraspanin 18
Kruppel-like factor 2 (lung)
lipase A, lysosomal acid, cholesterol esterase
uncharacterized LOC285954
eukaryotic translation initiation factor 1A, Y-linked
integrin, alpha M (complement component 3 receptor 3 subunit)
troponin C type 2 (fast)
lymphocyte antigen 6 complex, locus G6F
ubiquitin specific peptidase 53
integral membrane protein 2B
chemokine-like receptor 1
solute carrier family 35, member D3
low density lipoprotein receptor-related protein 12
major histocompatibility complex, class I, B
chemokine (C-C motif) ligand 4
SMAD family member 7
spla/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 1
energy homeostasis associated
monocyte to macrophage differentiation-associated
phospholipase A2, group IVC (cytosolic, calcium-independent)
growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma
microfibrillar-associated protein 3-like
gap junction protein, alpha 4, 37kDa
protein tyrosine phosphatase, receptor type, J
toll-like receptor 2
hemoglobin, zeta
chemokine (C-C motif) ligand 4
par-3 partitioning defective 3 homolog (C. elegans)
N-acetyltransferase 8B (GCN5-related, putative, gene/pseudogene)
transmembrane protein 176A
ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3
family with sequence similarity 107, member B
ghrelin/obestatin prepropeptide
transmembrane protein 40
chromosome 14 open reading frame 34
basic helix-loop-helix family, member e40

solute carrier organic anion transporter family, member 2B1

NLR family, pyrin domain containing 12
EGF-like-domain, multiple 6
pigeon homolog (Drosophila)
CD24 molecule
ENTH domain containing 1
DENN/MADD domain containing 2C
monoglyceride lipase
endonuclease domain containing 1
murine retrovirus integration site 1 homolog
claudin 5
anoctamin 6
major histocompatibility complex, class I, B
interleukin 5 receptor, alpha
myosin, light chain 9, regulatory
CD200 receptor 1
monoglyceride lipase
homogentisate 1,2-dioxygenase
solute carrier family 1 (glial high affinity glutamate transporter), member 3
MAX dimerization protein 1
cystatin F (leukocystatin)
interleukin-1 receptor-associated kinase 2
baculoviral IAP repeat containing 3
hemoglobin, alpha 2

haptoglobin-related protein
chromosome 19 open reading frame 59
pannexin 1
transmembrane protein 82
G protein-coupled receptor kinase 5
ficolin (collagen/fibrinogen domain containing) 1
C-type lectin domain family 1, member B
SH3-domain binding protein 5 (BTK-associated)
CD96 molecule
major histocompatibility complex, class I, F
uncharacterized LOC644246
chemokine (C-C motif) ligand 2
peptidyl arginine deiminase, type IV
adrenomedullin
pre T-cell antigen receptor alpha
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 9
microfibrillar-associated protein 3-like
regulator of G-protein signaling 16
chromosome 11 open reading frame 96
copine V

complement component 1, q subcomponent, A chain
carbonic anhydrase II
lysine (K)-specific demethylase 5D
transmembrane protein 158 (gene/pseudogene)
KIAA1324
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 3, Y-linked
cathepsin L1
potassium voltage-gated channel, Isk-related family, member 3
triggering receptor expressed on myeloid cells-like 1
triggering receptor expressed on myeloid cells 2
dishevelled associated activator of morphogenesis 1
uncharacterized LOC644246
S100 calcium binding protein A8
proteoglycan 3
hemoglobin, epsilon 1
chromosome 1 open reading frame 95
chromosome 15 open reading frame 48
ventricular zone expressed PH domain homolog 1 (zebrafish)
PERP, TP53 apoptosis effector
sialic acid binding Ig-like lectin 15
oligodendrocyte transcription factor 1
syndecan 4
regulator of G-protein signaling 9
selectin E
uncharacterized LOC100507039
platelet factor 4 variant 1
BCL2-related protein A1

neutrophil cytosolic factor 2
chemokine (C-X-C motif) ligand 1 (melanoma growth stimulating activity, alpha)
multiple C2 domains, transmembrane 1
ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3
chemokine (C-C motif) ligand 5
bactericidal/permeability-increasing protein
lectin, galactoside-binding, soluble, 12
lipase, member H
lectin, galactoside-binding-like
V-set and transmembrane domain containing 1
solute carrier family 15, member 3
activating transcription factor 3
resistin
chitinase 3-like 1 (cartilage glycoprotein-39)
regulator of G-protein signaling 16
matrix metalloproteinase 12 (macrophage elastase)

parvalbumin

class II, major histocompatibility complex, transactivator

guanine nucleotide binding protein (G protein), beta 5

Mdm1 nuclear protein homolog (mouse)

A kinase (PRKA) anchor protein 12

ankyrin repeat domain 16

SMYD family member 5

iduronate 2-sulfatase

arginase, liver

helicase with zinc finger

STON1-GTF2A1L readthrough

0

small nucleolar RNA, C/D box 69

mutS homolog 2, colon cancer, nonpolyposis type 1 (E. coli)

ribonuclease T2

uncharacterized LOC100292680

zinc finger protein 76

cancer/testis antigen family 45, member A5

uncharacterized LOC728903

protein kinase N3

ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 8

DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 10

uncharacterized LOC100128402

solute carrier family 25, member 26

small nucleolar RNA, H/ACA box 73A

cell division cycle associated 5

NADH dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein 1, 51kDa

DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11

KIAA1462

emopamil binding protein-like

block of proliferation 1

uncharacterized LOC441204

REC8 homolog (yeast)

NOP58 ribonucleoprotein homolog (yeast)

zinc finger protein 337

serpin peptidase inhibitor, clade G (C1 inhibitor), member 1

small nucleolar RNA, H/ACA box 80

zinc finger, DHHC-type containing 11

zinc finger protein 512B
sterile alpha motif and leucine zipper containing kinase AZK
golgin A8 family, member I, pseudogene
zinc finger protein 320
anaphase promoting complex subunit 1
DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 37
solute carrier family 5 (sodium-dependent vitamin transporter), member 6
sorting nexin 5
chromosome 10 open reading frame 58
GTP binding protein 3 (mitochondrial)

uncharacterized LOC100129387

smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (*C. elegans*)
dynactin 5 (p25)
hairy/enhancer-of-split related with YRPW motif 1
protein kinase, cAMP-dependent, catalytic, beta
solute carrier family 8 (sodium/calcium exchanger), member 1
pseudouridylate synthase 7 homolog (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC389831
ribosomal protein S4, X-linked
centromere protein A
mitochondrial ribosomal protein S2
T-cell leukemia/lymphoma 1A
RNA, U105A small nucleolar
malonyl CoA:ACP acyltransferase (mitochondrial)
chromosome 16 open reading frame 45

family with sequence similarity 203, member A

family with sequence similarity 207, member A

MYC-associated zinc finger protein (purine-binding transcription factor)

guanylate binding protein 5
methyltransferase like 1
uncharacterized LOC645566
fibulin 2
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
calcyclin binding protein
eukaryotic translation initiation factor 5A
imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding)

single stranded DNA binding protein 4

heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2

paraneoplastic antigen like 5

carnitine palmitoyltransferase 1B (muscle)

dpy-19-like 2 pseudogene 3 (C. elegans)

family with sequence similarity 86, member A pseudogene

zinc finger protein 579

uncharacterized LOC100128881

son of sevenless homolog 1 (Drosophila)

acylglycerol kinase

stimulated by retinoic acid 13 homolog (mouse)

SAC3 domain containing 1

dystonin

zinc finger, DHHC-type containing 14

solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, betaine/GABA), member 12

chromosome 17 open reading frame 79

M-phase phosphoprotein 9

uncharacterized LOC100128563

PIF1 5'-to-3' DNA helicase homolog (S. cerevisiae)

isoleucyl-tRNA synthetase

potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, member 4

TWIST neighbor

small nucleolar RNA, H/ACA box 16B

small nucleolar RNA, C/D box 59B

KIAA1522

leucine zipper, down-regulated in cancer 1

PHD finger protein 16

tet methylcytosine dioxygenase 1

netrin 1

small nucleolar RNA host gene 4 (non-protein coding)

tRNA methyltransferase 61 homolog A (S. cerevisiae)

leprecan-like 4

structure specific recognition protein 1

family with sequence similarity 86, member A

CD8b molecule

proline-rich coiled-coil 2B

unc-51-like kinase 3 (C. elegans)

acyl-CoA thioesterase 11
sterile alpha motif domain containing 10
LUC7-like (*S. cerevisiae*)
zinc finger protein 74
KH domain containing, RNA binding, signal transduction associated 3
PCNA antisense RNA 1 (non-protein coding)
caspase recruitment domain family, member 9
zinc finger, matrin-type 1
ubiquitin specific peptidase 54
interleukin 4 receptor
mutY homolog (*E. coli*)
ubiquitin specific peptidase like 1
apolipoprotein L, 4
uncharacterized LOC147646
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 21
BRX1, biogenesis of ribosomes, homolog (*S. cerevisiae*)
solute carrier family 20 (phosphate transporter), member 1
SET and MYND domain containing 3
tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1
keratin 6B
acyl-CoA synthetase family member 2
ectodysplasin A2 receptor
replication factor C (activator 1) 3, 38kDa

ubiquitin specific peptidase 10
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 49
breast cancer 2, early onset
transformation/transcription domain-associated protein

erythrocyte membrane protein band 4.1 like 4A
mitochondrial ribosomal protein L12
THO complex 4
diaphanous homolog 3 (*Drosophila*)
RIMS binding protein 3
complement factor H
calponin 3, acidic
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2
ankyrin repeat domain 36
RNA binding protein, fox-1 homolog (*C. elegans*) 2
uncharacterized LOC100507218
chromosome 17 open reading frame 28
small nucleolar RNA, C/D box 49A
thyroid hormone receptor interactor 13

transcription factor CP2
coiled-coil domain containing 3
chromosome 5 open reading frame 63
carboxypeptidase X (M14 family), member 1
DEP domain containing 7
small nucleolar RNA, H/ACA box 45
kelch domain containing 4
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 10, 42kDa
nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1
cellular retinoic acid binding protein 1
RNA pseudouridylate synthase domain containing 4
nucleoporin 205kDa
uncharacterized LOC100509487
small nucleolar RNA, C/D box 12C
RAD51 homolog D (*S. cerevisiae*)
ataxia telangiectasia and Rad3 related
SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member 4
ribosomal protein L7
uncharacterized LOC643406
guanylate cyclase 2E
neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 1
telomeric repeat binding factor 2, interacting protein
F-box protein 15
actin related protein 2/3 complex, subunit 1B, 41kDa
JAZF zinc finger 1
uncharacterized LOC100129617

transducer of ERBB2, 1
protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type II, beta
leptin receptor overlapping transcript
glycoprotein Ib (platelet), alpha polypeptide

uncharacterized LOC100506816
mixed lineage kinase 4
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 12
transforming growth factor, beta 1
sideroflexin 3
AT rich interactive domain 5A (MRF1-like)

vascular endothelial growth factor A
zinc finger CCCH-type containing 12A
transducin-like enhancer of split 4 (E(sp1) homolog, *Drosophila*)
cation channel, sperm-associated, beta

Ras association and DIL domains
NIPA-like domain containing 4
family with sequence similarity 190, member B
zinc finger protein 25
eukaryotic translation initiation factor 1B
G protein-coupled receptor 97
C2CD2-like

xin actin-binding repeat containing 2
GLI pathogenesis-related 2
G antigen 2B
transmembrane protein 191B
metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding)
troponin I type 3 (cardiac)
Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 5
HEAT repeat containing 5A
squalene epoxidase

RAB20, member RAS oncogene family
uncharacterized LOC100129066
histone cluster 2, H2aa4
Ras-related GTP binding D
ubiquitin-like 4A
sphingosine-1-phosphate receptor 3
actin-related protein 10 homolog (*S. cerevisiae*)
excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 6
cell death-inducing DFFA-like effector c pseudogene
solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 1

Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10

proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase, 2

CD52 molecule
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 1
microcephalin 1

platelet/endothelial cell adhesion molecule
olfactomedin 4

stonin 1
uncharacterized LOC100128252
NLR family, CARD domain containing 5
dihydrodiol dehydrogenase (dimeric)
hexosaminidase B (beta polypeptide)
angiotensin II receptor-associated protein
inositol polyphosphate-5-phosphatase, 40kDa

solute carrier family 22 (organic cation/carnitine transporter), member 16
septin 7
rhomboid domain containing 1
WD repeat domain 26
uncharacterized LOC114796

blocked early in transport 1 homolog (*S. cerevisiae*)
ladinin 1
RasGEF domain family, member 1B
glycerophosphodiester phosphodiesterase domain containing 5
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 34kDa, V1 subunit D
vinculin
membrane-associated ring finger (C3HC4) 3
deoxyribonuclease I-like 1
glutamate receptor, ionotropic, N-methyl D-aspartate-associated protein 1 (glutamate binding)
SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 2
sec1 family domain containing 2
CD40 molecule, TNF receptor superfamily member 5
syntaxin 1A (brain)

interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 5
selenoprotein X, 1

zinc finger CCCH-type containing 12C
olfactory receptor, family 10, subfamily W, member 1

kinesin-like protein family member 6-like
Shwachman-Bodian-Diamond syndrome
RAN binding protein 9
chromosome 5 open reading frame 56
RAS guanyl releasing protein 1 (calcium and DAG-regulated)
delta-like 1 homolog (*Drosophila*)
HCLS1 binding protein 3

ring finger protein 125

transmembrane protein 119

ATP-binding cassette, sub-family G (WHITE), member 4

low density lipoprotein receptor

UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 3

phosphodiesterase 4D interacting protein

chromosome 6 open reading frame 211

solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7

uncharacterized LOC647979

T-cell acute lymphocytic leukemia 1

twisted gastrulation homolog 1 (Drosophila)

synaptopodin 2-like

rhabdoid tumor deletion region gene 1

coagulation factor XIII, A1 polypeptide

chloride channel 4

purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 14

selectin P (granule membrane protein 140kDa, antigen CD62)

IQ motif and Sec7 domain 2

lipoprotein lipase

coenzyme Q10 homolog B (S. cerevisiae)

chromosome 6 open reading frame 25

Fc fragment of IgA, receptor for

uncharacterized LOC100506190

ryanodine receptor 2 (cardiac)

nexilin (F actin binding protein)

chromosome 9 open reading frame 21

retinaldehyde binding protein 1

transmembrane protein 138

RAB27A, member RAS oncogene family

engrailed homeobox 1

uncharacterized LOC388588

uncharacterized LOC100128682

surfeit 4

signal transducing adaptor molecule (SH3 domain and ITAM motif) 2

neutrophil cytosolic factor 1

G protein-coupled receptor 155

sel-1 suppressor of lin-12-like 3 (C. elegans)

synuclein, alpha (non A4 component of amyloid precursor)

synaptotagmin-like 4

inhibitor of growth family, member 5

small optic lobes homolog (Drosophila)
StAR-related lipid transfer (START) domain containing 10
Cas scaffolding protein family member 4
long intergenic non-protein coding RNA 116
uncharacterized LOC100506123

ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 1
translocase of inner mitochondrial membrane 23 homolog (yeast)
ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, Y-linked
uncharacterized LOC100506190

thioesterase superfamily member 5

uncharacterized LOC100132356
carbohydrate sulfotransferase 10
KH-type splicing regulatory protein

transmembrane protein 129

nipsnap homolog 1 (C. elegans)
msh homeobox 1
ribosomal protein S14

Sad1 and UNC84 domain containing 1
zinc finger protein 610

NOP14 nucleolar protein homolog (yeast)
protein-O-mannosyltransferase 1
family with sequence similarity 90, member A1
synaptotagmin-like 2
chromosome 22 open reading frame 40
transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 2, pseudogene
rhotekin 2
cadherin 9, type 2 (T1-cadherin)
uncharacterized LOC100508196
glycine C-acetyltransferase
FK506 binding protein 4, 59kDa
zinc finger protein 850
smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (C. elegans)
uncharacterized LOC100507501
alkB, alkylation repair homolog 2 (E. coli)
RNA binding motif protein 12B
chromosome 2 open reading frame 56

pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 1
solute carrier family 35, member F2
GALI1870
kelch-like 17 (*Drosophila*)
chromosome 17 open reading frame 69
5'-nucleotidase, cytosolic III-like
small Cajal body-specific RNA 23
deoxyuridine triphosphatase
small nuclear RNA activating complex, polypeptide 4, 190kDa
chromosome 12 open reading frame 70

dihydrouridine synthase 3-like (*S. cerevisiae*)
nucleoporin 93kDa
small nucleolar RNA, C/D box 96B
regulatory solute carrier protein, family 1, member 1
protein kinase C substrate 80K-H
small nucleolar RNA, H/ACA box 21
guanine nucleotide binding protein-like 3 (nucleolar)
natriuretic peptide receptor C/guanylate cyclase C (atriuretic peptide receptor C)
DDB1 and CUL4 associated factor 16
interferon regulatory factor 5
uncharacterized LOC100506990

Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 17
Fanconi anemia, complementation group G
centrosomal protein 70kDa
small nucleolar RNA, C/D box 11B

lymphocyte antigen 6 complex, locus G5B

glutathione S-transferase mu 2 (muscle)

cytoplasmic linker associated protein 2
rabaptin, RAB GTPase binding effector protein 2
valyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative)
RNA polymerase II associated protein 1

family with sequence similarity 92, member A1
MKL/myocardin-like 2
small ILF3/NF90-associated RNA G2
family with sequence similarity 95, member B1
regulator of G-protein signaling 12

actin-like 6A
zinc finger protein 100-like
forkhead box K2
solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 9
SMAD family member 3
zinc finger protein 137, pseudogene
MFI2 antisense RNA 1 (non-protein coding)
uncharacterized LOC645644
adenylate kinase 4
chondroitin sulfate proteoglycan 5 (neuroglycan C)
small nucleolar RNA, C/D box 105B
transmembrane protein 237
solute carrier family 29 (nucleoside transporters), member 2
smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (*C. elegans*)
lysocardiolipin acyltransferase 1
small nucleolar RNA, C/D box 41

ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 1
RNA binding motif protein 14
uncharacterized LOC401105
chromosome 17 open reading frame 69
zinc finger protein 532
ankyrin repeat domain 36
family with sequence similarity 185, member A
damage-specific DNA binding protein 2, 48kDa
BRCA2 and CDKN1A interacting protein
BEN domain containing 4
small nucleolar RNA, C/D box 1C
reticulon 3
methyltransferase like 17
neural proliferation, differentiation and control, 1
minichromosome maintenance complex component 3
histone cluster 1, H2ag
cannabinoid receptor interacting protein 1

glycogenin 2
uncharacterized LOC100507094
THO complex 6 homolog (*Drosophila*)

small nucleolar RNA, H/ACA box 26
FK506 binding protein 4, 59kDa
doublecortin-like kinase 2
chromobox homolog 5
ligase III, DNA, ATP-dependent

polymerase (RNA) mitochondrial (DNA directed)
vacuolar protein sorting 54 homolog (*S. cerevisiae*)

calcium regulated heat stable protein 1, 24kDa
coproporphyrinogen oxidase
paralemmin
T-cell lymphoma invasion and metastasis 1
pantothenate kinase 1

tubulin tyrosine ligase-like family, member 5
suppressor of variegation 4-20 homolog 2 (*Drosophila*)
UTP20, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast)
small nucleolar RNA, H/ACA box 62
ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 6
DIRAS family, GTP-binding RAS-like 1

FK506 binding protein 3, 25kDa
HOP homeobox
nuclear prelamin A recognition factor-like
Parkinson disease 7 domain containing 1
mitochondrial ribosomal protein L1
slowmo homolog 1 (*Drosophila*)
F-box protein, helicase, 18
tubulin, beta class I
SPAG5 antisense RNA 1 (non-protein coding)
uncharacterized LOC100131607
WD repeat domain 26
ankyrin repeat domain 9
ras homolog gene family, member B
myosin, light chain 12B, regulatory
MAD2L1 binding protein

tripartite motif containing 47
uncharacterized LOC100134937

solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 9
filamin A, alpha
CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), epsilon

furry homolog (*Drosophila*)
ferritin, light polypeptide
chromosome 7 open reading frame 29
5'-nucleotidase, cytosolic III
KIAA1370

uncharacterized LOC400027

transmembrane protein 189
FGFR1 oncogene partner 2
lymphocyte antigen 6 complex, locus G6C
purine nucleoside phosphorylase
H3 histone, family 3A
RAB3C, member RAS oncogene family
consortin, connexin sorting protein

selenoprotein T
tripartite motif-containing protein ENSP00000309378-like
Rho GTPase activating protein 18

chitobiase, di-N-acetyl-
chromosome 9 open reading frame 95
tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, zeta polypeptide
proline-rich transmembrane protein 4
coiled-coil domain containing 90A
MAX dimerization protein 4
chromosome 1 open reading frame 183

DENN/MADD domain containing 2C
transmembrane protein 17
membrane protein, palmitoylated 1, 55kDa
CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), beta
uncharacterized LOC158402
zyxin
solute carrier family 22 (organic cation/ergothioneine transporter), member 4
ubiquitin-conjugating enzyme E2F (putative)
protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 18 (brain-derived)

methyltransferase like 7A
lipid phosphate phosphatase-related protein type 2
charged multivesicular body protein 2A
septin 7

lysyl oxidase-like 3
RAB6C, member RAS oncogene family
long intergenic non-protein coding RNA 324
non-protein coding RNA, associated with MAP kinase pathway and growth arrest
tight junction protein 2 (zona occludens 2)
crystallin, lambda 1
proline-rich transmembrane protein 2

VAMP (vesicle-associated membrane protein)-associated protein A, 33kDa
family with sequence similarity 104, member A
neutral cholesterol ester hydrolase 1
germ cell associated 1
syntrophin, beta 1 (dystrophin-associated protein A1, 59kDa, basic component 1)
AT rich interactive domain 3B (BRIGHT-like)
chromosome 1 open reading frame 96
small VCP/p97-interacting protein
intracisternal A particle-promoted polypeptide
olfactory receptor, family 4, subfamily K, member 14
uncharacterized LOC730020
prostaglandin D2 receptor 2

radial spoke head 1 homolog (Chlamydomonas)
HMG-box transcription factor 1
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class K

uncharacterized LOC401014
inhibitor of growth family, member 4
family with sequence similarity 18, member B2
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 38kDa, V0 subunit d1
uncharacterized LOC100505729
radial spoke head 9 homolog (Chlamydomonas)

uncharacterized LOC149837
serpin peptidase inhibitor, clade D (heparin cofactor), member 1
lysosomal protein transmembrane 5
RAS guanyl releasing protein 2 (calcium and DAG-regulated)
CDC42 small effector 1
diaphanous homolog 1 (Drosophila)
phosphodiesterase 6H, cGMP-specific, cone, gamma
Yip1 domain family, member 5
chemokine (C-X-C motif) receptor 4
leucine rich repeat containing 8 family, member D
MAX interactor 1
receptor (chemosensory) transporter protein 4
purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 1
E74-like factor 1 (ets domain transcription factor)
solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7
transforming growth factor beta 1 induced transcript 1
neuroepithelial cell transforming 1
transmembrane protease, serine 13
semaphorin 7A, GPI membrane anchor (John Milton Hagen blood group)
microtubule-associated protein 1B

valosin containing protein (p97)/p47 complex interacting protein 1
long intergenic non-protein coding RNA 299
tet methylcytosine dioxygenase 2

F-box protein 8
septin 4

programmed cell death 10
retinol dehydrogenase 11 (all-trans/9-cis/11-cis)
ras homolog gene family, member B
NEXN antisense RNA 1 (non-protein coding)
activin A receptor, type I
rhopilin associated tail protein 1-like
zinc finger protein 365
zinc finger protein 36, C3H type, homolog (mouse)
taxilin gamma 2, pseudogene
chromosome 5 open reading frame 41

trichohyalin

solute carrier family 35 (UDP-glucuronic acid/UDP-N-acetylgalactosamine dual transporter), member
histone cluster 1, H3a
RGP1 retrograde golgi transport homolog (*S. cerevisiae*)

actin related protein 2/3 complex, subunit 2, 34kDa
serine/threonine kinase 17b
chemokine (C-X-C motif) ligand 6 (granulocyte chemotactic protein 2)
CD163 molecule
adenosine monophosphate deaminase 3

UBX domain protein 6
complement factor D (adipsin)
GM2 ganglioside activator
transmembrane protein 87B

kin of IRRE like 2 (*Drosophila*)
ubiquitin associated and SH3 domain containing A
RAB27B, member RAS oncogene family

adenylate cyclase 6
uncharacterized LOC100506190

caldesmon 1
chromosome 1 open reading frame 162
major facilitator superfamily domain containing 11
proprotein convertase subtilisin/kexin type 5
ras homolog gene family, member Q
calmodulin 3 (phosphorylase kinase, delta)
serine active site containing 1
phosphogluconate dehydrogenase
chromosome 19 open reading frame 77
coactivator-associated arginine methyltransferase 1
zinc finger protein 521
oxysterol binding protein-like 1A
serine/arginine-rich splicing factor 8
ZBTB20 antisense RNA 1 (non-protein coding)
pleckstrin homology domain containing, family O member 1
zinc finger protein 334
nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin)
prolactin
integrin, alpha 2 (CD49B, alpha 2 subunit of VLA-2 receptor)
TIMP metalloproteinase inhibitor 3
RAB1B, member RAS oncogene family
importin 7
GTPase, IMAP family member 8
prostate tumor overexpressed 1
purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 6 pseudogene
ZNF503 antisense RNA 1 (non-protein coding)
zinc finger family member 788
glioma tumor suppressor candidate region gene 2

suppressor of zeste 12 homolog pseudogene
tigger transposable element derived 3
NFKB activating protein pseudogene 1
neuralized homolog 4 (Drosophila)

small nucleolar RNA, H/ACA box 61
ring finger protein 126
prothymosin, alpha
mitochondrial ribosomal protein L46
SET domain, bifurcated 2
kelch domain containing 4
deformed epidermal autoregulatory factor 1 (Drosophila)
rabaptin, RAB GTPase binding effector protein 2
dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2
family with sequence similarity 165, member B

phospholysine phosphohistidine inorganic pyrophosphate phosphatase
Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 2
uncharacterized transcript
thrombospondin 3
RIO kinase 1 (yeast)
mucin 22
asparagine-linked glycosylation 1-like pseudogene
Fanconi anemia, complementation group E
neuralized homolog 1B (Drosophila)
NOP14 nucleolar protein homolog (yeast)
transmembrane protein 48
mRNA turnover 4 homolog (S. cerevisiae)
coiled-coil domain containing 41
ATPase family, AAA domain containing 3C

NOP56 ribonucleoprotein homolog (yeast)
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 7

transition protein 1 (during histone to protamine replacement)

chromosome 9 open reading frame 150
C-type lectin domain family 4, member A
microtubule-associated protein 1A
T-box 3
DENN/MADD domain containing 4C
transmembrane protein 59
pim-3 oncogene
uncharacterized LOC285419
MTERF domain containing 2
actin related protein 2/3 complex, subunit 5, 16kDa
Janus kinase 2

tensin 1
BCL2-like 11 (apoptosis facilitator)
interleukin 16

nuclear receptor subfamily 3, group C, member 1 (glucocorticoid receptor)

Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 2

MTERF domain containing 1
poly(A) binding protein, cytoplasmic 4 (inducible form)
receptor accessory protein 6
serine/threonine kinase 4

superoxide dismutase 2, mitochondrial
homeodomain interacting protein kinase 2

sperm associated antigen 5
HEAT repeat containing 2
zinc finger, DHHC-type containing 11

natural cytotoxicity triggering receptor 2

protein kinase, DNA-activated, catalytic polypeptide
family with sequence similarity 90, member A7
lectin, galactoside-binding, soluble, 9
casein kinase 1, gamma 1
leucine rich repeat containing 7
family with sequence similarity 178, member B
chromosome 14 open reading frame 159
ubiquitin-like 7 (bone marrow stromal cell-derived)

regulatory factor X-associated protein

zinc finger, DHHC-type containing 14
zinc finger protein 682
family with sequence similarity 207, member A
translocase of inner mitochondrial membrane 9 homolog (yeast)
non-POU domain containing, octamer-binding
HSPA (heat shock 70kDa) binding protein, cytoplasmic cochaperone 1
chromosome 19 open reading frame 57
dipeptidyl-peptidase 4
SPRY domain containing 4
MYC induced nuclear antigen
potassium channel tetramerisation domain containing 3
C17orf76 antisense RNA 1 (non-protein coding)
ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 1
extracellular matrix protein 1
ATG7 autophagy related 7 homolog (*S. cerevisiae*)
chromosome 17 open reading frame 109

leucine zipper and CTNNBIP1 domain containing
chromobox homolog 7
CD40 molecule, TNF receptor superfamily member 5
WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pseudogene 2
mitochondrial calcium uptake 1
coiled-coil domain containing 64B
solute carrier organic anion transporter family, member 1B1

v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral oncogene homolog 1
amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile)
twist homolog 1 (Drosophila)
TBC1 domain family, member 23
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 16
5'-nucleotidase, cytosolic III
mannosidase, alpha, class 2B, member 1
interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
ARP3 actin-related protein 3 homolog (yeast)
RAS guanyl releasing protein 2 (calcium and DAG-regulated)
matrix-remodelling associated 7
tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, zeta polypeptide
chloride intracellular channel 5
cereblon
TNF receptor-associated factor 6
Rab interacting lysosomal protein
transcription factor EC

uncharacterized LOC100652757
ESF1, nucleolar pre-rRNA processing protein, homolog (*S. cerevisiae*)
abhydrolase domain containing 14A
plasminogen activator, urokinase receptor

ATPase, Na⁺/K⁺ transporting, beta 2 polypeptide
osteoglycin
succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp) pseudogene
chromosome 7 open reading frame 54
mitochondrial ribosomal protein S5
methyltransferase like 2A

DENN/MADD domain containing 4C
androgen receptor
vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor
WWC family member 3
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 3 (hematopoietic cell-specific)
calcium binding and coiled-coil domain 2
CD180 molecule
adiponectin receptor 1
natriuretic peptide receptor B/guanylate cyclase B (atriuretic peptide receptor B)
uncharacterized LOC100133311
SET domain and mariner transposase fusion gene
spastic paraplegia 7 (pure and complicated autosomal recessive)
protein interacting with PRKCA 1

adenosine A2a receptor
WD repeat domain 4
major histocompatibility complex, class II, DM alpha
leucine rich repeat containing 49
Rho GTPase activating protein 27 pseudogene
KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) containing 2
lysine (K)-specific demethylase 5C
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 31
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 9
tight junction protein 2 (zona occludens 2)
reticulon 2
glutathione reductase
melanoma antigen family D, 4B
Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 2
chromosome 2 open reading frame 88
putative homeodomain transcription factor 1
PRAME family member 12
solute carrier family 19 (folate transporter), member 1
peroxisomal biogenesis factor 3

growth arrest-specific 2 like 2
uncharacterized LOC100505853
chemokine (C-C motif) ligand 3-like 3

leucine-rich PPR-motif containing
nucleosome assembly protein 1-like 1
TSSP3028
small nucleolar RNA, H/ACA box 68
dihydrofolate reductase
Pentatricopeptide repeat domain 3
myosin, heavy chain 10, non-muscle
solute carrier family 17, member 9
ribosomal RNA processing 12 homolog (*S. cerevisiae*)
cell division cycle 45 homolog (*S. cerevisiae*)
versican
tetratricopeptide repeat domain 3
zinc finger, CCHC domain containing 8
chromosome 22 open reading frame 29
potassium channel tetramerisation domain containing 15
peptidylprolyl isomerase H (cyclophilin H)
small nucleolar RNA, C/D box 26
v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog G (avian)
spectrin, beta, erythrocytic
uncharacterized LOC541472

glutathione peroxidase 1
transmembrane protein 71

heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 1
phospholipase C, eta 1
KIAA1147
tyrosyl-DNA phosphodiesterase 2
prune homolog 2 (Drosophila)
small nucleolar RNA, C/D box 98
fibulin 1
TAF1 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 250kDa
tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1
catalase

MARCKS-like 1
uncharacterized LOC100508196
suppressor of fused homolog (Drosophila)
sphingomyelin phosphodiesterase 4, neutral membrane (neutral sphingomyelinase-3)
sprouty homolog 1, antagonist of FGF signaling (Drosophila)
death-associated protein
actin binding LIM protein family, member 3
proline rich 3
complement component (3b/4b) receptor 1-like

RUN and SH3 domain containing 2
coiled-coil domain containing 14
calcium channel, voltage-dependent, T type, alpha 1I subunit
cytochrome b5 reductase 4
nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 2
transcription factor A, mitochondrial
integrin, beta 2 (complement component 3 receptor 3 and 4 subunit)
storkhead box 1
polymeric immunoglobulin receptor
small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
deleted in lung and esophageal cancer 1
olfactory receptor, family 2, subfamily T, member 33
procollagen-lysine, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase 2
family with sequence similarity 3, member A
integrin beta 3 binding protein (beta3-endonexin)
integrin, alpha 4 (antigen CD49D, alpha 4 subunit of VLA-4 receptor)
uncharacterized LOC100505594
TMEM56-RWDD3 readthrough

glutamic-oxaloacetic transaminase 2, mitochondrial (aspartate aminotransferase 2)
AF4/FMR2 family, member 3
ribosomal RNA processing 15 homolog (*S. cerevisiae*)
small nucleolar RNA, H/ACA box 2B
SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member :
zinc finger protein 137, pseudogene
checkpoint kinase 2
small nucleolar RNA, H/ACA box 43
phosphofurin acidic cluster sorting protein 2
Fanconi anemia, complementation group A
PRP31 pre-mRNA processing factor 31 homolog (*S. cerevisiae*)

TRAF interacting protein
tectonic family member 2
golgin subfamily A member 2-like
G protein-coupled receptor 124
heat shock transcription factor 1
chromosome 11 open reading frame 61
plakophilin 4
phosphoribosylglycinamide formyltransferase, phosphoribosylglycinamide synthetase, phosphoribo

pre-B-cell leukemia homeobox 1
secretoglobin, family 3A, member 2
annexin A7
EH-domain containing 1
stromal interaction molecule 1

homeodomain interacting protein kinase 2

endoplasmic reticulum aminopeptidase 2
protein phosphatase 1, regulatory subunit 3B
jumonji domain containing 6

v-crk sarcoma virus CT10 oncogene homolog (avian)-like
chromosome 1 open reading frame 198
nuclear factor I/B
uncharacterized LOC100133089
phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 2 (beta)
inverted formin, FH2 and WH2 domain containing
CD74 molecule, major histocompatibility complex, class II invariant chain

DCN1, defective in cullin neddylation 1, domain containing 2 (*S. cerevisiae*)

SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a-like 1
uncharacterized LOC100506130
zinc finger family member 788
pyruvate carboxylase
family with sequence similarity 86, member A pseudogene
RuvB-like 1 (E. coli)
granzyme B (granzyme 2, cytotoxic T-lymphocyte-associated serine esterase 1)
olfactory receptor, family 2, subfamily W, member 3
glutathione peroxidase 4 (phospholipid hydroperoxidase)
tyrosine kinase with immunoglobulin-like and EGF-like domains 1
minichromosome maintenance complex component 7
zinc finger protein 521
proprotein convertase subtilisin/kexin type 9
B-box and SPRY domain containing
chromosome 7 open reading frame 41

RNA binding protein, fox-1 homolog (C. elegans) 2

GTP binding protein 2
chromosome 20 open reading frame 3
electron-transfer-flavoprotein, alpha polypeptide
ubiquitin-conjugating enzyme E2W (putative)
taxilin gamma
small nucleolar RNA, H/ACA box 16A
keratin 18 pseudogene 55
chromosome 1 open reading frame 21
katanin p60 subunit A-like 2
calmodulin regulated spectrin-associated protein 1
non-SMC element 4 homolog A (S. cerevisiae)
chromosome 19 open reading frame 44
zinc finger protein 608
major histocompatibility complex, class II, DM alpha
post-GPI attachment to proteins 1
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13
serologically defined colon cancer antigen 3
Fanconi anemia, complementation group D2
Kruppel-like factor 8
midkine (neurite growth-promoting factor 2)
family with sequence similarity 117, member B

cell cycle progression 1

glutathione S-transferase theta 2B (gene/pseudogene)
RAB11A, member RAS oncogene family
MAS-related GPR, member G
5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2A
1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase homolog (Arabidopsis)(non-functional)-like
family with sequence similarity 101, member B
SERTA domain containing 2
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 1 (endothelial)
transmembrane protein 64
WD repeat containing planar cell polarity effector
platelet/endothelial cell adhesion molecule
6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 2

abhydrolase domain containing 4
family with sequence similarity 189, member A2
uncharacterized LOC100652867
cat eye syndrome chromosome region, candidate 6
sphingosine-1-phosphate phosphatase 2
annexin A2
zinc finger protein 814
exostoses (multiple)-like 2
chromosome 8 open reading frame 42

uncharacterized LOC100653033
nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells 2 (p49/p100)
chromosome 21 open reading frame 33
tubulin tyrosine ligase-like family, member 12
forkhead box I2
RUN and FYVE domain containing 1

minichromosome maintenance complex component 4
transcriptional adaptor 1
Obg-like ATPase 1
ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, gamma polypeptide 1

PRP4 pre-mRNA processing factor 4 homolog (yeast)
alveolar soft part sarcoma chromosome region, candidate 1
RNA binding protein, fox-1 homolog (C. elegans) 3
zinc finger protein 483
TAM41, mitochondrial translocator assembly and maintenance protein, homolog (S. cerevisiae)

lymphocyte-specific protein tyrosine kinase
programmed cell death 7
uncharacterized LOC100128278
endoplasmic reticulum metalloproteinase 1
small nucleolar RNA, H/ACA box 84
hydroxymethylbilane synthase

zinc finger protein 121
family with sequence similarity 169, member A
interleukin 4 receptor
tripartite motif containing 6
widely interspaced zinc finger motifs
DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 30
organic solute carrier partner 1
heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 2, pseudogene

MDS1 and EVI1 complex locus
regulatory factor X, 5 (influences HLA class II expression)
centrosomal protein 55kDa
suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein)
fibrinogen-like 2
junctophilin 4
centromere protein P
family with sequence similarity 171, member A1
family with sequence similarity 195, member A pseudogene
secreted frizzled-related protein 5

checkpoint kinase 2
spermatogenesis associated 13
small nucleolar RNA, C/D box 64
non-metastatic cells 4, protein expressed in
suppressor of variegation 3-9 homolog 1 (Drosophila)
Williams Beuren syndrome chromosome region 22
transmembrane protein 97

mitochondrial ribosomal protein L2
translocase of outer mitochondrial membrane 40 homolog (yeast)
mevalonate kinase
HAUS augmin-like complex, subunit 7
acetyl-CoA carboxylase alpha

LIM domain containing 2

brain-derived neurotrophic factor

transgelin 2
chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 1
sphingosine kinase 1
GATA binding protein 3
metastasis suppressor 1
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 4, 9kDa
acyl-CoA oxidase 1, palmitoyl
lysophosphatidylcholine acyltransferase 2
palladin, cytoskeletal associated protein

mitochondrial antiviral signaling protein
Yip1 interacting factor homolog B (*S. cerevisiae*)

target of myb1-like 2 (chicken)
ring finger protein 103
kinesin family member 3C
MAX interactor 1
chemokine (C-C motif) ligand 17
glutathione S-transferase theta 2
selenoprotein T
annexin A5

uroplakin 1A

G protein-coupled receptor 108
disabled homolog 2, mitogen-responsive phosphoprotein (*Drosophila*)
GRB2-associated binding protein 3
interferon, gamma-inducible protein 30

pro-platelet basic protein-like 2
N-acetylneuraminate pyruvate lyase (dihydrodipicolinate synthase)
melanoregulin
centrosomal protein 135kDa
nucleosome assembly protein 1-like 1
secretory carrier membrane protein 1
calpain 13
matrix Gla protein
myosin, light chain 4, alkali; atrial, embryonic
paroxysmal nonkinesigenic dyskinesia

progesterone receptor membrane component 1
PDZ domain containing 2
vacuolar protein sorting 37 homolog C (*S. cerevisiae*)
ubiquitin specific peptidase 38

UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 3 (GalNAc-T3)
CD84 molecule
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 31kDa, V1 subunit E1
chimerin (chimaerin) 2

c-Maf inducing protein
cytokine inducible SH2-containing protein
SUMO1/sentrin/SMT3 specific peptidase 2
microtubule-associated protein 1 light chain 3 beta
PDZ and LIM domain 7 (enigma)
protein S (alpha)
selenoprotein T
ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 4
zymogen granule protein 16 homolog B (rat)
interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 2
transmembrane protein 44
uracil-DNA glycosylase
nucleoporin 188kDa
potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 12
high mobility group AT-hook 2
small ILF3/NF90-associated RNA A3
mitogen-activated protein kinase 8
cholinergic receptor, nicotinic, alpha 7
adenylate kinase 2
tetratricopeptide repeat domain 25
WD repeat domain 74
ubiquitin associated protein 2

heat shock 70kDa protein 1A
transforming, acidic coiled-coil containing protein 1
discoidin, CUB and LCCL domain containing 1

Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor (CD32)

phospholipase C, gamma 2 (phosphatidylinositol-specific)

uncharacterized LOC100292409
BDNF antisense RNA 1 (non-protein coding)
vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)

numb homolog (Drosophila)
RAS guanyl releasing protein 2 (calcium and DAG-regulated)
transmembrane protein 45A
cell division cycle 37 homolog (*S. cerevisiae*)-like 1
TNFAIP3 interacting protein 1
serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 2
intersectin 1 (SH3 domain protein)
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 51

PDGFA associated protein 1
centromere protein F, 350/400kDa (mitosin)
BEN domain containing 4
solute carrier family 43, member 1
noggin
family with sequence similarity 156, member B
TP53-target gene 3 protein-like
small nucleolar RNA, C/D box 97
fatty acid binding protein 6, ileal
angiopoietin-like 4
ORM1-like 3 (*S. cerevisiae*)

lymphocyte cytosolic protein 2 (SH2 domain containing leukocyte protein of 76kDa)
uncharacterized LOC100507246
transmembrane protein 161A

chromobox homolog 2
arachidonate 15-lipoxygenase, type B

beta-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 2
small nucleolar RNA, C/D box 101
ribosomal protein L22
ubiquitin associated protein 2
euchromatic histone-lysine N-methyltransferase 1

acyl-CoA binding domain containing 6
transforming growth factor beta regulator 4
polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant)
WW domain containing oxidoreductase
chemokine (C-X3-C motif) receptor 1
centrosomal protein 72kDa
zinc finger, RAN-binding domain containing 3
lymphocyte-specific protein 1 pseudogene
uncharacterized LOC100506930
solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 5

CDC14 cell division cycle 14 homolog B (*S. cerevisiae*)
SLU7 splicing factor homolog (*S. cerevisiae*)
nicotinamide phosphoribosyltransferase

uncharacterized LOC100287223
TSPY-like 1

chloride channel 3

CAP, adenylate cyclase-associated protein 1 (yeast)

chemokine-like factor
gamma-glutamyltransferase 1
signal-regulatory protein beta 2

chromosome 16 open reading frame 86
docking protein 2, 56kDa
histone cluster 1, H4b
arginine-glutamic acid dipeptide (RE) repeats

vacuolar protein sorting 13 homolog B (yeast)
lysozyme-like 4
zinc finger protein 607
serine incorporator 3
haloacid dehalogenase-like hydrolase domain containing 1
SET domain containing 4
stonin 2
interferon induced transmembrane protein 1 (9-27)
lamin A/C
protein tyrosine phosphatase, receptor type, F
uncharacterized LOC100506328
uncharacterized LOC389332
interleukin-1 receptor-associated kinase 1 binding protein 1
EH-domain containing 3
chromosome 17 open reading frame 104
ATPase, class V, type 10A
Bloom syndrome, RecQ helicase-like
marginal zone B and B1 cell-specific protein
CDGSH iron sulfur domain 1
small nucleolar RNA, C/D box 73A
histone cluster 1, H3i
ZW10 interactor
Fanconi anemia, complementation group A
hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7

RAB15 effector protein
sterile alpha motif domain containing 1
small nucleolar RNA, C/D box 16
structural maintenance of chromosomes 1A
uncharacterized LOC100506930
zinc finger, DHHC-type containing 13
small EDRK-rich factor 1B (centromeric)
post-GPI attachment to proteins 2
olfactory receptor, family 10, subfamily W, member 1
major histocompatibility complex, class I, F

talin 1
engulfment and cell motility 2
fibroblast growth factor receptor 2

brain protein I3
GATS, stromal antigen 3 opposite strand
calponin 1, basic, smooth muscle
CD274 molecule
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 6
inverted formin, FH2 and WH2 domain containing
ventricular zone expressed PH domain homolog 1 (zebrafish)

nerve growth factor receptor (TNFRSF16) associated protein 1
phospholipase D family, member 3
NAD(P)H dehydrogenase, quinone 2
SH3-binding domain kinase 1
mitochondrial ribosomal protein S25
FAST kinase domains 1
tubulin, beta 6 class V
notchless homolog 1 (Drosophila)

small nucleolar RNA, C/D box 107
chromosome 1 open reading frame 21
proline rich 20B
CD3e molecule, epsilon associated protein
methyltransferase like 1
TSC22 domain family, member 1
angiopoietin-like 6
tripartite motif containing 35
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, assembly factor 3

praja ring finger 2
laminin, beta 4
NLR family, pyrin domain containing 3
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5
solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 5

uncharacterized LOC100505576
chromosome 19 open reading frame 23
keratin 83
fibroblast growth factor 13
zinc finger, AN1-type domain 5
arginyltransferase 1
ring finger protein 215
coactosin-like 1 (Dictyostelium)
uncharacterized protein FLJ30901

tensin 1

CNDP dipeptidase 2 (metallopeptidase M20 family)
dynein, axonemal, heavy chain 14
zinc finger protein 691

homeodomain interacting protein kinase 2
abhydrolase domain containing 16A

trafficking protein particle complex 2
transmembrane protein 38A
uncharacterized LOC729975
triggering receptor expressed on myeloid cells 1
phosphatidylinositol-5-phosphate 4-kinase, type II, beta
dead end homolog 1 (zebrafish)
pyrroline-5-carboxylate reductase 1
EF-hand calcium binding domain 4B
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2
small nucleolar RNA, H/ACA box 63
family with sequence similarity 72, member A
chromosome 19 open reading frame 24
hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7
erythrocyte membrane protein band 4.1 (elliptocytosis 1, RH-linked)
LIM domain and actin binding 1
solute carrier family 30 (zinc transporter), member 5
uncharacterized LOC151475
cystin 1

RAB GTPase activating protein 1
glycine-N-acyltransferase-like 2
fatty acyl CoA reductase 2
MYC associated factor X
uncharacterized LOC100506201
SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily c, member 1
pyroglutamylated RFamide peptide
RAB37, member RAS oncogene family
pyruvate dehydrogenase phosphatase catalytic subunit 2

DPH2 homolog (*S. cerevisiae*)

inositol polyphosphate-5-phosphatase F
long intergenic non-protein coding RNA 341
flotillin 2

lymphocyte-specific protein 1
growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma interacting protein 1
plexin C1

zinc finger protein 808
homeobox A10
Scm-like with four mbt domains 2
HKR1, GLI-Kruppel zinc finger family member
interleukin enhancer binding factor 3, 90kDa
low density lipoprotein receptor class A domain containing 2

brain abundant, membrane attached signal protein 1
uncharacterized LOC541471

MAST4 antisense RNA 1 (non-protein coding)
protein kinase D2
protein S (alpha)

proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 6

uncharacterized LOC100506190

phosphodiesterase 4D interacting protein
DNA fragmentation factor, 45kDa, alpha polypeptide
damage-specific DNA binding protein 2, 48kDa
glutamine and serine rich 1

lysine (K)-specific demethylase 2B
zinc finger protein 695

calcitonin receptor-like
keratin 19
WD repeat domain 19

GTPase activating protein and VPS9 domains 1
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class Z

mucin-like 1

malic enzyme 1, NADP(+)-dependent, cytosolic
small nucleolar RNA, H/ACA box 27
aggrecan
valyl-tRNA synthetase
small ILF3/NF90-associated RNA H

ankyrin repeat domain 20 family, member A2

zinc finger protein 514
caspase recruitment domain family, member 9
protoporphyrinogen oxidase
oxysterol binding protein-like 6
mitochondrial ribosomal protein L45
H3 histone, family 3A
uncharacterized LOC100506546
selectin P (granule membrane protein 140kDa, antigen CD62)
linker for activation of T cells
tudor domain containing 10
cytotoxic and regulatory T cell molecule
serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 1
peripheral myelin protein 22

tetratricopeptide repeat domain 28
GINS complex subunit 2 (Psf2 homolog)
ankyrin repeat domain 36
TAF2 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 150kDa
nucleophosmin/nucleoplasmin 2

transmembrane protein 41B
WAS/WASL interacting protein family, member 1
OTU domain containing 5

MAX dimerization protein 1
cytokine-like 1
ceramide synthase 4
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 11
timeless homolog (Drosophila)
BBSome interacting protein 1
Prader-Willi/Angelman region-1

aldehyde dehydrogenase 5 family, member A1
coiled-coil domain containing 92

family with sequence similarity 72, member D
TSC22 domain family, member 4
polyhomeotic homolog 2 (Drosophila)
imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding)
catenin, beta like 1

uncharacterized LOC348751
leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 3

glutamate-rich WD repeat containing 1
EF-hand domain family, member A2
KIAA0284
tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1
glucokinase (hexokinase 4) regulator
myc target 1
allograft inflammatory factor 1-like

ankyrin repeat domain 5
replication protein A2, 32kDa
cathepsin S
hCG1980447
potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha member 1

V-set and transmembrane domain containing 4
Friend leukemia virus integration 1
bone marrow stromal cell antigen 1

F-box protein 6

COX15 homolog, cytochrome c oxidase assembly protein (yeast)
small ILF3/NF90-associated RNA B2
exosome component 10
RNA pseudouridylate synthase domain containing 2
uncharacterized LOC100507086
nucleolar protein 9
small nucleolar RNA, C/D box 111
phosphatase and actin regulator 4
uncharacterized LOC729680
KIAA0664
DIS3 mitotic control homolog (*S. cerevisiae*)-like 2
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class Y
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4

tryptophan rich basic protein
immediate early response 2
myeloma overexpressed 2

protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 22 (lymphoid)
ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 3
GRB2-binding adaptor protein, transmembrane
thromboxane A synthase 1 (platelet)

sarcosine dehydrogenase
V-set domain containing T cell activation inhibitor 1
GINS complex subunit 1 (Psf1 homolog)
uncharacterized LOC100129461
CUB domain containing protein 1
uncharacterized LOC100294145
forkhead box J1
small nucleolar RNA, H/ACA box 28
MOK protein kinase

tetratricopeptide repeat domain 3

eukaryotic translation initiation factor 3, subunit C
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 10
glutathione S-transferase mu 5
plakophilin 4
limbic system-associated membrane protein
cadherin-related family member 1

phenylethanolamine N-methyltransferase
tetratricopeptide repeat domain 21B
period homolog 2 (Drosophila)
RAN binding protein 1
minichromosome maintenance complex component 8
0
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily A, member 4
small nuclear RNA activating complex, polypeptide 3, 50kDa

ATP-binding cassette, sub-family D (ALD), member 4
zinc finger protein 594
BAH domain and coiled-coil containing 1
myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic
gremlin 1
bromodomain containing 8
histone cluster 2, H3a

small nuclear ribonucleoprotein 70kDa (U1)
FtsJ homolog 2 (E. coli)
amiloride-sensitive cation channel 4, pituitary
ribonuclease T2
glutamine--fructose-6-phosphate transaminase 1
FERM domain containing 8
activating transcription factor 7 interacting protein
ARP3 actin-related protein 3 homolog B (yeast)
guanylate binding protein 3
laminin, beta 2 (laminin S)
zinc finger protein 24
ubiquitin domain containing 1
phosphoinositide-3-kinase, catalytic, beta polypeptide
sphingomyelin synthase 1
uncharacterized LOC100133445
uncharacterized LOC285000
BAI1-associated protein 2-like 2
inositol-trisphosphate 3-kinase B
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 13B
cardiotrophin-like cytokine factor 1
coagulation factor II (thrombin) receptor
BCL2-like 1
myotubularin related protein 12
cytidine monophosphate N-acetylneuraminic acid synthetase

tetraspanin 5
uncharacterized LOC100506870

zinc finger E-box binding homeobox 2
exocyst complex component 3-like 4
KIAA0232
abhydrolase domain containing 5
protocadherin alpha 13
serpin peptidase inhibitor, clade I (neuroserpin), member 1
histone cluster 1, H4a

sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic do

nucleoside-triphosphatase, cancer-related
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8
signal sequence receptor, delta
GRB2-associated binding protein 2
sorting nexin family member 21
major histocompatibility complex, class I-related
centrin EF-hand protein 4, pseudogene
transcription factor 3 (E2A immunoglobulin enhancer binding factors E12/E47)
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 9
retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 3
small nucleolar RNA, C/D box 35B
inner membrane protein, mitochondrial

GC-rich sequence DNA-binding factor 1
ELL associated factor 1
related RAS viral (r-ras) oncogene homolog 2

calcium homeostasis modulator 2
charged multivesicular body protein 1B
lectin, galactoside-binding, soluble, 9
uncharacterized LOC400946

uncharacterized LOC100294145
v-Ha-ras Harvey rat sarcoma viral oncogene homolog
megakaryocyte-associated tyrosine kinase
elaC homolog 2 (E. coli)
quinolinate phosphoribosyltransferase
abhydrolase domain containing 14A
tetratricopeptide repeat domain 39C
microtubule associated monooxygenase, calponin and LIM domain containing 2
colony stimulating factor 2 receptor, beta, low-affinity (granulocyte-macrophage)
ring finger protein 208
blocked early in transport 1 homolog (S. cerevisiae)-like
microsomal glutathione S-transferase 1

T-box 1
syntaxin 3
perilipin 2
leucine zipper protein 6
matrilin 2
uncharacterized LOC642826
echinoderm microtubule associated protein like 6
COBW domain containing 5
small nucleolar RNA, C/D box 42B

FK506 binding protein 5
integrin alpha FG-GAP repeat containing 2
cadherin-related 23
DENN/MADD domain containing 1B
tripartite motif containing 16-like
BEN domain containing 2
forkhead box O1
family with sequence similarity 35, member A
RUN and FYVE domain containing 1
leucine rich repeat containing 8 family, member B
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 2 (Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor
H3 histone, family 3A
uncharacterized LOC283270
synovial sarcoma, X breakpoint 2 interacting protein
chromosome 10 open reading frame 10
uncharacterized LOC728218
podocalyxin-like 2
Era G-protein-like 1 (E. coli)
WD repeat domain 52
solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 18 antisense
FLJ38717 protein

myosin binding protein C, slow type
xenotropic and polytropic retrovirus receptor 1

Charcot-Leyden crystal protein
SLAM family member 7
vascular endothelial growth factor C
Ras homolog enriched in brain
TCR gamma alternate reading frame protein
zinc finger protein 670
chromosome 1 open reading frame 55
asparagine-linked glycosylation 13 homolog (S. cerevisiae)

actin binding LIM protein family, member 3
transmembrane protein 86A
gamma-glutamyltransferase 1

chimerin (chimaerin) 2
neuron navigator 2
ERI1 exoribonuclease family member 3
G-2 and S-phase expressed 1
neudesin neurotrophic factor
HEAT repeat containing 3
coiled-coil domain containing 169

serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 13 (pseudogene)
son of sevenless homolog 1 (Drosophila)
solute carrier family 3 (cystine, dibasic and neutral amino acid transporters, activator of cystine, dib
RAN binding protein 1 pseudogene
solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 9
Kv channel interacting protein 3, calsenilin
zinc finger protein 354B
histone cluster 1, H2ai
POM121 membrane glycoprotein
golgin A6 family-like 10
mitochondrial ribosomal protein S5
solute carrier family 32 (GABA vesicular transporter), member 1
poly (ADP-ribose) glycohydrolase
family with sequence similarity 178, member B
PWP1 homolog (*S. cerevisiae*)

heparan sulfate proteoglycan 2
chromosome 15 open reading frame 50
uncharacterized LOC100130691
La ribonucleoprotein domain family, member 1B
general transcription factor IIH, polypeptide 2D

DKFZp434H1419
ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 4
exosome component 2
centrosomal protein 250kDa
folylpolyglutamate synthase
sialophorin

ankyrin repeat domain 26
collagen, type VI, alpha 5
minichromosome maintenance complex component 5
uncharacterized LOC400958

ribonuclease H2, subunit B
chromosome 17 open reading frame 81
kinesin family member C1
docking protein 4
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H1 (H)
centriolin

chromosome 6 open reading frame 108
cysteine and histidine-rich domain (CHORD) containing 1
topoisomerase (DNA) I, mitochondrial
guanine nucleotide binding protein-like 2 (nucleolar)

tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1
aldehyde dehydrogenase 7 family, member A1
small nucleolar RNA, C/D box 104
small nucleolar RNA, H/ACA box 18
growth differentiation factor 11
espin
WD repeat domain 91
enolase superfamily member 1
small ILF3/NF90-associated RNA F
brain-derived neurotrophic factor

protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14A
fatty acid binding protein 3, muscle and heart (mammary-derived growth inhibitor)
coiled-coil domain containing 90A
tyrosinase (oculocutaneous albinism IA)
Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor (CD32)
tubulin, beta 2A class IIa
TBC1 domain family, member 13
HIG1 hypoxia inducible domain family, member 1A

family with sequence similarity 108, member A1

proteolipid protein 2 (colonic epithelium-enriched)
RAB11 family interacting protein 1 (class I)
trafficking protein particle complex 5

eyes shut homolog (Drosophila)
forkhead box O4
nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2
uncharacterized LOC728084

zinc finger, imprinted 3
mannosidase, alpha, class 1A, member 1

Ctr9, Paf1/RNA polymerase II complex component, homolog (S. cerevisiae)
CD84 molecule
KIAA1539
akirin 1
RELT-like 1
family with sequence similarity 113, member B
galactose mutarotase (aldose 1-epimerase)
membrane bound O-acyltransferase domain containing 2
serine peptidase inhibitor, Kunitz type, 2
heme oxygenase (decycling) 1
C9orf30-TMEFF1 readthrough
HECT, C2 and WW domain containing E3 ubiquitin protein ligase 1
nuclear protein, transcriptional regulator, 1

glucosamine-6-phosphate deaminase 2
Helicobacter pylori responsive 1 (non-protein coding)
ring finger protein 14
regulator of G-protein signaling 6
vesicle-associated membrane protein 7
chemokine (C-C motif) ligand 23
HEAT repeat containing 5A
H3 histone, family 3B (H3.3B)
uncharacterized LOC100505490
chromosome 15 open reading frame 54
chromosome 2 open reading frame 65
ankyrin repeat and SOCS box containing 2
forkhead box O3
deleted in primary ciliary dyskinesia homolog (mouse)
CAP-GLY domain containing linker protein 2
extended synaptotagmin-like protein 2
makorin ring finger protein 1
LIM and senescent cell antigen-like domains 3-like
testis, prostate and placenta expressed
small Cajal body-specific RNA 4

adenosine deaminase, tRNA-specific 2

TAO kinase 3
phosphatidylinositol-specific phospholipase C, X domain containing 1
translocase of inner mitochondrial membrane 50 homolog (*S. cerevisiae*)
small nucleolar RNA, C/D box 116-26
cathepsin B
plexin B3
testis-specific transcript, Y-linked 15 (non-protein coding)
chromosome 6 open reading frame 164
uncharacterized LOC100527964

sialic acid binding Ig-like lectin, pseudogene 3

NEXN antisense RNA 1 (non-protein coding)
zinc finger protein 501

protein tyrosine phosphatase, receptor type, C
checkpoint kinase 2
CTP synthase
WD repeat domain 73
thioredoxin-related transmembrane protein 2

chromosome 17 open reading frame 70
stathmin 1
microtubule-associated protein 4
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4

RAB8B, member RAS oncogene family
family with sequence similarity 185, member A
exportin 5
ataxin 3
PH domain and leucine rich repeat protein phosphatase 1
zinc finger protein 84
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha inhibiting activity polypeptide 1
uncharacterized protein LOC100652736
ADAMTS-like 5
thymosin beta 10
AI894139 pseudogene
family with sequence similarity 123B
zinc finger protein 64 homolog (mouse)
TEL2, telomere maintenance 2, homolog (*S. cerevisiae*)
retinoic acid induced 1
dynein, cytoplasmic 2, heavy chain 1

TSR1, 20S rRNA accumulation, homolog (*S. cerevisiae*)
scavenger receptor class B, member 2
KIAA1324
docking protein 3
syntaphilin

cytochrome b-561 domain containing 1
uncharacterized LOC100505576
neuregulin 2
forkhead box A1
inhibitor of DNA binding 2, dominant negative helix-loop-helix protein
interferon, alpha 10
myosin light chain, phosphorylatable, fast skeletal muscle
lamin A/C
solute carrier family 44, member 1
zinc finger protein 33A
golgin A8 family, member A

adaptor-related protein complex 2, alpha 2 subunit

eukaryotic translation initiation factor 4E
tescalcin

ATPase, Ca⁺⁺ transporting, ubiquitous
forkhead box M1
long intergenic non-protein coding RNA 340
WAP four-disulfide core domain 1
ATR interacting protein
ecotropic viral integration site 5-like
ankyrin repeat domain 58
phosphoglucomutase 3
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N pseudogene
Mdm2, transformed 3T3 cell double minute 2, p53 binding protein (mouse) binding protein, 104kDa
BEN domain containing 5
hedgehog acyltransferase
zinc finger protein 511
RRN3 RNA polymerase I transcription factor homolog (*S. cerevisiae*)
cingulin
G-protein signaling modulator 2
histone deacetylase 7

chromosome 4 open reading frame 43
tubulin, gamma complex associated protein 5
cysteine-rich protein 3
transmembrane protein 106A
glioma tumor suppressor candidate region gene 2
distal-less homeobox 2
non-SMC element 4 homolog A (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 18

COBW domain containing 7
family with sequence similarity 83, member H
BAI1-associated protein 2
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, *Drosophila*); translocated to, 1
BTB (POZ) domain containing 19
small nucleolar RNA, H/ACA box 12
complement factor I
protein kinase, cGMP-dependent, type I
chromosome 9 open reading frame 95

zinc finger protein 24
latexin
ras homolog gene family, member Q

transducin-like enhancer of split 4 (E(sp1) homolog, *Drosophila*)
phospholipase A2, group XIIA
chromosome 6 open reading frame 222
uncharacterized LOC100506740
dermatan sulfate epimerase
potassium channel, subfamily K, member 7

leucine rich repeat containing 56
chromosome 22 open reading frame 40

thymosin beta 4, Y-linked
peroxisomal biogenesis factor 5
structural maintenance of chromosomes 2
aurora kinase A

NOP2 nucleolar protein homolog (yeast)
cerebral endothelial cell adhesion molecule
small nucleolar RNA, C/D box 65
chloride intracellular channel 4
p21 protein (Cdc42/Rac)-activated kinase 1

kinesin family member 27

ribosomal protein L32 pseudogene 3

aldo-keto reductase family 7, member A2 (aflatoxin aldehyde reductase)

zinc finger, DHHC-type containing 6

lactase-like

chromosome 7 open reading frame 41

long intergenic non-protein coding RNA 222

Parkinson disease 7 domain containing 1

leucine rich repeat containing 37, member A3

tubulin, beta 8 class VIII

membrane protein, palmitoylated 1, 55kDa

charged multivesicular body protein 1A

small nucleolar RNA, H/ACA box 54

lysine (K)-specific demethylase 2B

NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, assembly factor 2

ADP-ribosylation factor-like 9

protein phosphatase 1, regulatory subunit 8

chromosome 6 open reading frame 192

calcium channel, voltage-dependent, beta 4 subunit

solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7

UDP glucuronosyltransferase 1 family, polypeptide A6

adaptor-related protein complex 1, sigma 3 subunit

MAM domain containing glycosylphosphatidylinositol anchor 1

small nucleolar RNA, C/D box 10

long intergenic non-protein coding RNA 263

UDP-Gal:betaGal beta 1,3-galactosyltransferase polypeptide 6

ankyrin repeat domain 20 family, member A5, pseudogene

basic leucine zipper and W2 domains 2

taperin

pituitary tumor-transforming 2

eukaryotic translation initiation factor 4B

S-phase kinase-associated protein 2 (p45)

UBX domain protein 11

uncharacterized LOC100505894

protein phosphatase 2, regulatory subunit B'', alpha

pyrroline-5-carboxylate reductase-like

WD repeat domain 75

vanin 1

small nucleolar RNA, H/ACA box 2A

methyltransferase like 8

myocardial infarction associated transcript (non-protein coding)
uncharacterized LOC646762
methyltransferase like 13
ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1, U
potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 2

family with sequence similarity 190, member B
von Willebrand factor
KIAA2018

very low density lipoprotein receptor
membrane protein, palmitoylated 7 (MAGUK p55 subfamily member 7)

kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 11
late endosomal/lysosomal adaptor, MAPK and MTOR activator 1
MAGI family member, X-linked

adaptor-related protein complex 1, sigma 2 subunit

interleukin 17 receptor B
growth factor independent 1B transcription repressor
solute carrier family 26, member 11
peptidyl arginine deiminase, type II

deleted in lymphocytic leukemia, 7
microtubule-associated protein, RP/EB family, member 1

FAT tumor suppressor homolog 3 (Drosophila)
solute carrier family 8 (sodium/calcium exchanger), member 1
UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 2
complement component 1, q subcomponent binding protein
MON2 homolog (S. cerevisiae)
GPRIN family member 3
histone cluster 2, H2ab
small nucleolar RNA, C/D box 84
chromatin assembly factor 1, subunit A (p150)
kin of IRRE like 2 (Drosophila)
guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3
Kruppel-like factor 5 (intestinal)
huntingtin interacting protein 1 related

eukaryotic elongation factor, selenocysteine-tRNA-specific

ureidopropionase, beta
thiamin pyrophosphokinase 1
ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 2
N-acetyltransferase 14 (GCN5-related, putative)
protein S (alpha)

stromal antigen 2
protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14B
rogdi homolog (*Drosophila*)

BMP and activin membrane-bound inhibitor homolog (*Xenopus laevis*)
piggyBac transposable element derived 3
dynamin 1-like
uncharacterized LOC100506274
G protein-coupled receptor 183
small nucleolar RNA, C/D box 116-6
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 2

uncharacterized LOC389602
solute carrier family 25 (mitochondrial thiamine pyrophosphate carrier), member 19
nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding)

B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein)
Mdm1 nuclear protein homolog (mouse)
AHNAK nucleoprotein

fused in sarcoma
uncharacterized LOC100506757
kinesin family member 6
actin, alpha 1, skeletal muscle
glutamate receptor, ionotropic, kainate 5
PHD finger protein 17
chromosome 6 open reading frame 204
bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1B

gelsolin

vasohibin 1
sialic acid binding Ig-like lectin 10

H2A histone family, member B3
zinc finger protein 695

SUMO/sentrin specific peptidase family member 8

N-6 adenine-specific DNA methyltransferase 1 (putative)

uncharacterized LOC90784

spindle and kinetochore associated complex subunit 3

mediator complex subunit 1

small nucleolar RNA, C/D box 55

furry homolog (Drosophila)

SH3 domain and tetratricopeptide repeats 2

core 1 synthase, glycoprotein-N-acetylgalactosamine 3-beta-galactosyltransferase, 1

uncharacterized LOC400955

chromosome 5 open reading frame 13

tubulin, gamma 1

peroxiredoxin 4

apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3F

interferon regulatory factor 1

solute carrier family 16, member 1 (monocarboxylic acid transporter 1)

lysophosphatidylglycerol acyltransferase 1

chromosome 2 open reading frame 77

transmembrane protein 5

lactotransferrin

LSM14B, SCD6 homolog B (*S. cerevisiae*)

citron (rho-interacting, serine/threonine kinase 21)

deoxyuridine triphosphatase

mitotic spindle organizing protein 2A

uncharacterized LOC647946

tectonic family member 1

H2A histone family, member Y

solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 4

poliovirus receptor

protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14B

PARK2 co-regulated-like

melanoma associated antigen (mutated) 1

Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1

adenylate kinase 2

ubiquinol-cytochrome c reductase core protein I

leucine-rich repeat containing G protein-coupled receptor 4

histone cluster 1, H2ah

cytochrome b5 reductase 3
golgin A5
JNK1/MAPK8-associated membrane protein
zinc finger protein 454
syntaxin 4
Shwachman-Bodian-Diamond syndrome pseudogene 1
putative homeodomain transcription factor 2
radial spoke head 1 homolog (*Chlamydomonas*)

uncharacterized LOC400128
zinc finger protein 778
anthrax toxin receptor 2
nudE nuclear distribution gene E homolog (*A. nidulans*)-like 1
zer-1 homolog (*C. elegans*)
variable charge, X-linked 2
midline 1 (Opitz/BBB syndrome)
septin 5
LIMS3-LOC440895 readthrough

capping protein (actin filament), gelsolin-like
period homolog 1 (*Drosophila*)
CD36 molecule (thrombospondin receptor)
dihydrouridine synthase 4-like (*S. cerevisiae*)

uncharacterized LOC402483
CD320 molecule
TAR DNA binding protein
chromosome 6 open reading frame 218
component of oligomeric golgi complex 7
zinc finger protein 165
chromosome 21 open reading frame 58

WNK lysine deficient protein kinase 1
zinc finger protein 146
coiled-coil domain containing 149

solute carrier family 35, member F3
heat shock 70kDa protein 1B
zinc finger, CCHC domain containing 18
WD repeat domain 62
family with sequence similarity 195, member A pseudogene
growth arrest-specific 5 (non-protein coding)

BCL2-like 12 (proline rich)

small ILF3/NF90-associated RNA D

N-ethylmaleimide-sensitive factor

carboxypeptidase, vitellogenic-like

teashirt zinc finger homeobox 1

FSHD region gene 1 pseudogene

budding uninhibited by benzimidazoles 1 homolog beta (yeast)

small nucleolar RNA, H/ACA box 46

uncharacterized serine/threonine-protein kinase SgK494

INO80 homolog (*S. cerevisiae*)

sphingosine-1-phosphate receptor 2

polycystic kidney and hepatic disease 1 (autosomal recessive)-like 1

Ras suppressor protein 1

glycogen synthase 2 (liver)

ankyrin repeat domain 57

chromosome 2 open reading frame 73

thioredoxin-related transmembrane protein 4

STARD3 N-terminal like

BCL2-related protein A1

sorting nexin 3

TCDD-inducible poly(ADP-ribose) polymerase

CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 4

fibrosin

transmembrane channel-like 8

transcription factor 4

histone cluster 1, H4k

Rho GTPase activating protein 32

cell division cycle 37 homolog (*S. cerevisiae*)-like 1

chromosome 9 open reading frame 30

TRAF-type zinc finger domain containing 1

FK506 binding protein 14, 22 kDa

spindle and kinetochore associated complex subunit 2

chromobox homolog 1

family with sequence similarity 111, member B

coiled-coil domain containing 41

mex-3 homolog B (*C. elegans*)

zinc finger protein 180

PMS1 postmeiotic segregation increased 1 (*S. cerevisiae*)
sideroflexin 2
SCO cytochrome oxidase deficient homolog 2 (yeast)
chromosome 6 open reading frame 203
piezo-type mechanosensitive ion channel component 2
coagulation factor VIII-associated 2
small nucleolar RNA, H/ACA box 15
uncharacterized LOC647979
uncharacterized LOC100132891
UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 2
four and a half LIM domains 1

LIM domain kinase 1
chromosome 17 open reading frame 49
SEC22 vesicle trafficking protein homolog B (*S. cerevisiae*) (gene/pseudogene)
dynactin 2 (p50)
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A
threonyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative)
uncharacterized LOC100131289
erythrocyte membrane protein band 4.9 (dematin)
pericentrin
zinc finger CCCH-type containing 14
FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog

retinoblastoma binding protein 6
reversion-inducing-cysteine-rich protein with kazal motifs
ankyrin repeat and sterile alpha motif domain containing 1A
transmembrane protein 167B
fidgetin-like 1

zinc finger protein 573

Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; alpha polypeptide
nuclear receptor subfamily 2, group F, member 6
pyrroline-5-carboxylate reductase-like

Y box binding protein 2
ubiquitin protein ligase E3 component n-recognin 1
polymerase (DNA directed), epsilon 2 (p59 subunit)
long intergenic non-protein coding RNA 347
histone cluster 1, H4h
glutathione S-transferase, C-terminal domain containing
uncharacterized LOC100507468

thymosin beta 15a
uncharacterized LOC339442
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 15
phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 3
N(alpha)-acetyltransferase 10, NatA catalytic subunit
zinc finger and BTB domain containing 24
WDFY family member 4
tripartite motif containing 66
histone cluster 1, H4i
FERM domain containing 4A
methyltransferase like 16
zinc finger protein 813
ets variant 5
ST6 beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 2
membrane protein, palmitoylated 2 (MAGUK p55 subfamily member 2)
small nucleolar RNA, H/ACA box 33
elongation factor Tu GTP binding domain containing 1
protein phosphatase 5, catalytic subunit
S100 calcium binding protein A3
hCG1732469
endogenous retrovirus group I, member 1
B-cell CLL/lymphoma 3
toll-like receptor 1
major histocompatibility complex, class I, A
ADP-ribosylation factor 3

DCN1, defective in cullin neddylation 1, domain containing 3 (*S. cerevisiae*)
zinc finger and BTB domain containing 7B
phosphoribosyl transferase domain containing 1
eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1
myelin expression factor 2
signal transducer and activator of transcription 3 (acute-phase response factor)
uncharacterized LOC100129034

uncharacterized LOC144481
microsomal glutathione S-transferase 2
ribosomal protein L8

guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3

lipase, hormone-sensitive

proline-rich protein BstNI subfamily 1
ATP citrate lyase
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1
small Cajal body-specific RNA 2
PWP2 periodic tryptophan protein homolog (yeast)
serologically defined colon cancer antigen 3
chromodomain helicase DNA binding protein 5
nanos homolog 3 (Drosophila)

chromosome 14 open reading frame 169
F-box protein 31
uncharacterized LOC400680
gem (nuclear organelle) associated protein 8
uncharacterized LOC400756
growth regulation by estrogen in breast cancer 1
component of oligomeric golgi complex 6
UbiA prenyltransferase domain containing 1
heat shock 60kDa protein 1 (chaperonin)

major histocompatibility complex, class II, DR beta 5

histone cluster 1, H4I
cirrhosis, autosomal recessive 1A (cirhin)
RAE1 RNA export 1 homolog (S. pombe)

selectin E
solute carrier family 44, member 2
zinc finger protein 792
uncharacterized LOC100506459
ORAI calcium release-activated calcium modulator 2
RALBP1 associated Eps domain containing 2
hect domain and RLD 2 pseudogene 9
uncharacterized LOC643723
NANOG neighbor homeobox
ADAM metallopeptidase domain 8

suppression of tumorigenicity 5
mucolipin 1
WAS/WASL interacting protein family, member 2
DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11

TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding)

complement factor H
notchless homolog 1 (Drosophila)
DNA-damage inducible 1 homolog 2 (S. cerevisiae)
sushi, nidogen and EGF-like domains 1
THO complex 1
tetraspanin 32
dermatan sulfate epimerase-like
NCK interacting protein with SH3 domain
chromosome 1 open reading frame 150
collagen, type XXIV, alpha 1
multiple EGF-like-domains 9
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 30
non-POU domain containing, octamer-binding
LSM2 homolog, U6 small nuclear RNA associated (S. cerevisiae)
chemokine (C-X-C motif) receptor 2
vang-like 1 (van gogh, Drosophila)
nudE nuclear distribution gene E homolog 1 (A. nidulans)
CLK4-associating serine/arginine rich protein
uncharacterized LOC339674
uncharacterized LOC100130992
plasminogen activator, urokinase
AF4/FMR2 family, member 1
carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 11
sphingosine-1-phosphate lyase 1
leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2
G protein-coupled receptor 77
transmembrane protein 191B
cytoplasmic FMR1 interacting protein 1
absent in melanoma 1

serum amyloid A-like 1
transmembrane protein 25
tetratricopeptide repeat domain 4
nucleophosmin/nucleoplasmin 3
nuclear distribution gene C homolog (A. nidulans)
E2F transcription factor 1

adhesion molecule, interacts with CXADR antigen 1
glycophorin C (Gerbich blood group)
chromosome 2 open reading frame 43

cancer susceptibility candidate 5

membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 6A
nucleosome assembly protein 1-like 3

WAS protein family, member 1
chromosome 6 open reading frame 192
cytochrome b-561
uncharacterized LOC641518
chromosome 7 open reading frame 50
centriolin

TNF receptor-associated factor 2
tripartite motif containing 32
zinc finger protein 682
uncharacterized LOC100128252
transmembrane protein 219

integrin, alpha 9
coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 2
protein kinase, AMP-activated, gamma 3 non-catalytic subunit
chromosome 6 open reading frame 226
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 16kDa, V0 subunit c
tubulin, gamma complex associated protein 4
reticulon 1
golgin A7
interleukin 1 receptor antagonist

purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 2
Bartter syndrome, infantile, with sensorineural deafness (Barttin)
RAP1B, member of RAS oncogene family pseudogene
sideroflexin 4
RNA, U1 small nuclear 5
structural maintenance of chromosomes 2
DEAD (Asp-Glu-Ala-As) box polypeptide 19B
coiled-coil domain containing 9
major facilitator superfamily domain containing 2B
xin actin-binding repeat containing 2
metallothionein 3
KIAA0087
chromosome 1 open reading frame 190
adenylate cyclase 9
protein phosphatase 2, regulatory subunit B', beta

SERPINE1 mRNA binding protein 1
olfactory receptor, family 5, subfamily H, member 2

kinesin family member 14
centromere protein N
tsukushi small leucine rich proteoglycan homolog (*Xenopus laevis*)
Rh-associated glycoprotein

IQ motif and Sec7 domain 3

uncharacterized LOC100130027
regulator of G-protein signaling 19
transmembrane protein 51
interleukin 21 receptor
mitogen-activated protein kinase kinase 3
TNFAIP3 interacting protein 3
hect domain and RLD 5

transmembrane protein 64
coiled-coil domain containing 77

N(alpha)-acetyltransferase 25, NatB auxiliary subunit
sorting nexin 22
protein inhibitor of activated STAT, 2
ECSIT homolog (*Drosophila*)

small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding)
high mobility group box 3

small nucleolar RNA, H/ACA box 33
cyclin-dependent kinase-like 1 (CDC2-related kinase)
interleukin 23 receptor
basic leucine zipper transcription factor, ATF-like 3
Fc fragment of IgG, low affinity IIc, receptor for (CD32) (gene/pseudogene)
RNA binding motif protein 28
imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding)
leucine rich repeat containing 37, member A2
ankyrin repeat and GTPase domain Arf GTPase activating protein 11
poly(A) binding protein, cytoplasmic 5
CD28 molecule
cysteine-serine-rich nuclear protein 1
complement component 1, r subcomponent
prenylcysteine oxidase 1

uncharacterized LOC441204
glyoxalase domain containing 4

Shwachman-Bodian-Diamond syndrome
exosome component 9

diazepam binding inhibitor (GABA receptor modulator, acyl-CoA binding protein)
coiled-coil domain containing 167
SAR1 homolog A (*S. cerevisiae*)
suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein)
olfactory receptor, family 5, subfamily M, member 9
histone cluster 2, H2ac
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 39A
small nucleolar RNA, C/D box 17
H2A histone family, member X
ubiquitin-conjugating enzyme E2W (putative)
long intergenic non-protein coding RNA 323
UBX domain protein 8
craniofacial development protein 1
SET domain containing 1A
c-abl oncogene 1, non-receptor tyrosine kinase
Cas scaffolding protein family member 4
HLA complex group 18 (non-protein coding)
tubby like protein 3
Ran GTPase activating protein 1

RIO kinase 3 (yeast)
complement component 1, q subcomponent-like 3
ribosomal protein L13
SRY (sex determining region Y)-box 13
imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding)
glycerophosphodiester phosphodiesterase 1
melanoma antigen family B, 4
APAF1 interacting protein
transmembrane protein 194B
LSM7 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC100287063

uncharacterized LOC100507312
5-oxoprolinase (ATP-hydrolysing)
RAB18, member RAS oncogene family
solute carrier family 22, member 23
chromosome 21 open reading frame 56
nucleoporin 54kDa
chromosome 21 open reading frame 15
mitogen-activated protein kinase 6
uncharacterized LOC389791

dual specificity phosphatase 10
dynein, axonemal, heavy chain 14
acyl-CoA synthetase medium-chain family member 1
chemokine (C-C motif) ligand 1
transcription factor B1, mitochondrial
cyclin B2
endoplasmic reticulum protein 29
asp (abnormal spindle) homolog, microcephaly associated (Drosophila)
nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin)
small nucleolar RNA, C/D box 38A
suppressor of variegation 3-9 homolog 1 (Drosophila)
ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 6
TM2 domain containing 2
protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type II, beta
zinc and ring finger 1
ring finger protein 170
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide H (22.9kD)

KIAA0513

uncharacterized LOC388796

keratin 15

small nucleolar RNA, H/ACA box 8

chromosome 8 open reading frame 56

chaperonin containing TCP1, subunit 4 (delta)

uncharacterized transcript

olfactory receptor, family 5, subfamily L, member 2

WD repeat domain 54

DAZ associated protein 2

RAP2B, member of RAS oncogene family

solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, taurine), member 6

uncharacterized LOC283485

transmembrane protein 225-like

protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 3

tetraspanin 32

chromosome 14 open reading frame 45

myosin IXA

stress-associated endoplasmic reticulum protein family member 2

small nucleolar RNA host gene 7 (non-protein coding)

casein kinase 2, alpha 1 polypeptide

CD79b molecule, immunoglobulin-associated beta

pleckstrin homology domain containing, family B (evectins) member 1

tRNA-yW synthesizing protein 1 homolog B (*S. cerevisiae*)

small Cajal body-specific RNA 13
nicalin
apolipoprotein A-I
prune homolog (Drosophila)
vesicle-associated membrane protein 5 (myobrevin)

glycoprotein Ib (platelet), beta polypeptide
GATA zinc finger domain containing 2A

transmembrane and coiled-coil domain family 3
protein phosphatase 3, regulatory subunit B, alpha
uncharacterized LOC202025

fibrosin

spermatogenesis associated 20
tripartite motif containing 6
family with sequence similarity 115, member A
MIRLET7B host gene (non-protein coding)

transient receptor potential cation channel, subfamily V, member 1
MYB binding protein (P160) 1a
immunoglobulin superfamily, member 3
uncharacterized LOC100131943
small nucleolar RNA, H/ACA box 51
uncharacterized LOC729887
neurofilament, heavy polypeptide
Sec61 alpha 2 subunit (*S. cerevisiae*)
AXL receptor tyrosine kinase

LIM and cysteine-rich domains 1
familial acute myelogenous leukemia related factor
uncharacterized LOC100506123
ribosomal protein L5
high mobility group AT-hook 1
MAFF interacting protein
placental growth factor
MDS1 and EVI1 complex locus
uncharacterized LOC100133131

F-box and WD repeat domain containing 8
torsin family 3, member A

KIAA0564

small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A'
pseudouridylate synthase 1
COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 7B (Arabidopsis)
high mobility group nucleosomal binding domain 3
OMA1 homolog, zinc metallopeptidase (*S. cerevisiae*)

uncharacterized LOC100505702
synovial sarcoma, X breakpoint 2 interacting protein
sialic acid binding Ig-like lectin, pseudogene 3
interferon stimulated exonuclease gene 20kDa

EH domain binding protein 1

tropomyosin 4
ST7 antisense RNA 1 (non-protein coding)
family with sequence similarity 65, member C

solute carrier family 22, member 23

uncharacterized LOC644242
guanylate binding protein 3
matrix metallopeptidase 24 (membrane-inserted)
pre-B-cell leukemia homeobox 1
microtubule associated serine/threonine kinase family member 4
olfactory receptor, family 10, subfamily A, member 7
uncharacterized LOC100506190

uncharacterized LOC283070
capping protein (actin filament) muscle Z-line, alpha 2
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10-like
ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 (rho family, small GTP binding protein Rac2)

microtubule-associated protein, RP/EB family, member 2
iron/zinc purple acid phosphatase-like protein
solute carrier family 45, member 4
interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
uncharacterized LOC728537
uncharacterized LOC440584
tripartite motif containing 44
proteasome (prosome, macropain) assembly chaperone 1

cysteine-rich, angiogenic inducer, 61
small nucleolar RNA, C/D box 50B
uncharacterized LOC401431
laminin, gamma 3
SPG20 opposite strand
HBS1-like (*S. cerevisiae*)
glypican 3
Crm, cramped-like (*Drosophila*)

centrosomal protein 164kDa

MAM domain containing glycosylphosphatidylinositol anchor 1
inosine triphosphatase (nucleoside triphosphate pyrophosphatase)

cell division cycle associated 7
small nucleolar RNA, C/D box 11

RAS guanyl releasing protein 3 (calcium and DAG-regulated)

supervillin
collagen, type XVII, alpha 1
OTU domain containing 5
neutrophil cytosolic factor 1
reticulon 4

calcium/calmodulin-dependent protein kinase II gamma
proline-serine-threonine phosphatase interacting protein 1
family with sequence similarity 65, member B
glyoxalase domain containing 5
eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 3

intersectin 1 (SH3 domain protein)
interferon regulatory factor 8

MyoD family inhibitor domain containing
epsin 1
solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 5 pseudogene 1
uncharacterized LOC100288884
uncharacterized LOC100130691
osteoglycin
topoisomerase (DNA) III beta

leucine zipper and CTNNBIP1 domain containing
cyclin A1

zinc finger protein 438
MIR143 host gene (non-protein coding)
rabaptin, RAB GTPase binding effector protein 1
spectrin, beta, non-erythrocytic 5

neuropilin (NRP) and tolloid (TLL)-like 1
centrosomal protein 55kDa
Sel1 repeat containing 1

ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8B, member 3
uncharacterized LOC91450
RAN binding protein 10
family with sequence similarity 195, member A
calmodulin 3 (phosphorylase kinase, delta)

cAMP responsive element binding protein 3-like 4
signal peptide peptidase-like 2B
basic leucine zipper nuclear factor 1
CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 1
uridine-cytidine kinase 1
signal-regulatory protein alpha
plexin A4
family with sequence similarity 107, member B
fibrillarin-like 1
uncharacterized LOC440944
HIG1 hypoxia inducible domain family, member 1A

proline rich 19
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 8
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 21
HAUS augmin-like complex, subunit 8
transmembrane protein 167B
chromosome 5 open reading frame 45
leukotriene A4 hydrolase
eukaryotic translation elongation factor 1 gamma
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A2/B1
KCNE1-like
gamma-glutamylcyclotransferase
cysteinyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative)

chromosome 17 open reading frame 101

pirin (iron-binding nuclear protein)
nestin
ADP-ribosylation factor-like 5B

zinc finger protein 493
uncharacterized LOC348761
cytochrome P450, family 2, subfamily F, polypeptide 1
small nucleolar RNA, C/D box 114-21

transmembrane protein 65
secernin 3
small nucleolar RNA, C/D box 59A
imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding)
src kinase associated phosphoprotein 2
solute carrier family 15 (oligopeptide transporter), member 1
centromere protein V pseudogene

FLT3-interacting zinc finger 1
transmembrane protein 43
ribosomal protein S5
PDZ domain containing 8
signal transducer and activator of transcription 5A
smg-5 homolog, nonsense mediated mRNA decay factor (*C. elegans*)
butyrophilin, subfamily 2, member A3, pseudogene
family with sequence similarity 136, member A
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class L

cell division cycle associated 3
GPN-loop GTPase 1
inositol 1,4,5-trisphosphate receptor interacting protein-like 1
lymphocyte-specific protein 1
BTB (POZ) domain containing 6
selenoprotein T
collagen, type IX, alpha 3

glycoprotein Ib (platelet), beta polypeptide
dermatan sulfate epimerase-like
synaptopodin 2
thyrotropin-releasing hormone
FIP1 like 1 (*S. cerevisiae*)
discoidin, CUB and LCCL domain containing 1

FYVE, RhoGEF and PH domain containing 4
N-acyl ethanolamine acid amidase
adenosine A3 receptor
tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor)
endothelial PAS domain protein 1
syntaxin 7

BMS1 pseudogene 5
dual adaptor of phosphotyrosine and 3-phosphoinositides
blocked early in transport 1 homolog (*S. cerevisiae*)
glutathione S-transferase mu 3 (brain)
aspartic peptidase, retroviral-like 1

neurofibromin 1
homeobox containing 1
golgin A8 family, member B pseudogene
family with sequence similarity 99, member A (non-protein coding)

zinc finger protein 25
sorting nexin family member 27
LSM1 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*)
annexin A2 pseudogene 1
CAP, adenylate cyclase-associated protein 1 (yeast)
guanylate binding protein 4
asparagine-linked glycosylation 3, alpha-1,3- mannosyltransferase homolog (*S. cerevisiae*)
angiominin like 1
plexin A4
mediator complex subunit 12-like

transcription factor binding to IGHM enhancer 3
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 7
integrin, beta 7
pyrroline-5-carboxylate reductase family, member 2

D-dopachrome tautomerase
erythrocyte membrane protein band 4.1-like 2
R3H domain and coiled-coil containing 1

phosphoserine phosphatase
REX4, RNA exonuclease 4 homolog (*S. cerevisiae*)
peter pan homolog (*Drosophila*)
nemo-like kinase

leucine rich repeat containing 2
ribosome binding factor A (putative)
transmembrane protein 52
necdin homolog (mouse)
exosome component 3

myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila)
isovaleryl-CoA dehydrogenase
chloride channel 2
adducin 2 (beta)
uncharacterized LOC348751
AIG2-like domain 1
dystonin
four and a half LIM domains 2
uncharacterized LOC100510007
coagulation factor II (thrombin) receptor
PRKC, apoptosis, WT1, regulator
FLJ45248 protein
ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, Y-linked
chromosome 1 open reading frame 70
TAO kinase 1
cyclin-dependent kinase-like 1 (CDC2-related kinase)
t-complex 11 (mouse)-like 2
melanoma antigen family B, 6
integrator complex subunit 9
macrophage migration inhibitory factor (glycosylation-inhibiting factor)
nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding)
taste receptor, type 2, member 9
HAUS augmin-like complex, subunit 2
chromatin assembly factor 1, subunit A (p150)
cyclin F
enhancer of mRNA decapping 4
pleckstrin homology domain containing, family A member 7
solute carrier family 35, member E1
olfactory receptor, family 5, subfamily J, member 2

CDC42 binding protein kinase beta (DMPK-like)
TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, B, 63kDa
vestigial like 4 (Drosophila)
WD repeat domain 44

mitochondrial ribosomal protein S28
post-GPI attachment to proteins 1

MAM domain containing 4
zinc finger protein 232
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 6
endoplasmic reticulum protein 27
chromosome 2 open reading frame 84

toll-like receptor 7
myomesin 1, 185kDa
proteinase 3
ATG4 autophagy related 4 homolog A (*S. cerevisiae*)
serine/arginine-rich splicing factor 10
ribosome binding protein 1 homolog 180kDa (dog)
zinc finger protein 717
WW domain binding protein 2
solute carrier family 5 (sodium/myo-inositol cotransporter), member 3

uncharacterized LOC100507419
PBX/knotted 1 homeobox 1
myosin IG
zinc finger protein 626
RAB6B, member RAS oncogene family
small nucleolar RNA, C/D box 114-10
defensin, alpha 3, neutrophil-specific
family with sequence similarity 92, member B
pyruvate dehydrogenase phosphatase regulatory subunit
checkpoint kinase 1
hairy/enhancer-of-split related with YRPW motif-like

STEAP family member 4
tripartite motif containing 46
major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1
uncharacterized LOC100506548
gamma-aminobutyric acid (GABA) B receptor, 1
KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) containing 2
prickle homolog 2 (*Drosophila*)
cell growth regulator with EF-hand domain 1

sideroflexin 5
peroxisomal biogenesis factor 3
phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1B

Fanconi anemia, complementation group D2
POU class 5 homeobox 1
achalasia, adrenocortical insufficiency, alacrimia

uncharacterized LOC84237
ankyrin repeat domain 20 family, member A3 pseudogene

potassium channel tetramerisation domain containing 21
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3

killer cell lectin-like receptor subfamily B, member 1
leucine-rich repeats and transmembrane domains 1
armadillo repeat containing 3
hairy and enhancer of split 4 (*Drosophila*)
extended synaptotagmin-like protein 3
syntaxin 2
family with sequence similarity 185, member A
zinc finger protein 839 pseudogene
centrosomal protein 68kDa
defects in morphology 1 homolog (*S. cerevisiae*)

SET binding protein 1

adenosylhomocysteinase-like 2
myeloproliferative leukemia virus oncogene
sterile alpha motif domain containing 4A
selectin P ligand
kinesin family member 21B

mucin 1, cell surface associated
transmembrane protein 41B
interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1B

TNF receptor-associated factor 5
kelch-like 23 (*Drosophila*)
DIS3 mitotic control homolog (*S. cerevisiae*)-like 2

uncharacterized locus MGC21881

advanced glycosylation end product-specific receptor
uncharacterized LOC100507153
yippee-like 5 (*Drosophila*)
kinesin-like protein family member 6-like
thyroid hormone receptor interactor 11
DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 like 2

tumor necrosis factor receptor superfamily, member 18

family with sequence similarity 73, member B

chromosome 9 open reading frame 16

LYR motif containing 1

PDZ and LIM domain 1

hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 14

mitochondrial ribosomal protein S6

SID1 transmembrane family, member 1

glutaminyl-tRNA synthetase

ankyrin repeat domain 18A

uncharacterized LOC100130248

MAP7 domain containing 3

spermatogenesis associated 13

myosin regulatory light chain interacting protein

uncharacterized LOC100506190

coiled-coil domain containing 101

ubiquitin-conjugating enzyme E2C binding protein

zinc finger protein 816

phospholipase A2, group IVA (cytosolic, calcium-dependent)

uncharacterized LOC401264

MAP6 domain containing 1

interleukin 18 receptor accessory protein

lymphocyte-specific protein 1 pseudogene

CDKN1A interacting zinc finger protein 1

arylformamidase

LIMS3-LOC440895 readthrough

killer cell lectin-like receptor subfamily G, member 2

growth arrest-specific 2 like 3

v-kit Hardy-Zuckerman 4 feline sarcoma viral oncogene homolog

methyltransferase like 21A

acetyl-CoA carboxylase beta

TAF4b RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 105kDa

pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 4

dynammin 3

uncharacterized LOC285768

chromosome 15 open reading frame 26
calmodulin regulated spectrin-associated protein 1
Kell blood group, metallo-endopeptidase
myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related)
regulatory associated protein of MTOR, complex 1

chromosome 17 open reading frame 66
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 6 (non-specific cross reacting antigen)
transmembrane and tetratricopeptide repeat containing 4
uncharacterized LOC283683
CREB regulated transcription coactivator 1
kelch-like 6 (Drosophila)
receptor (chemosensory) transporter protein 1
SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2

solute carrier family 35 (UDP-galactose transporter), member A2

coiled-coil domain containing 114
nuclear factor I/B
coiled-coil domain containing 99
poly(A) binding protein interacting protein 2B
HECT, C2 and WW domain containing E3 ubiquitin protein ligase 2
chromosome 12 open reading frame 48
zinc finger protein 443

prostaglandin I2 (prostacyclin) synthase
tRNA isopentenyltransferase 1
KIAA0146
PAS domain containing serine/threonine kinase

MRVI1 antisense RNA 1 (non-protein coding)
lipoyl(octanoyl) transferase 2 (putative)
interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
integrin, alpha 4 (antigen CD49D, alpha 4 subunit of VLA-4 receptor)
nucleolar complex associated 2 homolog (*S. cerevisiae*)
lipoic acid synthetase
tyrosine kinase, non-receptor, 1

IQ motif containing D

solute carrier family 38, member 7
zinc finger, DHHC-type containing 8

COBW domain containing 5

myosin ID

small nucleolar RNA, C/D box 9

IMP (inosine 5'-monophosphate) dehydrogenase 2

uncharacterized LOC644794

chromosome 17 open reading frame 89

histone cluster 1, H1c

zinc finger protein 780B

uncharacterized LOC283887

lemur tyrosine kinase 3

nucleoporin 85kDa

cancer/testis antigen family 45, member A1

glycosyltransferase 25 domain containing 1

chromosome 6 open reading frame 163

WD repeat domain 6

methyltransferase like 16

myotrophin

Rho GTPase activating protein 21

ATPase, H⁺ transporting, lysosomal accessory protein 1

early growth response 1

non-SMC condensin I complex, subunit D2

small nucleolar RNA, C/D box 43

immunoglobulin superfamily, member 22

globoside alpha-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1

CSE1 chromosome segregation 1-like (yeast)

PAK1 interacting protein 1

chromosome 5 open reading frame 42

hippocampus abundant transcript-like 1

G protein-coupled receptor 50

DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11

FSHD region gene 1 pseudogene

cytohesin 1 interacting protein

anoctamin 2

leukocyte receptor tyrosine kinase

ankyrin repeat domain 20 family, member A5, pseudogene

polymerase (RNA) I polypeptide B, 128kDa

SWAP switching B-cell complex 70kDa subunit

coiled-coil domain containing 61

chaperonin containing TCP1, subunit 6A (zeta 1)

tripartite motif containing 65

Rho GTPase activating protein 33
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide G (32kD)-like

NCK adaptor protein 2
family with sequence similarity 108, member B1
glutathione S-transferase theta 1

uncharacterized LOC100289388
coiled-coil domain containing 14
uncharacterized LOC401037
phosphatidylserine synthase 2
neuroblastoma breakpoint family, member 3
cancer/testis antigen family 47, member A11
Meis homeobox 1
Rho GTPase activating protein 25
ArfGAP with RhoGAP domain, ankyrin repeat and PH domain 3
phosphatidylinositol-specific phospholipase C, X domain containing 3
Fc fragment of IgA, receptor for
cannabinoid receptor 2 (macrophage)
GDP dissociation inhibitor 2
protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 13 (APO-1/CD95 (Fas)-associated phosphatase)
phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 2
uncharacterized LOC731275
deoxyribonuclease II, lysosomal
zinc finger and BTB domain containing 16
CD274 molecule

interferon, alpha-inducible protein 6

tenascin XB
mitochondrial translational release factor 1-like
regulator of G-protein signaling 6
UDP-glucose pyrophosphorylase 2
cyclin-dependent kinase 4

long intergenic non-protein coding RNA 202
angiopoietin-like 7

choline dehydrogenase

lipocalin 15

diacylglycerol kinase, iota
myeloma overexpressed (in a subset of t(11;14) positive multiple myelomas)
small nucleolar RNA, H/ACA box 12
uncharacterized LOC100505875
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 3
POC1 centriolar protein homolog A (Chlamydomonas)
uncharacterized LOC100129516
RAB26, member RAS oncogene family
chymosin pseudogene
aquaporin 10
Rh blood group, D antigen
BMP2 inducible kinase
TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding)
zinc finger protein 138

uncharacterized LOC388780
uncharacterized LOC100652913
StAR-related lipid transfer (START) domain containing 13

chromosome 6 open reading frame 125
TBC1 domain family, member 10A

phospholipase C, beta 4
IKAROS family zinc finger 2 (Helios)
e3 ubiquitin-protein ligase HERC2-like
G protein-coupled receptor 155
fucosidase, alpha-L- 1, tissue
uncharacterized LOC149837
secretory blood group 1
kaptin (actin binding protein)
ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 1

nuclear factor I/A

uncharacterized LOC100506190
selectin P ligand
hect domain and RLD 2 pseudogene 2
chromosome 1 open reading frame 114
zinc finger protein 90

uncharacterized LOC378805
F-box and leucine-rich repeat protein 17
kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 2
TIMP metalloproteinase inhibitor 1
elastin microfibril interfacier 1
nestin
Holliday junction recognition protein
tubulin tyrosine ligase

protein tyrosine phosphatase, receptor type, E

zinc finger protein 91 homolog (mouse)

centromere protein M
SEC24 family, member A (*S. cerevisiae*)
X-linked Kx blood group (McLeod syndrome)
major histocompatibility complex, class I, B
tandem C2 domains, nuclear
tubulin tyrosine ligase-like family, member 4

nuclear receptor coactivator 3
transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2

coenzyme Q3 homolog, methyltransferase (*S. cerevisiae*)
mitogen-activated protein kinase 14
chromosome 4 open reading frame 46

pterin-4 alpha-carbinolamine dehydratase/dimerization cofactor of hepatocyte nuclear factor 1 alpha
excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 2
uncharacterized LOC100505648
chromosome 6 open reading frame 97
chemokine (C-X-C motif) ligand 6 (granulocyte chemotactic protein 2)

eukaryotic translation initiation factor 4A1

ras homolog gene family, member C

oxidized low density lipoprotein (lectin-like) receptor 1
RNA binding motif protein 15B
elaC homolog 2 (*E. coli*)
protease, serine, 23
Alstrom syndrome 1
histone deacetylase 11
chromosome 3 open reading frame 26

BRCA1-associated ATM activator 1
zinc finger protein 642
GLI pathogenesis-related 1 like 2
acyl-CoA thioesterase 4 pseudogene
H3 histone, family 3A
thioredoxin domain containing 2 (spermatozoa)

transporter 1, ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP)
recombination activating gene 1
succinate dehydrogenase complex, subunit C, integral membrane protein, 15kDa

melanoma antigen family D, 2
ribonuclease T2
dynein, axonemal, heavy chain 17
diacylglycerol kinase, delta 130kDa
carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 12
family with sequence similarity 63, member B
ubiquitin carboxyl-terminal esterase L3 (ubiquitin thiolesterase)
spermine synthase
ring finger protein 208
chromosome 14 open reading frame 167
aftiphilin
tensin 3
CDC14 cell division cycle 14 homolog B (*S. cerevisiae*)
tropomyosin 3
SH3-binding domain protein 5-like

Indian hedgehog
polymerase (DNA-directed), delta interacting protein 3
milk fat globule-EGF factor 8 protein
POM121 and ZP3 fusion

phosphatidylinositol transfer protein, cytoplasmic 1

MACRO domain containing 2
tRNA-histidine guanylyltransferase 1-like (*S. cerevisiae*)
growth arrest-specific 6
DAZ interacting protein 3, zinc finger
splicing factor 3b, subunit 3, 130kDa
mal, T-cell differentiation protein-like
eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon 1
zinc finger protein 331
uncharacterized LOC100652805

small nucleolar RNA, H/ACA box 49
golgin A8 family, member E
methylcrotonoyl-CoA carboxylase 2 (beta)
uncharacterized LOC100505687

v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog F (avian)

pogo transposable element with ZNF domain
vasoactive intestinal peptide receptor 2
migration and invasion inhibitory protein
uncharacterized LOC100506930
nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, zeta
eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 2
Kruppel-like factor 7 (ubiquitous)

heat shock 105kDa/110kDa protein 1
ribosomal protein L22
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 8
V-set and immunoglobulin domain containing 4
ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, Y-linked
isopentenyl-diphosphate delta isomerase 1

HIG1 hypoxia inducible domain family, member 1A
sterile alpha motif domain containing 9
family with sequence similarity 83, member F
RAB, member of RAS oncogene family-like 2B
catenin, beta like 1
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit M

small Cajal body-specific RNA 22
villin-like

tumor suppressor candidate 5
serine incorporator 3
ELK3, ETS-domain protein (SRF accessory protein 2)
hydrogen voltage-gated channel 1
chromosome 1 open reading frame 194
solute carrier family 11 (proton-coupled divalent metal ion transporters), member 1
chromosome 12 open reading frame 5
zinc finger protein 512

obscurin-like 1

uncharacterized LOC100132077

transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 2-like
receptor accessory protein 2

helicase (DNA) B

twinfilin, actin-binding protein, homolog 1 (Drosophila)

bone morphogenetic protein 6

carboxypeptidase A3 (mast cell)

tousled-like kinase 2

plexin domain containing 2

mitofusin 2

X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 2

phosphatase, orphan 1

nucleoporin 62kDa

KIAA1539

zinc finger protein 444

uncharacterized LOC100507042

cysteine-rich protein 3

upregulator of cell proliferation

ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, epsilon subunit

alcohol dehydrogenase 5 (class III), chi polypeptide

papillary renal cell carcinoma (translocation-associated)

WDFY family member 4

Leber congenital amaurosis 5

transmembrane emp24 protein transport domain containing 8

family with sequence similarity 53, member C

adenomatosis polyposis coli down-regulated 1

chromosome 12 open reading frame 28

non-metastatic cells 7, protein expressed in (nucleoside-diphosphate kinase)

aspartoacylase (aminocyclase) 3

glucuronidase, beta pseudogene 5

peptidylprolyl isomerase G (cyclophilin G)

small nucleolar RNA, H/ACA box 34

pyrroline-5-carboxylate reductase 1

solute carrier family 19 (folate transporter), member 1

zinc fingers and homeoboxes 3

cytochrome P450, family 4, subfamily F, polypeptide 3

NOP56 ribonucleoprotein homolog (yeast)
uncharacterized LOC100507047

zinc finger protein 726
chromosome 10 open reading frame 91
uncharacterized LOC648691
SET domain containing 4
chromosome 10 open reading frame 125

splicing factor 3a, subunit 3, 60kDa
ring finger protein 150
zinc finger protein 300
transcription factor 15 (basic helix-loop-helix)
uncharacterized LOC100130503
adenosine deaminase
uncharacterized LOC100132356
ribosomal protein S23
aldehyde dehydrogenase 18 family, member A1

HAUS augmin-like complex, subunit 1
breast cancer 1, early onset
DBF4 homolog B (*S. cerevisiae*)
polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide H

catenin, beta interacting protein 1
thromboxane A2 receptor

urotensin 2

tropomodulin 3 (ubiquitous)
voltage-dependent anion channel 3
aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1
glycerol-3-phosphate dehydrogenase 2 (mitochondrial)
family with sequence similarity 113, member B
striatin, calmodulin binding protein 4
FXD domain containing ion transport regulator 2
1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase homolog (*Arabidopsis*)(non-functional)
junctional adhesion molecule 3
MIR137 host gene (non-protein coding)
SERTA domain containing 3
FGFR1 oncogene partner 2

neighbor of BRCA1 gene 2 (non-protein coding)
PQ loop repeat containing 1
uncharacterized LOC440900
immunoglobulin superfamily, member 3

chromosome 16 open reading frame 95

thymidine kinase 1, soluble

interferon induced transmembrane protein 3
myosin VC
sulfotransferase family, cytosolic, 1C, member 3
tripeptidyl peptidase II
nardilysin (N-arginine dibasic convertase)
small nucleolar RNA, C/D box 62A
selenium binding protein 1
transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene 6
uncharacterized LOC100507642
chromosome 17 open reading frame 74
chromosome 4 open reading frame 21
imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding)
late cornified envelope 1A

AT hook containing transcription factor 1
chromosome 20 open reading frame 27
uncharacterized LOC100507630

tectonin beta-propeller repeat containing 2
neutrophil cytosolic factor 4, 40kDa
maFF-interacting protein-like
nuclear factor I/X (CCAAT-binding transcription factor)
family with sequence similarity 66, member E
uncharacterized LOC100507316

cell division cycle associated 2
phosphoribosylglycinamide formyltransferase, phosphoribosylglycinamide synthetase, phosphoribo
protocadherin alpha 5
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 21
chromosome 7 open reading frame 44
F-box protein 44

NDC80 homolog, kinetochore complex component (*S. cerevisiae*)

IQ motif containing GTPase activating protein 2
sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3G
neurobeachin-like 2

PDZ and LIM domain 7 (enigma)

ADP-ribosylarginine hydrolase

SAM domain, SH3 domain and nuclear localization signals 1

interaction protein for cytohesin exchange factors 1

cytidine monophospho-N-acetylneuraminic acid hydroxylase, pseudogene

TruB pseudouridine (psi) synthase homolog 2 (E. coli)

NUF2, NDC80 kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae)

uncharacterized LOC285972

claudin 4

D-dopachrome tautomerase-like

DEP domain containing 5

EMI domain containing 1

tetraspanin 3

polymerase (DNA-directed), epsilon 4 (p12 subunit)

HtrA serine peptidase 3

parvin, gamma

small nucleolar RNA host gene 3 (non-protein coding)

calcium/calmodulin-dependent protein kinase I

leucine-rich repeats and calponin homology (CH) domain containing 4

zinc finger and SCAN domain containing 12

uncharacterized LOC100128851

chromosome 4 open reading frame 26

WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pseudogene 3

WD repeat domain 59

EPB41L4A antisense RNA 1 (non-protein coding)

zinc finger protein 287

tubulin, delta 1

ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 3

UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 1

heat shock 70kDa protein 2

cell division cycle 7 homolog (S. cerevisiae)

mitochondrial ribosomal protein L37

coiled-coil domain containing 165

MSTP152

dpy-19-like 3 (C. elegans)

lin-9 homolog (C. elegans)

solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 5

MCM3AP antisense RNA 1 (non-protein coding)
lipase maturation factor 2
uncharacterized protein MGC12916
small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kDa

ribosomal protein L17

far upstream element (FUSE) binding protein 1
zinc finger protein 511
tetratricopeptide repeat domain 28
neuroblastoma breakpoint family, member 10
spermine synthase
spindle and kinetochore associated complex subunit 1
glutaryl-CoA dehydrogenase
prostaglandin E synthase 3 (cytosolic)
small nucleolar RNA, C/D box 100

mutS homolog 3 (E. coli)
glutaminase
inositol monophosphatase domain containing 1
chromosome 10 open reading frame 82
death associated protein-like 1
solute carrier family 39 (metal ion transporter), member 11
chloride intracellular channel 4
uncharacterized LOC400238
methyltransferase like 15
keratin 73
iduronate 2-sulfatase
1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 1 (lysophosphatidic acid acyltransferase, alpha)
collagen, type IV, alpha 3 (Goodpasture antigen) binding protein

vacuolar protein sorting 37 homolog B (S. cerevisiae)
phosphorylase kinase, beta
mitogen-activated protein kinase 12
ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 9
trophinin
activating signal cointegrator 1 complex subunit 3
heat shock 105kDa/110kDa protein 1
60S ribosomal protein L23a-like
inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase gamma
signal peptide peptidase-like 3
uncharacterized LOC100129322

ribosomal protein L5

cyclin Pas1/PHO80 domain containing 1
interleukin 4 receptor
synapse defective 1, Rho GTPase, homolog 2 (C. elegans)
dystroglycan 1 (dystrophin-associated glycoprotein 1)
uncharacterized LOC100505601
glucosidase, alpha; neutral C
poly (ADP-ribose) polymerase family, member 11
nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding)
piggyBac transposable element derived 4
mannosidase, alpha, class 1C, member 1
transcription elongation factor A (SII)-like 7

N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase-like 1
long intergenic non-protein coding RNA 338
clathrin interactor 1
CDC42 binding protein kinase alpha (DMPK-like)
dual specificity phosphatase 4
protease, serine, 36
uncharacterized LOC100130691
solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, γ +L system), member 6
DSN1, MIND kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae)
methylcrotonoyl-CoA carboxylase 1 (alpha)
zinc finger protein 33A
calpain 1, (μ /I) large subunit
Src homology 2 domain containing E
DKFZP586B0319 protein

uncharacterized LOC678655
complement component 3a receptor 1
0
ADP-ribosylation factor guanine nucleotide-exchange factor 1 (brefeldin A-inhibited)
calsequestrin 1 (fast-twitch, skeletal muscle)

ankyrin repeat domain 32
kelch-like 3 (Drosophila)
protease, serine, 45
C-type lectin domain family 4, member D
mitochondrial ribosomal protein L21
transcription factor B2, mitochondrial
cleavage and polyadenylation specific factor 7, 59kDa
fascin homolog 1, actin-bundling protein (Strongylocentrotus purpuratus)
methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1, methenyltetrahydrofolate cyclol
NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 5, 15kDa (NADH-coenzyme Q reductase)
transmembrane protein 191A

beta-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (globoside blood group) pseudogene
uncharacterized LOC646241
ring finger protein 208
ethanolamine kinase 1

synaptosomal-associated protein, 25kDa
ankyrin repeat domain 7
solute carrier family 5 (sodium-dependent vitamin transporter), member 6
ELOVL fatty acid elongase 6
nucleoporin 62kDa
microtubule-associated protein tau
tripartite motif containing 63
metastasis suppressor 1
drebrin-like
TRAF3 interacting protein 3
ras homolog gene family, member Q
forkhead box P1

olfactory receptor, family 2, subfamily T, member 12

von Willebrand factor A domain containing 5A
FGFR1 oncogene partner
carbohydrate (N-acetylgalactosamine 4-O) sulfotransferase 14
lysine (K)-specific demethylase 1B
protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1G
caspase 10, apoptosis-related cysteine peptidase
chromosome 19 open reading frame 29
fibroblast growth factor 7 pseudogene

Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1

lipolysis stimulated lipoprotein receptor
eukaryotic translation initiation factor 2A, 65kDa
poly(A) binding protein, cytoplasmic 1-like
N-acetylneuraminic acid synthase
proline and serine rich 1

Ewing sarcoma breakpoint region 1
plasmalemma vesicle associated protein
ADAM metallopeptidase domain 10
neurofascin

adhesion molecule with Ig-like domain 2

AT rich interactive domain 1B (SWI1-like)

kinesin family member 2C

ankyrin repeat and FYVE domain containing 1

syndecan 1

zinc finger and SCAN domain containing 21

programmed cell death 7

RAD54 homolog B (*S. cerevisiae*)

melanoma antigen family D, 2

phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, beta

mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,6-N-acetyl-glucosaminyltransferase

translocase of outer mitochondrial membrane 20 homolog (yeast)-like

uncharacterized LOC100131283

glycerol kinase 3 pseudogene

peroxisome proliferator-activated receptor gamma

uncharacterized LOC441204

FSHD region gene 1 pseudogene

opioid growth factor receptor-like 1

paraneoplastic antigen MA1

dystrotelin

phosphofructokinase, liver

transformer 2 beta homolog (*Drosophila*)

ORAI calcium release-activated calcium modulator 3

proline-rich transmembrane protein 3

lymphocyte antigen 86

chromosome 6 open reading frame 226

hepatocyte growth factor (hepapoietin A; scatter factor)

crystallin, zeta (quinone reductase)

transmembrane protein 237

non-SMC condensin II complex, subunit G2

biogenesis of lysosomal organelles complex-1, subunit 1

PRKR interacting protein 1 (IL11 inducible)

mitochondrial ribosomal protein L11

MORN repeat containing 4

poly(A) binding protein interacting protein 2

StAR-related lipid transfer (START) domain containing 8
docking protein 6
nucleophosmin/nucleoplasmin 2
solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 7 pseudogene 1
phosphatidylinositol 4-kinase, catalytic, alpha pseudogene 2
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier, brain), member 14
chromosome 1 open reading frame 112
chloride channel 5
mannosidase, alpha, class 2B, member 2
RAP1 GTPase activating protein 2
chromosome 18 open reading frame 8
blocked early in transport 1 homolog (*S. cerevisiae*)-like
G protein-coupled receptor 97
phosphatidylinositol transfer protein, membrane-associated 2
fibronectin type III domain containing 4
mitochondrial ribosomal protein S24
syntaxin 11
Tax1 (human T-cell leukemia virus type I) binding protein 3
family with sequence similarity 86, member A
homeobox containing 1
cathepsin W

ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 14
glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, subunit C homolog (bacterial)
phospholipase A2, group VI (cytosolic, calcium-independent)
centromere protein N
family with sequence similarity 117, member B
chromosome 6 open reading frame 48
major histocompatibility complex, class II, DP beta 1
solute carrier family 35, member E2

sodium channel, voltage-gated, type II, alpha subunit
glycophorin A (MNS blood group)

uncharacterized LOC284454

uncharacterized LOC100507278
paired immunoglobulin-like type 2 receptor alpha
gasdermin A

zinc finger protein 2
interferon, alpha-inducible protein 27-like 1

Ras protein-specific guanine nucleotide-releasing factor 2
abl-interactor 2
ubiquitin interaction motif containing 1
WD repeat domain 33
E1A binding protein p400
family with sequence similarity 185, member A
microtubule-associated protein 7
zinc finger protein 625
Janus kinase and microtubule interacting protein 3
transformer 2 beta homolog (Drosophila)
lymphoblastic leukemia derived sequence 1
zinc finger and BTB domain containing 26

troponin T type 1 (skeletal, slow)
RNA binding motif protein 14

WSC domain containing 2
small nucleolar RNA, C/D box 3B-1

keratin associated protein 4-11
mitochondrial carrier triple repeat 1
monoamine oxidase B
arrestin domain containing 3

LYR motif containing 4
zinc finger protein 91 pseudogene
iduronate 2-sulfatase
histone deacetylase 2
collagen, type XV, alpha 1
zinc finger, MYM-type 1
uncharacterized LOC100506691
THO complex 3
RAB GTPase activating protein 1-like
chromosome 12 open reading frame 24
neurobeachin-like 1
MAX dimerization protein 3
chromosome 14 open reading frame 33
hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 3
proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 5

dishevelled, dsh homolog 1 (Drosophila)
MAP-kinase activating death domain
zinc finger, MYND-type containing 11
potassium channel tetramerisation domain containing 20

platelet-activating factor acetylhydrolase 2, 40kDa
uncharacterized LOC100507675
urocortin 2
long intergenic non-protein coding RNA 200
CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 1
chromosome 1 open reading frame 229
mutS homolog 6 (E. coli)

zinc finger, GATA-like protein 1
zinc finger, AN1-type domain 2A
structural maintenance of chromosomes 4
low density lipoprotein receptor-related protein 1

GINS complex subunit 3 (Psf3 homolog)
cell division cycle 25 homolog A (S. pombe)
nuclear receptor subfamily 4, group A, member 3
death-associated protein kinase 2
phosphodiesterase 1C, calmodulin-dependent 70kDa
crystallin, gamma D

histone cluster 1, H1a
family with sequence similarity 129, member B
POU class 2 homeobox 1
KIAA1826
angiomin like 1
jumonji domain containing 1C
starch binding domain 1
interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
chromosome 9 open reading frame 40
immunoglobulin-like and fibronectin type III domain containing 1
iron-sulfur cluster assembly 1 homolog (S. cerevisiae)
microphthalmia-associated transcription factor
toll-like receptor adaptor molecule 1

neuralized homolog 2 (Drosophila)
coiled-coil domain containing 68
cytokine-like 1
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 5

fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)
chromosome 5 open reading frame 39
yippee-like 1 (Drosophila)
chromosome 9 open reading frame 103

chromodomain helicase DNA binding protein 7
family with sequence similarity 161, member A

SRY (sex determining region Y)-box 13
regulator of G-protein signaling 5
calpain 13
uncharacterized locus MGC21881

asparagine-linked glycosylation 8, alpha-1,3-glucosyltransferase homolog (*S. cerevisiae*)
poly(A) binding protein, cytoplasmic 3
microtubule-associated protein, RP/EB family, member 3

uncharacterized LOC100130197
uncharacterized LOC100506190
ras homolog gene family, member H

sterol carrier protein 2
signal peptide peptidase-like 3
protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor alpha
RAS-like, family 11, member A
sex comb on midleg homolog 1 (*Drosophila*)
apolipoprotein L, 6
matrix metalloproteinase 19
pyruvate kinase, liver and RBC
four jointed box 1 (*Drosophila*)
2,4-dienoyl CoA reductase 2, peroxisomal

general transcription factor Ili pseudogene
Pentatricopeptide repeat domain 3

tetraspanin 10

tropomyosin 1 (alpha)
retinoic acid induced 2
zinc finger protein 169
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8-like 3
ribosomal protein S6 kinase-like 1
SH3 and cysteine rich domain
actin binding LIM protein 1
sPLA/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 2
ankyrin repeat domain 20 family, member A2
TBC1 domain family, member 3B
5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase
jerky homolog (mouse)

chromosome 5 open reading frame 30
fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 1
uncharacterized LOC388796
chromosome 11 open reading frame 84
toll-like receptor 10
dyskeratosis congenita 1, dyskerin
synaptopodin 2-like
uncharacterized protein LOC100507236
transmembrane BAX inhibitor motif containing 6
uncharacterized LOC401357
cannabinoid receptor interacting protein 1
UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase 1-like 1
0
SAP30 binding protein
glycoprotein A33 (transmembrane)
general transcription factor Ili pseudogene
protein kinase N2
ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 2
olfactory receptor, family 2, subfamily B, member 11
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8
MIR22 host gene (non-protein coding)
plexin A1
uncharacterized LOC100507508

Rho GTPase activating protein 23
inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase beta
thrombomodulin
ribonucleoprotein, PTB-binding 1
LSM14B, SCD6 homolog B (*S. cerevisiae*)
heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 3B1

uncharacterized LOC284561
calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 2, beta
junctophilin 1
alpha-1-B glycoprotein
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 13
inner centromere protein antigens 135/155kDa
uncharacterized LOC645195

macrophage expressed 1
dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 1 (*Xenopus laevis*)
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6, 17kDa
chromosome 1 open reading frame 74
ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 (rho family, small GTP binding protein Rac2)

5'-nucleotidase domain containing 2
zinc finger protein 718

catenin (cadherin-associated protein), alpha-like 1

TRK-fused gene
major histocompatibility complex, class I, A
uncharacterized LOC100507002

interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1
serrate RNA effector molecule homolog (Arabidopsis)
apolipoprotein L, 1
integral membrane protein 2A
histone cluster 2, H2be
leucine rich repeat containing 37B pseudogene 1

MOP-1

MFNG O-fucosylpeptide 3-beta-N-acetylglucosaminyltransferase
uncharacterized LOC728431

golgin subfamily A member 8-like
small nucleolar RNA, C/D box 53
coiled-coil domain containing 23
defensin, beta 121

PTPRF interacting protein, binding protein 2 (liprin beta 2)

zinc finger protein 461
mannose-P-dolichol utilization defect 1
suppressor of G2 allele of SKP1 (*S. cerevisiae*) pseudogene 3
uncharacterized LOC100293962
insulin-like growth factor binding protein 2, 36kDa
G protein-coupled estrogen receptor 1
adaptor-related protein complex 4, mu 1 subunit
lin-28 homolog B (*C. elegans*)
uncharacterized LOC100506190
WD repeat domain 11
ubiquitin-conjugating enzyme E2E 3
chromosome 21 open reading frame 88
v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog A (avian)
interferon, alpha-inducible protein 27
DNM1 pseudogene 46
RAD51 homolog D (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 486
H1 histone family, member 0
chromosome 1 open reading frame 35
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3

protein arginine methyltransferase 2
xyloside xylosyltransferase 1
ankyrin repeat and SOCS box containing 1
family with sequence similarity 98, member B
chromosome 14 open reading frame 91
prenylcysteine oxidase 1 like
mesoderm posterior 1 homolog (mouse)
required for meiotic nuclear division 5 homolog A (*S. cerevisiae*)
solute carrier family 35, member D2
SEC16 homolog A (*S. cerevisiae*)
phosphohistidine phosphatase 1

nuclear mitotic apparatus protein 1
DDB1 and CUL4 associated factor 6
purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 7
polo-like kinase 1
5-aminoimidazole-4-carboxamide ribonucleotide formyltransferase/IMP cyclohydrolase
uncharacterized LOC731275
CTP synthase
chromosome 1 open reading frame 96
carbonic anhydrase VA, mitochondrial

family with sequence similarity 86, member A pseudogene
interleukin 4 induced 1

uncharacterized LOC92249
receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 1

methyl-CpG binding domain protein 2

mitochondrial ribosomal protein S9
uncharacterized LOC389634
coiled-coil domain containing 137
protein tyrosine phosphatase type IVA, member 3
shroom family member 1
HAUS augmin-like complex, subunit 5
R-spondin 3
high mobility group nucleosome binding domain 1

SERTA domain containing 1
E74-like factor 1 (ets domain transcription factor)
profilin 1 pseudogene 2
CD63 molecule
integrin, alpha 2b (platelet glycoprotein IIb of IIb/IIIa complex, antigen CD41)
GATA binding protein 1 (globin transcription factor 1)
AT rich interactive domain 1A (SWI-like)
uncharacterized LOC100505634
Sec23 homolog B (*S. cerevisiae*)
egl nine homolog 1 (*C. elegans*)
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 8
gem (nuclear organelle) associated protein 2
hect (homologous to the E6-AP (UBE3A) carboxyl terminus) domain and RCC1 (CHC1)-like domain (F
uncharacterized LOC728190

transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 4
uncharacterized LOC100506528
PIH1 domain containing 1
myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate
MHC class I polypeptide-related sequence B

G elongation factor, mitochondrial 2
myelin protein zero-like 1
uncharacterized LOC100505633

coiled-coil domain containing 34
chondroitin polymerizing factor
zinc finger protein 655 pseudogene
BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 1
pentatricopeptide repeat domain 1
chromosome 12 open reading frame 47
SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 3
kynurenine 3-monooxygenase (kynurenine 3-hydroxylase)
uncharacterized LOC157273
uncharacterized LOC151300
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 4
interleukin 1 receptor accessory protein
ANKRD62P1-PARP4P3 readthrough (non-protein coding)
uncharacterized LOC100294145
uncharacterized LOC100505613
leucyl-tRNA synthetase
plexin A3
leucine rich repeat containing 25
clock homolog (mouse)

anaphase promoting complex subunit 1

NIN1/RPN12 binding protein 1 homolog (*S. cerevisiae*)

autism susceptibility candidate 2

sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2

proliferating cell nuclear antigen

TTK protein kinase

uncharacterized LOC399886

transmembrane emp24 protein transport domain containing 5

tumor necrosis factor receptor superfamily, member 10b

copine II

brain expressed X-linked 2

oxysterol binding protein-like 5

protein phosphatase 6, regulatory subunit 1

calpastatin

Rho GTPase activating protein 32

Werner syndrome, RecQ helicase-like

RAN binding protein 9

family with sequence similarity 21, member C

potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 6

ribosomal protein L37

acyl-CoA oxidase-like

cysteine and histidine-rich domain (CHORD) containing 1

DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 28

VAMP (vesicle-associated membrane protein)-associated protein B and C

polyamine oxidase (exo-N4-amino)

Ts translation elongation factor, mitochondrial

MACRO domain containing 1

zinc finger protein 598

CDC14 cell division cycle 14 homolog C (*S. cerevisiae*)

PTK2 protein tyrosine kinase 2

SHC (Src homology 2 domain containing) transforming protein 1

Kv channel interacting protein 2

nuclear receptor 2C2-associated protein

MYC induced nuclear antigen

fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)

zinc finger protein 761

protein tyrosine phosphatase, receptor type, O

prominin 2

heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 3A1

60S ribosomal protein L12-like
tau tubulin kinase 2

myotubularin related protein 10
proline-rich nuclear receptor coactivator 1
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (without TM domain), member 3
golgin subfamily A member 8-like

FK506 binding protein 11, 19 kDa
phosphatidylethanolamine-binding protein 4
uncharacterized LOC100130430
mitochondrial intermediate peptidase pseudogene 3
class II, major histocompatibility complex, transactivator

sprouty homolog 2 (Drosophila)
leucine-rich repeats and death domain containing 1
transporter 2, ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP)

suppressor of variegation 4-20 homolog 1 (Drosophila)
apolipoprotein L, 2
excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 4
RAB2B, member RAS oncogene family
zinc finger protein 584
amidohydrolase domain containing 2
cullin 9
leucine rich repeat containing 27
phosphodiesterase 6G, cGMP-specific, rod, gamma

zinc finger protein 701
CD177 molecule
uncharacterized LOC644686
GTPase, IMAP family member 1
poliovirus receptor-related 2 (herpesvirus entry mediator B)
ribosomal protein L21
uncharacterized protein C8orf9

CBP80/20-dependent translation initiation factor

coiled-coil domain containing 58

urothelial cancer associated 1 (non-protein coding)

coiled-coil domain containing 99
ribosomal protein L39-like
calmodulin binding transcription activator 1
uncharacterized LOC100132167
adenosylmethionine decarboxylase 1
SET nuclear oncogene
chromosome 2 open reading frame 3
fumarate hydratase
ephrin-B2
HEG homolog 1 (zebrafish)
EBNA1 binding protein 2

brain-enriched guanylate kinase-associated homolog (rat)
uncharacterized LOC348751
thrombospondin, type I, domain containing 7A
erythroblast membrane-associated protein (Scianna blood group)
uncharacterized LOC100131581
dehydrodolichyl diphosphate synthase
HEAT repeat containing 8
THAP domain containing 7

HECT, UBA and WWE domain containing 1
adenylosuccinate lyase
uncharacterized LOC100507645

chromosome 1 open reading frame 200
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; ornithine transporter) member 15
zinc finger protein 254
formin-like 3
dual specificity phosphatase 19

cystathionine-beta-synthase
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 6A
calpain 2, (m/II) large subunit
bromodomain and PHD finger containing, 3
SPRY domain containing 7
zinc finger, CCHC domain containing 24
smoothelin
ankyrin repeat domain 33B
glutathione S-transferase alpha 4
chromosome 17 open reading frame 89

synaptotagmin-like 4
uncharacterized LOC100131763
A kinase (PRKA) anchor protein 1
uncharacterized LOC100133311
UPF0638 protein B
NFS1 nitrogen fixation 1 homolog (*S. cerevisiae*)
ubiquitin specific peptidase 12
presequence translocase-associated motor 16 homolog (*S. cerevisiae*)
divergent-paired related homeobox pseudogene 4
chromosome 12 open reading frame 76
tetratricopeptide repeat domain 18

phospholipase A2-activating protein
tetratricopeptide repeat domain 39C
piwi-like 4 (*Drosophila*)

phosphoribosyl transferase domain containing 1
TBC1 domain family, member 16

matrix metalloproteinase 23B
Fanconi anemia, complementation group M
uncharacterized LOC100506643
dihydropyrimidinase
anaphase promoting complex subunit 7
phosphoinositide kinase, FYVE finger containing
chromosome 16 open reading frame 58
chromosome 17 open reading frame 110
uncharacterized LOC441172

uncharacterized LOC647979

HLA complex P5 (non-protein coding)
chaperonin containing TCP1, subunit 8 (theta)
cholinergic receptor, nicotinic, alpha 5
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, *Drosophila*); translocated to, 3
uncharacterized LOC257396
feline leukemia virus subgroup C cellular receptor 1
schlafen family member 11
uncharacterized LOC100506190
zinc finger protein 778

adrenocortical dysplasia homolog (mouse)
leucine rich repeat containing 7

thyroid hormone receptor interactor 13

glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier)

family with sequence similarity 24, member B

CDK5 regulatory subunit associated protein 1

chromosome X open reading frame 21

major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1

HLA complex group 18 (non-protein coding)

phosphoinositide-3-kinase, class 3

PHD finger protein 20-like 1

transmembrane protein 164

glycerol-3-phosphate dehydrogenase 2 (mitochondrial)

glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier) pseudogene

eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 3 gamma, 58kDa

small nucleolar RNA, H/ACA box 71B

nephrosis 2, idiopathic, steroid-resistant (podocin)

fibrillarin

immunoglobulin lambda-like polypeptide 1

endothelin converting enzyme 2

serine hydroxymethyltransferase 1 (soluble)

ring finger protein 213

KIAA1598

coiled-coil domain containing 103

tetratricopeptide repeat domain 39A

guanylate kinase 1

DNA (cytosine-5-)-methyltransferase 3 beta

olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 91 pseudogene

thyroglobulin

Fc receptor-like B

immunoglobulin lambda-like polypeptide 1

mitochondrial ribosomal protein L52

MMS19 nucleotide excision repair homolog (*S. cerevisiae*)

PMS1 postmeiotic segregation increased 1 (*S. cerevisiae*)

myosin XIX

troponin T type 2 (cardiac)

patched 1

solute carrier family 35, member F2

leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 1

hepatoma-derived growth factor

integrin, beta 2 (complement component 3 receptor 3 and 4 subunit)
JNK1/MAPK8-associated membrane protein
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 8, 19kDa
HLA complex group 26 (non-protein coding)

makorin ring finger protein 7, pseudogene
lysine (K)-specific demethylase 5A
WD repeat domain 43

DNM1 pseudogene 46
Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 5
Rho GTPase activating protein 21
histone cluster 1, H4a
KIAA0355
uncharacterized protein FLJ25694
PHD finger protein 8
v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian)
nucleolar complex associated 3 homolog (*S. cerevisiae*)

general transcription factor IIIC, polypeptide 5, 63kDa

extra spindle pole bodies homolog 1 (*S. cerevisiae*)

dihydrolipoamide branched chain transacylase E2
profilin 1
Williams-Beuren syndrome chromosome region 16
meteorin, glial cell differentiation regulator
uncharacterized LOC387723
S100 calcium binding protein B
chromosome 20 open reading frame 103
UPF2 regulator of nonsense transcripts homolog (yeast)
zinc finger protein 37A
solute carrier family 22, member 15
retinoid X receptor, beta
Ellis van Creveld syndrome
small nucleolar RNA, C/D box 116-27
uncharacterized LOC728485
small nucleolar RNA host gene 8 (non-protein coding)
SET domain containing 6
chromosome 15 open reading frame 2
tRNA phosphotransferase 1

nuclear receptor subfamily 0, group B, member 1
slingshot homolog 1 (Drosophila)
vacuole membrane protein 1
nitrogen permease regulator-like 3 (*S. cerevisiae*)
neuroblastoma amplified sequence
mitochondrial ribosomal protein L16
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 30
transcobalamin I (vitamin B12 binding protein, R binder family)
lymphotoxin beta (TNF superfamily, member 3)
phytanoyl-CoA 2-hydroxylase
chromosome 17 open reading frame 87
family with sequence similarity 83, member A
peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 2
nitric oxide synthase 1 (neuronal) adaptor protein

RRN3 RNA polymerase I transcription factor homolog (*S. cerevisiae*)
uncharacterized protein FLJ33996

NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 12
ring finger protein 32
serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 2
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 15 (Gq class)
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 1 (biliary glycoprotein)
fibronectin type III and SPRY domain containing 1-like
microtubule-associated protein 2
reticulocalbin 1, EF-hand calcium binding domain
glia maturation factor, beta
consortin, connexin sorting protein

ubiquitin-conjugating enzyme E2T (putative)
Fraser syndrome 1
KIAA1407

nucleolar protein family 6 (RNA-associated)
GTPase activating Rap/RanGAP domain-like 3

furry homolog (Drosophila)
transmembrane protein 91
mitochondrial ribosomal protein L45
BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 3-like
collagen, type XI, alpha 2
RNA terminal phosphate cyclase-like 1
mitogen-activated protein kinase 8 interacting protein 1

RANBP2-like and GRIP domain containing 6
unkempt homolog (Drosophila)-like
nuclear RNA export factor 3
cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1
chromosome 8 open reading frame 50
solute carrier family 24 (sodium/potassium/calcium exchanger), member 4
adducin 2 (beta)
deltex homolog 2 (Drosophila)
thymosin beta 15B
chromosome 4 open reading frame 46
dpy-19-like 2 pseudogene 2 (C. elegans)
La ribonucleoprotein domain family, member 1
misshapen-like kinase 1
WD repeat domain 1

ADP-ribosylation factor 1
kelch-like 18 (Drosophila)
zinc finger protein 202
cytosolic thiouridylase subunit 1 homolog (S. pombe)
glutamyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative)
neuroblastoma breakpoint family, member 14
mitochondrial ribosomal protein L9
ribosomal protein L22-like 1
sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3C
mitochondrial ribosomal protein L12
mitochondrial intermediate peptidase
glycosyltransferase 25 domain containing 2
multiple C2 domains, transmembrane 1
uncharacterized LOC728431
adrenergic, alpha-1A-, receptor
hyaluronoglucosaminidase 2
ARP5 actin-related protein 5 homolog (yeast)
WEE1 homolog (S. pombe)
CD164 sialomucin-like 2
tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1
mitochondrial ribosomal protein S35
uncharacterized LOC283335
beta-2-microglobulin
Fc fragment of IgG, high affinity Ib, receptor (CD64)
leucine zipper-EF-hand containing transmembrane protein 1
highly accelerated region 1A (non-protein coding)

carnitine O-acetyltransferase
loss of heterozygosity, 12, chromosomal region 2
SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2 pseudogene 2
solute carrier family 25, member 36
chromosome 21 open reading frame 59
RAP2C, member of RAS oncogene family
NEDD4 binding protein 2-like 2
small nucleolar RNA, C/D box 116-4
Kv channel interacting protein 4
acyl-CoA dehydrogenase family, member 9
endothelin converting enzyme-like 1, pseudogene 2
LYR motif containing 5
histocompatibility (minor) HA-1
aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydroxylase)
proline rich 7 (synaptic)

telomerase reverse transcriptase

chromosome 11 open reading frame 82
asparagine synthetase (glutamine-hydrolyzing)
programmed cell death 5
glycine-N-acyltransferase-like 1
pro-melanin-concentrating hormone
5',3'-nucleotidase, mitochondrial
uncharacterized LOC642691
FLJ00317 protein
potassium channel, subfamily K, member 17
glutamate receptor, metabotropic 5 pseudogene
SET domain containing 6
protease, serine, 3
IGYY565
fem-1 homolog a (*C. elegans*)

ribosomal protein S3
uncharacterized locus MGC21881
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10-like
OMA1 homolog, zinc metallopeptidase (*S. cerevisiae*)
histone cluster 1, H2am
histone cluster 1, H4f
cell growth regulator with EF-hand domain 1
testis expressed 101
serine/threonine kinase 3
solute carrier organic anion transporter family, member 4C1
solute carrier family 6, member 17

SRSF protein kinase 1
E1A binding protein p300
breakpoint cluster region

phosphorylase, glycogen; brain
mitochondrial ribosomal protein L48
cyclin-dependent kinase 14

muscle-related coiled-coil protein
interferon regulatory factor 9
transmembrane protein 206
PR domain containing 1, with ZNF domain
coenzyme Q2 homolog, prenyltransferase (yeast)

radixin
ADP-ribosylation factor-like 3
mitochondrial ribosomal protein S27
procollagen C-endopeptidase enhancer 2

protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1A

microtubule associated serine/threonine kinase 2
zinc finger, DHHC-type containing 2

phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, phosphoribosylaminoimidazole succinocarboxamide sy
complement component (3b/4b) receptor 1 (Knops blood group)
EF-hand domain family, member B
mitochondrial calcium uniporter

uncharacterized LOC100507539

heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like
uncharacterized LOC401286
non-SMC condensin I complex, subunit D2
methyltransferase like 15
pseudouridylate synthase-like 1
tripartite motif containing 28
ring finger protein 220
ribonuclease H2, subunit A
coenzyme Q3 homolog, methyltransferase (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC255654
CD68 molecule

CD300a molecule
Fc fragment of IgG, high affinity Ib, receptor (CD64)
FK506 binding protein 11, 19 kDa
ets variant 6
uncharacterized LOC283028
calmin (calponin-like, transmembrane)
hect domain and RLD 2
sialic acid binding Ig-like lectin 5
density-regulated protein-like
small ILF3/NF90-associated RNA B1
importin 4
kelch domain containing 8A
uncharacterized protein LOC100506447

solute carrier family 9, subfamily B (cation proton antiporter 2), member 2
N-acetylglucosamine-1-phosphate transferase, alpha and beta subunits
BCL2-like 14 (apoptosis facilitator)
peroxiredoxin 1
solute carrier family 30 (zinc transporter), member 1
multiple coagulation factor deficiency 2
glycophorin B (MNS blood group)
myelin protein zero
down-regulator of transcription 1, TBP-binding (negative cofactor 2)
aquaporin 3 (Gill blood group)
uncharacterized LOC441172
serrate RNA effector molecule homolog (Arabidopsis)

germ cell associated 2 (haspin)
dynein heavy chain domain 1
WD repeat domain 5 pseudogene
eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2
acyl-CoA thioesterase 9
tuftelin 1

chromosome 10 open reading frame 58
nephronophthisis 3 (adolescent)
uncharacterized LOC100506649
catenin (cadherin-associated protein), beta 1, 88kDa

tospeak
histone cluster 2, H4b
Pvt1 oncogene (non-protein coding)
zinc finger and BTB domain containing 46
SET domain and mariner transposase fusion gene

zinc finger and SCAN domain containing 2
archain 1
akirin 2
proline-serine-threonine phosphatase interacting protein 2
myosin IE
discs, large (*Drosophila*) homolog-associated protein 1

uncharacterized LOC100131094
proteasome (prosome, macropain) assembly chaperone 4
ZW10 interactor
zinc finger protein 273

dedicator of cytokinesis 2
cytochrome P450, family 4, subfamily V, polypeptide 2
zinc finger protein 36, C3H type-like 2
TBC1 domain family, member 8 (with GRAM domain)

vasodilator-stimulated phosphoprotein
NHL repeat containing 2
N-deacetylase/N-sulfotransferase (heparan glucosaminyl) 3
G protein-coupled receptor associated sorting protein 2
ATPase, class II, type 9A
calmodulin binding transcription activator 1
protein phosphatase 1, regulatory subunit 16B
small nucleolar RNA, C/D box 114-17
phosphoribosylformylglycinamide synthase
solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 3 regulator 2
translocase of inner mitochondrial membrane 44 homolog (yeast)

uncharacterized LOC641737
nucleoporin 160kDa
protein tyrosine phosphatase domain containing 1
peptidase (mitochondrial processing) alpha
mesoderm induction early response 1, family member 3
RRS1 ribosome biogenesis regulator homolog (*S. cerevisiae*)
chromosome 8 open reading frame 33
family with sequence similarity 91, member A1
uncharacterized LOC401320
fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)
agmatine ureohydrolase (agmatinase)

uncharacterized protein MGC27345
bromodomain containing 9
O-sialoglycoprotein endopeptidase-like 1
family with sequence similarity 174, member B
uncharacterized LOC729558
uncharacterized LOC100507599
cold inducible RNA binding protein
ring finger protein 213

potassium channel tetramerisation domain containing 10

spermatogenesis associated, serine-rich 2-like
dual specificity phosphatase 28
ring finger protein 122
adenosylmethionine decarboxylase 1
chromosome 8 open reading frame 85

uncharacterized LOC100131490

LSM domain containing 1
tospeak
chitinase 1 (chitotriosidase)
cadherin 26

paired box 9
cleavage and polyadenylation specific factor 3, 73kDa
ribonucleotide reductase M1
uncharacterized LOC100129888

uncharacterized LOC100507351
erbb2 interacting protein
RecQ protein-like 5
charged multivesicular body protein 6
uncharacterized LOC399821
family with sequence similarity 108, member B1
processing of precursor 1, ribonuclease P/MRP subunit (*S. cerevisiae*)
chromosome 18 open reading frame 18
nucleotide binding protein-like
ribosomal protein S2 pseudogene 32
origin recognition complex, subunit 2
serine/arginine-rich splicing factor 11
acyl-CoA binding domain containing 7

olfactomedin-like 2A
selenocysteine lyase

family with sequence similarity 207, member A

methyltransferase like 9
tetratricopeptide repeat domain 9C
phosphoglycerate dehydrogenase

nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 4
D4, zinc and double PHD fingers, family 3

family with sequence similarity 120C
solute carrier family 16, member 9 (monocarboxylic acid transporter 9)
BTG family, member 2
ubiquitin specific peptidase 27, X-linked

solute carrier family 35, member E1
acetyl-CoA acetyltransferase 1
family with sequence similarity 86, member B2
cAMP responsive element binding protein 3-like 4
uncharacterized LOC400512
myosin phosphatase Rho interacting protein
uncharacterized LOC100287803

family with sequence similarity 65, member A

chibby homolog 1 (Drosophila)
phospholipase A2, group XV

transmembrane and coiled-coil domains 6
dual oxidase 2

TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 3

archaelysin family metallopeptidase 2
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6, 17kDa

eukaryotic translation initiation factor 2D
fibroblast growth factor 7 pseudogene

tet methylcytosine dioxygenase 1

solute carrier family 26 (sulfate transporter), member 1
ClpB caseinolytic peptidase B homolog (E. coli)

phosphoinositide-3-kinase, class 2, beta polypeptide
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit F
succinate dehydrogenase complex assembly factor 1
ankyrin repeat domain 20 family, member A2
leukocyte receptor tyrosine kinase

small nucleolar RNA, C/D box 114-3
transmembrane protein 170B
pyrimidinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 6
acidic (leucine-rich) nuclear phosphoprotein 32 family, member B
processing of precursor 7, ribonuclease P/MRP subunit (S. cerevisiae)
zinc finger protein 843
MCF.2 cell line derived transforming sequence-like

bridging integrator 1
uncharacterized LOC100505912
excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 6-like
nuclear receptor interacting protein 1
U2AF homology motif (UHM) kinase 1
host cell factor C2
chromosome 9 open reading frame 100
wingless-type MMTV integration site family, member 3
LATS, large tumor suppressor, homolog 1 (Drosophila)
calmegin

cytochrome c oxidase subunit Va
ribonuclease P/MRP 40kDa subunit
uncharacterized LOC642924
uncharacterized LOC728875
chromosome 17 open reading frame 51
zinc finger protein 280B

pleckstrin homology domain containing, family A member 6
general transcription factor IIH, polypeptide 1, 62kDa
uncharacterized LOC100507948
chromosome 9 open reading frame 47
ATG3 autophagy related 3 homolog (S. cerevisiae)
EH domain binding protein 1
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 3, X-linked
uncharacterized LOC100509105

CXXC finger protein 1
GRAM domain containing 4
ADP-ribosylation factor GTPase activating protein 2
GTPase, IMAP family member 2
gem (nuclear organelle) associated protein 7

neuropilin (NRP) and tolloid (TLL)-like 2

FYVE, RhoGEF and PH domain containing 4

erythrocyte membrane protein band 4.9 (dematin)

uncharacterized LOC100132273
apolipoprotein L, 4
patatin-like phospholipase domain containing 4
HLA complex group 18 (non-protein coding)
zinc finger protein 498

sema domain, transmembrane domain (TM), and cytoplasmic domain, (semaphorin) 6B

hect domain and RLD 2
kelch-like 25 (Drosophila)
centrosomal protein 152kDa
MYLK antisense RNA 1 (non-protein coding)
integrin, alpha 4 (antigen CD49D, alpha 4 subunit of VLA-4 receptor)
homer homolog 2 (Drosophila)
ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 2
5'-3' exoribonuclease 2
tumor protein D52-like 2
zinc finger protein 205
centromere protein F, 350/400kDa (mitosin)
peptidyl-tRNA hydrolase 2
ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 13, pseudogene
nucleoporin 88kDa
poly (ADP-ribose) polymerase family, member 9

dickkopf-like 1
uncharacterized LOC150381
tubulin tyrosine ligase-like family, member 1
zinc finger protein 62 homolog (mouse)
5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase reductase

ubiquitin specific peptidase 9, Y-linked
ubiquitin-like modifier activating enzyme 7
BRICK1, SCAR/WAVE actin-nucleating complex subunit
sorting nexin 13
uncharacterized LOC100240734
coenzyme Q10 homolog A (*S. cerevisiae*)
chromosome 20 open reading frame 196

histone cluster 3, H2bb
transmembrane protein with EGF-like and two follistatin-like domains 2
makorin ring finger protein 1
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13b
ST6 (alpha-N-acetylneuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1,3)-N-acetylgalactosaminide alpha-2,6-sialyltra
UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 5 pseudogene
zinc finger protein 248
coiled-coil domain containing 6
cell division cycle associated 8
zinc finger protein 234
uncharacterized LOC100506720
SEC14-like 2 (*S. cerevisiae*)
Tu translation elongation factor, mitochondrial
aspartate beta-hydroxylase domain containing 1

male-specific lethal 1 homolog (*Drosophila*)
paternally expressed 3
RNA, 5.8S ribosomal 1
ArfGAP with SH3 domain, ankyrin repeat and PH domain 1
cerebellar degeneration-related protein 2-like
mastermind-like 3 (*Drosophila*)
plexin D1
myomesin (M-protein) 2, 165kDa
sortilin-related VPS10 domain containing receptor 2
NFKB activating protein pseudogene 1
solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 4
BMP2 inducible kinase
gem (nuclear organelle) associated protein 4
ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 6
phosphatidylethanolamine binding protein 1
vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2)

magnesium transporter 1
ribosomal protein L10
bystin-like
PC4 and SFRS1 interacting protein 1

N-acetyltransferase 10 (GCN5-related)
chemokine (C-C motif) receptor-like 2
calcium binding protein 39
piezo-type mechanosensitive ion channel component 2
zinc finger protein 362

uncharacterized LOC401320
leucine rich repeat containing 16A
sorting nexin 29
translocase of outer mitochondrial membrane 40 homolog (yeast)
uncharacterized protein FLJ11710

chromosome 2 open reading frame 50
uncharacterized LOC100130856
protein arginine methyltransferase 1
angiominin

cholinergic receptor, muscarinic 3
zinc finger protein 133
myosin IA

spermatogenesis associated, serine-rich 2

NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 12
uridine-cytidine kinase 2
family with sequence similarity 86, member A pseudogene
Abelson helper integration site 1

KIAA1462
potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2

bromodomain and WD repeat domain containing 1
MOB kinase activator 1A
COX11 cytochrome c oxidase assembly homolog (yeast)

annexin A8-like 2
PHD finger protein 20-like 1
uncharacterized LOC100652762
chromosome 21 open reading frame 63
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; ornithine transporter) member 15
pleckstrin homology domain containing, family A (phosphoinositide binding specific) member 1

dual specificity phosphatase 8
small nucleolar RNA, H/ACA box 74A

potassium channel, subfamily K, member 17
mucosa associated lymphoid tissue lymphoma translocation gene 1
meiotic nuclear divisions 1 homolog (*S. cerevisiae*)
fibronectin type III domain containing 1

NOP2/Sun domain family, member 5
microtubule-associated protein tau
mitogen-activated protein kinase kinase kinase kinase 3
leukemia inhibitory factor (cholinergic differentiation factor)

WD repeat domain 36
DDB1 and CUL4 associated factor 13
zinc finger protein 100-like
methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like
death inducer-obliterator 1
suppressor of Ty 16 homolog (*S. cerevisiae*)
calbindin 2
mastermind-like 2 (*Drosophila*)

uncharacterized LOC80054
zinc finger protein 709
hect domain and RLD 2
TRAF family member-associated NFKB activator

schlafen family member 13
cathepsin L1 pseudogene 2

cAMP responsive element binding protein 3-like 1
KIAA0125
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha activating activity polypeptide O
phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase

DNM1 pseudogene 46
B9 protein domain 1
proprotein convertase subtilisin/kexin type 7

ring finger protein 19B
small nucleolar RNA, H/ACA box 4

mitogen-activated protein kinase 13
uncharacterized LOC731275

small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E
adenosylhomocysteinase
2'-5'-oligoadenylate synthetase-like

glycine-N-acyltransferase-like 1
chymase 1, mast cell
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide G (32kD)
killin, p53-regulated DNA replication inhibitor
chromosome 6 open reading frame 47
tousled-like kinase 2
tRNA splicing endonuclease 2 homolog (*S. cerevisiae*)

chromosome 1 open reading frame 182

uncharacterized LOC257396
centromere protein E, 312kDa
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class U
PRP31 pre-mRNA processing factor 31 homolog (*S. cerevisiae*)

H2A histone family, member J
mitochondrial amidoxime reducing component 1
syndecan binding protein (syntenin)
uncharacterized LOC440896
protein tyrosine phosphatase, receptor type, A
dynactin 4 (p62)
hydroxypyruvate isomerase (putative)
leucine rich repeat containing 23
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 2
ISG15 ubiquitin-like modifier
CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 3
chromosome 6 open reading frame 25
zinc finger protein 395
golgin A3
GATA binding protein 2
alpha thalassemia/mental retardation syndrome X-linked
BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 3-like

DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 10
solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 8
MAX gene associated
osteopetrosis associated transmembrane protein 1

uncharacterized protein FLJ35946
uncharacterized LOC151484
ubiquitin specific peptidase 20
potassium channel regulator
solute carrier family 25 (mitochondrial oxodicarboxylate carrier), member 21
cyclin M3
natural cytotoxicity triggering receptor 3
family with sequence similarity 134, member A
LFNG O-fucosylpeptide 3-beta-N-acetylglucosaminyltransferase
uncharacterized LOC115110
KN motif and ankyrin repeat domains 2
GNAS complex locus

zinc finger protein 542
ribosomal protein L39
uncharacterized LOC151174
secretory carrier membrane protein 2
tripartite motif containing 5
nuclear receptor subfamily 6, group A, member 1
phosphoserine phosphatase pseudogene 1
kinesin family member 20A
WW domain containing E3 ubiquitin protein ligase 1
poly (ADP-ribose) polymerase family, member 8
tropomyosin 1 (alpha)
hematological and neurological expressed 1-like

chromosome 19 open reading frame 81
aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydrox
FAM18B2-CDRT4 readthrough

chromosome 5 open reading frame 55
methylthioadenosine phosphorylase
SRR1 domain containing
septin 9
programmed cell death 11
nuclear undecaprenyl pyrophosphate synthase 1 homolog (*S. cerevisiae*)
tryptophanyl-tRNA synthetase

guanine nucleotide binding protein (G protein) alpha 12
chromosome 17 open reading frame 51
chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 1
uncharacterized LOC731223

ABI family, member 3

ubiquitin specific peptidase 13 (isopeptidase T-3)
primase, DNA, polypeptide 1 (49kDa)
exosome component 5
IQ motif and Sec7 domain 3
S100 calcium binding protein B

zinc finger protein 585A
UTP6, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast)
protein O-fucosyltransferase 2
stathmin-like 3
uncharacterized LOC100506190
astrotactin 2
kinesin heavy chain member 2A
neurotensin receptor 1 (high affinity)
uncharacterized LOC440337
tumor protein, translationally-controlled 1 pseudogene

SH3 domain containing, Ysc84-like 1 (*S. cerevisiae*)

mastermind-like 3 (*Drosophila*)

asparagine-linked glycosylation 9, alpha-1,2-mannosyltransferase homolog (*S. cerevisiae*)

phosphatidylinositol 4-kinase type 2 beta
coiled-coil domain containing 126
zinc finger, ZZ-type with EF-hand domain 1
neuralized homolog (*Drosophila*)
GTPase, IMAP family member 6
UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 11 (GalNAc-T1)
uncharacterized LOC100294145
zinc finger protein 749
prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 1
CD276 molecule

actin, beta
zinc finger protein 226
RNA binding motif protein, X-linked
guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3
chromosome 1 open reading frame 43
ATPase, class I, type 8B, member 2
tubulin, gamma 2
myelin protein zero-like 1

L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase
zinc finger, AN1-type domain 2B

chromosome 22 open reading frame 32
nucleoporin 210kDa
LYR motif containing 4
SH3-domain GRB2-like 1

non-SMC element 1 homolog (*S. cerevisiae*)
cholinergic receptor, nicotinic, alpha 6
uncharacterized LOC643977

DENN/MADD domain containing 1B
uncharacterized LOC100129089

DDB1 and CUL4 associated factor 4
protein tyrosine phosphatase, receptor type, C-associated protein
potassium channel, subfamily T, member 1

chromosome 8 open reading frame 37
PDZ and LIM domain 2 (mystique)
growth arrest and DNA-damage-inducible, alpha
eukaryotic translation initiation factor 4A1
NOP2/Sun domain family, member 4
coiled-coil domain containing 101 pseudogene
DENN/MADD domain containing 1A
uncharacterized LOC729013
strawberry notch homolog 1 (*Drosophila*)
RNA binding protein S1, serine-rich domain
ribosomal protein L10a
N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase-like 2

uncharacterized LOC100131564
general transcription factor Ili
eukaryotic translation initiation factor 2C, 1

phosphatidylinositol transfer protein, cytoplasmic 1
G1 to S phase transition 1
insulin-like growth factor 2 receptor
AHNAK nucleoprotein
mitochondrial ribosomal protein L50
myosin, heavy chain 9, non-muscle

SYF2 homolog, RNA splicing factor (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC100506235
myotubularin related protein 10
deleted in primary ciliary dyskinesia homolog (mouse)

RNA binding motif, single stranded interacting protein 1
small nucleolar RNA, C/D box 45C
chromosome 1 open reading frame 61
vanin 2
ANP32A intronic transcript 1 (non-protein coding)
tetraspanin 6
lipin 1
sestrin 1
cache domain containing 1
heat shock 70kDa protein 8

C3 and PZP-like, alpha-2-macroglobulin domain containing 8

vacuolar protein sorting 35 homolog (*S. cerevisiae*)
taspase, threonine aspartase, 1
uncharacterized LOC401320
uncharacterized LOC285300
G protein-coupled receptor 133
RAB1A, member RAS oncogene family
ilvB (bacterial acetolactate synthase)-like

uncharacterized LOC100506965
T-cell activation RhoGTPase activating protein

retinitis pigmentosa GTPase regulator
coiled-coil domain containing 138

zinc finger protein 259 pseudogene 1
NSA2 ribosome biogenesis homolog (*S. cerevisiae*)
inducible T-cell co-stimulator ligand
prohibitin
GTP binding protein 4
uncharacterized LOC100130930
gametocyte specific factor 1
sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic do
ribosomal protein L37

cell division cycle 25 homolog C (*S. pombe*)
lysyl-tRNA synthetase
spermidine synthase
potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 5

cysteine and histidine-rich domain (CHORD) containing 1
Meis homeobox 1
PTK2B protein tyrosine kinase 2 beta

zinc finger, CCHC domain containing 17
F-box protein 48

glycogenin 2
v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog B (avian)
small nucleolar RNA, C/D box 114-11
gamma-glutamyltransferase 3 pseudogene

solute carrier family 38, member 2
cyclin-dependent kinase inhibitor 2A (melanoma, p16, inhibits CDK4)
coiled-coil domain containing 34

serologically defined colon cancer antigen 8
zinc finger protein 587
solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 4

importin 11
galactose-1-phosphate uridylyltransferase
solute carrier family 39 (zinc transporter), member 14
frataxin
small nucleolar RNA, C/D box 4A
formiminotransferase cyclodeaminase
aquarius homolog (mouse)
v-ral simian leukemia viral oncogene homolog B (ras related; GTP binding protein)

NFAT activating protein with ITAM motif 1
protein inhibitor of activated STAT, 4
uncharacterized LOC100506660
guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 13
MARVEL domain containing 2
protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1J
transmembrane protein 218

DNA (cytosine-5-)-methyltransferase 3 alpha
exosome component 2
SH3-domain GRB2-like 3
chromosome 17 open reading frame 51

cation channel, sperm associated 3
nuclear factor I/B
nucleosome assembly protein 1-like 4
LIM homeobox transcription factor 1, beta
nuclear receptor subfamily 1, group H, member 2

calcium binding protein P22 pseudogene
uncharacterized LOC731275
chromosome 1 open reading frame 123
kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 4
ATPase, Cu⁺⁺ transporting, beta polypeptide
serrate RNA effector molecule homolog (Arabidopsis)
cyclin G1
CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 4
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier: glutamate), member 22
uncharacterized LOC100190939
RCC1 domain containing 1
protein interacting with cyclin A1
zinc finger protein 114
solute carrier family 39 (zinc transporter), member 14
small nucleolar RNA, H/ACA box 75
crystallin, beta B2 pseudogene 1
SURP and G patch domain containing 1
zinc finger protein 713

TBP-like 1
sperm antigen with calponin homology and coiled-coil domains 1
FLJ45950 protein
rhomboid 5 homolog 2 (Drosophila)
small proline-rich protein 1A
adenylate kinase 1
pancreatic progenitor cell differentiation and proliferation factor homolog (zebrafish)
solute carrier family 39 (zinc transporter), member 8
peroxisomal proliferator-activated receptor A interacting complex 285
carbohydrate (N-acetylglucosamine-6-O) sulfotransferase 2
RAB GTPase activating protein 1
uncharacterized LOC100131564
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 2

coiled-coil domain containing 22

RING1 and YY1 binding protein

neurofilament, heavy polypeptide

tetratricopeptide repeat domain 31

solute carrier family 41, member 1

thioredoxin-related transmembrane protein 2

carboxypeptidase D

myosin, light chain 12B, regulatory

cathepsin K

transmembrane 7 superfamily member 3

uncharacterized LOC100130899

uncharacterized LOC650669

uncharacterized LOC100128714

family with sequence similarity 26, member D

ADAM metallopeptidase domain 12

structural maintenance of chromosomes flexible hinge domain containing 1

alkylglycerone phosphate synthase

smoothelin-like 1

synaptotagmin binding, cytoplasmic RNA interacting protein

coiled-coil domain containing 69

enoyl CoA hydratase domain containing 2

POZ (BTB) and AT hook containing zinc finger 1

HECT domain containing 2

HD domain containing 2

solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 6

protein kinase C, zeta

myelin basic protein

mediator complex subunit 18

REST corepressor 2

lipoprotein, Lp(a)-like 2, pseudogene

family with sequence similarity 133, member A

MAGI2 antisense RNA 3 (non-protein coding)

neighbor of BRCA1 gene 1

KIAA1109

4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase-like

paraneoplastic antigen like 6C

myocyte enhancer factor 2C

MCF.2 cell line derived transforming sequence-like

KH domain containing, RNA binding, signal transduction associated 3

leucine rich repeat containing 8 family, member C

eukaryotic translation initiation factor 4E

long intergenic non-protein coding RNA 176

somatostatin receptor 2

runt-related transcription factor 1

dynein, axonemal, intermediate chain 2

exonuclease 1

uncharacterized LOC286071

cysteine-rich secretory protein LCCL domain containing 1

coagulation factor III (thromboplastin, tissue factor)

SH3 domain binding glutamic acid-rich protein

septin 8

tetratricopeptide repeat domain 21A

SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member :

RasGEF domain family, member 1A

polymerase (RNA) I polypeptide E, 53kDa

ankyrin repeat domain 39

solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; dicarboxylate transporter), member 10

mannosidase, alpha, class 1B, member 1

CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), zeta

ring finger protein 18-like

uncharacterized LOC100505937

succinate dehydrogenase complex, subunit D, integral membrane protein

inhibitor of DNA binding 3, dominant negative helix-loop-helix protein

transcriptional regulating factor 1

phosphoribosyl pyrophosphate synthetase-associated protein 2

solute carrier family 47, member 1

ATP/GTP binding protein-like 2

MCF.2 cell line derived transforming sequence-like

uncharacterized LOC646626

chromosome 4 open reading frame 38
hyaluronoglucosaminidase 4
zinc finger protein 462
cytidine monophospho-N-acetylneuraminic acid hydroxylase, pseudogene
MOB kinase activator 1A
histone cluster 2, H3d
CAP-GLY domain containing linker protein 2

R3H domain containing 1
chromosome 9 open reading frame 91
zinc finger protein 37B, pseudogene

uncharacterized protein LOC100507445
PIH1 domain containing 2
shisa homolog 5 (*Xenopus laevis*)
sorbitol dehydrogenase
uncharacterized LOC100131860
zinc finger protein 594
POTE ankyrin domain family, member F
patched 1

thyroid hormone receptor interactor 10
disrupted in renal carcinoma 2
FERM domain containing 6
mitochondrial trans-2-enoyl-CoA reductase
cyclin A2

family with sequence similarity 135, member A
thioredoxin domain containing 8 (spermatzoa)
EF-hand calcium binding domain 3
Fanconi anemia, complementation group F
PDZ and LIM domain 5
maternally expressed 3 (non-protein coding)
CD300c molecule
interferon (alpha, beta and omega) receptor 2
serine/threonine kinase 40
transmembrane protein 67
transmembrane protein 85
coiled-coil domain containing 85B
ArfGAP with FG repeats 1
coatomer protein complex, subunit zeta 2
transformer 2 beta homolog (*Drosophila*)
apolipoprotein L domain containing 1

chromosome 21 open reading frame 91
phospholipase C, beta 4
opiate receptor-like 1
uncharacterized LOC100128348

chemokine (C motif) receptor 1

family with sequence similarity 160, member B1
integrin, alpha D
TIMELESS interacting protein
drebrin-like

uncharacterized LOC378805
phosphatidylinositol transfer protein, membrane-associated 1
asparaginyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative)
non-specific cytotoxic cell receptor protein 1 homolog (zebrafish)

limb region 1 homolog (mouse)
ankyrin repeat domain 20 family, member A9, pseudogene
multiple endocrine neoplasia I
zinc finger protein 420

cysteinyl leukotriene receptor 2
lymphocyte antigen 6 complex, locus E
uncharacterized LOC100192386
somatostatin receptor 2
SH3 domain and tetratricopeptide repeats 2

lectin, galactoside-binding, soluble, 9
exonuclease 3'-5' domain containing 3
RNA methyltransferase like 1
hect domain and RLD 2
deoxyhypusine hydroxylase/monooxygenase
UPF2 regulator of nonsense transcripts homolog (yeast)
nth endonuclease III-like 1 (E. coli)
proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 14
ribosomal protein S6
desmocollin 2
zinc finger protein 777
keratin 79
pleckstrin and Sec7 domain containing

transmembrane protein 87B
chromosome 11 open reading frame 49
uncharacterized LOC399972
phosphatase and actin regulator 3
cyclin-dependent kinase 1
sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic do
keratin 7
solute carrier family 31 (copper transporters), member 1

SET pseudogene 20
uncharacterized LOC93429

dynamamin 1-like
cytosolic thiouridylase subunit 2 homolog (*S. pombe*)
ADP-ribosylation factor-like 2 binding protein
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class H

RuvB-like 2 (*E. coli*)
synaptic vesicle glycoprotein 2A
ribosomal protein L35
caspase 8, apoptosis-related cysteine peptidase
chromosome 15 open reading frame 23
uncharacterized LOC100131289
uncharacterized LOC400099
MORC family CW-type zinc finger 1
late cornified envelope 3E
tektin 5
v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 3 (protein kinase B, gamma)
polymerase (DNA directed), mu
junctophilin 3
translocase of outer mitochondrial membrane 22 homolog (yeast)
DDB1 and CUL4 associated factor 4
family with sequence similarity 108, member A1
mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,6-N-acetyl-glucosaminyltransferase
uncharacterized LOC115110

nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding)
DDHD domain containing 1
zinc finger protein 408

transmembrane emp24 protein transport domain containing 9
tospeak

RAB27B, member RAS oncogene family
DNAJC27 antisense RNA 1 (non-protein coding)
chromosome 9 open reading frame 7
paired-like homeodomain 3
GDP-mannose pyrophosphorylase B
sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic do
caspase recruitment domain family, member 6
popeye domain containing 2

zinc finger protein 282
tektin 4

phosphoinositide-3-kinase, catalytic, alpha polypeptide

uncharacterized LOC644714
spermatogenesis associated 6
deleted in liver cancer 1
tripartite motif containing 53, pseudogene
phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 3

muscleblind-like 2 (Drosophila)
chromosome 17 open reading frame 97
LIM domain containing preferred translocation partner in lipoma
RCD1 required for cell differentiation1 homolog (S. pombe)
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 4
phosphoinositide-3-kinase, catalytic, delta polypeptide
uncharacterized LOC100131000

zinc finger protein 818, pseudogene

golgin A7 family, member B
ribosomal protein, large, P0
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit A

family with sequence similarity 82, member A1
leucine rich repeat containing 37, member A3
uncharacterized LOC100506433

uncharacterized LOC100505624
NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 4
uncharacterized LOC284014

centrosomal protein 57kDa
family with sequence similarity 122C
placenta-specific 8

phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class N

tuberous sclerosis 1
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide G (32kD)
zinc finger protein 775
uncharacterized LOC100240735
protein arginine methyltransferase 5
replication factor C (activator 1) 3, 38kDa
acetyl-CoA acetyltransferase 1
activating transcription factor 3
glucosaminyl (N-acetyl) transferase 4, core 2
uncharacterized LOC100652837
CAP-GLY domain containing linker protein 3
proline rich 25
long intergenic non-protein coding RNA 470

dynamain 1-like
XAGE-4 protein
oxysterol binding protein 2
adenylate kinase 4
microtubule-associated protein 4
excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 2
aminolevulinate, delta-, synthase 2
adenosine deaminase, tRNA-specific 1
FXD domain containing ion transport regulator 5
solute carrier family 4, anion exchanger, member 2 (erythrocyte membrane protein band 3-like 1)
uncharacterized LOC400657

isochorismatase domain containing 2

phosphodiesterase 1B, calmodulin-dependent

eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 3
arginine vasopressin-induced 1
NHP2 ribonucleoprotein homolog (yeast)
myotubularin related protein 3
tRNA nucleotidyl transferase, CCA-adding, 1
iron-sulfur cluster assembly 1 homolog (*S. cerevisiae*)
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 7

BRI3 binding protein
cyclin-dependent kinase 20
Rac GTPase activating protein 1

SP140 nuclear body protein
ermin, ERM-like protein
sperm associated antigen 17
G protein-coupled receptor kinase interacting ArfGAP 2

chromosome 14 open reading frame 33
G patch domain containing 3
uncharacterized LOC100506190

trinucleotide repeat containing 18
spectrin, beta, erythrocytic
3-oxoacid CoA transferase 1

microtubule-associated protein 2

angiopoietin 2
peroxiredoxin 2
PHD finger protein 6

regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 1A
uncharacterized LOC389634
protease, serine, 2 (trypsin 2)

syntaxin binding protein 6 (amisyn)
BTB (POZ) domain containing 9
TRIM39-RPP21 readthrough
corepressor interacting with RBPJ, 1
interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor)
keratin associated protein 1-3
protein phosphatase 1, regulatory subunit 13B
UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 8
ajuba LIM protein
serine racemase
TROVE domain family, member 2
histone cluster 2, H2be

sorbitol dehydrogenase
period homolog 2 (Drosophila)
complement component 1, q subcomponent, C chain
metallothionein 1E

ADP-ribosylation-like factor 6 interacting protein 4
makorin ring finger protein 3
cytochrome P450, family 2, subfamily R, polypeptide 1

zinc finger protein 618
v-myc myelocytomatosis viral related oncogene, neuroblastoma derived (avian)
chromosome 1 open reading frame 135
suppressor of variegation 4-20 homolog 1 (Drosophila)
apolipoprotein C-II
phospholipase C-like 1
N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma
golgin A2 pseudogene 5
thromboxane A2 receptor

nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 1
Hermansky-Pudlak syndrome 1
KIAA0226-like
PTC7 protein phosphatase homolog (*S. cerevisiae*)

LSM5 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*)
adenylosuccinate synthase
lymphocyte antigen 6 complex, locus G6E (pseudogene)
zinc finger protein 740
albumin
enoyl CoA hydratase 1, peroxisomal
zinc finger protein 791
uncharacterized LOC641510
polo-like kinase 1
apolipoprotein A-I binding protein
mitochondrial ribosomal protein L40
eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 3
S-phase cyclin A-associated protein in the ER
family with sequence similarity 57, member A
uncharacterized LOC399900
zinc finger protein 222
histone deacetylase 5
small nucleolar RNA, C/D box 114-29

MAP/microtubule affinity-regulating kinase 2
bladder cancer associated protein
basic leucine zipper nuclear factor 1

chitinase 3-like 2
chromosome 20 open reading frame 144

phospholipase C, beta 1 (phosphoinositide-specific)
eukaryotic translation initiation factor 1A, X-linked
tripartite motif containing 27
uncharacterized LOC389634

CUGBP, Elav-like family member 1
shisa homolog 7 (*Xenopus laevis*)
coiled-coil domain containing 152
G protein-coupled receptor 18
glutamate-cysteine ligase, catalytic subunit

nuclear receptor binding protein 2

chromosome 12 open reading frame 32
keratin associated protein 3-3

histocompatibility (minor) 13
chromosome 9 open reading frame 86

phosphate cytidyltransferase 2, ethanolamine
glycerol kinase
uncharacterized LOC100505792
uncharacterized LOC152217
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 5
calsyntenin 3
RAS protein activator like 1 (GAP1 like)
chondroitin sulfate proteoglycan 4 pseudogene
OTU domain containing 4
exocyst complex component 3
TP53 regulated inhibitor of apoptosis 1
caspase recruitment domain family, member 10
serine/threonine-protein phosphatase 5-like

tetratricopeptide repeat domain 12
Fc receptor-like 6
zinc finger protein
nucleolar protein family 6 (RNA-associated)
insulin-like growth factor binding protein 5
AHA1, activator of heat shock 90kDa protein ATPase homolog 2 (yeast)
family with sequence similarity 20, member A
utrophin
ribosomal protein S21

lymphocyte antigen 6 complex, locus G5C

ubiquitin-fold modifier conjugating enzyme 1
bladder cancer associated protein
uncharacterized LOC646329
interleukin 10
catenin (cadherin-associated protein), alpha-like 1
ATPase, Cu⁺⁺ transporting, alpha polypeptide
phosphofurin acidic cluster sorting protein 1
chromosome 7 open reading frame 58
megalencephalic leukoencephalopathy with subcortical cysts 1
cystinosis, lysosomal cystine transporter

KIAA2013

ubiquitin C

ATG13 autophagy related 13 homolog (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 174
pleckstrin homology domain containing, family M (with RUN domain) member 1
protein disulfide isomerase family A, member 5
ADP-ribosylation factor-like 4C
ubiquitin-conjugating enzyme E2N
uncharacterized LOC100131564

chromosome 17 open reading frame 57

chromosome 2 open reading frame 76
chromosome 6 open reading frame 223
family with sequence similarity 3, member A

uncharacterized LOC388152
heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 1

RAB interacting factor
carbonyl reductase 1
arginine vasopressin

anthrax toxin receptor 2
guanosine monophosphate reductase
BTG3 associated nuclear protein
etoposide induced 2.4 mRNA
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 38kDa, V0 subunit d2

zinc finger protein 627
uncharacterized LOC100506090

cadherin, EGF LAG seven-pass G-type receptor 2 (flamingo homolog, *Drosophila*)
ribonucleoprotein, PTB-binding 1
cytochrome P450, family 2, subfamily B, polypeptide 6
transmembrane protein 185B
kinesin family member 25
UTP18, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast)
cyclin-dependent kinase 15
zinc finger family member 767
protein tyrosine phosphatase, receptor type, C

fatty acyl CoA reductase 1
URB2 ribosome biogenesis 2 homolog (*S. cerevisiae*)
LTV1 homolog (*S. cerevisiae*)
enhancer of rudimentary homolog (*Drosophila*)
ceroid-lipofuscinosis, neuronal 6, late infantile, variant
corticotropin releasing hormone binding protein
small nucleolar RNA, C/D box 36A
leucine zipper protein 1

ubiquitin-like modifier activating enzyme 1
erythrocyte membrane protein band 4.1 like 5
tripartite motif containing 66
solute carrier family 43, member 2
EPM2A (laforin) interacting protein 1
neuroblastoma breakpoint family, member 11
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class T

V-set and immunoglobulin domain containing 2
uncharacterized LOC440952
small EDRK-rich factor 1A (telomeric)

olfactory receptor, family 4, subfamily C, member 6
uncharacterized LOC338799
integrin beta 1 binding protein 1
uncharacterized protein DKFZp761E198

golgin A2 pseudogene 5
methyltransferase like 19
integrin, beta 4

folliculin
src kinase associated phosphoprotein 1
prostate tumor overexpressed 1
protein phosphatase 1, regulatory subunit 27
cyclin-dependent kinase 2 interacting protein
chromosome 9 open reading frame 25
SHC SH2-domain binding protein 1
sterile alpha motif domain containing 4B

MAFF interacting protein
ribosomal protein L9
polymerase (RNA) I polypeptide C, 30kDa
peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A-like
ubiquitin specific peptidase 27, X-linked
MOB kinase activator 1B
zinc finger protein 729

surfactant associated 1, pseudogene
long intergenic non-protein coding RNA 487
eukaryotic translation initiation factor 5A2
inositol polyphosphate-4-phosphatase, type I, 107kDa

interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 2
zinc finger protein, multitype 1
defensin, beta 124
cytochrome c, somatic
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 15

poly(rC) binding protein 2
centrosomal protein 250kDa
citrate lyase beta like
pancreatic progenitor cell differentiation and proliferation factor homolog (zebrafish)
aftiphilin
MKI67 (FHA domain) interacting nucleolar phosphoprotein
coiled-coil domain containing 18
carbonic anhydrase XIII
apoptosis enhancing nuclease
transmembrane protein, adipocyte associated 1
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); translocated to, 4
tubby like protein 4
interleukin 10 receptor, alpha
regulator of chromosome condensation 2
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); translocated to, 4

hyaluronan and proteoglycan link protein 2
long intergenic non-protein coding RNA 265
uncharacterized LOC100507501
cysteine/histidine-rich 1

small nuclear ribonucleoprotein D1 polypeptide 16kDa

peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 beta
Na⁺/K⁺ transporting ATPase interacting 2
utrophin

pogo transposable element with KRAB domain
carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 13

collagen, type VI, alpha 4 pseudogene 2

transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 2
B-cell CLL/lymphoma 7A
chromosome 10 open reading frame 35
family with sequence similarity 133, member B
nuclear factor related to kappaB binding protein
zinc finger protein 780B
mitochondrial translational initiation factor 2
breast carcinoma amplified sequence 4
BCS1-like (*S. cerevisiae*)
mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 5
glycerol kinase
ArfGAP with dual PH domains 1
FtsJ homolog 1 (*E. coli*)
chromosome 12 open reading frame 51
hypoxia inducible factor 1, alpha subunit (basic helix-loop-helix transcription factor)
transglutaminase 6
v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 2 (avian)

asparagine-linked glycosylation 14 homolog (*S. cerevisiae*)

tripartite motif containing 68
anaphase promoting complex subunit 16
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 3
annexin A6

keratin associated protein 19-2

cAMP-regulated phosphoprotein, 19kDa
RAB2B, member RAS oncogene family
sperm associated antigen 9
chromosome 17 open reading frame 99

von Willebrand factor A domain containing 5A

2'-5'-oligoadenylate synthetase 2, 69/71kDa
tetratricopeptide repeat domain 39B

THAP domain containing 4
HAUS augmin-like complex, subunit 4
hypermethylated in cancer 2
protein prenyltransferase alpha subunit repeat containing 1
uncharacterized LOC100506451
DNAJC3 antisense RNA 1 (non-protein coding)

adenylate cyclase 4

MHC class I polypeptide-related sequence A
dimethylarginine dimethylaminohydrolase 1

CCR4-NOT transcription complex, subunit 6-like
isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) alpha
NECAP endocytosis associated 1
family with sequence similarity 115, member A

translocase of inner mitochondrial membrane 10 homolog (yeast)

ankyrin repeat domain 20 family, member A5, pseudogene
DENN/MADD domain containing 2C
hyaluronan binding protein 4
destrin (actin depolymerizing factor)
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide B
RAB7B, member RAS oncogene family
uncharacterized LOC100507645
interleukin 18 receptor 1
transmembrane protein 143
tetratricopeptide repeat domain 7A
5'-nucleotidase, ecto (CD73)
phosphatidylglycerophosphate synthase 1

karyopherin alpha 2 (RAG cohort 1, importin alpha 1)
SUMO1/sentrin specific peptidase 1
CD79a molecule, immunoglobulin-associated alpha
tropomyosin 2 (beta)
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A0

protein phosphatase 1, catalytic subunit, gamma isozyme
chromosome 17 open reading frame 108
fucosyltransferase 1 (galactoside 2-alpha-L-fucosyltransferase, H blood group)
chromosome 17 open reading frame 100

AT rich interactive domain 4A (RBP1-like)
uncharacterized LOC728558
K(lysine) acetyltransferase 6A
budding uninhibited by benzimidazoles 1 homolog (yeast)
cleavage stimulation factor, 3' pre-RNA, subunit 3, 77kDa

NEDD4 binding protein 2-like 1
zinc finger, GATA-like protein 1
uncharacterized LOC100506125
uncharacterized LOC100128242

ribosomal protein L3
arylformamidase
uncharacterized LOC728875
uncharacterized LOC100509635
ubiquitin specific peptidase 1
adaptor-related protein complex 2, alpha 2 subunit
protein tyrosine phosphatase-like A domain containing 1

ANKHD1-EIF4EBP3 readthrough
vitamin K epoxide reductase complex, subunit 1
hyaluronoglucosaminidase 3
V-set and immunoglobulin domain containing 10

carboxylesterase 1
zinc finger protein 738
C-type lectin domain family 4, member M
emopamil binding protein-like
coiled-coil domain containing 120
protein phosphatase 2, regulatory subunit B', gamma

methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2-like
coiled-coil domain containing 124
zinc finger protein 385A
PHD finger protein 10
UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 6
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide D, 44kDa
chromosome 15 open reading frame 59
SP140 nuclear body protein-like
mitochondrial ribosomal protein L30
ankyrin repeat domain 36B pseudogene 2
golgin A8 family, member A pseudogene
tetratricopeptide repeat, ankyrin repeat and coiled-coil containing 2

RNA terminal phosphate cyclase-like 1
v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 1
family with sequence similarity 21, member C
claudin 7
pre-B-cell leukemia homeobox 2
zinc finger protein 768

protein phosphatase methylesterase 1
HEAT repeat containing 2

archaelysin family metallopeptidase 2 pseudogene 1
mannosidase, endo-alpha
FTX transcript, XIST regulator (non-protein coding)

WD repeat domain 12
cytochrome c oxidase assembly factor-like
uncharacterized LOC100507280
uncharacterized LOC257152
family with sequence similarity 85, member A
glutamate receptor, ionotropic, N-methyl D-aspartate 2A
CD1a molecule
polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide J4, pseudogene
alpha hemoglobin stabilizing protein
aralkylamine N-acetyltransferase
stromal antigen 2
ADP-dependent glucokinase
ACN9 homolog (S. cerevisiae)
pleiomorphic adenoma gene-like 2
uncharacterized LOC378805

chromosome 6 open reading frame 228
GRIK1 antisense RNA 1 (non-protein coding)

TRIO and F-actin binding protein
autophagy/beclin-1 regulator 1
COPG2 imprinted transcript 1 (non-protein coding)

capping protein (actin filament) muscle Z-line, alpha 2
disabled homolog 1 (Drosophila)
zinc finger protein 36, C3H type-like 1
Sin3A-associated protein, 30kDa
integrin, beta 8
synaptotagmin-like 1

calpain 3, (p94)
interleukin 1 receptor antagonist

uncharacterized LOC285972
nucleosome assembly protein 1-like 5
transmembrane emp24 protein transport domain containing 1
kelch domain containing 7B
basic leucine zipper nuclear factor 1
mitochondrial ribosomal protein S26
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 47
transcobalamin II

cyclin-dependent kinase 1
uncharacterized LOC100132147
fragile X mental retardation 1 neighbor
non-metastatic cells 2, protein (NM23B) expressed in

amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family A, member 2
minichromosome maintenance complex component 5
solute carrier family 1 (glutamate/neutral amino acid transporter), member 4
uncharacterized LOC386597
neural precursor cell expressed, developmentally down-regulated 4-like
unc-119 homolog B (C. elegans)
lamin A/C
nucleosome assembly protein 1-like 2
COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 3 (Arabidopsis)
SPC24, NDC80 kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae)
SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member :
potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2

potassium channel, subfamily K, member 5
protein phosphatase 1, regulatory subunit 26

late cornified envelope 1D
signaling lymphocytic activation molecule family member 1
uncharacterized LOC284365
ribosomal protein S4, X-linked
small nucleolar RNA host gene 6 (non-protein coding)
zinc finger protein 529

family with sequence similarity 71, member D
chromosome 17 open reading frame 69

ankyrin repeat domain 12
mitogen-activated protein kinase kinase 3
RAB39B, member RAS oncogene family
bromodomain containing 9
family with sequence similarity 27, member E3
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 21
NFKB inhibitor interacting Ras-like 2
CRYM antisense RNA 1 (non-protein coding)
alpha tubulin acetyltransferase 1
3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase
thioredoxin domain containing 5 (endoplasmic reticulum)
patatin-like phospholipase domain containing 8
cell death-inducing DFFA-like effector c
serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 9 pseudogene
small nucleolar RNA, H/ACA box 38B (retrotransposed)
oral-facial-digital syndrome 1
rhopilin, Rho GTPase binding protein 2
major histocompatibility complex, class II, DR beta 3
osteoclast associated, immunoglobulin-like receptor
beta-site APP-cleaving enzyme 1
taste receptor, type 2, member 4
potassium channel, subfamily K, member 15

ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 1
RNA binding motif protein 23
protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (liprin), alph

replication protein A2, 32kDa
ubiquitin specific peptidase 45
schlafen family member 5
high mobility group box 3
solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 7
taste receptor, type 2, member 31
uncharacterized LOC100506874
uncharacterized LOC441072

solute carrier family 35 (UDP-N-acetylglucosamine (UDP-GlcNAc) transporter), member A3
long intergenic non-protein coding RNA 106
proteoglycan 2, bone marrow (natural killer cell activator, eosinophil granule major basic protein)
protocadherin 9
toll-like receptor 8

histone cluster 1, H4c
transmembrane protein 135
Morf4 family associated protein 1
neuronal cell adhesion molecule
NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 3, 30kDa (NADH-coenzyme Q reductase)
cytokine receptor-like factor 2
mitochondrial ribosomal protein S31
PCI domain containing 2
nuclear fragile X mental retardation protein interacting protein 1
ring finger and CCCH-type domains 2
pyruvate dehydrogenase (lipoamide) alpha 1
dedicator of cytokinesis 8
oleoyl-ACP hydrolase
glomulin, FKBP associated protein
outer dense fiber of sperm tails 3B
ArfGAP with coiled-coil, ankyrin repeat and PH domains 3
suppressor of var1, 3-like 1 (*S. cerevisiae*)
zinc finger protein 862
serine incorporator 5
uncharacterized LOC100133991
family with sequence similarity 46, member A
chromosome 20 open reading frame 29
oncostatin M
leucine-rich repeat LGI family, member 4
CaM kinase-like vesicle-associated
hemogen

TRAF3IP2 antisense RNA 1 (non-protein coding)
2'-5'-oligoadenylate synthetase 1, 40/46kDa

EH-domain containing 2

von Willebrand factor A domain containing 1
retinoblastoma binding protein 8
Down syndrome critical region gene 3
pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 4
tripartite motif containing 71

chromosome 4 open reading frame 39
kelch domain containing 1
MOB kinase activator 3B
importin 7
zinc finger protein 813
uncharacterized LOC100506930
prostaglandin reductase 1
hect domain and RLD 2
family with sequence similarity 177, member B
protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 11

sorting nexin 3
solute carrier family 35, member G1
chromosome 20 open reading frame 30
uncharacterized DKFZp434F142

DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 9
arginine-glutamic acid dipeptide (RE) repeats pseudogene 3
zygote arrest 1-like
B-cell CLL/lymphoma 9-like
eyes absent homolog 3 (Drosophila)
ankyrin repeat domain 42
zinc finger, CCHC domain containing 11
uncharacterized LOC440288
PR domain containing 12
protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1H
uncharacterized LOC100130231
holocarboxylase synthetase (biotin-(propionyl-CoA-carboxylase (ATP-hydrolysing)) ligase)
uncharacterized LOC100129223
transmembrane protein 223
protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1B
interleukin 16

lactate dehydrogenase A-like 6A
transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 1

mago-nashi homolog, proliferation-associated (Drosophila)
RNA (guanine-7-) methyltransferase
uncharacterized LOC401557
CDP-diacylglycerol--inositol 3-phosphatidyltransferase
frizzled family receptor 5

ras homolog gene family, member Q

aminolevulinate dehydratase
calcium/calmodulin-dependent protein kinase II delta
oxysterol binding protein-like 6
ataxia telangiectasia mutated

t-complex 11 (mouse)-like 1
H2A histone family, member Z
ribonuclease P/MRP 30kDa subunit

glycerol-3-phosphate acyltransferase 2, mitochondrial
complement component 1, r subcomponent-like
three prime repair exonuclease 2
ribosomal protein L13a
zinc finger, matrin-type 5

coiled-coil domain containing 57
solute carrier family 25, member 43
serine/arginine-rich splicing factor 6
processing of precursor 5, ribonuclease P/MRP subunit (*S. cerevisiae*)

oxidation resistance 1
ADP-ribosylation factor-like 15
survival of motor neuron 1, telomeric
pellino homolog 3 (Drosophila)
apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3A

TBC1 domain family, member 8B (with GRAM domain)
ribosomal RNA processing 15 homolog (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC100287437
NFKB inhibitor interacting Ras-like 1
PSMC3 interacting protein

voltage-dependent anion channel 1
zinc finger protein 525
zinc finger protein 507
SCL/TAL1 interrupting locus
leucine rich repeat containing 47
PHD finger protein 20-like 1

polymerase (RNA) I polypeptide B, 128kDa
zinc finger protein 160
MORN repeat containing 2
olfactory receptor, family 13, subfamily J, member 1
zinc finger protein 726-like
zinc finger protein 267
glucose-fructose oxidoreductase domain containing 1
transportin 1
kielin/chordin-like protein

TRAF-interacting protein with forkhead-associated domain, family member B
uncharacterized LOC378805

tropomyosin 2 (beta)
regulator of G protein signaling 9 binding protein
cyclin-dependent kinase 17
adrenomedullin 2
ribosomal protein L34
ribosomal protein L3
hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 8
leucine rich repeat and coiled-coil domain containing 1
family with sequence similarity 48, member A
serine hydroxymethyltransferase 1 (soluble)
uncharacterized LOC284408
PITPNM family member 3
zinc finger protein 569

cell growth regulator with EF-hand domain 1
uncharacterized LOC29053
carboxyl ester lipase (bile salt-stimulated lipase)
0
zinc finger protein 345
prolyl 4-hydroxylase, beta polypeptide

tumor necrosis factor receptor superfamily, member 8
synaptogyrin 3
cancer susceptibility candidate 5
RMI2, RecQ mediated genome instability 2, homolog (*S. cerevisiae*)
SUMO1/sentrin/SMT3 specific peptidase 3
septin 7 pseudogene 2
core 1 synthase, glycoprotein-N-acetylgalactosamine 3-beta-galactosyltransferase, 1

zinc finger protein 691
sterile alpha motif domain containing 12
histone cluster 1, H2ae
leucine-rich repeats and calponin homology (CH) domain containing 3
ankyrin repeat domain 11

tumor protein p53
family with sequence similarity 102, member B
transmembrane protein 95
mesoderm induction early response 1, family member 3
STE20-related kinase adaptor alpha
caprin family member 2
DCP1 decapping enzyme homolog B (*S. cerevisiae*)
PTK2 protein tyrosine kinase 2
cyclin D2
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, *Drosophila*); translocated to, 11
WAS protein family homolog 5 pseudogene
cytoplasmic polyadenylation element binding protein 2
laminin, beta 2 pseudogene 1
sirtuin 2
fasciculation and elongation protein zeta 2 (zygin II)
Ras-related GTP binding B
nuclear receptor coactivator 4
TP73 antisense RNA 1 (non-protein coding)
necdin-like 2

DDB1 and CUL4 associated factor 7
SEC22 vesicle trafficking protein homolog C (*S. cerevisiae*)

metastasis suppressor 1-like
adenosine monophosphate deaminase 2
tetratricopeptide repeat, ankyrin repeat and coiled-coil containing 1

proteoglycan 3 pseudogene

glycosylphosphatidylinositol anchor attachment protein 1 homolog (yeast)

chromosome 17 open reading frame 58

complement component 5

DAZ interacting protein 1-like

GRIP and coiled-coil domain containing 2

pantothenate kinase 3

SON DNA binding protein

chromosome 20 open reading frame 26

uncharacterized LOC100506965

ribosomal protein L7

fibroblast growth factor 2 (basic)

pseudouridylate synthase 3

metallophosphoesterase 1

hect domain and RLD 2 pseudogene 7

hect domain and RLD 2

dynein, axonemal, heavy chain 14

LSM11, U7 small nuclear RNA associated

ankyrin repeat and SOCS box containing 7

minichromosome maintenance complex component 6

KIAA0090

uncharacterized LOC401149

coiled-coil domain containing 102A

ankyrin repeat and SOCS box containing 9

zinc finger, BED-type containing 4

ribonucleoprotein, PTB-binding 2

protein phosphatase 2, regulatory subunit A, alpha

RNA-binding region (RNP1, RRM) containing 3

ATPase, Cu⁺⁺ transporting, alpha polypeptide

ras homolog gene family, member A

family with sequence similarity 118, member A

Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 4

CASK interacting protein 1

E2F transcription factor 3

chromosome 20 open reading frame 112

tryptase alpha/beta 1

SEC22 vesicle trafficking protein homolog C (*S. cerevisiae*)

metal-regulatory transcription factor 1

FK506 binding protein 10, 65 kDa

uncharacterized LOC100302650

uncharacterized LOC255167

CD37 molecule

polyamine-modulated factor 1

Wilms tumor 1

uncharacterized LOC100129269

ankyrin repeat domain 20 family, member A5, pseudogene

major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1

non-metastatic cells 1, protein (NM23A) expressed in

3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase

zinc finger, DHHC-type containing 16

cripto, FRL-1, cryptic family 1

membrane-associated ring finger (C3HC4) 3

RAB8A, member RAS oncogene family

low density lipoprotein receptor adaptor protein 1

fibrosin-like 1

RAB GTPase activating protein 1-like

potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 13

cornichon homolog (*Drosophila*)

putative uncharacterized protein C12orf63-like

alveolar soft part sarcoma chromosome region, candidate 1

uncharacterized LOC100131366

syndecan binding protein (syntenin) pseudogene

major histocompatibility complex, class II, DO beta

guanine nucleotide binding protein (G protein) alpha 12

potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M beta member 3

cholinergic receptor, nicotinic, beta 3

terminal uridylyl transferase 1, U6 snRNA-specific

IGF-like family member 2

uncharacterized LOC100127885

mitochondrial ribosomal protein S21

peroxisomal biogenesis factor 11 gamma

chromosome 2 open reading frame 48

protein O-linked mannanose beta1,2-N-acetylglucosaminyltransferase

mannose receptor, C type 2
uncharacterized LOC284513
minichromosome maintenance complex component 2
NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 2, 49kDa (NADH-coenzyme Q reductase)
nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding)
family with sequence similarity 127, member C
uncharacterized LOC100509213
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit A

Treacher Collins-Franceschetti syndrome 1
serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 6
heat shock 70kDa protein 8

polymerase (DNA directed), alpha 2 (70kD subunit)
amidohydrolase domain containing 2
SUMO1 pseudogene 3
FYVE, RhoGEF and PH domain containing 4
angiopoietin 1
protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 14
activin A receptor, type IIB
Sp8 transcription factor
chromosome 5 open reading frame 58
uncharacterized LOC644450
SEC14-like 3 (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC727721
N-6 adenine-specific DNA methyltransferase 2 (putative)

chromosome 19 open reading frame 69
myxovirus (influenza virus) resistance 2 (mouse)

bromodomain containing 3

leucine rich repeat containing 41
coiled-coil domain containing 96
early B-cell factor 1
chromosome 9 open reading frame 53
uncharacterized LOC100506190
family with sequence similarity 168, member B

kinesin family member 9
integrin, alpha X (complement component 3 receptor 4 subunit)
tektin 4 pseudogene
ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1

protein kinase, cGMP-dependent, type I
synergin, gamma
coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 6
uncharacterized LOC338620
polymerase (DNA directed), delta 2, regulatory subunit 50kDa
chromosome 7 open reading frame 36

FSDH region gene 1 family, member B
AP2 associated kinase 1
G patch domain containing 2
uncharacterized LOC285758
brain expressed, X-linked 4
Obg-like ATPase 1
ubiquinol-cytochrome c reductase, complex III subunit X
SH3KBP1 binding protein 1
chemokine (C-X-C motif) receptor 5

protein phosphatase 1, regulatory subunit 21

cathepsin Z
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 60-like
tripartite motif containing 14
ceramide synthase 6

purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 7
par-6 partitioning defective 6 homolog beta (C. elegans)
YdjC homolog (bacterial)
gem (nuclear organelle) associated protein 6
ubiquitin-conjugating enzyme E2D N-terminal like (pseudogene)

phosphorylase kinase, gamma 2 (testis)
interleukin 13 receptor, alpha 1

proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 2
MIS12, MIND kinetochore complex component, homolog (S. pombe)
cytochrome b5 reductase 3
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 25
uncharacterized LOC401232
ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 2
MAF1 homolog (S. cerevisiae)
gasdermin B
vacuolar protein sorting 28 homolog (S. cerevisiae)
uncharacterized LOC283387
transcription elongation factor A (SII) N-terminal and central domain containing

zinc finger protein 213
frequently rearranged in advanced T-cell lymphomas
WD repeat domain 65
NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 6
cell division cycle 123 homolog (*S. cerevisiae*)
chromosome 16 open reading frame 88

sigma non-opioid intracellular receptor 1
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4E
KIAA0564

transmembrane protein 8C
uncharacterized LOC541471
myocyte enhancer factor 2D

F-box protein 4
translocase of inner mitochondrial membrane 13 homolog (yeast)
lectin, galactoside-binding, soluble, 2
small nucleolar RNA, H/ACA box 32

uncharacterized LOC100130557
guanidinoacetate N-methyltransferase
FK506 binding protein 7
transmembrane protein 38B
BTAF1 RNA polymerase II, B-TFIID transcription factor-associated, 170kDa (Mot1 homolog, *S. cerevi*)
chromosome 9 open reading frame 173
Rho GTPase activating protein 5
hydroxy-delta-5-steroid dehydrogenase, 3 beta- and steroid delta-isomerase 7
interleukin 1 receptor-like 1

zinc finger, SWIM-type containing 6
leucine rich repeat containing 39
dedicator of cytokinesis 5
glucosidase, alpha; neutral AB
N(alpha)-acetyltransferase 10, NatA catalytic subunit
acyl-CoA dehydrogenase family, member 9

zinc finger protein 256

zinc finger protein 790

G protein-coupled receptor 88

metallothionein 1H
caspase 10, apoptosis-related cysteine peptidase
hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 4
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 9, 39kDa
BEN domain containing 3
S-phase cyclin A-associated protein in the ER

coiled-coil domain containing 11
zinc finger protein 318

ubiquitin specific peptidase 17
acyl-CoA synthetase long-chain family member 4
Berardinelli-Seip congenital lipodystrophy 2 (seipin)
solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, γ^+ system), member 3 pseudogene
GAR1 ribonucleoprotein homolog (yeast)
protein tyrosine phosphatase type IVA, member 3

uncharacterized LOC100129115
leucine rich repeat containing 16A
tudor domain containing 3

transforming growth factor, beta receptor 1

hect domain and RLD 2 pseudogene 4
2',3'-cyclic nucleotide 3' phosphodiesterase

matrix extracellular phosphoglycoprotein
insulin-like 3 (Leydig cell)
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; peroxisomal membrane protein, 34kDa), member 17
zinc finger, NFX1-type containing 1
methyltransferase like 21A
chromosome 15 open reading frame 58

dystrobrevin, alpha
translocase of outer mitochondrial membrane 40 homolog (yeast)
5'-nucleotidase, cytosolic II
neuronal PAS domain protein 1
centrosomal protein 192kDa
calcium binding protein 39-like
leptin receptor overlapping transcript-like 1
SYS1 Golgi-localized integral membrane protein homolog (*S. cerevisiae*)

uncharacterized LOC100505661
GINS complex subunit 4 (Sld5 homolog)
armadillo repeat containing 9
copine VIII
roundabout, axon guidance receptor, homolog 1 (Drosophila)

serine carboxypeptidase 1

TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, A, 48kDa
glutathione S-transferase alpha 4
bestrophin 2
notch 1
tripeptidyl peptidase I
leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2
receptor-interacting serine-threonine kinase 3
hydroxyacyl-CoA dehydrogenase/3-ketoacyl-CoA thiolase/enoyl-CoA hydratase (trifunctional protein)
protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O-methyltransferase domain containing 2
solute carrier family 30 (zinc transporter), member 9
actin, alpha 2, smooth muscle, aorta
chromosome 19 open reading frame 39
tubulin folding cofactor E-like
uncharacterized LOC100499221

janus kinase and microtubule interacting protein 2

zinc finger CCCH-type containing 11A
phospholipase D family, member 4
single immunoglobulin and toll-interleukin 1 receptor (TIR) domain
N-acylaminoacyl-peptide hydrolase
ubiquitously-expressed transcript

amyloid beta (A4) precursor protein
BMP2 inducible kinase
SIN3 homolog B, transcription regulator (yeast)
chromosome 3 open reading frame 14
chromosome 5 open reading frame 24

breast carcinoma amplified sequence 2
myosin phosphatase Rho interacting protein
long intergenic non-protein coding RNA 173
multiple endocrine neoplasia I
RAB38, member RAS oncogene family
solute carrier family 5 (sodium/glucose cotransporter), member 11

caspase 3, apoptosis-related cysteine peptidase

proliferation-associated 2G4, 38kDa

neuron navigator 1

ubiquitin associated protein 2

importin 5

HLA complex group 18 (non-protein coding)

calcitonin-related polypeptide alpha

MKI67 (FHA domain) interacting nucleolar phosphoprotein

fibroblast growth factor receptor substrate 3

pyrophosphatase (inorganic) 1

KN motif and ankyrin repeat domains 1

chromosome 3 open reading frame 18

uncharacterized LOC100134259

E2F transcription factor 6

SWT1 RNA endoribonuclease homolog (*S. cerevisiae*)

iron-sulfur cluster assembly 1 homolog (*S. cerevisiae*)

DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 38

phosphoprotein associated with glycosphingolipid microdomains 1

zinc finger CCCH-type containing 11A

thrombospondin 4

WD repeat domain 44

amphiregulin

colony stimulating factor 2 receptor, alpha, low-affinity (granulocyte-macrophage)

zinc finger protein 271

uncharacterized LOC100129406

phosphodiesterase 6D, cGMP-specific, rod, delta

mitochondrial ribosomal protein L22

required for meiotic nuclear division 1 homolog (*S. cerevisiae*)

alpha-1-B glycoprotein

NHS-like 2

granulysin

structural maintenance of chromosomes 4

transmembrane protein 18

NECAP endocytosis associated 1

GRB2-associated binding protein 3
cadherin-related family member 1
PROP paired-like homeobox 1
family with sequence similarity 45, member A
zinc finger family member 673

fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 1
tubulin tyrosine ligase-like family, member 5
actin pseudogene
WW and C2 domain containing 2
regulatory factor X, 5 (influences HLA class II expression)
remodeling and spacing factor 1
pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase domain 1
zinc finger protein 285
membrane protein, palmitoylated 5 (MAGUK p55 subfamily member 5)
jumonji domain containing 7
uncharacterized LOC645644
uncharacterized LOC100506922
frataxin
transducin (beta)-like 3
interleukin 18 receptor 1
kinesin family member 20B
small nucleolar RNA, C/D box 74

ring finger protein 126
uncharacterized LOC100506051

zinc fingers and homeoboxes 3
OAF homolog (Drosophila)
primase, DNA, polypeptide 2 (58kDa)

exosome component 7
bromodomain containing 7
ADP-ribosylation factor-like 13B
stromal antigen 3-like 2
peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 4
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); translocated to, 4

filamin A, alpha
transmembrane protein 126A
acyl-CoA synthetase bubblegum family member 1
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal V0 subunit a1

RAB9B, member RAS oncogene family pseudogene 1
FSHD region gene 1 pseudogene
G protein-coupled receptor associated sorting protein 1
calcium activated nucleotidase 1

family with sequence similarity 158, member A
makorin ring finger protein 1 pseudogene

DIP2 disco-interacting protein 2 homolog C (Drosophila)
long intergenic non-protein coding RNA 470
putative homeodomain transcription factor 1
SEH1-like (*S. cerevisiae*)
synaptogyrin 3
MAGI family member, X-linked
TruB pseudouridine (psi) synthase homolog 1 (*E. coli*)
ephrin-A4
uncharacterized LOC100131733
nuclear casein kinase and cyclin-dependent kinase substrate 1
solute carrier family 37 (glucose-6-phosphate transporter), member 4

uncharacterized LOC284408
OTU domain containing 7A pseudogene
chloride channel CLIC-like 1

calmodulin-lysine N-methyltransferase
interleukin-1 receptor-associated kinase 3
zinc finger protein 64 homolog (mouse)

uncharacterized LOC100507398
Bcl2 modifying factor
EF-hand calcium binding domain 4A
cystathionase (cystathionine gamma-lyase)
NOTCH-regulated ankyrin repeat protein
progesterone and adiponectin receptor family member IV
transportin 3
gamma-glutamyltransferase 8 pseudogene
N-deacetylase/N-sulfotransferase (heparan glucosaminyl) 2
serine/threonine kinase 38

tuberous sclerosis 1
stromal cell-derived factor 2-like 1

guanylate binding protein 2, interferon-inducible
lysosomal protein transmembrane 4 beta
uncharacterized LOC157562
chromobox homolog 1
eukaryotic translation initiation factor 1A, X-linked
integrator complex subunit 4
mitochondrial ribosomal protein L38
zinc finger protein 259
abhydrolase domain containing 11
SON DNA binding protein
RAD17 homolog (*S. pombe*)
congenital dyserythropoietic anemia, type I
chromosome 12 open reading frame 48
tRNA methyltransferase 12 homolog (*S. cerevisiae*)
envoplakin
uncharacterized LOC100506469
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4
zinc finger and BTB domain containing 8A
aminoacylase 1
growth factor, augments liver regeneration
ataxia telangiectasia and Rad3 related

solute carrier family 12 (sodium/potassium/chloride transporters), member 2
small nucleolar RNA, C/D box 114-8

coiled-coil domain containing 43
homer homolog 1 (*Drosophila*)
claudin domain containing 1

kinesin family member 15

polymerase (RNA) I polypeptide C, 30kDa
ciliary rootlet coiled-coil, rootletin
TPTE pseudogene
lon peptidase 1, mitochondrial
otoancorin
CCR4-NOT transcription complex, subunit 2

family with sequence similarity 82, member B

PRP38 pre-mRNA processing factor 38 (yeast) domain containing B
purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 10
AKIRIN2 antisense RNA 1 (non-protein coding)

C2 calcium-dependent domain containing 4C
hect domain and RLD 2 pseudogene 7
uncharacterized LOC100506023
tetratricopeptide repeat domain 28
chromosome 1 open reading frame 124
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 10
uncharacterized LOC100133669
metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding)
ligand dependent nuclear receptor corepressor

oligonucleotide/oligosaccharide-binding fold containing 2A
SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2 pseudogene 1
hCG1815504
StAR-related lipid transfer (START) domain containing 4
STON1-GTF2A1L readthrough
SCY1-like 2 (*S. cerevisiae*)
protein tyrosine phosphatase, receptor type, H

RCAN family member 3
leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1
non imprinted in Prader-Willi/Angelman syndrome 2
MGC44478
CCR4-NOT transcription complex, subunit 6-like

electron-transferring-flavoprotein dehydrogenase
IMP1 inner mitochondrial membrane peptidase-like (*S. cerevisiae*)
hect domain and RLD 2
HAUS augmin-like complex, subunit 7
hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7
polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide J2
exportin 7
SECIS binding protein 2-like
chromosome 20 open reading frame 195
zinc finger protein 425
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 1
sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic do
coiled-coil domain containing 88C
replication factor C (activator 1) 4, 37kDa
importin 9
small nucleolar RNA, H/ACA box 66
leucine carboxyl methyltransferase 1 pseudogene
translational activator of mitochondrially encoded cytochrome c oxidase I
signal transducer and activator of transcription 6, interleukin-4 induced

embigin
uncharacterized LOC157381
hypermethylated in cancer 2
Rho GTPase activating protein 33
FSHD region gene 1 pseudogene
butyrophilin, subfamily 3, member A1
ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 2
chromosome 14 open reading frame 49
inhibitor of DNA binding 1, dominant negative helix-loop-helix protein
ribosomal protein L19 pseudogene 12
family with sequence similarity 96, member A
HOX transcript antisense RNA (non-protein coding)
LATS, large tumor suppressor, homolog 2 (*Drosophila*)

family with sequence similarity 178, member A
DBF4 homolog (*S. cerevisiae*)
enoyl-CoA, hydratase/3-hydroxyacyl CoA dehydrogenase
pleckstrin homology domain containing, family N member 1

chromosome 18 open reading frame 55
Tctex1 domain containing 4
QKI, KH domain containing, RNA binding
transmembrane protein 69

jumonji domain containing 8
transmembrane protein 85
AP2 associated kinase 1
mitochondrial translational release factor 1-like
zinc finger, HIT-type containing 3

ADP-ribosylation factor-like 4A
histidyl-tRNA synthetase
ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 1
BTB (POZ) domain containing 7
TPX2, microtubule-associated, homolog (*Xenopus laevis*)

canopy 2 homolog (zebrafish)
zinc finger, MYM-type 4
somatostatin receptor 3
DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 like 2
major histocompatibility complex, class II, DQ beta 2
periplakin
chitinase domain containing 1
adenylate cyclase 10 (soluble) pseudogene

DDB1 and CUL4 associated factor 8
cathepsin L1
CD72 molecule
transmembrane protein 154
jumonji, AT rich interactive domain 2
EGF containing fibulin-like extracellular matrix protein 1
EF-hand domain (C-terminal) containing 2
alkaline ceramidase 3

uncharacterized LOC654433

H1 histone family, member N, testis-specific
regulatory factor X, 2 (influences HLA class II expression)
glutamate receptor, ionotropic, N-methyl-D-aspartate 3B

dynein, axonemal, intermediate chain 1
TPTE pseudogene

zinc finger protein 473

3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase
lymphocyte transmembrane adaptor 1
leucine rich repeat containing 40
cysteine conjugate-beta lyase, cytoplasmic
F-box and leucine-rich repeat protein 18
mediator complex subunit 16

cyclin D-type binding-protein 1
chromosome 8 open reading frame 40
leucine rich repeat containing 3C
family with sequence similarity 164, member A
ATPase, Na⁺/K⁺ transporting, beta 1 polypeptide
ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 (rho family, small GTP binding protein Rac2)
uncharacterized LOC283547
solute carrier family 16, member 3 (monocarboxylic acid transporter 4)
uncharacterized LOC100131929
SET nuclear oncogene

zinc finger protein 57
solute carrier family 38, member 5
ELK4, ETS-domain protein (SRF accessory protein 1)
LETM1 domain containing 1

family with sequence similarity 13, member A
pleckstrin homology domain containing, family M, member 3
potassium channel tetramerisation domain containing 1
zinc finger protein pseudogene
anoctamin 7
TELO2 interacting protein 1
armadillo repeat containing 1
ATPase, H⁺ transporting V0 subunit e2
intraflagellar transport 81 homolog (Chlamydomonas)
required for meiotic nuclear division 5 homolog A (*S. cerevisiae*)
phospholipase B1
lysocardiolipin acyltransferase 1
chromosome 17 open reading frame 78
uncharacterized LOC100134317
angel homolog 1 (*Drosophila*)
hect domain and RLD 2

BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3
ferrochelataase
cell division cycle 25 homolog B (*S. pombe*)
dCTP pyrophosphatase 1
TAR (HIV-1) RNA binding protein 2
histone cluster 1, H2a1
amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family B, member 1 (Fe65)
ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 2
nucleolar and spindle associated protein 1
synaptonemal complex central element protein 2
platelet-activating factor acetylhydrolase 1b, catalytic subunit 3 (29kDa)
globoside alpha-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1
sel-1 suppressor of lin-12-like (*C. elegans*)

absent in melanoma 1-like
uncharacterized LOC100506233
copper chaperone for superoxide dismutase
armadillo repeat containing 10
sterile alpha motif domain containing 4A

nuclear receptor interacting protein 1
hect domain and RLD 2
metallothionein-like 5, testis-specific (tesmin)
potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 3
adaptor-related protein complex 3, mu 2 subunit
coiled-coil domain containing 51
DCN1, defective in cullin neddylation 1, domain containing 1 (*S. cerevisiae*)

polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide H
LSM14A, SCD6 homolog A (*S. cerevisiae*)

phosphoinositide-3-kinase, catalytic, gamma polypeptide

ATP/GTP binding protein 1
transmembrane protein 11
TMEM9 domain family, member B
interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 3
solute carrier family 50 (sugar transporter), member 1

chromosome 20 open reading frame 196
uncharacterized LOC285173
adaptor-related protein complex 1, beta 1 subunit
SET domain containing 1B
oligosaccharyltransferase complex subunit pseudogene 2
MORC2 antisense RNA 1 (non-protein coding)
ependymin related protein 1 (zebrafish)
modulator of apoptosis 1
major histocompatibility complex, class II, DR beta 1

microphthalmia-associated transcription factor
mitochondrial ribosomal protein S14
thrombospondin, type I, domain containing 1
lipocalin 8

transmembrane protein 120B
ribosomal protein L28

family with sequence similarity 108, member C1
SH3-domain GRB2-like endophilin B2

golgin A8 family, member I, pseudogene
UPF2 regulator of nonsense transcripts homolog (yeast)

phosphorylase kinase, alpha 1 (muscle)
nicotinamide nucleotide adenyltransferase 3
palmitoyl-protein thioesterase 2
MT-RNR2-like 8
cytochrome b-561 domain containing 2

chromosome 2 open reading frame 44
proline-rich coiled-coil 2C

intelectin 1 (galactofuranose binding)
Vps20-associated 1 homolog (*S. cerevisiae*)
elongation factor 1 homolog (*S. cerevisiae*)
TRAF3IP2 antisense RNA 1 (non-protein coding)
erythrocyte membrane protein band 4.1 like 4A
degenerative spermatocyte homolog 2, lipid desaturase (*Drosophila*)
ADP-ribosylation factor-like 6
chromosome 10 open reading frame 95
ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2
D-dopachrome tautomerase-like
phospholipase D family, member 6

peptidyl-tRNA hydrolase 1 homolog (*S. cerevisiae*)
small nuclear ribonucleoprotein 48kDa (U11/U12)
cleft lip and palate associated transmembrane protein 1
phosphoinositide-3-kinase interacting protein 1

arachidonate 12-lipoxygenase pseudogene 2
glutathione peroxidase 1
chromosome 1 open reading frame 186

XRCC6 binding protein 1
neuritin 1
calcium channel, voltage-dependent, alpha 2/delta subunit 4

metallothionein 1F
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 54
deoxythymidylate kinase (thymidylate kinase)
sterile alpha motif and leucine zipper containing kinase AZK
methyltransferase like 20
5'-nucleotidase, cytosolic II
mediator complex subunit 23
ribosomal protein S7 pseudogene 5
SOS1 intronic transcript 1 (non-protein coding)
coagulation factor VIII-associated 1
neuropeptide W
centromere protein K
eukaryotic translation initiation factor 4A1

lamin B2
ankyrin repeat and LEM domain containing 1
uncharacterized LOC285540
cell adhesion molecule 2

ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial Fo complex, subunit C1 (subunit 9)

mitochondrial ribosomal protein S18A

tetraspanin 16

MIR155 host gene (non-protein coding)

dual specificity phosphatase 22

transmembrane protein 169

hippocampus abundant transcript-like 1

kinesin family member 1B

heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3

NEDD4 binding protein 2

enabled homolog (Drosophila)

radial spoke head 9 homolog (Chlamydomonas)

uncharacterized LOC100128348

cyclin-dependent kinase inhibitor 1B (p27, Kip1)

major histocompatibility complex, class II, DR beta 4

apolipoprotein C-I

fatty acid desaturase 3

lysophosphatidylcholine acyltransferase 4

transcription factor EB

olfactory receptor, family 13, subfamily A, member 1

gap junction protein, gamma 2, 47kDa

thyroid hormone receptor, alpha

uncharacterized LOC100130453

surfeit 6

long intergenic non-protein coding RNA 239

mediator complex subunit 27

ATP synthase mitochondrial F1 complex assembly factor 1

uncharacterized LOC57242

A kinase (PRKA) anchor protein 11

hydroxyacyl-CoA dehydrogenase

fucosyltransferase 10 (alpha (1,3) fucosyltransferase)

polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide H (22.9kD)

TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding)
hect domain and RLD 2
xeroderma pigmentosum, complementation group C
phosphofructokinase, muscle

poly (ADP-ribose) polymerase family, member 12
neuronal growth regulator 1

Scm-like with four mbt domains 1
platelet-activating factor acetylhydrolase 2, 40kDa

uncharacterized protein FLJ23867
calcium activated nucleotidase 1
neurobeachin
choline dehydrogenase
uncharacterized LOC100505485
chromosome 19 open reading frame 6
sterile alpha motif and leucine zipper containing kinase AZK
D-dopachrome tautomerase
uncharacterized LOC202781
RIB43A domain with coiled-coils 2
uncharacterized LOC100294145
phosphodiesterase 6B, cGMP-specific, rod, beta
caveolin 1, caveolae protein, 22kDa
hyaluronoglucosaminidase 4
transmembrane protein 151B
zinc finger protein 559

actin, gamma 2, smooth muscle, enteric
long intergenic non-protein coding RNA 442
uncharacterized LOC100505794

SUMO1 activating enzyme subunit 1

Sjogren syndrome antigen B (autoantigen La)
UPF0632 protein A

long intergenic non-protein coding RNA 277
nicotinamide phosphoribosyltransferase
retinoblastoma-like 2 (p130)
olfactomedin-like 2B
TEA domain family member 4
CD164 molecule, sialomucin

cysteine and glycine-rich protein 2
lysyl oxidase-like 1
chromosome 11 open reading frame 21
C17orf76 antisense RNA 1 (non-protein coding)
ADAMTS-like 2
zinc finger protein, X-linked

transmembrane protein 173
SH3 domain and tetratricopeptide repeats 1
relaxin 2

transducin-like enhancer of split 1 (E(sp1) homolog, Drosophila)
RAB GTPase activating protein 1
outer dense fiber of sperm tails 2

transmembrane protein 53
zinc finger protein 684
transmembrane protein 204
uncharacterized LOC643977
magnesium transporter 1
core-binding factor, beta subunit
parvin, beta
succinate dehydrogenase complex, subunit D, integral membrane protein

cytochrome c oxidase subunit VIb polypeptide 2 (testis)

transcription elongation factor A (SII), 2
M-phase phosphoprotein 6
maternally expressed 3 (non-protein coding)
tribbles homolog 3 (Drosophila)
interferon-induced protein 44-like
single-stranded DNA binding protein 1
patatin-like phospholipase domain containing 1
uncharacterized LOC401068

solute carrier family 26, member 8
NLR family, pyrin domain containing 1
COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 7B (Arabidopsis)
PH domain and leucine rich repeat protein phosphatase 2
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 5 (trithorax homolog, Drosophila)
thymopoietin
MORC family CW-type zinc finger 2

v-kit Hardy-Zuckerman 4 feline sarcoma viral oncogene homolog
potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, beta member 2
uncharacterized LOC728769
serine/arginine-rich splicing factor 7
glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier) pseudogene
T-box 2
TBC1 domain family, member 22B

transcription factor-like 5 (basic helix-loop-helix)
solute carrier family 33 (acetyl-CoA transporter), member 1

GIPC PDZ domain containing family, member 3
NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 7, 20kDa (NADH-coenzyme Q reductase)
protein kinase, AMP-activated, beta 1 non-catalytic subunit
G protein-coupled receptor 85

benzodiazapine receptor (peripheral) associated protein 1
lipin 3
FtsJ methyltransferase domain containing 1
polypyrimidine tract binding protein 1
emopamil binding protein (sterol isomerase)
TAF9B RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 31kDa

uncharacterized LOC286272
patatin-like phospholipase domain containing 7

uncharacterized LOC100505894
family with sequence similarity 208, member B
colony stimulating factor 1 receptor
prospero homeobox 2
cyclin L1
potassium channel tetramerisation domain containing 7
Rho/Rac guanine nucleotide exchange factor (GEF) 18
RAD51 homolog (*S. cerevisiae*)
peptide YY, 2 (seminalplasmin)
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit H

ubiquitin specific peptidase 18
actin, beta-like 2
COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 8 (*Arabidopsis*)

kinesin family member 3C
IMP3, U3 small nucleolar ribonucleoprotein, homolog (yeast)
chromosome 14 open reading frame 33
2'-5'-oligoadenylate synthetase 2, 69/71kDa
uncharacterized LOC284365
v-myc myelocytomatosis viral oncogene homolog 1, lung carcinoma derived (avian)
WD repeat domain 92
chromosome 17 open reading frame 62
retinol dehydrogenase 14 (all-trans/9-cis/11-cis)
cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)
NCK interacting protein with SH3 domain
sirtuin 3
uncharacterized LOC100506219
uncharacterized LOC728485
ralA binding protein 1
ELK4, ETS-domain protein (SRF accessory protein 1)
elongation factor Tu GTP binding domain containing 1
uncharacterized LOC100653236
uncharacterized LOC100127886
uncharacterized LOC728323
putative uncharacterized protein FLJ22184
family with sequence similarity 204, member A
secretion regulating guanine nucleotide exchange factor
NIF3 NGG1 interacting factor 3-like 1 (*S. cerevisiae*)
integrator complex subunit 10

acetylserotonin O-methyltransferase
cell division cycle associated 5
chromosome X open reading frame 49B
tudor domain containing 9
dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase
olfactory receptor, family 5, subfamily B, member 2
transmembrane protein 216
cerebellar degeneration-related protein 2, 62kDa

pleckstrin homology domain containing, family M (with RUN domain) member 1
olfactory receptor, family 7, subfamily D, member 2
prothymosin, alpha
tight junction protein 2 (zona occludens 2)
ubiquitin specific peptidase 47
AU RNA binding protein/enoyl-CoA hydratase
nucleoporin 62kDa C-terminal like
dedicator of cytokinesis 7

THAP domain containing 5
kinesin family member 24
nidogen 2 (osteonidogen)
sex comb on midleg-like 1 (Drosophila)
gon-4-like (C. elegans)
keratin associated protein 2-4
N(alpha)-acetyltransferase 35, NatC auxiliary subunit

TBK1 binding protein 1
arginyl-tRNA synthetase
SEC24 family, member A (S. cerevisiae)
retinitis pigmentosa 9 pseudogene

transcription elongation factor A (SII), 1
sorting nexin 24

uncharacterized LOC100505648

uncharacterized LOC378805
melanoma inhibitory activity family, member 3
cytidine monophospho-N-acetylneuraminic acid hydroxylase, pseudogene
increased sodium tolerance 1 homolog (yeast)
phospholipase A2, group XVI
tweety homolog 2 (Drosophila)
uncharacterized LOC100505687
mediator of DNA-damage checkpoint 1
UTP14, U3 small nucleolar ribonucleoprotein, homolog A (yeast)

branched chain amino-acid transaminase 1, cytosolic
DDR GK domain containing 1
tryptophan hydroxylase 2
major facilitator superfamily domain containing 2A
podocalyxin-like
NOP16 nucleolar protein homolog (yeast)
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 14
uncharacterized LOC730236

myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); translocated to, 3

G protein pathway suppressor 1
excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 8
aminoadipate-semialdehyde dehydrogenase
solute carrier family 3 (activators of dibasic and neutral amino acid transport), member 2

empty spiracles homeobox 1
family with sequence similarity 200, member B
suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein)
DENN/MADD domain containing 3
FCH domain only 2
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 6
TPTE pseudogene
protein kinase, cAMP-dependent, catalytic, beta
family with sequence similarity 35, member A
ubiquitin specific peptidase 22
E74-like factor 2 (ets domain transcription factor)
potassium channel tetramerisation domain containing 5

uncharacterized LOC100506774
maltase-glucoamylase (alpha-glucosidase) pseudogene
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 10
uncharacterized LOC100505678
Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 3
leucine-rich repeat, immunoglobulin-like and transmembrane domains 2
matrix-remodelling associated 7

uncharacterized LOC100505616

uncharacterized LOC100130051
small nuclear ribonucleoprotein D3 polypeptide 18kDa
ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 4

nucleoporin 98kDa

solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 4
methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like
isoleucyl-tRNA synthetase
synovial sarcoma translocation gene on chromosome 18-like 2

ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide C (62kD)
zinc finger and BTB domain containing 49
pituitary tumor-transforming 1
uncharacterized LOC100128843
eukaryotic translation initiation factor 5A-like 1
zinc finger protein 574
tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8-like 1
branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide

SLIT and NTRK-like family, member 4
WD repeat and HMG-box DNA binding protein 1
chromosome 21 open reading frame 33
chromosome 4 open reading frame 42
macrophage expressed 1
chromosome 19 open reading frame 50

ankyrin repeat domain-containing protein 20B-like
exocyst complex component 6B
AHA1, activator of heat shock 90kDa protein ATPase homolog 1 (yeast)
desmin
kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 4
zinc finger protein 417
TBC1 domain family, member 7
IWS1 homolog (*S. cerevisiae*)

solute carrier family 16, member 6 (monocarboxylic acid transporter 7)
PQ loop repeat containing 3

uncharacterized LOC114796
tankyrase 1 binding protein 1, 182kDa
ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 3
dynactin 5 (p25)
KIAA1875
hairy/enhancer-of-split related with YRPW motif 2
pyrophosphatase (inorganic) 1
transmembrane protein 117
ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 5
small nucleolar RNA, C/D box 94
ankyrin repeat domain 13 family, member D
phosphatase and actin regulator 2
NAD(P) dependent steroid dehydrogenase-like
ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 4
regulatory factor X, 8
small nucleolar RNA, H/ACA box 71A
ARV1 homolog (*S. cerevisiae*)
non-SMC condensin II complex, subunit D3
microtubule-associated protein 4
bolA homolog 3 (*E. coli*)
forkhead box K2
KN motif and ankyrin repeat domains 3
BCL2-like 11 (apoptosis facilitator)
interferon regulatory factor 2 binding protein 1

uncharacterized LOC100507226
MLF1 interacting protein

phosphate cytidylyltransferase 1, choline, beta
chromosome 9 open reading frame 140
apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3D
nuclear receptor coactivator 5
centrosomal protein 170kDa

uncharacterized protein MGC16121
complement component 8, gamma polypeptide
TRM5 tRNA methyltransferase 5 homolog (*S. cerevisiae*)
napsin A aspartic peptidase

uncharacterized LOC100652751
K(lysine) acetyltransferase 6B
aspartyl aminopeptidase
chromosome 11 open reading frame 95
ankyrin repeat and SOCS box containing 9 pseudogene 1
superoxide dismutase [Cu-Zn]-like
oxysterol binding protein-like 8
potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, beta member 2
inner membrane protein, mitochondrial
peptidylprolyl cis/trans isomerase, NIMA-interacting 1 pseudogene 1
membrane-associated ring finger (C3HC4) 8
hyaluronan synthase 1
myotubularin related protein 2
COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 5 (*Arabidopsis*)
flavin containing monooxygenase 4
beta-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (globoside blood group)
chromosome 14 open reading frame 162
FYVE, RhoGEF and PH domain containing 6

chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 2

FPGT-TNNI3K readthrough
non-SMC element 1 homolog (*S. cerevisiae*)
septin 1
uncharacterized LOC100505549

WD repeat domain 13
purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 8
FUN14 domain containing 2

oligodendrocyte transcription factor 3
uncharacterized LOC100506681
uncharacterized LOC284240
small nucleolar RNA, C/D box 113-9
NFU1 iron-sulfur cluster scaffold homolog (*S. cerevisiae*)
short chain dehydrogenase/reductase family 42E, member 1
ataxin 7-like 3B

centrosomal protein 128kDa

family with sequence similarity 177, member A1
small glutamine-rich tetratricopeptide repeat (TPR)-containing, alpha
hepatoma-derived growth factor-related protein 2
SH3 domain and tetratricopeptide repeats 1
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide F
adaptor-related protein complex 1 associated regulatory protein
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 9 pseudogene 1
long intergenic non-protein coding RNA 28

DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 60

enhancer of polycomb homolog 1 (*Drosophila*)

queuine tRNA-ribosyltransferase domain containing 1
clusterin associated protein 1
intraflagellar transport 46 homolog (*Chlamydomonas*)
metastasis associated in colon cancer 1
secretory carrier membrane protein 5
TEK tyrosine kinase, endothelial
chromosome 9 open reading frame 69
PET112 homolog (yeast)
uncharacterized LOC645967
phenylalanyl-tRNA synthetase, alpha subunit
small nuclear RNA activating complex, polypeptide 5, 19kDa
zinc finger protein 467

hect domain and RLD 2
RWD domain containing 1
damage-specific DNA binding protein 1, 127kDa
membrane protein, palmitoylated 6 (MAGUK p55 subfamily member 6)
histone acetyltransferase 1
nuclear transcription factor Y, beta
Rho GTPase activating protein 19

CCR4-NOT transcription complex, subunit 4

kynurenine 3-monooxygenase (kynurenine 3-hydroxylase)

prickle homolog 3 (Drosophila)

uncharacterized LOC100132909

reticulon 4 receptor-like 2

RAB12, member RAS oncogene family

chromosome 1 open reading frame 88

2'-5'-oligoadenylate synthetase 2, 69/71kDa

neurexin 2

eukaryotic translation initiation factor 4E nuclear import factor 1

tryptophanyl tRNA synthetase 2, mitochondrial

bone morphogenetic protein 8b

integrator complex subunit 4

WAS/WASL interacting protein family, member 1

prostate transmembrane protein, androgen induced 1

signal sequence receptor, beta (translocon-associated protein beta)

chromosome 3 open reading frame 58

Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 7

CLP1, cleavage and polyadenylation factor I subunit, homolog (S. cerevisiae)

uncharacterized LOC100132966

gamma-glutamyltransferase 5

dystrophia myotonica-protein kinase

osteoclast stimulating factor 1

solute carrier family 41, member 3

synaptogyrin 4

uncharacterized LOC100128071

chromatin target of PRMT1

protein-kinase, interferon-inducible double stranded RNA dependent inhibitor, repressor of (P58 repressor of tubulin, beta class I

zinc finger protein 394

hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7

nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 5

FSHD region gene 1

protein kinase, X-linked, pseudogene 1

KH homology domain containing 1

hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 6 homolog (mouse)

enoyl CoA hydratase, short chain, 1, mitochondrial

B-cell CLL/lymphoma 6, member B

high mobility group protein HMG-I/HMG-Y-like
tight junction protein 1 (zona occludens 1)
ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 7
poly(rC) binding protein 1

proteasome (prosome, macropain) inhibitor subunit 1 (PI31)
synaptotagmin-like 4

methylmalonic aciduria (cobalamin deficiency) cblB type
heat shock 70kDa protein 6 (HSP70B')

G2/M-phase specific E3 ubiquitin protein ligase
olfactory receptor, family 5, subfamily C, member 1
COBW domain containing 5
mitofusin 2
chromosome 10 open reading frame 112
myosin binding protein H
protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 6
uncharacterized LOC100507558
tubulin folding cofactor A
KIAA1984
chromosome 22 open reading frame 39

chromosome 1 open reading frame 38
chromosome 11 open reading frame 87
methyl CpG binding protein 2 (Rett syndrome)
zinc finger protein 30
DIS3 mitotic control homolog (*S. cerevisiae*)-like 2
chromosome 20 open reading frame 197
butyrophilin, subfamily 2, member A1
notch 2 N-terminal like
FK506 binding protein 2, 13kDa
MOB kinase activator 1B

zinc finger protein 184
zinc finger, ZZ-type containing 3
bone marrow stromal cell antigen 2
LIM homeobox 3
DEXH (Asp-Glu-X-His) box polypeptide 58
utrophin
endo/exonuclease (5'-3'), endonuclease G-like
mitochondrial ribosomal protein S15
sirtuin 3
centlein, centrosomal protein

protocadherin beta 13
ERI1 exoribonuclease family member 2
ferredoxin 1-like
zinc finger protein 726
olfactory receptor, family 10, subfamily H, member 1

chromosome 9 open reading frame 72

signal transducer and activator of transcription 4
proprotein convertase subtilisin/kexin type 1 inhibitor
transmembrane protein 184C

aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1
MHC class I polypeptide-related sequence A
zinc finger protein 493
uncharacterized LOC100506368
chromosome 12 open reading frame 34

hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1-like
tyrosyl-tRNA synthetase
HD domain containing 2
uncharacterized LOC100192420
dual specificity phosphatase 2
ATPase type 13A2
tektin 4 pseudogene
aarF domain containing kinase 2
ankyrin repeat domain 50

neurolysin (metallopeptidase M3 family)

Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 12
zinc finger E-box binding homeobox 2
glucosamine (N-acetyl)-6-sulfatase

cadherin 22, type 2

zinc finger protein 283
ribonuclease H2, subunit C
prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 2
regulatory factor X, 3 (influences HLA class II expression)

protein phosphatase 1, regulatory subunit 12B
coronin, actin binding protein, 2A
Down syndrome critical region gene 3
zinc finger protein 385C
acyl-CoA thioesterase 4
nuclear receptor coactivator 2
guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 1-like
mitochondrial ribosomal protein L24

casein kinase 1, alpha 1
melanoma inhibitory activity

uncharacterized LOC100506982
zinc finger protein 70
guanylate binding protein family, member 6
tectorin alpha
HBS1-like (*S. cerevisiae*)
protein phosphatase 1, regulatory subunit 3A

zinc finger protein 765
polymerase (RNA) I polypeptide C, 30kDa
ribophorin II
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10
Ras and Rab interactor 1
adaptor-related protein complex 1, sigma 1 subunit

coiled-coil domain containing 126
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 6
golgin A6 family-like 6
basic transcription factor 3 pseudogene 11

uncharacterized LOC115110
endothelial cell-specific chemotaxis regulator
Rho GTPase activating protein 27
zinc finger protein 667
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1, alpha/beta subcomplex, 1, 8kDa
prefoldin subunit 2
FXFD domain containing ion transport regulator 3

UBX domain protein 7
POM121 membrane glycoprotein-like 4 pseudogene

solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3

zinc finger protein 547

UBA domain containing 2

alkaline ceramidase 2

galanin receptor 3

phosphoglycerate mutase 1 (brain)

homeobox containing 1

serine/arginine-rich splicing factor 11

chromosome 6 open reading frame 154

signal-regulatory protein delta

family with sequence similarity 127, member B

Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 6

G protein-coupled receptor 114

paternally expressed transcript PAR-SN

fatty acid desaturase 2

meiosis-specific nuclear structural 1

splicing factor 3b, subunit 4, 49kDa

ATPase, class V, type 10B

CD53 molecule

ubiquitin protein ligase E3C

single-strand-selective monofunctional uracil-DNA glycosylase 1

FSHD region gene 1 pseudogene

uncharacterized LOC100505585

STEAP family member 3, metalloreductase

zinc finger protein 736

uncharacterized LOC100129110

TTC28 antisense RNA 1 (non-protein coding)

topoisomerase (DNA) I

mitochondrial ribosomal protein L17

sorting and assembly machinery component 50 homolog (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 792

ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 3

uncharacterized LOC100132273

uncharacterized LOC285286

SVOP-like

uncharacterized LOC100128591

SMAD specific E3 ubiquitin protein ligase 1

uncharacterized LOC440200

zinc finger, ZZ-type containing 3
ubiquinol-cytochrome c reductase complex chaperone
retinoic acid receptor, beta
RMI1, RecQ mediated genome instability 1, homolog (*S. cerevisiae*)

cytohesin 1

DCN1, defective in cullin neddylation 1, domain containing 5 (*S. cerevisiae*)
PH domain and leucine rich repeat protein phosphatase 2

folylpolyglutamate synthase
uncharacterized LOC645644
inner membrane protein, mitochondrial
tripartite motif containing 11
coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 8
SPANX family, member B2
canopy 4 homolog (zebrafish)
uncharacterized LOC340544
uncharacterized LOC100131581

golgin A6 family-like 6

vitrin
4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase
SP100 nuclear antigen

selenophosphate synthetase 1 pseudogene 1
DTW domain containing 2
netrin G2
Ras-like without CAAX 2
transcription factor binding to IGHM enhancer 3
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 31

U2 small nuclear RNA auxiliary factor 1-like 4
uncharacterized LOC100507091
phosphomannomutase 2
cyclin K
URB1 ribosome biogenesis 1 homolog (*S. cerevisiae*)
solute carrier family 35, member C2
dynein, axonemal, heavy chain 11
staphylococcal nuclease and tudor domain containing 1
AFG3 ATPase family gene 3-like 1 (*S. cerevisiae*), pseudogene

adaptor-related protein complex 4, sigma 1 subunit

family with sequence similarity 46, member A

zinc finger, SWIM-type containing 7

family with sequence similarity 160, member A1

glucose-fructose oxidoreductase domain containing 2

destrin-like

uncharacterized LOC439951

ureidopropionase, beta

acid phosphatase 6, lysophosphatidic

nuclear protein, ataxia-telangiectasia locus

troponin I type 2 (skeletal, fast)

branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide

chromosome 14 open reading frame 128

centrosomal protein 85kDa

family with sequence similarity 114, member A2

uncharacterized LOC100507492

ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 10

exoribonuclease 1

chromosome 3 open reading frame 54

DDB1 and CUL4 associated factor 15

tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2

phosphatase and actin regulator 4

chromosome 17 open reading frame 51

eukaryotic translation initiation factor 4E family member 3

catechol-O-methyltransferase

zinc finger, MIZ-type containing 2

iron-sulfur cluster assembly 2 homolog (*S. cerevisiae*)

metallo-beta-lactamase domain containing 2

CD33 molecule

human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 1

Fc receptor-like B

purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 4

polyamine oxidase (exo-N4-amino)

small nuclear ribonucleoprotein D1 polypeptide 16kDa

cytochrome b5 type A (microsomal)

uncharacterized LOC100129129
optic atrophy 3 (autosomal recessive, with chorea and spastic paraplegia)
TATA box binding protein
u3 small nucleolar ribonucleoprotein protein MPP10-like
keratin 8
ribosomal protein S3A
coiled-coil domain containing 107
NSA2 ribosome biogenesis homolog (*S. cerevisiae*)
phospholipase D2

lymphotoxin beta receptor (TNFR superfamily, member 3)
family with sequence similarity 86, member A pseudogene
PHD finger protein 8
nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding)
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 5
IKAROS family zinc finger 3 (Aiolos)
transmembrane protein 145

heat shock 70kDa protein 9 (mortalin)
chromosome 15 open reading frame 38
heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 5, pseudogene
eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 2

uncharacterized LOC100287314
zinc finger CCCH-type containing 18

guanine nucleotide binding protein-like 1
chromosome 17 open reading frame 51
uncharacterized LOC401320
dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 1A
tectonic family member 3
SET domain containing (lysine methyltransferase) 7
zinc finger protein 814
chloride channel CLIC-like 1

ATP5S-like
immunoglobulin superfamily, member 9B
septin 8

zinc finger protein 414
uncharacterized LOC84989

SH3 domain containing ring finger 1
CCR4-NOT transcription complex, subunit 4
phosphoinositide-3-kinase, catalytic, delta polypeptide
hairy and enhancer of split 5 (*Drosophila*)

TLC domain containing 1
ribosomal protein L13a pseudogene 3
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 3
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 like 1
serine/arginine-rich splicing factor 7
ubiquitin specific peptidase 47
BMX non-receptor tyrosine kinase
presenilin associated, rhomboid-like
SCY1-like 2 (*S. cerevisiae*)
cytoskeleton associated protein 2-like

zinc finger, RAN-binding domain containing 2
KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) containing 1
uncharacterized LOC284889
CTF8, chromosome transmission fidelity factor 8 homolog (*S. cerevisiae*)
angiomin like 2
chromosome 20 open reading frame 201
origin recognition complex, subunit 4
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 3
atlastin GTPase 3
solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 2
uncharacterized LOC643770
gamma-aminobutyric acid (GABA) receptor, rho 2
pleckstrin homology domain containing, family H (with MyTH4 domain) member 3

USP6 N-terminal like
transmembrane protein 109

polyribonucleotide nucleotidyltransferase 1

chromosome 16 open reading frame 73
ATG4 autophagy related 4 homolog B (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC100134391
chromosome 18 open reading frame 19
aarF domain containing kinase 1
proliferating cell nuclear antigen

NYN domain and retroviral integrase containing
pyrophosphatase (inorganic) 2
dickkopf 1 homolog (Xenopus laevis)
syntaxin 7

nuclear receptor coactivator 7
ubiquitin-conjugating enzyme E2E 4 pseudogene
myosin, heavy chain 14, non-muscle

BCL2-associated athanogene 3
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2

hCG2003663
uncharacterized LOC100130539
leucine rich repeat protein 1

ankyrin repeat domain 42
COX11 cytochrome c oxidase assembly homolog (yeast)
RNA, U4atac small nuclear (U12-dependent splicing)
chromosome 20 open reading frame 27 pseudogene
histamine N-methyltransferase
isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) beta
synaptosomal-associated protein, 23kDa
breast cancer metastasis suppressor 1
interferon regulatory factor 7
AHNAK nucleoprotein 2
ribosomal protein L15

tetraspanin 11
kelch-like ECH-associated protein 1
pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 1
CNKSR family member 3
ribosomal protein L4

neurobeachin-like 1
chromosome 17 open reading frame 76
poly (ADP-ribose) polymerase family, member 14
CTP synthase II

chromobox homolog 1
ribosomal protein L22
phosphodiesterase 4D interacting protein

neuroblastoma breakpoint family, member 6
glutathione S-transferase mu 1
nucleobindin 1
SH3-domain GRB2-like 1 pseudogene 2

retinol saturase (all-trans-retinol 13,14-reductase)

ribosomal protein S10
EPH receptor A4
transcription elongation factor A (SII)-like 1
fermitin family member 2
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class V
zinc finger and SCAN domain containing 12 pseudogene 1
uncharacterized LOC344595
RELT-like 2
transmembrane channel-like 4
neurensin 2
ribosomal RNA processing 1 homolog (*S. cerevisiae*)
zinc finger, MYND-type containing 17

cyclin-dependent kinase inhibitor 3
complement component 2
Alport syndrome, mental retardation, midface hypoplasia and elliptocytosis chromosomal region gene
ankyrin repeat domain 44
aldo-keto reductase family 1, member B1 (aldose reductase)
uncharacterized LOC100130236
WD repeat domain 3
uncoupling protein 2 (mitochondrial, proton carrier)
chloride channel Ka

RAD52 homolog (*S. cerevisiae*)
actin related protein 2/3 complex, subunit 5, 16kDa

HAUS augmin-like complex, subunit 2
uncharacterized LOC646743
methionyl aminopeptidase 2

ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 2
mitogen-activated protein kinase kinase 5
ribosomal protein SA
PPAN-P2RY11 readthrough
Fanconi anemia, complementation group D2
mitochondrial ribosomal protein L36

zinc finger protein 786

AT rich interactive domain 5A (MRF1-like)
uncharacterized LOC150185

glutamate receptor, ionotropic, kainate 4
barrier to autointegration factor 1
chromodomain helicase DNA binding protein 9
T-box 19
calcium channel, voltage-dependent, L type, alpha 1C subunit
methyltransferase like 2B
chromosome 21 open reading frame 88
hook homolog 3 (Drosophila)
integral membrane protein 2C
chromosome 21 open reading frame 96
ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 1
acidic (leucine-rich) nuclear phosphoprotein 32 family, member A
uncharacterized LOC728978

ribosomal protein S18
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R
zinc finger protein pseudogene
PHD finger protein 15

talin 2
G2/M-phase specific E3 ubiquitin protein ligase
vascular endothelial growth factor B

acid phosphatase-like 2
interleukin 15
ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 1
Rab9 effector protein with kelch motifs
musashi homolog 2 (Drosophila)
seven in absentia homolog 1 (Drosophila)
RAN binding protein 2
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 6
small nuclear ribonucleoprotein 40kDa (U5)
small Cajal body-specific RNA 17
chromosome 11 open reading frame 95
cell division cycle associated 5
zinc finger protein 318
uncharacterized LOC100289379
uncharacterized LOC91948

zinc finger protein 14 homolog (mouse)
reticulocalbin 2, EF-hand calcium binding domain
FLJ44715 gene product
unc-51-like kinase 2 (C. elegans)
uncharacterized LOC389831
I(3)mbt-like 1 (Drosophila)
apolipoprotein O
chromosome 12 open reading frame 52
uncharacterized LOC100287314
scavenger receptor class F, member 2
chromosome 11 open reading frame 35
double homeobox 4 like 4
claudin 16
transforming growth factor, beta receptor III
differentially expressed in FDCP 8 homolog (mouse)
cytoskeleton-associated protein 4
spectrin, beta, erythrocytic
myosin VI
BEN domain containing 3
leucine-rich repeat kinase 1
IGF-like family receptor 1
tropomyosin 3

uncharacterized LOC100132249
ARP1 actin-related protein 1 homolog B, centractin beta (yeast)
leucine-rich repeats and death domain containing 1
trafficking protein particle complex 1
ABO blood group (transferase A, alpha 1-3-N-acetylgalactosaminyltransferase; transferase B, alpha :
Sad1 and UNC84 domain containing 2
ORM1-like 3 (S. cerevisiae)
cytoskeleton associated protein 2
enolase-phosphatase 1
hairy and enhancer of split 6 (Drosophila)
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N
zinc finger protein 641
mitochondrial ribosomal protein L14
podocan-like 1
histamine N-methyltransferase

ubiquinol-cytochrome c reductase, Rieske iron-sulfur polypeptide 1
sorting nexin 9

pyruvate dehydrogenase kinase, isozyme 2

v-raf murine sarcoma 3611 viral oncogene homolog 2, pseudogene
tetraspanin 4
DiGeorge syndrome critical region gene 14
eukaryotic translation initiation factor 5B
pitrilysin metallopeptidase 1

zinc finger protein 618

uncharacterized LOC100132183
patatin-like phospholipase domain containing 2
mitochondrial ribosomal protein L13
stromal antigen 3-like 4
mitochondrial ribosomal protein L32
C-type lectin domain family 7, member A
family with sequence similarity 18, member B1
MIF4G domain containing
hypoxia inducible lipid droplet-associated

zinc finger protein 398
ectodermal-neural cortex 1 (with BTB-like domain)
INO80 complex subunit C
ATPase, Ca⁺⁺ transporting, plasma membrane 4
ring finger protein 8

small nucleolar RNA, H/ACA box 11
family with sequence similarity 122B
peptidylprolyl isomerase C (cyclophilin C)
protease, serine, 8

uncharacterized LOC100506374

MKL/myocardin-like 2
uncharacterized LOC401357
MANSC domain containing 1
chromosome 5 open reading frame 20
Hermansky-Pudlak syndrome 4

potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 13
solute carrier family 15, member 4

tetratricopeptide repeat domain 38
nitric oxide associated 1
ribosomal protein S27

strawberry notch homolog 2 (Drosophila)
mitogen-activated protein kinase 3
immature colon carcinoma transcript 1
G protein-coupled receptor 25

G protein-coupled receptor 17
thymocyte selection-associated high mobility group box
ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 1
purine-rich element binding protein B
zinc finger protein 880
voltage-dependent anion channel 1

WD repeat domain 76
v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian)-like 1

ribosomal protein S7

chromosome 19 open reading frame 66
ERO1-like beta (*S. cerevisiae*)

toll interacting protein
coagulation factor II (thrombin) receptor-like 1
QKI, KH domain containing, RNA binding
uncharacterized LOC100505787
abhydrolase domain containing 14B
inositol-tetrakisphosphate 1-kinase
uncharacterized LOC100506930
eukaryotic translation initiation factor 4E family member 2
abhydrolase domain containing 13
Jun dimerization protein 2
B double prime 1, subunit of RNA polymerase III transcription initiation factor IIIB
cytochrome b5 type A (microsomal)
lipocalin 8
cyclin G2
phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 4
keratin 8
DNAJC27 antisense RNA 1 (non-protein coding)
small nucleolar RNA, C/D box 45A
ankyrin repeat domain 27 (VPS9 domain)
prostaglandin E synthase 2

family with sequence similarity 20, member C
family with sequence similarity 21, member C
C-type lectin domain family 12, member B
REX1, RNA exonuclease 1 homolog (*S. cerevisiae*)-like 1
Fas (TNFRSF6) associated factor 1

YjeF N-terminal domain containing 3

homeobox A10
fatty acyl CoA reductase 1
pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 5
ankyrin repeat domain 13B
small Cajal body-specific RNA 9

calmodulin regulated spectrin-associated protein family, member 2
spermatogenesis associated 7

chromosome 3 open reading frame 65
phosphatase and actin regulator 2
raftlin, lipid raft linker 1

phosphatidylinositol binding clathrin assembly protein
progesterone and adiponectin receptor family member III
zinc finger protein 22 (KOX 15)
NODAL modulator 1
RFT1 homolog (*S. cerevisiae*)
enoyl CoA hydratase domain containing 3
ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 1
zinc finger, AN1-type domain 3

solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 8
chromosome 1 open reading frame 86
uncharacterized LOC145837

chromosome 2 open reading frame 3

nucleus accumbens associated 1, BEN and BTB (POZ) domain containing

tenascin XB

serologically defined colon cancer antigen 8

nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding)
ribosomal protein S29
matrix metalloproteinase 15 (membrane-inserted)
uncharacterized LOC100505666
origin recognition complex, subunit 1
uncharacterized LOC338817
uncharacterized LOC100652951
nucleoporin 35kDa
cannabinoid receptor interacting protein 1

uncharacterized LOC100289509
ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase L5
fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 2A
developmentally regulated GTP binding protein 1
CD7 molecule
programmed cell death 1
BTB (POZ) domain containing 3

dynein, axonemal, heavy chain 14
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily A, member 3
WD repeat domain 73
chromosome 20 open reading frame 132
CASK interacting protein 1
tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 12
mitochondrial ribosomal protein L20

syntaxin 1A (brain)
myocyte enhancer factor 2A
zinc finger protein 551
uncharacterized LOC399844
DEK oncogene

unc-119 homolog B (C. elegans)
mitochondrial ribosomal protein L10
Na⁺/K⁺ transporting ATPase interacting 3
uncharacterized LOC644277
zinc finger protein 451
serine/threonine kinase 32B
centriolin
leucine-rich PPR-motif containing
UBAC2 antisense RNA 1 (non-protein coding)
putative uncharacterized protein FLJ44672-like
transcriptional regulating factor 1

methylthioribose-1-phosphate isomerase homolog (*S. cerevisiae*)
mutL homolog 3 (*E. coli*)
sterile alpha motif domain containing 9-like
family with sequence similarity 22, member A
podoplanin
TBC1 domain family, member 15
telomerase RNA component
BET3 like (*S. cerevisiae*)
CDK5 regulatory subunit associated protein 1-like 1
bolA homolog 2B (*E. coli*)
cullin-associated and neddylation-dissociated 2 (putative)
NTF2-like export factor 1
spindlin 1
zinc finger protein 343
monoamine oxidase A
inositol-trisphosphate 3-kinase A
armadillo repeat containing, X-linked 6
dishevelled, dsh homolog 1 (*Drosophila*)
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 19
transmembrane protein 30A
transcription elongation factor A (SII)-like 2
uncharacterized locus MGC42157

retbindin
chromosome 6 open reading frame 48

protein FAM27D1-like
histone cluster 2, H2bf
uridine monophosphate synthetase
uncharacterized LOC728323
translocase of outer mitochondrial membrane 6 homolog (yeast)
abhydrolase domain containing 11
ubiquitin specific peptidase 32 pseudogene 2
WD repeat domain 92
myelin protein zero-like 3
fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 2A
AT rich interactive domain 5B (MRF1-like)
HOXA transcript antisense RNA, myeloid-specific 1 (non-protein coding)
chromosome 11 open reading frame 51
ribosomal protein L23
B9 protein domain 1
interferon induced transmembrane protein 10

Vpr (HIV-1) binding protein

transmembrane protein 53
androgen-induced 1
TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, D, 41kDa
B melanoma antigen family, member 4
methyltransferase like 15
chromosome 17 open reading frame 87
TBCC domain containing 1

interleukin 2 receptor, gamma
cleavage stimulation factor, 3' pre-RNA, subunit 2, 64kDa
G protein-coupled receptor, family C, group 5, member C
MOB kinase activator 1A
target of myb1 (chicken)-like 1
RAS-like, family 10, member A
chromosome 2 open reading frame 49
proline-rich protein BstNI subfamily 3

small nuclear ribonucleoprotein polypeptide G

chromosome 22 open reading frame 28
solute carrier family 22, member 15
chromosome 1 open reading frame 170
KIAA1468
solute carrier family 18 (vesicular monoamine), member 2

leucine rich repeat containing 61
mannosidase, beta A, lysosomal-like
mitochondrial ribosomal protein L10

protein FRG1-like
endogenous Bornavirus-like nucleoprotein 2 pseudogene
zinc finger, CCHC domain containing 6
sex comb on midleg-like 2 (Drosophila)

nitric oxide synthase 3 (endothelial cell)
peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 1
uncharacterized LOC100289019
nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 9
zinc finger protein 730
olfactory receptor, family 10, subfamily Z, member 1
tripartite motif containing 62
peroxisome proliferator-activated receptor delta

ankyrin repeat domain 35
uncharacterized LOC285419

CDK5 regulatory subunit associated protein 1
uncharacterized LOC100131231

activin A receptor, type I
BSD domain containing 1
organic solute carrier partner 1
uncharacterized protein BC001742
solute carrier family 16, member 7 (monocarboxylic acid transporter 2)
eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 5 epsilon, 82kDa
HD domain containing 2

ermin, ERM-like protein
IKAROS family zinc finger 4 (Eos)
erythrocyte membrane protein band 4.1-like 1
chromosome 8 open reading frame 55

AT-hook transcription factor
miR-17-92 cluster host gene (non-protein coding)
uncharacterized LOC100128703
uncharacterized protein DKFZp547L112
potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 6
uncharacterized LOC100652791
caveolin 2
uncharacterized LOC100131551
CDC28 protein kinase regulatory subunit 1B
testis-specific kinase 2
protein kinase, AMP-activated, alpha 1 catalytic subunit

junctophilin 3
formiminotransferase cyclodeaminase
pinin, desmosome associated protein
tyrosyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial
CD2 molecule
family with sequence similarity 168, member B
TRAF3 interacting protein 3
coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 3
DDHD domain containing 2
gephyrin
mitochondrial fission process 1
UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-like 4

defective in sister chromatid cohesion 1 homolog (*S. cerevisiae*)
prohibitin 2
eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1
uncharacterized LOC100652947
mediator complex subunit 22
splicing factor 3b, subunit 3, 130kDa
transglutaminase 2 (C polypeptide, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase)
zinc finger CCCH-type containing 14
inositol(myo)-1(or 4)-monophosphatase 2
proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 3
solute carrier family 38, member 1
adenylate kinase 2
ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 7
NudC domain containing 2
ribosomal protein L18
transmembrane protein 39A
tight junction protein 3 (zona occludens 3)
uncharacterized protein DKFZP434I0714
exocyst complex component 6
uncharacterized LOC100128019
cytoplasmic linker associated protein 1

PYD and CARD domain containing

jagunal homolog 1 (*Drosophila*)
scavenger receptor cysteine rich domain containing (5 domains)
Tctex1 domain containing 2

high mobility group nucleosomal binding domain 2
CAS1 domain containing 1
Kruppel-like factor 6
uncharacterized LOC100127888
cyclin-dependent kinase 2 associated protein 1

eosinophil peroxidase
ubiquitin-conjugating enzyme E2R 2
kinesin family member 1B
zinc finger protein 157
EF-hand calcium binding domain 5

translin-associated factor X
threonine synthase-like 1 (*S. cerevisiae*)
mastermind-like 3 (*Drosophila*)

suppressor of variegation 3-9 homolog 2 (*Drosophila*)
chromosome 6 open reading frame 106
thioredoxin reductase 1
hemoglobin, mu
polyamine oxidase (exo-N4-amino)
E2F transcription factor 3
MUS81 endonuclease homolog (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC100526771

serum response factor binding protein 1
ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 3
uncharacterized LOC100505687
protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 11
phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 1 (alpha)
glutathione S-transferase kappa 1
cyclin N-terminal domain containing 1
cat eye syndrome chromosome region, candidate 1
uncharacterized LOC100133286
long intergenic non-protein coding RNA 426
coiled-coil domain containing 78
prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 2
gem (nuclear organelle) associated protein 8 pseudogene 4
sel-1 suppressor of lin-12-like (*C. elegans*)
actin binding LIM protein 1
chromosome 19 open reading frame 67
zinc finger protein 33A
phosphatase and tensin homolog
tripartite motif containing 34
hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 12
BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3
uncharacterized LOC100506252

keratin associated protein 1-3
KTI12 homolog, chromatin associated (*S. cerevisiae*)

microtubule-associated protein 1 light chain 3 beta
pleckstrin homology domain containing, family J member 1
COX4 neighbor
nuclear undecaprenyl pyrophosphate synthase 1 homolog (*S. cerevisiae*)

pentraxin 3, long
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1
frizzled-related protein

protein phosphatase 1, catalytic subunit, alpha isozyme
peroxisomal biogenesis factor 7
diacylglycerol kinase, alpha 80kDa

nucleolar protein 11
centromere protein H
G protein-coupled receptor 182
family with sequence similarity 166, member A

docking protein 7

MyoD family inhibitor

glutamate receptor, ionotropic, delta 2 (Grid2) interacting protein
Rieske (Fe-S) domain containing
heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 2, pseudogene
uncharacterized LOC401264
CCCTC-binding factor (zinc finger protein)
lymphocyte antigen 96
H2B histone family, member X, pseudogene

uncharacterized LOC100507351
cytokine receptor-like factor 3
chromosome 19 open reading frame 40
BRCA2 and CDKN1A interacting protein
transcription factor Dp-2 (E2F dimerization partner 2)
inositol(myo)-1(or 4)-monophosphatase 2
DIS3 mitotic control homolog (*S. cerevisiae*)-like 2
TAR DNA binding protein
tudor and KH domain containing
colony stimulating factor 2 receptor, beta, low-affinity (granulocyte-macrophage)

chromosome 14 open reading frame 118
ribosomal protein S23
protease, serine, 57
chemokine (C-X-C motif) ligand 12
CDC14 cell division cycle 14 homolog C (*S. cerevisiae*)
mucin 6, oligomeric mucus/gel-forming
lysozyme G-like 1

mediator complex subunit 24
chromosome 14 open reading frame 1
adenosine kinase
DENN/MADD domain containing 4A

nucleolin
chromosome 4 open reading frame 27
tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta polypeptide

suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein)
trans-2,3-enoyl-CoA reductase
cofilin 1 (non-muscle)

chromosome 17 open reading frame 105

interleukin 18 receptor accessory protein
MAD2 mitotic arrest deficient-like 1 (yeast)
cartilage acidic protein 1
gastrin
zinc finger protein 732
chromosome X open reading frame 56
chimerin (chimaerin) 2
methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like
proteasome (prosome, macropain) activator subunit 4
torsin family 2, member A
praja ring finger 1
zinc finger protein 800
basic helix-loop-helix family, member e23

uncharacterized LOC100128593
proline-rich coiled-coil 2B
uncharacterized LOC113230
interleukin 27 receptor, alpha
chromosome 7 open reading frame 49
WAS protein family, member 1
replication factor C (activator 1) 5, 36.5kDa
uncharacterized LOC285286
branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide
syntaxin 16
ribosomal protein L7a
calnexin

uncharacterized LOC256880

forkhead box K1

v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 1 (avian)

Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1-like 1

trinucleotide repeat containing 18

pim-2 oncogene

chromosome 1 open reading frame 159

phosphodiesterase 4D interacting protein

membrane-bound transcription factor peptidase, site 2

fidgetin-like 2

uncharacterized LOC401320

ribosomal protein L13 pseudogene 5

CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) small phosphatase 2

hepatitis A virus cellular receptor 2

acyl-CoA oxidase 3, pristanoyl

striatin, calmodulin binding protein

kinesin family member 23

zinc finger protein 493

zinc finger protein 468

torsin A interacting protein 1

family with sequence similarity 57, member B

peptidase (mitochondrial processing) alpha

uncharacterized LOC100506995

uncharacterized LOC401320

polymerase (RNA) I polypeptide D, 16kDa

UNC homeobox

ankyrin repeat domain 20 family, member A9, pseudogene

mitochondrial ribosomal protein S18B

uncharacterized LOC100506930

KIAA1430

major histocompatibility complex, class II, DO alpha

paxillin

potassium voltage-gated channel, Shal-related subfamily, member 3

transmembrane protein 101

tripartite motif containing 27

transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase

WW and C2 domain containing 2

poly (ADP-ribose) polymerase family, member 10
prostaglandin reductase 2

unc-93 homolog B1 (C. elegans)

pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) kinase
activating transcription factor 7 interacting protein
poly (ADP-ribose) polymerase 2

dystrobrevin binding protein 1
chromosome 18 open reading frame 10
DNA-damage-inducible transcript 3
FUN14 domain containing 1
ribosomal protein L14
ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 8
echinoderm microtubule associated protein like 5
protein tyrosine phosphatase, receptor type, R
TPTE pseudogene
immunoglobulin superfamily, member 8
DEAD (Asp-Glu-Ala-As) box polypeptide 19A
mucin 20, cell surface associated

zinc finger protein 876, pseudogene

protein regulator of cytokinesis 1
cell division cycle 20 homolog (S. cerevisiae)
dihydrouridine synthase 2-like, SMM1 homolog (S. cerevisiae)

PHD finger protein 20-like 1
integrin, alpha E (antigen CD103, human mucosal lymphocyte antigen 1; alpha polypeptide)
uncharacterized LOC728012
F-box protein 22
phospholipid scramblase 4
tetraspanin 14
laminin, alpha 4
hect domain and RLD 6

RasGEF domain family, member 1A
NLR family member X1

leucine rich repeat containing 37B
hect domain and RLD 2
uncharacterized LOC642852
solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3

chromosome 5 open reading frame 27
bromodomain adjacent to zinc finger domain, 2A
Rab acceptor 1 (prenylated)
myotubularin related protein 10
tryptase delta 1
peptidyl-tRNA hydrolase domain containing 1
G protein-coupled receptor 68
solute carrier family 30 (zinc transporter), member 6
apolipoporphins-like

CDKN2A interacting protein N-terminal like
flavin containing monooxygenase 5
AT rich interactive domain 5A (MRF1-like)
glutamine rich 2

translocase of inner mitochondrial membrane 23 homolog (yeast)
polo-like kinase 5
transmembrane protein 115
uncharacterized LOC100652838
uncharacterized LOC728054
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit K
uncharacterized protein LOC100287482
RAS-like, family 11, member B
tenascin XB
chemokine (C-X-C motif) ligand 16
serine peptidase inhibitor, Kazal type 14 (putative)

disrupted in renal carcinoma 1
DDB1 and CUL4 associated factor 6

early B-cell factor 3
eukaryotic translation termination factor 1
early B-cell factor 3
chromosome 8 open reading frame 67
chromosome 4 open reading frame 33
chromosome 18 open reading frame 63

Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 1

ariadne homolog, ubiquitin-conjugating enzyme E2 binding protein, 1 (Drosophila)
sterol regulatory element binding transcription factor 1
Ras suppressor protein 1
homeobox A11
WD repeat containing, antisense to TP53
pituitary tumor-transforming 1 interacting protein
clusterin associated protein 1
methylmalonic aciduria (cobalamin deficiency) cblC type, with homocystinuria
methyltransferase like 21A
protein phosphatase 1, regulatory subunit 26
metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding)
replication factor C (activator 1) 1, 145kDa
uncharacterized LOC100506312
cholinergic receptor, muscarinic 2

atlastin GTPase 2
chromosome 2 open reading frame 74
transmembrane protein 136
chromosome 6 open reading frame 228
chloride channel 5

uncharacterized LOC197187

BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3
apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3G
ribosomal protein S28
sirtuin 5
fragile X mental retardation, autosomal homolog 1
zinc finger protein 629
carbohydrate sulfotransferase 10
kinesin family member 11

arginine vasopressin-induced 1
uncharacterized LOC643669
chromosome 7 open reading frame 40
ADAM metalloproteinase domain 1, pseudogene

septin 14
origin recognition complex, subunit 6
chromosome 11 open reading frame 74
ribosomal protein S15a
apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3B

netrin G2
family with sequence similarity 153, member B

apolipoprotein L, 6
cyclin-dependent kinase-like 4
tyrosyl-DNA phosphodiesterase 1
folliculin
zinc finger with KRAB and SCAN domains 2
InaD-like (Drosophila)

signal recognition particle receptor, B subunit
spindle assembly 6 homolog (C. elegans)
protein phosphatase 1, regulatory subunit 18
membrane associated guanylate kinase, WW and PDZ domain containing 3
reticulon 4 interacting protein 1
uncharacterized LOC440149
THO complex 2

CCR4-NOT transcription complex, subunit 7

excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 1 (includes c
HOXB13 antisense RNA 1 (non-protein coding)
chromosome 10 open reading frame 107
caudal type homeobox 1
transducer of ERBB2, 2 pseudogene 1

chromosome 16 open reading frame 61
chromosome 20 open reading frame 141
zinc finger protein 75D
ankyrin repeat domain 30A
interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor)
general transcription factor IIA, 1, 19/37kDa
transmembrane 4 L six family member 1

CENPB DNA-binding domains containing 1
suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein)
F-box protein 5
golgin B1
solute carrier family 38, member 1
fructosamine 3 kinase related protein
DiGeorge syndrome critical region gene 6-like

N(alpha)-acetyltransferase 60, NatF catalytic subunit

biorientation of chromosomes in cell division 1
ribosomal protein L26
GM2 ganglioside activator
laminin, beta 2 (laminin S)
uncharacterized LOC400657
fibroblast growth factor binding protein 2
MYCN opposite strand/antisense RNA (non-protein coding)
glycogen synthase kinase 3 beta
palladin, cytoskeletal associated protein
high mobility group nucleosome binding domain 1

BTB (POZ) domain containing 9
RNA (guanine-9-) methyltransferase domain containing 2
family with sequence similarity 196, member B
ankyrin repeat domain containing gene
zinc finger protein 584

Sjogren syndrome/scleroderma autoantigen 1

partner of NOB1 homolog (*S. cerevisiae*)
IQ motif and Sec7 domain 3
complement component 2
KIAA1430
glycosyltransferase 8 domain containing 1
malate dehydrogenase 1, NAD (soluble)
sorbin and SH3 domain containing 3
kelch domain containing 8B
chimerin (chimaerin) 2
uncharacterized LOC440432
peptide YY, 2 (seminalplasmin)
uncharacterized LOC145788
DENN/MADD domain containing 3
aldehyde dehydrogenase 2 family (mitochondrial)
RAS p21 protein activator (GTPase activating protein) 1
uncharacterized LOC100652764

ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, alpha subunit 1, cardiac muscle
ash2 (absent, small, or homeotic)-like (*Drosophila*)
uncharacterized LOC388152
CD300 molecule-like family member b
ribosomal protein L23a

protein tyrosine phosphatase, receptor type, C
jerky homolog-like (mouse)
signal peptide, CUB domain, EGF-like 1
ribosomal protein S29
phosphodiesterase 1C, calmodulin-dependent 70kDa
cell division cycle 27 homolog (*S. cerevisiae*)
vascular endothelial growth factor A

exocyst complex component 2
prefoldin subunit 6
zinc finger protein 823
transcription termination factor, RNA polymerase II

chromosome 3 open reading frame 22
von Willebrand factor-like
activin A receptor, type IIA
chromosome 1 open reading frame 106
RWD domain containing 1
glycerophosphodiester phosphodiesterase domain containing 5
transmembrane protein 126B
LysM, putative peptidoglycan-binding, domain containing 1
uncharacterized LOC100506844

UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase 1
retinol dehydrogenase 10 (all-trans)
family with sequence similarity 83, member D
transmembrane emp24-like trafficking protein 10 (yeast)
snurportin 1
metallothionein 1L (gene/pseudogene)
tetraspanin 12
period homolog 3 (*Drosophila*)
uncharacterized LOC100505577
BCL2-associated athanogene 2

dihydrolipoamide S-succinyltransferase (E2 component of 2-oxo-glutarate complex)
succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp)

adaptor protein, phosphotyrosine interaction, PH domain and leucine zipper containing 2

guanine monophosphate synthetase
Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 3
BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3

uncharacterized LOC401106
upstream transcription factor 2, c-fos interacting
intermediate filament family orphan 1
ribosomal protein L10
dead end homolog 1 (zebrafish)
chemokine-like receptor 1
B-cell translocation gene 1, anti-proliferative
kinase D-interacting substrate, 220kDa
NLR family, CARD domain containing 3

ENO1 antisense RNA 1 (non-protein coding)
suppressor of cancer cell invasion
uncharacterized LOC100128979
hCG2028352-like
Ras and Rab interactor 2
RNA binding motif protein, X-linked-like 1
CCHC-type zinc finger, nucleic acid binding protein
mitochondrial ribosomal protein L39

uncharacterized LOC100507747

pancreatic polypeptide receptor 1

small nucleolar RNA, H/ACA box 22
trace amine associated receptor 5
small nucleolar RNA, C/D box 114-13
ring finger protein 5

reticulon 3
notch 2
retinoblastoma binding protein 9
cytochrome P450, family 26, subfamily C, polypeptide 1
chemokine (C-C motif) ligand 16
RAP1 GTPase activating protein 2

NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 6
family with sequence similarity 59, member B
chromosome 20 open reading frame 118
zinc finger E-box binding homeobox 2
HMP19 protein
D-tyrosyl-tRNA deacylase 1 homolog (*S. cerevisiae*)
argininosuccinate synthase 1

SMAD family member 6
uncharacterized LOC646778
alcohol dehydrogenase, iron containing, 1

uncharacterized LOC401320
methyltransferase like 12
G protein-coupled receptor 56
ciliary rootlet coiled-coil, rootletin
zinc finger protein 654
FAST kinase domains 2
ribosomal protein L39
telomeric repeat binding factor 2

eukaryotic translation initiation factor 2A, 65kDa
chaperonin containing TCP1, subunit 4 (delta)
X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P) 3, putative
uncharacterized LOC400955
KIAA1841
major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1
proline-rich protein BstNI subfamily 1
zinc finger protein 296
WT1 antisense RNA (non-protein coding)
uncharacterized LOC643783
calcium and integrin binding family member 3
chromodomain helicase DNA binding protein 1-like
RNA (guanine-9-) methyltransferase domain containing 1
nucleobindin 2
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, assembly factor 4
uncharacterized LOC100129112
numb homolog (Drosophila)-like
SH3-domain binding protein 2
DBF4 homolog (S. cerevisiae)
zinc finger protein 71
RAB44, member RAS oncogene family
transketolase-like 1
peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 beta
postmeiotic segregation increased 2-like 2 pseudogene
far upstream element (FUSE) binding protein 3
interleukin 18 receptor 1
uncharacterized LOC100128361
ankyrin repeat and zinc finger domain containing 1

alkaline phosphatase, placental-like 2
cysteine-rich with EGF-like domains 2

ataxin 10

coiled-coil domain containing 86
small nucleolar RNA, C/D box 18C
ribosomal protein L5

flap structure-specific endonuclease 1
uncharacterized LOC100130654
neurotrophin receptor associated death domain, pseudogene
golgi-associated, gamma adaptin ear containing, ARF binding protein 3
dedicator of cytokinesis 1
N-methylpurine-DNA glycosylase
chromosome 12 open reading frame 11
ring finger protein 103
uncharacterized protein LOC100287482
aryl hydrocarbon receptor
TRAF3 interacting protein 2
neuroguidin, EIF4E binding protein
uncharacterized LOC645427
inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 3
uncharacterized LOC100507475

sterile alpha motif domain containing 3
mitochondrial ribosomal protein L32

forkhead box A1
interleukin 9 receptor
ATPase, class V, type 10D
solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 7
homeodomain interacting protein kinase 2
tropomyosin 1 (alpha)
HIV-1 Tat specific factor 1 pseudogene 2
IQ motif containing D
ZW10, kinetochore associated, homolog (Drosophila)
complement component 1, s subcomponent
integral membrane protein 2C
ribosomal protein SA pseudogene 52
uncharacterized LOC100288432
calcium channel, voltage-dependent, gamma subunit 6

rhomboid, veinlet-like 1 (Drosophila)

olfactory receptor, family 52, subfamily K, member 2
transmembrane protein 79
chromosome 5 open reading frame 15
von Willebrand factor
nucleoporin 37kDa

decapping enzyme, scavenger
butyrophilin-like 9
laminin, beta 3
leucine zipper, putative tumor suppressor 2
SID1 transmembrane family, member 2
KRR1, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast)
tribbles homolog 2 (Drosophila)
galactosamine (N-acetyl)-6-sulfate sulfatase

uncharacterized protein PRO2852
uncharacterized LOC151657
arginyl aminopeptidase (aminopeptidase B)-like 1
uncharacterized FLJ31715
resistance to inhibitors of cholinesterase 8 homolog A (C. elegans)
ring finger protein 217
peroxisomal membrane protein 2, 22kDa
uncharacterized LOC100507259
transmembrane and coiled-coil domains 3

mitochondrial ribosomal protein L23
small nucleolar RNA, C/D box 45B
CCR4-NOT transcription complex, subunit 3
RNA binding motif protein, X-linked
schlafen-like 1

ATG9 autophagy related 9 homolog A (S. cerevisiae)
cell division cycle 37 homolog (S. cerevisiae)

RAN guanine nucleotide release factor
oocyte expressed protein homolog (dog)
SET domain containing 3
TEN1 telomerase capping complex subunit homolog (S. cerevisiae)
Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 4

transferrin receptor (p90, CD71)
zinc finger protein 28
NLR family, pyrin domain containing 1
2'-5'-oligoadenylate synthetase 3, 100kDa

protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member b
zinc finger protein 706
ribosomal protein L26-like 1

small nucleolar RNA host gene 1 (non-protein coding)
RNA binding motif protein 19
ubiquitin domain containing 2

myotubularin related protein 14
activity-dependent neuroprotector homeobox
small ILF3/NF90-associated RNA G1
RAB28, member RAS oncogene family
ribosomal protein L5
aminoacyl tRNA synthetase complex-interacting multifunctional protein 2
ADP-ribosylation factor 3
I(3)mbt-like 1 (Drosophila)
chromosome 9 open reading frame 23
hect domain and RLD 2
G protein-coupled receptor 146
metallothionein 2A
lumican
nurim (nuclear envelope membrane protein)

SUMO1/sentrin specific peptidase 7
ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 2

alanine-glyoxylate aminotransferase 2-like 2

fibroblast growth factor binding protein 3
Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor (CD32)
exportin 5
WD repeat domain 77
transmembrane protein 99
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 2

small nuclear ribonucleoprotein polypeptides B and B1

golgi reassembly stacking protein 1, 65kDa
galactokinase 1
chromosome 12 open reading frame 47
dynamin binding protein
small nuclear ribonucleoprotein 25kDa (U11/U12)
ribosomal protein L18a
ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 3

gem (nuclear organelle) associated protein 2

solute carrier family 35, member F5
phosphorylated adaptor for RNA export
potassium channel tetramerisation domain containing 18
TBC1 domain family, member 3G

uncharacterized LOC401149
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 21
LY6/PLAUR domain containing 3
calpain 11
PHD finger protein 21B

ribosomal protein S8
vomeronasal 1 receptor 1
SEC14 and spectrin domains 1
ribosomal protein S15a

biogenesis of lysosomal organelles complex-1, subunit 3

transcription factor EB
B-cell CLL/lymphoma 2
long intergenic non-protein coding RNA 85
dispatched homolog 2 (Drosophila)
transmembrane protein 238

uncharacterized LOC401471

1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 4 (lysophosphatidic acid acyltransferase, delta)
uromodulin-like 1
MEF2 activating motif and SAP domain containing transcriptional regulator
shugoshin-like 2 (S. pombe)
Ral GEF with PH domain and SH3 binding motif 1

MON1 homolog B (yeast)
microtubule-associated protein 4
basic transcription factor 3-like 4
proline rich 15
neuromedin U receptor 1

Morf4 family associated protein 1
RNA binding motif, single stranded interacting protein 1
ribosomal protein S10
RAB guanine nucleotide exchange factor (GEF) 1
RAD18 homolog (*S. cerevisiae*)
carbonic anhydrase XI
gap junction protein, gamma 1, 45kDa
DENN/MADD domain containing 3
neuropilin 2
mitochondrial amidoxime reducing component 1
phosphoserine aminotransferase 1

phosphate cytidyltransferase 1, choline, alpha
retinoic acid receptor, alpha
ribosomal protein SA
ankyrin repeat domain 57 pseudogene
uncharacterized LOC100507351
signal transducer and activator of transcription 1, 91kDa
NADPH oxidase 3
BRO1 domain and CAAX motif containing
polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide B, 140kDa
uncharacterized LOC100508383
ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial Fo complex, subunit C3 (subunit 9)
DICER1 antisense RNA (non-protein coding)
phosphodiesterase 4A, cAMP-specific
mex-3 homolog D (*C. elegans*)
SLAM family member 6
ring finger protein 167

GDP dissociation inhibitor 1
KAT8 regulatory NSL complex subunit 3
olfactory receptor, family 13, subfamily G, member 1
mediator complex subunit 21
purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 5
jumonji domain containing 5
kyphoscoliosis peptidase
tubulin, alpha 1a
OTU domain containing 7B
polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide F
KH domain containing, RNA binding, signal transduction associated 1
neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 3
aldehyde dehydrogenase 1 family, member L2
thyroid hormone receptor, alpha

claudin 10
SURP and G patch domain containing 2

uncharacterized LOC100506844
ribosomal protein S10 pseudogene 7
OIP5 antisense RNA 1 (non-protein coding)

ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 6
zinc finger, DHHC-type containing 20

aminoacyl tRNA synthetase complex-interacting multifunctional protein 1

tripartite motif containing 22
long intergenic non-protein coding RNA 493
heat shock 10kDa protein 1 (chaperonin 10)
PR domain containing 5
chromosome 15 open reading frame 39
uncharacterized LOC100506342
serine hydroxymethyltransferase 1 (soluble)
ankyrin repeat domain 20 family, member A3 pseudogene
HIRA interacting protein 3
phosphoglycerate mutase family member 5
eukaryotic translation initiation factor 1A, X-linked
chromosome 8 open reading frame 71
CTD nuclear envelope phosphatase 1
paired-like homeodomain 1

uncharacterized LOC197187

KIAA0090
methylmalonic aciduria (cobalamin deficiency) cblA type
dihydrouridine synthase 1-like (*S. cerevisiae*)
tubulin, beta 3 class III
zinc finger protein 540
ubiquitin specific peptidase 33
protein tyrosine phosphatase-like A domain containing 1
protein phosphatase 2, regulatory subunit A, beta
family with sequence similarity 133, member B

ribosomal protein L6
chromosome 20 open reading frame 30
chromosome 17 open reading frame 48
uncharacterized LOC100506659
THO complex 5
alanyl-tRNA synthetase
low density lipoprotein receptor-related protein 11
Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 2
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal accessory protein 1-like
pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) phosphatase
metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding)

lipoma HMGIC fusion partner-like 4
HERPUD family member 2
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 4
calmodulin-like 6
chromosome 4 open reading frame 27
keratin 10
kelch domain containing 7B
replication protein A3, 14kDa
MTERF domain containing 2
creatine kinase, brain
spleen tyrosine kinase
nuclear transcription factor Y, gamma
chymotrypsinogen B2
uncharacterized LOC100129203
lymphocyte antigen 9

ring finger protein (C3H2C3 type) 6

leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 3
tubulin, alpha 1c

chromosome 2 open reading frame 43
SRY (sex determining region Y)-box 13

erythrocyte membrane protein band 4.1-like 3
chromosome 14 open reading frame 99
chromosome 20 open reading frame 107

formin-like 1
peroxiredoxin 3

defensin, alpha 4, corticostatin
sorting nexin 29
PDZ and LIM domain 7 (enigma)
BCL2-like 2
Cas-Br-M (murine) ecotropic retroviral transforming sequence
serine/threonine kinase 33
proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase, 3
chromosome 6 open reading frame 162

secretoglobin, family 3A, member 1
junctophilin 4
v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog A (avian)
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 11
apolipoprotein M
ybeY metalloproteinase (putative)

membrane bound O-acyltransferase domain containing 1

SEC24 family, member B (*S. cerevisiae*)
CDC-like kinase 1

keratinocyte proline-rich protein

homeodomain interacting protein kinase 3

histone cluster 3, H2a
zinc finger protein 532
liver expressed antimicrobial peptide 2
zinc finger, DHHC-type containing 9

ribosomal protein L10-like
ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1

uncharacterized LOC400955
Williams Beuren syndrome chromosome region 27
coronin, actin binding protein, 2A

prohibitin

uncharacterized LOC100509100
sodium channel, nonvoltage-gated 1, delta

uncharacterized LOC100129196
methyl CpG binding protein 2 (Rett syndrome)
La ribonucleoprotein domain family, member 4B

ankyrin repeat domain 12
Lym7 homolog (mouse)
uncharacterized LOC399744
myosin binding protein C, cardiac

sialic acid binding Ig-like lectin 1, sialoadhesin

activating transcription factor 3
zinc finger protein 498
transferrin receptor 2
inositol polyphosphate-5-phosphatase F
interleukin 1 receptor-like 1
Zwilch, kinetochore associated, homolog (Drosophila)
zinc finger protein 337
ribosomal protein S6
chromosome X open reading frame 69
CSE1 chromosome segregation 1-like (yeast)
collagen, type VI, alpha 4 pseudogene 2
limb region 1 homolog (mouse)
axin interactor, dorsalization associated
taste receptor, type 2, member 20
uncharacterized LOC339988
5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase

cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 2, mitochondrial

heat shock 70kDa protein 4

histocompatibility (minor) 13
histone deacetylase 9
guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3

insulin-like growth factor binding protein 7

family with sequence similarity 123C
chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 2
uncharacterized LOC100130430
chemokine (C-C motif) ligand 24
mitochondrial ribosomal protein L19

mitochondrial ribosomal protein L37
Rho GTPase activating protein 5
asparagine-linked glycosylation 1-like
CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), delta
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 like 2
CD55 molecule, decay accelerating factor for complement (Cromer blood group)
chromosome 16 open reading frame 7
CUE domain containing 1

uncharacterized LOC440918
mago-nashi homolog B (Drosophila)
zinc finger protein 81
KN motif and ankyrin repeat domains 1
ciliary rootlet coiled-coil, rootletin
NSFL1 (p97) cofactor (p47)
asialoglycoprotein receptor 2
ubiquitin specific peptidase 21
general transcription factor IIH, polypeptide 4, 52kDa

ankyrin repeat and SOCS box containing 1
proline rich 13
NK1 homeobox 2

transmembrane protein 123
calcium binding protein 7
RAB GTPase activating protein 1
SH2 domain containing 2A

chromosome 1 open reading frame 43
zinc finger, CCHC domain containing 6
erythrocyte membrane protein band 4.2
nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin)
neurogenin 3
apolipoproteins-like
ribosomal L24 domain containing 1
recombination signal binding protein for immunoglobulin kappa J region
ficolin (collagen/fibrinogen domain containing lectin) 2 (hucolin)
uncharacterized LOC100134237

tRNA aspartic acid methyltransferase 1

minichromosome maintenance complex component 10
chromobox homolog 3 pseudogene 2
RAN, member RAS oncogene family

solute carrier family 29 (nucleoside transporters), member 1
NudC domain containing 1
uncharacterized locus MGC21881

Bcl2 modifying factor
v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 2

arginase, liver
uncharacterized LOC400043
nitrilase family, member 2
myosin phosphatase Rho interacting protein

Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 2
solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 4
hect domain and RLD 2

chromosome 19 open reading frame 26
uncharacterized LOC100506421
dynein, axonemal, assembly factor 2
BAI1-associated protein 2
meningioma expressed antigen 5 (hyaluronidase)
uncharacterized LOC100130238

collagen, type XXIII, alpha 1

chromosome 3 open reading frame 32
gliomedin
solute carrier family 41, member 3
coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 4
carbohydrate (N-acetylglucosamine 6-O) sulfotransferase 6
acyl-CoA dehydrogenase, short/branched chain
ubiquitin-conjugating enzyme E2D 1
amylase, alpha 1C (salivary)
activity-dependent neuroprotector homeobox
meiosis inhibitor 1
Meis homeobox 2

mannosidase, endo-alpha
family with sequence similarity 69, member B
chromosome 1 open reading frame 158
epithelial cell transforming sequence 2 oncogene

TCF3 (E2A) fusion partner (in childhood Leukemia)
enoyl-CoA delta isomerase 1
lipid phosphate phosphatase-related protein type 3

F-box protein 38
eukaryotic translation initiation factor 2 alpha kinase 4
chromosome 15 open reading frame 29
uncharacterized LOC100270804
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 2 (Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor
essential meiotic endonuclease 1 homolog 1 (S. pombe)
zinc finger and SCAN domain containing 20

pituitary tumor-transforming 3, pseudogene
ankyrin repeat domain 23
mitogen-activated protein kinase 8
EF-hand calcium binding domain 7
prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)

THAP domain containing, apoptosis associated protein 3 pseudogene

zinc finger and SCAN domain containing 2
2'-5'-oligoadenylate synthetase 3, 100kDa
cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 2, mitochondrial

coiled-coil domain containing 104
solute carrier family 34 (sodium phosphate), member 3
microspherule protein 1
apolipoprotein A-I binding protein
ribosomal protein SA
TRAF3 interacting protein 3
dynamin 1
fer (fps/fes related) tyrosine kinase
cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 1, cytosolic
zinc finger, DBF-type containing 2
epithelial membrane protein 2
uncharacterized LOC100505854
notch 2

t-complex 1
ribosomal protein L32 pseudogene 3
WD repeat domain 61
proteasome (prosome, macropain) inhibitor subunit 1 (PI31)

RNA binding motif protein 10
uncharacterized LOC100131129
cyclin G2
zinc finger protein 737

glutamate-ammonia ligase
ephrin-B1
protein-kinase, interferon-inducible double stranded RNA dependent inhibitor, repressor of (P58 re

pleckstrin and Sec7 domain containing 4
pellino homolog 2 (Drosophila)

target of EGR1, member 1 (nuclear)

regulating synaptic membrane exocytosis 3
zinc finger protein 644

cornichon homolog (Drosophila)
formin-like 2

neurochondrin
neuroguidin, EIF4E binding protein
lectin, mannose-binding 2
tetratricopeptide repeat domain 39B
phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate-dependent Rac exchange factor 1
myoferlin
mitochondrial ribosomal protein S34
replication factor C (activator 1) 2, 40kDa
small nucleolar RNA host gene 10 (non-protein coding)
zinc finger, AN1-type domain 5

glutaminase
pregnancy up-regulated non-ubiquitously expressed CaM kinase
uncharacterized LOC100130587
ral guanine nucleotide dissociation stimulator-like 1
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 4
secretagogin, EF-hand calcium binding protein

TSPY-like 4
HEAT repeat containing 6
nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 2

UbiA prenyltransferase domain containing 1
chromosome 20 open reading frame 201
distal-less homeobox 4
cyclin-dependent kinase-like 5
peroxisomal biogenesis factor 2

lipoma HMGIC fusion partner
transketolase
spinster homolog 1 (Drosophila)

canopy 3 homolog (zebrafish)
cyclin H
Sfi1 homolog, spindle assembly associated (yeast)
gamma-glutamyl hydrolase (conjugase, folylpolygammaglutamyl hydrolase)

sterile alpha motif domain containing 3

signal recognition particle 19kDa

eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon 1
dolichol kinase
sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 1
protein arginine methyltransferase 3

UBX domain protein 8
fibronectin type III and ankyrin repeat domains 1
ubiquitin-like modifier activating enzyme 2
chromosome 20 open reading frame 27
small Cajal body-specific RNA 15

myosin phosphatase Rho interacting protein
uncharacterized LOC148189
zinc finger, AN1-type domain 5

PHD finger protein 19
FGFR1 oncogene partner 2
C-type lectin domain family 4, member D
ataxin 7-like 1
uncharacterized LOC100289627
uncharacterized LOC100132874

PITH (C-terminal proteasome-interacting domain of thioredoxin-like) domain containing 1
zinc finger protein 322
chromosome alignment maintaining phosphoprotein 1

SAP domain containing ribonucleoprotein
interferon regulatory factor 2
ketohehexokinase (fructokinase)

dihydrofolate reductase
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A2/B1
apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3C
geminin, DNA replication inhibitor
anti-Mullerian hormone receptor, type II

zinc finger with KRAB and SCAN domains 5

TPTE pseudogene
uncharacterized LOC100505683
uncharacterized LOC25845
glycerol-3-phosphate acyltransferase, mitochondrial
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 5 (trithorax homolog, Drosophila)
1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 4 (lysophosphatidic acid acyltransferase, delta)
retinol dehydrogenase 13 (all-trans/9-cis)
CD109 molecule
chromosome 3 open reading frame 71
uncharacterized LOC387723
uncharacterized LOC100128703
spermatogenesis associated 5
ceroid-lipofuscinosis, neuronal 3
dysbindin (dystrobrevin binding protein 1) domain containing 2
zinc finger and BTB domain containing 42
angio-associated, migratory cell protein
ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 1
coiled-coil and C2 domain containing 2B

uncharacterized LOC729678
methionyl aminopeptidase 2
EF-hand domain (C-terminal) containing 2
spinster homolog 3 (Drosophila)
oxytocin receptor
CD8b molecule
uncharacterized LOC646719
protocadherin gamma subfamily A, 7

golgi autoantigen, golgin subfamily a, 6 pseudogene

zinc finger, MYND-type containing 12
germ cell associated 1
tubulin, beta 4B class IVb
chromosome 11 open reading frame 24

ubiquinol-cytochrome c reductase complex chaperone
spindlin family, member 3
sterile alpha motif domain containing 8

KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 3

DNA (cytosine-5-)-methyltransferase 1
upstream transcription factor 2, c-fos interacting

uncharacterized LOC100130456
family with sequence similarity 60, member A
N-sulfoglucosamine sulfohydrolase
UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 7 (GalNAc-T7)
bone marrow stromal cell antigen 2

androgen-induced 1
archaelysin family metallopeptidase 2 pseudogene 1
profilin 1 pseudogene 2

amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family B, member 2
uncharacterized LOC151534
family with sequence similarity 183, member A
mitochondrial ribosomal protein S11
protocadherin gamma subfamily B, 4
peptidyl arginine deiminase, type II
NHP2 non-histone chromosome protein 2-like 1 (*S. cerevisiae*)
carboxylesterase 1
prokineticin 2

ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 6
nei endonuclease VIII-like 3 (*E. coli*)
RAN binding protein 2

uncharacterized LOC100507351
WD repeat domain 46
regulator of G-protein signaling 5
RCAN family member 3
uncharacterized LOC100289230
zinc finger protein 497
furry homolog (Drosophila)
polycomb group ring finger 3
zinc finger protein 358
uncharacterized LOC100653017
CUGBP, Elav-like family member 6
chromosome 16 open reading frame 7
matrix metalloproteinase 28

osteoclast associated, immunoglobulin-like receptor
chromosome 1 open reading frame 52
zinc finger protein 451
UFM1-specific peptidase 2

pyruvate dehydrogenase phosphatase catalytic subunit 1
differentially expressed in FDCP 8 homolog (mouse)

phospholipase A2, group X
uncharacterized LOC100130476
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 6
beta-carotene oxygenase 2
GPN-loop GTPase 2
sphingomyelin phosphodiesterase 2, neutral membrane (neutral sphingomyelinase)
ribosomal protein S10

chromosome 11 open reading frame 57
uncharacterized LOC401320
family with sequence similarity 54, member A

golgin B1
fibronectin type III domain containing 3B
ribosomal protein S28
visual system homeobox 1
chemokine (C-C motif) receptor 5
transient receptor potential cation channel, subfamily V, member 2
transmembrane 7 superfamily member 2
makorin ring finger protein 1

synaptogyrin 1
serine/threonine kinase 24
actin, gamma 2, smooth muscle, enteric pseudogene
solute carrier family 48 (heme transporter), member 1

low density lipoprotein receptor class A domain containing 3
replication protein A1, 70kDa

dedicator of cytokinesis 5
dipeptidyl-peptidase 3
ring finger protein 145
2-oxoglutarate and iron-dependent oxygenase domain containing 2
small nucleolar RNA, C/D box 114-2
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2
ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 38kDa, V0 subunit d1
uncoupling protein 3 (mitochondrial, proton carrier)

protein (peptidylprolyl cis/trans isomerase) NIMA-interacting, 4 (parvulin)
ELL associated factor 2
transmembrane 7 superfamily member 4

regulator of chromosome condensation (RCC1) and BTB (POZ) domain containing protein 1
ecotropic viral integration site 2B
uncharacterized LOC440028

heat shock 70kDa protein 12A
ankyrin repeat domain 57 pseudogene
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 11
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like
chromosome 14 open reading frame 43
chromatin accessibility complex 1

tubulointerstitial nephritis antigen-like 1
peroxisomal trans-2-enoyl-CoA reductase
peptidase D
Rho GTPase activating protein 30
double homeobox 4
dCMP deaminase
phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1-like 1
KIAA0415
serine peptidase inhibitor, Kazal type 1
long intergenic non-protein coding RNA 355

lysophospholipase II
mitogen-activated protein kinase 6
coiled-coil domain containing 111
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit I
sphingosine-1-phosphate phosphatase 1

scavenger receptor class F, member 1
unc-5 homolog B (C. elegans)
chromosome 9 open reading frame 5
calcineurin-like phosphoesterase domain containing 1
hypoxia up-regulated 1
glucosidase, alpha; acid
ring finger protein 114
coiled-coil domain containing 144A
pleckstrin homology domain containing, family A member 5
ankyrin repeat domain 20 family, member A2
TPTE pseudogene
UBA domain containing 1
haloacid dehalogenase-like hydrolase domain containing 3
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3 pseudogene
asp (abnormal spindle) homolog, microcephaly associated (Drosophila)

forkhead box P4

uncharacterized LOC100506802
small nucleolar RNA, C/D box 114-30
BCL2-associated transcription factor 1
basic helix-loop-helix domain containing, class B, 9

UDP-glucose ceramide glucosyltransferase
leucine zipper protein 1
furry homolog (Drosophila)
caveolin 2
pyrophosphatase (inorganic) 1
myelin protein zero-like 3
lactate dehydrogenase B

phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class W
NS3BP

ubiquitin specific peptidase 19
transglutaminase 2 (C polypeptide, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase)
UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 3

melanoma antigen family F, 1
eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 2
breast carcinoma amplified sequence 3

chromosome 12 open reading frame 43

promyelocytic leukemia
microcephalin 1
trafficking protein, kinesin binding 1
AF4/FMR2 family, member 1

phosphotriesterase related

topoisomerase (DNA) II alpha 170kDa

uncharacterized LOC643770

MTOR associated protein, LST8 homolog (*S. cerevisiae*)
protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member A
developmental pluripotency associated 4

golgi integral membrane protein 4
Morf4 family associated protein 1-like 1 pseudogene
golgi-associated PDZ and coiled-coil motif containing
RAS protein activator like 2
ring finger protein 10
ELOVL fatty acid elongase 6
profilin 1 pseudogene 2
uncharacterized LOC440149
glutamate receptor, ionotropic, kainate 3
retinoblastoma binding protein 5

FAD-dependent oxidoreductase domain containing 2
phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1

family with sequence similarity 131, member A
ring finger protein 43
myxovirus (influenza virus) resistance 1, interferon-inducible protein p78 (mouse)
spermatogenesis associated 2
ribosomal protein S16
transforming growth factor, beta receptor II (70/80kDa)
membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 14

ARP3 actin-related protein 3 homolog B (yeast) pseudogene 5
ribosomal protein S18
RNA, 28S ribosomal 1
FP7915 protein
chromosome 2 open reading frame 18
ankyrin repeat domain 57 pseudogene
v-abl Abelson murine leukemia viral oncogene homolog 2
ankyrin repeat and LEM domain containing 2
polymerase (DNA-directed), delta 3, accessory subunit

EMG1 nucleolar protein homolog (*S. cerevisiae*)
uncharacterized MGC13053
chromosome 9 open reading frame 102
chromodomain helicase DNA binding protein 4
mitogen-activated protein kinase kinase 6
nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding)
multiple EGF-like-domains 8
solute carrier family 25, member 13 (citrin)
chromosome 7 open reading frame 30
sPLA/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 3
brain-specific angiogenesis inhibitor 2
hairy and enhancer of split 6 (*Drosophila*)
uncharacterized LOC550112
tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase
COX10 homolog, cytochrome c oxidase assembly protein, heme A: farnesyltransferase (yeast)

centriolin
protein phosphatase 2, regulatory subunit B', alpha

coagulation factor C homolog, cochlin (*Limulus polyphemus*)
family with sequence similarity 105, member B

uncharacterized LOC100129447

UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 1
homolog of rat pragma of Rnd2
septin 14
UDP glucuronosyltransferase 2 family, polypeptide B7

ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 10

superkiller viralicidic activity 2-like 2 (*S. cerevisiae*)
cytochrome c-1

polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide K, 12.3 kDa
CWC22 spliceosome-associated protein homolog (*S. cerevisiae*)
MIRLET7B host gene (non-protein coding)
KIAA1984
keratin 9
SH3 domain containing 21
olfactory receptor, family 10, subfamily H, member 2
N(alpha)-acetyltransferase 30, NatC catalytic subunit
TP53 regulating kinase
ring finger protein 219
MAK16 homolog (*S. cerevisiae*)

tetra-peptide repeat homeobox 1
estrogen receptor binding site associated, antigen, 9
zinc finger and BTB domain containing 41

transmembrane protein 14C
stromal cell derived factor 4

apoptosis antagonizing transcription factor

diacylglycerol O-acyltransferase 1
adenylosuccinate synthase like 1

small nucleolar RNA, C/D box 113-2
sulfotransferase family 4A, member 1
ATPase, Ca⁺⁺ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2
nipsnap homolog 3B (*C. elegans*)
N-acyl phosphatidylethanolamine phospholipase D
CDC-like kinase 3
DENN/MADD domain containing 4C
uncharacterized LOC253573
cullin 1

calcium binding protein 39-like
signal recognition particle 72kDa

8-oxoguanine DNA glycosylase
SP100 nuclear antigen

chromosome 11 open reading frame 10
uncharacterized LOC100508202

uncharacterized LOC100652950
chromosome 2 open reading frame 28
RPA interacting protein
cAMP responsive element binding protein 5
uncharacterized LOC283861
beta-site APP-cleaving enzyme 2
Ts translation elongation factor, mitochondrial
STAM binding protein
uncharacterized LOC100507462
surfactant associated 1, pseudogene
high mobility group box 3 pseudogene 1
chemokine (C-C motif) receptor 7
FAD1 flavin adenine dinucleotide synthetase homolog (*S. cerevisiae*)
coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 5
synaptic vesicle glycoprotein 2A

dual specificity phosphatase 15
chromosome 1 open reading frame 111
mal, T-cell differentiation protein
inositol-trisphosphate 3-kinase B
ribosomal protein L11
glycerophosphodiester phosphodiesterase domain containing 1
metallothionein 1A
zinc finger protein 366
uncharacterized LOC286052
programmed cell death 2-like
SET and MYND domain containing 3
upstream binding transcription factor, RNA polymerase I
potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 1
ELAV (embryonic lethal, abnormal vision, *Drosophila*)-like 4 (Hu antigen D)
membrane-associated ring finger (C3HC4) 1
family with sequence similarity 83, member G
dopamine receptor D5
uncharacterized LOC100506301
pyrophosphatase (inorganic) 1
interleukin 2 receptor, beta
protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type I, alpha (tissue specific extinguisher 1)

endoplasmic reticulum-golgi intermediate compartment (ERGIC) 1

lysosomal-associated membrane protein 1

zinc finger, FYVE domain containing 28
amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile)
immunoglobulin superfamily, member 1

mitochondrial ribosomal protein L15
PARK2 co-regulated-like
uncharacterized LOC401357
chromosome 11 open reading frame 9
centriolar coiled coil protein 110kDa

RNA binding motif protein 34
COMM domain containing 6
LYR motif containing 4
synovial sarcoma translocation, chromosome 18
transmembrane protein 125
ribosomal protein S6 kinase, 52kDa, polypeptide 1
uncharacterized LOC100306951
potassium channel modulatory factor 1
leucine zipper transcription factor-like 1
Fc fragment of IgG, high affinity Ib, receptor (CD64)
neuromedin B
natural killer cell group 7 sequence
peptidase M20 domain containing 2
phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class S
uncharacterized LOC100287628
polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide I, 14.5kDa

MON2 homolog (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 36, C3H type-like 1
SLAIN motif family, member 1
uncharacterized LOC100506930
uncharacterized LOC100507584
RAD51 associated protein 1
uridine-cytidine kinase 1-like 1
sialic acid binding Ig-like lectin 8
endonuclease G
FLJ46552 protein
KN motif and ankyrin repeat domains 3

transmembrane anterior posterior transformation 1
Rho GTPase activating protein 5
glutamic-oxaloacetic transaminase 1, soluble (aspartate aminotransferase 1)
zinc finger, HIT-type containing 6
transmembrane protein 203

STT3, subunit of the oligosaccharyltransferase complex, homolog A (*S. cerevisiae*)
zinc finger, MYND-type containing 15
chloride channel, nucleotide-sensitive, 1A

transmembrane protein 81
family with sequence similarity 150, member B
chromosome 11 open reading frame 46
RAD50 homolog (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 91 pseudogene
flavin containing monooxygenase 5

chromosome 16 open reading frame 80
oxysterol binding protein-like 1A
B-cell CLL/lymphoma 6

retinoic acid induced 1
von Willebrand factor
LY6/PLAUR domain containing 6B
zinc finger protein 326
CDC28 protein kinase regulatory subunit 2

chromosome 9 open reading frame 173
retinoblastoma binding protein 7
zinc finger protein 460
small nucleolar RNA, C/D box 126
uncharacterized LOC100505994
KIAA1530
ubiquitin specific peptidase 31
uncharacterized LOC100505657

centrosome and spindle pole associated protein 1
solute carrier family 38, member 1
oligophrenin 1
tryptase gamma 1
wingless-type MMTV integration site family, member 5B
ubiquitin-conjugating enzyme E2S

CREB regulated transcription coactivator 3
protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type I, beta
uncharacterized LOC100133123
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila)
runt-related transcription factor 1
mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase
toll-like receptor 4

basigin (Ok blood group)

PHD finger protein 23

CCR4-NOT transcription complex, subunit 7
septin 10
NADH dehydrogenase, subunit 6 (complex I)
armadillo repeat containing 10

ribosomal L1 domain containing 1
uncharacterized LOC729614
ladybird homeobox 2
NOP2/Sun domain family, member 5
ATP/GTP binding protein-like 5
2-oxoglutarate and iron-dependent oxygenase domain containing 1

uncharacterized LOC100287628
coiled-coil domain containing 144A
tachykinin receptor 2
dolichyl-phosphate (UDP-N-acetylglucosamine) N-acetylglucosaminylphosphotransferase 1 (GlcNAc-

Der1-like domain family, member 3
calicin
ring finger protein 222
N-acetylglutamate synthase

v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog (avian)
tubulin, alpha 3d
zinc finger, FYVE domain containing 28
glutamic pyruvate transaminase (alanine aminotransferase) 2
potassium channel tetramerisation domain containing 6
zinc finger and BTB domain containing 9

forkhead box N2

ArfGAP with RhoGAP domain, ankyrin repeat and PH domain 2

SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like
mediator complex subunit 25

SET and MYND domain containing 4

alkaline phosphatase, placental

hematological and neurological expressed 1

hyaluronan-mediated motility receptor (RHAMM)

far upstream element (FUSE) binding protein 3

eukaryotic translation initiation factor 3, subunit E

tubulin, beta 2B class IIb

TBC1 domain family, member 5

adenosine deaminase-like

downstream neighbor of SON

Fas apoptotic inhibitory molecule

family with sequence similarity 118, member A

nuclear casein kinase and cyclin-dependent kinase substrate 1

tubulin tyrosine ligase-like family, member 7

uncharacterized LOC100128869

small nuclear ribonucleoprotein D2 polypeptide 16.5kDa

dishevelled, dsh homolog 2 (Drosophila)

uncharacterized LOC401286

torsin A interacting protein 2

asparagine-linked glycosylation 1-like 2

uncharacterized LOC100288911

COX11 cytochrome c oxidase assembly homolog (yeast)

uncharacterized LOC100505501

uncharacterized LOC283624

ectodysplasin A2 receptor

cyclin B1 interacting protein 1, E3 ubiquitin protein ligase

small nucleolar RNA, C/D box 47

metallothionein 1E

uncharacterized LOC283624

v-Ki-ras2 Kirsten rat sarcoma viral oncogene homolog

keratin associated protein 10-12
membrane-associated ring finger (C3HC4) 4
transmembrane protein 205
kinesin family member 4A

kelch-like 26 (*Drosophila*)

dual specificity phosphatase 12
sphingomyelin phosphodiesterase 3, neutral membrane (neutral sphingomyelinase II)
ribosomal protein L10a
carbonyl reductase 3

RAD1 homolog (*S. pombe*)
protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1A
tripartite motif containing 37
microtubule associated monooxygenase, calponin and LIM domain containing 3

small ILF3/NF90-associated RNA C4
antagonist of mitotic exit network 1 homolog (*S. cerevisiae*)
ornithine aminotransferase
olfactory receptor, family 6, subfamily W, member 1 pseudogene
zinc finger protein 81
PHD finger protein 20
uncharacterized LOC100129572
Rho GTPase activating protein 4
keratin associated protein 19-5
K(lysine) acetyltransferase 7

uncharacterized LOC100131015
CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) phosphatase, subunit 1
uncharacterized LOC378805
sorting nexin 10

KIAA0101
ubiquitin specific peptidase 34
C-type lectin domain family 4, member C
MT-RNR2-like 2
chromosome 8 open reading frame 58
asteroid homolog 1 (*Drosophila*)
loss of heterozygosity, 12, chromosomal region 2

acetyl-CoA acyltransferase 2
minichromosome maintenance complex binding protein
uncharacterized LOC202781
uncharacterized LOC100506622

transforming growth factor, alpha

zinc finger, BED-type containing 6
ubiquitin specific peptidase 47
indolethylamine N-methyltransferase
solute carrier family 16, member 10 (aromatic amino acid transporter)
uncharacterized LOC100131831
mitochondrial ribosomal protein S27
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E
ribosomal protein SA
TGFB-induced factor homeobox 1
uncharacterized LOC541471
mitochondrial translation optimization 1 homolog (*S. cerevisiae*)
B7 homolog 6
TPTE pseudogene
uncharacterized LOC440900
glutamate decarboxylase 1 (brain, 67kDa)
serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 2
uncharacterized LOC100505483
glutamate decarboxylase 1 (brain, 67kDa)
far upstream element (FUSE) binding protein 1
iroquois homeobox 5
family with sequence similarity 124B
ribosomal protein S15a
malignant T cell amplified sequence 1

calsyntenin 3
serine/arginine repetitive matrix 1
uncharacterized LOC100507672
HEAT repeat containing 7A
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 16
C19orf29 antisense RNA 1 (non-protein coding)
AE binding protein 1

F-box and WD repeat domain containing 2
armadillo repeat containing 10
ribosomal protein L29
B-cell CLL/lymphoma 7C
nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor-like 1

WD repeat domain 1
tissue specific transplantation antigen P35B
family with sequence similarity 188, member B
transmembrane emp24 protein transport domain containing 5
NK2 homeobox 5
transducin (beta)-like 1 X-linked receptor 1
general transcription factor IIIC, polypeptide 2, beta 110kDa
chromatin target of PRMT1
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4

chromosome 8 open reading frame 37
proline rich 5 like
uncharacterized LOC100130800

double homeobox 4 like 9
solute carrier family 35, member E2B

dual specificity phosphatase 18
MT-RNR2-like 10
serine/arginine repetitive matrix 3
protein tyrosine phosphatase, mitochondrial 1
CWC27 spliceosome-associated protein homolog (*S. cerevisiae*)
calpastatin
IMP4, U3 small nucleolar ribonucleoprotein, homolog (yeast)
phosphodiesterase 4D interacting protein pseudogene

major facilitator superfamily domain containing 3
enolase 3 (beta, muscle)
centrosomal protein 44kDa
e3 ubiquitin-protein ligase HERC2-like
matrix-remodelling associated 7
La ribonucleoprotein domain family, member 4

ribokinase
uncharacterized LOC100506301
crystallin, zeta (quinone reductase)
suppressor of cytokine signaling 6
transmembrane protein 63B

uncharacterized LOC400968
stomatin (EPB72)-like 2
leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1

FLJ13773

nuclear transcription factor, X-box binding-like 1
pleckstrin and Sec7 domain containing 4
phosphatase and actin regulator 1

family with sequence similarity 120B
fibroblast growth factor 3
family with sequence similarity 65, member C
lactate dehydrogenase A
frizzled family receptor 3
engulfment and cell motility 2

serine dehydratase

trans-golgi network protein 2
chromosome 1 open reading frame 53
chromosome 21 open reading frame 63
deoxyribonuclease I-like 3
uncharacterized LOC100132077
nuclear protein localization 4 homolog (*S. cerevisiae*)
GTPase, very large interferon inducible pseudogene 1
apoptosis, caspase activation inhibitor
ankyrin repeat and SOCS box containing 10
uncharacterized LOC730202

transmembrane protein 31
vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2)
v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog A (avian)
phosphatidylinositol-specific phospholipase C, X domain containing 2

crystallin, alpha A
transmembrane protein 108
TBC1 (tre-2/USP6, BUB2, cdc16) domain family, member 1
translin
ERGIC and golgi 3
four and a half LIM domains 2
E2F transcription factor 7
uncharacterized LOC400128
surfactant protein A2
cyclin T1
bromodomain PHD finger transcription factor
ADP-ribosylation factor-like 6 interacting protein 1

sprouty homolog 1, antagonist of FGF signaling (Drosophila)
phosphodiesterase 9A
1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 4 (lysophosphatidic acid acyltransferase, delta)
polybromo 1
polo-like kinase 3
anaphase promoting complex subunit 2
signaling lymphocytic activation molecule family member 1

growth hormone inducible transmembrane protein
A kinase (PRKA) anchor protein (yotiao) 9
chromodomain helicase DNA binding protein 2
transmembrane protein 22
butyrophilin, subfamily 2, member A1
myosin VIIA and Rab interacting protein
zinc finger with UFM1-specific peptidase domain
lysine (K)-specific demethylase 6A
coiled-coil domain containing 50
lysophosphatidic acid receptor 2
tonsoku-like, DNA repair protein
GULP, engulfment adaptor PTB domain containing 1

coenzyme Q6 homolog, monooxygenase (*S. cerevisiae*)
phosphodiesterase 4D, cAMP-specific

glutaredoxin 3

F-box and leucine-rich repeat protein 20
uncharacterized LOC100133161
uncharacterized LOC100129186
sortilin-related receptor, L(DLR class) A repeats containing
long intergenic non-protein coding RNA 173
serine carboxypeptidase 1
chloride intracellular channel 5
Mdm2 p53 binding protein homolog (mouse)
E2F transcription factor 4, p107/p130-binding

adducin 1 (alpha)
lethal giant larvae homolog 2 (Drosophila)
carnitine O-octanoyltransferase
plasminogen activator, urokinase
KIAA1586
uncharacterized LOC157860

taste receptor, type 1, member 3
KIAA0040
XIAP associated factor 1
intraflagellar transport 81 homolog (Chlamydomonas)
WAP four-disulfide core domain 3
cadherin, EGF LAG seven-pass G-type receptor 1 (flamingo homolog, Drosophila)
lamin B1
resistance to inhibitors of cholinesterase 8 homolog B (C. elegans)

uncharacterized LOC100506075
chromobox homolog 4
HIV-1 Tat specific factor 1
small G protein signaling modulator 3
cystinosin, lysosomal cystine transporter
solute carrier family 16, member 4 (monocarboxylic acid transporter 5)
solute carrier family 25 (mitochondrial carrier, Aralar), member 12
phosphoenolpyruvate carboxykinase 2 (mitochondrial)
angiogenic factor with G patch and FHA domains 1

chromosome 3 open reading frame 33
nascent-polypeptide-associated complex alpha polypeptide pseudogene 1
OCIA domain containing 2

placenta-specific 9 pseudogene
putative golgin subfamily A member 6-like protein 6-like

calpain 10
Mediterranean fever
uncharacterized LOC283547
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 11a, NFKB activator

stress-associated endoplasmic reticulum protein family member 2
zinc finger CCCH-type, antiviral 1-like
solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2
Rho/Rac guanine nucleotide exchange factor (GEF) 2
discs, large homolog 1 (Drosophila)
tubulin, gamma 1
family with sequence similarity 150, member B
SH3 and multiple ankyrin repeat domains 3
uncharacterized LOC100131089
RNA, 28S ribosomal 1

uncharacterized protein MGC20647
COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 7A (Arabidopsis)
dysferlin, limb girdle muscular dystrophy 2B (autosomal recessive)
ribosomal protein L29
uncharacterized LOC79100

protein kinase C, gamma

ankyrin repeat and IBR domain containing 1
SPC25, NDC80 kinetochore complex component, homolog (*S. cerevisiae*)
kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 6
aspartyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial
myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle
cytokine receptor-like factor 2
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit L
zinc finger protein 547
leptin receptor
uncharacterized LOC401149
cyclin Y-like 1
uncharacterized LOC100216545

zinc finger protein 528
Kallmann syndrome 1 sequence
mastermind-like 1 (*Drosophila*)

NACC family member 2, BEN and BTB (POZ) domain containing
chromosome 14 open reading frame 166B pseudogene

ubiquitin protein ligase E3 component n-recognin 7 (putative)
diablo, IAP-binding mitochondrial protein
mitochondrial ribosomal protein L3
CDC-like kinase 1
coronin, actin binding protein, 1B
endogenous retrovirus group FRD, member 2
component of oligomeric golgi complex 8
KIAA1432
KRIT1, ankyrin repeat containing
programmed cell death 6 pseudogene

ethanolaminephosphotransferase 1 (CDP-ethanolamine-specific)
mediator complex subunit 22
scavenger receptor cysteine rich domain containing (5 domains)
nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin)
TAF5-like RNA polymerase II, p300/CBP-associated factor (PCAF)-associated factor, 65kDa

leucine, glutamate and lysine rich 1

SIVA1, apoptosis-inducing factor
transcription elongation factor A (SII)-like 4
malonyl-CoA decarboxylase
HRAS-like suppressor family, member 5
notch 1
chromosome 8 open reading frame 83
chromosome 9 open reading frame 62
tetraspanin 10
zinc finger, DHHC-type containing 7

karyopherin (importin) beta 1
protein arginine methyltransferase 5

ADP-ribosylhydrolase like 1
ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 3
XIAP associated factor 1
chromosome 17 open reading frame 107

karyopherin (importin) beta 1

transgelin

ribosomal protein L13a

formyl peptide receptor 2
uncharacterized LOC100652804
uncharacterized LOC100288911
cytokine induced apoptosis inhibitor 1

UPF0607 protein ENSP00000381418-like
gamma-glutamyltransferase light chain 1
ribosomal protein L21
DMC1 dosage suppressor of mck1 homolog, meiosis-specific homologous recombination (yeast)
metallothionein 1X
uncharacterized LOC642361
aminomethyltransferase
thioredoxin domain containing 16

prostaglandin E receptor 3 (subtype EP3)

high mobility group nucleosomal binding domain 2

platelet-activating factor receptor

interleukin 1, beta

phorbol-12-myristate-13-acetate-induced protein 1

phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 2

solute carrier family 25, member 37

ankyrin repeat and SOCS box containing 13

XK, Kell blood group complex subunit-related family, member 9

gamma-glutamyltransferase light chain 1

NIPA-like domain containing 3

mitochondrial ribosomal protein S12

tumor suppressing subtransferable candidate 1

uncharacterized LOC100130876

long intergenic non-protein coding RNA 221

long intergenic non-protein coding RNA 339

chromosome 10 open reading frame 105

crystallin, alpha A

alpha-methylacyl-CoA racemase

KIAA1279

zinc finger with KRAB and SCAN domains 1

FOS-like antigen 2

zinc finger CCCH-type, antiviral 1

sperm autoantigenic protein 17

GNAS antisense RNA 1 (non-protein coding)

ankyrin repeat domain 20 family, member A1

NODAL modulator 1

uncharacterized LOC729424

RPA interacting protein

prostate stem cell antigen

UEV and lactate/malate dehydrogenase domains

solute carrier family 1 (neutral amino acid transporter), member 5

uncharacterized LOC152286

centromere protein O

ubiquitin carboxyl-terminal esterase L1 (ubiquitin thiolesterase)

interferon induced with helicase C domain 1

BTB (POZ) domain containing 2

EGF-like and EMI domain containing 1, pseudogene

histidine triad nucleotide binding protein 1

origin recognition complex, subunit 3

olfactory receptor, family 5, subfamily H, member 14

zinc finger, MYND-type containing 19

serine peptidase inhibitor, Kazal type 7 (putative)

nephronophthisis 4

RNA binding motif protein 47

pyrophosphatase (inorganic) 2

baculoviral IAP repeat containing 2

zinc finger protein 1 homolog (mouse)

oxidase (cytochrome c) assembly 1-like

zinc finger protein 323

NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 8, 19kDa

heat shock 10kDa protein 1 (chaperonin 10)

zinc finger protein 605

BRCA1 associated protein-1 (ubiquitin carboxy-terminal hydrolase)

trypsin domain containing 1

malate dehydrogenase 2, NAD (mitochondrial)

polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide D

ATG13 autophagy related 13 homolog (*S. cerevisiae*)

glucocorticoid induced transcript 1

parathyrosin

nucleotide binding protein 2

zinc finger protein 29, pseudogene

6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 3

nuclear transcription factor, X-box binding 1

v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog G (avian)

chromosome 5 open reading frame 63

prominin 1

desert hedgehog

polyglutamine binding protein 1

PDS5, regulator of cohesion maintenance, homolog A (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 82 homolog (mouse)
uncharacterized LOC100508120
fascin homolog 2, actin-bundling protein, retinal (*Strongylocentrotus purpuratus*)
Ras association (RalGDS/AF-6) and pleckstrin homology domains 1
mannosidase, endo-alpha-like
immunity-related GTPase family, Q

AHNAK nucleoprotein
ribosomal protein L30
NIF3 NGG1 interacting factor 3-like 1 (*S. cerevisiae*)
chromosome 20 open reading frame 112
beta-site APP-cleaving enzyme 1
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 14
THAP domain containing 11
golgin A6 family-like 1
COMM domain containing 2

transcription factor Dp family, member 3
desmoglein 2

UPF0450 protein C17orf58-like
ribosomal protein L31

DOT1-like, histone H3 methyltransferase (*S. cerevisiae*)
chromosome 15 open reading frame 61
solute carrier family 4, sodium borate transporter, member 11
cell division cycle associated 7-like
protein prenyltransferase alpha subunit repeat containing 1
interferon-induced protein 44
interferon (alpha, beta and omega) receptor 1
chromosome 12 open reading frame 47
mex-3 homolog D (*C. elegans*)

guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1
uncharacterized LOC440330
zinc finger protein 367
hypoxanthine phosphoribosyltransferase 1
uncharacterized LOC400499
protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor gamma
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 11 (Gq class)
small nucleolar RNA, H/ACA box 56

mitochondrial ribosomal protein L38
CD177 molecule

opsin 3
metallothionein-like 5, testis-specific (tesmin)
unc-93 homolog B1 (C. elegans)
coiled-coil domain containing 115
quinoid dihydropteridine reductase
ribosomal protein S14
oligosaccharyltransferase complex subunit pseudogene 1

membrane-associated ring finger (C3HC4) 7
leukocyte immunoglobulin-like receptor subfamily B member 3-like

ankyrin repeat domain 20 family, member A2
FLJ46020 protein
propionyl CoA carboxylase, beta polypeptide
major facilitator superfamily domain containing 10
spinster homolog 2 (Drosophila)
phosphodiesterase 4D interacting protein
diacylglycerol kinase, beta 90kDa
transmembrane protein 222
angiotensin I converting enzyme (peptidyl-dipeptidase A) 1
coiled-coil domain containing 116
adaptor-related protein complex 4, mu 1 subunit
eukaryotic translation elongation factor 2
CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 5

RAP2A, member of RAS oncogene family
zinc finger, matrin-type 3

zinc finger and BTB domain containing 43

chromosome 15 open reading frame 40

asparagine-linked glycosylation 13 homolog (S. cerevisiae)
secernin 1
uncharacterized LOC286149
protein kinase C, zeta

doublecortin-like kinase 1
lysine (K)-specific demethylase 4A
DDB1 and CUL4 associated factor 12
putative uncharacterized protein FLJ44672-like

serine/arginine-rich splicing factor 10
ribosomal protein L24
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 6
PDLIM1 interacting kinase 1 like
phosphatidylserine decarboxylase
nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding)
aarF domain containing kinase 4

poly(A) binding protein interacting protein 1

defensin, beta 1
phosphatase, orphan 2
uncharacterized LOC158572
solute carrier family 17 (sodium-dependent inorganic phosphate cotransporter), member 7
chromosome 17 open reading frame 69
protein phosphatase 4, catalytic subunit

aarF domain containing kinase 3
FLJ43860 protein
uncharacterized LOC440137
DNA cross-link repair 1B
transcription factor CP2
synuclein, beta
RAN, member RAS oncogene family
RNA binding motif protein 8A
ubiquitin associated protein 2-like
translocase of inner mitochondrial membrane 8 homolog A (yeast)
HUS1 checkpoint homolog (*S. pombe*)
shroom family member 4
nuclear undecaprenyl pyrophosphate synthase 1 homolog (*S. cerevisiae*)
UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 6 (GalNAc-T6)
leukocyte specific transcript 1
uncharacterized LOC100506374
septin 7 pseudogene 2
ubiquitin specific peptidase 15
ubiquitin-conjugating enzyme E2C

KIAA0415

killer cell lectin-like receptor subfamily F, member 1

zinc finger protein 500

death inducer-obliterator 1

ribosomal protein S7

CDGSH iron sulfur domain 3

uncharacterized LOC100129195

interleukin 1 receptor, type I

U2 small nuclear RNA auxiliary factor 1

microtubule-actin crosslinking factor 1

PP565

HIRA interacting protein 3

leucine rich repeat containing 34

zinc finger and BTB domain containing 33

crystallin, mu

leucine rich repeat containing 58

family with sequence similarity 135, member A

NOBOX oogenesis homeobox

fucosyltransferase 7 (alpha (1,3) fucosyltransferase)

ZNF1 antisense RNA 1 (non-protein coding)

cyclin-dependent kinase 11B

RAD54 homolog B (*S. cerevisiae*)

oligonucleotide/oligosaccharide-binding fold containing 2B

ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 2

human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 3

tripartite motif containing 69

ClpP caseinolytic peptidase, ATP-dependent, proteolytic subunit homolog (*E. coli*)

uncharacterized LOC100506379

ets variant 4

translocase of outer mitochondrial membrane 70 homolog A (*S. cerevisiae*)

X-linked inhibitor of apoptosis

SDA1 domain containing 1

long intergenic non-protein coding RNA 315

uncharacterized LOC100506262

aquarius homolog (mouse)

integrin beta 1 binding protein 1

ubiquitin specific peptidase 6 (Tre-2 oncogene)

solute carrier family 35, member C1

tumor protein p53 inducible protein 11

tyrosine kinase 2
integrin, alpha X (complement component 3 receptor 4 subunit)
apoptosis-inducing, TAF9-like domain 1
myeloid leukemia factor 2
nucleoporin 98kDa
zinc finger protein 64 homolog (mouse)
hepatoma derived growth factor-like 1

collagen, type XXVII, alpha 1

histone cluster 1, H2ac

Ras association (RalGDS/AF-6) domain family (N-terminal) member 7
secretoglobin, family 1A, member 1 (uteroglobin)

THAP domain containing, apoptosis associated protein 2
ras homolog gene family, member Q
coronin 6

uncharacterized LOC100131138
testis-specific serine kinase substrate
radical S-adenosyl methionine domain containing 2
succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp)
chromosome 10 open reading frame 57
laccase (multicopper oxidoreductase) domain containing 1
nuclear transcription factor Y, alpha

late cornified envelope 1E
KCNQ1 downstream neighbor (non-protein coding)

golgin A1
uncharacterized LOC100506066
transmembrane protein 88B
OTU domain containing 4
peroxisomal biogenesis factor 14
zinc finger protein 581
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 5
programmed cell death 2 pseudogene
coiled-coil domain containing 117

discs, large (Drosophila) homolog-associated protein 5

sulfite oxidase

peptidylprolyl isomerase B (cyclophilin B)

ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 7

zinc finger protein 329

Kazal-type serine peptidase inhibitor domain 1

uncharacterized LOC729506

phospholysine phosphohistidine inorganic pyrophosphate phosphatase

glucosidase, beta (bile acid) 2

ribosomal protein S14

olfactory receptor, family 2, subfamily T, member 27

regulatory factor X-associated ankyrin-containing protein

BCL2-interacting killer (apoptosis-inducing)

dynein, axonemal, heavy chain 2

centrosomal protein 164kDa

Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1

uncharacterized LOC100506476

chromosome 18 open reading frame 23

YLP motif containing 1

protein phosphatase 6, regulatory subunit 2

vacuolar protein sorting 33 homolog B (yeast)

ribosomal protein S21

calponin 2

zinc finger protein 280C

hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 13

GTP cyclohydrolase 1

chromosome 15 open reading frame 40

uncharacterized LOC100499467

ribosomal protein L21

transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene 3

chromosome 18 open reading frame 56

small ILF3/NF90-associated RNA I

inositol polyphosphate-4-phosphatase, type II, 105kDa
solute carrier family 26 (sulfate transporter), member 2
WAS/WASL interacting protein family, member 1

deltex 3-like (Drosophila)
uncharacterized LOC100505501
chromosome 3 open reading frame 80
coiled-coil domain containing 28B
FLJ45684 locus

arylsulfatase D
golgin A8 family, member I, pseudogene
family with sequence similarity 50, member B
immunity-related GTPase family, M

actin binding LIM protein 1
CUB domain containing protein 1
chromosome 20 open reading frame 203
methyl-CpG binding domain protein 1
uncharacterized LOC100505738
ribosomal protein L29

LSM6 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*)

purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 2

calcyclin binding protein
synaptopodin
zinc finger protein 394
interleukin 13 receptor, alpha 1
heat-responsive protein 12
UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase-like 1
family with sequence similarity 108, member A1
zinc finger protein 879
cyclin Y

phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 5
uncharacterized LOC100272228
zinc finger and BTB domain containing 32
RNA binding motif protein 47
cyclin E2
ribosomal protein L29 pseudogene 2

C21orf91 overlapping transcript 1 (non-protein coding)
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 42

SH3-domain kinase binding protein 1
uncharacterized LOC400123
chromosome 10 open reading frame 88 pseudogene

proliferating cell nuclear antigen
GRIP1 associated protein 1
small nucleolar RNA host gene 13 (non-protein coding)

heme binding protein 1
ribonuclease, RNase A family, 13 (non-active)
MAP7 domain containing 3

N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, beta
cytochrome P450, family 4, subfamily F, polypeptide 12
metallothionein 1B
ribosomal protein S2
TDP-glucose 4,6-dehydratase
olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 156 pseudogene
neurensin 2
thioredoxin reductase 2
interleukin 6 receptor
synaptosomal-associated protein, 47kDa
hect domain and RLD 2 pseudogene 7
poly (ADP-ribose) polymerase family, member 8
glucose 6 phosphatase, catalytic, 3

DEP domain containing 1B
sushi domain containing 4
ferredoxin 1-like
uncharacterized LOC401320

KIAA1683
even-skipped homeobox 1
islet cell autoantigen 1, 69kDa
TRM2 tRNA methyltransferase 2 homolog A (*S. cerevisiae*)

pleckstrin and Sec7 domain containing 3

ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 3
zinc finger protein 777
jagged 2

malate dehydrogenase 1, NAD (soluble)
chromosome 5 open reading frame 32
uncharacterized LOC100505994
tigger transposable element derived 2
SRY (sex determining region Y)-box 12

forkhead box D2

X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P) 3, putative
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 14
uncharacterized LOC100134663

ribosomal protein L21
ribosomal protein S3A
5'-nucleotidase domain containing 3
synaptonemal complex protein 2
transmembrane and tetratricopeptide repeat containing 1
nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 1
cytochrome c oxidase subunit VIII C
polyhomeotic homolog 1 (Drosophila)
bestrophin 1
SERPINE1 mRNA binding protein 1
family with sequence similarity 24, member B

Bruton agammaglobulinemia tyrosine kinase
cytokine induced apoptosis inhibitor 1
neuroplastin

dedicator of cytokinesis 2
family with sequence similarity 189, member B

amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family A, member 2
ribosomal RNA processing 7 homolog B (*S. cerevisiae*)

zinc finger protein 747
chromosome 20 open reading frame 27 pseudogene
LSM2 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*)
tubulin tyrosine ligase-like family, member 9

general transcription factor IIIC, polypeptide 1, alpha 220kDa

uncharacterized LOC148413
triggering receptor expressed on myeloid cells-like 3
ADP-ribosylation factor-like 4A
poly(A) polymerase alpha

polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide F
COMM domain containing 10
uncharacterized LOC728392
amnionless homolog (mouse)
dipeptidyl-peptidase 9
alpha tubulin acetyltransferase 1

hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 10
mannose receptor, C type 1
uncharacterized LOC730101
ADP-ribosylhydrolase like 2
acyloxyacyl hydrolase (neutrophil)
oligonucleotide/oligosaccharide-binding fold containing 2A
DEP domain containing 1

zinc finger protein 790
ribosomal protein L23a

dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 like 1

ARP3 actin-related protein 3 homolog C (yeast)

SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member 1
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 18
mast cell immunoglobulin-like receptor 1
uncharacterized FLJ36000
small nuclear RNA activating complex, polypeptide 5, 19kDa
TBC1 domain family, member 9 (with GRAM domain)

synovial sarcoma, X breakpoint 2
uncharacterized LOC729558
AHA1, activator of heat shock 90kDa protein ATPase homolog 2 (yeast)
MMS22-like, DNA repair protein
prostaglandin D2 receptor (DP)
Rho GTPase activating protein 23

Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 1
acyl-CoA thioesterase 7

tet methylcytosine dioxygenase 2
coronin, actin binding protein, 1A pseudogene
uncharacterized LOC642477

bone morphogenetic protein receptor, type IB
leucine rich repeat containing 28

reticulocalbin 3, EF-hand calcium binding domain
translocase of outer mitochondrial membrane 20 homolog (yeast)

ATPase, class I, type 8B, member 4
uncharacterized LOC100506384

solute carrier family 38, member 6
armadillo repeat gene deleted in velocardiofacial syndrome
dpy-19-like 4 (*C. elegans*)

chromosome 19 open reading frame 22
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 24
ring finger protein 130
zinc finger protein 10
proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 7

ribosomal protein L17
pantothenate kinase 4
nucleolar protein 12
transmembrane protein 9
primase, DNA, polypeptide 2 (58kDa)

olfactory receptor, family 2, subfamily L, member 13
alpha 1,4-galactosyltransferase
chromosome 8 open reading frame 59

cerebral dopamine neurotrophic factor
Ly1 antibody reactive homolog (mouse)
uncharacterized LOC399744

purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 5
peptidylprolyl isomerase A (cyclophilin A)

ubiquitin protein ligase E3 component n-recognin 2
olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 12 pseudogene

kelch domain containing 3
muscle, skeletal, receptor tyrosine kinase
chromosome 2 open reading frame 63
uncharacterized LOC400622

citrate synthase
thymocyte nuclear protein 1
vestigial like 3 (Drosophila)
relaxin 1
uncharacterized LOC401134
olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 24

0
Janus kinase 3
I(3)mbt-like 1 (Drosophila)

glutamate-cysteine ligase, modifier subunit
dihydropyrimidinase-like 3
protein tyrosine phosphatase, mitochondrial 1
A kinase (PRKA) anchor protein 7
biorientation of chromosomes in cell division 1-like
interferon regulatory factor 2 binding protein-like

serine/arginine-rich splicing factor 2

corticotropin releasing hormone receptor 1

elongation factor Tu GTP binding domain containing 1
cat eye syndrome chromosome region, candidate 5
origin recognition complex, subunit 5

leucine rich repeat containing 14
protein kinase C and casein kinase substrate in neurons 2
MORN repeat containing 4
ARP2 actin-related protein 2 homolog (yeast)
ribosomal protein L23a
ribosomal protein L10

GLIS family zinc finger 2
nuclear respiratory factor 1
transmembrane protein 120B
TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, B, 63kDa

CD163 molecule-like 1

KIAA0556

ribosomal protein L21

signal-regulatory protein beta 1

RNA pseudouridylate synthase domain containing 3
transforming growth factor, beta-induced, 68kDa

phosphodiesterase 9A

long intergenic non-protein coding RNA 230A

propionyl CoA carboxylase, alpha polypeptide

mastermind-like 1 (Drosophila)

ets variant 3

uncharacterized LOC283174

uncharacterized LOC643623

rabphilin 3A-like (without C2 domains)

deoxyhypusine synthase

Opa interacting protein 5

zinc finger protein 286B

small nucleolar RNA, C/D box 114-26

actin-like 6B

high mobility group nucleosome binding domain 5

polymerase (DNA-directed), epsilon 4 (p12 subunit)

alkB, alkylation repair homolog 1 (E. coli)

solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7

odd-skipped related 1 (Drosophila)

transmembrane protein 194A

EDAR-associated death domain

dihydropyrimidinase-like 4

splicing factor proline/glutamine-rich

eukaryotic translation initiation factor 2C, 4

ribosomal protein L23a

syndecan 3

chromosome 20 open reading frame 177

FCH and double SH3 domains 1

Smith-Magenis syndrome chromosome region, candidate 7

uncharacterized LOC100270804
tRNA methyltransferase 61 homolog A (*S. cerevisiae*)
polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide E (80kD)
nonhomologous end-joining factor 1
DNM3 opposite strand/antisense RNA (non-protein coding)

small ILF3/NF90-associated RNA C3

omega-3 fatty acid receptor 1

olfactory receptor, family 4, subfamily D, member 6
TBC1 domain family, member 2B
CD37 molecule
retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 2
glutaredoxin 5
nanos homolog 1 (*Drosophila*)

SEH1-like (*S. cerevisiae*)
erythrocyte membrane protein band 4.1 (elliptocytosis 1, RH-linked)
uncharacterized LOC646324
lactation elevated 1

calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 1, alpha
septin 14
programmed cell death 2
importin 13
zinc finger, X-linked, duplicated B
transcription factor 7-like 2 (T-cell specific, HMG-box)
RBAK-LOC389458 readthrough
RAN guanine nucleotide release factor
cold inducible RNA binding protein
signal recognition particle 9kDa
CUE domain containing 2
sialic acid binding Ig-like lectin 9
ADP-ribosylation factor related protein 1
hydroxysteroid dehydrogenase like 2
EF-hand domain (C-terminal) containing 1
Treacher Collins-Franceschetti syndrome 1
mutS homolog 2, colon cancer, nonpolyposis type 1 (*E. coli*)
LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2
MT-RNR2-like 7
ash1 (absent, small, or homeotic)-like (*Drosophila*)
coilin

apoptosis enhancing nuclease
DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 15
major facilitator superfamily domain containing 6-like
axin interactor, dorsalization associated
family with sequence similarity 118, member A

v-myc myelocytomatosis viral oncogene homolog (avian)
tet methylcytosine dioxygenase 2
synaptic vesicle glycoprotein 2B

ubiquitin specific peptidase 32

uncharacterized LOC100132966
guanine nucleotide binding protein (G protein), q polypeptide

BBSome interacting protein 1

ribosome production factor 2 homolog (*S. cerevisiae*)
Rho GTPase activating protein 19
chromosome 12 open reading frame 44

family with sequence similarity 208, member B

chromosome 2 open reading frame 55
vacuolar protein sorting 13 homolog C (*S. cerevisiae*)
uncharacterized LOC100293704
proline and serine rich 1

nucleoporin 43kDa
unc-119 homolog (*C. elegans*)
growth hormone secretagogue receptor
programmed cell death 2
uncharacterized LOC100506054
ubiquitin specific peptidase 24

thymidylate synthetase

galactokinase 1
epithelial stromal interaction 1 (breast)
maternal embryonic leucine zipper kinase
biotinidase
methionine adenosyltransferase II, alpha
mitochondrial ribosome recycling factor

nucleoporin 107kDa
PAX interacting (with transcription-activation domain) protein 1
tubulin folding cofactor E
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 12
uncharacterized LOC100506054
MAGE-like 2
transmembrane protein 71

F-box protein 3
Fc receptor-like A
protein kinase N1
calcium channel, voltage-dependent, L type, alpha 1C subunit
Alport syndrome, mental retardation, midface hypoplasia and elliptocytosis chromosomal region ge
RAB14, member RAS oncogene family
cyclin B1
uncharacterized LOC100652927
transcription factor Dp-1
transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 6
Wilms tumor 1 associated protein

transmembrane protein 231
minichromosome maintenance complex component 9
retinoblastoma binding protein 4

ribosomal protein S3A
transcription factor 7-like 2 (T-cell specific, HMG-box)
AF4/FMR2 family, member 4
G-protein signaling modulator 1
ribosomal protein L21
N-acetylgalactosaminidase, alpha-
mitochondrial ribosomal protein S23

plectin

ubiquitin-like modifier activating enzyme 2
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 17
metaxin 1
general transcription factor IIIC, polypeptide 4, 90kDa
RAB34, member RAS oncogene family
leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 3
natural cytotoxicity triggering receptor 1
engrailed homeobox 2
chromosome 4 open reading frame 34
chromosome 9 open reading frame 169

MTND2

chromosome 16 open reading frame 91

KIAA0907

uncharacterized LOC100507769

polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide E (80kD)

UFM1-specific peptidase 1 (non-functional)

uncharacterized LOC100507637

tripartite motif containing 25

DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 5

kallikrein 1

RAB11 family interacting protein 1 (class I)

poly (ADP-ribose) polymerase family, member 9

GRB2-related adaptor protein

protein kinase, AMP-activated, gamma 1 non-catalytic subunit

epithelial cell adhesion molecule

chromosome 6 open reading frame 57

aquaporin 7 pseudogene 3

ghrelin opposite strand RNA 2 (non-protein coding)

STE20-related kinase adaptor beta

SLC25A5 antisense RNA 1 (non-protein coding)

uncharacterized LOC100507486

Tctex1 domain containing 4

syncoilin, intermediate filament protein

RNA binding protein, fox-1 homolog (C. elegans) 3

chromosome 7 open reading frame 55

C-type lectin domain family 2, member B

resistance to inhibitors of cholinesterase 8 homolog B (C. elegans)

syntaxin binding protein 4

peroxiredoxin 1

poly (ADP-ribose) polymerase 1

syntaxin 1B

MAP7 domain containing 2
ribonucleotide reductase M2
phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1A
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 11

centrosomal protein 76kDa
ribosomal protein L21 pseudogene 44
UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 5
protein kinase C, eta
sorting nexin 22
calcyon neuron-specific vesicular protein
THAP domain containing 8
ring finger protein 214
proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 4
chromosome 5 open reading frame 25 pseudogene
hect domain and RLD 2

carbohydrate (N-acetylgalactosamine 4-O) sulfotransferase 8
chromosome 6 open reading frame 138

neurofibromin 2 (merlin)
H1 histone family, member X
solute carrier family 25, member 33
chromosome 18 open reading frame 12
aryl-hydrocarbon receptor nuclear translocator 2
collagen, type V, alpha 2
cytoglobin
protocadherin beta 16
vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2)

CD70 molecule

DPH5 homolog (*S. cerevisiae*)

BCL2-like 10 (apoptosis facilitator)
mitochondrial ribosomal protein L27
iduronate 2-sulfatase
synaptogyrin 1
uncharacterized LOC440766
histocompatibility (minor) 13

chaperonin containing TCP1, subunit 2 (beta)
sorting nexin 20
trefoil factor 2
SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2 pseudogene 1
transmembrane protein 188
ribosomal protein L29
nascent polypeptide-associated complex alpha subunit
hairy and enhancer of split 6 (Drosophila)
DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 1
protein arginine methyltransferase 6
zinc finger and BTB domain containing 10

isocitrate dehydrogenase 2 (NADP+), mitochondrial
carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 4
aldo-keto reductase family 1, member A1 (aldehyde reductase)
protein phosphatase 1, regulatory subunit 13B

Janus kinase 3
ribosomal protein L17
PC4 and SFRS1 interacting protein 1
GATS, stromal antigen 3 opposite strand

AT rich interactive domain 5B (MRF1-like)
integrator complex subunit 7
solute carrier family 37 (glycerol-3-phosphate transporter), member 2
zinc finger protein 836

caspase 6, apoptosis-related cysteine peptidase
OTU domain containing 6B
protein tyrosine phosphatase, receptor type, C
chromosome 3 open reading frame 80
chromosome 12 open reading frame 47
insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)

abhydrolase domain containing 2
DIS3 mitotic control homolog (*S. cerevisiae*)-like
fuzzy homolog (Drosophila)
NSFL1 (p97) cofactor (p47)
ribosomal protein L6
zinc finger, NFX1-type containing 1
ribosomal protein L37a
ribosomal protein L36a pseudogene 33
uncharacterized LOC100506465
exocyst complex component 5

SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily b, member :
chromosome X open reading frame 57
polymerase (RNA) I polypeptide D, 16kDa
Williams Beuren syndrome chromosome region 22
zonadhesin

polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant)

acid phosphatase 2, lysosomal
EP300 interacting inhibitor of differentiation 2
keratin associated protein 9-1
dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4
low density lipoprotein receptor-related protein 6
vault RNA 1-2
mutL homolog 1, colon cancer, nonpolyposis type 2 (E. coli)

glycerol-3-phosphate acyltransferase 2, mitochondrial

prostaglandin D2 synthase 21kDa (brain)

serine/threonine kinase 17a
arylsulfatase family, member K

chromosome 21 open reading frame 88

solute carrier family 9, subfamily B (cation proton antiporter 2), member 1
prolactin releasing hormone receptor
LanC lantibiotic synthetase component C-like 1 (bacterial)
mitochondrial ribosomal protein L19
early endosome antigen 1
Rho GTPase activating protein 32
alkB, alkylation repair homolog 7 (E. coli)
leukemia inhibitory factor (cholinergic differentiation factor)
guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha transducing activity polypeptide 1
leucine-rich repeats and death domain containing 1

growth differentiation factor 1
phospholipid scramblase 3
glutamyl-prolyl-tRNA synthetase
transportin 1
TM2 domain containing 3
transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 6

UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 5

Rab geranylgeranyltransferase, beta subunit
interleukin enhancer binding factor 2, 45kDa

establishment of cohesion 1 homolog 2 (*S. cerevisiae*)
TAF9 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 32kDa
synaptotagmin binding, cytoplasmic RNA interacting protein
uncharacterized LOC401491
ribosomal protein L13a pseudogene 17
interleukin 18 binding protein

speedy homolog E3 (*Xenopus laevis*)
small nucleolar RNA, C/D box 7
ASF1 anti-silencing function 1 homolog B (*S. cerevisiae*)
synaptotagmin XV
coiled-coil domain containing 76
phosphatidylethanolamine N-methyltransferase
adenosine deaminase, RNA-specific, B1
RAD52 homolog (*S. cerevisiae*)
serine/threonine kinase 38 like
Rho GTPase activating protein 23

endosulfine alpha
suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein)

reversion-inducing-cysteine-rich protein with kazal motifs
HLA complex group 27 (non-protein coding)

tripartite motif containing 8
v-erb-b2 erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 2, neuro/glioblastoma derived oncogene 1
F-box protein 25
S100P binding protein
uncharacterized LOC284926
establishment of cohesion 1 homolog 2 (*S. cerevisiae*)
bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1B
single-stranded DNA binding protein 2
TSPY-like 5
6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 2
chromosome 1 open reading frame 213

trichorhinophalangeal syndrome 1

antigen identified by monoclonal antibody Ki-67
chromosome 1 open reading frame 63
solute carrier family 30 (zinc transporter), member 7
RNA binding motif protein 23
carboxylesterase 1
uncharacterized LOC100130581
golgi membrane protein 1

enoyl CoA hydratase domain containing 1
nuclear receptor corepressor 1
mitogen-activated protein kinase associated protein 1

uncharacterized LOC645553
CDC28 protein kinase regulatory subunit 1B
Fc receptor-like 1
myotubularin related protein 1

RAN binding protein 3
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide C
REX1, RNA exonuclease 1 homolog (*S. cerevisiae*)

uncharacterized LOC401320
chromosome 7 open reading frame 13
ribosomal protein S19
penta-EF-hand domain containing 1
zinc finger protein 890, pseudogene
ribosomal protein S15a
UDP-galactose-4-epimerase
regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 1B
myosin VA (heavy chain 12, myoxin)

listerin E3 ubiquitin protein ligase 1
complement component 1, r subcomponent
NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 6, 13kDa (NADH-coenzyme Q reductase)

ribosomal protein L23a pseudogene 7
kelch-like 31 (*Drosophila*)

uncharacterized LOC100507582

SRA stem-loop interacting RNA binding protein
armadillo repeat containing 5
cortactin binding protein 2

transmembrane protein 186
aquaporin 3 (Gill blood group)
Sad1 and UNC84 domain containing 5
embryonic ectoderm development
ubiquitin protein ligase E3 component n-recognin 2
TAF13 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 18kDa
pleckstrin homology-like domain, family A, member 2
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E
chromosome 1 open reading frame 216

atlastin GTPase 2
protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (liprin), alpha
cell adhesion molecule 4

myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 3
cAMP responsive element binding protein 3
uncharacterized LOC100289388
microtubule associated monooxygenase, calponin and LIM domain containing 3
C-type lectin domain family 10, member A
piezo-type mechanosensitive ion channel component 1
ring finger protein 166
chromosome 19 open reading frame 43
ADAM metallopeptidase domain 19
transmembrane protein 59
inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain family, member 4
nucleotide binding protein 1
RIO kinase 2 (yeast)

HLA-F antisense RNA 1 (non-protein coding)

coiled-coil domain containing 167
hect domain and RLD 2
zinc finger CCCH-type containing 12D
protein kinase, interferon-inducible double stranded RNA dependent activator
unc-13 homolog D (C. elegans)
cyclin D1
solute carrier family 26, member 5 (prestin)
uncharacterized LOC100506257
B1 for mucin
ribosomal protein S2 pseudogene 32

frizzled family receptor 7
anterior pharynx defective 1 homolog A (C. elegans)

dpy-19-like 1 pseudogene 1 (*C. elegans*)
family with sequence similarity 134, member A
PDZ domain containing 11
HAUS augmin-like complex, subunit 6
ribosomal protein S2
spectrin, alpha, erythrocytic 1 (elliptocytosis 2)

DNM1 pseudogene 46
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 35

zinc finger protein 112 homolog (mouse)
F-box and leucine-rich repeat protein 16

patched domain containing 1
golgin A8 family, member I, pseudogene
glycophorin A (MNS blood group)

eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 4 delta, 67kDa
solute carrier family 22, member 31
discs, large (*Drosophila*) homolog-associated protein 3
thymidine phosphorylase
peptidylprolyl isomerase E (cyclophilin E)
protein associated with topoisomerase II homolog 2 (yeast)

ankyrin repeat domain 37
TAP binding protein (tapasin)
steroidogenic acute regulatory protein
premature ovarian failure, 1B
NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 1
CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) small phosphatase like 2

acid phosphatase-like 2
threonine synthase-like 2 (*S. cerevisiae*)
long intergenic non-protein coding RNA 158
WD repeat domain 47
myelin associated glycoprotein

nascent polypeptide-associated complex alpha subunit 2
ribosomal protein, large, P0
PCI domain containing 2
histone cluster 1, H4j

COBL-like 1
uncharacterized LOC100131262
ligand dependent nuclear receptor corepressor-like
leishmanolysin-like (metallopeptidase M8 family)
mannosidase, beta A, lysosomal-like
ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 1
leucine carboxyl methyltransferase 2
paired-like homeobox 2b

vesicle-associated membrane protein 4
colorectal neoplasia differentially expressed (non-protein coding)
ankyrin repeat and SOCS box containing 13
protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1L

DDB1 and CUL4 associated factor 5
tetraspanin 13
transmembrane protein 147

mitochondrial ribosomal protein L54
v-raf murine sarcoma 3611 viral oncogene homolog

de-etiolated homolog 1 (Arabidopsis)
insulin-like growth factor 2 mRNA binding protein 3
phosphatidylserine synthase 1
0
KIAA0319-like
leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2
family with sequence similarity 21, member C
ankyrin repeat domain 12
uncharacterized LOC644277
collagen, type XXIII, alpha 1
TAP binding protein (tapasin)
mitochondrial intermediate peptidase
solute carrier family 22, member 25
methylphosphate capping enzyme
breast cancer metastasis-suppressor 1-like
protein arginine methyltransferase 1
lectin, galactoside-binding, soluble, 3 binding protein
uncharacterized LOC100131138

snail homolog 3 (Drosophila)

high mobility group box 2
serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 9
cyclin B1
GTP cyclohydrolase I feedback regulator
tubulin, beta 2A class IIa
caspase 2, apoptosis-related cysteine peptidase
molybdenum cofactor synthesis 3

DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 9
phosphatase and tensin homolog

KIAA1715

homeobox B2
Cdc42 guanine nucleotide exchange factor (GEF) 9
limb bud and heart development homolog (mouse)
COX11 cytochrome c oxidase assembly homolog (yeast)
WNK lysine deficient protein kinase 1
nuclear receptor corepressor 1

small nucleolar RNA, C/D box 113-3

dipeptidase 3
long intergenic non-protein coding RNA 322
uncharacterized LOC100507309

uncharacterized LOC100653014
coiled-coil domain containing 144A
uncharacterized LOC550643
protein phosphatase 2, regulatory subunit B', epsilon isoform

zinc finger, CCHC domain containing 4
DNA-damage regulated autophagy modulator 2
mitochondrial ribosomal protein L43
programmed cell death 5
cytochrome P450, family 4, subfamily F, polypeptide 30, pseudogene
oxysterol binding protein-like 8

ADAMTS-like 4

spindlin family, member 4
coiled-coil domain containing 149

uncharacterized LOC644248
UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 2 (GalNAc-T2)
60S ribosomal protein L30-like
GSQS6193
uncharacterized LOC100132249
diaphanous homolog 1 (Drosophila)
glutathione S-transferase theta pseudogene 2
RAB guanine nucleotide exchange factor (GEF) 1 pseudogene
embryonal Fyn-associated substrate
F-box protein 36
mitochondrial ribosomal protein S7
eukaryotic translation initiation factor 4A3
family with sequence similarity 109, member B
GPN-loop GTPase 3
deformed epidermal autoregulatory factor 1 (Drosophila)
uncharacterized LOC100506942
inositol hexakisphosphate kinase 1
mutL homolog 1, colon cancer, nonpolyposis type 2 (E. coli)
leucyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial
ladybird homeobox 1
calcium/calmodulin-dependent serine protein kinase (MAGUK family)
UBX domain protein 2A
adiponectin receptor 1

lin-9 homolog (C. elegans)
ribosome production factor 1 homolog (S. cerevisiae)

protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 2
acyl-CoA binding domain containing 4
ubiquitin specific peptidase 5 (isopeptidase T)
neurobeachin-like 2
synaptotagmin-like 3
microtubule-actin crosslinking factor 1
junction mediating and regulatory protein, p53 cofactor
TAF4 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 135kDa
family with sequence similarity 66, member D
suppression of tumorigenicity 14 (colon carcinoma)

transmembrane protein 203
proline rich Gla (G-carboxyglutamic acid) 1
nucleoporin 155kDa
muscleblind-like (Drosophila)

uncharacterized LOC100128670

P450 (cytochrome) oxidoreductase

TPTE pseudogene

INO80 homolog (*S. cerevisiae*)

keratin associated protein 10-10

solute carrier family 22, member 17

chromosome 15 open reading frame 17

methyltransferase like 11A

TH1-like (*Drosophila*)

Rab geranylgeranyltransferase, alpha subunit

RAB37, member RAS oncogene family

GNAS antisense RNA 1 (non-protein coding)

indoleamine 2,3-dioxygenase 1

RNA binding motif protein 20

amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile)

apolipoporphins-like

uncharacterized LOC283547

NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 7

catenin (cadherin-associated protein), alpha 1, 102kDa

G protein-coupled receptor 152

sushi-repeat containing protein, X-linked

TBC1 domain family, member 3

acireductone dioxygenase 1

long intergenic non-protein coding RNA 472

chromosome 20 open reading frame 160

ribosomal protein S19

Smad nuclear interacting protein 1

ninein (GSK3B interacting protein)

nuclear transcription factor Y, gamma

centromere protein W

ribosomal protein S10

CREB regulated transcription coactivator 1

FLJ44477 protein

undifferentiated embryonic cell transcription factor 1
serum response factor (c-fos serum response element-binding transcription factor)
zinc finger protein 850

insulin-like growth factor binding protein, acid labile subunit
ankyrin repeat domain 57 pseudogene

solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 6

uncharacterized LOC285147

polycomb group ring finger 6
mediator complex subunit 12

WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pseudogene
BCL2-like 12 (proline rich)
deiodinase, iodothyronine, type III
succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp)
natriuretic peptide A
3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase
ATP-binding cassette, sub-family E (OABP), member 1

IQ motif containing K

intraflagellar transport 43 homolog (Chlamydomonas)
methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like
potassium channel tetramerisation domain containing 19
YY1 associated factor 2

TAF9 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 32kDa

chaperonin containing TCP1, subunit 3 (gamma)
HAUS augmin-like complex, subunit 8
melanoma antigen family D, 1
leucine zipper, down-regulated in cancer 1-like
prefoldin subunit 6
cell division cycle associated 4
glycerol kinase
solute carrier family 16, member 5 (monocarboxylic acid transporter 6)
PHD finger protein 17
mucin 4, cell surface associated

Sjogren syndrome nuclear autoantigen 1
secreted and transmembrane 1
zinc finger protein 623

family with sequence similarity 125, member B
myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 5 (trithorax homolog, Drosophila)
AT-hook transcription factor
PHD finger protein 20-like 1
ankyrin 1, erythrocytic
collagen, type IV, alpha 5

Morf4 family associated protein 1-like 1 pseudogene
cytochrome b5 reductase-like
F-box and leucine-rich repeat protein 17
TBC1 domain family, member 9B (with GRAM domain)
zinc finger protein 468

poly (ADP-ribose) polymerase family, member 16
l(3)mbt-like 3 (Drosophila)
RAS protein activator like 2
olfactory receptor, family 2, subfamily M, member 7
proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 10
oligosaccharyltransferase complex subunit
zinc finger protein 658
jumonji C domain containing histone demethylase 1 homolog D (*S. cerevisiae*)
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 10
archain 1
tetratricopeptide repeat domain 22
uncharacterized LOC100652802
TBC1 domain family, member 9 (with GRAM domain)
uncharacterized LOC550643
HIV-1 Tat specific factor 1 pseudogene 2
chromosome 12 open reading frame 75
transmembrane protein 14B
PRAME family member 5
phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1
uncharacterized LOC286149
zinc finger, DHHC-type containing 24
G protein-coupled receptor 137B
HSPB (heat shock 27kDa) associated protein 1
TNF receptor-associated factor 7
cytochrome b5 reductase 4
chromosome 15 open reading frame 44
ribosomal protein S3A

selectin L
TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2
zinc finger protein 45

THUMP domain containing 2

uncharacterized LOC100129917
keratin associated protein 5-11
RAB15, member RAS oncogene family
chromosome 5 open reading frame 35

lysosomal protein transmembrane 4 beta

insulin-like growth factor 1 receptor
growth hormone releasing hormone

CD101 molecule
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 3
uncharacterized LOC643549
double homeobox protein 4-like protein 4-like
plastin 3
homeobox C9
cyclin-dependent kinase inhibitor 1B (p27, Kip1)
WD repeat domain 89
oxidation resistance 1
hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 2
synuclein, gamma (breast cancer-specific protein 1)

ribosomal protein L7

solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, glycine), member 9
stabilin 1
uncharacterized LOC100505821
IKAROS family zinc finger 2 (Helios)
zinc finger protein 48
secernin 2

gamma-glutamyl carboxylase
MT-RNR2-like 3
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D (AU-rich element RNA binding protein 1, 37kDa)
uncharacterized LOC201477
hematopoietic prostaglandin D synthase
G protein regulated inducer of neurite outgrowth 1

kelch-like 13 (*Drosophila*)
GPN-loop GTPase 1

myosin IF

mucin 4, cell surface associated
phosphodiesterase 3B, cGMP-inhibited
uncharacterized LOC441441
tRNA methyltransferase 6 homolog (*S. cerevisiae*)
KIAA1217
C-type lectin domain family 2, member D
G protein-coupled receptor 180

guanine nucleotide binding protein-like 1
v-ski sarcoma viral oncogene homolog (avian)
speedy homolog E8 (*Xenopus laevis*), pseudogene
myosin X
RAS, dexamethasone-induced 1

EFR3 homolog B (*S. cerevisiae*)

zinc finger and BTB domain containing 24
WD repeat domain 20
ribosomal protein S9
lysine (K)-specific demethylase 6B
solute carrier family 45, member 4

calcium channel, voltage-dependent, T type, alpha 1I subunit

heat shock 70kDa protein 6 (HSP70B')
RNA binding motif protein 33
PX domain containing serine/threonine kinase
ADAMTS-like 4
polymerase (DNA-directed), delta interacting protein 2
chromosome 9 open reading frame 66
family with sequence similarity 133, member B
chromosome 11 open reading frame 1
solute carrier family 35 (UDP-galactose transporter), member A2
dihydrolipoamide S-acetyltransferase
glutathione S-transferase mu 4
protein tyrosine phosphatase, receptor type, C
NAD kinase
zinc finger protein 701

methionine sulfoxide reductase B3

golgi membrane protein 1
PNMA-like 1

asporin

claudin 19
ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 4
poliovirus receptor-related 4
vacuolar protein sorting 52 homolog (*S. cerevisiae*)
ER lipid raft associated 2
golgin A3
forkhead box J2
paired box 6
DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 18

24-dehydrocholesterol reductase
NCK-associated protein 1-like
glutathione reductase
prolyl 4-hydroxylase, alpha polypeptide I
eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1
SH3 domain containing, Ysc84-like 1 (*S. cerevisiae*)
obscurin-like 1
zinc finger and SCAN domain containing 22

dephospho-CoA kinase domain containing
0
uncharacterized LOC100505606
methyltransferase like 5
hepatocyte growth factor (hepapoietin A; scatter factor)
zinc finger and BTB domain containing 20

proline-rich coiled-coil 2A
leucine zipper, putative tumor suppressor 2
uncharacterized LOC100130417
cleavage stimulation factor, 3' pre-RNA, subunit 1, 50kDa
G elongation factor, mitochondrial 1
bleomycin hydrolase
small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E
transmembrane protein 182

Der1-like domain family, member 3

papilin, proteoglycan-like sulfated glycoprotein
hepatoma-derived growth factor, related protein 3

ceramide synthase 3
methyl-CpG binding domain protein 6

transmembrane protein 163
family with sequence similarity 131, member C
V-set and immunoglobulin domain containing 10 like
zinc finger protein 701
LSM4 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*)
chaperonin containing TCP1, subunit 7 (eta)
5-azacytidine induced 2

ribosomal protein S9
nucleoporin 35kDa
DIM1 dimethyladenosine transferase 1 homolog (*S. cerevisiae*)
leukocyte-associated immunoglobulin-like receptor 1
uncharacterized LOC145757

EnsemblID	TIGRID
ENST00000222728	
ENST00000222726	THC2473005
ENST00000367028	THC2463583
ENST00000494263	
ENST00000545925	THC2596473
ENST00000242159	THC2474113
ENST00000218758	THC2602801
ENST00000225844	THC2476131
ENST00000527063	THC2496730
ENST00000537365	THC2489889
ENST00000521478	THC2484777
ENST00000314933	THC2466901
ENST00000317201	THC2476230
ENST00000371817	THC2469461
ENST00000449602	THC2646287
ENST00000372524	THC2467712
ENST00000411732	NP650156
ENST00000315274	THC2465642
ENST00000442711	THC2641176
ENST00000425903	THC2476654
ENST00000415167	THC2477117
ENST00000242050	THC2676883
ENST00000417247	THC2472656
ENST00000376939	THC2593754
ENST00000495729	THC2475213
ENST00000425916	THC2637959
ENST00000483303	THC2520903
ENST00000319595	THC2703181
ENST00000297785	THC2507100
ENST00000355086	THC2471976
ENST00000261769	THC2469338
ENST00000390559	NP1181174
ENST00000449602	THC2646287
ENST00000380880	THC2487485
ENST00000412068	THC2602635
ENST00000156626	THC2613988
ENST00000371539	NP868666
ENST00000430889	THC2474518
ENST00000335712	THC2666533

ENST00000445310	THC2677249
ENST00000448011	THC2553192
ENST00000503763	THC2464200
	THC2501975
ENST00000539011	THC2580927
ENST00000366965	THC2482158
ENST00000491922	THC2464679
ENST00000421313	
	THC2501975
ENST00000439388	THC2471765
ENST00000354230	NP840387
	THC2553171
ENST00000538044	THC2601163
	THC2501975
ENST00000269347	THC2646262
ENST00000341068	THC2461098
ENST00000283050	THC2506214
	THC2749773
ENST00000371852	THC2477283
ENST00000290607	THC2609506
ENST00000343164	THC2464684
ENST00000309982	THC2466021
ENST00000243108	THC2475523
ENST00000473128	THC2586783
ENST00000281282	THC2601848
ENST00000412423	NP175795
	THC2501975
	THC2502386
ENST00000239151	THC2475803
ENST00000353187	THC2488049
	THC2550618
	THC2615581
ENST00000331718	THC2609926
ENST00000406775	NP651821
ENST00000538171	THC2571491
	THC2633562
ENST00000498714	THC2691091
ENST00000291775	THC2464217
ENST00000392423	THC2493086
ENST00000419668	THC2660495
ENST00000513006	THC2482841
ENST00000488942	THC2462107

ENST00000381648	THC2668542
ENST00000548094	THC2592282
ENST00000500085	THC2468542
	THC2530269
ENST00000361170	THC2464087
ENST00000391812	THC2502744
ENST00000268489	THC2538267
ENST00000356023	THC2538999
ENST00000355290	THC2516834
ENST00000521821	
ENST00000255283	THC2668542
ENST00000278937	THC2461140
	THC2540158
ENST00000286234	THC2462458
ENST00000315796	THC2477852
ENST00000249373	NP710754
ENST00000520314	THC2498299
	THC2553171
ENST00000475932	NP175795
ENST00000436453	THC2476908
ENST00000311626	THC2473353
ENST00000539866	THC2472544
ENST00000438686	THC2461907
ENST00000290607	THC2602580
	THC2523495
ENST00000373492	THC2723147
ENST00000216336	THC2786321
ENST00000335613	THC2474163
ENST00000327307	THC2578201
ENST00000299341	THC2625141
ENST00000489516	NP304607
ENST00000377741	THC2604553
ENST00000257909	THC2496056
ENST00000221409	THC2602935
	THC2707131
ENST00000539604	THC2530822
ENST00000319231	THC2477547
ENST00000340756	THC2542945
ENST00000547407	THC2607026
ENST00000393898	THC2479443
ENST00000370203	THC2474609
ENST00000255198	THC2475531
ENST00000442657	NP398651

ENST00000254801 THC2469801
ENST00000321639 THC2480649
ENST00000418736 THC2485945
ENST00000393547 NP407451
ENST00000396442 THC2710343
ENST00000249363 THC2470801
THC2476963
ENST00000374388 THC2786439
ENST00000355306 THC2472528
ENST00000378274 THC2760012
ENST00000372412 THC2517908
THC2518984
ENST00000390655 THC2490834
ENST00000373691 THC2477006
ENST00000381871 THC2666338

ENST00000508133 NP1400392
ENST00000356435 THC2686372

ENST00000489516 NP304607
ENST00000301272 NP861869
ENST00000446344 THC2495257
ENST00000537951 THC2584167
ENST00000374695 THC2571330
ENST00000270632 THC2472043
THC2583659
ENST00000368446 NP314049
ENST00000345567 NP208771
ENST00000362065 THC2542567
ENST00000471090 THC2557799
THC2583659
ENST00000339953 THC2535871
ENST00000326961
ENST00000536361 THC2550848
THC2522608
ENST00000465682 THC2466442
ENST00000426962
ENST00000360441 THC2560502
ENST00000434100 THC2604413
ENST00000540218 THC2461732
THC2477609
ENST00000296849 NP852812
ENST00000394044 NP1074103
THC2491870

ENST00000225648	THC2472899
ENST00000429990	THC2549472
	THC2551217
	THC2507591
ENST00000377113	THC2473784
ENST00000233741	THC2492588
ENST00000431813	THC2645797
ENST00000527722	THC2505808
ENST00000531894	THC2472817
ENST00000532237	THC2472001
ENST00000451759	THC2526838
ENST00000409017	THC2580478
	THC2510612
ENST00000423982	THC2552109
	THC2673976
ENST00000480366	NP1186391
ENST00000520314	THC2533845
ENST00000534153	THC2525626
ENST00000549432	THC2461628
	THC2539584
ENST00000499527	THC2491482
ENST00000453993	NP284096
ENST00000420065	THC2490075
ENST00000481661	THC2750237
	THC2486022
ENST00000458672	THC2541092
ENST00000268720	THC2473641
ENST00000322805	THC2468932
ENST00000430193	THC2504904
ENST00000368229	THC2684804
ENST00000336572	NP1155383
ENST00000397563	THC2462396
ENST00000371332	NP1074106
ENST00000544544	THC2668542
ENST00000376788	THC2492765
ENST00000309602	THC2788323
ENST00000393912	THC2464352
ENST00000418618	THC2613255
ENST00000466546	THC2492187
ENST00000340756	THC2542945
ENST00000309384	NP426859
ENST00000395788	THC2502548
ENST00000436868	THC2557332
ENST00000327839	THC2484551

ENST00000256649	THC2473350
ENST00000252804	THC2534390
ENST00000554811	THC2510767
ENST00000398122	THC2502417
ENST00000376693	THC2604113
ENST00000321925	THC2629557
ENST00000551631	THC2501472
ENST00000361803	THC2610534
ENST00000437468	THC2481744
ENST00000301019	THC2466887
ENST00000543620	THC2469175
ENST00000389232	THC2476288
ENST00000368236	THC2645990
ENST00000481609	THC2489627
	THC2489215
ENST00000518216	THC2481114
ENST00000534992	THC2595035
ENST00000375627	THC2556651
ENST00000325440	THC2750021
	THC2471881
ENST00000366581	THC2461706
ENST00000252804	THC2491264
ENST00000404796	THC2724607
ENST00000522708	THC2502632
ENST00000393324	THC2614244
ENST00000264834	THC2478746
ENST00000306897	THC2474710
ENST00000290130	THC2745081
ENST00000304677	THC2786468
ENST00000496441	NP1165009
ENST00000530585	THC2539342
ENST00000521871	THC2602127
ENST00000381105	THC2545025
ENST00000355981	THC2486688
ENST00000368061	THC2495910
ENST00000455918	NP1154415
ENST00000233741	THC2492588
ENST00000542925	THC2503104
	THC2516569
ENST00000527141	THC2467407
	THC2491995
ENST00000391696	THC2489894
	THC2628340
	THC2610430

ENST00000420865
ENST00000462785 THC2461098

ENST00000370228 NP1073288
ENST00000324194 THC2462097
ENST00000440232 NP1473168
ENST00000554032 THC2562982
ENST00000359596 THC2490181
ENST00000500944 THC2481137
ENST00000451368
ENST00000551681 THC2542720
ENST00000444482 THC2641661
ENST00000550949 THC2559023
ENST00000316418 THC2505449
ENST00000259470 THC2499457
ENST00000546682 THC2538553
ENST00000257880 THC2462084
ENST00000309602 THC2462876
ENST00000373644 THC2654434
ENST00000307507 THC2477556
ENST00000427624 THC2608124
ENST00000375812 THC2617005
ENST00000445729 NP1165297
ENST00000474556 THC2633761
THC2476245
ENST00000466668 NP1145845
ENST00000440803 THC2530416
ENST00000397833 THC2481131
ENST00000400102 THC2478877
ENST00000341955 THC2500926
ENST00000435624 THC2722454
THC2533845
ENST00000371712 THC2464866
THC2503819
ENST00000331006 NP1133685
ENST00000497010 THC2524520
ENST00000323418 THC2675744
THC2526020
ENST00000407004 THC2474634
ENST00000329314 THC2479054
THC2491933
ENST00000380721 NP1145845
ENST00000402679 NP440573
ENST00000429990 THC2556353

ENST00000357253 THC2476453
ENST00000338492 THC2464930

ENST00000380518 THC2467957
ENST00000474208 NP1154985
ENST00000366579 THC2480447

ENST00000259791 THC2647281
ENST00000552123 THC2514420

ENST00000392379 THC2462549
ENST00000374851 THC2607516
ENST00000382298 NP843920
ENST00000524486 THC2501018
ENST00000357943 THC2603063
THC2493316
ENST00000393062 THC2582291
THC2499178

ENST00000427658 THC2653697
ENST00000453317 THC2571342
ENST00000464728 THC2612192
ENST00000428041 THC2490270
ENST00000453317 THC2571342
ENST00000428284 THC2474582
ENST00000343575 NP1463960
ENST00000483807 THC2613197
THC2483147

ENST00000358653 NP846983
ENST00000402418 THC2634425
ENST00000429726 THC2511637
ENST00000357362 THC2476353
ENST00000434948 THC2481599
THC2599613

ENST00000552951 THC2471773
ENST00000415027 THC2583743
ENST00000396527 THC2515047
ENST00000413522 THC2501417
ENST00000357037 THC2465758
ENST00000423729 THC2472555
ENST00000403904 THC2555546
ENST00000344880 NP1072352
ENST00000371645 THC2520985
THC2508632

ENST00000403681 THC2598650
ENST00000272190 THC2602509
THC2684091

ENST00000358625 THC2610281
ENST00000494697 THC2552075
ENST00000391884 THC2487342
ENST00000502890 THC2548167
ENST00000228468 THC2750749
ENST00000477976 NP1188841
ENST00000456561 NP831371

ENST00000204517 THC2770291
ENST00000468620 THC2532296
THC2579346

ENST00000426508 NP074041
ENST00000412328 THC2607565
ENST00000219833 THC2474304
THC2516293

ENST00000307741 THC2610449
ENST00000476268 NP1210591
THC2499985

ENST00000425141 NP091375
ENST00000414507 NP709264
ENST00000551938 THC2500438
ENST00000383788 NP423138
THC2479828
THC2480131

ENST00000466668 NP1145845
ENST00000409379 THC2473514

ENST00000247270 THC2462437
ENST00000262722 THC2513019
ENST00000476137 THC2465395
ENST00000290607 THC2487022
ENST00000371388 THC2475860
ENST00000513471 THC2470610
ENST00000354291 NP434047
ENST00000491686 THC2555276
ENST00000487099 THC2504069
THC2771198

ENST00000426063 THC2591229
ENST00000534258 THC2506707
ENST00000489030 THC2556724

ENST00000375120 THC2494422

ENST00000546358 THC2566732

ENST00000439905 THC2775459

ENST00000414209 THC2571342

THC2476943

ENST00000548793 THC2603934

ENST00000522674

ENST00000552962 THC2522476

ENST00000335214 THC2609434

ENST00000437464 THC2497481

ENST00000429504

ENST00000497519 THC2493969

ENST00000436624 THC2472055

ENST00000357253 THC2476453

ENST00000552286 THC2671544

ENST00000496816 THC2477379

ENST00000425339 THC2609685

ENST00000366946 THC2634549

ENST00000400750 THC2469469

THC2550167

ENST00000325346 THC2474209

ENST00000332503 THC2474411

ENST00000471050 THC2464168

ENST00000335891 THC2683323

ENST00000537306 THC2473305

THC2665151

THC2700292

ENST00000378541 THC2494847

ENST00000515038 THC2558507

ENST00000287594 NP1465010

ENST00000358326 THC2688380

ENST00000216252 THC2461335

ENST00000300648 THC2491253

ENST00000452021 THC2513133

THC2593743

THC2562477

ENST00000399702 THC2472743

ENST00000326765	THC2550006
ENST00000484069	THC2477740
ENST00000379045	THC2472195
ENST00000447332	NP1074703
ENST00000317018	THC2526881
ENST00000479835	THC2760507
ENST00000371003	THC2503494
ENST00000532754	THC2575940
ENST00000422064	NP709264
ENST00000283126	THC2785770
ENST00000358141	THC2480726
ENST00000467105	THC2579833
	THC2521371
ENST00000543277	NP1473412
ENST00000248701	THC2471680
ENST00000440284	THC2464576
ENST00000517476	THC2474849
ENST00000382554	THC2602146
ENST00000337604	NP078977
ENST00000549804	THC2540315
ENST00000415085	THC2664475
	THC2487022
ENST00000313407	THC2646038
ENST00000525205	THC2466329
	THC2772729
ENST00000290341	THC2584586
ENST00000301686	THC2653959
	THC2533495
ENST00000378759	THC2618124
ENST00000395402	THC2612630
ENST00000239144	THC2473610
ENST00000374437	THC2474747
	THC2494832
ENST00000475419	THC2461080
	THC2661651
ENST00000538621	THC2693170
ENST00000487034	THC2520509
	THC2509973
ENST00000325599	THC2462188
ENST00000431480	THC2533466
ENST00000513135	NP1145497
ENST00000374266	THC2462532

THC2508308
ENST00000352041 THC2470015
ENST00000356156 THC2559900
ENST00000474481 THC2496692
ENST00000533610 THC2654441

THC2698032
THC2494832
ENST00000276123 THC2612630
ENST00000466949 THC2556327
ENST00000300209 THC2473522
ENST00000449821 THC2467168
THC2477609
ENST00000472022 THC2481336
ENST00000540055 THC2461275
ENST00000514048 THC2497345
ENST00000394650 THC2775251
ENST00000538098 THC2591139
ENST00000479602 THC2469924
ENST00000474481 THC2496692
ENST00000222718 THC2633116

THC2515509
ENST00000402338 THC2603107
ENST00000503879 THC2603330

ENST00000260662 THC2639859
ENST00000503351 THC2605618
ENST00000472891 THC2708764
ENST00000553134 THC2535118
ENST00000444971 THC2481470
ENST00000433028 THC2604235
ENST00000355836 NP1195738
ENST00000285873 THC2547580

ENST00000452340 THC2462342
THC2503819
ENST00000488290 THC2511109
ENST00000435634 THC2532917
ENST00000418769 THC2535532
ENST00000300954 THC2610518
ENST00000419825
ENST00000455918 NP1154415

ENST00000536140 THC2484662
ENST00000453317 THC2571342
ENST00000310850 THC2524820
ENST00000378741 THC2519971
ENST00000540940 THC2670312
ENST00000412973 THC2651635
ENST00000454252 NP1074466
ENST00000494389 NP1158507
ENST00000224605 THC2488700
ENST00000507290 THC2505155

THC2606035

ENST00000338825 THC2467186
ENST00000509128 NP1276840

ENST00000264705 THC2566019
ENST00000401500 THC2602216
ENST00000244534 THC2478755
ENST00000463249 THC2501809
ENST00000314756 THC2646059
ENST00000309305 THC2483519
ENST00000242050 THC2746857
ENST00000400751 THC2469469
ENST00000402731 NP1074463
ENST00000396863 THC2632453
ENST00000530459 THC2699650
ENST00000434405 NP709264

ENST00000444220 THC2496728
ENST00000514370 THC2471828

THC2507794

ENST00000371461 NP1166932
ENST00000531133 THC2583311
THC2522270
ENST00000447611 THC2614221
ENST00000490624 THC2471276
ENST00000399449 THC2546968
ENST00000372715 THC2784085

ENST00000374253 THC2488348
THC2577803
ENST00000426063 THC2591229
THC2461686

ENST00000445858	NP083734
	THC2561048
	THC2494832
ENST00000532936	THC2529939
ENST00000359985	THC2500887
ENST00000447221	THC2557733
ENST00000319332	THC2462379
ENST00000520024	THC2633867
	THC2500926
ENST00000506671	THC2557036
ENST00000369475	THC2525349
ENST00000317502	THC2474784
	THC2605689
ENST00000221856	THC2693421
ENST00000510192	THC2464809
ENST00000538196	THC2461763
ENST00000206466	THC2483568
ENST00000402551	THC2495202
ENST00000431526	THC2461962
ENST00000404295	THC2476595
ENST00000238571	THC2491747
ENST00000476970	THC2685855
ENST00000198587	THC2473023
ENST00000526586	THC2575940
ENST00000483320	THC2601798
	THC2510921
ENST00000431244	
ENST00000373832	THC2461406
ENST00000409236	THC2650178
	THC2742978
ENST00000463434	THC2481632
ENST00000541149	THC2472975
ENST00000393898	NP1463979
ENST00000301956	NP709264
ENST00000284878	THC2461543
ENST00000333572	THC2474938
ENST00000409086	THC2470797
ENST00000442298	THC2515835
ENST00000400023	THC2483736
	THC2544756
ENST00000381269	NP840486
ENST00000409435	THC2479285

	THC2504295
	THC2608420
ENST00000294168	THC2462884
	THC2544107
ENST00000441476	THC2481599
ENST00000474159	NP1163138
ENST00000238146	THC2465061
ENST00000528847	THC2534420
ENST00000367571	THC2484206
ENST00000490762	THC2509534
	THC2532298
	THC2494832
ENST00000484998	THC2528141
ENST00000393672	NP339923
ENST00000476695	THC2482059
	THC2655371
ENST00000380184	NP404952
ENST00000395698	THC2480671
ENST00000395392	THC2463377
ENST00000219240	THC2638542
ENST00000390672	THC2477494
	THC2783477
	THC2494832
ENST00000329276	THC2508617
ENST00000438418	THC2649674
	THC2578982
ENST00000467645	THC2672143
ENST00000360605	THC2698749
ENST00000372247	THC2495171
ENST00000331442	THC2482194
ENST00000466694	
ENST00000381736	THC2469044
ENST00000400890	THC2523094
	THC2475972
	THC2501776
ENST00000330701	THC2498694
ENST00000543264	NP228054
ENST00000368307	THC2501937
	THC2707678
	THC2512837

ENST00000382710	THC2713902
ENST00000546140	THC2489502
	THC2542532
ENST00000366636	THC2601343
ENST00000548793	THC2585077
ENST00000275569	THC2487398
	THC2494832
	THC2538319
ENST00000368952	THC2611990
ENST00000322299	THC2477482
ENST00000466668	NP1145845
ENST00000489609	THC2501228
ENST00000520314	THC2475282
ENST00000413157	NP1475291
ENST00000534871	NP1275914
ENST00000356215	THC2703184
	THC2531985
ENST00000201886	THC2561278
	THC2623129
ENST00000339139	THC2475122
ENST00000264866	THC2473620
ENST00000302514	THC2475031
ENST00000447726	THC2601684
ENST00000470054	NP117365
	THC2677122
	THC2625215
ENST00000420912	THC2606581
ENST00000372882	THC2687796
	THC2494850
ENST00000445265	THC2468596
ENST00000326237	THC2476014
ENST00000490918	THC2501382
ENST00000498215	NP303072
ENST00000331018	THC2488303
ENST00000317483	THC2462827
ENST00000535190	THC2532939
ENST00000452050	THC2711231
ENST00000544274	THC2468797
ENST00000261917	THC2479595
ENST00000244571	THC2491596
ENST00000447456	THC2478279

ENST00000371460	THC2480536
ENST00000532101	THC2496115
ENST00000555605	THC2513150
ENST00000492798	THC2573802
ENST00000493261	THC2652615
	THC2538215
ENST00000403593	THC2472429
ENST00000415340	THC2543215
ENST00000526601	THC2482188
ENST00000310053	THC2465857
ENST00000541424	NP1212814
ENST00000471090	THC2518594
ENST00000491442	THC2607583
ENST00000232888	THC2462997
ENST00000322213	THC2694605
ENST00000544056	THC2469799
ENST00000446344	THC2477166
ENST00000371472	THC2731730
	THC2559659
ENST00000303305	THC2465451
ENST00000251289	THC2468321
ENST00000537646	THC2567099
ENST00000265734	THC2631097
ENST00000421767	THC2491534
ENST00000437681	THC2518956
ENST00000314103	THC2515855
ENST00000311268	THC2463040
	THC2512994
ENST00000451409	THC2480903
	THC2473298
	THC2510637
ENST00000498203	THC2476999
ENST00000426560	THC2464784
	THC2542532
ENST00000549829	THC2475834
	THC2529854
	THC2679711
	THC2773879
	THC2605385
ENST00000338128	THC2578745
ENST00000427159	THC2782666
	THC2495546

ENST00000220772 THC2468923
ENST00000392519 THC2473358
ENST00000263857 THC2463000
ENST00000285605 THC2712514
ENST00000301633 THC2464956
ENST00000395561 THC2472637
ENST00000481416 THC2467844
ENST00000395260 THC2476045
ENST00000515616 THC2479751
ENST00000340648 THC2657119
ENST00000451251 THC2528380
ENST00000382547 NP1073090
ENST00000425280 THC2462946
ENST00000313434 NP1162382
ENST00000487146 THC2483712
ENST00000539621 THC2466282
ENST00000344227 THC2525104
ENST00000476268 NP1210591
ENST00000550704 THC2509371
ENST00000380207 THC2603850
ENST00000311044
ENST00000268138 THC2673324

ENST00000278816 THC2640147
ENST00000216187 THC2585086
ENST00000371926 THC2625345
ENST00000284548 NP1165096
ENST00000354296 NP1072725
ENST00000302097 THC2480672
ENST00000396437 THC2639129
ENST00000489303 THC2501367
THC2505378
ENST00000298351 THC2491734
THC2571814
ENST00000420956
ENST00000266077 THC2494668
ENST00000367213 NP1245608
ENST00000423209 THC2489773
ENST00000424323 THC2548841
ENST00000468169 THC2471262

ENST00000453317 THC2571342
ENST00000333479 THC2623867
ENST00000452576 THC2481050

ENST00000380416	NP709264
	THC2494832
ENST00000296437	THC2501193
	THC2627523
ENST00000378114	THC2468769
ENST00000368232	THC2484665
ENST00000487129	THC2608382
ENST00000382298	NP843920
ENST00000536982	THC2544037
ENST00000343648	NP598528
ENST00000304283	THC2535225
ENST00000413193	THC2523393
ENST00000290940	THC2477345
ENST00000392647	THC2616611
ENST00000453990	THC2473032
ENST00000374426	NP1463957
	THC2535602
	THC2577112
ENST00000495272	THC2622910
	THC2498220
	THC2499586
ENST00000542106	THC2590531
ENST00000493637	NP1078053
ENST00000413193	THC2546968
	THC2511910
ENST00000521747	THC2709166
	THC2473723
ENST00000557181	THC2517270
ENST00000544136	THC2604223
ENST00000422673	THC2500317
ENST00000382032	THC2467245
	THC2629416
ENST00000361727	THC2604907
ENST00000379809	THC2562153
ENST00000521877	THC2763782
ENST00000413464	NP1155730
ENST00000534916	THC2487290
ENST00000305725	THC2483865
ENST00000529535	THC2481033
ENST00000490490	THC2508917
	THC2486136

ENST00000430328 THC2464300
ENST00000253099 THC2750387
ENST00000251496 THC2475953

ENST00000337014 THC2474330

ENST00000489392 THC2513917
ENST00000458626 THC2491782
ENST00000424086 THC2464306
ENST00000415434 THC2616721
ENST00000396343 THC2624254
ENST00000476312 NP1156993
ENST00000486930 NP1210591
ENST00000305747 THC2601519
ENST00000373776 THC2475905

ENST00000451367 THC2604715
ENST00000392229 THC2727322
ENST00000372314 THC2469677

ENST00000411904 THC2626419
THC2540052
THC2478389
ENST00000357042 THC2477306

ENST00000276480 THC2473027

ENST00000544418 THC2739017
ENST00000438010
ENST00000340305 THC2659711
THC2731377
ENST00000490752 THC2508005
ENST00000296577 THC2469886
ENST00000420114 THC2537766
ENST00000433270 THC2474666
ENST00000244661 THC2479984
ENST00000472113 THC2571688
ENST00000475409 THC2509600
ENST00000542925 THC2503104
ENST00000371556 NP1202704
ENST00000545933 THC2549216
ENST00000377533 NP707596
THC2645509
ENST00000489303 THC2564520

ENST00000318779 THC2480877

ENST00000452187 THC2488850

ENST00000374429 THC2542832
THC2545112

ENST00000472481 NP1210591
ENST00000400701 NP1155228
ENST00000250156 THC2490782

ENST00000493650 THC2480963
THC2517403
ENST00000440501 THC2496566

THC2605963
THC2511401
THC2648866

ENST00000491894 THC2477523
ENST00000341825 NP089111
ENST00000485804 THC2625563
ENST00000317257 NP1194653
ENST00000536708 THC2521969
ENST00000301396 THC2491450

ENST00000382888 THC2496496
THC2602138

ENST00000490743
ENST00000408984 THC2461832

ENST00000374161 THC2481073
ENST00000471918 THC2522051
ENST00000445284 THC2595633
ENST00000549332 THC2785431
ENST00000402174 THC2511730
ENST00000531380 THC2786712
ENST00000494839 NP510529
ENST00000541330 THC2745173
ENST00000274629 THC2471989
THC2554418
ENST00000474456 THC2472090
ENST00000399921 THC2646890
ENST00000263955 THC2551594

ENST00000304189 THC2494308
ENST00000449228 NP338700
ENST00000538887 THC2579348
THC2463094
ENST00000305425 THC2723187
ENST00000369489 THC2490777
THC2510391
ENST00000258534 THC2551952
THC2504206
ENST00000256969 THC2656918
ENST00000539578 NP1473422
THC2611145
THC2500472
ENST00000223423 THC2462542
ENST00000301149 THC2465930
ENST00000428559 THC2466466
THC2500472
ENST00000441644
ENST00000523420 THC2615916
ENST00000263398 THC2559769
THC2497749
ENST00000273258 THC2505056
ENST00000375896 THC2492469
ENST00000393559 THC2637518
ENST00000464088 THC2490777
ENST00000546008 NP1144134
ENST00000348035 THC2554780
ENST00000394053 THC2543784
ENST00000359707 THC2614555
ENST00000370898 THC2624560
ENST00000375190 THC2641607
ENST00000518738 THC2466085
THC2483059
ENST00000424364 THC2613258

ENST00000428701 NP598444
ENST00000447735 THC2481749
ENST00000375678 THC2532739

ENST00000298912 THC2463596
THC2723627
ENST00000451102 THC2602182
ENST00000267205 THC2462403

ENST00000489377 THC2608073
ENST00000429363 THC2466953
ENST00000556067 THC2609154
ENST00000366696 THC2482551
THC2593778
ENST00000487480 THC2465921
ENST00000519402 THC2477540
ENST00000375236 NP401621
ENST00000330938 NP482330
ENST00000398982 THC2613371
ENST00000218652 THC2466434
ENST00000425688
ENST00000378407 THC2477169
ENST00000392079 THC2472577
ENST00000295683 THC2466945
ENST00000397128 THC2618025
ENST00000300434 THC2466545
ENST00000504110 THC2547100
ENST00000337755 THC2478738
ENST00000390363 NP285403
ENST00000528868 THC2465898
ENST00000369851 THC2465330
ENST00000412757 THC2491215
ENST00000368032 THC2490190
ENST00000199708 THC2481797
ENST00000284483 NP161044
ENST00000261596 THC2504785
ENST00000370996 THC2470694
ENST00000344691 THC2608317
ENST00000370625 THC2648498
ENST00000280155 THC2470819
ENST00000553750 NP833000
ENST00000542298 NP1400574

ENST00000514182 THC2461302
ENST00000268595 NP1400323
ENST00000377039 THC2613840

ENST00000352133 THC2463116
ENST00000359062 THC2476563
ENST00000444464 THC2674252
ENST00000443694 THC2467438
ENST00000369103 THC2783455
ENST00000534719 THC2586462

ENST00000372491	THC2464402
ENST00000421852	THC2674182
ENST00000317907	THC2466960
ENST00000464067	THC2481228
ENST00000367103	THC2541451
ENST00000454971	THC2478484
ENST00000521369	THC2672045
ENST00000369250	THC2475597
ENST00000423037	THC2461084
ENST00000557725	NP1188457
ENST00000343170	THC2606145
ENST00000380340	NP1456630
ENST00000216392	THC2466107
ENST00000486310	NP1201645
ENST00000488746	THC2536132
ENST00000470466	THC2485636
ENST00000291707	THC2479482
	THC2549415
ENST00000320152	NP1201523
ENST00000393350	THC2532966
ENST00000413988	THC2480663
ENST00000378776	THC2482910
ENST00000340875	THC2551994
ENST00000248975	NP1208627
ENST00000392328	THC2604837
ENST00000425164	THC2506067
ENST00000360013	THC2464895
	THC2497664
ENST00000439174	THC2603923
ENST00000358200	THC2487757
ENST00000543761	THC2473600
ENST00000360820	THC2461697
ENST00000474717	THC2470498
ENST00000367084	THC2555473
ENST00000325509	THC2702578
ENST00000264424	THC2464813
ENST00000377399	THC2463058
ENST00000304195	THC2481809
ENST00000246551	THC2473781
ENST00000378380	THC2474105
ENST00000429985	THC2654667
ENST00000251203	THC2475922
ENST00000273590	THC2467921

ENST00000409565 NP1211685

ENST00000415569 NP1157588

ENST00000359015 THC2462723

ENST00000392458 THC2466244

ENST00000555210 THC2623542

ENST00000448205 THC2468052

ENST00000505805 THC2770714

ENST00000260408 THC2610254

THC2504206

ENST00000316836 THC2466388

ENST00000155093 THC2479220

ENST00000415536 THC2641926

ENST00000343307 THC2732547

ENST00000544918 THC2732656

ENST00000380833 THC2625314

ENST00000253673 NP538319

ENST00000454368 THC2485905

ENST00000328041 THC2601747

ENST00000430606 NP707279

ENST00000452797 THC2492084

ENST00000368599 THC2601507

THC2612137

ENST00000369856 THC2495502

ENST00000437920

ENST00000004921 THC2464854

ENST00000302014 THC2469575

ENST00000518700 THC2637339

THC2611580

ENST00000205636 THC2590801

ENST00000477899 THC2493961

ENST00000407775 THC2474075

ENST00000173785 THC2469498

ENST00000293670 THC2482670

ENST00000309395 THC2534055

ENST00000433066

ENST00000477194 THC2657002

ENST00000222304 THC2478089

ENST00000534281 THC2492115

ENST00000233156 THC2497202

ENST00000273398 THC2529321

ENST00000460241 THC2626280

ENST00000370558 THC2574516

ENST00000368026 THC2469628
ENST00000272252 THC2467654
ENST00000394515 THC2500000
THC2475282
ENST00000422194 THC2643762
ENST00000478402 THC2497895
ENST00000260638 NP1202116
ENST00000437250 THC2507880
ENST00000444881 THC2497456
ENST00000557184 THC2629868
ENST00000341627 THC2508533
ENST00000258418 THC2708753
ENST00000409443 THC2610770
ENST00000456488 THC2467553
ENST00000262648 THC2473744
ENST00000406360 THC2492553
ENST00000319041 THC2562189
ENST00000488683 THC2782875
ENST00000454625 THC2672912
ENST00000264790 THC2491035
ENST00000359070 THC2556629

ENST00000477589 THC2699535
ENST00000405413 THC2519115

ENST00000449399 THC2556208
ENST00000438964 THC2518567
ENST00000432648 THC2530265
ENST00000540099 NP1159902
ENST00000292427 THC2606486
ENST00000534719 THC2586462

ENST00000291294 THC2476698
THC2509458
ENST00000289352 THC2472984
ENST00000544084 THC2584464
ENST00000286713 THC2511522
ENST00000279573 THC2479522
ENST00000536887 THC2471736
ENST00000378661 THC2478730
ENST00000372975 THC2544306
ENST00000357422 THC2516499

ENST00000377685 THC2491730

ENST00000464326	THC2593134
ENST00000379153	THC2466220
ENST00000470334	THC2601998
ENST00000284292	THC2461561
	THC2500019
ENST00000544114	NP1197556
	THC2485519
ENST00000545513	THC2475507
ENST00000355085	THC2473391
ENST00000451710	THC2471399
	THC2502321
ENST00000535110	
	THC2561617
ENST00000289473	THC2536916
ENST00000240361	NP584741
ENST00000540424	THC2537964
ENST00000406360	THC2492553
ENST00000301391	THC2714304
ENST00000318240	THC2521245
ENST00000510544	THC2476970
ENST00000413427	THC2509748
ENST00000396180	NP1072819
	THC2613887
ENST00000369838	THC2780746
ENST00000383817	THC2478402
	THC2582150
ENST00000319363	THC2508368
	THC2502196
ENST00000369326	THC2491323
ENST00000308502	THC2631338
ENST00000302472	THC2463869
ENST00000545340	THC2501930
ENST00000291568	THC2503761
ENST00000375856	THC2604437
ENST00000433655	NP1157653
ENST00000272252	THC2467654
ENST00000311813	NP1203192
ENST00000493476	THC2475127
ENST00000372656	THC2599137

ENST00000454224 THC2571194

ENST00000443523 THC2690120

ENST00000456849 THC2483115

ENST00000377574 THC2464017

ENST00000369516 THC2470727

ENST00000389708 THC2478991

ENST00000335772 THC2537109

ENST00000448642 THC2559718

ENST00000424264 THC2490408

ENST00000394586 THC2756573

ENST00000463520 THC2569813

ENST00000305123 THC2463213

ENST00000443584 NP233996

ENST00000317749 THC2479681

ENST00000453109 THC2531932

THC2518362

ENST00000373365 THC2613788

ENST00000258201 THC2461190

ENST00000556322 THC2788354

ENST00000420469 THC2606736

ENST00000375469 THC2471501

ENST00000410055 THC2470460

ENST00000417972 THC2466693

ENST00000470394 THC2575076

ENST00000392124 THC2478646

THC2626629

ENST00000536626 THC2464659

ENST00000280772 THC2481570

THC2603794

ENST00000338040 THC2483015

THC2479356

ENST00000237264 THC2467560

ENST00000507832 THC2745306

THC2634781

ENST00000349438 NP092758

ENST00000467161 NP705137

ENST00000482565 THC2564653

ENST00000366688 THC2475603

ENST00000482565 THC2564653

THC2625640

ENST00000267549 THC2476461

ENST00000401815 THC2484172

ENST00000368034 THC2477507

ENST00000443798 THC2556540
ENST00000443524 THC2469196
ENST00000475271 THC2475735
ENST00000368454 THC2565490
ENST00000274392 THC2550228

ENST00000378619 THC2480432
ENST00000544792 THC2492977
ENST00000545081 NP1156075
ENST00000262259 THC2471788
THC2621419
ENST00000235382 THC2468539
ENST00000292357 THC2473937
ENST00000391771 THC2469467
ENST00000264870 THC2468237
ENST00000300961 THC2476383
ENST00000417108 THC2495793
ENST00000316824 THC2477113
ENST00000450251 THC2516580

ENST00000416624
ENST00000353609 THC2506083
ENST00000221452 THC2470478
ENST00000234313 THC2461464
ENST00000412799 NP320182
ENST00000366691 THC2602064
ENST00000305097 THC2474618
ENST00000366592 NP1188826
ENST00000366783 THC2484347
ENST00000297290 THC2525435
ENST00000439082 THC2463182
ENST00000409391 THC2473616
ENST00000479328 THC2478803
ENST00000264094 THC2473979
ENST00000429173 THC2497951
ENST00000413679 THC2473807
ENST00000342745 THC2639295
ENST00000334062 THC2461649
ENST00000307275 THC2608644
ENST00000548263 NP1455017
ENST00000349618 THC2475548
ENST00000294008 THC2563421
ENST00000281834 THC2716910
ENST00000539261 THC2549798

ENST00000221980 THC2475348
ENST00000241356 THC2473213
ENST00000394653

ENST00000451788 THC2608795
ENST00000430664 THC2582201
ENST00000510157 NP1279107
THC2495338

ENST00000260630 THC2729686
ENST00000488436 THC2626826
ENST00000429817 THC2476509
ENST00000443503 THC2720342
ENST00000457662 THC2477297
ENST00000506577 THC2498975
ENST00000527394 THC2538069
ENST00000443402 NP092351
ENST00000468995 THC2576577
ENST00000362032 NP445792
ENST00000225174 THC2643807

ENST00000424989 THC2500944
ENST00000292432 THC2472527

ENST00000327430 THC2601821
ENST00000272249 NP1156896
THC2629092

ENST00000510048 THC2631700
ENST00000548310 THC2473228
ENST00000267396 THC2477341
ENST00000383610 THC2490306
THC2496189

ENST00000409648 THC2534650
ENST00000304385 THC2471153
ENST00000331733 THC2497349
ENST00000429328 THC2705847
THC2615944

ENST00000366513 THC2600974
ENST00000495625 THC2483142
ENST00000335464 THC2472950
ENST00000479059 NP1402385
ENST00000490488 THC2675367
ENST00000293255 NP186400
ENST00000358912 THC2468725
ENST00000305097 THC2474618

ENST00000413792 THC2630557
ENST00000324679 THC2467223
ENST00000412356 THC2461498
ENST00000431051 THC2674135
ENST00000435261 THC2653397
ENST00000433898 THC2466672
ENST00000428216 THC2506531
ENST00000304195 THC2473870
ENST00000460797 THC2469552
ENST00000356742 THC2489613
ENST00000336292 THC2466773
ENST00000369353 THC2538677
ENST00000475168 THC2467018
ENST00000264424 NP085770
ENST00000341575 THC2554046
ENST00000241261 THC2507406
ENST00000466414 THC2568094
ENST00000454875 THC2663816
ENST00000554909 THC2471182
ENST00000533931 THC2489953
ENST00000355621 NP1148081
ENST00000261783 THC2589104

ENST00000382358 THC2606008
ENST00000262017 THC2464287
ENST00000368046 THC2635054
ENST00000271638 THC2562445
ENST00000376363 NP841402
ENST00000530264 THC2510081
ENST00000422361 NP088302
ENST00000318792 THC2488412
ENST00000264848 THC2472419
ENST00000369506 THC2601021
ENST00000305108 THC2613843

ENST00000420658 THC2491273

ENST00000433572
ENST00000257290 THC2736992
ENST00000263372 THC2472588
ENST00000368736 THC2473724
ENST00000256640 THC2618998
ENST00000358200 THC2487757
ENST00000309166 THC2462031

ENST00000489255 THC2582427

ENST00000357838 THC2549771

ENST00000366756 THC2470707

ENST00000378578 THC2468293

ENST00000539307 NP1185402

ENST00000337428 THC2477520

ENST00000182527 THC2547986

ENST00000289707 THC2465098

ENST00000340482 THC2776236

ENST00000428209 THC2476650

ENST00000513761 THC2500975

ENST00000376630 THC2572909

ENST00000367294 THC2465931

ENST00000341184 THC2604467

ENST00000333916 THC2464447

ENST00000494726 THC2493494

ENST00000370192 THC2463538

THC2714641

ENST00000506949 THC2468388

ENST00000372702 THC2475084

ENST00000295754 THC2467976

ENST00000311069 THC2476340

ENST00000315994 THC2492107

ENST00000390469 NP482462

ENST00000380565 THC2464240

ENST00000410006 THC2473535

ENST00000350025 THC2476876

ENST00000543252 THC2784092

ENST00000216181 THC2465306

ENST00000219919 NP509229

ENST00000391720 THC2462459

ENST00000310645 THC2566297

ENST00000538653 THC2624185

ENST00000518204 THC2600555

ENST00000331826 NP518306

ENST00000304639 THC2477182

ENST00000404995 THC2743608

ENST00000373761 THC2650332

ENST00000374792 THC2471583

ENST00000358230 THC2544517

ENST00000418947 THC2468865

ENST00000248444 THC2470524

ENST00000380337 THC2475854

ENST00000305097 THC2474618
ENST00000424269 NP1159923
ENST00000246163 THC2477224
ENST00000336909 THC2501333
ENST00000374789 NP1247454
ENST00000371384 THC2468290
ENST00000546910
ENST00000414508 NP838323
ENST00000305958 THC2489846
ENST00000286049 THC2473931
ENST00000261203 THC2606870
ENST00000402802 THC2472997

ENST00000523505 THC2529082
ENST00000329734 THC2472312
ENST00000332499 THC2466542
ENST00000481132 THC2531009
ENST00000515007 THC2560424
ENST00000254691 THC2788663
ENST00000518748 THC2465079

ENST00000361927 THC2648565

ENST00000497869 THC2619418
THC2561617
ENST00000372383 THC2602882
ENST00000443439 THC2533844
ENST00000379982 THC2550943
ENST00000418403 THC2690820
ENST00000418403 THC2690820
ENST00000454892 THC2715926
ENST00000359684 NP1470416
ENST00000263754 THC2467350
ENST00000470137 THC2540609
ENST00000433087 NP181574
ENST00000366574 THC2471597
ENST00000530437 THC2479774
ENST00000475616 THC2514570
ENST00000429989
ENST00000272273 THC2525131
ENST00000361309 THC2503610
ENST00000301624 THC2470408
ENST00000540554 THC2719884
ENST00000257776 THC2478715

ENST00000457103 THC2528308
ENST00000343305 THC2471416
ENST00000503131 NP1167435
ENST00000380256 NP094052
ENST00000469098 THC2775284
ENST00000344327 THC2475189
ENST00000455566 THC2665210
ENST00000312849 THC2478108

ENST00000486738 THC2750229
ENST00000533730 THC2639749
ENST00000254958 THC2468282
THC2548955
THC2507925

ENST00000216241 THC2630437
ENST00000544402 NP181429
ENST00000436295
ENST00000439057 THC2507010
ENST00000439174 THC2603923
ENST00000442633 THC2610972
ENST00000263955 THC2668435
ENST00000311559 THC2495598

ENST00000362012 THC2601958
ENST00000414200 THC2514394
ENST00000375707 THC2489645
ENST00000318445 THC2639718
ENST00000300873 THC2743270
ENST00000399599 THC2488242
ENST00000366983 THC2524525
ENST00000354880 THC2465284
ENST00000248076
ENST00000332345 THC2470725
ENST00000262139 THC2461775

ENST00000417346 THC2488289
ENST00000280758 THC2471528
ENST00000304195 THC2609599
ENST00000259698 THC2491497
ENST00000262213 THC2719697
ENST00000357277 THC2608485

ENST00000404816	THC2465969
ENST00000369353	THC2538677
	THC2631660
ENST00000489330	NP207043
ENST00000330597	NP094052
ENST00000256637	THC2786186
ENST00000508126	THC2632742
ENST00000475171	THC2555785
ENST00000424682	THC2621491
ENST00000467815	THC2683428
ENST00000356321	THC2775225
ENST00000448645	THC2474017
ENST00000527633	THC2476006
ENST00000239849	THC2477865
ENST00000507194	THC2490484
ENST00000518481	THC2618446
ENST00000261797	THC2602484
ENST00000458314	THC2641033
ENST00000457865	THC2485400
ENST00000443196	THC2488238
ENST00000284165	NP1205082
	THC2636349
ENST00000423554	THC2485876
ENST00000260506	THC2466802
ENST00000422194	THC2643762
ENST00000366539	THC2496928
ENST00000453505	THC2461901
ENST00000373017	NP1247777
ENST00000484590	THC2617145
ENST00000448623	THC2708429
ENST00000400882	THC2627076
ENST00000394236	THC2467591
ENST00000538077	THC2479531
ENST00000441075	THC2479966
ENST00000248437	THC2533649
ENST00000274071	THC2601312
ENST00000307259	THC2579307
ENST00000379070	THC2470988
ENST00000327741	THC2466812

ENST00000312655	THC2608705
ENST00000414545	THC2611365
ENST00000296755	THC2469907
ENST00000379287	THC2473326
ENST00000374270	THC2489136
ENST00000369161	THC2556222
	THC2548824
ENST00000380490	THC2462483
ENST00000379520	THC2470088
ENST00000308611	THC2630096
ENST00000242728	THC2461728
ENST00000341259	THC2514529
ENST00000242719	THC2468920
	THC2690911
ENST00000392634	NP1471009
ENST00000419003	THC2623071
ENST00000429759	THC2566581
ENST00000367555	THC2471233
ENST00000542234	THC2746610
ENST00000315238	THC2472664
ENST00000542161	THC2605100
ENST00000355946	THC2496815
ENST00000526627	THC2470373
ENST00000368100	THC2483151
ENST00000344450	THC2462616
ENST00000360804	THC2522399
ENST00000550639	THC2556100
ENST00000397860	THC2491815
ENST00000331035	THC2474356
ENST00000357056	NP841310
ENST00000254661	THC2464432
ENST00000368141	THC2470365
ENST00000246792	THC2461774
	THC2500261
ENST00000261707	THC2477611
ENST00000017003	NP862742
ENST00000302495	THC2475295
ENST00000369769	THC2475235
ENST00000381007	THC2497751
ENST00000369658	NP501035
ENST00000406875	THC2532567
ENST00000383054	THC2553695
ENST00000340811	THC2490629

THC2561617
ENST00000425985 NP1180404
ENST00000528880 THC2461513
ENST00000285407 THC2463837
ENST00000271638 THC2558430
ENST00000360982 THC2469622
ENST00000267859 THC2526700
ENST00000548054 THC2705901

ENST00000401035 NP651840
ENST00000299178 THC2473938
ENST00000344756 THC2481747
ENST00000496149 NP090150
ENST00000429730 THC2648454
ENST00000355973 THC2534021
ENST00000366835 THC2586917

ENST00000398275 THC2648285
ENST00000522781 THC2480934
ENST00000463107 THC2609712
ENST00000368323
ENST00000370268 THC2462439
ENST00000410076 THC2479429
ENST00000338380 THC2736360
ENST00000407341 THC2468299
ENST00000321196 THC2472654
ENST00000539037 THC2605779
ENST00000273695 THC2477702
ENST00000313431 THC2473512
ENST00000378588 THC2461167

THC2752127
ENST00000540891 THC2511652
ENST00000443965 THC2741013
THC2629156
THC2649967

ENST00000303531 THC2461315
ENST00000378565 NP830451
ENST00000419810 THC2529704
ENST00000538397 THC2582340
ENST00000392749 THC2621381

ENST00000329858 THC2472812
ENST00000373793 THC2602400

ENST00000379384 NP1456808
ENST00000261401 THC2658455
ENST00000359202 THC2487590
ENST00000371250 THC2585233
ENST00000265643 THC2473395
ENST00000424989 THC2500944
ENST00000251170
ENST00000474223 THC2552940
ENST00000319363 THC2570240
ENST00000332029 THC2666012
ENST00000268389 THC2475474
ENST00000424761 THC2725697
THC2668398
ENST00000445403 THC2628771
ENST00000257017 THC2472814
ENST00000316549 THC2461127
ENST00000341084 THC2744210
ENST00000412779 THC2582734
ENST00000370629 THC2489232
ENST00000011898 THC2649406
ENST00000489102 THC2767672
ENST00000295952 THC2534913
ENST00000338981 THC2624470
ENST00000415449 NP1176033
ENST00000551809 THC2475172
ENST00000372459 THC2591756
ENST00000393944 THC2532151
ENST00000315872 THC2462569
ENST00000260356 THC2470159
ENST00000525374 THC2625119
ENST00000460330 THC2489778
THC2607812
ENST00000376573 THC2587363
ENST00000368594 THC2484576
ENST00000503780 THC2647767
ENST00000392813 THC2622276
ENST00000373452 THC2471307
ENST00000268042 THC2601284

ENST00000493946 THC2600032

ENST00000356208 THC2469261
ENST00000231061 THC2465583
ENST00000329235 THC2618612

ENST00000465518 THC2481567
ENST00000248594 THC2466264
ENST00000296026 THC2750222
ENST00000304735 NP1211313
THC2660532
ENST00000527845 THC2472304
ENST00000337910 THC2461653
ENST00000487631 THC2741030
ENST00000008938 THC2479769
ENST00000418370 NP500946
ENST00000472827 THC2601250
ENST00000370336 THC2475452
ENST00000267859 THC2496581

ENST00000454378 THC2565333
ENST00000446401 THC2656892
ENST00000366927 THC2613276
ENST00000431365 THC2487082
ENST00000319340 THC2602365
ENST00000439871 THC2605732
THC2672781
ENST00000508487 THC2601814
ENST00000379253 THC2523522
ENST00000438340 THC2503680
ENST00000400256 THC2479914
ENST00000427043 THC2621865
ENST00000254661 THC2464432
ENST00000460812 THC2664942
ENST00000371885 THC2612502
ENST00000416681 THC2691784

ENST00000251749 THC2647034
THC2491527
ENST00000441316 THC2507384
ENST00000396257 NP822241
ENST00000469224 THC2764663
ENST00000456328 THC2478406
ENST00000446720
ENST00000536605 THC2501977
ENST00000289407 THC2464341

ENST00000265598 THC2464581
ENST00000553986 THC2711938

THC2491996
ENST00000249356 THC2665858
ENST00000307395 THC2478472
ENST00000545756 THC2467083
ENST00000393587 THC2601812
ENST00000494395 THC2580179
ENST00000456200 THC2479207
ENST00000368804 THC2603570
ENST00000312637 THC2464536
ENST00000361042 THC2519416
ENST00000296027 THC2463029
ENST00000438342
ENST00000430494 THC2778533
ENST00000380633 THC2585218
ENST00000372728 THC2466955
ENST00000340965 THC2718316
ENST00000245912 THC2480756
ENST00000306096 THC2504022
ENST00000228434 THC2461298
ENST00000261438 THC2652544
ENST00000276055 THC2472068
ENST00000316218 THC2461859
ENST00000315087 THC2662685
ENST00000304141 THC2461139
ENST00000321728 THC2473954
ENST00000277570 THC2472592
ENST00000374391 THC2474038
ENST00000361384 THC2465023
ENST00000486255 THC2494938

ENST00000258317 THC2485158
ENST00000265450 THC2465982
ENST00000542691 THC2588366
ENST00000376028 THC2493202
ENST00000427916 THC2620889
ENST00000397591 THC2470159
ENST00000263621 THC2472602
THC2753801
ENST00000248564 THC2462830
ENST00000367460 THC2474032
ENST00000371873 THC2540218
ENST00000379208 THC2488600
ENST00000486749 THC2721000
ENST00000471229 THC2760661

ENST00000415912	THC2500380
ENST00000301843	THC2605062
ENST00000295756	NP174928
ENST00000542236	THC2464660
ENST00000308299	THC2464053
	THC2707941
	THC2788485
ENST00000417024	THC2475246
ENST00000432389	THC2756060
ENST00000380732	NP207043
ENST00000355394	THC2462802
ENST00000340978	THC2657683
ENST00000393349	NP706267
ENST00000485470	THC2505362
ENST00000199280	THC2607103
ENST00000389418	THC2484697
ENST00000221515	THC2478211
ENST00000293525	THC2477568
ENST00000360672	THC2473105
ENST00000310373	NP236107
ENST00000258341	THC2538877
ENST00000538673	THC2470245
ENST00000379386	THC2478123
ENST00000264832	THC2469415
ENST00000360672	THC2473105
ENST00000355897	THC2470784
	THC2618881
ENST00000389793	THC2461960
ENST00000378845	THC2662004
ENST00000323496	THC2582354
ENST00000377424	THC2467315
ENST00000417596	THC2603130
ENST00000455408	THC2465146
ENST00000527880	THC2536520
ENST00000542665	NP1402212
ENST00000229243	THC2461575
ENST00000348070	THC2536441
	THC2529564
ENST00000296029	THC2476220
ENST00000336032	THC2506301

THC2618881
ENST00000498660 THC2501897
THC2494818
ENST00000507150 THC2464801
ENST00000397535 THC2471291
ENST00000458325 THC2618847
ENST00000244050 THC2463607
ENST00000373887 THC2601826
ENST00000225840 THC2474860

ENST00000251535 THC2479590
ENST00000263036 THC2483283
ENST00000447195 THC2486472
THC2581131
ENST00000336577 THC2475114
ENST00000490341 THC2488455
ENST00000263388 THC2465935
ENST00000380446 THC2565549
ENST00000280704 NP1163338
ENST00000368738 THC2593706
ENST00000264474 THC2553726
ENST00000374907 THC2544883
ENST00000342583 THC2466787
ENST00000334354 NP1163457
ENST00000430575 THC2509923
ENST00000296028 THC2473736
ENST00000477036 THC2463484
ENST00000425412

THC2502196
THC2610482
ENST00000454385 THC2660884
ENST00000317968 THC2566908
ENST00000280200 THC2478288
ENST00000304748 THC2464363
ENST00000526149 THC2483477

THC2671520
ENST00000355773 THC2462064
ENST00000411514
ENST00000307407 THC2470330
ENST00000360113 THC2743842
ENST00000374949 THC2462487

ENST00000361131 THC2465080
ENST00000429666
ENST00000331161 NP841402
ENST00000292301 THC2475638
ENST00000334035 THC2503739
ENST00000330953 THC2476227
ENST00000253320 THC2480906
ENST00000324907 THC2465065
THC2548824
ENST00000426880 THC2480586
ENST00000517927 THC2647659
THC2606872
ENST00000379426 THC2634604
THC2478958
ENST00000445132 THC2481494
ENST00000537441 THC2693468
ENST00000393599 THC2463220
ENST00000314088 THC2508286
ENST00000454385 THC2660884
ENST00000367029 THC2463882
ENST00000351578 THC2472026
ENST00000315367 THC2462394
ENST00000396891 THC2763449
ENST00000462773 THC2482705
ENST00000005558 THC2580758
ENST00000217133 THC2472803
ENST00000393496 THC2473179

ENST00000301242 THC2657620
ENST00000538366 NP1142354

ENST00000380419 THC2478803
ENST00000472219 NP710452
ENST00000339223 THC2637585
ENST00000511025 THC2470424
ENST00000391916 THC2473198
ENST00000467528 THC2470003
ENST00000342463 THC2476321
ENST00000342697 THC2499930
ENST00000381810 THC2579980
ENST00000285419 THC2463130
ENST00000394355 THC2476157
ENST00000345721 THC2761328
ENST00000416959 THC2649707

THC2572166
ENST00000331163 NP1151998
ENST00000300069 THC2472982
ENST00000344908 THC2464327
ENST00000498352 THC2605726
ENST00000382833 THC2700177
ENST00000426699 THC2630350
ENST00000289902 THC2463219
ENST00000393807 THC2461168

ENST00000221847 THC2737205
ENST00000405692 THC2477221
ENST00000431042 THC2464691
ENST00000367157 THC2463956
ENST00000244336 THC2475392
ENST00000302005 THC2473845
ENST00000288666 NP518027
ENST00000358918 NP922631

ENST00000367992
ENST00000478599 THC2476545
ENST00000378467 THC2734670
ENST00000296370 THC2461598
ENST00000358024 THC2489531
ENST00000381524
ENST00000396180 NP1072819
ENST00000382772 THC2589854
ENST00000264449 THC2601396
ENST00000460787 THC2602242
ENST00000012134 THC2467568
ENST00000270452 THC2464369
ENST00000397463 THC2466997
ENST00000470633 THC2528425
ENST00000554860 NP510943
ENST00000471500 THC2472112
ENST00000253320 THC2472297
ENST00000264107 THC2608054
ENST00000301246 THC2480610
ENST00000513921 THC2506482
ENST00000394439 THC2501404
ENST00000367857 THC2495241
ENST00000355621 NP1148081
ENST00000379359 NP209724

ENST00000542259 THC2491481
ENST00000369583 THC2467211
ENST00000367495 THC2677787
ENST00000393436 THC2498739
ENST00000284273 THC2601556
ENST00000280612 THC2472999
ENST00000379440 THC2465162
ENST00000366595 THC2467998

ENST00000376122 THC2471349
ENST00000450783 THC2540869
ENST00000264728 THC2737630
ENST00000554061 THC2468229
ENST00000443523
ENST00000395761 THC2623760
ENST00000320188 THC2682218

ENST00000424989 THC2500944
ENST00000376382 THC2617196
ENST00000335295 THC2465732
ENST00000543519 NP511507

ENST00000378182 THC2568548
ENST00000329654 THC2477454
ENST00000467896

THC2601518

ENST00000491855 NP285492
ENST00000272134 THC2619243
ENST00000359446 THC2552483

THC2627745

THC2611633

ENST00000393187 THC2507691
ENST00000409532 THC2608054
ENST00000361936 THC2485073

THC2627801

ENST00000301618 THC2482283
ENST00000498640 THC2707837
ENST00000475911 THC2474012

ENST00000539356 THC2466354
ENST00000359470 THC2603168
THC2625371

ENST00000377503 THC2472531
ENST00000554001 THC2668804
ENST00000357763 THC2605331

ENST00000329565 THC2468698
ENST00000465393 THC2498942
ENST00000474897 THC2604245
ENST00000259392 THC2466664
ENST00000360801 THC2490161
ENST00000356113 THC2472915
ENST00000486374 THC2467104
THC2719986
ENST00000539041 THC2602891
ENST00000376363 NP841402
ENST00000535368 NP1464354
ENST00000265022 THC2668617
ENST00000248996 THC2462026
ENST00000469098 THC2602925
ENST00000254301 THC2745323
ENST00000310865 NP1167385
ENST00000520193 THC2467041

ENST00000331224 NP1464806
ENST00000377126 THC2609745

ENST00000450783 THC2540869
ENST00000398939 THC2489950
ENST00000429630
ENST00000294514 THC2604229
ENST00000401931 THC2544321
ENST00000322953 THC2471274
THC2647746
ENST00000438354 THC2567589
ENST00000371222 THC2469957
ENST00000222543 NP1186420
ENST00000367290 THC2475532
ENST00000373313 THC2469086
ENST00000414191 THC2656667
ENST00000371940 THC2714332
ENST00000296641 THC2471015
ENST00000489274 THC2467364
ENST00000356665 THC2609668
ENST00000528038 THC2467726
ENST00000398939 THC2489950
ENST00000266671 THC2553254
ENST00000260324 THC2562451
ENST00000396290 THC2487694

ENST00000334003	THC2674762
ENST00000277900	THC2759750
ENST00000252951	THC2474166
ENST00000376382	THC2759397
ENST00000552240	THC2462980
ENST00000442130	THC2569838
ENST00000520358	THC2462684
ENST00000248071	THC2467900
ENST00000425287	THC2490569
ENST00000415848	THC2499646
ENST00000361365	THC2462230
ENST00000544665	NP1472148
ENST00000372557	THC2757977
ENST00000383420	THC2603645
ENST00000509769	THC2491495
ENST00000378565	NP830451
ENST00000312143	THC2699717
ENST00000331858	THC2475411
ENST00000424843	THC2464906
ENST00000546599	THC2465562
ENST00000250151	NP1460354
ENST00000262158	THC2470916
ENST00000328089	NP852704
ENST00000303992	THC2482843
ENST00000262065	THC2467098
ENST00000354276	NP1152204
ENST00000252506	THC2461443
ENST00000361618	THC2531826
ENST00000342280	THC2470723
ENST00000278456	THC2633482
ENST00000260010	THC2617609
ENST00000252951	
ENST00000250151	NP1460354
ENST00000374773	NP369795
	THC2483059
ENST00000484928	THC2624423
ENST00000427699	NP393613
ENST00000181796	THC2603459
ENST00000287656	NP598268
ENST00000435218	THC2474070
	THC2718625
ENST00000256495	THC2468917
	THC2741692
ENST00000524599	THC2461194

ENST00000391773	NP1144697
ENST00000361306	THC2467412
ENST00000482866	THC2493049
	THC2546089
ENST00000325157	THC2475797
ENST00000369540	NP1141639
ENST00000536024	THC2534201
ENST00000278505	THC2610133
ENST00000547195	THC2519182
ENST00000413119	THC2780886
ENST00000320560	THC2503577
ENST00000481588	THC2571119
ENST00000311981	THC2672886
ENST00000279022	THC2598537
ENST00000440122	NP564766
ENST00000265052	THC2532122
ENST00000283871	THC2691554
ENST00000381918	THC2465392
ENST00000264444	THC2673609
ENST00000376835	THC2772477
ENST00000256458	NP1395049
ENST00000263464	THC2463921
ENST00000251595	NP1132274
ENST00000309775	THC2564062
ENST00000356967	THC2558421
ENST00000333598	THC2475479
ENST00000436171	THC2489770
ENST00000375782	THC2477712
ENST00000457057	THC2461680
ENST00000308299	THC2464053
ENST00000348658	THC2481313
ENST00000408919	THC2514190
ENST00000283285	THC2554882
ENST00000460067	THC2530476
ENST00000398275	THC2661672
ENST00000225831	THC2489756
ENST00000375448	THC2472236
ENST00000528655	THC2591417
ENST00000304672	THC2488468
ENST00000377507	THC2479062
ENST00000510306	THC2708352
ENST00000367558	THC2764428
ENST00000528572	
ENST00000244751	THC2464138

ENST00000374642	THC2691241
ENST00000285379	THC2468878
ENST00000492117	THC2498998
ENST00000503771	NP854480
ENST00000369938	THC2629991
ENST00000336079	THC2467050
ENST00000375894	THC2576582
ENST00000310128	THC2483001
ENST00000426005	NP1465593
ENST00000373122	THC2488779
ENST00000553307	THC2484993
ENST00000398275	THC2661672
ENST00000368733	THC2550959
ENST00000287143	THC2482136
ENST00000396895	THC2749039
ENST00000366788	THC2620035
ENST00000396650	THC2470366
ENST00000392832	THC2473800
ENST00000265603	THC2545695
ENST00000389474	THC2480407
ENST00000426947	THC2464968
ENST00000372733	THC2778099
ENST00000262406	NP114063
ENST00000333360	THC2470435
	THC2602408
	THC2488247
ENST00000267953	THC2486797
	THC2580655
ENST00000392014	THC2723115
ENST00000395761	THC2462921
ENST00000505078	THC2484404
ENST00000503337	THC2482842
ENST00000463941	THC2465035
ENST00000262865	THC2470545
ENST00000394618	NP374307
ENST00000296252	THC2626543
ENST00000238875	THC2601441
ENST00000376626	NP1474893
ENST00000543406	THC2471587
ENST00000366987	NP1205356
ENST00000221515	THC2478211
ENST00000404436	THC2510769
ENST00000367558	THC2466612
	THC2464343

ENST00000404171 THC2464797

ENST00000324288 THC2721437

ENST00000358784 NP159894

ENST00000541087 NP707279

ENST00000402676 THC2543286

ENST00000380092 THC2492768

ENST00000389501 THC2590705

ENST00000490775 THC2477065

ENST00000356962 THC2676293

ENST00000358691 THC2491707

ENST00000394751 THC2481226

ENST00000477589 THC2699535

ENST00000419559 THC2542361

ENST00000467705 THC2486653

ENST00000440666 THC2694191

ENST00000491480

THC2534222

ENST00000291906 THC2470438

ENST00000430352 THC2463630

ENST00000456020 THC2464486

ENST00000433036

THC2525651

ENST00000336733 THC2463927

ENST00000437681 THC2495511

ENST00000275517 THC2465959

ENST00000453836 THC2501805

THC2547329

ENST00000435753 THC2466930

ENST00000439105

ENST00000375377 THC2491624

ENST00000378282 THC2713044

ENST00000377412 THC2754953

THC2546331

ENST00000311457 THC2604430

ENST00000478508 THC2537671

ENST00000376412 THC2596183

ENST00000405496 NP835290

ENST00000283441 THC2483375

THC2725851

ENST00000450537 THC2621080
ENST00000409176 THC2785217
ENST00000339078 THC2479348
ENST00000391781 THC2499172
ENST00000341068 THC2461098
ENST00000308736 NP214588
ENST00000488743 THC2507513
ENST00000476648 THC2500669
ENST00000372188 THC2497874
ENST00000361619 THC2488761

THC2496379

ENST00000447140 THC2590514
THC2532291
ENST00000337919 THC2467302
ENST00000370684 THC2519285
ENST00000542640 THC2652328
ENST00000544995 NP394266
ENST00000400890 THC2577030
ENST00000486733 THC2563635
ENST00000233505 THC2483215
ENST00000241600 THC2603095
ENST00000556450 THC2462441
ENST00000437681 THC2518956
ENST00000290429 THC2463899
ENST00000300006 THC2497958
ENST00000398305 THC2481483
THC2534303

ENST00000316807
ENST00000534255 THC2463917
THC2639066
ENST00000291634 THC2658844
THC2487243
ENST00000544343 NP1178661

ENST00000490568 THC2666692
ENST00000551117 THC2463419
THC2478389
ENST00000492059 NP1157898
THC2494832
ENST00000426793 THC2566808
ENST00000355068 THC2506022
ENST00000549804 THC2528713

THC2537477
ENST00000270061 NP1154055

ENST00000547870 NP1190980
ENST00000532854 THC2545864
ENST00000439251
ENST00000453634 THC2506657
THC2586597

ENST00000310542 THC2479872
ENST00000325421
THC2609405
THC2546420
ENST00000469581 THC2696470
ENST00000355413 THC2466706
ENST00000392359 THC2634741
ENST00000531072 THC2609580
ENST00000370765 THC2470919
ENST00000518214 THC2653942
ENST00000424061 THC2479328
ENST00000496655 THC2691648
ENST00000536198 THC2536703
THC2489122
ENST00000268043 NP1459454
ENST00000395554 THC2719007
ENST00000407385 NP1212781
ENST00000420509 THC2625845
ENST00000222567 THC2603762

THC2542554
ENST00000401073 THC2578126
ENST00000370526 THC2463054
ENST00000218343 THC2464683
ENST00000373644 THC2653107
ENST00000173229 THC2621567
ENST00000507197 THC2537217
ENST00000389749 THC2711861
ENST00000393928 THC2467707
ENST00000293880 THC2534023
ENST00000427587 THC2495519

ENST00000390655 THC2490834
ENST00000372249 THC2520280
ENST00000440863 NP1213175

ENST00000425591 THC2627831
ENST00000451902 THC2470369
ENST00000369886 THC2739189
ENST00000418978 THC2499713
ENST00000405993 THC2564405
ENST00000355849 THC2462142

ENST00000485975 THC2490616
ENST00000458570 THC2471547
ENST00000408019 NP1138716
ENST00000170630 THC2467328
ENST00000533178 NP1181644
ENST00000255304 THC2462977
ENST00000352371 THC2471571
THC2602398

ENST00000419206 THC2777764
ENST00000506023 THC2787628
ENST00000409095 THC2468844
ENST00000453676 NP1459543
ENST00000505962 THC2676885
ENST00000252252 THC2590995
ENST00000511147 THC2640186
ENST00000396050 THC2482383
ENST00000380071 THC2465905
THC2558292

ENST00000219473 THC2470177
ENST00000438170 THC2496354
ENST00000380152 THC2471393
ENST00000359863 THC2467326
THC2498160

ENST00000261486 THC2710115
ENST00000332396 THC2466035
ENST00000505490 THC2462842
ENST00000498416 NP299061
ENST00000426804 THC2474164
ENST00000391986 THC2543387
ENST00000545882 THC2586121
ENST00000420780 NP1190980
ENST00000528268 THC2512119
ENST00000438146 THC2587601
THC2682291

ENST00000318565 THC2466186
THC2532163
ENST00000512024 THC2461942

ENST00000548115	THC2515852
ENST00000378839	THC2601402
ENST00000556512	THC2780489
ENST00000421947	THC2769779
ENST00000311388	THC2484755
	THC2502833
ENST00000347925	NP163336
ENST00000485344	THC2515936
ENST00000370007	THC2469495
ENST00000299529	THC2767220
ENST00000526942	THC2495880
ENST00000477620	THC2503701
	THC2461686
	THC2525638
ENST00000345365	THC2525837
ENST00000383101	THC2463493
ENST00000344626	NP1155130
ENST00000352983	THC2573169
ENST00000430097	THC2477368
ENST00000526984	THC2671451
ENST00000534682	NP098806
ENST00000300086	THC2470058
ENST00000269500	THC2472376
ENST00000484375	THC2562663
ENST00000283928	THC2461704
	THC2479979
	THC2725860
ENST00000268957	THC2479432
ENST00000393613	THC2461475
ENST00000488747	THC2466421
ENST00000438881	THC2479244
ENST00000412133	THC2658861
ENST00000366622	THC2499950
ENST00000322272	THC2485174
ENST00000221930	THC2467887
ENST00000224807	THC2515344
ENST00000412735	THC2609061
ENST00000497139	NP1153832
ENST00000373082	THC2618040
ENST00000376534	THC2463698
ENST00000256343	THC2626808

ENST00000433810	THC2693930
ENST00000316919	THC2474122
	THC2657499
ENST00000224756	THC2534526
ENST00000374633	THC2488666
ENST00000232905	THC2694004
ENST00000450388	THC2474792
ENST00000525598	THC2612673
ENST00000517482	
ENST00000452795	
ENST00000295237	NP1142362
ENST00000377959	THC2703482
ENST00000381725	NP1242435
	THC2522841
	THC2590215
ENST00000344887	THC2615488
ENST00000304534	THC2712846
ENST00000382464	THC2482511
ENST00000265896	THC2469162
ENST00000430079	THC2783530
ENST00000267328	THC2471982
	THC2654104
ENST00000369161	THC2462331
ENST00000359203	THC2574246
ENST00000369660	THC2468338
ENST00000375846	THC2494541
	THC2526374
ENST00000539110	NP1157723
ENST00000424471	THC2504496
ENST00000490329	THC2461016
ENST00000349830	THC2488274
ENST00000421597	
ENST00000460021	THC2565137
ENST00000523507	THC2710632
ENST00000374213	THC2462243
ENST00000396813	THC2541977
	THC2509477
	THC2478359
	THC2509988
ENST00000219022	NP080242
ENST00000511861	THC2698901

ENST00000404752 THC2492004
THC2577682
ENST00000541020 THC2607318
ENST00000520557 THC2478626
ENST00000504459 NP1196960
ENST00000513739 THC2645312
ENST00000368593 NP1250667

ENST00000330550 NP563914
ENST00000469679 THC2557059
ENST00000392062 THC2487901
ENST00000366852 THC2466191
THC2500501
NP096658

ENST00000222547 NP087319
ENST00000367313 THC2461156
ENST00000264400 THC2474366
ENST00000443276 NP862356
THC2469399

ENST00000211998 THC2614702
ENST00000506088 THC2464429
ENST00000309585 THC2485825
ENST00000533377 NP707441
ENST00000369838 THC2780746
ENST00000388940 NP499021
ENST00000477696 THC2611812
ENST00000222812 THC2466318

ENST00000371795 THC2634773
ENST00000361871 THC2466310
THC2672086
ENST00000278590 THC2600931
ENST00000395079 THC2490874
ENST00000496943
THC2606148

ENST00000414306 THC2494104
ENST00000283152 THC2773150
ENST00000464024 THC2637908
ENST00000310803 NP1473840
ENST00000331224 NP1464806
ENST00000304031 THC2488646

ENST00000217740 THC2720395

ENST00000392806 THC2484324

ENST00000307417 THC2474895

ENST00000252444 THC2470337

ENST00000318683 NP1200580

ENST00000532803 THC2485003

ENST00000494826 THC2642366

ENST00000264986 NP1462459

THC2543667

ENST00000294339 THC2722598

ENST00000262120 THC2641548

ENST00000394810 THC2475029

ENST00000216036 THC2476489

ENST00000441301 THC2668771

ENST00000380829 THC2467427

ENST00000309170 THC2476449

ENST00000466167 THC2470614

ENST00000375365 THC2715714

THC2650820

ENST00000311322 THC2465480

ENST00000545340 THC2598297

ENST00000466799 THC2534407

ENST00000471750 NP088350

THC2561617

ENST00000366574 THC2471597

ENST00000480732 THC2530312

ENST00000375233 THC2498207

ENST00000268125 THC2643180

ENST00000545420 THC2466723

ENST00000336787 THC2462195

ENST00000295206 THC2751874

ENST00000444870 THC2729239

ENST00000536898 THC2485530

ENST00000371989 THC2465161

ENST00000263904 THC2462947

ENST00000289473 THC2497685

ENST00000392552

ENST00000513416 THC2620863

ENST00000508895 THC2685780

ENST00000455616 THC2465092

ENST00000313552 THC2472713

ENST00000397687	THC2752735
ENST00000537947	THC2537033
ENST00000360314	THC2488336
	THC2472931
ENST00000448494	THC2509268
ENST00000518331	THC2570914
ENST00000543616	THC2462675
ENST00000451577	THC2501137
ENST00000545955	NP1403913
	THC2499541
ENST00000416179	THC2675841
ENST00000453881	THC2651404
	THC2487352
	THC2474981
ENST00000409701	THC2461804
ENST00000398148	THC2535701
ENST00000382936	THC2645982
ENST00000216121	THC2535229
ENST00000382723	THC2471360
ENST00000401695	THC2484465
ENST00000340926	THC2516313
ENST00000403906	THC2484970
ENST00000546137	THC2575856
ENST00000485278	THC2513073
ENST00000538603	THC2481259
ENST00000525692	NP850982
ENST00000314567	THC2602853
ENST00000526541	THC2670399
ENST00000373789	
ENST00000505020	THC2478918
	THC2608833
ENST00000394944	THC2463187
ENST00000001008	THC2504803
	THC2499820
ENST00000447140	THC2590514
	THC2607650
ENST00000435370	THC2545705
ENST00000517700	THC2668472
ENST00000474257	THC2509553

ENST00000325845 THC2544341
ENST00000375682 NP086069
THC2489700
ENST00000338591 THC2474386
ENST00000300525 THC2479082
ENST00000445655 NP1208414

ENST00000249783 NP1199025
ENST00000298532 THC2487943
ENST00000416383 THC2703890
THC2548537
ENST00000414198 THC2665784
ENST00000309061 THC2468347
ENST00000542526 THC2624192

ENST00000345034 THC2644320
ENST00000252455 THC2568691
THC2514710
ENST00000496254 THC2549499
ENST00000265074 THC2470485
ENST00000382247
ENST00000412326 THC2489805
ENST00000357132 THC2510953
ENST00000455503 THC2684689
ENST00000263674 THC2461891
ENST00000476212 THC2467235
ENST00000484888 THC2462522

ENST00000409525 THC2477355
ENST00000439912 THC2703848
ENST00000472225 THC2554051
ENST00000557723
ENST00000313350 THC2537147
ENST00000358201 THC2461701
ENST00000541562 THC2485695
ENST00000304330 THC2466757
THC2486918
ENST00000341186 THC2769721
ENST00000389126 THC2481874

ENST00000455995 THC2509429
ENST00000336727 THC2461248
THC2529542

ENST00000461125 NP447228
THC2520718

ENST00000473637 NP091637
ENST00000354161 NP1158215
ENST00000327367 THC2461213

ENST00000415244 THC2670897
THC2506949
ENST00000327299 THC2461907
ENST00000383738 NP924733

ENST00000409099 THC2463615
ENST00000546034 THC2464653
ENST00000454049 THC2507032
ENST00000319406 THC2484537

ENST00000419719 THC2642498
ENST00000304032 THC2465129
ENST00000310137 THC2469719
ENST00000392468 THC2481460
ENST00000300525 THC2479082
ENST00000336078 THC2512007
ENST00000295246 THC2548520
ENST00000496790 THC2696148
ENST00000256996 THC2494684
ENST00000429863 THC2623897
ENST00000504360 THC2601772
ENST00000448136 THC2483147
ENST00000338850 THC2690807
ENST00000556670 THC2486455
ENST00000371600 THC2535432
ENST00000340349 THC2641099
ENST00000359193 THC2477745
ENST00000409862 THC2726411

ENST00000338623 THC2472289
THC2499308
ENST00000253952 THC2494638

ENST00000543037 THC2564663
ENST00000411937 NP500564
ENST00000209875 THC2524224
ENST00000262327 THC2657785

ENST00000215591 THC2699445
ENST00000394400 THC2773078

ENST00000311052 THC2468995
ENST00000264193 THC2463467
ENST00000338448 THC2461192
ENST00000399841 THC2719441
ENST00000371774 THC2493375
THC2775530

ENST00000555422 THC2485973
ENST00000255613 THC2482720
ENST00000261637 THC2665840
ENST00000495394 THC2557477
ENST00000205558 THC2480873
ENST00000323469 THC2463248
ENST00000433152 THC2636158
ENST00000216330 THC2540485
ENST00000555760 THC2513398
ENST00000540986 THC2494251
ENST00000319863 THC2764320
ENST00000515625 NP1192681
ENST00000440960 NP1277601
ENST00000485558 THC2582159
ENST00000400534 THC2515734
ENST00000414744 THC2617138
THC2683565
ENST00000295024 THC2494916
ENST00000286918 THC2480472
ENST00000272233 THC2465361
ENST00000430005 THC2509772
ENST00000451025 THC2529532
THC2606871
ENST00000254816 THC2738796
THC2602616

ENST00000503280 THC2484523
ENST00000369852 THC2728266
ENST00000206513 THC2479558
ENST00000423842 THC2707828
ENST00000380257 THC2561365
ENST00000397259 THC2501159
ENST00000343855 THC2472208
ENST00000409467 THC2518621
ENST00000546305 THC2463968

THC2681768
THC2721173
ENST00000371652 THC2461901
ENST00000395941 THC2480414
ENST00000375819 THC2477928
ENST00000554056 NP498566
ENST00000366815 THC2516723
ENST00000282878 THC2475497
ENST00000483271 THC2480279

THC2731852
ENST00000449290 THC2479183
ENST00000275189 THC2461353

ENST00000370630 THC2464521
ENST00000494066 THC2603752
ENST00000353245 THC2597130
ENST00000446477 THC2603142
ENST00000488770 NP1167685
ENST00000537353 THC2462364
ENST00000444059 THC2473948

THC2690892
ENST00000393277 NP1214010
ENST00000494919 THC2476265
ENST00000491955 THC2467838
ENST00000303004 THC2511538

THC2506954
ENST00000449423 THC2568976
ENST00000200652 THC2472149
ENST00000440223 THC2526499
ENST00000175756 THC2508269
THC2655527

ENST00000550097 NP075556
ENST00000251473 THC2475278
ENST00000312547 THC2488052
ENST00000515251 THC2512617

THC2487473
ENST00000409549 THC2473979
ENST00000410061 THC2480442
ENST00000315707 THC2476182

ENST00000377245 THC2722298
ENST00000298248 THC2466931
ENST00000300797 THC2475787

ENST00000340541 THC2469275
ENST00000405159 THC2468706
ENST00000538775 THC2547761
ENST00000405543 NP526599
ENST00000395601 THC2471406
ENST00000395077 THC2463997
ENST00000366686 THC2602840
ENST00000354193 THC2462647
ENST00000396478 THC2473130
ENST00000305045 THC2612719
ENST00000413042 THC2530179
ENST00000332539 THC2473155
ENST00000431307 THC2691148
ENST00000493019 THC2619180
ENST00000468410 THC2469582
ENST00000370812 THC2751798

ENST00000445791 THC2614044
ENST00000484795 THC2603288
ENST00000518506 THC2479765
ENST00000290949 NP092057
ENST00000485024 THC2707919
ENST00000372163 NP373325

THC2680609
THC2602953

ENST00000406799 THC2788656
ENST00000294507 THC2579610
ENST00000439594 THC2573972
ENST00000540998 THC2479002
ENST00000253811 THC2468692
ENST00000266395 THC2476621
ENST00000274496 THC2469244
ENST00000241393 THC2468169
ENST00000394593 THC2462124
ENST00000485566 THC2479767
ENST00000259030 THC2607382
ENST00000225538 THC2488665
ENST00000239882 THC2789053
ENST00000432059 THC2618504
ENST00000394858 THC2609995
ENST00000380337 THC2573549
ENST00000526090 THC2477460
ENST00000543145 THC2466311
ENST00000296755 THC2505639

ENST00000310421	THC2602555
ENST00000442956	THC2489336
ENST00000265149	THC2623471
	THC2528869
ENST00000515664	THC2727477
ENST00000317268	THC2659794
ENST00000440492	THC2644835
	THC2655349
ENST00000470131	THC2764223
ENST00000553578	THC2510623
ENST00000272233	THC2711134
	THC2484325
ENST00000409283	THC2462318
ENST00000503804	THC2653195
ENST00000373784	NP1465625
ENST00000248673	THC2469750
ENST00000382832	THC2472297
ENST00000296953	THC2461797
ENST00000368804	THC2642786
ENST00000506472	THC2476767
ENST00000357647	THC2649621
ENST00000378078	THC2514920
	THC2532340
ENST00000315717	THC2573743
	THC2520318
ENST00000503446	THC2627589
ENST00000396620	THC2689581
ENST00000396553	THC2461809
ENST00000301281	THC2610656
ENST00000327726	THC2758662
ENST00000357164	THC2504387
ENST00000283206	THC2472009
ENST00000466254	NP1470959
ENST00000360202	THC2603242
ENST00000473381	THC2475428
ENST00000262094	THC2634204
ENST00000307885	NP518580
	THC2561617

ENST00000443197 NP1159719
ENST00000369718 THC2621408
ENST00000336509 THC2502647
ENST00000376752 THC2464770
ENST00000238738 THC2538741
ENST00000482455 THC2543070
ENST00000367104 THC2619204
ENST00000541529 THC2488414
ENST00000215531 THC2706272
ENST00000344150 THC2493442
ENST00000361524 THC2462504
ENST00000399441 THC2623127
THC2614288
ENST00000487814
ENST00000369126 THC2467679
ENST00000347606 THC2474484
ENST00000519955 THC2500436
ENST00000306482 THC2470077
ENST00000296585 THC2628049
ENST00000266085 THC2518171
ENST00000314965 THC2469371
ENST00000379719 THC2467487
ENST00000307271 THC2707774
ENST00000391842 NP1193880
ENST00000439119 THC2675410
ENST00000416398 THC2610498
ENST00000339302 THC2478351
ENST00000446535 THC2588652
THC2529807
THC2494950
ENST00000309880 NP710316
THC2625746
ENST00000399464 THC2598307
THC2646754
THC2604305
ENST00000292363 THC2466223
ENST00000448874 THC2552070
ENST00000312475 THC2632200
ENST00000317257 THC2655865
ENST00000270583 NP163336
ENST00000525904 THC2466806
ENST00000358201 THC2586725
ENST00000375789 THC2494322
ENST00000489469 THC2598527

ENST00000368842 NP1464917
ENST00000411638 THC2467775
ENST00000380711 THC2488762
ENST00000469769 THC2487294
ENST00000379834 THC2462229

ENST00000526488 THC2515578
ENST00000229769 THC2474470
ENST00000369800 THC2604808
ENST00000416614 THC2492477
ENST00000537333 THC2468473
ENST00000330263 THC2530420
ENST00000397809 THC2473892
ENST00000378785 THC2493001

ENST00000329276 THC2488590
ENST00000375737 THC2504562
ENST00000502502 THC2538412
ENST00000236979 THC2471641
ENST00000413567

THC2665542

ENST00000345999 NP863308
ENST00000399453 THC2468502
ENST00000257566 THC2490919
ENST00000380437 THC2570518
ENST00000470395 THC2585978
ENST00000360612 THC2756317
THC2677060
ENST00000241527 THC2492493
ENST00000367534 THC2592263
ENST00000381652 THC2472565

ENST00000171887 THC2546621
THC2597537
ENST00000394656 THC2529094

ENST00000231509 THC2753588

ENST00000315872 THC2462569
ENST00000415809 THC2656077
ENST00000287025 THC2470846
ENST00000468476 THC2469483
ENST00000233596 THC2464177
ENST00000372806 THC2507817

ENST00000541573 THC2566956
ENST00000406875 THC2532567
THC2591825
ENST00000321765 THC2648052
ENST00000537862 THC2679790
ENST00000283441 THC2483292

ENST00000373089 THC2487994

ENST00000518216 THC2481114
ENST00000439746
ENST00000310394 THC2784969
ENST00000447727 THC2522573
ENST00000370958 THC2607617
ENST00000490605 THC2602143
ENST00000298858 THC2482325
ENST00000395081 THC2531257

ENST00000255476 THC2472322
ENST00000427415 THC2553442
ENST00000517432 THC2653942
ENST00000341262 THC2480377
ENST00000479127 THC2686468
ENST00000555593 THC2521610
ENST00000472185 THC2522750
ENST00000376343 THC2504636
ENST00000454313 THC2565803
ENST00000360534 THC2468254
ENST00000338146 THC2461887
ENST00000442492 THC2610966
ENST00000259154 THC2466101
THC2532163
ENST00000398240 THC2462675
ENST00000470432 THC2602786
ENST00000354449
ENST00000375215 THC2532809

ENST00000377223 THC2631708
ENST00000216133 THC2542845
ENST00000477696 THC2736356
THC2554418
ENST00000476605 THC2598008
ENST00000389347 THC2606892
THC2474725

ENST00000314574 THC2570290
ENST00000462747
ENST00000354571 THC2678352
ENST00000471273 THC2468522
ENST00000475133 THC2491383
ENST00000405342 THC2592705
ENST00000466794 THC2465425
ENST00000523039 NP1400574
ENST00000478928 THC2495158
ENST00000439594 THC2526476
ENST00000355797 THC2495087
ENST00000430957 THC2591136
ENST00000484572 THC2654116
ENST00000488263 THC2468121
ENST00000348124 THC2471640
ENST00000301336 THC2724550
ENST00000393485 THC2474951

ENST00000202816 THC2462885
ENST00000360889 THC2471728
ENST00000221264 THC2762433
ENST00000496886
ENST00000250111 THC2559283
ENST00000375561 THC2490967
ENST00000437008 THC2511598
THC2476687
ENST00000464458 THC2502231
ENST00000333483 THC2756938

ENST00000436187
ENST00000380432 THC2462359
ENST00000544984 NP1401665
ENST00000229022 THC2556806
ENST00000380861 THC2493147
ENST00000534744 THC2637957
ENST00000258947 THC2469827
ENST00000256447 THC2471609
ENST00000436244 NP1189273
ENST00000469249 THC2609145
THC2618795
ENST00000430981 THC2471661
ENST00000312613 THC2514580
ENST00000404072 THC2466908

ENST00000436735	THC2621135
ENST00000330317	THC2478149
ENST00000462225	THC2495203
ENST00000443425	THC2468709
	THC2484485
ENST00000434945	THC2499983
ENST00000404049	THC2472144
ENST00000480876	THC2481853
ENST00000245817	THC2475538
ENST00000265384	THC2477582
ENST00000245923	THC2463190
ENST00000414019	THC2563137
ENST00000481193	NP1153774
ENST00000264431	THC2498164
ENST00000450357	THC2740834
ENST00000369604	THC2470636
ENST00000357726	THC2740170
ENST00000311124	THC2462143
ENST00000344281	THC2524874
ENST00000522356	THC2495022
ENST00000254466	THC2641057
	THC2623402
ENST00000394484	THC2605779
ENST00000452222	THC2765768
ENST00000463456	NP1157251
ENST00000261182	THC2465166
	THC2487368
	THC2777831
ENST00000513048	NP098266
ENST00000465560	THC2580786
ENST00000396239	THC2491321
ENST00000488738	THC2615319
ENST00000414986	NP083727
ENST00000493724	THC2492552
ENST00000512590	THC2510838
ENST00000355666	THC2585721
ENST00000336229	NP181943
ENST00000405640	THC2522161
ENST00000413790	THC2464378
ENST00000304979	THC2705428
	THC2538319
ENST00000357736	THC2492272
ENST00000335612	THC2475546
ENST00000325042	THC2483695

ENST00000419349 THC2589901
ENST00000356838 THC2484696
THC2566624
ENST00000002596 THC2611067
ENST00000469040 THC2489669
ENST00000536163 THC2470843
ENST00000341060 THC2715505
ENST00000428286 THC2468820
ENST00000483264
ENST00000348697 THC2575489
ENST00000395779 NP1175335
ENST00000511973 THC2676885
ENST00000241052 THC2659130
ENST00000375673 THC2572189
ENST00000390368 NP285278
ENST00000329421 THC2496571
THC2603416
ENST00000471000 NP180648
ENST00000409031 THC2579667
ENST00000339241 NP082859
ENST00000230895 THC2557174
ENST00000356541 NP706950
ENST00000464396 THC2602591
ENST00000444269 NP1474400

ENST00000553668 THC2637261
ENST00000361226 THC2491293
ENST00000433542 THC2477526
ENST00000336649 THC2600930
ENST00000369681 THC2464084
ENST00000414705 THC2715462
ENST00000373895 THC2566355
ENST00000302347 THC2585192
ENST00000399169 NP1400346
ENST00000356495 THC2468965
THC2494832
ENST00000452631 THC2610393
ENST00000318021 THC2603485
ENST00000360060 THC2466016
ENST00000475657 NP1182687
ENST00000283568 THC2550703
ENST00000476089 THC2488678
THC2629418
ENST00000263893 THC2689980

ENST00000245206 NP852783
ENST00000317233 THC2534424
ENST00000366932 THC2500951
THC2649510
ENST00000323347 THC2529804
THC2480688
ENST00000402731 NP1074463
ENST00000447221 THC2502945
ENST00000447393 THC2474590
ENST00000389302 THC2609828
ENST00000263436 THC2468935

ENST00000491060 THC2471663
ENST00000426174 THC2471400
THC2562715
ENST00000416514 THC2461872
ENST00000528199 THC2547535
ENST00000526629 THC2478076
ENST00000426248 THC2524613
ENST00000543717 THC2467866

ENST00000420696 THC2491993
ENST00000507160 THC2472125
ENST00000463788 THC2788823
ENST00000359393 THC2545796
ENST00000300737 THC2461610
THC2530686
ENST00000424215 THC2648044
ENST00000406875 THC2532567
ENST00000467198 THC2509634
ENST00000476558 NP404924
ENST00000379904 THC2461537
ENST00000310455 THC2609829
ENST00000344991 THC2466791
ENST00000444464 THC2674252
ENST00000354336 THC2528609
ENST00000366663 THC2468585
ENST00000380959 THC2500574
THC2668151
ENST00000222254 THC2466154
ENST00000330634 NP1471009
ENST00000523813 THC2590686

ENST00000375403 THC2470739

ENST00000358207 NP708851
THC2612201
ENST00000397759 THC2478351
ENST00000393960 THC2463909
THC2555894
ENST00000417360 THC2540325
ENST00000554242 NP1073088
ENST00000360358 THC2480700
ENST00000354171 THC2527612
ENST00000433781 THC2467254
ENST00000303887 NP840387
ENST00000538137 THC2462504
ENST00000490692 THC2482435
ENST00000374183 THC2464724
ENST00000324489 THC2474148

ENST00000511721
THC2601515
ENST00000262829 THC2478698
THC2506834
ENST00000307126 NP181645
ENST00000217456 THC2470267
ENST00000267950 THC2503324
ENST00000419880 THC2461714
ENST00000398155 THC2728037
THC2619997
THC2483140
ENST00000235307 THC2607010
ENST00000356157 NP304570
ENST00000492174 THC2476904
ENST00000464321 NP1209485
ENST00000221671 THC2464437
ENST00000505686 THC2606579
ENST00000412394 THC2529093
ENST00000482051 THC2562817
ENST00000380535 THC2761569
ENST00000461693 THC2493373
ENST00000480909 THC2657563
ENST00000358094 THC2473486
ENST00000407067 NP1464770
ENST00000303116 THC2629531

ENST00000425574 THC2620843

ENST00000290765 THC2490623
ENST00000261890 THC2465457
ENST00000332314
ENST00000542664 THC2477265
ENST00000527145 THC2487557
ENST00000329099 THC2497865
ENST00000313349 THC2632008
ENST00000226225 THC2469287
ENST00000458549 THC2602910
ENST00000467687 THC2501265
THC2557337
ENST00000367080

ENST00000428304 THC2462099
ENST00000257515 THC2473726

ENST00000331437 THC2601255
ENST00000321276 THC2474628
ENST00000504475 NP1174962
ENST00000376205
ENST00000370114 THC2607313
ENST00000427263 THC2473372

ENST00000502502 THC2538181
ENST00000533801 THC2696352

ENST00000428099 THC2461046
ENST00000291577 THC2467935
ENST00000484711 NP1183070
ENST00000388920 THC2483245
ENST00000508797 THC2788118

ENST00000521151 THC2549450
ENST00000467021 THC2624168
ENST00000284719 THC2503767
ENST00000460820 THC2515465
THC2608041
ENST00000374198 THC2784429
ENST00000344865 NP1206735
ENST00000453134 THC2517961
ENST00000374374 NP922611
ENST00000486090 THC2604027
ENST00000417335 THC2740149

ENST00000469765 NP1180168
ENST00000431964 THC2463451
THC2490591
ENST00000339450 THC2463617

ENST00000537841 THC2603650

ENST00000538300 THC2508861
ENST00000510609 THC2500942
ENST00000380925 NP1401558
ENST00000515469 NP1276366
ENST00000416927 THC2467510
ENST00000395745 THC2673318
ENST00000354267 THC2646602
NP1455478
ENST00000412115 THC2660300
ENST00000264674 THC2463767
ENST00000368870 THC2466674
ENST00000358339 THC2462419
ENST00000455824 THC2549638
ENST00000248598 THC2610602

ENST00000402724 THC2631371
ENST00000396781 THC2468769
ENST00000427391 THC2524568
ENST00000266066 THC2475196

ENST00000402731 NP1074463
ENST00000466831 THC2477639
THC2725480
ENST00000460297 THC2535890
ENST00000337852 THC2656296
ENST00000430270 THC2504489
ENST00000336687 THC2467860
THC2575041
ENST00000485654 NP1244350
ENST00000426677 THC2557589
ENST00000447878 THC2652653
ENST00000437046 NP1214666
ENST00000452074 THC2482229
ENST00000439386 THC2667805
ENST00000259006 THC2494092
ENST00000551187 THC2660203
ENST00000525528 NP1475952

ENST00000452657 THC2650647
ENST00000397334 THC2561492
ENST00000311540 THC2486893
ENST00000545180 THC2474958
ENST00000379328 THC2615147
ENST00000395508 THC2631688
ENST00000482299 THC2608037
ENST00000537812 THC2492879
ENST00000262134 THC2680710
ENST00000507699 THC2556450
THC2606542

THC2577587

ENST00000392124 NP1165192

THC2663814

ENST00000472030 THC2504374

ENST00000369613 THC2522010

ENST00000219244 THC2484250

ENST00000290765 THC2470917

ENST00000492132 THC2624318

ENST00000509648 NP1194136

ENST00000379013 NP1459068

ENST00000422971 THC2633626

ENST00000551512 THC2667573

ENST00000320816 THC2498698

ENST00000369575 THC2606485

ENST00000407280 THC2482700

ENST00000424215 THC2648044

ENST00000513150 NP096129

ENST00000258317 THC2643649

ENST00000423087 NP488475

ENST00000506202 THC2500590

ENST00000393263 THC2518791

ENST00000339292 THC2495235

ENST00000490786 THC2662716

THC2550449

ENST00000354968 NP093155

ENST00000258362 THC2462782

ENST00000446391

ENST00000535419	THC2469729
ENST00000513490	THC2532138
ENST00000301765	THC2464969
ENST00000307017	THC2462154
ENST00000446799	
ENST00000392701	THC2667323
ENST00000368054	THC2471284
ENST00000481365	NP092056
ENST00000410098	
	THC2573513
ENST00000537098	THC2467498
ENST00000348721	THC2463594
ENST00000437107	THC2465967
ENST00000556529	THC2515463
ENST00000355572	THC2474509
ENST00000394236	THC2773395
ENST00000492132	THC2624318
	THC2531659
ENST00000382280	THC2471060
ENST00000371826	THC2463173
ENST00000347147	THC2471561
ENST00000539287	NP1276444
ENST00000356693	THC2583598
	THC2609926
ENST00000354636	THC2477434
	THC2588814
ENST00000395611	THC2549686
ENST00000454250	THC2500519
ENST00000398192	THC2489684
ENST00000377540	NP1178351
ENST00000542347	THC2515273
ENST00000379235	THC2624016
ENST00000375651	THC2597004
ENST00000443388	THC2469424
ENST00000424717	THC2714930
ENST00000444848	THC2687080
ENST00000271450	THC2465800
ENST00000359376	THC2464263
	THC2783792
ENST00000487194	THC2566404

ENST00000555394	THC2553363
ENST00000377494	THC2513870
ENST00000489060	THC2476828
ENST00000381858	THC2462958
ENST00000417127	THC2466066
ENST00000457692	THC2468188
ENST00000379960	NP1132792
ENST00000397333	THC2497396
	THC2500034
ENST00000426447	THC2584305
ENST00000391896	THC2485218
ENST00000504360	THC2679292
ENST00000528450	THC2464726
ENST00000332822	THC2481541
ENST00000375473	THC2494418
ENST00000360260	THC2485439
ENST00000530564	THC2561275
ENST00000523955	THC2473525
ENST00000301455	THC2466722
ENST00000304046	THC2461115
	THC2672811
ENST00000520322	THC2462685
ENST00000493536	THC2492327
ENST00000450333	THC2613718
ENST00000310942	THC2620536
ENST00000380173	NP704909
	THC2768400
ENST00000366600	THC2475542
	THC2509733
ENST00000234875	THC2576041
ENST00000351580	THC2624016
ENST00000371400	THC2483801
ENST00000424306	THC2484385
ENST00000367595	THC2492797
ENST00000495973	THC2581977
ENST00000545970	THC2777644
	THC2619560
ENST00000541347	THC2463231
ENST00000444221	THC2471449
ENST00000283060	THC2476127
	THC2533990
ENST00000263093	THC2513904

ENST00000375241 THC2554073
ENST00000297151 THC2508060
ENST00000222553 THC2554375

ENST00000368608 THC2488842

ENST00000512813 THC2592304

ENST00000372792 THC2571827

ENST00000264001 THC2503188
ENST00000412448 THC2616907
ENST00000359801 THC2499273
ENST00000504823 THC2529829
ENST00000459925 THC2475504
ENST00000522011 THC2771140
ENST00000377364 THC2671170
ENST00000480342 THC2607431

ENST00000441350 THC2482987
ENST00000470991 THC2474648
ENST00000355202 THC2473359
ENST00000342374 THC2493585
ENST00000540122 THC2627537
ENST00000487297 THC2479325
ENST00000546306 THC2491601
ENST00000408968 THC2468840
ENST00000292302 NP488389
ENST00000359947 THC2617582
THC2632354

ENST00000369940 NP1153876
ENST00000541626 THC2463059
ENST00000359945 THC2492371
ENST00000555815 THC2473865
ENST00000536925 THC2603060
ENST00000509591 THC2605618
ENST00000464703 THC2658093
ENST00000322686 THC2512309
ENST00000328488 THC2477854
ENST00000318387 THC2476506
ENST00000389301 THC2461240
ENST00000463037 THC2618613

ENST00000310791 THC2479065
ENST00000269724 THC2493012
THC2501670
ENST00000340213 THC2655923
THC2478452
ENST00000446113 THC2517481
ENST00000511162 THC2470778
ENST00000477358 NP1191439
ENST00000395079 THC2490874
ENST00000422439 THC2509859

ENST00000378192
ENST00000396391 THC2465809
ENST00000478859 NP319722

THC2610434

ENST00000297290 THC2560298
ENST00000436886 NP922670
ENST00000252456 THC2465951
ENST00000381577 THC2475254
ENST00000487480 THC2465921
ENST00000398337 THC2472805
ENST00000468233 THC2476352

ENST00000372635 THC2467842
ENST00000488311 THC2544740
ENST00000426637 THC2613030
ENST00000341901 THC2696344
ENST00000253686
ENST00000488516 THC2462422
ENST00000417736 THC2493956
ENST00000360831 NP1176229

THC2536422

ENST00000551361 THC2527316
ENST00000367514 THC2731250
ENST00000377930 THC2485093
ENST00000309424 THC2470436
ENST00000257848 THC2463419
ENST00000261489 THC2498014
ENST00000253109 THC2485099
ENST00000380544 THC2471310
ENST00000496152 THC2539654

ENST00000361557	THC2469546
ENST00000388781	THC2652964
ENST00000391827	THC2602816
ENST00000367768	THC2462723
ENST00000261622	THC2545199
	THC2781715
	THC2681345
	THC2485522
ENST00000293670	THC2482670
ENST00000441825	THC2462324
ENST00000488164	THC2469722
ENST00000423243	THC2471323
ENST00000382363	
ENST00000262428	NP1211764
	THC2615816
ENST00000171887	THC2463521
ENST00000324262	THC2522683
ENST00000495456	THC2783172
ENST00000397034	THC2678940
ENST00000342645	THC2624375
ENST00000461736	THC2655526
ENST00000380579	THC2462058
ENST00000187762	THC2474704
ENST00000301439	THC2478462
ENST00000244709	THC2607036
ENST00000269554	THC2586937
ENST00000542735	THC2476039
ENST00000329875	THC2499322
	THC2571676
ENST00000551679	NP1189180
ENST00000494445	THC2513756
ENST00000369392	THC2545131
ENST00000416408	THC2627217
ENST00000494540	THC2632569
ENST00000373797	THC2477921
ENST00000552783	THC2468896
ENST00000438236	NP1072401
ENST00000415174	THC2517711
ENST00000381813	THC2603914

ENST00000317419 THC2484522
ENST00000532258 THC2485797
ENST00000182377 NP349531
ENST00000554709 THC2484117
THC2651211
ENST00000254480 THC2469448

ENST00000392613 THC2565311
ENST00000311765 THC2505467
ENST00000460561 THC2783530

ENST00000527319 THC2466024

ENST00000369081 THC2476577
THC2472996
ENST00000465427 THC2468986
THC2579237
ENST00000368277 THC2466155
ENST00000484895 THC2561048
ENST00000316939 THC2584080
ENST00000549217 THC2474298
THC2604051
ENST00000478039 NP499319
ENST00000381834 NP1400322
ENST00000397167 THC2478520
ENST00000544914 THC2540910
ENST00000449870 NP181918
ENST00000344642 THC2583509

ENST00000322611 THC2503134
ENST00000409569

ENST00000451496 THC2645298
ENST00000291281 NP1189923
ENST00000394236 THC2625376

ENST00000497315 THC2538907

THC2561617
ENST00000455309 THC2634723
ENST00000479369 THC2514641
ENST00000377038 THC2466084
ENST00000378600 THC2506492
ENST00000078652 THC2491322

ENST00000540043 NP1276871
ENST00000391780 THC2488174
THC2499985
ENST00000409998 THC2634864
ENST00000361566 THC2553201
ENST00000399820 NP287339

ENST00000394084
ENST00000412723 THC2474865
ENST00000472346 THC2751105

ENST00000433085
ENST00000308796 THC2475237
THC2772643

ENST00000369705 THC2602367
ENST00000466550 THC2539658
ENST00000439576 THC2764092
ENST00000547497 THC2698423

ENST00000432823 THC2675124
ENST00000427650 THC2519153
THC2560329

ENST00000411425 THC2489633
ENST00000315908 THC2473018
ENST00000541818 THC2505904
ENST00000361154 THC2480916
ENST00000312513 THC2465873
ENST00000366815 THC2516723
THC2491834

ENST00000367788 THC2699010
ENST00000395456 THC2615600
ENST00000368482 NP440575
ENST00000533709 THC2475044
ENST00000445463 THC2503710
ENST00000395936 THC2565613
THC2652919

ENST00000397906 THC2471391
ENST00000253462 THC2467056
ENST00000295246 THC2598734
ENST00000378164 THC2461488
ENST00000397940 NP800281

ENST00000528080 THC2491361
ENST00000409415 THC2477941
ENST00000484499 THC2506638
ENST00000431359 THC2546243
ENST00000410000 THC2650605
ENST00000307746 NP373502
ENST00000251363 THC2570288
ENST00000377577 THC2469410
ENST00000557589 THC2788675
ENST00000398289 THC2526022
THC2722906

ENST00000357578 THC2491603
ENST00000238156 THC2647229

ENST00000341209 THC2559758
ENST00000496728 THC2785049
ENST00000257118 THC2476223
ENST00000549804 THC2528713
ENST00000405275 NP349889

ENST00000416668 THC2613891
ENST00000246529 THC2470708
THC2501788
ENST00000253237 THC2469071
ENST00000318063 THC2473363
ENST00000429757 THC2462886
ENST00000463764 THC2676885
ENST00000264717 THC2476443
ENST00000367245 THC2660260
ENST00000372312 THC2520939
ENST00000534728 THC2488140
ENST00000378392 THC2602145
ENST00000373912 THC2469253
ENST00000472977 THC2557263
THC2628435
ENST00000286627 THC2461688
ENST00000443087
THC2577587
ENST00000332853 THC2471646
ENST00000528790 THC2647778
ENST00000265016 THC2677068

ENST00000449067 THC2606562

ENST00000370483	THC2467547
	THC2561123
ENST00000490565	THC2469996
ENST00000417769	THC2463303
	THC2613816
ENST00000377705	THC2476470
ENST00000373838	THC2723753
	THC2613209
ENST00000435359	THC2466243
ENST00000390005	THC2486535
ENST00000273968	THC2554298
ENST00000490904	THC2481687
	THC2764105
ENST00000490860	THC2522569
ENST00000292433	THC2469604
ENST00000307266	NP517281
ENST00000359785	THC2471986
ENST00000262915	THC2489640
ENST00000318469	THC2476231
ENST00000481440	NP838323
	NP111779
ENST00000454196	THC2603334
ENST00000422262	NP1188051
ENST00000369458	THC2470728
ENST00000262460	THC2495434
	THC2497217
ENST00000296129	THC2461588
	THC2560126
ENST00000322957	THC2472520
	THC2535725
ENST00000522867	THC2495490
ENST00000399010	THC2680559
ENST00000398943	THC2589387
ENST00000376006	THC2476742
ENST00000369813	THC2472082
ENST00000448344	THC2515540
ENST00000498645	THC2474448
ENST00000332904	THC2477631

ENST00000394246 THC2477070
ENST00000536175 THC2484436
ENST00000355768 THC2493247
ENST00000486575 THC2466203
ENST00000378883 THC2703428
THC2518376
ENST00000394852 THC2466730
ENST00000380799

ENST00000481935 THC2644419
ENST00000389222 THC2476831
ENST00000307745 THC2465025
ENST00000226209 THC2471629
ENST00000300177 THC2468932
ENST00000455658 THC2604218
ENST00000369158 THC2479197

ENST00000438617 NP092684
ENST00000440306 THC2636176
ENST00000358078 NP835056
ENST00000425007 THC2498581
ENST00000361060 THC2467196
ENST00000317568 THC2488705
ENST00000540793 THC2472910
ENST00000479402 THC2463270
ENST00000370481 THC2491572
ENST00000395387 THC2613720
ENST00000399061 THC2483767
ENST00000370664 THC2726079
ENST00000289153 THC2475712
ENST00000361781 THC2461642

THC2615574
ENST00000402500 THC2618191
ENST00000429204 THC2694741
ENST00000261652 THC2653660
ENST00000312438 THC2472148
ENST00000319211 THC2466489
ENST00000420653 THC2507989
ENST00000382142 THC2493108
ENST00000537658 THC2741241
ENST00000309775 THC2564062
ENST00000305798 THC2462540
THC2749343

ENST00000465070 THC2475209
ENST00000380069
ENST00000307659 THC2668134
ENST00000458276 THC2464058
THC2601406
ENST00000472941 THC2719169
ENST00000359907 THC2546649

ENST00000446927 THC2481924
ENST00000460041 THC2551759
ENST00000479125 THC2463185
ENST00000504771 THC2462063
ENST00000482902 THC2564074
ENST00000361507 THC2534421
ENST00000372547 THC2485344
ENST00000367579 THC2476218
THC2679688
ENST00000262965 THC2469262
ENST00000005198 THC2491458
ENST00000354445 THC2574924
THC2506409
ENST00000409715 THC2572290

ENST00000472588 NP1175623
ENST00000396842 THC2492160
THC2744937

ENST00000260743 THC2477527
ENST00000526991 THC2504138
ENST00000448970 THC2786262
THC2497478
THC2496644
THC2560126

ENST00000311189 THC2621581
ENST00000310132 THC2782586
ENST00000446899 THC2523003
ENST00000219771 THC2631741
ENST00000273596 THC2471728
ENST00000317571 THC2783730
ENST00000379612 NP1072651
ENST00000536485 THC2486865
ENST00000392827 THC2473148
ENST00000479463 THC2515952
ENST00000539708 THC2625515

ENST00000332710 THC2477322
ENST00000300150 THC2465888
ENST00000380464 THC2632368
ENST00000393085 THC2651107
ENST00000521952 NP1159433
THC2517511
ENST00000490828 THC2477867
ENST00000455061 THC2499584

ENST00000448013
ENST00000424886
ENST00000337746 THC2468859
ENST00000534935 THC2462118
ENST00000299366 NP348859
ENST00000294737 NP1147992
ENST00000395902 THC2466189
ENST00000380030 NP1466075
ENST00000379561 THC2606078
ENST00000497389 THC2638204
ENST00000377001 THC2461021
ENST00000330947 THC2660408

(for; beta polypeptide)
ENST00000366816 THC2586397
THC2641244
ENST00000437941 THC2499791
ENST00000298295 THC2465281

ENST00000302192 THC2612442
ENST00000471992 THC2610063
ENST00000295868 THC2482565
ENST00000455942 NP165986
THC2479250
ENST00000483918 THC2527549
ENST00000550270 THC2494877
ENST00000367589 THC2488529
THC2604613
ENST00000221804 THC2473028
ENST00000466792 THC2467640
ENST00000280193 THC2470534
THC2594378

ENST00000443402 NP092351
ENST00000366503 THC2472855
ENST00000366817 THC2491051
ENST00000251943 THC2473488

ENST00000536903 THC2620690
ENST00000280734 THC2463134
ENST00000412658 THC2755591
THC2579245
ENST00000461824
ENST00000396085 THC2507020
ENST00000495828 THC2638827
ENST00000491863 THC2732476
ENST00000366988 THC2725224
ENST00000483299 THC2478309
ENST00000486683 THC2609093

ENST00000426962 THC2651711

ENST00000469935 NP1214229
ENST00000263879 THC2605128
ENST00000540334 NP088413

ENST00000428758 THC2485066
ENST00000377181
ENST00000322434 THC2475788
THC2513394
ENST00000453279 THC2556774
ENST00000503347 THC2578162
ENST00000345084 THC2466335
ENST00000217420 THC2472680
ENST00000402038 THC2463575
ENST00000490605
ENST00000412830 THC2712316
THC2625647
THC2538215
ENST00000374676 THC2718318
THC2484983
ENST00000430416 THC2656577
ENST00000441387 THC2463414
ENST00000506804 THC2517889

THC2601326
ENST00000294261 NP702924
ENST00000467138 THC2466976
ENST00000461386 THC2484442
ENST00000393706 THC2468364
ENST00000360121
ENST00000412378 THC2676211

ENST00000436985 THC2603041
ENST00000265379 NP499801
ENST00000455261 NP1157308
ENST00000449259

ENST00000539292 NP523706
ENST00000356683 THC2474799
ENST00000480346 THC2525437
ENST00000340099 THC2467241
ENST00000511300 THC2593108
ENST00000373851 THC2721284
ENST00000434565 THC2557492
ENST00000427173
ENST00000230431 THC2479300
ENST00000533724 THC2466458
ENST00000517857 THC2467548
ENST00000462812 THC2653681

ENST00000429521
ENST00000513141
ENST00000497231 THC2567625
THC2739161
ENST00000525928 THC2507082
ENST00000546799 THC2475119
ENST00000461727 THC2471825
ENST00000466182 NP286103
ENST00000340116 THC2495879

ENST00000525528
THC2577654
ENST00000347262 NP383096
ENST00000482018 THC2536415
ENST00000359495 THC2471059
ENST00000263321 THC2471120
ENST00000471026 THC2608066
ENST00000489942 THC2558431
ENST00000539497 THC2601224
ENST00000470543 THC2519708

ENST00000292577 THC2551680
ENST00000487097
ENST00000376322 THC2532230
ENST00000330843 THC2491711
ENST00000317378 THC2645789

ENST00000370618 NP1162033
ENST00000374259 THC2472479
ENST00000539077 THC2466693
THC2605673
ENST00000526934 THC2649495
ENST00000269834 THC2488634
ENST00000368468 THC2660462
THC2500472
ENST00000361367 THC2468479
ENST00000368047 NP164805
ENST00000479357 THC2653744
ENST00000446189 THC2698762
THC2605519
ENST00000432328 NP588876
ENST00000444351 THC2616248
ENST00000305997 THC2475328
ENST00000301244 NP086200
ENST00000216117 THC2468207
ENST00000334943 THC2470652
ENST00000395891 THC2476202
ENST00000395641 THC2554444

ENST00000295448 NP1158086
ENST00000520457 NP1166508
ENST00000394519 THC2558913
ENST00000343854 NP447274
ENST00000286448 THC2484801
ENST00000293280 THC2484167
ENST00000389961 THC2491277
ENST00000254810 THC2465591
ENST00000419662 THC2633654
ENST00000318578 THC2481329
ENST00000536235 THC2478107
ENST00000553883 THC2471932
ENST00000540258 THC2490166
ENST00000370149 THC2620369
ENST00000361545 THC2484283
ENST00000421679 THC2572227
ENST00000496169 THC2471174
ENST00000438697 THC2515624
ENST00000441824 THC2649086

ENST00000237283 THC2615928

ENST00000445279 THC2671701
ENST00000543709 THC2532425
ENST00000381663 THC2533451
ENST00000314349 THC2504172

ENST00000434271 THC2501407
ENST00000538776 THC2781913
THC2610263
ENST00000369572 THC2609510
ENST00000415414 THC2498692

ENST00000341811 THC2602286
THC2639357
THC2484325
ENST00000396048 NP405581

ENST00000367379 THC2501441
ENST00000555186 NP1074463
ENST00000372616 THC2773627
ENST00000398528 THC2583806
ENST00000529403 THC2539832
ENST00000435311 THC2616635
ENST00000460965 THC2649125
ENST00000537152 THC2483341
ENST00000374291 THC2504570
ENST00000383736 THC2526887
ENST00000544209 THC2495762
ENST00000429053 THC2784264
ENST00000321437 THC2491540
ENST00000496790 THC2648363
ENST00000372258 THC2699876
ENST00000359819 THC2470488
ENST00000400316 THC2491285
ENST00000543758 THC2463777
ENST00000351004 THC2741395
THC2603076
ENST00000395467 THC2477262
ENST00000233143 THC2579184
ENST00000378052 THC2518474
ENST00000330258 THC2480650
ENST00000371515 THC2612825
ENST00000437914 THC2461614
ENST00000261641 THC2595037
ENST00000398093 NP1467633

ENST00000453476

ENST00000301364 THC2467851
ENST00000264896 THC2528789
ENST00000529753 THC2629991
ENST00000357198 THC2506385
ENST00000381867 THC2464974

ENST00000310611 THC2744025
THC2512608
ENST00000394770 THC2486466
ENST00000557418
ENST00000331129 THC2595217
ENST00000357374 THC2475999
ENST00000322861 THC2558766
ENST00000368301 NP924752
ENST00000374720 THC2468242
ENST00000277672 THC2474720
ENST00000509311 THC2537280

ENST00000448903 THC2493587

ENST00000450253 THC2571088
ENST00000392545 THC2705372

THC2714535
ENST00000359983 NP602178
ENST00000359843 NP708217
ENST00000444265 THC2546382
ENST00000219454 THC2464107
ENST00000346691 NP1208437
ENST00000270530 THC2464128
ENST00000343905 THC2607714
ENST00000513973 THC2467766
THC2481166
ENST00000305949 THC2475506
ENST00000294347 THC2462609
ENST00000367010 NP707818
ENST00000463816 THC2767116
ENST00000551766 THC2544482
ENST00000271636 THC2462273
ENST00000264126 THC2741414
ENST00000459625 THC2506329

ENST00000358572 THC2617865
ENST00000453949 THC2606021
ENST00000451294 THC2583651
ENST00000331615
ENST00000325566 THC2493085
ENST00000234198 THC2604225
ENST00000468209 NP1209485
THC2665678
ENST00000322748 THC2470765
THC2537338
ENST00000467192 THC2487488
ENST00000388913 THC2464223
ENST00000321280 THC2699275
ENST00000252674 THC2753077
ENST00000489976 THC2519619
THC2764455
ENST00000540104 THC2602812
ENST00000332193 THC2484306
ENST00000494066 THC2603752

ENST00000261332 THC2717584
ENST00000264265 THC2786378
THC2510562
ENST00000458030
ENST00000376520 THC2471161
ENST00000507961 NP307130
ENST00000437635 THC2481359
THC2496927
ENST00000537543 THC2463713
ENST00000525254 NP403346
THC2538215
ENST00000270115 THC2476316
ENST00000381037 THC2492837

ENST00000284856 THC2476445
ENST00000420616 THC2489945
ENST00000286398 THC2610834
ENST00000347343 THC2603262
ENST00000406939
ENST00000542015 THC2495703
ENST00000372842 THC2468263
THC2526879
ENST00000488683 THC2689804
ENST00000278568 NP096274

ENST00000297814 NP695128

ENST00000515866 THC2559264
ENST00000235835 THC2465919
ENST00000471035 THC2490289
ENST00000341509 THC2782214
ENST00000324489 THC2607400
ENST00000448744
ENST00000397472 THC2787976
ENST00000319651 THC2560406
ENST00000328974 NP1178315
ENST00000488694 NP1465354
ENST00000550872 THC2574244
THC2526961
ENST00000540043 NP1474020
ENST00000296597 THC2462605
ENST00000360096 THC2477359
ENST00000431586 THC2700106
ENST00000275227 NP1166354
ENST00000360283 THC2478100
ENST00000394059 THC2488313
ENST00000373409 THC2565260
THC2660069
ENST00000373401 THC2632760
THC2553193
THC2498127
ENST00000379198 THC2609021
THC2571725
ENST00000436868 THC2557332
ENST00000409012 THC2478606
ENST00000415520
ENST00000504686 THC2606614
ENST00000430205 THC2558267
ENST00000274254 NP447236

ENST00000374223 NP1249729
THC2757513
ENST00000264977 THC2617182
ENST00000377579 NP1454978
ENST00000436347 THC2465794
ENST00000367928 THC2472403

ENST00000392604 THC2753900

	THC2574058
	THC2499130
ENST00000458517	THC2615457
ENST00000435041	THC2491969
ENST00000370222	
ENST00000372088	THC2474968
ENST00000261405	THC2468950
ENST00000316407	THC2494531
ENST00000509968	THC2667886
ENST00000382100	THC2603268
ENST00000337532	THC2601713
ENST00000320248	THC2604061
ENST00000535872	THC2757635
ENST00000376339	THC2615376
	THC2647074
ENST00000340245	THC2644771
ENST00000288167	THC2483070
ENST00000372124	THC2496473
ENST00000361193	THC2467767
ENST00000375486	THC2503010
ENST00000335465	THC2485203
ENST00000375571	THC2786362
ENST00000525166	THC2492533
ENST00000417271	NP086431
ENST00000372324	THC2778383
ENST00000225698	THC2469874
ENST00000393630	NP796518
ENST00000333209	THC2602051
ENST00000331128	THC2675691
ENST00000467175	THC2567444
ENST00000344143	THC2515229
ENST00000360202	THC2603242
	THC2664988
ENST00000377687	NP284958
ENST00000253083	THC2601045
	THC2505558
ENST00000483569	THC2566978
	THC2614488

ENST00000326010 THC2472636
ENST00000549981 THC2668940
ENST00000381373 THC2669146
ENST00000205194 THC2462041
ENST00000394236 THC2467591
THC2503428

ENST00000394478
ENST00000309318 THC2468035
ENST00000322048 NP1204611
ENST00000553944 THC2728144
ENST00000542444 THC2466314
ENST00000508005 THC2474878
ENST00000546757 THC2469314
ENST00000435062 THC2617332
ENST00000376414 THC2464037
ENST00000549804 THC2562304
ENST00000439534 NP322453
THC2683852

ENST00000377722 THC2480651
ENST00000402418 THC2765506
ENST00000481782 THC2496068
THC2631248
THC2612073

ENST00000358510 THC2601360
ENST00000303145 THC2607073
ENST00000257247 THC2473370
THC2617122

ENST00000474990 NP849989
THC2603538

ENST00000373216 THC2490104
ENST00000366682 THC2569297
ENST00000301218 THC2490670
ENST00000226319 THC2608342
ENST00000472713 NP1134175
ENST00000404251 THC2607567
ENST00000450667
ENST00000545652 THC2549610

ENST00000167106 THC2495973
ENST00000339313 NP862496

ENST00000491337 THC2488174

ENST00000340912 THC2473400

ENST00000303775 THC2604011
THC2496614

ENST00000298260 THC2470569

ENST00000394287 THC2472138

ENST00000485390 THC2511488

ENST00000380217 THC2561365

ENST00000323829 THC2601703

ENST00000402468

ENST00000452840 THC2602554

ENST00000507742 THC2518657

ENST00000251413 THC2500323

ENST00000379331

ENST00000494150 THC2514461

ENST00000405885 THC2468586

ENST00000538576 THC2619461

ENST00000366996 THC2475967

ENST00000538304 THC2535315

ENST00000447353 THC2501901

ENST00000433461 THC2628002

ENST00000426532 THC2485813

ENST00000361670 THC2505222

ENST00000545913 THC2488893

ENST00000432303 NP1474792

ENST00000445782 THC2544251
THC2608619

ENST00000460357 NP1210499
THC2490007

ENST00000512507 THC2491252

ENST00000281456 THC2596064

ENST00000425690 THC2466069

ENST00000309318 THC2489318

ENST00000467997 THC2653209

ENST00000311401 THC2462943

ENST00000503128 THC2505590

ENST00000354858 THC2550469

ENST00000415995 THC2529893

ENST00000379214 THC2465964

ENST00000377459 THC2481866

ENST00000407332	THC2545901
ENST00000439315	THC2504758
ENST00000554721	THC2607618
ENST00000519564	THC2477853
ENST00000493902	THC2461883
ENST00000490953	THC2475692
ENST00000248550	THC2483055
ENST00000493019	THC2619180
ENST00000425799	
	THC2741661
ENST00000306502	THC2475250
ENST00000449651	THC2464768
ENST00000380025	THC2482752
ENST00000291900	THC2468745
ENST00000543690	NP1466053
	THC2609855
ENST00000406172	THC2503766
ENST00000424535	THC2704271
ENST00000502502	THC2538181
ENST00000415012	THC2780827
ENST00000317276	THC2468124
ENST00000419819	NP097737
ENST00000485825	THC2472882
	THC2501999
ENST00000301458	THC2467034
ENST00000240185	THC2585358
	THC2481450
ENST00000307149	THC2463513
ENST00000377325	THC2475495
ENST00000397685	THC2503586
ENST00000435062	THC2617332
ENST00000530271	THC2608477
ENST00000443387	THC2722245
ENST00000382116	THC2473452
ENST00000492522	THC2656978
ENST00000366617	THC2486904
ENST00000391548	THC2546110
	THC2514102
ENST00000427823	THC2475228
ENST00000427391	THC2493324
	THC2570454
ENST00000444956	THC2652114
ENST00000246784	THC2465923

NP450512

ENST00000551941 THC2652081
ENST00000225282 THC2719650
ENST00000542995 THC2617861
ENST00000322038 THC2489630
ENST00000446984 THC2563559
ENST00000412359 THC2467348

ENST00000301037 THC2759341
ENST00000263793 THC2491781
ENST00000317726 THC2507152
THC2668696

ENST00000514134
ENST00000377921 THC2686820
ENST00000261195 THC2475331
ENST00000356454 THC2613600
ENST00000414747 THC2774850
ENST00000246024 THC2590237
ENST00000396013 THC2468674
ENST00000485386 THC2477337
ENST00000368979 THC2522325
ENST00000461166 THC2485935
ENST00000506335
ENST00000394106 THC2461395

ENST00000395073 THC2467136
THC2686076
ENST00000301627 THC2482635
ENST00000398339 THC2478882
ENST00000355057 THC2476532
ENST00000526162 THC2467021
ENST00000381854 THC2462958
ENST00000489377 THC2464753

ENST00000412615 THC2771384
ENST00000222803 THC2470620
ENST00000330137 THC2461052
THC2624074
ENST00000450308 THC2613633
ENST00000343597 THC2475879
ENST00000397807 THC2603266
ENST00000329713 THC2686921
ENST00000221327 THC2629777

ENST00000424766 NP1242640
ENST00000459894 THC2463159
ENST00000252785 THC2465001
ENST00000443043 THC2472865
ENST00000538948 THC2483623
ENST00000369445 THC2590978
THC2569255
THC2539263
ENST00000457356 THC2605790
ENST00000405767 THC2463386
ENST00000543669 THC2571265

THC2614488
ENST00000336180 THC2489637
ENST00000546495 NP1193930
ENST00000453618 THC2461266
ENST00000550201 NP1180946
ENST00000545469 THC2468831
ENST00000369054 THC2614448
THC2675484
ENST00000358242 THC2463142
ENST00000359568 THC2496265
ENST00000380684 THC2483521
ENST00000303562 THC2544585
ENST00000441459 THC2614476
ENST00000452655 THC2653720
ENST00000377966 NP1159858
ENST00000360359 THC2464617
ENST00000338272 THC2467869
ENST00000419119 THC2477531

ENST00000339503 THC2486758
ENST00000467484 THC2663895
ENST00000368115 THC2611062
ENST00000291442 THC2538544
ENST00000220966 THC2461717

ENST00000007699
ENST00000382177 THC2461626
ENST00000556584 THC2681508
THC2622978
ENST00000377727 THC2632910
ENST00000484843 THC2474171
ENST00000436600 THC2721295

ENST00000547114 THC2538884
ENST00000289373 THC2515252
ENST00000431311 THC2610910

ENST00000372264 THC2470880
ENST00000393710 THC2522014
ENST00000230122 THC2498678
ENST00000325239 THC2604223
ENST00000299550 THC2604054
ENST00000354348 THC2475380
ENST00000342409 THC2483190
ENST00000399834 THC2487575
ENST00000396403 THC2478070
ENST00000306376 THC2465811
ENST00000409087 THC2481276
ENST00000269095

ENST00000268206 THC2461786
ENST00000492109 THC2567365
ENST00000368712 THC2475439
THC2487293
THC2636676
ENST00000164227 THC2463736
ENST00000502213 THC2471445
ENST00000464610 THC2492926
ENST00000256682 THC2586163

ENST00000512563
ENST00000324344 THC2473588
ENST00000417934 THC2472538
ENST00000376378 NP1201523
ENST00000488500 NP1154415
ENST00000324324 THC2463975
ENST00000264657 THC2469859
THC2603839

ENST00000553134 THC2535118
THC2518870
ENST00000265498 THC2615764
ENST00000529920 THC2505209

ENST00000455639 THC2483073

ENST00000244289 THC2470363

ENST00000545626 THC2489747
ENST00000393896 NP1154400
ENST00000547870 NP1190980
THC2543702
ENST00000291576 THC2468621
ENST00000466579 THC2525929
ENST00000377999 THC2479912
ENST00000339133
THC2727321
ENST00000531973 THC2470815
ENST00000311635 THC2461386
THC2665351
ENST00000477386 THC2521400
ENST00000453229 THC2684011
ENST00000389825 THC2615719
ENST00000455146 THC2461592
ENST00000376804 THC2619151
ENST00000345042 THC2533637

ENST00000374975 THC2478372

THC2591825
ENST00000355981 THC2486688
ENST00000352319 THC2468081
ENST00000462438 THC2483968

ENST00000367774 THC2470435
ENST00000380614 THC2563866
ENST00000404801 THC2475128
THC2636481
ENST00000478730 THC2744137
ENST00000380063 THC2475139
THC2564482
THC2616272
ENST00000382119 THC2489532
THC2718075

ENST00000496891
ENST00000357665 THC2468007
ENST00000394321 THC2467038
ENST00000323571 THC2582206
ENST00000435753 THC2500483
THC2500019

ENST00000466229 THC2469545
ENST00000360831 NP1176229
ENST00000483899 THC2776426
ENST00000342631 THC2471466
ENST00000261600 THC2556946
ENST00000484104 NP409719
ENST00000397964 THC2635663
ENST00000294129 THC2618433
ENST00000536561 THC2478818
ENST00000370571 NP1473048
ENST00000373930 THC2589507
ENST00000395176 THC2667756
ENST00000373856 THC2543386
ENST00000375661 THC2461973
ENST00000318507 THC2462025
ENST00000310260 THC2473009
ENST00000396353 THC2544513
ENST00000391952 THC2775135
THC2602306
THC2752493
ENST00000372761 THC2781113
ENST00000503369 THC2498539
ENST00000303694 THC2473839
ENST00000373202 THC2493655
ENST00000496479 NP1276710
ENST00000257267 THC2476548
THC2548229
ENST00000412127 THC2631238
ENST00000369066 THC2581161

ENST00000553134 THC2535118
ENST00000531581 THC2611418
ENST00000533627 THC2509914
ENST00000414867 THC2674052
ENST00000474993 THC2470521
ENST00000321265 NP302311
ENST00000343380 THC2462513

ENST00000534294 THC2480013
ENST00000409836 THC2523220
ENST00000381090 THC2495035

ENST00000430326 THC2518229
ENST00000399668 THC2498346

ENST00000530179 THC2578759
ENST00000475430 THC2513813
ENST00000444887
ENST00000265601 THC2624190
ENST00000367918 NP1166354
ENST00000392976 THC2586842
ENST00000512637 THC2610523
ENST00000397098 THC2764363
ENST00000373847 NP083339

ENST00000359662 THC2491218
ENST00000450136 THC2463385
ENST00000358523 THC2519759
ENST00000299997 THC2472062
ENST00000414689 THC2614984
ENST00000514597 THC2617352
ENST00000264741 THC2474295
ENST00000395422 THC2536338
ENST00000545803 NP164557
ENST00000408925 THC2628531
ENST00000330398 THC2570800
ENST00000399460 THC2635632
ENST00000557422 NP1212773
ENST00000523420 THC2615916
ENST00000259206 THC2498493

ENST00000343948 NP1457348
ENST00000371265 THC2480832

ENST00000330036 NP1135821
THC2542861
ENST00000303219 THC2464029
ENST00000451014 THC2502078
ENST00000221922 THC2475288
ENST00000338315 THC2495314
ENST00000420519 NP1142362
ENST00000200691 THC2602129
ENST00000242109
ENST00000371980 THC2476177
ENST00000294016 THC2607035
ENST00000164133 THC2489038

ENST00000462814 THC2581085
ENST00000355273 NP1461754

ENST00000367350 THC2491276

ENST00000439807 THC2622095

ENST00000229810 NP085334

ENST00000326780 THC2491166

NP437544

NP1135811

ENST00000395042 THC2462550

ENST00000376014 THC2478353

ENST00000337929 THC2473732

ENST00000463192 THC2488446

ENST00000511909 THC2479583

ENST00000502913 THC2472533

ENST00000437232 THC2499596

ENST00000458549 THC2462187

ENST00000422000 THC2470888

ENST00000327271 THC2521529

ENST00000552527 THC2546311

ENST00000380278 THC2501786

ENST00000324794 THC2470368

ENST00000270517 THC2603480

THC2776855

THC2494832

ENST00000325307 THC2602416

ENST00000390323 NP093469

THC2504994

ENST00000542671 NP425547

ENST00000425614 NP1468264

ENST00000478275 THC2476283

ENST00000452001 NP1401783

ENST00000481788 THC2603118

ENST00000549804 THC2494510

ENST00000547334 THC2500153

ENST00000453174 THC2489344

ENST00000402906 THC2478787

ENST00000374481 THC2658299

ENST00000318290 THC2711210

ENST00000290575 THC2582350

ENST00000433351 THC2563387

ENST00000482787 THC2606871

THC2531307

ENST00000397393 NP239909

ENST00000463579	THC2475692
ENST00000509980	THC2570180
ENST00000454387	THC2760499
ENST00000409094	THC2542243
ENST00000373405	THC2464676
ENST00000431664	THC2526745
ENST00000455824	THC2496954
ENST00000279791	THC2611948
ENST00000331380	
ENST00000451994	NP837172
	THC2513158
ENST00000375167	THC2469948
ENST00000358757	THC2569608
ENST00000441268	THC2619198
ENST00000380154	NP815156
ENST00000283882	THC2595583
ENST00000262519	THC2602646
ENST00000444970	NP523662
ENST00000434344	THC2490869
ENST00000416289	THC2556805
ENST00000448120	THC2603520
ENST00000455915	THC2469288
ENST00000339486	THC2570804
ENST00000298943	THC2479994
ENST00000472354	THC2571242
ENST00000367203	THC2622711
ENST00000549804	THC2514706
ENST00000353258	THC2468945
ENST00000378982	THC2478228
ENST00000278359	THC2705101
ENST00000409150	THC2650040
ENST00000252622	THC2531662
	THC2503493
ENST00000426825	THC2601162
ENST00000490236	THC2502799
ENST00000406686	THC2493251
ENST00000291672	THC2602807
ENST00000342467	THC2747715
ENST00000428301	THC2526265
ENST00000261845	THC2469096
	THC2490961

ENST00000494642	THC2782886
ENST00000430092	THC2788771
ENST00000520010	NP106199
ENST00000225842	THC2482328
ENST00000495806	THC2673088
ENST00000288207	NP1186699
ENST00000455836	THC2785666
ENST00000367408	NP1456422
ENST00000517671	THC2528556
	THC2522011
ENST00000448548	THC2689142
ENST00000377610	THC2602496
ENST00000397070	THC2472856
ENST00000539794	THC2642585
ENST00000335325	THC2601315
ENST00000240159	THC2610740
ENST00000442616	THC2526096
ENST00000258180	THC2564158
	THC2562826
ENST00000474031	THC2516985
ENST00000534079	THC2491554
ENST00000436771	THC2481642
ENST00000544079	THC2668666
	THC2734298
ENST00000378397	THC2604332
ENST00000461531	NP708025
ENST00000449723	THC2529044
ENST00000323534	THC2645584
ENST00000360861	THC2620959
	THC2620000
	THC2565454
ENST00000374541	THC2601867
ENST00000468578	NP1192553
ENST00000394009	THC2475241
ENST00000424560	THC2603819
ENST00000493476	THC2615322
	THC2543218
ENST00000381973	THC2469303
ENST00000392795	THC2603626
ENST00000426191	THC2588797
ENST00000445198	THC2592458
ENST00000449391	THC2637283

	THC2601941
ENST00000246117	THC2468477
ENST00000236850	THC2524678
ENST00000368937	THC2482330
ENST00000306384	THC2464942
ENST00000366425	THC2468187
ENST00000358713	THC2496807
	THC2500019
ENST00000261226	THC2675686
ENST00000234310	THC2473239
	THC2647277
ENST00000543786	THC2467136
ENST00000421297	THC2646863
ENST00000512071	THC2610588
ENST00000396867	THC2471620
ENST00000479870	THC2519648
ENST00000360737	THC2606984
	THC2578919
ENST00000310522	NP1455264
ENST00000381556	THC2763571
ENST00000318837	THC2483798
	THC2483467
ENST00000484998	THC2502498
	THC2649318
ENST00000310624	NP1158150
ENST00000379017	THC2610978
ENST00000301178	THC2465833
ENST00000157600	THC2466416
	THC2616520
ENST00000448494	THC2564326
ENST00000497519	THC2558622
ENST00000395004	NP1183806
ENST00000416067	THC2579267
ENST00000555567	THC2461563
ENST00000468789	THC2484684
	NP426365
ENST00000455858	THC2615239
ENST00000352445	THC2490019

ENST00000379302 THC2621073

ENST00000394082 THC2480337

ENST00000322060 THC2607932

ENST00000410024 NP1466972

ENST00000275036 THC2525321

ENST00000476933 THC2463399

NP1157724

ENST00000370612 THC2722068

THC2613153

ENST00000546338 THC2688480

ENST00000405015 THC2750737

ENST00000538887 NP373737

ENST00000456775 THC2601991

ENST00000045083 THC2611405

ENST00000406686 THC2467179

ENST00000390361 NP096741

THC2602167

ENST00000461384 THC2558468

ENST00000246186 THC2461615

ENST00000401534 THC2562113

ENST00000261569 THC2607142

ENST00000326258 THC2611941

THC2561617

ENST00000378847 THC2583660

ENST00000426421 THC2566321

ENST00000375408 THC2601053

ENST00000249071 THC2786787

ENST00000538170 THC2469520

ENST00000331256 THC2482977

ENST00000024061 THC2474331

ENST00000542298 NP1400572

ENST00000451384 THC2655845

THC2495141

ENST00000299413 THC2781333

ENST00000481921 THC2461307

ENST00000360431	THC2573914
	THC2542532
	THC2601260
ENST00000462567	THC2471485
ENST00000493739	THC2708636
ENST00000367826	THC2468675
ENST00000394299	THC2583194
ENST00000436138	THC2604484
ENST00000533706	THC2603428
ENST00000297153	THC2479103
ENST00000455664	THC2636411
	THC2550964
ENST00000467411	NP1165009
	THC2657740
ENST00000407811	THC2463318
ENST00000383417	NP1164470
ENST00000355867	THC2558268
ENST00000541872	THC2469481
ENST00000376488	THC2466593
ENST00000438106	THC2505727
ENST00000354474	THC2562159
ENST00000426467	THC2629924
ENST00000423381	THC2480210
ENST00000379595	THC2710152
ENST00000378023	THC2473399
ENST00000303227	THC2636289
ENST00000536266	THC2500258
ENST00000381289	THC2465938
ENST00000268638	THC2463330
	THC2633833
ENST00000257724	THC2564826
ENST00000411543	THC2463145
ENST00000435197	THC2569785
	THC2482763
ENST00000430416	THC2656577
ENST00000262551	THC2490967
ENST00000436282	THC2603589
ENST00000471853	THC2712279
ENST00000418263	THC2769591

ENST00000504799
ENST00000375311 THC2631346
THC2518664
ENST00000262477 THC2461200
ENST00000320955 THC2475924
ENST00000455583 THC2705618
ENST00000397929 THC2483512
ENST00000371485 THC2462419
ENST00000371538 THC2471086
ENST00000432818 THC2698249
ENST00000531925 THC2479715
THC2606599
ENST00000317506 THC2501423
ENST00000491999 NP1205737
ENST00000486500 THC2597065
ENST00000503602 THC2647510
ENST00000368600 THC2775729
ENST00000382189 THC2572446
ENST00000329281 THC2505544
ENST00000249014 THC2461094
ENST00000491309 THC2620738
ENST00000358771 THC2486086
ENST00000359827 THC2476667
ENST00000472095 THC2567596
THC2623630
ENST00000522221 NP1135633
ENST00000452906 THC2504818

ENST00000341747
ENST00000430147 THC2764121
ENST00000401445 THC2603785
ENST00000253669 THC2603013
ENST00000479160 THC2512393
ENST00000292586 THC2491421
ENST00000548852 NP1161372
ENST00000496634 THC2530226
ENST00000409814 THC2507299
ENST00000372101 THC2476059
ENST00000497601 THC2605513
ENST00000537802 THC2503844
ENST00000422716 THC2716686
ENST00000313056 THC2632560

ENST00000380421 THC2496239
ENST00000368223 NP286942
ENST00000377275 THC2615455

ENST00000520259 THC2508825
ENST00000378337 THC2479500
ENST00000355504 THC2597914
THC2605985
ENST00000439903 NP098390

ENST00000297632 THC2474566
ENST00000272732 THC2501096

ENST00000549804 THC2494510
ENST00000345317 THC2468189
THC2478947
THC2627621

ENST00000221665 THC2470514
ENST00000306077 THC2573457
ENST00000196551 THC2556297
ENST00000334464 THC2464967
ENST00000452307 THC2461421
ENST00000368267 NP1249245
ENST00000463944 NP393618
ENST00000460307 THC2511617
ENST00000225609 THC2474220

ENST00000536241 THC2461670
ENST00000424214 THC2602974
ENST00000439118 THC2483719
ENST00000406638 THC2495116
ENST00000536364 THC2462718
ENST00000471696 THC2731852
ENST00000466192 THC2607585

ENST00000431044 THC2563897
ENST00000397964 THC2471041
ENST00000307142 THC2503801
ENST00000302649 THC2475540
ENST00000514543 THC2515310
ENST00000392504 THC2731692

ENST00000395742	NP704674
ENST00000507956	THC2543837
ENST00000463993	THC2523370
ENST00000339091	THC2475816
ENST00000466465	THC2470173
ENST00000367941	THC2468285
	THC2509013
	THC2480131
ENST00000514301	THC2481055
	THC2466087
ENST00000488824	THC2487629
ENST00000320256	THC2472914
	THC2488318
ENST00000358273	THC2744389
ENST00000397358	THC2609820
ENST00000448387	THC2594274
	THC2485983
	NP851257
ENST00000302609	THC2488666
ENST00000368841	THC2534824
ENST00000520286	THC2762766
	THC2558839
ENST00000449311	THC2509677
ENST00000471938	THC2713394
ENST00000397676	THC2602266
ENST00000317829	THC2464918
ENST00000423507	THC2479390
ENST00000474524	THC2698570
ENST00000315869	THC2524136
ENST00000358246	THC2463854
ENST00000550743	THC2472211
ENST00000316918	THC2563958
ENST00000502767	THC2669567
ENST00000444947	THC2559336
ENST00000368126	NP923808
ENST00000265806	THC2494595
ENST00000395471	NP086868
ENST00000371935	THC2609852
ENST00000466025	THC2534071
ENST00000407008	NP1156476
	THC2661040

ENST00000395905
ENST00000262197 THC2545612
ENST00000310991
ENST00000331837 THC2621803
ENST00000396521 THC2615198
ENST00000432358 THC2618882
THC2483456
ENST00000497816 THC2461235
ENST00000430397 THC2601300
ENST00000407644 NP226721
ENST00000416668 THC2613891
ENST00000471912 THC2641424
ENST00000370765 THC2470919
ENST00000358129 NP1180779
THC2617450
ENST00000505600
ENST00000548075 NP083946
THC2482449
ENST00000382893 THC2704489
ENST00000378733
ENST00000536202 THC2729126
ENST00000395834 THC2483132
ENST00000299045 THC2475582
ENST00000379034 THC2603954
ENST00000541706 NP710095
ENST00000215754 THC2465329
ENST00000481782 THC2496068
ENST00000240691 THC2484542
ENST00000391623 THC2477358
ENST00000301280 THC2472537
ENST00000293968 THC2463529
ENST00000358933 THC2786928
ENST00000448080 THC2471385
ENST00000431408 THC2484064
ENST00000312298 THC2696055
ENST00000477589 THC2480569
ENST00000361246 THC2469025
ENST00000490432
ENST00000419541 THC2619787
ENST00000371822 NP500826
ENST00000522938 THC2698230
ENST00000422382 THC2645953

ENST00000485732 NP1249465
ENST00000416429 THC2506691
ENST00000381401 THC2574711
ENST00000266397 THC2473722
ENST00000456591 THC2488176
THC2687906
ENST00000380659 THC2475229
ENST00000356443 THC2471185
ENST00000234347 THC2477044
ENST00000372254 THC2480778
ENST00000467887 THC2545007
ENST00000455029 THC2553806
ENST00000491507 THC2544637
ENST00000433525 NP1211336
ENST00000381151 THC2656091

THC2683505

ENST00000291547 THC2471026
ENST00000488554 THC2569134
ENST00000291750 THC2525550
ENST00000543906 THC2548645

ENST00000535841 THC2468638
ENST00000393246 THC2658582
ENST00000429810 THC2502417
ENST00000544373 THC2546666
ENST00000372852 THC2464071

ENST00000301959 THC2475717
ENST00000392451 THC2630302
ENST00000484729 THC2506278
ENST00000274242 THC2569703
ENST00000377034 NP1473898
ENST00000375648 NP862217
ENST00000295902 THC2491238
ENST00000452318 THC2507042

ENST00000272433 THC2502671
ENST00000367591 THC2463321
ENST00000424479 THC2464061
THC2624162

ENST00000421731 THC2521905
ENST00000471529 THC2463097
ENST00000552876 THC2533646

NP304592
THC2491738

ENST00000513853
ENST00000340067 THC2492848
ENST00000420139 THC2589542

ENST00000229402 THC2607006
ENST00000493075 THC2490865
ENST00000376528 THC2669798
ENST00000304952 THC2617789
ENST00000460133 THC2715544
ENST00000540889 NP074178
ENST00000487807 THC2629632
ENST00000475317 THC2560556
ENST00000377990
ENST00000358527 THC2608320

ENST00000282030 THC2473798
ENST00000503609 THC2536579
ENST00000446212 THC2582567
THC2484756
ENST00000305831 THC2673194
ENST00000550948 THC2484341
ENST00000332129 THC2463262

ENST00000342482 NP1072856
ENST00000299596 THC2539726
ENST00000371809 THC2602258
THC2666857

ENST00000336184 THC2463009
ENST00000272797 THC2477021
ENST00000409401 THC2613062

ENST00000467494 THC2510101
ENST00000470911 THC2681651
ENST00000375056 NP1460370
THC2508918
ENST00000402708 THC2491102
ENST00000451123 THC2639175
ENST00000542257 THC2463649
ENST00000513886 THC2478406

ENST00000458316

ENST00000379265 THC2640940

ENST00000439290 THC2489903

ENST00000372994 THC2561954

ENST00000219168 THC2608881

ENST00000490391 NP1206865

ENST00000263278 THC2620516

ENST00000483977 THC2623567

ENST00000393830 THC2472525

ENST00000494984 THC2489349

ENST00000357072 NP1074456

THC2479957

ENST00000370661 THC2624188

ENST00000382108 THC2676669

ENST00000349606 THC2465875

THC2542147

ENST00000317058 THC2464282

ENST00000503942 THC2472318

THC2527965

ENST00000444460 THC2765436

ENST00000442353 THC2474363

THC2625140

ENST00000318631 THC2463759

ENST00000264260 THC2478417

ENST00000508585 THC2524662

ENST00000324544 THC2543132

ENST00000458315 THC2586783

ENST00000412019

ENST00000483717 THC2617245

ENST00000340940 THC2484205

ENST00000266754 THC2476954

ENST00000416861 THC2670949

ENST00000343123 THC2479080

ENST00000536403 THC2618211

ENST00000412930 NP316843

ENST00000377848 THC2554038

ENST00000418698 THC2637624

ENST00000360461 THC2464207

ENST00000523513 NP1243733

ENST00000286732 THC2489743
ENST00000389532 THC2601148
ENST00000470850 THC2473863
ENST00000369026 THC2507368
ENST00000306801 THC2462373
THC2514053
ENST00000462028 THC2479196
ENST00000199764 THC2782694
ENST00000342624 THC2485008
THC2503369
ENST00000338797 THC2515109
ENST00000489245 THC2483274
ENST00000312295 NP541910
ENST00000295713 THC2498175
ENST00000454161 THC2636780
ENST00000445167 THC2490923
ENST00000539178 THC2733471
ENST00000421003 THC2612622
ENST00000315396 NP517423
ENST00000543693 THC2552061
ENST00000274631 NP232987
ENST00000244221 THC2618289
ENST00000260983 THC2474526
ENST00000392914 NP1465797
ENST00000411622 THC2470805
ENST00000448327 THC2716204
THC2510165
ENST00000316891 THC2732620
ENST00000297423 THC2529421
ENST00000539818 THC2464919
ENST00000504137 THC2536351

ENST00000529979 THC2480303
ENST00000310109 THC2728426
ENST00000336909 THC2464244
THC2465069
ENST00000327044 THC2506960
ENST00000340169 THC2572341
ENST00000311668 THC2629027

ENST00000392574 THC2487133

ENST00000219320 THC2466222
ENST00000320602 THC2463292

ENST00000449778 THC2542452

ENST00000318217 THC2571350

ENST00000326739 THC2561188
THC2523961

ENST00000431388 THC2524836

ENST00000343677 THC2467269

ENST00000434248 THC2523463
THC2615529

ENST00000270238 THC2601340

ENST00000541827 THC2494854

ENST00000495729 THC2689224

ENST00000379714 THC2767500

ENST00000388923 THC2507813

ENST00000354294 THC2487323

ENST00000263092 THC2528088

ENST00000393085 THC2605678

ENST00000535396 THC2481303

ENST00000455205 THC2512632

ENST00000239938 THC2565476

ENST00000315579 THC2468983

ENST00000443419 THC2675300

ENST00000453303 THC2515541

ENST00000319338 THC2482045

ENST00000372038 THC2630024

ENST00000476393 THC2718874

ENST00000379568 THC2674805

ENST00000509849 THC2487646

ENST00000375223 THC2475313

ENST00000218316 NP830980

ENST00000537136 THC2563174

ENST00000468180 THC2500559

ENST00000540637 THC2461639

ENST00000543568 NP1167986

ENST00000263800 THC2477101

ENST00000432875 THC2587008

ENST00000448770 THC2467631

ENST00000318950 THC2671343

ENST00000263284 THC2619849

ENST00000419314 THC2591591

ENST00000269383 THC2738221

ENST00000007510 NP167021
ENST00000446572 THC2602082
ENST00000455973
ENST00000393348 THC2518549
ENST00000333421 THC2461636
ENST00000439996 THC2478064

ENST00000369884 THC2534383
THC2677844

ENST00000489746 THC2477526
THC2496082
ENST00000308020 THC2462902
ENST00000318249 THC2474340
ENST00000371280 THC2477537
ENST00000488550 THC2725282
ENST00000295381 THC2717523
ENST00000512390 THC2463407
ENST00000328457 THC2602656
ENST00000355524 NP446026
ENST00000536471 THC2476365
ENST00000380181 THC2566791
ENST00000411767 THC2488222
ENST00000489404
ENST00000435840 THC2552165
ENST00000538460 THC2513776
ENST00000539918 THC2470831
ENST00000492923 NP842590
ENST00000492553
ENST00000362020 THC2534980
THC2599797

ENST00000515127
ENST00000404514 THC2737940
ENST00000448646 THC2670641
THC2602116
ENST00000467648 THC2461813
ENST00000552713 THC2506389
THC2569496
ENST00000431296 THC2561860
ENST00000376819 THC2481582
THC2610134
ENST00000315251 THC2517251

ENST00000316144 THC2485824

ENST00000540376 NP073371
ENST00000535653 THC2470814
THC2764455
ENST00000510667 THC2717982
ENST00000355193 THC2469247
ENST00000394970 THC2477136
THC2480358
ENST00000210187 THC2472674

ENST00000484864 THC2480695
ENST00000328664 NP1475497
ENST00000264889 NP167189
THC2661295
ENST00000359735 THC2493171
ENST00000418837 THC2653495
ENST00000411839 THC2757413
THC2516830
ENST00000487412 THC2487354
ENST00000551938 THC2500438
ENST00000374231 NP1245306
ENST00000433426 THC2510671

ENST00000278655 THC2742804
ENST00000457361 THC2657354

ENST00000392551 THC2491804
ENST00000374479 THC2518697
ENST00000456714 THC2679490
THC2699453
ENST00000536339 THC2463645
ENST00000361019 NP852599

THC2646314
ENST00000371187 THC2463480

ENST00000409590 THC2631323

THC2561617
ENST00000388962 THC2484341
ENST00000454333 THC2496267
ENST00000456107 THC2623568
ENST00000469078 THC2507957
ENST00000443719

THC2550566
ENST00000542267 THC2473457
ENST00000304056 THC2468748
ENST00000218388 NP1132335
ENST00000544143 THC2601131
ENST00000368223 NP286942
ENST00000433484 THC2461196
ENST00000460450 THC2491329
ENST00000449936
THC2514473
THC2501133
ENST00000316059 THC2571650
ENST00000442403 THC2764081
ENST00000402420
ENST00000398844 THC2493017
ENST00000378616 THC2707760
ENST00000466304 THC2587029
ENST00000340892
ENST00000392102 THC2661456
THC2506072
ENST00000371997 THC2466716
ENST00000440905 NP1247241
ENST00000358431 THC2668540
ENST00000254759 THC2464612
ENST00000474429 THC2743179
ENST00000379205 THC2492365

ENST00000299299 THC2467725
ENST00000391944 NP1457049
THC2537792
ENST00000367290 THC2627632
ENST00000226317 THC2627589

ENST00000293831 THC2529399
THC2500466
ENST00000471038 THC2562167
ENST00000479830
ENST00000309539 THC2461760
ENST00000323686 THC2658477
ENST00000395962 THC2481093
ENST00000280258 THC2469793
ENST00000264448 THC2675428
ENST00000425430 THC2710935
ENST00000421999 THC2466439

ENST00000340611 THC2582713
ENST00000372705 THC2632586
ENST00000320460 THC2476423
THC2506376
ENST00000366816 THC2571124
ENST00000306084 NP1276993

ENST00000425148 THC2469284
ENST00000299440 THC2760112
THC2663012

THC2547106
ENST00000358165 THC2479694
ENST00000389840 THC2679958
ENST00000409813 THC2583364
ENST00000258711 THC2462761
ENST00000316848 THC2544667
ENST00000377589 THC2464746
ENST00000457085 THC2469022
THC2473148

ENST00000556379
ENST00000422803 THC2468780
ENST00000398879 THC2781445
ENST00000474602
ENST00000509409 THC2533641
ENST00000475978 THC2625945
THC2506250
ENST00000295731 THC2602437
ENST00000339677 NP923842
ENST00000542878 THC2551396
ENST00000275569 THC2487398

ENST00000299954 THC2479214

ENST00000462552 THC2487015
ENST00000521655 THC2505627
ENST00000327773 THC2506281
ENST00000393969 THC2598627
ENST00000310750 NP370741
ENST00000272462 THC2786552
ENST00000429723 THC2708665
ENST00000253144 THC2461752
THC2562052

ENST00000434716 THC2540227

ENST00000526079 THC2493346

ENST00000323375 THC2487968

ENST00000468380 THC2607970

ENST00000538320 THC2466913

ENST00000377469

ENST00000368863 THC2511466

ENST00000262178 THC2603287

ENST00000449434 THC2498699

ENST00000326172 THC2461620

ENST00000396525 THC2579816

ENST00000412414 THC2463162

ENST00000536864 THC2478567

ENST00000380363 THC2782085

ENST00000497965 THC2569971

ENST00000375322 THC2500322

ENST00000412866 NP1210683

ENST00000331397 THC2471913

ENST00000381344 THC2474222

THC2747371

ENST00000379958 THC2464095

ENST00000473717 THC2474861

ENST00000395590

ENST00000405275 NP349889

ENST00000531120 THC2470127

ENST00000503991 THC2774769

ENST00000486616 THC2488708

ENST00000432038 THC2664648

ENST00000333813 THC2615300

ENST00000541235 THC2589555

ENST00000549985 THC2464277

ENST00000356742 NP861779

ENST00000369942 THC2719823

ENST00000539932 THC2479504

THC2613462

ENST00000355467 THC2466986

ENST00000373873	THC2606448
	THC2540212
ENST00000532852	THC2655329
ENST00000378339	THC2651387
ENST00000440906	THC2478231
ENST00000547459	THC2577234
ENST00000283147	THC2474595
ENST00000296046	THC2472745
	THC2546906
	THC2567760
ENST00000536022	THC2472164
ENST00000235329	THC2514422
ENST00000359321	THC2477185
ENST00000413580	THC2478263
ENST00000352066	THC2588060
ENST00000378566	THC2461687
ENST00000337080	THC2492565
	THC2644037
ENST00000274990	THC2507213
ENST00000453200	THC2513518
ENST00000395663	
ENST00000296412	THC2465499
ENST00000459707	THC2673158
ENST00000230113	
ENST00000360890	THC2486529
ENST00000392959	THC2472339
ENST00000216468	THC2479475
ENST00000506710	
ENST00000423585	THC2467363
	THC2505770
ENST00000299350	THC2484014
ENST00000483228	THC2463659
ENST00000255082	THC2491201
ENST00000510805	THC2483077
ENST00000448752	THC2487841
ENST00000402252	THC2554023
ENST00000380014	NP1473629
	THC2505541
ENST00000373261	THC2511363
ENST00000221307	THC2633164

ENST00000469588 THC2507906
THC2606891

ENST00000525354 THC2544217
ENST00000321248 THC2484826
ENST00000407120 THC2522793
ENST00000399207 THC2476053
ENST00000368552 THC2634480
ENST00000465795 THC2713992
ENST00000373019 THC2521890
ENST00000306799 THC2616513
ENST00000394226 THC2515764
ENST00000246080 THC2477287
THC2633009
ENST00000464097 THC2784205
THC2474981
ENST00000296674 THC2494905
ENST00000371221 THC2774941
ENST00000474598 THC2695760

ENST00000282058 THC2467428
ENST00000412061 NP1475785
ENST00000439818 THC2479406
ENST00000476003 THC2686089
THC2641422
ENST00000377263 THC2466280
ENST00000411851 THC2485563
ENST00000422048
ENST00000054668 THC2489696
ENST00000424119 THC2726673
ENST00000544199 THC2462612
ENST00000522010 THC2558676
ENST00000530046 NP1157844
THC2601541
ENST00000330951 NP588876
ENST00000391910 THC2491968
ENST00000317594 THC2482868
ENST00000263776 THC2470602
ENST00000441717 THC2636719
THC2481506
ENST00000392028 NP401588
ENST00000229395 THC2462507
THC2507453

ENST00000509666
ENST00000460115 THC2477767
ENST00000474967 THC2500549
ENST00000412690 THC2577212
ENST00000318837 THC2681759

ENST00000253461 THC2619431

ENST00000405273 THC2490776
THC2554014
ENST00000531688 THC2570992
ENST00000261839 THC2562840
ENST00000329106 NP1395385
ENST00000490010
ENST00000464385 NP1244077
ENST00000426867 THC2565167
ENST00000463664 NP1180129
ENST00000453498 THC2498037
THC2627690
ENST00000333870 THC2604216
ENST00000264370 THC2658919
ENST00000549804 THC2494510
ENST00000335123 NP1246950
ENST00000515544 THC2603307
THC2499521
ENST00000435109 THC2466803
ENST00000379765 THC2480068
NP283772

THC2641745
ENST00000447071 THC2672791

ENST00000438869 THC2470591
THC2521602
THC2519157
ENST00000354451 THC2564839
ENST00000435898 NP1459367
ENST00000467575 THC2490651
ENST00000378126
ENST00000535563 THC2532864
ENST00000415798 NP286143
ENST00000251546 THC2636146
ENST00000538304 THC2535315
ENST00000261597 THC2461995

ENST00000432697	THC2609386
ENST00000504477	THC2461535
ENST00000231721	THC2600994
ENST00000477412	THC2550699
ENST00000486828	THC2654308
ENST00000478399	THC2470924
ENST00000400566	NP495159
ENST00000367220	THC2478159
ENST00000490939	THC2589305
ENST00000546104	THC2466807
ENST00000271452	THC2603234
	THC2492789
ENST00000431918	THC2555349
ENST00000215770	
ENST00000400242	THC2484539
ENST00000334018	NP402577
ENST00000346495	NP1208504
ENST00000473023	THC2641072
ENST00000382512	THC2762502
ENST00000475485	THC2603984
ENST00000437681	THC2518956
ENST00000397277	THC2616193
ENST00000342773	THC2468782
ENST00000396827	THC2474099
	THC2483564
ENST00000311623	THC2479620
	THC2500261
	NP1180693
	THC2634136
ENST00000395824	THC2474294
ENST00000539018	THC2776988
ENST00000468892	THC2763523
ENST00000379731	THC2564797
ENST00000247207	THC2465464
ENST00000428239	THC2463644
ENST00000336230	THC2638184
ENST00000306285	THC2477429
	THC2482006
ENST00000392248	THC2625691
ENST00000366807	THC2484578
ENST00000451608	

	THC2503350
ENST00000380796	NP852554
	THC2753207
ENST00000216294	THC2465096
ENST00000418495	THC2596675
ENST00000433952	THC2607315
ENST00000394922	THC2466972
ENST00000359035	THC2478153
ENST00000397906	THC2536778
ENST00000369372	THC2540432
ENST00000379404	THC2783686
ENST00000398452	THC2505787
ENST00000457854	NP1198072
ENST00000552354	NP1196612
	THC2504994
ENST00000265081	THC2471734
ENST00000320717	THC2524145
ENST00000262644	THC2531183
ENST00000388884	THC2505316
ENST00000309950	THC2520102
ENST00000542342	NP410570
ENST00000374379	THC2602329
ENST00000419459	THC2607603
ENST00000342303	THC2539959
ENST00000305748	THC2481292
ENST00000428056	THC2477324
ENST00000395499	THC2498266
ENST00000357457	THC2464419
ENST00000267202	THC2466446
ENST00000299167	THC2474387
ENST00000438835	NP091337
ENST00000540866	NP1200007
ENST00000474933	THC2514147
ENST00000324723	THC2644131
ENST00000320027	THC2470174
ENST00000369606	THC2494917
ENST00000545209	THC2717486
	THC2486403
	THC2611572
ENST00000461952	THC2556184

ENST00000409789 THC2554975
ENST00000380922 THC2669371
ENST00000234668
ENST00000308775 THC2665145
ENST00000446211 THC2655101
ENST00000318010 THC2471740
ENST00000228820 THC2602573
THC2536499
ENST00000397766 THC2478368
ENST00000263979 NP1210903
ENST00000372666 THC2610238
ENST00000434547 THC2621524
ENST00000531174 THC2674648
ENST00000434411 THC2478824
ENST00000518855 THC2502423
ENST00000334218 THC2491368
ENST00000240100 THC2466297
ENST00000268281 THC2477817
ENST00000430416 THC2656577
ENST00000219343 THC2493778
ENST00000480153 THC2471012
ENST00000497830 THC2607681
ENST00000307441 THC2491832
ENST00000259755 NP1155943
ENST00000304760 THC2492902

THC2494906

ENST00000307637 THC2461342
ENST00000473756 THC2673174
ENST00000518290 THC2499758
ENST00000368079 THC2461531

ENST00000450932 THC2644789
ENST00000309755 THC2465052
ENST00000423292 THC2662132
ENST00000382064 THC2479035
ENST00000541279 THC2483340
ENST00000366514 THC2461365
ENST00000439958 THC2469012
ENST00000340250 THC2492444
ENST00000556284 THC2541068
ENST00000372969 THC2469488
THC2474592

THC2607883

ENST00000335148 THC2483329

ENST00000495883 THC2492006

ENST00000265224 THC2782624

ENST00000408041 THC2507513

ENST00000394607 THC2462213

ENST00000352066 THC2516051

ENST00000354326 THC2493786

ENST00000374272 THC2471586

ENST00000520771 THC2487877

THC2714483

ENST00000367024 THC2612563

ENST00000489471 THC2577154

ENST00000318796 THC2744016

THC2573513

ENST00000317996 THC2603485

THC2611080

ENST00000411596

ENST00000449321 THC2474588

ENST00000349556 THC2500822

ENST00000306243 THC2463810

ENST00000388870 THC2463701

ENST00000350803 THC2540425

ENST00000346817 THC2485181

ENST00000221899 THC2496548

ENST00000377614 THC2504381

THC2488638

ENST00000312087 THC2665202

ENST00000523862 THC2638312

ENST00000552634

ENST00000361790 THC2519817

ENST00000383043 NP1241424

ENST00000217074 THC2495475

ENST00000461452 THC2504236

ENST00000350125 THC2466927

ENST00000483415 THC2488491

ENST00000252590 NP499212

ENST00000482945 THC2610254

ENST00000404907 THC2471706

ENST00000429635	THC2482870
ENST00000460471	THC2621000
ENST00000346085	THC2463768
ENST00000372218	THC2466055
ENST00000433651	THC2484787
ENST00000381150	THC2596849
ENST00000292450	NP1276405
ENST00000380204	THC2463451
ENST00000546218	THC2472433
ENST00000487482	NP1191618
ENST00000456897	THC2626013
	THC2528229
ENST00000415882	THC2577259
ENST00000377284	THC2731642
ENST00000409645	THC2690613
ENST00000557754	NP1214232
	THC2774873
ENST00000539812	THC2708492
	THC2523866
ENST00000346061	THC2497375
	THC2657073
ENST00000370435	THC2472191
ENST00000316836	THC2666562
ENST00000452335	
ENST00000495274	NP1150810
ENST00000342294	THC2483439
ENST00000318663	THC2463243
ENST00000412055	THC2474217
ENST00000230568	THC2473834
ENST00000408925	THC2628531
ENST00000423064	THC2480749
ENST00000370871	THC2532760
ENST00000495329	THC2567639
ENST00000467785	NP181724
ENST00000257899	THC2462777
ENST00000482465	NP1277292
ENST00000329819	THC2466839
ENST00000370635	THC2714628
ENST00000557246	THC2611835
ENST00000265192	THC2567553
	THC2660784

ENST00000374597 THC2475132
ENST00000382713 NP362987
ENST00000520180 NP1074998
ENST00000328306 THC2491828
ENST00000540919 THC2588084
ENST00000465988 THC2603841
ENST00000498289 NP1459063
ENST00000376088 THC2477339
ENST00000505907 THC2462858
ENST00000254695 THC2680829
ENST00000540942 NP075375
ENST00000382762 THC2508663
ENST00000327655 NP587669
ENST00000542749 THC2601716
ENST00000491414 THC2783423
ENST00000418740 THC2467689
ENST00000367568 THC2472207
ENST00000550383 THC2555220
ENST00000313946 THC2498825
ENST00000355231 THC2526992
ENST00000307886 THC2471937

ENST00000373208 THC2616846
ENST00000548171 THC2573902
ENST00000402064 THC2621352
ENST00000299572 THC2471285
ENST00000481658 THC2735913
ENST00000375636 THC2503367
ENST00000402095 THC2502048
ENST00000400924 NP1177041
THC2630287
ENST00000375427 THC2463455
ENST00000508337 NP082322
ENST00000429480 THC2481854
THC2492467

THC2505091
ENST00000432297 THC2535758
ENST00000301659 THC2480124

ENST00000397061 NP852700
ENST00000393115 THC2540230

ENST00000265080 THC2720924
ENST00000295851 THC2570024
ENST00000510698 THC2603405
ENST00000408998
ENST00000333577 THC2493545
ENST00000413034 THC2473416
ENST00000454590 THC2617310
ENST00000439556 THC2480789
ENST00000298622 THC2601108
ENST00000342294 THC2546917
ENST00000264824 THC2700985
ENST00000373654 THC2473062
THC2777210
ENST00000291901 THC2560689
ENST00000310137 NP374325
ENST00000433825 THC2667401
ENST00000547525 THC2465113
THC2579229

ENST00000391413 THC2488192
THC2505788
ENST00000378069 THC2461857
ENST00000265138 THC2491990

ENST00000463032 THC2463708
THC2492239
ENST00000428056 THC2477324
ENST00000523334 THC2469319
ENST00000375001 THC2461918
ENST00000373329 THC2472512
THC2661773
ENST00000303154 THC2525152
ENST00000367686 THC2507207
ENST00000377673 THC2732931
ENST00000460355 THC2507576
ENST00000303165 NP708473
ENST00000535211 THC2603578
ENST00000375263 THC2477542
ENST00000425762 THC2506438
ENST00000400839 THC2509411
ENST00000345100 THC2604662
ENST00000402192 THC2490415
ENST00000545619 THC2611294
ENST00000449081 THC2492825

ENST00000374284 THC2465095
ENST00000532454 THC2664364
ENST00000273610 THC2640001
NP1143093
ENST00000379490 NP813866
ENST00000408893 THC2486261
ENST00000543270 THC2712126
ENST00000439964
ENST00000403903 THC2615587
ENST00000316495 THC2778024
ENST00000392788 THC2496408
ENST00000556356 THC2470154
ENST00000383418 THC2680483
ENST00000426538 THC2475221
ENST00000302506 THC2463702
ENST00000330847 THC2607758
ENST00000457488 THC2474112
ENST00000396184 THC2641837
ENST00000264376 THC2476830
ENST00000507579 THC2566302
ENST00000244573 THC2484132
ENST00000373312 THC2706507
ENST00000541643 THC2466987
ENST00000301919 THC2712735
ENST00000317829 THC2601535
ENST00000542921 THC2501681
ENST00000514365 THC2620902
ENST00000542298 NP1400573
ENST00000376854 THC2470461
ENST00000444705 THC2738125
ENST00000311534 THC2521257
ENST00000394351 THC2477888
ENST00000248244 THC2464991

ENST00000372518 THC2473943
ENST00000432185 THC2614203
ENST00000307746 NP373502
ENST00000463460 THC2501689

ENST00000477993 THC2495664
ENST00000314890 THC2604138
ENST00000477675 THC2472688
ENST00000277124 THC2602039

ENST00000423902 THC2464820
ENST00000418113 THC2508517

ENST00000367204 THC2462481
ENST00000313961 THC2466665
ENST00000534090 THC2601470
ENST00000467494 THC2510101
ENST00000414210
ENST00000526737 NP1206065
ENST00000281589 THC2473560
ENST00000402218 THC2651174
THC2767054
ENST00000418985 THC2545306
THC2499541
ENST00000381799 THC2470567

ENST00000533119 THC2693804
ENST00000353487 THC2466116
ENST00000352966 THC2568201
ENST00000241463 THC2478006
ENST00000372596 THC2461881
ENST00000409652 THC2464922
ENST00000552872 THC2488331
ENST00000342741 THC2476259
ENST00000317811 THC2607207
ENST00000439661 NP1183543
THC2690732
ENST00000417964 THC2585345
ENST00000487043 THC2564152

ENST00000540189 NP1074767
THC2509656
ENST00000404484 NP092224
ENST00000545871 THC2732648
ENST00000340911 THC2612126
ENST00000327536 THC2478533
ENST00000557413 NP1167341
ENST00000273183 THC2605374
ENST00000369256 THC2601962
ENST00000524270 THC2472235
ENST00000429121 THC2555110
ENST00000340106 THC2512044
ENST00000366577 THC2491590
ENST00000422119 THC2526551

ENST00000510890	THC2461293
ENST00000382666	THC2487236
	THC2499075
ENST00000294244	THC2470872
ENST00000361424	THC2473275
ENST00000369550	THC2469054
ENST00000394810	
	NP852811
ENST00000552370	THC2563023
	THC2481823
ENST00000481714	THC2463131
ENST00000474787	THC2516606
	THC2522758
ENST00000542343	NP349368
ENST00000367868	THC2470986
ENST00000446912	THC2517944
ENST00000436111	THC2486928
ENST00000510118	THC2635208
ENST00000318749	THC2681317
ENST00000274456	THC2497767
	THC2662960
ENST00000251772	THC2492018
ENST00000441971	THC2673946
	THC2523524
ENST00000443378	THC2551794
ENST00000342222	THC2492104
ENST00000503590	THC2468227
ENST00000293677	THC2643472
ENST00000370906	THC2484155
ENST00000360954	THC2521126
ENST00000411733	THC2517944
	THC2601545
ENST00000446440	NP500730
ENST00000342232	THC2473088
	THC2461029
ENST00000426464	THC2463311
ENST00000278849	THC2640910
	THC2479813
ENST00000361050	THC2471505
ENST00000395151	THC2470476
ENST00000350021	THC2484246
ENST00000294811	THC2472305
ENST00000401529	THC2510406

ENST00000478091 THC2466137
THC2508026

ENST00000374593 NP1195581
THC2689015

ENST00000490574 THC2765005
ENST00000536480 THC2496963
THC2644838

ENST00000546318 THC2513635
ENST00000388793 THC2467955
ENST00000416338 NP1212023
ENST00000469541 THC2523840
ENST00000369155 THC2485136
ENST00000417404 THC2477640

NP373383

ENST00000356998 THC2467114
ENST00000424989 THC2500944

ENST00000537227 THC2701532
ENST00000376312 THC2489439

ENST00000532926 THC2467299

ENST00000396896 THC2522623
ENST00000396501 THC2500042
ENST00000304932 THC2482766
THC2614414

ENST00000490362 THC2466327
ENST00000508834 THC2471419
ENST00000394061 THC2566242
ENST00000345080 THC2606263
THC2561617

ENST00000497136 THC2542404
ENST00000411535 THC2703389
ENST00000329618 THC2482916
ENST00000333480 THC2602686
ENST00000555121 THC2473656
ENST00000448059 THC2593283
ENST00000489139 THC2472155

ENST00000545779 THC2528451
ENST00000340857 THC2513918
ENST00000472617 THC2489676
ENST00000420139 THC2589542
ENST00000418837 THC2653495
ENST00000397637 THC2506769
ENST00000437101 THC2487744
ENST00000438264 THC2471908
ENST00000305752 THC2682075

ENST00000507621 THC2622758
ENST00000300057 THC2474616
ENST00000283632 THC2582436
ENST00000375259 NP1465624
ENST00000404925 THC2517599
ENST00000492540 THC2559032

ENST00000536544 NP363122
ENST00000470721 THC2547575
ENST00000377162 NP1456785
ENST00000330792 NP1455379
ENST00000479093 THC2721283
ENST00000415989 THC2517944
ENST00000372621 THC2468102
ENST00000284617 THC2602840
ENST00000309893 THC2478178
ENST00000429274 THC2484463
ENST00000430316 THC2682662
ENST00000522601 THC2503736
ENST00000341114 THC2488969

ENST00000433061 THC2535121
ENST00000545203 THC2475467
ENST00000440604 THC2745185
ENST00000398398 THC2479133
THC2702246
ENST00000258455 THC2635422
ENST00000536864 THC2478567
ENST00000329214 THC2470626
ENST00000520105 THC2463792
ENST00000319854 NP435307
ENST00000424522 THC2491762
ENST00000368317 THC2756395
ENST00000436324 THC2501819

ENST00000357949	THC2463636
ENST00000239882	THC2519824
	THC2476417
ENST00000551173	THC2599387
ENST00000353281	THC2475894
ENST00000376665	NP370725
ENST00000532781	THC2787235
	THC2685060
ENST00000422877	THC2787746
ENST00000476717	NP373505
ENST00000263056	THC2465022
ENST00000525430	NP228798
ENST00000443617	THC2466062
ENST00000451940	THC2539710
	THC2501412
ENST00000252826	NP805623
	THC2576778
ENST00000262265	THC2468849
ENST00000368635	THC2470248
ENST00000469155	THC2526778
ENST00000422638	THC2682660
ENST00000427854	NP402671
ENST00000474859	THC2478885
ENST00000443364	THC2668432
ENST00000421003	THC2612622
ENST00000317945	THC2478982
ENST00000243776	THC2725479
ENST00000504298	THC2485538
ENST00000438524	THC2683437
	NP1141702
ENST00000360413	THC2635802
ENST00000366559	THC2740108
ENST00000520390	THC2605296
ENST00000337179	THC2491867
ENST00000422485	THC2473060
ENST00000457060	THC2772310
	THC2518336
ENST00000506436	THC2533268
ENST00000369682	THC2608534
ENST00000339007	THC2479327
ENST00000511124	THC2472233

ENST00000341068 THC2461098

ENST00000268802 THC2468889

ENST00000403018 THC2482059

ENST00000412663 THC2529803

ENST00000379160 THC2564058

ENST00000530697 THC2530375

ENST00000504590 THC2737057

THC2486628

ENST00000370290 THC2578839

ENST00000276431 THC2499461

ENST00000535318 THC2692681

ENST00000372674 THC2527684

ENST00000534454 NP1184740

ENST00000412770 THC2667685

ENST00000341926 THC2478131

ENST00000533509 THC2602674

ENST00000521620 THC2473102

THC2703203

ENST00000011619 THC2466979

ENST00000434114 THC2533071

ENST00000433855 THC2703420

ENST00000274242 THC2590326

ENST00000502952

ENST00000439055 THC2529323

ENST00000525317 THC2466458

ENST00000332395 THC2465796

ENST00000476395 THC2485595

ENST00000357296 THC2488561

ENST00000323833 THC2467264

ENST00000542359 THC2765723

THC2611438

ENST00000519993 NP1473615

ENST00000448116 THC2470146

ENST00000483385 NP1215170

ENST00000537399 THC2464734

ENST00000330299 THC2728827

ENST00000442192 THC2553396

ENST00000486269 THC2560823

ENST00000454407 THC2473507

ENST00000281171 THC2479375

ENST00000542147 NP1474169

ENST00000284110 THC2473915
ENST00000505668 THC2487784
ENST00000454660
ENST00000267890 THC2491932

ENST00000435680 THC2491278
ENST00000369472 THC2504117
ENST00000251390 NP081039
THC2541117

ENST00000374945 THC2485217
ENST00000547789 THC2533386
ENST00000256404 THC2476024
THC2488009
THC2611459

ENST00000537380 NP459361
ENST00000456771 THC2652771
ENST00000541655 THC2592871
ENST00000430130
ENST00000452371 THC2667568
ENST00000442780 THC2740045

ENST00000304363 THC2461109
ENST00000249066 THC2481029
ENST00000311895 THC2473349
ENST00000304034 THC2771975
ENST00000322834 THC2518340
ENST00000293971 THC2465143
ENST00000451399 NP851902
ENST00000344079 NP1134760
ENST00000331056 THC2718787
THC2541884

ENST00000454258 THC2553027
ENST00000378009 NP924649
NP852640

ENST00000307194 THC2474414
ENST00000252485 THC2505995
ENST00000483765 THC2501547
THC2480673

ENST00000529743
ENST00000382998 THC2507982
ENST00000427722
ENST00000291458 THC2520879

THC2471229
ENST00000531549 THC2483388
ENST00000274631 THC2461762
ENST00000296277 THC2510311
THC2600962
THC2480678
ENST00000368885 THC2494006
ENST00000494141 THC2561189
ENST00000492826 THC2489480
ENST00000366560 THC2469591
ENST00000245323 THC2732430
ENST00000311127 THC2608169
ENST00000236051 THC2499954
ENST00000444037 THC2512642
ENST00000443071 THC2475256
ENST00000420922 THC2698744
ENST00000262042 THC2693604
ENST00000372517 THC2616422
THC2478143
ENST00000526278 THC2524468
ENST00000421030 NP509977
ENST00000399133 THC2590939
THC2707941

ENST00000218328 THC2470054
ENST00000480775 THC2584757
THC2594057
THC2492730
ENST00000377320 THC2482521
ENST00000379523 THC2504916
ENST00000339642 NP116580
ENST00000352151 THC2475096
ENST00000342619 THC2490790

ENST00000398168 THC2468454
ENST00000323961 THC2461050
ENST00000366869 THC2778310
ENST00000543502 NP1133669
ENST00000495454 THC2485133
ENST00000372336 THC2667590
ENST00000404496 THC2580693
ENST00000296657
ENST00000370959 THC2515010
ENST00000431388 THC2524836

ENST00000263033 THC2547450
THC2485499
ENST00000314126 THC2664019
THC2618795
ENST00000420135 THC2595353
ENST00000440385 THC2494559
ENST00000282344 THC2472166
ENST00000318059 THC2527688

ENST00000309050 THC2470701
ENST00000394865 NP509449

ENST00000397292 THC2482474
ENST00000540918 THC2702564
ENST00000446230 NP1276673
THC2482147
ENST00000376376 THC2647109
ENST00000310924 THC2473096
ENST00000446053
ENST00000512731 THC2604956
ENST00000267430 NP1153241
THC2697215
ENST00000351513 THC2471606
ENST00000450008 THC2492570
ENST00000264380 THC2551207
ENST00000327237 NP923326
ENST00000556126 THC2607566
ENST00000432673 THC2512613

THC2493253
ENST00000412091
ENST00000414046 THC2618344
ENST00000542732 NP1180563
ENST00000299565 THC2506215
ENST00000380323 THC2463389
THC2604763
ENST00000483790 THC2476463
ENST00000394566 THC2464264
THC2561617
ENST00000433976 THC2475250

ENST00000370958 THC2477959

ENST00000166345 THC2461942
ENST00000398984 NP1459763
ENST00000315467 THC2463161
ENST00000368896 THC2627384
ENST00000357886 NP075254
ENST00000378962 THC2477093
ENST00000463243 THC2496325

ENST00000416289 THC2556805
ENST00000398870 THC2476481

ENST00000460236 THC2465033
ENST00000461715 THC2544156
ENST00000409861 THC2488555
THC2530030
ENST00000360403 THC2467439
THC2518722
ENST00000367615 THC2488684
ENST00000221801 THC2465274
ENST00000330377 THC2471192
ENST00000324557 THC2471181
ENST00000395685 NP1180205

ENST00000411702 THC2499522
ENST00000392903 THC2467694
ENST00000357776 THC2515467
ENST00000451380 THC2601809
ENST00000493209 NP1277184
ENST00000344505 NP1153440
NP511110

ENST00000220616 THC2465309
ENST00000495397 THC2481947
ENST00000330377 THC2471192
ENST00000553711 NP1156794
THC2779256

ENST00000327253 THC2491524
ENST00000432292 THC2486601
ENST00000415126 THC2475732
ENST00000479297 NP1072851

ENST00000375284 THC2638824
ENST00000525071 THC2553882
ENST00000421584 NP1454352
ENST00000406805 NP417915

ENST00000397846 THC2546843
THC2613363
ENST00000370320 THC2512503
THC2535945
ENST00000553134 THC2535118
THC2522223
ENST00000399787 THC2492526
ENST00000407426 THC2553340
ENST00000424407 NP1209300
ENST00000341853 THC2485999
ENST00000367118 THC2670578
ENST00000376410 THC2761374
ENST00000359907 THC2546649
ENST00000299505 THC2495260
THC2479781
ENST00000375189 THC2671190
ENST00000341911 NP1074629
ENST00000371350 THC2463979
THC2555583
ENST00000372097 THC2470226

ENST00000552462 THC2491764
ENST00000449154 THC2742779
ENST00000370131 THC2489052
ENST00000225655 THC2546507
ENST00000467007 NP1154557
ENST00000219542 THC2462934
THC2502161
ENST00000291700 THC2605292
ENST00000246070 THC2472758
ENST00000397053 THC2467745
ENST00000435805 THC2540442
ENST00000369502 NP862575
ENST00000462174 THC2465878
ENST00000382674 THC2535975

THC2520556
THC2722842
ENST00000219315 THC2472890
ENST00000329468
ENST00000536234 THC2569177
THC2489859

ENST00000378970 THC2662223
ENST00000546433 THC2471933
ENST00000262291 THC2705969
ENST00000399953 THC2589758
ENST00000485694 THC2466242
ENST00000300151 THC2466104
THC2463096
ENST00000257264 THC2471735
ENST00000376117 THC2471278
ENST00000263038 THC2615515
ENST00000399600 THC2478666
ENST00000318462 THC2462232
ENST00000462188 THC2572024
ENST00000530878 NP1134786

ENST00000198767 THC2466033
THC2475169

ENST00000546788 THC2763696
ENST00000392740 THC2771893
ENST00000478966 THC2641761
ENST00000262958 THC2779151
ENST00000352591 THC2495234
ENST00000374716 THC2690455
ENST00000360351 THC2495394
ENST00000531345 THC2469705
ENST00000554682 THC2552385
ENST00000366511 THC2630587

ENST00000367274 THC2613200
ENST00000512123 THC2600925
ENST00000295878 THC2471704
ENST00000418309 THC2661101
ENST00000297990 NP287178
ENST00000485331 THC2476254

ENST00000436046
ENST00000537354 THC2535600
ENST00000425159 THC2570980
THC2493644
ENST00000383088 THC2481257
ENST00000381730 THC2651122
ENST00000549634 THC2467596

ENST00000272454 THC2529923
ENST00000397464 THC2474748
ENST00000497850 THC2635545
ENST00000369887 THC2469626
THC2606611
ENST00000532405 NP1159531
ENST00000403045 NP226721
ENST00000456590 THC2529702
ENST00000436583 THC2496991
ENST00000379205 THC2492365
ENST00000411491 THC2477574
ENST00000336314 THC2558568
ENST00000542906 THC2729021
ENST00000382452 THC2530152

ENST00000478424 THC2559545
ENST00000232766 THC2463945
ENST00000336139 THC2463990
ENST00000421832 THC2605436
ENST00000449606 THC2491423
ENST00000369368 THC2523647
ENST00000468006 THC2519726
ENST00000494771 THC2463114
ENST00000265361 THC2468635
ENST00000333676 THC2466035
ENST00000382172 THC2461260
ENST00000367520 THC2606793
ENST00000505208 NP1215169
ENST00000424989 THC2500944
ENST00000358857 NP920444
ENST00000442581 THC2476111
ENST00000243903 THC2470844
ENST00000299613 THC2616575
ENST00000374027 THC2478591
ENST00000301807 THC2630931
ENST00000321446 THC2467968
ENST00000546793 NP852821
ENST00000396754 THC2593660
ENST00000369178 THC2717837
ENST00000302787 THC2538032
THC2719322
ENST00000518967 THC2736645
ENST00000540599

ENST00000351352 THC2467214
ENST00000381800 THC2544977
ENST00000429210 THC2518279
ENST00000446041 THC2493330
ENST00000543202 THC2475633
ENST00000342983 THC2493165
ENST00000509076 THC2485078
ENST00000549804 THC2529108
ENST00000382148 THC2487789
ENST00000511325 NP073436
ENST00000461596 THC2487038
ENST00000556351 THC2754089
ENST00000313093 THC2466108
ENST00000460124 THC2514893
ENST00000502922 THC2480457
ENST00000554129 THC2491927
ENST00000296820 NP868829

ENST00000329143 THC2642949
ENST00000394308 THC2502767
ENST00000221784 THC2463349
ENST00000534119 NP1157792
ENST00000329406 THC2478315
ENST00000389022 THC2474439
THC2480914
THC2695667
ENST00000453413 THC2602757
ENST00000534201 THC2477950
ENST00000422445 THC2472890
ENST00000477653 THC2480679
THC2479550
ENST00000269856 THC2468646
ENST00000443467 THC2683939
ENST00000531810 THC2580949
ENST00000450704 THC2510101
ENST00000375415 THC2617264
ENST00000358603 THC2463399
ENST00000359611 THC2478312
ENST00000377745 THC2483995
ENST00000440612
ENST00000407156 THC2485024
ENST00000419617 THC2463662
ENST00000310954 THC2613253
ENST00000450985 THC2473133

ENST00000346162 THC2467832
ENST00000263253 THC2690522
ENST00000436990 THC2492880

ENST00000216962 NP097312
ENST00000543058 THC2602903
ENST00000265741 THC2626613
ENST00000447999 THC2707288

ENST00000307584 THC2477027
ENST00000396864 THC2510947
ENST00000535273 THC2464040
ENST00000369096 THC2470627
ENST00000311461 THC2748254
ENST00000513207 THC2612143
ENST00000343115 THC2469016
THC2602541
ENST00000515226 THC2469341
ENST00000470795 THC2785340

ENST00000325658 THC2479085

ENST00000453173 THC2622458
ENST00000372009 THC2482379
ENST00000262096 THC2462595

ENST00000264221 THC2563219
ENST00000400960 THC2471716
ENST00000295824 THC2477774
ENST00000536019 THC2467738

ENST00000506914 THC2513386
THC2630254
ENST00000349655 THC2586863
NP852283

ENST00000535602 THC2468047
ENST00000437814 THC2629382
ENST00000493657 THC2472349
ENST00000253024 NP841023
ENST00000480686 THC2501932
ENST00000221486 THC2465977
ENST00000369242 THC2636577
ENST00000366308 THC2607448
ENST00000380498 THC2470244

ENST00000361933 NP167767
ENST00000369178 THC2607809
ENST00000256680 THC2533386
ENST00000541426 NP091799

THC2496792
ENST00000529537 THC2542575
ENST00000429354 THC2472472

ENST00000399536 NP526949
ENST00000539253 THC2644485
ENST00000456890 THC2480033
THC2676251
ENST00000339611 THC2625365
ENST00000299314 THC2705715
ENST00000396369 NP518525
ENST00000372079 THC2592224
ENST00000367001 THC2609501
ENST00000409105 THC2514410
ENST00000504951 NP098195
ENST00000488271 NP1213116
ENST00000481583 NP1168047
ENST00000343952 THC2670748
ENST00000432673 THC2512613
ENST00000423692 THC2467955
ENST00000434255
ENST00000325418 THC2473551
ENST00000254579 THC2629994
ENST00000506076 NP1178302
ENST00000392221 THC2570764
ENST00000449612 THC2474946
ENST00000507671 NP862223

ENST00000372181 THC2497458
ENST00000343113 NP1075003
ENST00000538804 THC2769831
ENST00000405570 THC2750923
THC2758501

ENST00000517437
ENST00000392933 THC2479881
THC2558946
ENST00000302995 THC2471425
ENST00000413809 THC2629338

ENST00000456466 THC2505826

ENST00000442526 THC2667127

ENST00000530353 THC2538286

ENST00000542521 NP922729

ENST00000257787 THC2562428

ENST00000495213 THC2472686

ENST00000288235 THC2468472

ENST00000515196 THC2478450

ENST00000445161 THC2686874

ENST00000381796 THC2483730

ENST00000419065 THC2524475

ENST00000318387 THC2476506

ENST00000545510 THC2517227

ENST00000429227 THC2694828

ENST00000343291 THC2486410

ENST00000507209 THC2498528

ENST00000282388 THC2485818

ENST00000409318 THC2463776

ENST00000245932 NP1201349

ENST00000369301 THC2472712

ENST00000394488 THC2487909

ENST00000332262 NP1145348

ENST00000338821 THC2510679

ENST00000461580 THC2506161

ENST00000299824 THC2602655

ENST00000546020 THC2462821

ENST00000424542 THC2462805

ENST00000270538 THC2575804

THC2479560

ENST00000426372 THC2564097

ENST00000375360 THC2470785

ENST00000399219 THC2500331

ENST00000451637 THC2770339

ENST00000320270 THC2461051

ENST00000331434 THC2614644

ENST00000519721 THC2475183

ENST00000426529 THC2492029

ENST00000458175 THC2557360

ENST00000375826 THC2482794

THC2531243
ENST00000493082
ENST00000264151 THC2606834
ENST00000557398 THC2462674

ENST00000444172 THC2558024
ENST00000319921 THC2470667

ENST00000228495 THC2611341

THC2532282
ENST00000409718 THC2717929
ENST00000405954 THC2532583
ENST00000256257 THC2476886
ENST00000368877 THC2581096
ENST00000378279 THC2533349
ENST00000434562

THC2478834
ENST00000439362 THC2607024
ENST00000333775 THC2478485

ENST00000484834 NP285492
ENST00000348616 THC2654641

THC2606724
ENST00000402703 THC2472287
ENST00000540142 THC2756566
ENST00000532170 THC2644510
THC2619403
ENST00000436714 THC2703474
NP1154467

ENST00000380943 THC2670825
ENST00000317905 THC2462766
ENST00000325167 THC2467426
ENST00000527483 THC2649659
ENST00000377041 THC2484355
ENST00000349693 THC2471910
THC2474574

ENST00000536705 THC2500353
THC2489277
ENST00000464147 THC2462121
ENST00000395136 THC2578160
ENST00000448477 NP838744

ENST00000342100	THC2492828
ENST00000480357	THC2464599
ENST00000359193	THC2477745
ENST00000479127	THC2473775
	THC2509646
	THC2629155
ENST00000425578	THC2660371
ENST00000540294	THC2487416
ENST00000294161	
ENST00000369407	THC2565900
ENST00000413692	THC2467819
ENST00000366353	THC2465131
ENST00000358726	THC2502014
ENST00000375180	THC2606498
ENST00000395348	THC2470616
ENST00000475157	THC2559986
	THC2624026
ENST00000409648	THC2763646
ENST00000265838	THC2667382
ENST00000427893	THC2503736
ENST00000368603	THC2602090
	THC2631759
ENST00000395807	THC2657344
	THC2569152
ENST00000414795	THC2690286
ENST00000422602	THC2468574
	THC2614332
ENST00000489847	THC2617360
ENST00000219345	THC2619797
ENST00000551503	THC2681113
ENST00000515265	NP1180811
ENST00000389039	THC2473617
ENST00000288422	THC2474603
ENST00000359904	THC2480410
ENST00000379847	THC2664951
ENST00000484492	THC2713339
ENST00000377614	THC2589616
ENST00000451775	
ENST00000373644	THC2615470

ENST00000398516	THC2477659
ENST00000535477	NP1201596
	THC2564085
ENST00000391949	THC2464251
ENST00000537635	THC2597600
ENST00000378887	THC2602608
ENST00000437865	THC2503830
ENST00000360087	THC2619607
ENST00000504082	
	THC2495818
ENST00000543875	THC2675578
ENST00000538328	THC2603885
ENST00000486769	THC2526704
ENST00000303151	THC2462345
	THC2483860
ENST00000397036	
	THC2747663
ENST00000462958	NP076345
	THC2609780
ENST00000334463	THC2472379
ENST00000318948	THC2464140
ENST00000282169	THC2780628
ENST00000544223	THC2464012
ENST00000475323	THC2464436
ENST00000225512	THC2474322
ENST00000253339	THC2472514
ENST00000545667	THC2464179
	THC2473394
ENST00000322347	THC2468165
ENST00000464646	THC2494737
	THC2611421
ENST00000434159	THC2497904
ENST00000468381	THC2508097
ENST00000360412	THC2634026
	THC2473003
ENST00000453096	THC2515853
ENST00000409514	THC2504963
ENST00000375851	THC2613597
ENST00000495756	THC2468622
ENST00000405482	THC2750737
ENST00000399959	THC2536851

ENST00000510261
ENST00000412036 THC2647068
ENST00000406902 THC2663309
ENST00000524782 THC2470222
ENST00000223293 THC2472957
ENST00000270257 THC2470465

ENST00000303155 THC2461899

ENST00000395740 NP852873

ENST00000541895 THC2773327

ENST00000417327 THC2492791
ENST00000479929 THC2471571
ENST00000444736 THC2463784
ENST00000416289 THC2503555
ENST00000485586 THC2493334
ENST00000451884 THC2683939
ENST00000301293 NP320318
ENST00000412800
ENST00000437318 THC2560958
ENST00000337975 NP509797
ENST00000399334 THC2492331
THC2704039
ENST00000397033 THC2472644
ENST00000304231 THC2486262
ENST00000468435 THC2616917
ENST00000430571 THC2469311
ENST00000217121 THC2787326
ENST00000219091 THC2470721
ENST00000366955 THC2773285
ENST00000537860 THC2492055
ENST00000400570 NP446570
ENST00000543132 THC2469383
ENST00000452457 NP1159658

ENST00000221498 THC2638944
THC2659052
ENST00000440761 THC2490400
ENST00000359141 THC2498551
ENST00000510525 THC2633150
THC2608086

ENST00000338981	THC2488886
ENST00000333486	THC2710395
ENST00000256463	THC2535589
	THC2611971
	THC2532209
ENST00000308197	THC2462162
ENST00000445603	THC2616587
ENST00000369160	THC2785974
ENST00000272771	THC2464259
ENST00000437223	THC2608518
ENST00000486502	THC2626448
ENST00000318803	THC2464933
ENST00000437707	THC2624086
ENST00000494133	THC2471164
ENST00000263102	THC2524420
ENST00000327331	THC2468604
ENST00000426739	THC2473136
ENST00000528982	
ENST00000405717	THC2482759
ENST00000313511	THC2504254
ENST00000308748	
ENST00000482382	
ENST00000398532	THC2629023
ENST00000326441	THC2462814
	THC2581399
ENST00000518721	THC2462362
ENST00000337231	THC2784175
	THC2663732
ENST00000512744	THC2685013
ENST00000520298	THC2644431
ENST00000329016	THC2601290
	THC2475365
ENST00000295269	NP1154886
ENST00000335016	THC2472589
ENST00000319004	THC2486214
ENST00000443805	THC2610801
ENST00000542939	THC2518786
ENST00000316509	THC2513691
ENST00000449573	THC2532253
ENST00000476168	THC2595151
ENST00000424325	THC2465553
ENST00000372996	THC2465924
ENST00000380733	THC2466817

ENST00000531159 NP1154163
ENST00000400880 THC2627076
ENST00000409788 THC2585397
ENST00000383408 THC2685405
ENST00000539719 THC2463082
THC2572360
ENST00000434399 THC2536252
ENST00000399313 THC2471239
ENST00000509141 THC2476984
ENST00000426677 THC2587573
THC2653222
ENST00000453136
ENST00000405022
THC2480253
ENST00000391851 NP1243329
ENST00000371959 THC2601332
ENST00000413518 THC2495198
ENST00000255380 THC2475996
ENST00000402618 THC2490251
ENST00000544473 THC2473768
ENST00000426509
ENST00000552918 THC2462683

ENST00000327772 THC2687561
ENST00000475333 THC2463729
THC2580932
ENST00000531788 NP1466453
ENST00000436433
ENST00000375377 THC2527345
ENST00000392968 THC2483658

ENST00000342449 THC2496463
ENST00000497054 THC2597121
ENST00000299335 THC2465816

ENST00000344416 THC2469527
ENST00000395376 THC2473677
ENST00000335083 NP1185779
ENST00000514073 NP650911
ENST00000379523 THC2504916
ENST00000538022 THC2463527
ENST00000550029 THC2518757
ENST00000331588 THC2474457
NP1164007

ENST00000453413 THC2602757
ENST00000348428 THC2482859
ENST00000240488 THC2474450
ENST00000340366 NP1455922
ENST00000548121 THC2531104
ENST00000388955 THC2530915
ENST00000344290 THC2467546
ENST00000536018 THC2463341
ENST00000249075 THC2478068
ENST00000456687
ENST00000506538 THC2602305
ENST00000388778 THC2461428
THC2520718
ENST00000432011 THC2536838
ENST00000461792 THC2463370
ENST00000557394 THC2625079
ENST00000467817 NP160880
ENST00000440572 THC2651917
ENST00000436373 THC2628566
THC2477603
ENST00000397732 THC2477395
ENST00000261609 THC2486706
ENST00000441987 THC2752627

ENST00000378350 NP1460354

ENST00000285013 THC2639871
THC2591246
ENST00000529017
THC2690892

ENST00000530244 THC2501749
THC2657912
THC2495079
ENST00000425339 THC2609685

ENST00000341853 THC2485999
ENST00000477683 THC2485449
ENST00000543900 THC2469069

ENST00000361350 THC2484121
ENST00000405457 THC2608704
ENST00000468362 THC2513756
ENST00000439494

ENST00000373759	THC2650332
ENST00000417964	THC2508557
	THC2466793
ENST00000538132	THC2535974
ENST00000257570	THC2471311
ENST00000360485	THC2679405
ENST00000533864	NP1157792
ENST00000250378	THC2480549
ENST00000399107	THC2604893
ENST00000366432	THC2464477
ENST00000542523	THC2593597
ENST00000383797	THC2462365
	THC2535058
ENST00000466306	NP397546
	THC2605028
ENST00000380026	NP094513
ENST00000452740	THC2630321
ENST00000498612	THC2579949
ENST00000501744	THC2467257
ENST00000472269	THC2745257
ENST00000413219	THC2496824
ENST00000423390	THC2621491
ENST00000425918	THC2560105
ENST00000424236	THC2469682
ENST00000496142	THC2527428
ENST00000486401	THC2544841
ENST00000477917	THC2680116
ENST00000379389	THC2467092
ENST00000295324	THC2468755
ENST00000485548	THC2497197
ENST00000344423	THC2736280
ENST00000545875	
ENST00000430265	NP099465
ENST00000480283	THC2787160
ENST00000221209	THC2520695
ENST00000456020	THC2464486
ENST00000206514	THC2649299
ENST00000389936	THC2499843
ENST00000492130	THC2499748

ENST00000515003 THC2704450
ENST00000415628 THC2606649
ENST00000315480 THC2604259
ENST00000312942 THC2488376
ENST00000331299 THC2478863
THC2540784
ENST00000376073 THC2477832
ENST00000443518 THC2468410
ENST00000338732 THC2475131
THC2496994
ENST00000432929 THC2527388
ENST00000494081 THC2496387

ENST00000488113 THC2497251
ENST00000468844 THC2517374
ENST00000470346 THC2737992
ENST00000268099 THC2468275
ENST00000465634 THC2659408
ENST00000487099 THC2490588
THC2500158
ENST00000502338 THC2467118
ENST00000265428 THC2466905
ENST00000515166 NP1080488
ENST00000317516 NP1470921
ENST00000248098 THC2469324
THC2646226
ENST00000490451
ENST00000434459 THC2573195
ENST00000519970 THC2629764
THC2538262

ENST00000408966 THC2475301
ENST00000380172 THC2629782
ENST00000477945 THC2652920
ENST00000397613 THC2516887
ENST00000369797 THC2560754
ENST00000368494 THC2532686
ENST00000556645 THC2501127
ENST00000499715
THC2755567
ENST00000396960 THC2463697
ENST00000468381 THC2508097
ENST00000397998 THC2506101
THC2683935

ENST00000419580	THC2604731
ENST00000446912	THC2510316
ENST00000263966	THC2471558
ENST00000552590	NP1207446
ENST00000221233	THC2621104
ENST00000382841	THC2621621
ENST00000397648	THC2766849
ENST00000424487	
ENST00000292841	THC2464555
ENST00000484661	THC2733236
ENST00000331343	THC2484309
ENST00000370053	NP1181748
ENST00000398924	THC2514621
ENST00000361477	THC2766006
ENST00000407818	THC2733281
ENST00000370501	THC2475007
	THC2688565
	NP287872
	THC2523097
ENST00000356150	THC2506906
ENST00000538400	THC2475294
	THC2625913
	THC2539409
ENST00000425189	NP1166197
ENST00000537420	THC2462462
ENST00000410069	THC2486777
ENST00000381638	THC2461597
ENST00000369780	THC2463576
ENST00000392862	THC2730046
ENST00000452146	THC2788799
	THC2518336
ENST00000334181	THC2492413
ENST00000470978	THC2702042
ENST00000318443	NP1167475
ENST00000430978	THC2692992
ENST00000445914	THC2582676
ENST00000413984	THC2475010
ENST00000464781	THC2549608
ENST00000512983	THC2602134
ENST00000483282	THC2549571
ENST00000368487	THC2480069
ENST00000251412	THC2563869
ENST00000359523	THC2462150

ENST00000489197 THC2522861
ENST00000478163 NP106563
ENST00000331479 THC2461906
ENST00000254508 THC2704119
ENST00000500576
ENST00000269886 THC2540235

NP1198110
ENST00000361439 THC2631292
ENST00000276410 THC2480250
THC2604473

ENST00000468589 THC2492231
THC2632243

ENST00000509153 NP349541
ENST00000326294 THC2759130
THC2491034

ENST00000286688 THC2516108
ENST00000416159 THC2616512
ENST00000370985 THC2655176
ENST00000293831 THC2529399
ENST00000307089 THC2539558
ENST00000549950 THC2546736
ENST00000491650 THC2644436
THC2508320
ENST00000420886 THC2474067
ENST00000397086 THC2550427
ENST00000490335 THC2502301
ENST00000454872 THC2491744
THC2482243
ENST00000416673 THC2520247
ENST00000457025 THC2547634
ENST00000473333 THC2570832
ENST00000373204 THC2601552
ENST00000390450 NP089243
THC2622561
ENST00000420576 THC2775096
ENST00000356956 THC2749625
ENST00000378024 THC2566304
ENST00000374865 THC2465754
ENST00000463027 NP1474677

THC2466328
THC2691321
ENST00000435680 THC2598657
ENST00000370149 THC2757023
ENST00000514475 THC2697481
ENST00000348849 THC2549130
ENST00000471759 THC2499455
ENST00000497824 THC2517014
ENST00000392389 NP1195731
THC2483470
ENST00000373020 THC2468828
ENST00000449576 THC2629800
ENST00000302071 THC2467659
ENST00000495994 THC2462967
ENST00000453788 THC2575402
THC2587031
ENST00000430316 THC2682662
ENST00000291440 THC2472205
ENST00000485364 THC2496256
ENST00000299138 THC2465404
ENST00000337743 THC2602912
ENST00000434399 THC2536252
THC2515107
ENST00000540207 THC2484872
ENST00000409784 THC2463441
ENST00000269733 THC2466795

ENST00000451228 THC2565414
THC2491895
ENST00000338313 THC2488679
ENST00000421185
THC2581288
ENST00000378505 THC2482642
ENST00000409529 THC2473405
ENST00000523572
NP1279128
ENST00000514918 THC2567440
ENST00000407780 THC2614148
ENST00000507748 THC2583120
ENST00000538293 THC2513331
NP1165336
ENST00000552336 THC2470795
ENST00000357877 THC2462720
ENST00000504562 THC2589105

ENST00000356505 THC2463812
ENST00000319410 THC2537333
ENST00000489073 THC2469561
ENST00000402622 THC2473996

ENST00000525317 THC2537618
ENST00000402908 THC2554490
ENST00000539100 THC2674202
ENST00000416100
ENST00000479629 THC2533914
ENST00000377957
ENST00000414976
ENST00000382965 NP1470923
ENST00000396967 THC2581618

ENST00000412448
ENST00000529783 THC2626362
ENST00000549258 THC2461149
ENST00000530628 THC2696182
ENST00000328697 THC2463072

ENST00000482234 THC2532157
ENST00000339656 THC2486350
ENST00000273861 THC2478291

ENST00000433066 THC2605157
ENST00000512177 THC2757834
ENST00000555214 THC2504909
ENST00000359741 THC2601802
ENST00000396366 THC2486159
ENST00000473896 THC2511731
ENST00000397748 NP233035
ENST00000156471 THC2535963
ENST00000404963 THC2467854
ENST00000441295
ENST00000329021 THC2776736
ENST00000262971 THC2463582
THC2511393
ENST00000248150 THC2477438
ENST00000454295 THC2474514
ENST00000359994 NP1134207
ENST00000531851 THC2619683

ENST00000380756 THC2461069
ENST00000495699 THC2580966
ENST00000535412 NP517918
ENST00000468381 THC2508097
ENST00000481762
ENST00000282611 THC2477623
ENST00000380924 THC2525905
ENST00000492594 THC2558919
ENST00000526117 THC2602569
ENST00000411902 THC2551631
THC2601170

THC2492462
ENST00000447412 THC2508557
ENST00000470385 THC2467543
ENST00000430070 THC2461224
ENST00000400366 THC2625968
ENST00000478693 THC2568560
ENST00000393929 THC2516963
ENST00000335793 THC2469988
ENST00000320230 THC2465874
THC2523858
ENST00000557266 THC2493980
ENST00000415329 THC2480006
ENST00000315849 THC2477938
ENST00000240095 THC2474762

ENST00000382734 THC2585033
ENST00000334782 THC2503783
ENST00000311623 NP1168818

ENST00000367871 THC2709075
ENST00000395525 THC2484968

ENST00000313080 NP434208
ENST00000368762 NP1464433
ENST00000476274 THC2510014
ENST00000370177 THC2522513
ENST00000394833 THC2465848
ENST00000427522 THC2463577
ENST00000309575 THC2463433
ENST00000373647 THC2463368
ENST00000421202 THC2547634
ENST00000333007 THC2465127

ENST00000538876 THC2463754

ENST00000477973 THC2468996
THC2576836
THC2565830

ENST00000328842 NP362941
ENST00000489152 THC2601778
ENST00000468057 THC2632984
ENST00000529403 THC2590348
ENST00000225719 THC2751850
ENST00000400177 THC2555071
ENST00000271651 THC2469716
THC2606699
THC2476036
THC2669198
THC2487359

ENST00000368596 THC2483547
ENST00000368679 THC2602144
ENST00000320876 THC2657862
ENST00000264167 THC2748617
ENST00000457912 THC2659058
ENST00000369622 NP074855
ENST00000518189 THC2462819
THC2524192

ENST00000358358 THC2540101
ENST00000215919 THC2489469
ENST00000446394 THC2638971
ENST00000318787 THC2661784
ENST00000447786 THC2563517
ENST00000479566 THC2702403
ENST00000397865 THC2473699
ENST00000373842 THC2471610
ENST00000301459 THC2473280
ENST00000435757 THC2562648
ENST00000332647 THC2475193
ENST00000446159 THC2528386

THC2512536
ENST00000422280 THC2698893
ENST00000431755 THC2466702

ENST00000334815 THC2464533
ENST00000421798 THC2472013
ENST00000510942 THC2465936

	THC2774746
ENST00000488765	THC2464504
ENST00000522079	THC2503150
ENST00000416851	THC2539265
ENST00000370453	THC2474475
ENST00000505194	THC2507744
ENST00000357585	THC2470588
ENST00000486278	NP089985
ENST00000307504	THC2482356
	THC2634418
ENST00000518741	THC2479410
	THC2607877
ENST00000262207	THC2608877
ENST00000370207	THC2467710
ENST00000380631	NP185908
ENST00000378719	THC2494568
ENST00000440121	THC2463415
ENST00000382183	NP095106
ENST00000395809	THC2638221
	THC2522095
ENST00000421959	THC2560774
ENST00000393537	THC2472623
ENST00000331531	THC2489125
ENST00000411802	
	THC2727485
ENST00000536349	THC2497019
ENST00000489306	THC2542581
ENST00000432771	THC2481696
	THC2560850
ENST00000375549	THC2529881
ENST00000514768	THC2487449
	THC2618600
ENST00000486541	THC2578468
ENST00000372922	NP1140246
ENST00000542013	NP1159677
ENST00000270570	THC2464626
ENST00000357610	THC2505917
ENST00000488765	NP1459553
	THC2731135

ENST00000506413 THC2475480
ENST00000476325 THC2478433
ENST00000457913 THC2470688
ENST00000471416 THC2474734

ENST00000331491 THC2505374
ENST00000395060 THC2484283
ENST00000321800 NP1465661

ENST00000329971 THC2467265
ENST00000374049 THC2661438
THC2673375

NP852826

ENST00000280350 THC2591217
ENST00000497863 NP1190817
ENST00000267814 THC2493496
THC2481774

ENST00000399604 THC2516474
ENST00000409914 THC2504378
ENST00000375274 THC2616921
NP111954

ENST00000481339 NP439725
ENST00000477647 THC2500611
ENST00000557522 THC2466989
ENST00000453185 THC2523618
ENST00000274026 THC2463543

ENST00000515323 NP181810
ENST00000374511
ENST00000493710 THC2485005
ENST00000327470 THC2461430
ENST00000511767 THC2513204
THC2722032

ENST00000330793 NP094476
ENST00000382241 THC2464141
ENST00000359297 THC2493203
ENST00000519845 THC2470597
ENST00000267750 THC2524496
ENST00000312579 THC2466464
THC2613839

ENST00000006101 THC2473709
ENST00000456380 THC2507525
ENST00000326765 THC2474360

ENST00000400559 THC2485551
ENST00000334005 THC2461276
ENST00000349451 THC2492288
THC2631913

ENST00000542109 THC2481211

ENST00000369246
ENST00000389202 THC2601106
ENST00000261881 THC2471305
ENST00000498733 THC2572016
ENST00000425031 THC2649420

ENST00000322347 THC2576099
THC2586849
ENST00000526450 THC2583763
ENST00000525345 THC2727601
ENST00000339852 NP1155945
ENST00000419394 THC2515016
ENST00000316198 NP285667
ENST00000432875 THC2587008
ENST00000377313 THC2467176
ENST00000337995 THC2471954

ENST00000282018 THC2475743
ENST00000522024 THC2585766

ENST00000315332 THC2470588
ENST00000513604 THC2484624

ENST00000467111 THC2621267
ENST00000465160 THC2480603
ENST00000304478 THC2463249
ENST00000542073 THC2548215
ENST00000427575 THC2465156
ENST00000359268 THC2467745
ENST00000219066 THC2610462
ENST00000477232 THC2468540
ENST00000315377 THC2508881
ENST00000399347 THC2462770
ENST00000314683 THC2464792
ENST00000330553 NP1157671
ENST00000020673 THC2491352

ENST00000283206	THC2604032
ENST00000378618	
	THC2623275
ENST00000371015	THC2499046
ENST00000448257	THC2474059
ENST00000422704	THC2462308
ENST00000422319	THC2465320
ENST00000374212	THC2532766
	THC2608383
	THC2611776
ENST00000452533	THC2464639
ENST00000312060	NP597420
ENST00000219204	THC2469942
ENST00000216452	THC2549360
ENST00000413176	THC2544434
ENST00000369145	THC2712349
ENST00000348462	THC2590230
ENST00000490412	THC2504634
ENST00000416151	THC2495533
	THC2675484
	THC2540984
ENST00000232603	THC2476498
ENST00000368789	THC2653421
ENST00000283025	NP704605
ENST00000366540	THC2546886
ENST00000430942	NP286140
ENST00000284262	THC2610242
ENST00000492561	THC2642580
ENST00000394234	NP349541
ENST00000250974	THC2551680
ENST00000281923	THC2480112
ENST00000456687	THC2504245
ENST00000401851	THC2485182
	THC2492629
ENST00000395610	THC2603692
ENST00000311764	THC2602874
ENST00000456036	THC2738002
ENST00000513799	THC2567471

ENST00000262094	THC2478029
	THC2491470
ENST00000316948	THC2461222
ENST00000370002	NP083974
ENST00000308388	THC2475544
ENST00000467747	THC2490793
ENST00000444789	NP839562
ENST00000264231	THC2471156
	THC2624247
ENST00000354689	THC2579601
	NP511085
ENST00000435419	THC2679052
ENST00000262085	NP085674
ENST00000468063	NP1143239
ENST00000427722	THC2485354
ENST00000462255	THC2471863
	THC2634785
ENST00000396199	THC2474383
ENST00000276297	THC2468139
ENST00000372261	THC2681978
ENST00000503208	
ENST00000376679	THC2571554
ENST00000360127	NP854482
ENST00000312675	THC2648677
ENST00000509807	THC2465039
ENST00000370763	THC2742662
ENST00000377346	THC2619354
	THC2480382
	THC2478165
ENST00000439156	NP1166930
ENST00000370602	THC2471578
ENST00000547173	THC2533414
ENST00000541549	THC2590961
ENST00000442857	THC2480570
ENST00000425901	THC2479720
ENST00000555985	THC2601811
ENST00000556033	THC2650733
ENST00000416453	THC2547300
ENST00000535191	THC2483765

ENST00000325486	THC2767647
ENST00000475361	THC2505226
ENST00000505406	THC2502796
	THC2620530
ENST00000357637	THC2463164
ENST00000422938	
ENST00000403810	THC2484529
ENST00000399107	THC2626992
ENST00000329630	THC2464819
ENST00000377548	THC2607212
ENST00000538452	THC2521654
ENST00000434425	THC2631246
ENST00000533597	THC2464703
ENST00000366981	THC2540030
ENST00000322348	THC2485395
ENST00000373604	
ENST00000360535	THC2470122
ENST00000301698	NP366233
ENST00000412816	NP1166825
ENST00000547640	THC2735015
ENST00000332585	THC2731705
ENST00000327299	THC2540508
ENST00000477765	NP1276594
ENST00000391940	NP1457049
ENST00000330807	THC2470945
	THC2481544
ENST00000496493	THC2614126
ENST00000310317	THC2467856
	THC2635233
ENST00000444731	THC2713399
	THC2546906
ENST00000085068	THC2477834
	THC2527567
ENST00000243052	THC2470419
ENST00000374933	THC2511801
ENST00000370626	THC2602356
ENST00000274606	THC2469120
ENST00000333027	THC2664895
ENST00000339437	THC2476700
ENST00000375991	THC2498208
ENST00000375741	THC2492243

ENST00000341446 THC2623648
ENST00000325303 NP840443
ENST00000454520 THC2465862
ENST00000415215 THC2525508
ENST00000392044 NP081779
ENST00000411762 THC2622903
ENST00000469128 THC2474415
ENST00000547815 THC2631399

ENST00000335142 THC2603578
ENST00000374122 THC2468155
THC2542147
THC2678782
ENST00000430969 THC2505898
ENST00000389720 THC2496058
ENST00000546045 THC2620135

ENST00000392193 THC2512466

ENST00000415216 THC2463678
ENST00000435703 THC2553369
ENST00000370800 NP1162846
ENST00000424257 THC2675498
ENST00000357384 NP1176026
ENST00000420040 THC2545092
THC2522239
ENST00000553134 THC2535118
ENST00000548369 THC2488293
ENST00000403056 NP1460172
ENST00000467844 THC2481293
ENST00000425101 THC2461954
ENST00000381298 THC2657846
ENST00000344363 NP367289
ENST00000380023 NP1151875
ENST00000321702 THC2480452
ENST00000361265 THC2462811
ENST00000344595 THC2463312
ENST00000416058 NP1178263
ENST00000369155 THC2572038
THC2506072
ENST00000267814 THC2507803
ENST00000254657 THC2495790
ENST00000374637 THC2677730
ENST00000444023 THC2517035

ENST00000442210	NP434144
ENST00000314520	THC2476835
ENST00000334636	THC2493601
	THC2569255
ENST00000288466	THC2611980
ENST00000281043	THC2467612
ENST00000374298	THC2601722
ENST00000405515	THC2471375
ENST00000252490	THC2510374
ENST00000437704	THC2472894
ENST00000542979	THC2624820
ENST00000537988	THC2493104
ENST00000375190	NP446026
	THC2572285
ENST00000542384	THC2475703
ENST00000462743	THC2603389
ENST00000534925	THC2679312
ENST00000354300	THC2654204
ENST00000480956	THC2494526
ENST00000449326	THC2468874
ENST00000461287	THC2686197
ENST00000430202	NP1210016
ENST00000221418	THC2720607
ENST00000393303	THC2463129
	THC2723043
ENST00000300093	THC2501829
ENST00000368235	THC2467737
ENST00000443660	THC2529549
ENST00000374927	THC2480072
ENST00000303521	THC2606045
ENST00000451373	THC2464529
ENST00000251272	THC2637458
ENST00000225983	THC2465832
	THC2711291
ENST00000508025	THC2478883
ENST00000397135	THC2514447
ENST00000426663	THC2483308
	THC2519238
ENST00000369748	THC2639557
ENST00000375222	THC2476484

ENST00000378641 THC2643795
ENST00000379593 THC2516244
ENST00000467742 THC2744810
ENST00000420040 THC2545092
THC2483125
ENST00000395290
ENST00000376325 THC2658872
ENST00000361970 THC2491589
ENST00000340807 THC2474227
ENST00000229416 THC2466624

ENST00000327830 THC2462678

ENST00000464682 THC2465810
ENST00000391586 THC2485385
ENST00000424756 THC2633320
ENST00000493364 THC2503647
ENST00000461992 THC2533692

ENST00000331285 NP1210441
ENST00000378941
THC2491729
THC2464079
ENST00000369911 THC2570327
ENST00000331148 THC2618630
ENST00000446861 THC2483187
ENST00000338938 THC2553318
ENST00000296579 THC2480660
ENST00000511015 THC2551056
ENST00000546954 THC2619347
ENST00000251973 THC2463628
THC2529684

ENST00000464224 THC2609136
ENST00000321935 THC2482366
THC2710963
ENST00000325914 NP287178
ENST00000233813 THC2561338
NP499637
ENST00000375556 THC2476784
ENST00000542118 THC2573368
ENST00000370562 THC2478337

ENST00000460141 NP1164467

ENST00000467540 THC2617017
ENST00000414542 THC2470075
THC2525908
ENST00000423557 THC2480264
ENST00000374594 NP1195581
ENST00000341514 THC2491296
ENST00000320580 THC2468105
ENST00000310396 THC2464798
ENST00000311597 NP1141647
THC2573693

ENST00000376576 THC2596413

ENST00000542416 THC2568362
ENST00000366188

ENST00000412295
ENST00000526508 NP839145
THC2509749
ENST00000344823 THC2473207
ENST00000421073 THC2491819
ENST00000495004 THC2667196
ENST00000390645 THC2495721
ENST00000318066 THC2512659
ENST00000411670 THC2494030
ENST00000508945
ENST00000344176 THC2726603
THC2636441
ENST00000498049 THC2759995
ENST00000336600 THC2638206
ENST00000492763 NP1154499

ENST00000442755 THC2489238
ENST00000371554 THC2521973

ENST00000367262 THC2779510
ENST00000290349 THC2467959
ENST00000380293 THC2480295
ENST00000519412
ENST00000307333 THC2672366
ENST00000540478 THC2640768
ENST00000286122 THC2516356
ENST00000527675 THC2529045
ENST00000285393 THC2475445

ENST00000361113 THC2618823

ENST00000527396 THC2595404

ENST00000498157 THC2467122

ENST00000331131 THC2467692

ENST00000324071 THC2479074

THC2499152

ENST00000354419 THC2484281

ENST00000514174 THC2738385

ENST00000451080 THC2475754

ENST00000486492 THC2474919

ENST00000367364 THC2479594

THC2613863

ENST00000524933 THC2676444

ENST00000258243 THC2600987

ENST00000367576 THC2461978

ENST00000557016 THC2468924

ENST00000249806 THC2535451

ENST00000514258 THC2693291

ENST00000463740 THC2511870

ENST00000314174 THC2496660

ENST00000377269 THC2539557

ENST00000331393 THC2474082

ENST00000299550 THC2602835

ENST00000382147 THC2462421

ENST00000322716 THC2653096

ENST00000369202 THC2491812

ENST00000341555 THC2492392

ENST00000378305

ENST00000326621 THC2761481

THC2611589

ENST00000317633 THC2470778

ENST00000314259 THC2603294

ENST00000539299 THC2500579

ENST00000483795 THC2501038

ENST00000532090

THC2539563

ENST00000427872 THC2698492

ENST00000421840 THC2492806

ENST00000513449 THC2481241

ENST00000200181 THC2768458

ENST00000285071 THC2473570
ENST00000336915 THC2609803
ENST00000221557 NP1193880
ENST00000330261 THC2481795
ENST00000541568 THC2696007
ENST00000379084 NP1245416
ENST00000303383 THC2464686
ENST00000314471 THC2583691

ENST00000400840 THC2477862
ENST00000437992 THC2541724
ENST00000512472 THC2626465

ENST00000309395 THC2716779
ENST00000357491

ENST00000434919 THC2670121
ENST00000382045 THC2480003
ENST00000295822 THC2671265
ENST00000523221 THC2475244
THC2487640
THC2580099

ENST00000371826 THC2463173
ENST00000319555 THC2480847
ENST00000317676 THC2769744
ENST00000409764 THC2496410
ENST00000258662 THC2465138
THC2637826

ENST00000541275 THC2584504
ENST00000342580 THC2643537
ENST00000339105 THC2474427
ENST00000370178 THC2580274
ENST00000487769 THC2601330
ENST00000285814 THC2468231
ENST00000557479

ENST00000321764 THC2535755
ENST00000379231 THC2677651
ENST00000355552 NP212082
ENST00000366809 THC2491281
ENST00000367097 THC2630709
ENST00000227752 THC2494310
ENST00000375436 THC2739150
ENST00000366809 THC2493617

ENST00000255039	THC2683675
	THC2584197
	THC2607650
ENST00000528663	THC2493167
ENST00000454262	
ENST00000300413	THC2662556
	THC2552211
ENST00000394320	NP509249
ENST00000545433	THC2650869
ENST00000367529	THC2491224
ENST00000504210	THC2672256
ENST00000367875	THC2466969
ENST00000383575	NP1457138
ENST00000418557	THC2609817
ENST00000507516	THC2757510
ENST00000540347	THC2479844
ENST00000538010	THC2777702
ENST00000373279	THC2471265
ENST00000492686	THC2510569
ENST00000524794	THC2484476
ENST00000434248	THC2492634
ENST00000394600	THC2466991
ENST00000463943	THC2500577
ENST00000439945	THC2631930
ENST00000549875	THC2491077
ENST00000378945	THC2785048
ENST00000495809	NP1193906
ENST00000396894	THC2566583
ENST00000311694	THC2560894
ENST00000394988	THC2508497
ENST00000202625	THC2485651
ENST00000360214	THC2530570
ENST00000370205	THC2754549
ENST00000531101	THC2464751
	THC2569078
ENST00000413728	THC2466586
ENST00000540153	THC2555572
ENST00000444227	THC2480319

ENST00000334055 THC2488580
THC2488109
ENST00000249822 THC2576611
ENST00000304034 THC2462467
ENST00000505173 NP651057
ENST00000340363 THC2479539

ENST00000449321 THC2623229
ENST00000446200
THC2695122
ENST00000449768 THC2473802
ENST00000463391 THC2621362
NP336097
ENST00000512346 THC2767838
ENST00000554406 THC2619493
ENST00000443632 THC2636279
ENST00000377200 THC2601099
THC2508830
THC2497762
THC2500097
ENST00000554781 THC2499441
ENST00000475369 THC2713054
ENST00000400322 THC2500273
ENST00000535924 THC2743592

ENST00000504123 THC2604304
ENST00000299518 THC2469587
ENST00000540291 THC2582826
ENST00000392900 THC2787549

ENST00000525158 THC2461988

ENST00000344693 THC2568860
ENST00000369540 NP1214010
ENST00000466976 THC2492053
ENST00000543261 THC2479900
ENST00000228347 THC2462844
THC2603259
THC2549908
ENST00000334376 THC2476465
ENST00000293261 NP862671
ENST00000484061 THC2522550
ENST00000257770 THC2468393
ENST00000329897 THC2471236

ENST00000537025 THC2570850
ENST00000339976 THC2732477
ENST00000221972 THC2467444
ENST00000329305 THC2591606
ENST00000314940 THC2469700

ENST00000335007 THC2470066
ENST00000460380 THC2517673
ENST00000310160 THC2474190
ENST00000391428 THC2602191

ENST00000395168 THC2542225
ENST00000414006 THC2571927
ENST00000396930 THC2607187
ENST00000302759 THC2465908
ENST00000526480 THC2474127
ENST00000441809
ENST00000459716 THC2478083
ENST00000403903 THC2601709

ENST00000533341 THC2635860
THC2476915
ENST00000465618 THC2553216
ENST00000409431 THC2515564
ENST00000452795 THC2528047

ENST00000371146 NP1179127
ENST00000329626 THC2475586
ENST00000261875 THC2470149

ENST00000532219 THC2477569
ENST00000394975 THC2485708
ENST00000336307 THC2471447
ENST00000539956 THC2551752

ENST00000422046 THC2547060
ENST00000311015 THC2472398
ENST00000327325 NP076516
ENST00000378274 THC2490888
ENST00000536628 THC2512270
ENST00000556260 THC2779931

ENST00000492183 THC2489934
ENST00000445755 THC2566223
ENST00000546970 THC2516767
ENST00000339209 THC2470766
ENST00000306851 THC2474601
ENST00000518039 THC2467143
ENST00000379822 THC2474627
ENST00000243810 THC2781857
ENST00000465432 NP1188289
THC2495679
ENST00000512626 THC2479348
ENST00000389520 THC2509324
ENST00000399966
ENST00000381732
ENST00000555528 NP1242654
ENST00000420848 THC2504474
ENST00000397317 THC2499873
ENST00000420432 THC2509201
ENST00000538507 THC2788587

THC2564014
ENST00000421907 THC2675211
ENST00000539021 THC2785864
ENST00000313147 THC2493971

THC2551826
ENST00000542500 THC2490273
THC2509669

ENST00000467777 THC2496520
ENST00000432901 THC2612109
THC2659602
THC2496890

ENST00000396575 THC2475567
ENST00000289429 THC2471110
ENST00000454572 THC2502168
ENST00000302312 THC2464708
ENST00000250615 THC2490308
ENST00000394477 THC2628994
ENST00000311669 THC2497277
ENST00000479853 THC2611590
ENST00000246229 THC2610421
THC2491996

ENST00000416247	THC2716059
ENST00000309331	THC2658046
ENST00000422554	
ENST00000344404	THC2479801
ENST00000458649	THC2496554
	THC2556214
ENST00000424477	THC2524070
ENST00000415246	THC2754068
ENST00000361183	THC2470172
ENST00000371231	THC2533734
ENST00000336440	THC2500743
ENST00000296504	THC2464847
	THC2594559
ENST00000494895	THC2477510
	THC2482363
ENST00000495723	THC2539130
ENST00000409930	THC2498493
	THC2492789
ENST00000539293	THC2466124
ENST00000214869	THC2467711
ENST00000395676	THC2610609
ENST00000367808	THC2467276
ENST00000380325	THC2466348
ENST00000534843	THC2605718
ENST00000471659	THC2494155
ENST00000525941	THC2540139
ENST00000475504	THC2643523
ENST00000453554	
ENST00000489034	THC2481153
ENST00000514264	THC2526143
ENST00000411764	THC2463766
ENST00000455261	NP1157308
ENST00000480594	THC2601889
	THC2493767
ENST00000400345	THC2596020
ENST00000344651	THC2601348
ENST00000347559	THC2495163
ENST00000536638	THC2462019
ENST00000486032	THC2750922
ENST00000423327	THC2473723
ENST00000371122	NP518595
ENST00000430723	THC2730451

THC2700724
ENST00000359534 THC2529678
ENST00000356818 THC2463847

THC2665784
ENST00000326233 THC2694544
ENST00000392208 THC2478679
ENST00000326989 THC2485442
ENST00000373626 THC2584584
THC2561997
ENST00000334116 THC2489685
THC2672667
ENST00000534174 THC2486361
THC2531765

ENST00000383440
ENST00000316920 THC2626553
ENST00000369454 THC2606776
ENST00000467963 NP862203
THC2571250
ENST00000401445 THC2603785
ENST00000316082 THC2623577
THC2517186
ENST00000376483 THC2492202
ENST00000359678 THC2646852
ENST00000439343 THC2483613
ENST00000257694 THC2466495
ENST00000336832 THC2524881
THC2647489

ENST00000398395 NP708654
ENST00000544458 THC2463044
ENST00000412634 THC2490503
ENST00000391760 NP957263
ENST00000313005 THC2533177
ENST00000247881 THC2495132
ENST00000372861 THC2478658
ENST00000425264
THC2737662
THC2580853
ENST00000396037 THC2473832
ENST00000556186 THC2510149
ENST00000334186 THC2646334

ENST00000313433 THC2511797
ENST00000369232
ENST00000299977 THC2602201
ENST00000325307 THC2461903

ENST00000390675
THC2519635
ENST00000500093 THC2601575

ENST00000435526
THC2570509
ENST00000427993 THC2496561

ENST00000534081 NP1205799
THC2603964
ENST00000218032 THC2474479

THC2699129
ENST00000529023 THC2483595
ENST00000507420 THC2544430
ENST00000351718 THC2602558
ENST00000526871 THC2571076
ENST00000400841 THC2484352
ENST00000461675 THC2503374
ENST00000246506 THC2487458
ENST00000379161 THC2602192
ENST00000335387 THC2476240
ENST00000478795 THC2469925
ENST00000382331
ENST00000378217 THC2474328
ENST00000463560 THC2488861
ENST00000329363 THC2501231
ENST00000492936 THC2462386
ENST00000359655 THC2467524
ENST00000223210 THC2611243
ENST00000513907 NP1459444
THC2607372
ENST00000412306 THC2547889
ENST00000379573 THC2471468
ENST00000215781 THC2474967
ENST00000493050 THC2607985
ENST00000487726 NP526595
ENST00000259456 THC2464628

	THC2685850
ENST00000377508	THC2784845
ENST00000263277	THC2470343
ENST00000458154	
ENST00000476993	THC2469429
ENST00000360790	THC2668217
ENST00000475009	NP085157
ENST00000393966	THC2481909
ENST00000383763	THC2477521
ENST00000513876	THC2474181
ENST00000359332	THC2476156
ENST00000262244	THC2613890
ENST00000379719	THC2585344
ENST00000504146	THC2478996
	THC2478452
ENST00000238248	THC2505504
ENST00000529353	THC2560901
ENST00000360827	THC2482628
ENST00000392597	NP362907
ENST00000431770	
ENST00000349379	NP1154468
ENST00000427197	THC2479011
ENST00000379286	THC2496309
	THC2484192
	THC2562448
ENST00000372950	THC2496603
	THC2607431
ENST00000345108	THC2759804
ENST00000392849	THC2741680
ENST00000436342	THC2574991
ENST00000393389	THC2552721
ENST00000466440	THC2533885
	THC2561999
ENST00000253008	THC2484236
ENST00000228705	THC2724616
	THC2629044
ENST00000399120	THC2705572
	THC2612216
ENST00000307366	THC2511772
ENST00000378540	THC2505397
ENST00000394655	THC2509591

ENST00000396213	THC2483069
ENST00000273482	THC2471209
ENST00000495868	THC2528161
ENST00000262173	THC2467266
ENST00000403894	THC2525174
ENST00000295417	THC2471040
ENST00000238738	THC2496873
ENST00000455965	THC2651542
	THC2482086
ENST00000482847	THC2466123
ENST00000508738	THC2543044
ENST00000315022	THC2488691
ENST00000527181	THC2482213
ENST00000528107	THC2611921
ENST00000527366	THC2590444
ENST00000371705	THC2495230
	THC2506186
ENST00000377137	THC2483887
ENST00000266542	THC2464773
ENST00000330912	NP1214668
ENST00000484279	THC2577109
ENST00000397781	THC2529505
ENST00000327026	THC2496447
ENST00000326714	THC2473453
ENST00000483871	THC2479169
ENST00000357500	THC2464578
ENST00000442977	THC2482488
ENST00000504924	THC2473882
ENST00000380707	THC2620559
ENST00000532970	THC2683555
ENST00000402255	THC2479177
ENST00000310452	THC2481142
ENST00000366932	NP1183114
	THC2662069
ENST00000416026	THC2622265
ENST00000393795	THC2487374
ENST00000514475	THC2697481

ENST00000489906	THC2569012
ENST00000475179	THC2508352
ENST00000243182	THC2470718
ENST00000378251	THC2462691
ENST00000361997	
ENST00000398387	
ENST00000432011	THC2536838
	THC2492395
ENST00000355147	THC2488016
ENST00000410014	THC2470555
ENST00000377981	THC2605266
	THC2643866
ENST00000300870	THC2618434
ENST00000379278	THC2478111
ENST00000337273	THC2507481
ENST00000476647	THC2609353
ENST00000537858	THC2658671
	THC2586849
ENST00000436710	THC2610745
ENST00000445031	
	THC2700724
ENST00000329305	THC2560693
ENST00000334176	THC2478356
ENST00000261211	THC2467411
ENST00000362068	THC2493243
ENST00000506397	THC2541072
ENST00000481985	THC2532419
ENST00000461067	THC2508181
ENST00000414626	THC2472393
ENST00000536874	NP1155467
ENST00000329968	
	THC2517488
ENST00000421306	THC2639271
ENST00000316950	THC2472283
ENST00000260595	THC2606158
	THC2510054
ENST00000303626	THC2462969
ENST00000477589	THC2480569
ENST00000529555	THC2483236
ENST00000436463	THC2559118

ENST00000263932 THC2612792
ENST00000320633 NP403903
ENST00000260369 THC2474180
ENST00000381820 THC2508344
ENST00000321337 THC2549164
ENST00000413875 THC2541514
ENST00000223122 THC2471568

ENST00000372502 THC2471514
ENST00000409003 THC2643392
ENST00000303910 THC2476057
THC2632246
ENST00000330736 THC2512843

ENST00000396473 NP1459124
ENST00000437902 THC2602932
ENST00000389982 THC2490049
ENST00000381213 THC2625239
ENST00000392950 THC2562148
ENST00000251071 THC2462898
ENST00000280665 THC2779127
ENST00000342207
ENST00000261254 THC2601350
ENST00000368921 THC2517146
THC2492043
ENST00000382395 THC2606970
THC2530832
ENST00000407552 NP1076425
ENST00000487919 THC2768923
ENST00000262850 THC2482750
ENST00000330923 NP090087
THC2500044
ENST00000332303 THC2462978
ENST00000416502 THC2730023
ENST00000310827 THC2503488
ENST00000449617 THC2477772
ENST00000390377
ENST00000254951 NP1132838
ENST00000528958 THC2467783
ENST00000454300 NP1156811

THC2539001

ENST00000506741 NP862609

ENST00000527144 THC2584142
ENST00000536693 THC2477073
ENST00000223642 THC2464710
ENST00000327532 THC2478206
ENST00000485546 THC2631391
ENST00000239231 THC2463306
ENST00000290239 THC2577628
ENST00000389656 THC2491194
THC2491895
ENST00000352983 THC2465604
ENST00000264498
ENST00000530811 THC2471206
ENST00000399978 NP1162383
THC2529258
ENST00000261609 THC2559992
ENST00000366848 THC2547082
THC2758301
ENST00000442636

ENST00000286307 THC2474935

ENST00000445739
ENST00000343276 THC2692881
ENST00000264156 THC2469789
ENST00000375199 THC2520435
THC2497692
ENST00000258214 THC2474224
ENST00000546332 THC2464950
ENST00000216268 THC2724449
ENST00000478468 THC2627935
ENST00000294428 THC2642825
ENST00000423369 THC2529369
ENST00000524631 THC2546057
ENST00000343912 THC2492232
ENST00000265538
ENST00000216214 THC2595955
ENST00000489171 THC2601693
ENST00000382453 THC2648696

ENST00000346618 THC2631098
ENST00000359676 THC2464167
ENST00000445910 THC2462964

ENST00000446399 THC2662607
ENST00000449617 THC2477772
ENST00000448859 THC2605935
ENST00000444919
THC2569104
ENST00000489591 THC2598885
THC2619970
ENST00000391859 THC2643179
ENST00000497069 THC2609496
ENST00000448076 NP384250
THC2509361
ENST00000428995 THC2593041
ENST00000452629
ENST00000013034 THC2504170
ENST00000294973 THC2473661
ENST00000487315 NP1192802
ENST00000259216 THC2745082
ENST00000308660 THC2613510
ENST00000300935 THC2469880
ENST00000488127 THC2481690
ENST00000261673 THC2541094
ENST00000251507 THC2648760
ENST00000233826 THC2472809
ENST00000216416 NP115735
ENST00000306739 NP1206735
THC2480021
THC2492992
ENST00000426644 THC2472892
ENST00000496740 THC2461816
ENST00000485523 THC2491193
ENST00000478804 THC2650782
ENST00000289957 THC2482480
ENST00000469480 THC2467329
ENST00000434646 THC2486122
THC2483621
ENST00000369084 THC2489422
ENST00000221480 THC2767751
ENST00000447347 THC2763765
ENST00000381786
ENST00000396420 THC2476175

ENST00000303375	THC2608201
	THC2674580
ENST00000543142	THC2527793
ENST00000467295	NP1212727
	THC2546227
ENST00000391440	THC2602000
ENST00000462527	THC2752844
ENST00000420313	
	THC2523097
ENST00000394269	THC2655443
ENST00000341584	NP705151
ENST00000527983	THC2566156
ENST00000541089	THC2468150
ENST00000413459	THC2472038
	THC2484795
ENST00000266482	NP852873
ENST00000395820	THC2463915
ENST00000543945	THC2472765
	THC2675601
ENST00000297210	THC2481338
ENST00000521850	THC2771591
ENST00000415957	THC2508076
ENST00000437157	THC2652642
ENST00000382754	THC2472343
ENST00000378187	
ENST00000330714	THC2620013
ENST00000371834	THC2481989
ENST00000425124	THC2575153
ENST00000496156	THC2470342
ENST00000310085	THC2476676
ENST00000313708	THC2611343
ENST00000441769	THC2483025
	THC2582150
ENST00000409185	THC2507521
ENST00000244070	
ENST00000452770	THC2477172
ENST00000268296	NP538243
ENST00000400681	THC2509165
ENST00000374733	THC2473644

ENST00000373976
ENST00000427923 THC2482261
ENST00000514908 THC2622574
THC2707863
ENST00000470867 THC2542518
ENST00000485025 THC2471107

ENST00000439954 THC2517371
THC2492304
ENST00000366935 THC2462203
THC2606321
ENST00000372691 THC2546804
ENST00000344357 THC2534599
ENST00000401406 THC2609997
ENST00000291842 NP526749
ENST00000292174 THC2464621
ENST00000420876 THC2721785
ENST00000431614 THC2711573
THC2528599
ENST00000217131 THC2466332
ENST00000511577 THC2500761
ENST00000341469 THC2515200
ENST00000305747 THC2474761

ENST00000328963 THC2462534
ENST00000371610 THC2473895
ENST00000482998 THC2482070
ENST00000281950 THC2472386
ENST00000442533 THC2484559
ENST00000448835
ENST00000328273 THC2526669
ENST00000371642 THC2491014

ENST00000373237 THC2511192
ENST00000381165 THC2462610
ENST00000438270 THC2553383
ENST00000463589 THC2470952
ENST00000445000 THC2721624
THC2518362
ENST00000532522 THC2563337
ENST00000394179 NP1072682
ENST00000530836 NP1158042

ENST00000490617 THC2477509

ENST00000445938
ENST00000396878 THC2494018
ENST00000490980 THC2486643
ENST00000372492 THC2610395
ENST00000394199 THC2466136
ENST00000378900 THC2555622
ENST00000219837 THC2510151

ENST00000360710 NP707317
ENST00000528394 NP1459763
ENST00000281496 THC2472874

ENST00000339996 THC2645713
ENST00000432818 THC2746900
ENST00000464356 THC2462787
ENST00000436672 THC2701298
ENST00000513496 THC2472111
ENST00000215570 THC2746124
ENST00000215886 THC2474966
ENST00000529900 THC2530445

THC2476747
ENST00000252288 THC2769360
ENST00000434643 THC2641285
ENST00000374688 THC2462928
ENST00000538688 THC2463835
ENST00000388931 THC2482952
ENST00000554090 THC2614091
ENST00000262520 THC2481283
ENST00000404917 THC2483517

THC2592463
THC2739440
ENST00000252744 THC2638166
ENST00000370138 THC2471326
ENST00000481100 THC2614517
ENST00000346178 THC2587237
ENST00000393710 THC2522014
ENST00000511227 NP073436
THC2740132
ENST00000282308 THC2475969
THC2487199
THC2683386

ENST00000315033 THC2478325

ENST00000418353 THC2650293
ENST00000332374 THC2474500
ENST00000360132 THC2479372
ENST00000522415 THC2745774
ENST00000544675 THC2521261
ENST00000369042 THC2607540
ENST00000538941 NP1161245

ENST00000398545 THC2476802
ENST00000318149 THC2570587
ENST00000431767 THC2474701
ENST00000421288 THC2525229
ENST00000340800 THC2504717
ENST00000537604 NP1195531
THC2493296
ENST00000226796 THC2464664
ENST00000521578 THC2780585

THC2484758
ENST00000377969 THC2622547
ENST00000484389 THC2613081

ENST00000374994 THC2601159
ENST00000540461 THC2769521
THC2577737
THC2470816
THC2703001
ENST00000502514 THC2696085
ENST00000508016 THC2482570
ENST00000379695 NP881609
ENST00000491545 THC2613414
ENST00000371744 THC2585889
ENST00000411432 THC2537371
THC2482227

ENST00000450520
ENST00000554864 THC2748155
ENST00000426677 THC2587573
ENST00000369857 THC2509000
ENST00000449844 THC2646751
ENST00000430049 THC2739428
ENST00000378341 THC2669852
ENST00000523116 THC2604513
ENST00000426004 THC2501297

THC2606507
ENST00000276533 THC2524519
ENST00000486787 THC2485000
ENST00000331366 NP1161985
ENST00000466906 THC2485427
ENST00000450016
ENST00000262288 THC2787320

ENST00000391883 THC2637163
ENST00000370960 THC2550721
ENST00000549706 THC2481764
ENST00000277541 THC2600916
ENST00000453338 THC2533577
ENST00000460646 NP1276710
ENST00000554756 NP1395163
ENST00000380649 THC2465301
ENST00000299468 THC2591738
ENST00000264451 THC2469143
ENST00000458208 THC2573035
ENST00000312423
ENST00000284259 THC2609951
THC2486640
ENST00000430650 THC2556800
ENST00000333010 THC2471193

ENST00000556705 THC2519087
ENST00000367214 THC2551003
ENST00000392593 THC2473970
ENST00000382520 THC2485349
ENST00000469362 THC2469352
ENST00000335890 THC2737326

ENST00000474136 NP922631
ENST00000507670 THC2485862
ENST00000248054 THC2601016
ENST00000542214 THC2464841
ENST00000338051 THC2597096
ENST00000413722 THC2534780
ENST00000485021 THC2468357
ENST00000395804 THC2501733

ENST00000337652 THC2467176
ENST00000243662 THC2769601
ENST00000539472 THC2475355

THC2676219

THC2516708

ENST00000438467 THC2618048

ENST00000417031 THC2506588

ENST00000367301 THC2464685

ENST00000379225 THC2490801

ENST00000261574 THC2465336

ENST00000422389 THC2498514

ENST00000331587 THC2475161

ENST00000285814 THC2468231

ENST00000373018 THC2473186

ENST00000373230 THC2547886

ENST00000382289 NP1165352

ENST00000449241 NP852684

ENST00000468141 THC2657288

ENST00000362009 THC2591741

THC2526015

ENST00000367501 THC2461975

ENST00000375991 THC2498208

ENST00000536867 THC2506047

ENST00000523463 THC2512504

ENST00000495527 NP1160256

ENST00000511888 THC2463496

ENST00000371825 NP180783

ENST00000395748 THC2470980

THC2478115

ENST00000419094 NP589603

ENST00000540308 THC2617902

THC2480805

ENST00000287600 NP085850

ENST00000519059 THC2625449

ENST00000444024 THC2471612

ENST00000263100 THC2461029

ENST00000373677 THC2604813

ENST00000489980 THC2641793

ENST00000462787 THC2478358

ENST00000432667 THC2773160

ENST00000545179 THC2491982

ENST00000369575 THC2606249
ENST00000440770 THC2610650
ENST00000308304 THC2486093
ENST00000448258 THC2520269
THC2602198

ENST00000427358 THC2467681
ENST00000286653 THC2644643
ENST00000456105 THC2511484
ENST00000403733 THC2601125
ENST00000290524 THC2462765
ENST00000480887 THC2467758
THC2604281

ENST00000544719 THC2476363
ENST00000261681 THC2492655
ENST00000335032 THC2507948
THC2516631
THC2664168

ENST00000396366 THC2486159
ENST00000332704 THC2644684
ENST00000410040 THC2476465
ENST00000371728 THC2583299
THC2556111

ENST00000340092 THC2606176
THC2531780

ENST00000519738 THC2626710
ENST00000373262 THC2682470
ENST00000328965 THC2498871
ENST00000389488 THC2462617
THC2505849

ENST00000482004 THC2751001
ENST00000401491

ENST00000335438 NP1175624
ENST00000457631 THC2475336
THC2462740

ENST00000366809 NP1470877
THC2484428

ENST00000528531 THC2462905
ENST00000541759 THC2464083
ENST00000264649 THC2622446

	NP081769
	THC2534889
ENST00000361600	THC2464307
ENST00000302345	THC2787861
ENST00000419198	THC2502204
	THC2608518
ENST00000441797	
	THC2690501
ENST00000428896	THC2689444
ENST00000381503	THC2715287
ENST00000269201	NP1166827
ENST00000412670	THC2603398
ENST00000262124	THC2487384
ENST00000320633	NP403903
ENST00000376339	THC2783279
ENST00000298746	NP1160081
ENST00000359751	THC2470861
ENST00000478808	THC2670291
ENST00000367142	THC2587476
ENST00000456881	THC2589513
	THC2535172
	THC2601277
ENST00000302500	THC2473063
ENST00000428940	THC2753400
ENST00000378494	THC2472739
ENST00000261233	THC2477206
ENST00000361387	THC2463634
	THC2605193
ENST00000397573	THC2482191
ENST00000526531	THC2488085
ENST00000370938	THC2470813
ENST00000356628	THC2667407
ENST00000293978	THC2665102
ENST00000393245	NP1073313
	THC2522106
ENST00000398701	THC2532945
ENST00000229812	THC2491173
ENST00000440111	THC2522143
ENST00000248958	THC2462325

ENST00000463660 THC2660155
ENST00000521545 THC2604481
THC2601661
ENST00000393408 THC2469660
ENST00000379607 THC2516244
ENST00000430126 THC2485376
ENST00000464758 THC2596928
ENST00000227322 NP1208401
ENST00000322862 THC2483689
ENST00000300278 THC2593602
ENST00000380774 THC2467632
ENST00000356231 NP830526
ENST00000327680 NP337576
ENST00000522518 THC2463210
ENST00000301607 THC2471184
THC2507587
ENST00000348916 THC2517443
ENST00000373510 THC2483659
ENST00000404366 THC2503381
ENST00000248114 THC2463654
ENST00000515107 THC2463493
ENST00000430387
ENST00000262461 THC2553749

ENST00000315286 NP854751
ENST00000334082 THC2634431
ENST00000510545 THC2761038

ENST00000396031 THC2471223
ENST00000456466 THC2505826
ENST00000488601 THC2483464
ENST00000492631 THC2493239
NP1153721
ENST00000358403 THC2571702
THC2608175
ENST00000551434 THC2538976
ENST00000420945 THC2712993
ENST00000406452 THC2475676

ENST00000370022 THC2705099
ENST00000475374 THC2633993
THC2539344

ENST00000332235	THC2615089
	THC2505237
	THC2605407
ENST00000475446	NP852611
ENST00000545269	THC2463338
ENST00000241261	THC2507406
	THC2543953
ENST00000356016	THC2601484
ENST00000307834	THC2478529
ENST00000467419	THC2496547
ENST00000440633	THC2652493
ENST00000296632	THC2472024
ENST00000402114	THC2742019
ENST00000360820	THC2461697
ENST00000376350	THC2479932
ENST00000374395	THC2472103
ENST00000392000	THC2486418
ENST00000398013	THC2479988
	THC2512505
ENST00000504123	THC2620311
ENST00000515542	THC2685241
ENST00000506422	THC2462834
ENST00000278200	THC2476261
ENST00000429926	THC2494895
ENST00000472228	NP704291
ENST00000494450	THC2617538
ENST00000476151	NP708312
ENST00000434536	THC2667796
ENST00000261847	THC2500635
ENST00000370098	THC2605887
ENST00000378061	THC2473585
ENST00000426263	THC2531140
ENST00000544376	THC2462832
ENST00000331194	THC2499225
ENST00000296273	THC2493424
ENST00000361565	THC2491961
	THC2501846
	THC2480737
ENST00000258975	THC2461789
ENST00000300134	THC2578652

ENST00000303221 THC2608130
ENST00000530549 THC2544472
ENST00000407598 THC2615911
ENST00000007510 NP107616
ENST00000346061 THC2500559
ENST00000425234 THC2575548
ENST00000542871 NP1188147
ENST00000557275 THC2482610
ENST00000376105 THC2587723

ENST00000380290 THC2520158
THC2636953
ENST00000382592 THC2544549

ENST00000370269 THC2491413
ENST00000430279 THC2580121
ENST00000231887 THC2464597
ENST00000379409 NP1465647

ENST00000169551 THC2544799
ENST00000372200 THC2484168
ENST00000545607 THC2665622
ENST00000496366 THC2615968

ENST00000293882 NP1194668
ENST00000249209 NP1195548
ENST00000339092 THC2492304
ENST00000367233 THC2484530
ENST00000225410 THC2466012

ENST00000404894 THC2606466
ENST00000448240 NP1195354
ENST00000339094 THC2481098
ENST00000393170 THC2492021
ENST00000340513 THC2611534

ENST00000273308 THC2466950
ENST00000373297 THC2723346
ENST00000402501 THC2477463

ENST00000416131 THC2477776
ENST00000345988 THC2462779
ENST00000528426 THC2628254
THC2515139

ENST00000368073 NP100336
ENST00000342020 THC2532309
ENST00000378430 THC2629213
ENST00000304385 THC2628629
ENST00000341776 THC2467035
ENST00000424836 THC2768713
ENST00000343571 THC2486822
ENST00000544113 THC2462725

ENST00000507787
THC2472587

ENST00000335017 THC2475276
ENST00000303657 THC2466761
ENST00000234389

ENST00000396929 THC2471227
NP1153721

ENST00000270617 THC2601239

ENST00000428288 THC2461503
ENST00000442561 THC2479387
ENST00000370952 THC2461675
ENST00000436267 THC2520236
ENST00000538679 THC2513387
ENST00000325464 NP075705

THC2504482

ENST00000416469 THC2508088
ENST00000377924
ENST00000263849 THC2464566
ENST00000367816 THC2470205
ENST00000441619 THC2468436
ENST00000554732 THC2503396
ENST00000392341 THC2504778
THC2682328
ENST00000322030 THC2465434
ENST00000430244 THC2529368
ENST00000395204 THC2598882
ENST00000462359 THC2461839
ENST00000468523 THC2785842
ENST00000550100 THC2566208

ENST00000264344	THC2510194
ENST00000389247	THC2672132
ENST00000417602	THC2722589
ENST00000476489	THC2491768
ENST00000402430	THC2492097
ENST00000449821	THC2467168
ENST00000276569	THC2466882
ENST00000307445	THC2470317
ENST00000361948	THC2484820
ENST00000283632	THC2497854
ENST00000541605	THC2477658
ENST00000379509	THC2617107
ENST00000300618	THC2485338
	THC2483445
ENST00000251089	THC2462579
ENST00000261609	THC2703352
ENST00000523011	THC2655037
ENST00000330045	THC2483499
ENST00000262093	THC2650625
ENST00000245960	THC2637040
ENST00000319285	THC2728190
ENST00000549679	THC2602884
ENST00000357320	THC2484792
ENST00000529890	NP1182112
ENST00000370449	THC2472036
ENST00000260359	NP1162408
ENST00000293695	THC2510397
ENST00000538771	THC2652957
ENST00000540636	THC2608337
ENST00000261258	THC2464842
ENST00000520372	THC2536744
	THC2671596
ENST00000530384	THC2732687
ENST00000323716	THC2697282
ENST00000554335	THC2605242
ENST00000423311	
ENST00000400202	THC2630835
ENST00000422607	THC2560901
ENST00000255087	NP076609
ENST00000257981	
ENST00000518421	THC2466929
ENST00000442740	THC2608517
ENST00000466812	THC2670542

ENST00000412877 THC2681601
ENST00000540746 NP409626

ENST00000496166 THC2472841
ENST00000425031 THC2649420
ENST00000376081 THC2626101
ENST00000317635 THC2782946
ENST00000534025 THC2468779
ENST00000543062 THC2785668
ENST00000484157 THC2635249

ENST00000303142 THC2471903
THC2520830
ENST00000415447 THC2785392
ENST00000267197 THC2601462

ENST00000422995 THC2464538
ENST00000199448 THC2468211
ENST00000556883 THC2470135
ENST00000549627 THC2485548

ENST00000461014 THC2624316
ENST00000367677 THC2505317
ENST00000258613 THC2487944
ENST00000371688 THC2661673
ENST00000437798 THC2612334
ENST00000449592 THC2472273
ENST00000426763 THC2506934

ENST00000258884 THC2464839
ENST00000483980 NP222632

ENST00000341650 THC2479348
ENST00000313977 THC2490552
ENST00000453760

ENST00000373539 THC2480500
ENST00000296202 THC2488065
ENST00000547508 THC2587585
ENST00000536684 THC2493170
ENST00000418577 THC2463844

ENST00000295148 THC2461499
ENST00000338920 THC2491269

ENST00000326245 THC2463033
ENST00000427932 THC2469361
ENST00000252445 THC2701918
THC2614422
ENST00000515047 THC2478093
ENST00000305631 THC2476286
ENST00000496713 THC2558846
ENST00000492465 THC2506143
ENST00000522826 THC2667834
THC2502734
ENST00000321560 THC2471009
ENST00000399576 THC2477995
ENST00000543175 THC2473254
ENST00000342415 THC2576277
ENST00000347493 THC2789010
ENST00000402249 THC2511528

THC2552273
THC2501190
ENST00000419783
ENST00000331555 NP1186631

ENST00000549257 THC2607843
ENST00000495850 THC2666282
ENST00000382722 THC2490847
ENST00000449075 THC2665394
ENST00000394501 THC2484194
ENST00000314045 THC2469119
ENST00000400770 THC2482297
ENST00000375213 THC2461552
ENST00000357721 THC2601729
ENST00000369853 THC2516355
ENST00000368053 THC2484977
THC2681026
THC2757892
ENST00000369445 THC2461105
ENST00000329610 THC2612500
ENST00000242872 THC2483082
ENST00000545933 THC2529399

ENST00000524597 NP1192079
ENST00000404261 THC2479067
ENST00000507794 THC2501895
ENST00000383699 THC2485374

ENST00000504591 THC2530091
ENST00000424524
ENST00000372116 THC2629966
ENST00000316737 THC2483075
THC2733632
ENST00000344450 THC2537343
ENST00000406027 THC2472136

ENST00000375344 THC2465988
ENST00000377093 THC2572414
THC2628121
ENST00000483137 THC2503031
THC2504190
ENST00000513269 THC2472981
THC2715267
ENST00000358675 THC2490107
ENST00000372154 THC2478697
THC2631913
ENST00000228872 THC2469602
ENST00000411959 THC2514954
ENST00000252491 NP091897
ENST00000278829 THC2499282
ENST00000314891 THC2488024
ENST00000468295 THC2570218
ENST00000373033 THC2463798
ENST00000553795 THC2482002
ENST00000366714

ENST00000394121 THC2466627
THC2486751
ENST00000372022 THC2665331
ENST00000556973 THC2704597
ENST00000372184 THC2544661
ENST00000371937 THC2472916

ENST00000439926
ENST00000552745 THC2538530

ENST00000532886 THC2657201

ENST00000025301 THC2600940
ENST00000505878 THC2785631
ENST00000335589 THC2488872
ENST00000355209 THC2563433

ENST00000529353 THC2537025
ENST00000449060 THC2662205
ENST00000547581 THC2484178

ENST00000488726 THC2462153
ENST00000306821 THC2606710
ENST00000510956 THC2607947

ENST00000394750 THC2463439
ENST00000374282 THC2564459

ENST00000367602 THC2634626
ENST00000537282 THC2483191
ENST00000400445 THC2461820
ENST00000315251 THC2470817
THC2637822

ENST00000356663 NP1144478
ENST00000338983 THC2572394
ENST00000398344 THC2549568
THC2492013

ENST00000538017 THC2473810
THC2518336

ENST00000496514 THC2740163
ENST00000341049 NP1154468
ENST00000467153 NP1403771
ENST00000451188 THC2527891
ENST00000538743 THC2464898

ENST00000438902 THC2518926
ENST00000456737 THC2601629

THC2611212

ENST00000414294 NP1151009
ENST00000484801 THC2502979
ENST00000544688 THC2534464
ENST00000371865 THC2650704

THC2478860

ENST00000393618 THC2511005
ENST00000379935 THC2468107
ENST00000294794 THC2464089
ENST00000358409 NP957027
ENST00000506649 NP088058

ENST00000548783 NP1153753
ENST00000395162 THC2672419
ENST00000381153 THC2776134
THC2584379
ENST00000393060 THC2474579
ENST00000540034 NP429141

ENST00000330794 THC2462351
ENST00000382516 THC2627508
ENST00000381627 THC2625014

ENST00000355002 THC2776653
ENST00000402311 THC2679929
ENST00000372814 THC2514880

ENST00000372243 THC2507947
ENST00000472043 THC2646834
ENST00000253934 THC2466449
THC2604473

ENST00000453109 THC2479513
ENST00000412916 THC2466980
ENST00000406477 THC2677325
ENST00000530923 THC2511043
ENST00000506386 THC2653109
ENST00000326529 NP1157598
ENST00000521128 THC2500551
ENST00000455460 THC2685961
ENST00000440819 THC2652292
ENST00000258169 THC2461936
THC2467619

ENST00000217233 THC2466010
ENST00000476521 THC2481229
ENST00000467681 THC2510169
ENST00000457797 NP1459306
THC2610631
THC2674548

ENST00000465492 THC2520990
ENST00000262467 THC2479491
ENST00000488111 NP1466972
ENST00000356272 THC2537365
ENST00000495267 NP704588
ENST00000266732 THC2471865
ENST00000397641 THC2514522

ENST00000288135 THC2462857
ENST00000378111 THC2630609
THC2534417
ENST00000415527 THC2513576
ENST00000421425
ENST00000477081 THC2462208
ENST00000373491 NP704330

THC2490416
ENST00000335351 THC2464993
ENST00000359479 THC2477385

ENST00000322315 THC2605615
ENST00000534853 THC2540629
ENST00000537057 THC2603787
ENST00000501255

ENST00000343736 THC2615957
ENST00000373257 THC2606132
ENST00000434935 THC2464150
ENST00000356948 THC2500520
ENST00000276096 THC2467006
ENST00000341864 THC2785466

THC2497963
ENST00000492278 THC2628315

THC2651636
ENST00000442808 THC2502108
ENST00000286301 THC2466971
ENST00000445876 NP1459790
ENST00000295925 NP460463
ENST00000275532 THC2471487
ENST00000359920 NP1083274
ENST00000525066 THC2532894
ENST00000441253 THC2480408
ENST00000521861 THC2518066
ENST00000452381

ENST00000215794 THC2471774
ENST00000423391 THC2619711
ENST00000354371 THC2479009

ENST00000405914 THC2506203
ENST00000403490 NP303404
ENST00000535211 THC2603578
ENST00000392583 THC2474929
ENST00000326989 THC2626397
ENST00000397332 THC2601476
ENST00000406334 THC2483440
ENST00000342572 NP1197692
ENST00000381249 THC2606653
ENST00000478800 NP526406
ENST00000341520 THC2603518
ENST00000529937 THC2461303
THC2655334
THC2524981
ENST00000383432 THC2491007
ENST00000289703 THC2480426
ENST00000268206 THC2640922
THC2557328
THC2484671
ENST00000453598 THC2520247
ENST00000327607 THC2602797
ENST00000469758 THC2631812
ENST00000265965 THC2464826
ENST00000409129 THC2494576
ENST00000517546 THC2542192
ENST00000413145 THC2656391
ENST00000381241 THC2486229
ENST00000404147 THC2756009
ENST00000422194 THC2643762
ENST00000339063 THC2601200
ENST00000415136 THC2592896
ENST00000302581 THC2612115
ENST00000334888 THC2665987
ENST00000268383 THC2464615

ENST00000421073 THC2467195
ENST00000344248 THC2483157
ENST00000448874 THC2571528
ENST00000377259 THC2709782
ENST00000525257 NP1276571
ENST00000473695 THC2739279
ENST00000484614 THC2478003
ENST00000395441 THC2601386

ENST00000313516 THC2525079
ENST00000402558 THC2473480
ENST00000216286 THC2621937
ENST00000398080 THC2463540
ENST00000471341 THC2504025
ENST00000542137 NP314082
ENST00000361671 THC2473244
ENST00000555342
ENST00000361722 THC2618682
ENST00000520013 THC2470171
ENST00000322887 THC2515323
ENST00000381639 THC2522958
THC2511093
ENST00000522397 THC2520063
ENST00000513881 THC2462446

THC2586849
ENST00000344441 THC2491403
THC2509734
ENST00000541571 THC2531687
ENST00000394613 THC2527206
ENST00000441391 THC2468461
ENST00000468380 THC2607970
ENST00000376405 THC2461591
ENST00000371051 THC2466374
THC2498673
ENST00000261192 THC2626625
ENST00000354488 THC2461123
ENST00000333850 NP815311
ENST00000480630 NP1165010
ENST00000541194 THC2604997
ENST00000341213 THC2648174
ENST00000395001 NP1175661
THC2605028
ENST00000456253 THC2665784
ENST00000380321 THC2463389
THC2554858
ENST00000457535 THC2540534
ENST00000355130 THC2485634
ENST00000536596 THC2656941
ENST00000502617 THC2703687
ENST00000537508 NP1468154

ENST00000491023 THC2602195
ENST00000504137 THC2536351
ENST00000401032 NP1457473
ENST00000262585 THC2602830
ENST00000341845 THC2508618
ENST00000474697 NP322453
NP1153721
ENST00000394838 THC2493974
ENST00000298786 THC2462523
ENST00000455117 THC2563557
ENST00000394235 THC2462453
ENST00000301738 THC2644332
THC2633387
THC2477614
ENST00000550494 THC2481589
ENST00000359271 THC2464248

ENST00000395358 THC2480406
THC2613796
ENST00000375036 THC2529029
ENST00000432272
THC2520638

ENST00000404603 THC2572856
ENST00000431522 NP650495
ENST00000518765 THC2500167
ENST00000390629 NP208024
ENST00000397007 THC2487775

ENST00000295269 NP1154886
ENST00000367321 THC2461117
ENST00000375660 THC2543510
ENST00000011691 THC2461449

ENST00000374736 THC2499682
ENST00000334163 THC2548608
ENST00000355834 THC2733321
ENST00000520452 THC2465901
THC2641609
ENST00000520547 THC2684242
ENST00000222339 THC2628115
ENST00000536716 THC2492573
ENST00000369760 NP708312

ENST00000338017 THC2476827
ENST00000360586 THC2463552
ENST00000493883 THC2648524
THC2475690
ENST00000361050 THC2765249
ENST00000540691 THC2579554
THC2548604

ENST00000290144 THC2605866
ENST00000556866 THC2584254
ENST00000373960 THC2525325
ENST00000359900 THC2461224
ENST00000312026 THC2536080
ENST00000379291 THC2546522
ENST00000455721 THC2619565
THC2478727
ENST00000327268 THC2475767
ENST00000487471 THC2553661

THC2497768
ENST00000528882 THC2485316
ENST00000367512 THC2493079
ENST00000300087 THC2493458
ENST00000488801 THC2582104
ENST00000368364 THC2473156
ENST00000373232 THC2577499
ENST00000417623 THC2659374
ENST00000393803 THC2490252
THC2578304
ENST00000507915 THC2500791
ENST00000367583 THC2464158
ENST00000440023 THC2467555
ENST00000530591 THC2707649
ENST00000376826 THC2486791

ENST00000310256 THC2608816
ENST00000534548 THC2461873
ENST00000360240 NP831008
ENST00000469676 THC2610330
ENST00000335255 THC2555985

ENST00000357757 THC2538747
ENST00000302165 THC2470829

ENST00000502461 THC2509743

ENST00000379145 THC2608727

ENST00000409687 THC2461698

ENST00000381568 THC2502947

ENST00000290231 THC2484698

ENST00000439296 THC2483693

THC2542407

THC2768676

ENST00000224181 THC2477437

ENST00000261249 THC2473282

ENST00000253719 THC2497203

ENST00000535056 THC2495689

ENST00000433688 THC2649335

ENST00000446075 THC2600953

ENST00000378092 THC2620043

ENST00000409715 THC2549327

ENST00000412108 THC2484344

ENST00000476962 THC2743007

ENST00000376737 THC2477254

ENST00000393223 THC2466291

ENST00000523890 THC2532813

ENST00000367749 THC2475203

ENST00000392781 THC2490103

THC2479630

ENST00000343958 THC2525926

ENST00000503186 THC2642028

ENST00000538938 NP843902

THC2630478

ENST00000370895 THC2675426

ENST00000361439 THC2631292

ENST00000321367 NP1180451

THC2538794

ENST00000482760 NP1159425

ENST00000381297 THC2492167

ENST00000475165 THC2543179

ENST00000367734	THC2478065
ENST00000441978	THC2651491
	THC2656695
	THC2500563
ENST00000328945	THC2601972
ENST00000519948	THC2520761
ENST00000422045	
ENST00000555265	THC2476022
ENST00000382406	THC2529415
ENST00000221566	THC2468922
ENST00000398364	NP1473796
ENST00000502669	THC2661086
ENST00000549580	THC2716859
ENST00000309703	THC2485248
ENST00000435497	THC2665464
ENST00000393743	THC2626725
ENST00000263062	THC2712651
ENST00000281273	THC2464122
	THC2474736
ENST00000531201	THC2782572
ENST00000332878	THC2478007
ENST00000361900	THC2482056
ENST00000488798	THC2464935
	THC2497631
ENST00000513504	THC2492704
ENST00000423140	NP108965
ENST00000395589	THC2508820
ENST00000302017	THC2463585
ENST00000433784	THC2530413
ENST00000392526	THC2636490
ENST00000545894	THC2755310
ENST00000464384	NP1191024
ENST00000494601	THC2461468
ENST00000240055	THC2521875
ENST00000487035	THC2470463

ENST00000315544 THC2474659

ENST00000366555 THC2620399
ENST00000376310

ENST00000335099 THC2663328

ENST00000329286 THC2510086
ENST00000484512 THC2611408

ENST00000392583 THC2461916
ENST00000475737 THC2632383
ENST00000397520 THC2539276

ENST00000235521 THC2480946
ENST00000372827 THC2475866
ENST00000531059 THC2590580
ENST00000467149 NP1193104
ENST00000395814 THC2610871
ENST00000526212 NP1200879
ENST00000315691 THC2461027
ENST00000375736 THC2535187
ENST00000525602 THC2462291
THC2585044
ENST00000438024 THC2605924
ENST00000343373 THC2478420
ENST00000346234 NP1187641
ENST00000315891 THC2602913

ENST00000344846 THC2478295
THC2499970
ENST00000368686 THC2505202
ENST00000260045 THC2466914
ENST00000547690 THC2584646
ENST00000337673 THC2467459
ENST00000367915

ENST00000378952 THC2714186
ENST00000439954 THC2500732
THC2762882
ENST00000433730 THC2496810
ENST00000554150 THC2472295
ENST00000368547 THC2469690
ENST00000293805 THC2472311

ENST00000545208	THC2464354
ENST00000388820	THC2471027
ENST00000303577	THC2507589
	NP1181099
ENST00000381899	THC2515240
ENST00000372981	THC2498834
	THC2607231
	THC2635151
ENST00000545155	THC2462924
	THC2552414
ENST00000549159	THC2462350
ENST00000373680	THC2503944
ENST00000480229	THC2536071
ENST00000376337	NP1276892
ENST00000454679	THC2697251
ENST00000255416	THC2475393
ENST00000542761	THC2468390
ENST00000518338	THC2630648
ENST00000371682	NP1249453
ENST00000333059	THC2471744
	THC2652934
ENST00000373927	NP1166943
ENST00000327419	THC2475112
ENST00000545451	THC2470539
ENST00000426813	THC2475403
ENST00000273009	THC2486535
ENST00000313426	THC2482980
ENST00000265424	NP421492
ENST00000369342	THC2464765
ENST00000541388	THC2516230
ENST00000511449	THC2716779
ENST00000377419	THC2489060
ENST00000370798	THC2461379
ENST00000533098	THC2467930
ENST00000325195	NP183253
ENST00000423748	THC2462826
ENST00000367524	THC2516113
ENST00000287675	THC2500507
ENST00000462067	THC2495826
ENST00000529937	THC2482940
ENST00000262360	THC2666141

THC2668011
ENST00000419217 NP285722
ENST00000300005 THC2788963
ENST00000494368 THC2678097
ENST00000531821
ENST00000334920 THC2609795
THC2750292
ENST00000461679 THC2482137
NP099952
ENST00000450994 THC2501921
ENST00000218230 THC2727866
ENST00000296582 THC2463240
THC2569926
ENST00000316367 THC2633463
ENST00000400322 THC2493899
ENST00000339914 THC2485587
THC2609608
ENST00000358906 THC2464210
ENST00000447729 THC2722525
ENST00000551629
ENST00000339423 NP1208077
ENST00000478828 THC2539937
ENST00000398153 THC2472319
ENST00000443243 THC2486899
ENST00000488952 THC2687427
ENST00000341676 THC2715586
THC2508069
ENST00000498423 NP840306
ENST00000504087 THC2602234
THC2751543

ENST00000340159 NP349654

ENST00000356641 THC2610626
ENST00000409487 THC2466105
ENST00000418919 THC2511133

ENST00000372262 THC2477489

THC2684184
ENST00000324461 THC2482711
ENST00000308418 THC2524523
ENST00000369033 THC2607320
ENST00000381984

ENST00000356764 NP1079533
ENST00000343933 THC2522677
ENST00000539844 THC2507818
ENST00000453355
ENST00000326303 THC2474490
ENST00000518287 THC2464515
ENST00000460402 NP298116
ENST00000434558 THC2613641
ENST00000416309
ENST00000377843 THC2531819
ENST00000263369 THC2474540

ENST00000341976 THC2476204
ENST00000555501 NP1162899
ENST00000264037 THC2616810
ENST00000367822 THC2476947
ENST00000284602 NP085785
ENST00000425894
THC2622951

ENST00000396408 THC2496700
ENST00000372373 THC2467037
ENST00000373623 THC2725730
ENST00000382795 THC2482286
ENST00000424433 THC2471739
ENST00000337619 THC2606928
THC2653254
ENST00000472407 THC2645010
ENST00000485978 THC2665909
ENST00000424531 THC2485808
NP114932

THC2496994
ENST00000510908 THC2611781
ENST00000290470 THC2479722
ENST00000360227 NP186143
ENST00000484769 THC2734212
ENST00000368010 THC2467137
ENST00000535103 THC2637713

ENST00000296328 THC2512777
ENST00000412250 THC2471162

ENST00000549338 THC2542538

ENST00000282282 THC2488104

ENST00000480738 THC2469875

ENST00000380376 NP1212864

ENST00000249041 THC2481613

ENST00000469305 NP1202408

ENST00000403668 THC2496054

ENST00000405432 THC2534840

ENST00000468319 THC2474825

ENST00000381623 THC2650830

ENST00000522309 THC2729652

ENST00000512611 THC2490951

ENST00000340339 THC2606143

ENST00000557108 THC2537227

THC2634132

ENST00000517839 THC2771192

ENST00000260453 THC2471625

ENST00000378340 NP852605

ENST00000457312 THC2668904

ENST00000326831 THC2483280

ENST00000464329 THC2589354

ENST00000389103 THC2484162

ENST00000401977 THC2539480

ENST00000418749 THC2464987

THC2510519

ENST00000450943 THC2625120

ENST00000355095

THC2635297

THC2507269

ENST00000361337 THC2787751

ENST00000529958 THC2603419

ENST00000396202 THC2504921

ENST00000379189 THC2624061

ENST00000372362 NP1247895

ENST00000417327 THC2492791

ENST00000478865 THC2609064

THC2514361

ENST00000361125 THC2522572

THC2751630

THC2497997

ENST00000476275 THC2461379
ENST00000496812 THC2486993
ENST00000404969 THC2727080
ENST00000325875 THC2462880

ENST00000472327 THC2465820

ENST00000531571 THC2605486
ENST00000299971 THC2498969
THC2626463

ENST00000373228 THC2514953
THC2544263

ENST00000474969 THC2511124
ENST00000366699 THC2506191

ENST00000545127
ENST00000370530 THC2648486
ENST00000462193 THC2470683
THC2533682
THC2478143
THC2610707

ENST00000454724 THC2481492

ENST00000442269

ENST00000379242 NP481077
ENST00000545969 THC2629358
THC2492908

ENST00000358739 THC2473549
ENST00000451884 THC2691143

ENST00000510708 THC2476919

ENST00000360670 THC2475508

ENST00000282028 NP086875

ENST00000315869 THC2524136

ENST00000310532 THC2488393

ENST00000390346 NP1072102

ENST00000292879 THC2549790
THC2622716

ENST00000268261 THC2534322

ENST00000555842 THC2598774

ENST00000382751 THC2491233

ENST00000372223 THC2481513

ENST00000409508 THC2475844

ENST00000438400 THC2564057

ENST00000355531 NP1166591

ENST00000449697 NP1168526
ENST00000556232 THC2476474

ENST00000369754 THC2492108
ENST00000399277 THC2492535
ENST00000505231 THC2478702
ENST00000268797 THC2496704

ENST00000326010 THC2676098

ENST00000392988 THC2771639
ENST00000278612 THC2463878
ENST00000381906 THC2467502
ENST00000320393 NP708312
ENST00000553596 THC2474028
ENST00000476272 THC2466447
ENST00000522858 THC2467516
THC2643991
ENST00000344517 THC2463247
ENST00000523898 THC2463689
ENST00000333323 THC2475443
ENST00000254337 THC2754014
ENST00000371627 THC2467277

ENST00000373836 THC2461679
ENST00000468381 THC2508097
ENST00000295612 THC2471711
ENST00000412786 THC2555559
ENST00000309315 THC2501084

ENST00000556816 THC2463076
ENST00000546270 THC2736661
ENST00000262262 NP1178007
ENST00000542327 THC2464246
ENST00000336830 THC2489713
ENST00000415138 THC2656062
ENST00000499638 THC2461784
ENST00000368534 NP1074505
ENST00000300413 THC2467197
ENST00000397914 NP1473111

ENST00000525867	THC2610893
ENST00000263275	THC2541607
ENST00000230354	THC2612728
	THC2542290
ENST00000551318	THC2578434
ENST00000515818	THC2546090
ENST00000327351	THC2477169
ENST00000513356	THC2533798
ENST00000263088	THC2467338
	THC2535859
ENST00000228918	THC2468834
ENST00000528089	THC2495250
ENST00000375189	THC2671190
	THC2492629
ENST00000317881	THC2465313
ENST00000293068	NP1241561
ENST00000301204	THC2483750
ENST00000541333	THC2544149
ENST00000460685	THC2490900
	NP1455475
ENST00000390013	THC2639663
ENST00000547804	THC2504388
ENST00000452588	THC2575776
ENST00000462708	THC2618728
ENST00000426261	THC2514844
ENST00000434399	THC2577766
ENST00000462274	NP080608
ENST00000443432	THC2725192
ENST00000404104	THC2483721
ENST00000435989	THC2534868
ENST00000482889	THC2473063
ENST00000417807	THC2494554
ENST00000321016	THC2488175
ENST00000448933	THC2535025
ENST00000255616	THC2547691
	THC2475326

ENST00000284637 THC2462298
ENST00000356162 NP079485
ENST00000361110 THC2485816
ENST00000378453 THC2477495

THC2506804

ENST00000394933 THC2473493
ENST00000494676 THC2489113
ENST00000436174 THC2629826
ENST00000397065
ENST00000425778 THC2737628
ENST00000305481 THC2532830
ENST00000342014 THC2472332
ENST00000488202 THC2543855
ENST00000258506 THC2685823
ENST00000435431 THC2489149

ENST00000254821 THC2497005
ENST00000460338 THC2613498
ENST00000406213 THC2499834
ENST00000306585 THC2575204
ENST00000422605 THC2469043
ENST00000308906 THC2617670
ENST00000535373 THC2466190
ENST00000221999 NP097814
ENST00000332645 THC2464312
ENST00000544960 THC2467667
ENST00000501499 THC2634440
ENST00000402938 THC2485605
ENST00000293349 THC2470559
THC2483688
ENST00000277575 THC2545974
ENST00000227525 THC2469061
THC2576830
ENST00000506394

ENST00000397344 THC2480540
ENST00000475693 THC2469330

ENST00000402563 THC2612167
ENST00000556560 THC2464727
ENST00000379160 THC2470133

	THC2569478
ENST00000382554	THC2602146
ENST00000357415	NP1402335
ENST00000373970	THC2788650
ENST00000367937	THC2521501
ENST00000368357	THC2461012
ENST00000301415	NP861691
	THC2496390
ENST00000369085	THC2467801
ENST00000357495	NP1190980
ENST00000426418	THC2679697
ENST00000361579	THC2497407
ENST00000429843	THC2686399
ENST00000432194	THC2586042
ENST00000393389	THC2552721
ENST00000299335	THC2465816
	THC2540835
	THC2659533
ENST00000485653	THC2495384
ENST00000479376	THC2573553
ENST00000397138	THC2520109
ENST00000534617	THC2488350
ENST00000534109	THC2666539
ENST00000333244	THC2600970
ENST00000434031	NP1208607
ENST00000458667	THC2502331
ENST00000261177	THC2498889
ENST00000171111	THC2623732
ENST00000396410	THC2470351
ENST00000367213	THC2470615
ENST00000432669	THC2591467
	THC2724834
ENST00000340268	THC2487166
ENST00000409887	THC2473528
ENST00000310290	NP488717
ENST00000443824	THC2607928
ENST00000496414	THC2532982
ENST00000393408	THC2469660
ENST00000234875	THC2465729
ENST00000479369	

	THC2619444
ENST00000370040	THC2492296
ENST00000489913	THC2563659
ENST00000485798	NP1160811
ENST00000263854	THC2493883
ENST00000494077	THC2623999
ENST00000392071	THC2466360
ENST00000537029	THC2612872
ENST00000343279	THC2466032
ENST00000449950	THC2603215
	THC2601859
	THC2618093
ENST00000520674	NP1138315
ENST00000416963	THC2464638
ENST00000382285	THC2605727
ENST00000291569	NP1186970
	THC2502061
	THC2774178
ENST00000555837	NP373462
ENST00000460487	NP1206846
ENST00000262844	THC2771863
ENST00000328737	THC2482747
ENST00000494491	THC2558675
	THC2484315
ENST00000369441	NP299068
ENST00000310473	THC2535772
ENST00000439316	THC2607488
	THC2764236
ENST00000488642	THC2494828
ENST00000294742	THC2536207
ENST00000443747	
ENST00000391623	THC2477358
ENST00000414595	THC2606454
ENST00000535095	THC2488922
	THC2500351
ENST00000222388	THC2619700
ENST00000541298	NP496436
ENST00000458478	NP1159534
ENST00000321826	THC2474178
ENST00000287647	THC2776094
ENST00000508987	THC2676609

ENST00000451334	THC2474714
	THC2487150
ENST00000454558	THC2484259
	THC2576727
ENST00000527524	THC2601240
ENST00000533166	THC2546160
ENST00000398510	THC2618654
ENST00000367828	THC2476635
ENST00000399634	NP100565
ENST00000262432	THC2762172
ENST00000380604	THC2488613
ENST00000307602	THC2473196
ENST00000326427	THC2592476
	THC2480550
ENST00000339094	THC2783302
ENST00000409628	THC2495697
ENST00000447119	THC2655610
ENST00000538228	THC2549395
ENST00000473705	THC2551991
ENST00000302271	THC2528431
ENST00000476489	THC2491768
ENST00000395003	THC2616991
ENST00000418001	
ENST00000306829	THC2525409
ENST00000206595	THC2605700
ENST00000426086	THC2463163
ENST00000393007	NP167053
ENST00000320650	THC2472784
ENST00000399410	NP236150
ENST00000394124	THC2603505
ENST00000322684	THC2477164
ENST00000356721	NP590706
ENST00000283195	THC2467896
ENST00000502270	THC2521315
ENST00000446633	THC2653220
	THC2704503
ENST00000445014	THC2632379
ENST00000438878	THC2665154
ENST00000361428	THC2691606
	THC2673826
	THC2567547

ENST00000270001 THC2530494
ENST00000394885 THC2785176

ENST00000361658 THC2617709
THC2501093
ENST00000373133 THC2488778
ENST00000490078 THC2603385
ENST00000299731 THC2647096
ENST00000551972 THC2504388
ENST00000341328 THC2486006
ENST00000469990 THC2479200
ENST00000538692
ENST00000264734 THC2475714
ENST00000532540 THC2463693
ENST00000418391 THC2527893
ENST00000378026 THC2638771
ENST00000556626 THC2537521
ENST00000369985 THC2482847
ENST00000429433
ENST00000532145 NP334392
ENST00000246532 THC2529757
ENST00000368530 THC2513468

ENST00000289228 THC2468765
ENST00000343318 THC2517865
ENST00000303731 THC2551485
1-3-galactosyltransfe THC2491790
ENST00000411587 THC2598800
ENST00000394169 NP842990
ENST00000258607 THC2465992
ENST00000505846 THC2501913
ENST00000272937 THC2768245
ENST00000444203 THC2500777
ENST00000547026 THC2474451
ENST00000372014 THC2467514
ENST00000254320 THC2483892
ENST00000280096 THC2480733

ENST00000304863 THC2600524
ENST00000539592 THC2780937

ENST00000503176 THC2469438
ENST00000509548

	THC2605425
ENST00000468468	THC2622164
ENST00000252137	THC2602638
ENST00000470023	THC2628726
ENST00000380980	THC2470119
ENST00000452710	NP1245140
ENST00000432194	THC2586042
ENST00000529255	THC2466068
ENST00000523316	THC2498425
ENST00000418651	THC2680479
ENST00000432845	THC2498310
ENST00000310002	THC2482402
ENST00000428082	THC2557159
ENST00000325102	THC2511850
ENST00000466473	THC2461902
ENST00000426851	THC2496661
ENST00000302351	THC2495238
ENST00000283410	THC2771143
ENST00000341360	THC2498505
ENST00000229866	THC2468517
ENST00000502514	THC2696085
ENST00000449914	THC2706532
	THC2547106
ENST00000465128	THC2462341
ENST00000306442	THC2759077
ENST00000317508	THC2704031
	THC2686815
	THC2720183
ENST00000318282	THC2463771
	THC2480301
ENST00000535902	THC2471638
ENST00000537858	THC2480949
ENST00000312736	THC2473325
ENST00000414483	THC2726183
ENST00000410029	THC2673694
ENST00000544112	NP830470
ENST00000552367	
ENST00000381031	THC2468786
ENST00000264230	THC2509962
ENST00000392558	THC2596064

THC2564844
ENST00000250872 THC2506876
ENST00000395202 THC2624578
ENST00000301585 THC2464593
ENST00000304244 THC2646268

ENST00000339805 THC2506742
ENST00000361421 THC2504557
ENST00000339094 THC2481098
ENST00000395699 THC2556216
ENST00000344085 THC2479203
ENST00000395047 THC2545245

ENST00000478130 THC2479440
ENST00000522677 THC2621930

ENST00000448204
ENST00000406376 THC2557544

ENST00000397881 THC2489089
ENST00000354619 THC2464154
THC2604944

ENST00000382211 THC2469230
ENST00000296677 THC2464357
ENST00000361758 THC2744972
THC2690033

ENST00000439982 THC2599446
ENST00000354313

ENST00000412740 THC2496644
ENST00000409167 THC2550380
ENST00000375898 THC2601478
ENST00000435893 THC2522295
ENST00000545546 THC2613479
ENST00000494131 THC2780885
ENST00000479767 NP1159045

ENST00000354403 NP082339
ENST00000511760 THC2467589
ENST00000550170 THC2514651
THC2491470

ENST00000497648 THC2561107
ENST00000306065 THC2461393
ENST00000497109 THC2611054

ENST00000512521

ENST00000313766 THC2463453
ENST00000374359 THC2537202
ENST00000396506 THC2650412
ENST00000425429 THC2603070
ENST00000543607 THC2469099
ENST00000390549 NP852618
ENST00000397179 THC2501471
ENST00000510551 THC2695690
ENST00000381834 NP1400322
ENST00000354817 THC2491538
ENST00000377725 NP1205923
ENST00000493506 NP1188685
ENST00000530422 THC2562327
NP316843
ENST00000413307 THC2601018
ENST00000045347 THC2623425

ENST00000296270 THC2484692
ENST00000402863 THC2547855
ENST00000334133 THC2462671
THC2642603
ENST00000393346 THC2564580
ENST00000515853 THC2601844
ENST00000298299 THC2713980
ENST00000536948 THC2769407
ENST00000296292 THC2619572
ENST00000422887 NP426354
ENST00000464431 NP852599
ENST00000440482 THC2516114
THC2727429

ENST00000373360 THC2606612
ENST00000400919 THC2526967
THC2613233

ENST00000470503 THC2479639
THC2679023

ENST00000556620 THC2681099
ENST00000292431 THC2462664

ENST00000375247 THC2463631
ENST00000418471
ENST00000463042 THC2503140

ENST00000433406
THC2492587
ENST00000396020 THC2472324
ENST00000219271 THC2603217
ENST00000452962
ENST00000371566 THC2462929
THC2501637
THC2577566
ENST00000541912 THC2462098
ENST00000409559 THC2615617
ENST00000484801 THC2502979

ENST00000367451 THC2505298
ENST00000470100 THC2463515
ENST00000331457 THC2498251
ENST00000312648 THC2464940
ENST00000334409 THC2480922
ENST00000378226 THC2778557

ENST00000453375 THC2696618
ENST00000355296 NP922854
ENST00000398528 THC2524583
ENST00000400441 THC2657960
ENST00000343516 THC2476311
ENST00000322272 THC2471560
ENST00000487659 THC2572050
THC2756939
ENST00000470878 THC2605295
ENST00000354410 THC2546198
ENST00000282296 NP500268
ENST00000425496 THC2466370
ENST00000397239 THC2556705

ENST00000344651 THC2605018
ENST00000421763 THC2508724
ENST00000523211 THC2483482
ENST00000528953
ENST00000477046 THC2507938
ENST00000510398 THC2471668
ENST00000373847 THC2742440
ENST00000260665
THC2508023
THC2481823
ENST00000372922 THC2477579

ENST00000040663	NP1155055
ENST00000556740	NP101864
ENST00000411955	THC2471082
ENST00000465857	THC2492242
ENST00000487038	NP079252
ENST00000546450	THC2607759
	THC2687501
ENST00000356128	THC2498066
ENST00000378624	THC2495517
ENST00000305321	THC2464213
ENST00000295989	THC2603993
ENST00000254998	THC2463315
ENST00000375859	THC2517348
ENST00000278772	THC2465145
ENST00000338702	THC2469214
ENST00000260386	THC2474293
ENST00000539247	THC2467044
ENST00000345100	THC2757328
ENST00000480278	THC2475062
ENST00000545449	THC2654263
ENST00000372780	THC2474343
	THC2485423
ENST00000322912	THC2482585
ENST00000534920	THC2502548
	THC2484633
ENST00000479719	THC2604727
ENST00000444990	THC2515016
ENST00000487182	THC2546174
ENST00000462381	THC2615021
ENST00000420856	THC2530194
ENST00000406334	THC2483440
ENST00000278949	THC2501988
ENST00000463096	THC2544113
ENST00000309334	THC2585823
	THC2553379
ENST00000538919	THC2617522
ENST00000245857	THC2496402
ENST00000477478	THC2722099
ENST00000382123	THC2524474
	THC2516708
ENST00000423656	THC2463267

ENST00000372237	THC2472045
ENST00000367601	THC2520717
ENST00000527068	THC2573305
ENST00000470054	THC2486120
ENST00000379199	THC2509675
ENST00000399592	THC2520691
ENST00000338733	THC2515515
	THC2507269
ENST00000456850	THC2703995
ENST00000372972	THC2614651
ENST00000342648	THC2493229
ENST00000396049	THC2468495
ENST00000348161	THC2678329
ENST00000401450	THC2489722
ENST00000258457	THC2507880
ENST00000538488	THC2479522
ENST00000429728	THC2650807
ENST00000424194	THC2521292
ENST00000451746	THC2521392
ENST00000369503	THC2471331
ENST00000479361	THC2479117
ENST00000256858	THC2612917
ENST00000497497	THC2477663
ENST00000323078	NP167700
ENST00000373605	NP1188843
ENST00000421763	THC2506541
ENST00000523123	THC2606106
	THC2506186
ENST00000429493	THC2504427
ENST00000375947	THC2670721
ENST00000491988	NP799361
	THC2601518
ENST00000461406	THC2520376
ENST00000373699	THC2467947
ENST00000418747	THC2503754
ENST00000302174	THC2481221
ENST00000327867	THC2481369
ENST00000361284	NP1461918
ENST00000291416	THC2464976
ENST00000540939	THC2613533

ENST00000453670 THC2472983
THC2677060

ENST00000501725

ENST00000461356 NP1241572
THC2480320

ENST00000410057 THC2462318

ENST00000341071 THC2788373

ENST00000471369 THC2602878

ENST00000261187 THC2477877

ENST00000492226 THC2575901

ENST00000398153 THC2703560

ENST00000397283

ENST00000262032 THC2602071

ENST00000373951 THC2523234

THC2781769

ENST00000394574 NP1242542

NP1214659

THC2486576

NP304591

ENST00000433855 THC2703420

THC2610922

ENST00000222693 THC2468770

ENST00000397644 THC2519857

ENST00000308987 THC2739152

ENST00000486676 THC2490933

ENST00000506652 NP387862

ENST00000301008 THC2485118

ENST00000397746 NP233035

ENST00000216832 THC2654910

ENST00000548490 THC2461099

ENST00000369478 THC2471946

ENST00000354183 THC2502399

ENST00000460314 THC2609276

ENST00000476546 THC2729332

ENST00000519857 THC2543136

ENST00000315266 THC2467076

ENST00000454552 THC2610702

ENST00000227756 THC2464886

ENST00000313655 THC2463831
ENST00000545555 NP1179606
ENST00000391977 NP1183222

ENST00000476080 THC2493694
ENST00000302516 NP370741
ENST00000361475 THC2700991
ENST00000393530 THC2576564
ENST00000383376 THC2664101
ENST00000225426 THC2467917
ENST00000398637 THC2468264
ENST00000373449 THC2508111
ENST00000435683 THC2634543
ENST00000302764 THC2463245
ENST00000549370 THC2588277
ENST00000438581 THC2461947
ENST00000262968 THC2608759
THC2626624
ENST00000371547 THC2487884

ENST00000263710 THC2685485
ENST00000424241
ENST00000355986 THC2471566

THC2665248
ENST00000543379 THC2560295
ENST00000389623
ENST00000446494 THC2473420

ENST00000361427 THC2465647
ENST00000297273 THC2463299
ENST00000469435 THC2557122
ENST00000411824 THC2620832
ENST00000261692 THC2565323

ENST00000225371 THC2492047
ENST00000263228 THC2678033
ENST00000377081 THC2492186
ENST00000377073 THC2478782
ENST00000440741 THC2483999
ENST00000450304 THC2619795
ENST00000413309 THC2467018
ENST00000524413 THC2538359
ENST00000327122 THC2481167

ENST00000378325	THC2485424
ENST00000374021	THC2473458
ENST00000378070	THC2648330
ENST00000472539	THC2477716
ENST00000368539	NP1074505
ENST00000378646	THC2483417
ENST00000524647	THC2590445
ENST00000527329	
ENST00000428309	THC2518705
ENST00000339397	THC2472499
ENST00000382381	THC2462218
ENST00000468380	THC2607970
ENST00000392597	NP362907
ENST00000396611	
ENST00000494735	THC2560565
ENST00000315066	THC2475661
ENST00000262607	THC2466353
ENST00000535199	
ENST00000447147	THC2603748
ENST00000478979	NP708886
ENST00000369037	THC2463674
	THC2482483
ENST00000336735	THC2693597
ENST00000369267	THC2610804
ENST00000343945	THC2683001
ENST00000478556	THC2578345
ENST00000371953	THC2519743
ENST00000495668	THC2473693
ENST00000529261	THC2641714
ENST00000399042	THC2483499
	THC2685646
	THC2535972
ENST00000377747	THC2487206
ENST00000371614	THC2461604
ENST00000507732	THC2602358
ENST00000366347	THC2492697
ENST00000534986	THC2507964
ENST00000326631	THC2537221
ENST00000253457	THC2499401
ENST00000368494	THC2585188
ENST00000425648	THC2787468
ENST00000295927	THC2462788
ENST00000340913	NP1190980
ENST00000295113	THC2494250

ENST00000526510 NP1181395
ENST00000367756 THC2745125
ENST00000546995 THC2510364
THC2487937
ENST00000253247 THC2667727
ENST00000283006 THC2470392
ENST00000300098 THC2477340
ENST00000344774 THC2480368

THC2566648
ENST00000515886 THC2474438
THC2668129

ENST00000373051 THC2470898
ENST00000483366 NP853252
ENST00000446201 THC2672727
ENST00000438772 THC2677759
THC2714922
ENST00000457091 THC2663212
ENST00000511684 THC2605824

THC2710571
ENST00000264010 NP1472943
ENST00000284818 THC2477637
THC2587717
THC2560712
THC2632879

ENST00000324238 THC2464540
ENST00000254262 THC2524801
ENST00000392718 THC2743573
ENST00000397991 THC2506681
ENST00000269159 THC2602961
ENST00000409307 THC2704318
ENST00000480464 THC2472813
ENST00000440583 THC2531670
ENST00000536485 THC2486865

ENST00000336993 NP1151684
ENST00000503605 THC2552196
ENST00000329267 THC2485251
ENST00000374426 THC2490444

ENST00000421673 NP081518
ENST00000409448 THC2477677

ENST00000422942 THC2578251
ENST00000256319 THC2749560
ENST00000286621 THC2498556
ENST00000443035 THC2616039
ENST00000419587
ENST00000322732 THC2496344
ENST00000393381 THC2463019
ENST00000539979 THC2523488

ENST00000401032 NP1457473
ENST00000444365 NP1189090
ENST00000308162 THC2511193
THC2666140
ENST00000449302 THC2582643

ENST00000264260 THC2489002
ENST00000504707 THC2484290
ENST00000370591 THC2503025
ENST00000329402 THC2476613
ENST00000419098
ENST00000453751 NP868136
ENST00000409350 THC2548695
ENST00000412301 THC2593961
ENST00000488687 THC2478141
ENST00000336067 THC2485391
ENST00000374571 THC2461520
ENST00000393312 THC2614011
ENST00000370346 THC2609861

THC2576794
THC2482710

ENST00000422467 THC2515770
ENST00000269720 THC2602353
ENST00000263379 THC2471213
ENST00000424142 THC2573958
ENST00000392589 THC2482774
ENST00000392542 THC2466290
THC2713564

ENST00000468520 NP708312
ENST00000493301 THC2486243
ENST00000468019 THC2560213
ENST00000376953 NP852722

ENST00000557232
THC2520738
THC2530888
ENST00000328914 THC2510963
ENST00000392668 THC2609159
ENST00000528828 THC2706305
ENST00000430969 THC2495919
ENST00000376509 THC2462237
ENST00000487177 THC2624918
ENST00000369356 THC2491332
ENST00000379484 THC2461807
THC2614540
ENST00000426529 THC2498050
ENST00000412023 THC2531509
ENST00000547169 THC2528684

ENST00000307851 THC2462965
ENST00000356406 THC2463761

ENST00000538092 NP1457125
ENST00000260363 THC2463377
ENST00000418100 THC2520718

ENST00000396409 THC2470903
ENST00000325993 THC2462197
ENST00000380495 THC2513940
ENST00000444897 THC2571499
THC2495898
ENST00000426529 THC2492029
ENST00000399696 THC2609441
ENST00000316333
ENST00000431621
ENST00000473020 NP1168570
ENST00000412740 THC2496644
ENST00000296775 THC2502160
ENST00000229829 THC2653816
ENST00000323871 NP868107
ENST00000369697 THC2610807

ENST00000206380 THC2721232

ENST00000495323 THC2510486
ENST00000544573 THC2471665

ENST00000378925 THC2478870

ENST00000534861 THC2513989

ENST00000556219 THC2472632

ENST00000435023

ENST00000525262 THC2466271

ENST00000476313 THC2493642

ENST00000396279 THC2579871

ENST00000250416 THC2482786

THC2597514

ENST00000543749 THC2480994

ENST00000334295 THC2787025

ENST00000346473 NP313402

ENST00000483115 THC2473858

ENST00000396203 THC2522146

ENST00000358849 THC2605813

ENST00000553526 THC2477629

ENST00000283228 NP091230

THC2553042

ENST00000358475 NP405327

ENST00000302227 THC2468948

ENST00000320736 THC2632298

THC2531189

ENST00000356347

ENST00000361188 NP839505

ENST00000437896 THC2711835

ENST00000432752 THC2462225

ENST00000395374 THC2478413

ENST00000263087 THC2684249

ENST00000451220 THC2541742

ENST00000540507 THC2730734

ENST00000354952 THC2490543

ENST00000372160 THC2473827

ENST00000454881 THC2673696

ENST00000273960 NP1401540

ENST00000505637 THC2634912

ENST00000395809 THC2638221

ENST00000397884 THC2638412

ENST00000431308 THC2521689
ENST00000454333 THC2520440
THC2645646
ENST00000372121 THC2616400
ENST00000504137 THC2536351
ENST00000436592 THC2514345
ENST00000551812 THC2503148
ENST00000222008 THC2488845
ENST00000340566 THC2535457
ENST00000211076 THC2484029
ENST00000474668 THC2693533
ENST00000535815 THC2472682
ENST00000435660 THC2463896
THC2665541
THC2685060
ENST00000458198
ENST00000441068 THC2655612
ENST00000359765 THC2627646
ENST00000524722 THC2475434
ENST00000428485 THC2619587
ENST00000476778 THC2523376
THC2620891
ENST00000266025 THC2678800
ENST00000421483 THC2505982
ENST00000248342 THC2600185
THC2603339
ENST00000505041 THC2602678
ENST00000549232 THC2481071
ENST00000293778 THC2466255
ENST00000356972 NP1214700
ENST00000308100 THC2479514
ENST00000432587 THC2605189
ENST00000440978 THC2624565
ENST00000360541 THC2469430
ENST00000355311 THC2609460
THC2707252
ENST00000425929 THC2471299
ENST00000382675 THC2669683
ENST00000316079 THC2494669
ENST00000392994 THC2525241

ENST00000299305 THC2463057
ENST00000338854 THC2507720
ENST00000377921 THC2472606
THC2471950
ENST00000498311 THC2494501
ENST00000494690 NP482330
ENST00000341633 THC2463038
ENST00000401061 NP335786
ENST00000426075 THC2475804
ENST00000356818 THC2641777
THC2465523
ENST00000381897 THC2686817
THC2532322
ENST00000320658 THC2477943

ENST00000546051 THC2470625
ENST00000398622 THC2629919
ENST00000314475 THC2494126
ENST00000416247 THC2716059
ENST00000376088
THC2642808

THC2526455
THC2633659
ENST00000399026 THC2680040
ENST00000480000 THC2677649
ENST00000449223 THC2555197
ENST00000379262 THC2476196
ENST00000472339 THC2617151
ENST00000262525 THC2616103
ENST00000264249 THC2461804
ENST00000260731 THC2462785
THC2666840

ENST00000370626 THC2602356

ENST00000438705 THC2727751
THC2730823
ENST00000442860
ENST00000529266 THC2546252
ENST00000219097 THC2462872
ENST00000334307 THC2474385
ENST00000322989 THC2588831
ENST00000335760 NP075413

ENST00000372179 THC2484739
ENST00000502475 THC2544129
ENST00000476232 THC2612416
THC2478668
ENST00000378803 THC2636754
ENST00000357382 NP1474458
ENST00000389168 THC2484336
ENST00000328086 THC2601139
ENST00000459752 THC2474358
ENST00000442800 THC2743649
ENST00000466490 THC2583076
ENST00000462159 THC2473017
ENST00000376424 NP851514
ENST00000369615 THC2618763
ENST00000498091 NP411809
THC2604998
ENST00000355725 THC2553652
ENST00000447310 THC2471789
ENST00000361272 THC2469091
ENST00000446344 THC2477166
ENST00000340192 THC2483433
ENST00000422730 THC2623344
ENST00000330194 THC2479447
ENST00000394298 THC2474742
THC2647444
ENST00000535200

ENST00000219400 THC2674917
ENST00000380589 THC2476421
ENST00000370764 THC2474699
ENST00000361713 THC2479168
ENST00000528832 NP1072844
ENST00000434192 THC2476593
ENST00000383054 NP099261

ENST00000314994 THC2524469
ENST00000542699 THC2490781
ENST00000477822 THC2463215
ENST00000340645 THC2582034
ENST00000550173
ENST00000269373 THC2466218
ENST00000443409 THC2648207

ENST00000360862 THC2631220

ENST00000285908 THC2466080
ENST00000293842 THC2561695
ENST00000357164 THC2469568
ENST00000305544 THC2468963
THC2601623
ENST00000259989 THC2473947
THC2481543
ENST00000539838 NP481608
ENST00000507699 THC2744817
ENST00000443046 THC2588789
ENST00000551021 THC2681113
ENST00000425412
ENST00000403056 NP1465532
ENST00000273962 THC2470943
ENST00000377365 THC2685420
THC2695306
ENST00000306910 THC2494886
ENST00000511579 THC2647432
ENST00000527413 THC2463656
ENST00000415417 THC2659873
ENST00000263657 THC2462538
ENST00000326261 NP437544
ENST00000546818 NP1206846
ENST00000458385 THC2502160
ENST00000394786 THC2590372
ENST00000539945 THC2585080
ENST00000428103 THC2745544
ENST00000459846 THC2609431
ENST00000409041 THC2463843
NP1168846
ENST00000441253 THC2480408
THC2646760
ENST00000518198 THC2478238
ENST00000261733 NP1204885
ENST00000515800 THC2554295
ENST00000435388

ENST00000542290 THC2533933
ENST00000517496 THC2584960
ENST00000442755 THC2526769
ENST00000314401 THC2476606
ENST00000394938 THC2563473

ENST00000529828 THC2780717
ENST00000332349 THC2476535
ENST00000290460 NP847024
ENST00000245458 THC2680142
ENST00000396182 THC2474292
ENST00000527547 THC2690888
ENST00000518538 NP1153832
ENST00000307499 THC2481163
ENST00000230449 THC2461519
ENST00000482292 THC2557117
ENST00000341191 THC2595345
ENST00000369466 THC2684205
ENST00000508998 THC2724164
ENST00000318225 THC2479780

ENST00000495775 THC2470647
ENST00000465162 THC2491909
ENST00000392526 THC2636490
ENST00000532435 THC2501734
ENST00000530783 THC2619491
ENST00000368908 THC2476477
ENST00000546580 THC2509034
ENST00000442627
ENST00000367926 THC2602097
ENST00000240285 THC2470459
ENST00000424027 THC2621627
ENST00000303575 THC2505873
ENST00000371091 THC2518457
THC2477025
ENST00000222747 THC2463083
ENST00000377532 THC2491400
THC2529051
ENST00000545080 THC2462434

ENST00000334220 THC2488316
ENST00000507266 THC2552420
THC2547453
ENST00000447197 THC2587510
ENST00000547790 THC2676804

ENST00000537975 THC2466321
ENST00000336061 NP1465592
ENST00000453705 THC2483499

THC2503254
ENST00000222305 THC2561469
ENST00000487279 THC2775319
ENST00000436473 THC2509207
ENST00000542735 THC2476039
ENST00000550402 THC2487348
ENST00000256015 THC2580677
ENST00000319688 THC2464330
ENST00000324659 THC2563500
ENST00000438148
ENST00000442636

THC2508355

ENST00000438509 THC2644805
ENST00000255006 THC2463477
ENST00000399794 THC2538120
ENST00000441626 THC2510564
ENST00000352957 THC2461864

THC2482547

ENST00000374312 THC2483511
ENST00000492160 THC2500456
ENST00000419587

THC2537507

ENST00000258034 THC2480837

ENST00000375094 THC2468768
ENST00000428783 THC2608555
ENST00000543123 THC2541012
ENST00000256646 THC2496862
ENST00000337227 THC2601912

THC2483606

ENST00000293275 NP083493
ENST00000254695 THC2782727

NP1207855

ENST00000373596 THC2632751
ENST00000401533 THC2497461
ENST00000217320 THC2500730
ENST00000409211 NP1242694
ENST00000521585

ENST00000377452 THC2533669

ENST00000422569 THC2555635

ENST00000338426
THC2606519
ENST00000396621 THC2620283
THC2669257
ENST00000434399 THC2577766
ENST00000398922 THC2502407
ENST00000379694 THC2472484
ENST00000467715 NP1154880
ENST00000309495 THC2678200
ENST00000403094 THC2727609
ENST00000468844 THC2588217
ENST00000254942 THC2672053
THC2761499
THC2536518
ENST00000538252 THC2702647
ENST00000428799 THC2473423
ENST00000427421 THC2603998
ENST00000356719 THC2721791
ENST00000547498 THC2504978
ENST00000240636 THC2476439
ENST00000545481 THC2475987
THC2476772
ENST00000503051 THC2658340
ENST00000379859 NP1076141
ENST00000254086 NP1075670
ENST00000309922 THC2467160
ENST00000458064 THC2462680
ENST00000489477 THC2462637
THC2477237
ENST00000252891 THC2732537
ENST00000389838 THC2634442
ENST00000265728 THC2461126
ENST00000328070 THC2470879

ENST00000369915
ENST00000309241 THC2551684
THC2571680
ENST00000487406 THC2533931
ENST00000409599 THC2476465
ENST00000375587 THC2601773
ENST00000483188 THC2509720

ENST00000295453 THC2603490
ENST00000487969 THC2461120

ENST00000381061	THC2538473
	THC2650217
ENST00000339492	THC2469028
	THC2565461
ENST00000497519	THC2503410
	THC2552980
ENST00000453636	THC2727025
ENST00000305885	THC2469346
	THC2483636
	THC2726253
ENST00000537584	THC2502845
ENST00000280333	NP1160185
ENST00000436333	NP1184756
ENST00000335745	THC2763616
ENST00000465629	THC2605002
	THC2603339
ENST00000242057	THC2472989
ENST00000532708	THC2612318
ENST00000556699	THC2621067
	THC2487445
ENST00000374316	THC2492309
ENST00000448588	THC2579173
ENST00000531544	THC2781462
ENST00000432845	THC2498310
	THC2693011
ENST00000507952	THC2614685
ENST00000250448	THC2463841
ENST00000424344	THC2475553
ENST00000273859	THC2463108
ENST00000295736	THC2464309
ENST00000342645	THC2634667
ENST00000317516	NP092224
	THC2644716
ENST00000416617	THC2480653
ENST00000535142	THC2462856
ENST00000360817	THC2553139
ENST00000326427	THC2465196
ENST00000489520	THC2480704
ENST00000352529	NP520196
	THC2753069
ENST00000219551	THC2606656

ENST00000325719 NP1461838
ENST00000357501 THC2463724
ENST00000451255 THC2469485
ENST00000321023 THC2487940
ENST00000547269 THC2463507
ENST00000381261 THC2474953
ENST00000529149 THC2640950
ENST00000376842 THC2473157
ENST00000367030 THC2753992
ENST00000459989 THC2781768
ENST00000278951 THC2666072
ENST00000229214 THC2466393
ENST00000155926 THC2632887
ENST00000439266 NP843831

THC2481520

THC2604842

ENST00000481757 THC2709530
THC2478037

ENST00000526557 THC2525439

ENST00000275184 THC2478951

ENST00000317479 THC2470599

ENST00000491166 THC2569440

ENST00000420579 THC2768846

ENST00000381519 THC2583208

ENST00000461653 THC2502741

ENST00000358389 THC2755730

ENST00000449161 THC2538120

ENST00000359345 THC2510077

THC2657771

ENST00000409422 THC2782455

ENST00000222005 NP1202747

ENST00000455672

ENST00000439238 THC2485200

ENST00000370363 THC2629968

ENST00000329331 THC2706395

ENST00000416485 THC2462615

ENST00000374414 THC2618353

THC2647795

ENST00000392396 THC2470229

ENST00000360272 THC2475146

ENST00000537069 THC2485333

ENST00000228928 THC2473268

ENST00000383657	THC2491384
ENST00000311212	THC2468222
ENST00000519974	THC2782006
	THC2486621
	THC2494738
ENST00000261741	THC2463604
ENST00000393792	THC2492693
	THC2533843
	THC2484657
ENST00000349014	THC2622645
	THC2776275
ENST00000508274	THC2762853
ENST00000461952	THC2523617
ENST00000223029	THC2461044
ENST00000472621	THC2574518
ENST00000422861	THC2682070
ENST00000297613	THC2462516
ENST00000422607	THC2500046
ENST00000397095	THC2471076
ENST00000245185	THC2724128
ENST00000548071	THC2589785
ENST00000376421	THC2603240
ENST00000348610	THC2480690
ENST00000435224	THC2464560
ENST00000476487	
	THC2480765
ENST00000311575	THC2471921
ENST00000236937	THC2603311
ENST00000455854	THC2468958
ENST00000235090	NP367087
ENST00000301665	THC2764275
ENST00000434421	THC2490641
ENST00000474384	THC2522931
ENST00000431601	THC2484574
ENST00000375188	
	NP1141702
ENST00000342239	THC2462909
ENST00000466183	THC2643349
ENST00000426311	THC2581327
ENST00000358229	THC2736140

ENST00000525153	THC2605902
	THC2561390
ENST00000498768	NP1201355
ENST00000511371	THC2465856
ENST00000409157	THC2471090
ENST00000394453	NP1083288
	THC2524411
ENST00000354185	THC2469678
ENST00000244333	THC2462508
ENST00000533604	THC2473052
ENST00000396103	NP1147183
ENST00000474582	THC2552938
ENST00000321039	THC2477983
	THC2639408
ENST00000322989	THC2588831
ENST00000381177	THC2543657
ENST00000431981	THC2684702
ENST00000433642	THC2474530
ENST00000252744	THC2638166
ENST00000445214	THC2545446
ENST00000444484	THC2488257
	THC2506632
ENST00000267889	THC2473310
ENST00000444469	THC2582711
	THC2654949
	THC2634681
	THC2556858
ENST00000366905	THC2657166
ENST00000400427	THC2479511
ENST00000356751	THC2487203
ENST00000409203	THC2705657
ENST00000259351	THC2659438
ENST00000320859	THC2466642
ENST00000360240	THC2519872
ENST00000313334	THC2696269
ENST00000319694	THC2464800
ENST00000305141	NP797325
ENST00000536678	THC2483984

ENST00000502421
ENST00000512914 THC2560083
ENST00000348849 THC2482023
ENST00000494077 THC2523842
ENST00000442563 THC2518604
ENST00000264926 THC2462576
ENST00000084798 THC2631756
ENST00000330514 THC2532130
ENST00000520482 THC2476221
ENST00000340626 THC2714883
ENST00000366910 THC2463986
ENST00000376588 THC2644889
ENST00000445098 THC2486670
ENST00000411591 THC2502195
ENST00000394089 THC2473007
ENST00000458337 THC2556858
THC2474667
THC2632879
ENST00000540176 THC2545270
ENST00000159060 THC2487759
ENST00000539697 THC2473960
ENST00000381227 THC2567436
ENST00000419960 THC2684442
ENST00000497075 THC2494518
THC2498214
ENST00000380702 THC2603099
ENST00000402693 THC2473313
ENST00000368055 THC2624891
ENST00000262482 THC2507701
ENST00000330539 THC2485861
ENST00000491154 THC2492793
ENST00000420155 THC2469051
ENST00000359688 NP1461751
ENST00000282892 THC2466229
ENST00000440619 THC2489908
ENST00000540888 THC2632015
ENST00000310263 THC2662260
ENST00000301071 THC2497914
ENST00000369135 THC2605976
ENST00000484894 THC2784934
ENST00000355201 THC2743997
ENST00000357724 THC2784796
ENST00000552270 NP1459414
ENST00000546243 THC2631070

ENST00000376873 THC2482871
ENST00000452918 THC2497823
ENST00000425271
ENST00000551421 THC2534459
ENST00000441932 THC2493326
THC2551881
THC2739199
THC2776683
THC2474680
ENST00000382466 THC2479744

ENST00000432345 THC2578934
THC2602463
ENST00000512128 THC2690044
ENST00000455293 THC2466493
ENST00000411646 THC2534020
ENST00000465573 THC2558376
ENST00000394435 THC2480398
ENST00000360639 THC2467339
THC2607998
ENST00000352886 THC2468055
ENST00000344693 THC2480142
ENST00000279392 THC2584009
ENST00000540119 THC2496523
ENST00000379607 THC2559655
ENST00000521663 THC2481861
ENST00000318988 THC2573522
ENST00000265340 THC2762311

THC2480970

ENST00000456466 THC2505826
THC2750096
THC2506323
ENST00000375208 THC2469478
ENST00000281317 THC2602252
ENST00000542088 THC2751511
ENST00000315491 THC2500920
ENST00000316433 THC2487427
ENST00000527390 THC2554385
ENST00000442729 THC2558184
ENST00000529672 THC2466828
ENST00000481407 THC2524458

ENST00000424576	THC2465580
ENST00000379276	THC2529296
ENST00000527582	THC2607648
	THC2649633
ENST00000484924	THC2507950
ENST00000261772	THC2576320
ENST00000367368	THC2536543
ENST00000264431	THC2570286
ENST00000439350	THC2476605
ENST00000451997	THC2680891
	THC2564844
ENST00000440168	THC2628112
	THC2604729
ENST00000311350	THC2737614
ENST00000291759	THC2477448
ENST00000307786	THC2613987
ENST00000515204	THC2686416
ENST00000269576	NP096831
ENST00000395676	THC2475720
ENST00000483031	THC2483276
ENST00000475860	THC2558840
ENST00000553652	THC2586592
ENST00000375754	THC2485401
ENST00000372658	THC2519162
ENST00000303037	THC2562346
	THC2641240
ENST00000368039	THC2602337
ENST00000266182	
ENST00000476347	THC2651120
ENST00000346401	THC2559646
ENST00000548470	THC2574523
	THC2591311
ENST00000237822	THC2463192
ENST00000367203	THC2553132
ENST00000423963	
ENST00000542146	THC2675816
	THC2638457
ENST00000371325	THC2644814
ENST00000425802	
ENST00000328118	NP1456997
ENST00000298510	THC2782087
	THC2670760
ENST00000531443	THC2519683

ENST00000297435 THC2478179
ENST00000323433 THC2621952
ENST00000486828 THC2612642
ENST00000250405 THC2517763
THC2601408
ENST00000486305 THC2489230
ENST00000298852 NP1210688
ENST00000229570 THC2607153

ENST00000512120 THC2608654
ENST00000543864 THC2570866
ENST00000531484 NP099839
ENST00000251312 NP287179
ENST00000375916 THC2658629
ENST00000397692 THC2612358
ENST00000513211 THC2615794
ENST00000541730 THC2472080
ENST00000390301 THC2560012

ENST00000265175 THC2466671
ENST00000496205 NP1179542

ENST00000368773 THC2483264
THC2785820
ENST00000303296 THC2521934

ENST00000366695 THC2464539
ENST00000336078 NP1166598
ENST00000485457 THC2475726
ENST00000371064 THC2469777

ENST00000298283 THC2475356
ENST00000490555 NP710712

ENST00000452840 THC2602554
ENST00000297873 THC2479569
ENST00000375077 THC2496529
ENST00000430825 THC2700154
ENST00000300408 THC2538065
ENST00000556386 THC2480834
THC2498666
ENST00000379110 THC2475145

ENST00000414532 THC2624896
ENST00000369957 THC2500304
ENST00000406525 THC2538513
ENST00000449819 THC2665394
ENST00000359158 THC2471502
ENST00000379380 THC2470738
ENST00000423687 THC2561102
ENST00000399249 THC2783036
ENST00000428474 THC2518790
ENST00000202578 THC2491270

ENST00000336937 THC2554005
ENST00000394150 THC2473995
ENST00000473374 NP181652
ENST00000369083 THC2476577
ENST00000393393 THC2489110
ENST00000446801 THC2464641
ENST00000376412 THC2482024
ENST00000380381 THC2504141
ENST00000330288 THC2476163
ENST00000396192 THC2783929
ENST00000507516 THC2757510
ENST00000353442 THC2479346
ENST00000541237 NP1074959
ENST00000538986 THC2653375
THC2616209
ENST00000366577 THC2491590
ENST00000432195 THC2751615
ENST00000478738 THC2601942

ENST00000321956 THC2485477
ENST00000397064
ENST00000464661 THC2569834
ENST00000405010 THC2472172
ENST00000512983 THC2602134
ENST00000432230 THC2780468
ENST00000295666 THC2596412
ENST00000412655 THC2714711
ENST00000423981
ENST00000374466 NP843902
THC2488009
ENST00000416943 THC2624663
THC2652214

ENST00000329505 THC2494393
ENST00000557643 THC2690895
ENST00000532875 THC2562097
ENST00000542385 THC2568931
ENST00000335125
ENST00000536840 NP1247053
ENST00000261625 THC2472575
ENST00000360238 THC2471210
THC2674224
THC2606560
THC2463598
ENST00000376954 THC2637441
ENST00000382289 NP1165352
ENST00000467880 NP1154880
ENST00000381658 THC2472960
ENST00000380952 NP430482
ENST00000485277 NP1466962
ENST00000539324 THC2466764
ENST00000377803
ENST00000264607 THC2660725
ENST00000549135 THC2600562
ENST00000440536
NP100974
ENST00000398136 THC2536867
ENST00000216144 THC2477601
ENST00000456584 THC2490246
ENST00000392306 NP1242879
THC2553854
ENST00000470180 THC2594788
ENST00000375948 THC2603005
ENST00000397027 NP1465858
ENST00000517671 THC2557816
ENST00000242462 THC2483225
THC2759481
ENST00000260443 THC2535982
ENST00000505727 THC2619416
ENST00000291744 NP214832
NP850545
ENST00000419105 THC2579624
ENST00000354631 THC2497545

ENST00000361282 THC2464604
THC2604228
ENST00000477395 THC2517099

ENST00000371724 THC2468851
ENST00000239690 THC2467206
ENST00000476224 THC2494758
THC2517995

ENST00000397573 THC2651021
ENST00000392038 THC2506458

ENST00000356962 THC2676293
THC2606672
ENST00000465368 THC2461940
THC2580404
THC2555910

ENST00000478553 THC2645237
ENST00000316341 NP082784
ENST00000261609 THC2468246
ENST00000449463
ENST00000382477 THC2671154
ENST00000458253 THC2546534
ENST00000298292 THC2753351
ENST00000392411 THC2604374
ENST00000361464 THC2470155
THC2629253

ENST00000390654 THC2489289
ENST00000439157

ENST00000415132 NP1200688
ENST00000396399 THC2605336
ENST00000506102 THC2707275
ENST00000396914 THC2471565
ENST00000390664 THC2483430
ENST00000541070 THC2625298
ENST00000473824 THC2557971
ENST00000494409 NP1165729
ENST00000396032 THC2468946
ENST00000401548 NP1474825
ENST00000219869 THC2488003
THC2608358
ENST00000358812 THC2492910
ENST00000371691 THC2482046
ENST00000376210 NP1155029
ENST00000232458 THC2466659

ENST00000391759 THC2564838
ENST00000301729 THC2464894
ENST00000359894 THC2633206

ENST00000296701 THC2486079
ENST00000263791 NP1159478
ENST00000256544 THC2461150
THC2533120
ENST00000440896 THC2482839
ENST00000338165 THC2472340
ENST00000326544 THC2476574
THC2638856
ENST00000537616 THC2506662

ENST00000331001 NP405008
ENST00000374189 THC2495658
ENST00000461039 THC2470651
ENST00000490885 THC2462726

ENST00000418362

ENST00000502939 THC2687033
ENST00000323881 THC2616649
ENST00000404168
THC2591158

ENST00000406691
ENST00000538474 THC2774767
ENST00000357123 NP1182836
ENST00000368233 THC2487883
ENST00000458478 THC2559414
ENST00000476050 THC2478254
ENST00000475805 THC2563095
ENST00000438717 THC2474654
ENST00000371870 THC2644982
ENST00000374423 THC2606773
ENST00000359543 THC2464796
THC2781570
ENST00000401649 THC2535053
THC2645076
ENST00000536807 THC2746541
THC2758396
ENST00000267973 THC2622868
ENST00000381899 THC2515240

THC2758357
THC2490579
ENST00000316355 THC2601761
ENST00000427401 THC2522309

THC2681754
ENST00000491322 THC2465165
ENST00000204961 THC2466060
ENST00000260045 THC2466914
ENST00000511000

ENST00000507296
ENST00000423681 THC2612324
ENST00000409656 NP649911
ENST00000267460 THC2473460
ENST00000442865

ENST00000539779 THC2602690
THC2653071
ENST00000372684 THC2620142
ENST00000361321 THC2487324

ENST00000557659 THC2503623
ENST00000421344 THC2462521
THC2520792
ENST00000397922 THC2461921
ENST00000556022 THC2461869
ENST00000502721 THC2521282
ENST00000463391
ENST00000396220 THC2467809
ENST00000371501 NP802022
ENST00000177742 THC2739379
ENST00000480432 THC2537342
THC2714905
ENST00000471197 THC2464302

ENST00000338435 THC2462768
ENST00000488994 THC2603486
THC2485372
ENST00000367531 THC2491846
ENST00000525839 THC2487810
ENST00000377961 THC2470494

ENST00000420283	THC2611476
ENST00000393017	THC2463017
ENST00000414705	THC2477830
	THC2706090
ENST00000376810	THC2467753
ENST00000308906	THC2485521
ENST00000411890	THC2483377
ENST00000379989	NP094330
ENST00000419564	THC2626971
ENST00000532821	
ENST00000379589	THC2466008
ENST00000469678	NP1180354
ENST00000323081	NP440664
	THC2494436
ENST00000372836	THC2510464
ENST00000504115	THC2521077
ENST00000540643	THC2527375
ENST00000260118	THC2599658
ENST00000437477	THC2609653
	THC2677895
ENST00000520401	THC2510596
ENST00000429723	THC2708665
ENST00000515348	THC2463355
ENST00000394945	THC2650060
ENST00000437750	THC2464371
ENST00000523607	THC2470873
ENST00000368695	NP862678
ENST00000439527	THC2746225
ENST00000379772	THC2606641
	THC2491689
ENST00000313485	THC2499886
	THC2521935
ENST00000487330	THC2520194
ENST00000312189	THC2472002
ENST00000538172	THC2480734
ENST00000299665	THC2479035
ENST00000388807	THC2503055
	THC2485719

ENST00000246151 THC2534622
ENST00000456172 THC2629850
ENST00000361283 THC2461889
ENST00000479610
ENST00000336133 THC2468200
ENST00000393593 THC2466837
ENST00000260599
ENST00000520259 THC2508825
ENST00000439211 THC2554389
ENST00000360787 THC2584981
ENST00000361441 THC2588489
ENST00000356509 THC2462447
ENST00000550839 THC2786638
THC2509132
ENST00000326775 THC2463400
THC2498284
ENST00000443554 THC2612780
ENST00000442440 THC2670565
ENST00000342584 THC2461953
ENST00000423155 THC2652465
ENST00000393656 NP1072287
ENST00000366911 THC2748891
ENST00000291892 THC2575922
ENST00000437994 THC2478874
ENST00000408959
THC2514554
THC2486576

ENST00000357076 NP079302
ENST00000372712 THC2494890
ENST00000342537 THC2473977
ENST00000489767 THC2561212
ENST00000256497 THC2506108
ENST00000371198 THC2489539

THC2494726
ENST00000323666 THC2521081
ENST00000378056 THC2568435
ENST00000355530 THC2602852
ENST00000316793 THC2624717
ENST00000416057 NP1474588
THC2513537
THC2601387

ENST00000471055 THC2483555

ENST00000433602 THC2470469

ENST00000229465 NP1147275

ENST00000340384 NP1153870

ENST00000304271 THC2613960

ENST00000374377 THC2481007

ENST00000374915 THC2618315

ENST00000372690 THC2479018

ENST00000490314

ENST00000409006 THC2480912

THC2706090

NP852558

ENST00000359526 THC2469174

ENST00000222305 THC2548179

THC2591511

THC2486189

ENST00000337682 THC2472594

ENST00000534910 THC2462895

ENST00000265000 THC2466922

ENST00000252593 THC2754175

ENST00000344492 THC2576370

THC2551826

THC2478720

THC2600290

ENST00000424948 THC2644607

ENST00000316212 THC2536043

THC2475501

ENST00000409396

ENST00000353598 THC2502138

ENST00000519479 NP363632

ENST00000375481 THC2486805

ENST00000463675 THC2554847

ENST00000360526 THC2469521

ENST00000353065 THC2479819

ENST00000343123 THC2501992

THC2474680

ENST00000264596 THC2472815

ENST00000283195 THC2656156

ENST00000440689
THC2632879
ENST00000466751 THC2499417
ENST00000313961 THC2470137
ENST00000538532 THC2674428
THC2633554
ENST00000391697
ENST00000436046 THC2462438
ENST00000362003 THC2463034
ENST00000394341 THC2770230
THC2576171
ENST00000287202 NP852756
ENST00000261625 THC2472575
ENST00000250144 THC2778644

ENST00000358375 NP957263
ENST00000294661 THC2605970
ENST00000357489 THC2466864
ENST00000510755 THC2575559
THC2648133
ENST00000396200 THC2466932
ENST00000418391 THC2470123

ENST00000261659 THC2481495
THC2504912
ENST00000430421 THC2487121
ENST00000438022 NP369786
ENST00000374131 THC2466288
ENST00000258052 THC2506877
ENST00000494077 THC2600787

ENST00000393048 THC2467490
ENST00000434399 THC2500811
ENST00000420702 THC2473271
ENST00000375713 THC2752485
ENST00000482512 NP856886
ENST00000392699 NP1241274
THC2555197
ENST00000398332 THC2485290
ENST00000343801 THC2472502
ENST00000338560 NP1153158
ENST00000527851 NP650669
ENST00000539898 THC2508588

ENST00000318801 THC2476856
ENST00000376533 THC2583057
ENST00000491397 THC2482509
ENST00000442892
THC2719594
ENST00000315571 THC2470993
ENST00000254719 THC2483833

ENST00000276440 THC2502737
ENST00000543807 THC2708308
ENST00000518062 THC2461553
ENST00000406539 NP1145208
THC2748966
ENST00000357495 NP1190980
THC2520531
ENST00000426995 THC2487932
ENST00000494591 THC2580997
ENST00000373662 THC2548393
ENST00000490434 THC2482477
ENST00000297581 THC2475700
THC2488976
ENST00000378302 THC2466552
ENST00000544462 THC2462102
THC2497917

ENST00000369209 THC2527714
THC2474667
ENST00000487682 THC2467657
ENST00000449105 THC2706478
ENST00000286523 THC2656133
ENST00000220913 THC2463343

ENST00000481165 THC2584652
ENST00000461330 THC2785822
ENST00000244137 THC2470176
ENST00000368017 THC2601903
ENST00000440426 THC2493180
ENST00000438320 THC2469132
ENST00000506618 THC2482306
ENST00000348624 THC2631185
ENST00000505722 THC2471119
THC2518202

ENST00000420982 NP1210509
ENST00000261845 THC2469096
ENST00000512658 THC2749087
ENST00000373586 NP082180
ENST00000247225 THC2463640
ENST00000538008 THC2667593
ENST00000434376 NP494816
ENST00000335350 THC2471370
ENST00000482868 THC2531649
ENST00000433677 THC2484877
ENST00000528069 THC2764863
ENST00000302262 THC2466367
ENST00000244061 THC2786640
ENST00000436374 NP1474726
ENST00000542828 THC2461147
ENST00000412204 NP1402414
THC2612780
ENST00000489050 THC2603997
ENST00000485934 THC2619126
THC2482167
ENST00000294732 NP1456422
THC2614014
ENST00000373057 THC2586941
THC2546670
THC2562926

ENST00000527613 THC2519361
ENST00000457056 THC2472740

ENST00000474306 THC2781164
ENST00000302291 THC2506144
ENST00000380235 THC2507472
ENST00000498493 THC2788990
ENST00000373232 THC2546616
ENST00000446386 THC2478277
ENST00000396075 THC2530394

ENST00000328396 THC2476049
THC2626747

THC2502933
ENST00000398888 THC2491702
ENST00000468262 THC2659478
ENST00000310413 NP924729

ENST00000317897 THC2686812
ENST00000395127 THC2768881
ENST00000405217 THC2548647

ENST00000288757 THC2698598
THC2686626
ENST00000268058 THC2461229

ENST00000484786 THC2505758
ENST00000307808 THC2548161
ENST00000521696
ENST00000378000
ENST00000407600 THC2482491
ENST00000269577 THC2469765

ENST00000549004 THC2725477
THC2727574
ENST00000301725 THC2513742
ENST00000471481 THC2713812
ENST00000475135 THC2482155

ENST00000470487 THC2463396
THC2515414
ENST00000535237 THC2601409
ENST00000367647 THC2737488
ENST00000543757 THC2541274
ENST00000394607 THC2607100
THC2476417
THC2696204
ENST00000373093 THC2489648
ENST00000367164 THC2742786

ENST00000397223 THC2620672
ENST00000372435 THC2468463
NP105946
THC2494020

ENST00000340957 THC2464216
ENST00000407977 THC2476115
ENST00000455164 THC2489881
ENST00000422556 THC2609660
ENST00000251453 THC2529528
ENST00000383765 THC2724391
ENST00000525397 NP1175661

ENST00000541147 THC2487688
ENST00000461584 THC2557981
THC2565908

ENST00000429494 NP1160722
THC2474667

ENST00000392043

ENST00000539605 THC2491507

ENST00000263681 THC2500490
THC2686826

ENST00000541016 THC2501799

ENST00000532619 THC2479763

ENST00000320486 THC2474027

ENST00000535717 THC2701813

ENST00000359094 THC2639145

ENST00000350030 THC2509917

ENST00000251268 THC2472692

ENST00000416240 THC2466855

ENST00000476623 THC2464694

ENST00000301717 THC2517081

ENST00000257070 THC2462908

ENST00000409160 THC2685338
THC2512107

ENST00000310430 THC2624504

ENST00000261643 THC2467603

THC2513598

THC2611459

ENST00000373844 THC2603209

ENST00000261461 THC2468761

ENST00000216361 THC2466352
THC2546214

THC2471066

THC2483097

ENST00000311181 THC2652716

ENST00000330777 THC2601569

ENST00000403324 THC2515016

ENST00000305231 THC2467742

ENST00000344517 THC2463247

ENST00000414071
ENST00000506750 THC2469193
ENST00000528618 NP708435
THC2488548
ENST00000481810 THC2464151
ENST00000295749 THC2472174
ENST00000435439 THC2481503
ENST00000496839 THC2580629
ENST00000246662 THC2484332
ENST00000480549 THC2475897
ENST00000305899 THC2481403
ENST00000395257 THC2608852
ENST00000372114 THC2491512
ENST00000282003 THC2603079
ENST00000360128 THC2461211

ENST00000543508 THC2484424
ENST00000530629 THC2766690
THC2605895
ENST00000457976 THC2648833
THC2714082
ENST00000541412 THC2493842
ENST00000478938 THC2557161

ENST00000225402 THC2763179
ENST00000469806 THC2690000
ENST00000525023 THC2552980
ENST00000557582 THC2785883
THC2520829

ENST00000330884 THC2489112
ENST00000308664 THC2466948
ENST00000461177 THC2475899
ENST00000341533 THC2473006
ENST00000352989 THC2621146
ENST00000380424 NP181511
THC2629690
ENST00000409469 THC2502536

ENST00000400396 THC2509837
ENST00000507126 THC2469785
ENST00000377525 THC2500620
ENST00000432857 NP076552
ENST00000462751 THC2596173

ENST00000545210 THC2744685

ENST00000437833 THC2680205

ENST00000380171 THC2534495
ENST00000327154 THC2477708
ENST00000409603 NP082957
THC2497980

ENST00000330333 THC2468305
ENST00000497617 THC2700780
ENST00000487811 THC2545003
THC2614589

NP798948

ENST00000246657 THC2462511
ENST00000368431 NP1148520
ENST00000489052 THC2464868
ENST00000369146 THC2629537
THC2660571

ENST00000486996 NP349912
ENST00000367935 THC2477431
ENST00000309988 THC2627579
ENST00000366784 THC2474397
ENST00000482370 THC2552479
ENST00000284116 NP495966
ENST00000290705 THC2486497
ENST00000318442 THC2473757
THC2515879

ENST00000246535 THC2602527
ENST00000490322 NP1151633
ENST00000302904 THC2687896
ENST00000155840 NP1158069
ENST00000357083 THC2485557
ENST00000339875 THC2483811
ENST00000388995 THC2494386
ENST00000304374 NP511193
ENST00000416124

ENST00000373232 THC2546616
ENST00000216223 THC2462560
ENST00000536854 THC2556182

ENST00000519796 THC2591698

ENST00000472564 THC2599880

ENST00000290974 THC2623946

ENST00000496244 THC2480421

ENST00000370901 THC2476972

ENST00000455671 NP1174696

ENST00000522521 THC2782590

ENST00000503585 THC2705505

THC2481823

ENST00000265460 THC2674754

ENST00000396208 THC2474560

THC2701769

ENST00000476261 NP087141

ENST00000377615 THC2665926

ENST00000463032 THC2493515

ENST00000269138 THC2466492

ENST00000432792 THC2464236

ENST00000366960 THC2461992

ENST00000425081 THC2550315

ENST00000409785 THC2493256

ENST00000296135 THC2467148

ENST00000444948 THC2717837

ENST00000394588 THC2473252

ENST00000221978 THC2608014

ENST00000275072 THC2493020

ENST00000543734 THC2695819

THC2492624

ENST00000221859 THC2584169

ENST00000549378 THC2608876

ENST00000408913 THC2475408

ENST00000466548 THC2462818

THC2478452

ENST00000506222 THC2613364

ENST00000535558 NP1211323

ENST00000369908 NP283210

ENST00000321424 THC2478774

ENST00000372642 THC2471443

NP850566

ENST00000381056 THC2556942

ENST00000505317 NP166810
ENST00000345122 THC2546429
ENST00000489349 THC2533725
ENST00000370574 THC2462645
ENST00000343666 THC2461412

ENST00000525946 THC2467910
ENST00000433935 THC2475258
ENST00000526009 THC2580128

ENST00000367167 THC2477280
ENST00000436353 THC2649395
ENST00000282032 THC2462917
ENST00000533482 THC2786110

ENST00000416930
THC2545830
ENST00000369272 THC2479764

ENST00000262498 THC2602087
ENST00000319481 THC2467356
ENST00000419510 THC2466565
THC2498239
ENST00000353383 THC2463828
ENST00000261405 THC2468950
ENST00000409876 THC2699203
ENST00000361911 THC2481876
ENST00000314355 THC2461683

ENST00000388931 THC2488587
ENST00000465244 THC2493474
ENST00000360338 THC2602898

THC2509767
ENST00000296312 THC2584523
ENST00000219689 THC2673360
THC2482657

ENST00000521168 THC2484406
THC2535318

ENST00000355520
ENST00000234798 THC2478934
ENST00000310594 THC2463569
ENST00000264552 THC2548076

ENST00000437186 THC2462069
ENST00000430040 THC2633655
ENST00000419566 THC2700152
ENST00000534358 THC2562732
ENST00000399245 THC2493503
ENST00000505682
ENST00000472304 THC2479612
ENST00000452037
ENST00000333511 THC2484414

ENST00000043410 THC2625757

ENST00000519954 THC2655581
ENST00000397712 NP1467265
ENST00000361681 THC2587432
ENST00000323735 THC2717760

THC2666220

ENST00000377566 THC2479609
ENST00000438747 THC2471899
ENST00000489683 THC2486779
ENST00000540727 THC2545993

THC2492624

ENST00000420937 THC2483620
ENST00000373306 THC2620435
ENST00000442480 THC2603615
ENST00000390237 NP1073961
ENST00000412655 THC2714711

ENST00000290730 THC2488725
ENST00000335119 THC2461601
ENST00000399398
ENST00000293404 THC2661443
ENST00000457371
ENST00000295025 THC2474586
ENST00000321253 THC2628673
ENST00000515312 THC2605406
ENST00000440783 THC2466680
ENST00000490264 THC2604914
ENST00000395064 NP1191738

ENST00000340553 THC2478884
ENST00000303965 THC2461402

THC2651002

ENST00000373212 THC2584326
ENST00000377077 NP1193880
ENST00000305513 THC2471173
ENST00000485563 THC2470635
ENST00000481647 THC2547480

THC2577892
THC2690543

ENST00000393915 THC2462062
ENST00000358721 THC2522695
ENST00000519517 THC2494284
ENST00000498712 THC2756126
ENST00000259818 THC2493629
ENST00000253692 THC2518564
ENST00000422466 THC2509932
ENST00000442660 THC2494145
ENST00000464668 THC2471335
ENST00000487732 THC2537449
ENST00000367142 THC2473944
ENST00000370703 NP600893

ENST00000391932 THC2572583
ENST00000005340 THC2466717
ENST00000391480

THC2482426

ENST00000367612 THC2474733
ENST00000425059 THC2553472
THC2695149
NP851030

ENST00000555156 THC2728788
THC2495082

ENST00000555379 THC2491719
ENST00000450752 NP862098
ENST00000556854 THC2481979
THC2727429
THC2578707

ENST00000330439 THC2497960

ENST00000555688 THC2502655

ENST00000311936	THC2644863
	THC2705939
ENST00000452870	THC2483182
ENST00000273067	THC2606222
ENST00000354882	THC2495758
ENST00000544650	THC2467470
	THC2623999
ENST00000300976	THC2461163
ENST00000367943	THC2702411
ENST00000219334	THC2475296
ENST00000467020	THC2504865
ENST00000290354	THC2472161
ENST00000513914	THC2635498
ENST00000529574	THC2479085
ENST00000262294	THC2466521
ENST00000441493	THC2754891
ENST00000281471	THC2462734
ENST00000368845	THC2492435
ENST00000496192	THC2484218
ENST00000399918	NP1214363
ENST00000486408	THC2643258
	THC2488074
ENST00000404127	THC2528773
ENST00000334151	THC2491022
ENST00000503935	THC2679826
	THC2671219
ENST00000075430	THC2735040
ENST00000446848	THC2738144
ENST00000380258	THC2611322
ENST00000398571	THC2550075
ENST00000360345	NP957271
ENST00000536684	THC2493170
ENST00000381191	THC2609844
ENST00000504964	THC2628781
ENST00000381800	THC2544977

ENST00000285093 THC2469571
ENST00000369077 THC2620630

THC2609189

ENST00000418333 THC2490361
THC2648010

ENST00000550078 NP1160256

ENST00000539466 THC2506672

ENST00000013222 NP1154708

ENST00000368851 THC2473378

THC2480574

THC2621883

ENST00000367208 THC2612579

ENST00000435879 NP1159534

ENST00000551557 THC2570780

THC2609308

ENST00000370305 THC2737058

ENST00000338965 THC2540431

THC2484035

ENST00000412690 THC2546439

ENST00000375272 THC2480263

ENST00000216484 THC2534739

ENST00000467458 THC2613474

ENST00000478562 THC2507122

ENST00000370767 THC2691820

ENST00000447390 THC2478316

ENST00000389874 THC2480287

ENST00000322989 THC2561806

ENST00000371315 THC2488599

ENST00000266546 THC2783574

ENST00000374389 THC2469516

THC2616237

ENST00000423230 THC2494441

ENST00000396750 THC2483924

ENST00000447295 THC2485366

ENST00000413907 THC2469029

THC2670597

THC2624839

ENST00000306450 THC2618566

ENST00000458386 THC2586740

ENST00000215115 THC2569874

ENST00000460131 THC2544952

ENST00000264785 THC2529789
ENST00000527677 THC2721650
ENST00000458257 THC2772068
ENST00000370280 THC2556481
ENST00000329198 THC2474236
ENST00000536758 THC2670953
ENST00000264720 THC2469215
ENST00000495554 THC2503722
ENST00000382761 THC2508216
THC2501290

ENST00000286688 THC2477903
ENST00000389693 THC2490143
ENST00000443008

ENST00000480991 THC2514091
THC2550171
ENST00000407308 NP482416
ENST00000545075
ENST00000326382 THC2614609
ENST00000533507 THC2470752
ENST00000381070 THC2462119
ENST00000395813 THC2469929
ENST00000473689 THC2761833
ENST00000428309 NP1196005
ENST00000444985 THC2619600

ENST00000301327 THC2776509
ENST00000518175 THC2693656
ENST00000396791 THC2473823

ENST00000375036 THC2526627
ENST00000293618 THC2496982
ENST00000398957 NP852683
ENST00000449378 NP1159617
ENST00000416124 THC2610265
ENST00000370870 THC2521651
ENST00000397942 THC2471627
ENST00000323267 THC2462238

ENST00000412149 THC2481983
ENST00000467919 THC2539661
ENST00000392000 THC2486418

THC2492671
ENST00000464756 THC2471778
ENST00000460725 NP649911
ENST00000379350
THC2615674
ENST00000537664 THC2461383
THC2490217
ENST00000462493 THC2479131
ENST00000543695 THC2518496
ENST00000240093 THC2477676
ENST00000352077 THC2630982
ENST00000429368 THC2501795

ENST00000503470
ENST00000257549 THC2463846
THC2506834
ENST00000377386 NP509640
ENST00000542800 THC2479725
ENST00000469079 NP650911
ENST00000394549 THC2493473
THC2540212
ENST00000374747 THC2578095
THC2491457
ENST00000306730 THC2471512
ENST00000420175 NP1150152
THC2696284

ENST00000319560 THC2476955
ENST00000404970 THC2497144
ENST00000531484 NP099839
ENST00000477665 THC2481653

ENST00000468016 THC2786011
ENST00000511388 THC2470695
ENST00000402522 THC2681866
ENST00000490104 THC2624774
ENST00000461043 THC2556205
ENST00000452732 THC2514450
ENST00000416496 THC2602752

ENST00000372325
ENST00000261900 THC2601072
ENST00000342579 THC2477971
ENST00000304414 THC2465359

THC2461864
ENST00000505319 THC2656683
ENST00000539837 NP1185673
ENST00000320285 THC2604685
ENST00000296302 THC2476281
ENST00000543983 THC2463876
ENST00000483432 THC2461136
ENST00000355199 THC2478679
THC2486223
ENST00000436406 THC2550557
ENST00000265737 NP076758
ENST00000553323 THC2595666
ENST00000393079 THC2496079
ENST00000480218 THC2672726
ENST00000302541 THC2472683
ENST00000368573 THC2639156
ENST00000334516 THC2725599
ENST00000392456 THC2483382
ENST00000542587 THC2668786
ENST00000422691 THC2478718
ENST00000409580 THC2461162
ENST00000326348 THC2488190
ENST00000554320 THC2577495
ENST00000546160 THC2482466
ENST00000550687
ENST00000331244 THC2467899

ENST00000264658 THC2474412
THC2577343
THC2481012
ENST00000527649 THC2466317
THC2731238
ENST00000262288 THC2469391
ENST00000185206 THC2472970
ENST00000258149 NP402045
ENST00000379378 THC2703251
THC2531465
ENST00000541051 NP839374
ENST00000392550 THC2462073
ENST00000331536 THC2472830
ENST00000496777 THC2468085
ENST00000545356 THC2471925
ENST00000519691 THC2668323

ENST00000339381 THC2628404
NP704200
ENST00000361842 THC2520400
ENST00000552912 THC2463705
ENST00000467679 NP819189
ENST00000262738 THC2518473
ENST00000460265 THC2657865
ENST00000392837 THC2766100

THC2667604
ENST00000343048 THC2479996
ENST00000415377 THC2756195
ENST00000470518 THC2507346
ENST00000399306
ENST00000461647 THC2464415
ENST00000472070 THC2612458
ENST00000545054 THC2593006
ENST00000312916 THC2483275

ENST00000411694 THC2665577
ENST00000537385 THC2477127
ENST00000419462 THC2490918
ENST00000381464 THC2461806
THC2660992
ENST00000433290 THC2691539
THC2775058
THC2492330

ENST00000494738 THC2500832
ENST00000542898 THC2480793
ENST00000557440 THC2503264
ENST00000382790 THC2478454

ENST00000474333 THC2670818
ENST00000358573 THC2743988
ENST00000236137 THC2485904
ENST00000470541 THC2466712
ENST00000392382 THC2472296
ENST00000251413 THC2469404
ENST00000436353 THC2480665
ENST00000262795 THC2601007
THC2530070
NP1154550

THC2605239
ENST00000229251 NP1200265
ENST00000413539 THC2461374
ENST00000492277 THC2583262
ENST00000420691 THC2618569
ENST00000446593
ENST00000540413 THC2464137

ENST00000265742 THC2714975
ENST00000282074 THC2471167
ENST00000379485 THC2492106
ENST00000239457 THC2686140
ENST00000548571 THC2489190
ENST00000400841 NP287346
ENST00000477256 THC2574229
ENST00000391704 THC2488104
ENST00000371060 THC2656113
THC2497692
ENST00000392209 THC2478773

ENST00000360465 THC2475449
ENST00000262648 THC2604583
ENST00000503050 THC2776662
ENST00000505109 THC2670954
ENST00000277554 THC2472845
ENST00000473769

ENST00000416753 THC2468630
ENST00000413918 THC2640072
ENST00000264995 THC2469728
ENST00000357369 NP1179542
ENST00000393886 NP1190831
THC2482267
ENST00000288022 THC2467033
ENST00000449720 THC2564779
ENST00000394507 THC2462431
ENST00000507841 THC2528610

ENST00000260585 THC2646531
ENST00000471524 THC2467318
ENST00000389623 THC2710840
ENST00000517671 THC2538372
ENST00000258281 THC2710448

THC2480074

ENST00000329967 THC2466645
ENST00000415568 NP417800
ENST00000262430 THC2713666
ENST00000301790 THC2485151
ENST00000277541 THC2600916
ENST00000378861 THC2609516
ENST00000320778 THC2486045
ENST00000328585 NP1074767
ENST00000344861 THC2461043

THC2565834

ENST00000538452 THC2470000

ENST00000439745
ENST00000375418 THC2483062
ENST00000473633 THC2515155
ENST00000361842 THC2513139
ENST00000381365 THC2478577
ENST00000430296 THC2607517
ENST00000290158 THC2465238

ENST00000392951 THC2537883
ENST00000411845 THC2505531
ENST00000486930 THC2572366
ENST00000424587 THC2530756

ENST00000340023 THC2478865
THC2507863
THC2695149
ENST00000394391 NP1199055
ENST00000448327 THC2649843

ENST00000424627 THC2616907
ENST00000473558 THC2553670
ENST00000428462 THC2479543
ENST00000394485 THC2544449
THC2495304
ENST00000399379 THC2775857
ENST00000281741 THC2472328

ENST00000370934 NP1243840

ENST00000390375 NP285372
THC2570346

ENST00000539896 THC2513589
ENST00000555157 THC2695821
ENST00000263341 THC2469206
ENST00000269518 THC2489904
ENST00000381883 THC2464590
ENST00000519973 THC2528213
ENST00000459912 THC2498814
NP1245239

ENST00000408926 THC2479574
ENST00000335694 THC2602718
THC2532263

ENST00000428131 THC2555384
ENST00000407800 THC2486503
ENST00000478754 THC2687255

THC2637313
THC2475195

ENST00000398786 THC2601385
ENST00000291554 THC2468650
ENST00000382079 THC2473016
ENST00000361983 THC2468095
ENST00000324306 THC2495998
ENST00000264716 THC2467135
ENST00000471652 THC2465003
ENST00000524614 THC2471715
ENST00000458492 THC2503411
ENST00000424094 THC2652951
ENST00000485255
ENST00000287667

ENST00000369123
ENST00000327154 THC2621303
ENST00000301258 THC2464313

ENST00000396197 THC2473024

ENST00000306894 THC2469952
ENST00000465870 THC2633052
THC2534846
ENST00000380834 THC2632128

ENST00000472501 NP1191838
ENST00000521696
ENST00000543192 THC2470646
ENST00000255608 THC2466054
ENST00000502332 THC2619553
ENST00000513345 THC2492217
ENST00000392844 THC2494824
ENST00000437310 NP1397489

ENST00000298585 THC2474009
ENST00000514646 THC2734765
ENST00000378156 THC2657755
ENST00000295971 THC2596373

ENST00000505713 THC2619799
ENST00000527910 THC2469420
THC2606605
ENST00000464850 THC2477897
ENST00000358043 NP1177317
ENST00000535746 THC2562319
ENST00000344279 THC2616801
ENST00000370322 THC2558398
ENST00000463841 THC2524112
ENST00000368372 THC2491979
ENST00000460680 THC2468901
ENST00000479086 THC2606179
ENST00000424167 THC2564325
ENST00000272645 THC2462327
ENST00000395549 NP839145
ENST00000482540 THC2601241
ENST00000398067 THC2521288
ENST00000436860 THC2559678
ENST00000543305 THC2506921
NP093318
ENST00000379781 THC2677305
ENST00000466971 THC2478617
ENST00000357736 THC2509559

ENST00000508527 THC2607852
ENST00000543373 THC2601367
ENST00000266991 THC2477436

ENST00000376548 THC2627139
ENST00000507766 THC2499653

ENST00000392161 THC2484435
THC2522321
ENST00000417245 THC2657787
ENST00000374493 THC2472794
ENST00000373045 THC2481680
ENST00000422989 THC2480316

ENST00000378024 THC2462835
ENST00000517489 THC2553393
ENST00000409357 THC2549031
ENST00000359676 THC2475248
ENST00000292095 THC2536763
ENST00000463835 THC2632416
ENST00000303596 THC2588729
ENST00000424531 THC2481492
ENST00000483146 NP1466834

ENST00000310125 THC2483011
ENST00000261590 THC2462389

THC2726030
ENST00000456292 THC2539248
THC2620084
ENST00000221482 THC2541364
ENST00000342683 THC2657260
ENST00000474451 THC2473618
ENST00000406877 THC2738175
ENST00000340434 THC2604177
ENST00000485662 THC2515948
ENST00000270139 THC2463658
NP1141702
ENST00000388824 THC2473313
ENST00000531443 THC2519683
ENST00000508963 THC2574437
THC2754018
ENST00000375256 THC2604877
ENST00000298556 THC2479985
ENST00000344649
ENST00000372889 NP830363
ENST00000078429 THC2462137
ENST00000481062 THC2567067

ENST00000493104 THC2535043
ENST00000457794 NP924649

THC2527315

ENST00000463155 THC2776246
ENST00000443940

ENST00000525262 THC2466271
ENST00000437688 THC2746233
ENST00000281243 THC2554860
ENST00000519690 THC2569129
ENST00000522287 THC2486050

ENST00000409175 THC2462640

ENST00000422473 THC2619411

ENST00000429121 THC2555110
THC2485653

ENST00000474833 THC2599203
ENST00000507272 THC2570615
ENST00000329078 THC2465062
ENST00000313382 THC2491332
ENST00000403951 THC2618656
ENST00000486082 THC2559491
ENST00000290863 THC2470503
ENST00000292779 THC2469857
ENST00000479916 THC2542054
ENST00000309311 THC2567217
ENST00000301200 THC2470448
ENST00000523123 THC2606106
ENST00000245304 THC2466093
ENST00000432729 THC2472596

ENST00000461527 NP1166635
THC2481757

ENST00000432984
ENST00000373464 THC2541138

ENST00000451195 THC2522799

ENST00000482742 THC2507756
ENST00000409497 THC2515616
THC2618341
ENST00000400921 THC2560022

ENST00000379892 THC2617060
ENST00000372396 THC2507374
ENST00000361264 THC2468846
THC2481823

ENST00000374449 THC2468077
ENST00000394077 THC2483185
ENST00000371069 THC2492824
ENST00000374269 THC2471180
ENST00000439502 NP1201640
THC2583960
ENST00000324464 THC2606065

ENST00000441510 THC2776820
ENST00000306846 THC2476788
THC2523617

ENST00000297439 THC2474440
ENST00000359744 THC2478509
THC2636678
ENST00000543531 THC2757650
THC2559030
ENST00000279387 THC2526568
ENST00000553174 THC2641433
ENST00000366779 THC2481234
ENST00000521053 THC2480285
THC2616150
ENST00000369563 THC2464005
ENST00000307660 THC2547335
ENST00000393693 THC2483607
ENST00000392369 THC2488402
ENST00000369307 THC2544685
ENST00000441890 THC2589070

ENST00000458191 THC2624259
ENST00000289292 THC2508182
ENST00000368494 THC2585188
ENST00000356317 THC2617994
ENST00000376092 THC2485382
THC2616041

ENST00000413357
ENST00000546718 THC2708682
ENST00000405520 THC2609525

ENST00000401897 THC2602150
ENST00000535631 NP183062
ENST00000219478 THC2472849
ENST00000370366 THC2466336
ENST00000406376 THC2578871
ENST00000439660
ENST00000409310 THC2475376
THC2476948
ENST00000413623 THC2627052
ENST00000486519 THC2535653
ENST00000404645 THC2485687
NP1472476

ENST00000352552 THC2501550
ENST00000522329 THC2588431
ENST00000540105 THC2672350
ENST00000396023 THC2715673
ENST00000295628 THC2502664
ENST00000361499 NP1166301
ENST00000467773 THC2602516
ENST00000314412 THC2478524
THC2545288
ENST00000401096 NP080460
ENST00000543299 THC2477895
ENST00000447747 THC2677201
ENST00000257897 THC2473691
ENST00000372583 THC2628065
ENST00000338264 NP425855
ENST00000245816 THC2618084
THC2636056

THC2635298
ENST00000545089 THC2482691
ENST00000284320 THC2467883
ENST00000355640 THC2477022
THC2540172
ENST00000356260 THC2462518
ENST00000441947 THC2485435
THC2604825
ENST00000543879 THC2497809
ENST00000494563 THC2522735
ENST00000444558 THC2584522
ENST00000456334 NP349539
ENST00000533940 THC2788524

ENST00000529412 THC2760204

ENST00000309048 THC2480218

ENST00000203630 NP1181127

ENST00000359171 THC2680831

ENST00000546083 THC2480534

ENST00000230012 THC2474651

ENST00000357257 THC2493513

ENST00000377791 THC2611545

ENST00000395215

ENST00000344375 THC2487648

ENST00000278282 THC2472230

ENST00000308086 THC2525470

ENST00000415552 THC2534596

ENST00000467534 THC2481424

ENST00000442128 THC2478079

THC2471096

ENST00000246801 THC2479004

ENST00000382040 THC2464214

ENST00000505555 THC2545930

ENST00000372273 THC2466081

ENST00000325686 THC2476075

THC2492496

ENST00000390285 NP083331

ENST00000366116 THC2612300

ENST00000368771 THC2643480

ENST00000441418 THC2481129

ENST00000475407 THC2461491

ENST00000430222 THC2638015

ENST00000454497 THC2603393

ENST00000356607 THC2466937

ENST00000270451 THC2619470

ENST00000378751 THC2477633

THC2626291

ENST00000249064 THC2496139

ENST00000247191 THC2759529

ENST00000429274 THC2484463

ENST00000453179
ENST00000352957 THC2461864
ENST00000394115 THC2483714
ENST00000453135 THC2507628
ENST00000300026 THC2576354
ENST00000388820 THC2471027
THC2541083
ENST00000500161 THC2550377
ENST00000313664 THC2692179
THC2783617
ENST00000392757 NP1464917
ENST00000488292 THC2522104
ENST00000401695 THC2495601
THC2784169
ENST00000344889 NP1215005
ENST00000456252 THC2607309

ENST00000216115 THC2472392
ENST00000447197 THC2581881
THC2558373
ENST00000082259 THC2484342
ENST00000375253 THC2477302
ENST00000514045 THC2548368
THC2640786
NP1164839
ENST00000325680 THC2463595
ENST00000395741 THC2466888

ENST00000537510 THC2461143
ENST00000535746 THC2562319
ENST00000337102 THC2469994
ENST00000442531 NP1200974
ENST00000370978 THC2473010
ENST00000328546 NP673877

ENST00000395524 THC2668041
ENST00000505341 THC2515602
THC2503193
ENST00000493317 THC2567183
ENST00000446689
ENST00000370702 THC2536988
ENST00000323813 THC2474583

ENST00000262992	THC2527814
ENST00000286298	THC2477870
ENST00000410117	
	THC2690760
ENST00000296161	THC2500723
	THC2495306
ENST00000326474	THC2607966
ENST00000483009	THC2547757
	THC2490425
	THC2650217
	THC2712321
ENST00000481340	NP164738
ENST00000339078	THC2557844
ENST00000380274	THC2471270
ENST00000520549	THC2647981
ENST00000277895	THC2601723
ENST00000425231	THC2482157
	THC2653551
ENST00000398495	THC2535621
	THC2606386
ENST00000492277	THC2586740
ENST00000296581	THC2465157
ENST00000429853	THC2700888
ENST00000393597	THC2489915
	THC2492281
ENST00000367679	THC2519930
ENST00000522122	THC2462284
ENST00000337673	THC2467459
ENST00000371666	THC2525132
ENST00000522791	THC2606400
ENST00000320865	THC2508009
	THC2497423
ENST00000444149	THC2498273
ENST00000265375	THC2576553
ENST00000447110	THC2485160
ENST00000541269	THC2477129
ENST00000262630	THC2760977
ENST00000510871	THC2467007
ENST00000308108	THC2464997
ENST00000498671	THC2543909

ENST00000439392 THC2665927
ENST00000389924 THC2613300

ENST00000477102 NP1251004
THC2627593
ENST00000416234 THC2607065

ENST00000379160 THC2564058
ENST00000488361 THC2503077
THC2515301

ENST00000434007

ENST00000014930 THC2749761
ENST00000382951
ENST00000370663 THC2602609

ENST00000398425 THC2514545
ENST00000324632 THC2472863
ENST00000334346 THC2479741
ENST00000531182 THC2551177
ENST00000261296 THC2607666
THC2514211

ENST00000382291 THC2623370
ENST00000471149 NP165089
ENST00000368485 THC2464791
ENST00000491439 THC2498940
THC2505237

ENST00000435404 NP1080488
ENST00000269097 NP1177191
THC2525615
THC2493596

ENST00000265036 THC2464879
ENST00000366877 THC2679732
ENST00000343376 THC2668248
ENST00000426529 THC2577766
THC2514726

ENST00000358422 THC2488668
ENST00000496902 THC2484995
ENST00000490041 NP081731
ENST00000492988 THC2527349
THC2715283

ENST00000440756 THC2463015

ENST00000318130 THC2474417
ENST00000314683 THC2464792
ENST00000546616 THC2752312

ENST00000539945 THC2765251
ENST00000261811 THC2580943
THC2535044
ENST00000317005 THC2602086
ENST00000342665 THC2635393
ENST00000485282
ENST00000334793 NP084686

ENST00000482652 THC2602338
ENST00000466750 NP088555
THC2482738

ENST00000473558 THC2579203
ENST00000515818 THC2559600
ENST00000392876 THC2634997
ENST00000357552 THC2471422
ENST00000319685 THC2486377
ENST00000318065 THC2463258
ENST00000342144 THC2479423
ENST00000544916 THC2466647
ENST00000524877 THC2485899
ENST00000370994 THC2560370
ENST00000368896 THC2478116

ENST00000488970 NP1456694
ENST00000394391 NP1199055
ENST00000287226 THC2632941
ENST00000507391
ENST00000524185 NP852571
ENST00000323361 NP1167666
ENST00000423112
ENST00000382938 THC2479001
ENST00000458605 THC2463180

ENST00000395094 THC2471158

ENST00000375661 THC2756002
ENST00000375922 NP1133814

ENST00000356183 NP1277458

THC2493925
THC2632406
ENST00000404894 THC2774405
ENST00000554666 THC2501246
ENST00000377186 THC2719635
ENST00000492213 THC2723376
ENST00000274458 THC2466865
ENST00000307229 THC2494202
ENST00000541086 THC2462398
ENST00000357909
ENST00000376478 NP1250099
THC2598763

ENST00000375298 THC2660987
ENST00000239761 THC2464756
THC2608630
ENST00000543954 THC2777571
ENST00000483864 THC2464550
ENST00000409510 THC2629377
ENST00000370966 THC2464864
ENST00000507296 THC2680858
ENST00000356725 THC2477649
ENST00000473896 THC2544962
NP106769
ENST00000382755 THC2505393

ENST00000477367 THC2713331
ENST00000412119 THC2678942
ENST00000423555 NP095106
ENST00000476149 THC2469615
THC2572671
ENST00000468381 THC2595453
ENST00000395589 THC2498728
ENST00000442267 THC2601089
THC2691182
ENST00000288839 THC2474395
THC2616799
THC2533385
ENST00000275053 THC2660807
ENST00000306051 THC2479798
ENST00000443378 THC2551794
ENST00000412804 THC2607229
ENST00000399799 THC2600076
ENST00000481175 THC2615669

ENST00000380013 THC2760409
NP1174665

ENST00000512312 THC2478414
ENST00000442993 THC2464901

ENST00000270645 THC2463561
ENST00000467767 THC2568043

ENST00000284509 NP1161033
ENST00000451510 THC2628364
ENST00000367716 THC2649241

ENST00000354886 THC2508180
ENST00000406259 THC2477703
ENST00000414645 THC2492988
ENST00000529783 THC2616392
ENST00000361574 THC2560561
ENST00000542247 NP1466068
ENST00000522885 THC2788420
ENST00000248211 THC2464972
ENST00000259457 THC2688393
ENST00000443016 THC2525092
ENST00000418495 THC2535265
ENST00000502512 THC2623460
ENST00000493862 THC2535515
ENST00000472411 THC2580653
ENST00000389488 THC2719149
THC2681479

ENST00000366478 THC2481814
ENST00000381278 THC2462020
THC2538255
THC2486295

ENST00000378441 THC2607300
ENST00000452476 THC2463719
ENST00000438516 THC2594684

ENST00000552456 THC2464507
ENST00000468812 THC2518674
ENST00000453579 THC2695419
ENST00000372883 NP1154852
THC2547105

ENST00000394096 NP1186357
ENST00000374440 THC2697013
ENST00000403506 THC2573429
THC2619969

ENST00000351328 NP370473
ENST00000533975 THC2726753
ENST00000383698 THC2476028
ENST00000223858 THC2478901
ENST00000509932 THC2621047
ENST00000456448 THC2533847
ENST00000252744 THC2625843
ENST00000444663 THC2709754
ENST00000527670 THC2474980
ENST00000427442 THC2473233

ENST00000370238 THC2462240
ENST00000398514 THC2578103
ENST00000527079
ENST00000342266 THC2480621
ENST00000511119 THC2617740
ENST00000238647 THC2476741

ENST00000359995 THC2593967

ENST00000552724 NP704967

ENST00000268206 THC2694479
ENST00000486462 THC2532730
ENST00000422497 THC2464322
ENST00000417703 THC2465483
THC2610223

ENST00000292524
ENST00000402229 THC2469047
ENST00000335628 THC2463342
ENST00000377982 THC2506591
ENST00000422514 THC2542574
ENST00000436473 THC2559567

ENST00000262366 THC2559400
ENST00000223190 THC2489789
ENST00000342607 THC2495834
ENST00000434858 NP1155176

ENST00000396630 THC2475760
THC2552922

ENST00000261588 THC2601869
ENST00000493317 THC2483614

ENST00000279477 THC2475815

ENST00000484134 THC2520794
ENST00000398813 THC2563513
ENST00000427775 THC2604081
THC2686196
THC2538618

ENST00000376277 THC2779158
ENST00000292599 THC2466490
ENST00000368192 THC2650475
THC2474019

ENST00000423208 THC2601737
ENST00000331302 THC2486836

ENST00000351660 NP182181
ENST00000220514 THC2473317

ENST00000421016 THC2491369
THC2730026

ENST00000487125 NP104334
ENST00000358130 THC2471344
ENST00000465242 THC2464348
ENST00000557057 THC2484179

ENST00000394059 THC2488313
ENST00000272223 THC2471795
ENST00000300128 THC2769180
ENST00000359362 THC2477869
ENST00000368629 THC2730511

ENST00000357214 THC2469815
ENST00000373210 THC2470921
ENST00000394938 THC2501675
ENST00000336798 THC2481044
ENST00000358293 THC2464088
ENST00000523856 THC2472081
ENST00000323019 THC2463325

	THC2533120
ENST00000299201	THC2476209
ENST00000418581	THC2504023
ENST00000318673	THC2630591
	THC2641682
ENST00000512335	THC2523097
	THC2471066
	THC2550570
ENST00000371483	THC2493366
ENST00000454651	THC2545510
ENST00000300127	THC2613790
ENST00000300584	THC2524342
ENST00000391859	THC2466912
ENST00000482669	THC2711667
ENST00000553672	THC2463309
ENST00000340087	THC2473015
	THC2486074
ENST00000262124	THC2466740
ENST00000349460	THC2474036
ENST00000445174	THC2629275
ENST00000486863	NP1165573
ENST00000381771	THC2464408
ENST00000431796	THC2515016
ENST00000167218	THC2462147
ENST00000372339	THC2467843
ENST00000374888	THC2704022
ENST00000369389	NP224595
ENST00000498308	THC2464334
ENST00000226105	THC2485200
ENST00000413636	THC2511472
ENST00000366838	THC2546497
ENST00000369937	THC2731573
ENST00000440804	THC2475423
ENST00000303260	THC2696552
ENST00000398803	THC2468700
ENST00000538167	THC2533676
ENST00000394269	THC2482504
ENST00000543555	THC2542361
ENST00000393437	THC2501240
ENST00000544824	
ENST00000392403	THC2728146
ENST00000240316	THC2467262

ENST00000332810 THC2677651
ENST00000535946 THC2549682
ENST00000329805 THC2476792
ENST00000355727 THC2553900
ENST00000405673 THC2523717

ENST00000454617 THC2468611
ENST00000265149 THC2476479
ENST00000557410 THC2464594

ENST00000300896 THC2472078

THC2585044
ENST00000286548 THC2492537
ENST00000422343 THC2689165
ENST00000448814 THC2492166

ENST00000425871 THC2521087
ENST00000393817 THC2472578
ENST00000550984 THC2466869
THC2636507
ENST00000442808 THC2502108
THC2746386

ENST00000397899 THC2464951
ENST00000261517 NP1403881
THC2546362
ENST00000350125 THC2610438
THC2610533
ENST00000367403 THC2588898
ENST00000487844 THC2594488
ENST00000427970 THC2603925
ENST00000539212 THC2651312
THC2529818
ENST00000294383 THC2491591

ENST00000323274 THC2467882

ENST00000437911 NP852703
ENST00000476830 THC2769616
ENST00000538311 THC2464235
ENST00000383778 THC2461846
ENST00000424323 THC2465708
ENST00000489572 THC2663516

ENST00000378905	THC2489358
ENST00000323199	NP1140699
ENST00000543662	THC2476145
	THC2601447
	THC2525475
ENST00000532292	THC2475539
ENST00000524079	THC2693793
ENST00000383038	THC2476450
ENST00000532927	NP1467544
ENST00000236938	THC2463353
ENST00000242783	NP1466502
ENST00000399634	NP100565
ENST00000372057	THC2473666
ENST00000373840	THC2690216
ENST00000256442	THC2521325
ENST00000375370	THC2468763
ENST00000359047	NP404792
ENST00000358372	THC2549338
	THC2532393
ENST00000398114	THC2638776
ENST00000316316	THC2475085
	THC2579332
ENST00000412204	THC2562220
ENST00000515818	THC2559600
ENST00000349937	THC2504286
ENST00000491831	THC2788578
ENST00000392944	THC2464217
ENST00000493317	THC2567183
ENST00000396398	THC2465797
ENST00000313608	THC2771073
ENST00000322810	THC2479415
ENST00000439527	THC2469348
ENST00000220496	THC2754880
ENST00000424959	THC2497272
ENST00000483873	THC2534408
ENST00000481501	THC2749618
ENST00000469273	NP322453
ENST00000291890	NP080923
ENST00000297375	THC2479471
ENST00000512441	THC2461238
ENST00000359069	

ENST00000361453 THC2588692

THC2773489

ENST00000310355 NP1401906

ENST00000512623 THC2517595

ENST00000368320 NP1188879

THC2502013

ENST00000359210 NP1454992

THC2607451

ENST00000388761 THC2479559

THC2685963

THC2523212

ENST00000448102 THC2643564

ENST00000316881 THC2660764

THC2486001

ENST00000470551 THC2461360

ENST00000448701 NP113453

ENST00000343853 THC2751555

ENST00000462315 THC2646191

ENST00000395635 THC2726741

ENST00000551259 THC2507398

ENST00000456133 NP1212094

ENST00000370474 THC2476896

THC2509620

ENST00000538717 THC2477174

ENST00000466770 NP1466986

THC2475197

THC2484170

THC2542065

ENST00000372200 THC2484168

ENST00000409190 THC2472226

ENST00000415831 THC2625911

ENST00000481123 THC2521982

THC2463907

ENST00000392839 THC2487963

ENST00000376352 THC2603423

ENST00000424390 THC2561433

ENST00000491816 THC2605183

ENST00000215095 THC2478477

ENST00000485173 THC2478017
ENST00000304567 THC2465430
ENST00000369073 THC2477890
ENST00000403208 THC2519638
THC2481163

ENST00000423709 THC2607581
THC2484269
ENST00000326505 THC2462855
ENST00000556245 THC2461612
ENST00000380278 THC2621916
ENST00000467611 THC2647449
ENST00000522483 THC2471418
ENST00000300650 THC2700785
ENST00000427779 THC2472993

ENST00000261609 THC2468246

ENST00000262622 THC2603946
ENST00000339488 NP304631
ENST00000452440

ENST00000361452 THC2531972
ENST00000333762 THC2524705
ENST00000302692 THC2462385
NP340945
ENST00000533983 THC2493386
ENST00000452536 THC2469850
ENST00000293230 THC2463884
ENST00000361016 THC2472175
ENST00000498285 THC2518175
ENST00000458693
ENST00000245903 THC2690209
THC2644625
ENST00000342173 THC2487160

ENST00000260442 THC2482780
ENST00000225969 THC2472245
ENST00000521702 THC2539304
ENST00000415332 THC2476856
THC2603952
ENST00000498035 THC2475945

ENST00000550010 NP1204387
ENST00000413750 THC2471670
ENST00000475297 THC2472593

ENST00000458059 THC2473049
ENST00000458386 THC2581106
ENST00000549259 THC2563118
ENST00000409160 THC2489573
ENST00000381341 THC2508422
ENST00000361318 THC2461489
ENST00000379091 THC2484417

ENST00000540499 THC2535304
ENST00000221954 THC2480634
ENST00000481885 THC2581108
ENST00000423488 NP1151875

ENST00000458235 THC2477733
ENST00000392739 THC2554858
ENST00000495873 THC2574163
ENST00000332301 NP922670

ENST00000279873 THC2495461
ENST00000440600 NP181148
ENST00000526405 NP868942
ENST00000322146 THC2509842
THC2483463
ENST00000505117 THC2470510
ENST00000285420 THC2463970
ENST00000391970 THC2534274
ENST00000326474 THC2607966
NP1141702
ENST00000481539 THC2640819

ENST00000352732 THC2491788
ENST00000530537 THC2470583
ENST00000313777 THC2464745
ENST00000470376 THC2615016
ENST00000424576 THC2498354
ENST00000396106 THC2490529
ENST00000420712 THC2543507
THC2610880
THC2493425
ENST00000554011 THC2467864

ENST00000263121 THC2534747
ENST00000372544 THC2464208
ENST00000465887 THC2641129
ENST00000423166 THC2567537
ENST00000546292 THC2479299

ENST00000537889 THC2469544
THC2662571
ENST00000444355 THC2619294
ENST00000539700 THC2465137
ENST00000377723
ENST00000313250 THC2466731
ENST00000538239 THC2652456

ENST00000537937 NP1472890
ENST00000441638
ENST00000377137 THC2606894

ENST00000224167 THC2470120
THC2607390
ENST00000380009 THC2498538

ENST00000489821 THC2490448

ENST00000416231 THC2606103
ENST00000369169 THC2605922
ENST00000443314 THC2734611
ENST00000393909 THC2461474
ENST00000322349 THC2471292
ENST00000533509 THC2772378
ENST00000245812 THC2466039
ENST00000249075 THC2691430
ENST00000232461 THC2765695
ENST00000430130
ENST00000437898 THC2640193
ENST00000247005 THC2476648
ENST00000324822 THC2653073
ENST00000468487 THC2469648
ENST00000396346 THC2467994
ENST00000428002 NP337149
ENST00000376864 NP1073075

ENST00000371711 THC2461719

ENST00000370824 THC2512547

ENST00000480213 THC2596886

ENST00000458006

ENST00000305188 THC2470411

ENST00000217893 THC2537311

ENST00000369622 THC2467734

THC2650821

ENST00000450028

ENST00000404792 NP600964

ENST00000390477 NP1073023

ENST00000373170 THC2717314

ENST00000426970 THC2472346

ENST00000263382 THC2468162

ENST00000503753 THC2602435

ENST00000370141 NP1134757

ENST00000472446 THC2631884

ENST00000327861 THC2747756

ENST00000545967 THC2488524

ENST00000389032 THC2511352

ENST00000443378 THC2553428

ENST00000423380 THC2635199

ENST00000503241 THC2571657

ENST00000455824 NP1457473

ENST00000475774 THC2780402

ENST00000416551 THC2480797

ENST00000302424 THC2466524

homolog (avian) THC2532795

ENST00000524125 THC2732119

ENST00000373475 THC2525155

THC2492227

ENST00000397418 THC2544172

ENST00000339594 THC2601960

ENST00000504136 THC2482078

ENST00000322128 THC2602388

ENST00000367079 THC2472900

ENST00000335648 THC2473606

THC2662545

ENST00000220888 THC2473234

ENST00000537609 THC2469008
ENST00000431849 THC2585138
ENST00000357650 THC2475673
ENST00000346528 THC2596935
ENST00000360526 THC2469521
THC2495211
ENST00000388711 THC2519454
THC2610631
ENST00000488087 THC2578066
ENST00000478176 THC2687620
ENST00000373505 THC2469144
THC2591614
THC2786593
THC2502232
ENST00000477676 THC2614739
ENST00000495126 THC2478058
ENST00000544228 THC2464464

ENST00000324807 NP1454850
ENST00000374018 THC2579571
ENST00000170168 THC2612197
THC2494672
ENST00000434399 THC2577766
ENST00000333319 THC2473269
ENST00000221975 THC2548810
ENST00000478502 THC2525564
ENST00000421890 THC2620687
ENST00000322989 THC2471362
ENST00000418277 THC2500629
ENST00000373433 THC2652618
ENST00000356338 NP079941

ENST00000389195 THC2492027
ENST00000540394 THC2498629
ENST00000274137 THC2582420
ENST00000390345 THC2521558
ENST00000424429 THC2520989
ENST00000407079 THC2708793
ENST00000382225 THC2483708
THC2522945
ENST00000400768
ENST00000556956 THC2466496
ENST00000457010 THC2462877
ENST00000441556 THC2617126

ENST00000333050 THC2470433
ENST00000494313 THC2604824
ENST00000375523 THC2480220
ENST00000327320 THC2603594
ENST00000372903 THC2479981
ENST00000338366 THC2479106
ENST00000314222 THC2463112
ENST00000469451 NP108440
ENST00000270815 NP1207254
ENST00000424219
ENST00000378954 THC2493259
ENST00000532504 THC2610455
ENST00000222374 NP398054

ENST00000436174 THC2629826
ENST00000486056 NP085317
THC2522453
ENST00000461307 THC2497839
ENST00000254868 THC2482803
ENST00000301015
ENST00000541206 NP1206024
ENST00000242784 THC2579518
ENST00000257527 THC2602485
ENST00000371337 THC2536683
ENST00000538421 NP1161208
ENST00000283027 THC2463686
ENST00000283109 THC2462076
ENST00000381105 THC2500456
ENST00000383511 THC2560132
ENST00000431677 THC2695911
ENST00000373408 THC2464676
ENST00000440774 THC2548215
ENST00000389942 THC2763466
ENST00000490501 THC2480628
ENST00000412096 THC2613578
ENST00000227507 THC2503533
ENST00000339444 NP957214
THC2717460
THC2566934
ENST00000414530 THC2489277

ENST00000286201 THC2462537
ENST00000476538 THC2499800
ENST00000448595 THC2642798

THC2497493
THC2584444
ENST00000430297 THC2496935
ENST00000374454 THC2468601
ENST00000380502 THC2525167
ENST00000395947 THC2567104
ENST00000368147 THC2473987

ENST00000440246 THC2712541

ENST00000543357 THC2479577

ENST00000337401 THC2471172
ENST00000324361 THC2462888
ENST00000540519 THC2486791
ENST00000379361 THC2653928
ENST00000339078 THC2479348
ENST00000360771 NP1159483
THC2656073

ENST00000405940 THC2604915
THC2667705
ENST00000373347 THC2623198
ENST00000395678 THC2531727
ENST00000474804 NP077621
ENST00000434130 THC2604711

ENST00000335174 THC2471653
ENST00000395114 THC2495360
ENST00000520114 THC2732365
ENST00000262753 NP286844
ENST00000507142 NP1168571
ENST00000396780 THC2532072
THC2682661
ENST00000332228 NP167053
ENST00000544063 THC2608357
NP411921
ENST00000357672 THC2468466
ENST00000262624 THC2517997
THC2760220
ENST00000521764
ENST00000549098 THC2588287
ENST00000246506 THC2533395
ENST00000355057 THC2476532

ENST00000493868	THC2566941
	THC2476426
ENST00000326877	THC2539173
ENST00000482695	THC2474170
ENST00000397156	NP1188843
ENST00000464589	THC2498249
ENST00000305641	THC2466440
ENST00000226382	THC2477381
ENST00000236192	THC2474856
	THC2707285
ENST00000482921	THC2490517
ENST00000498165	THC2475752
ENST00000389997	THC2473398
ENST00000262067	THC2509235
ENST00000477168	THC2495901
ENST00000330133	THC2463906
ENST00000469505	THC2754291
	THC2650217
ENST00000268148	THC2503092
ENST00000258729	THC2487846
ENST00000455950	THC2469210
ENST00000371162	THC2481542
ENST00000485551	THC2479231
ENST00000496479	NP1276710
ENST00000434114	THC2572798
ENST00000400020	THC2471502
ENST00000528953	
ENST00000407622	THC2489289
ENST00000437741	NP1186276
ENST00000382172	THC2461260
ENST00000525295	THC2730077
ENST00000471065	THC2723254
ENST00000216807	THC2464301
ENST00000391851	NP1243329
ENST00000536190	THC2551655
	THC2471096
ENST00000332281	THC2481392
ENST00000426067	

ENST00000511316 THC2502562
ENST00000380698 THC2545168
ENST00000256442 THC2470208
ENST00000260447 THC2677752
ENST00000333628 THC2495718
ENST00000481483 THC2636456
ENST00000244051 THC2472488

ENST00000485081 THC2463666
ENST00000532280 THC2468758
THC2499216
ENST00000536291 THC2552656
ENST00000431300 THC2494870

ENST00000330070 THC2472197
ENST00000374870 THC2492784
ENST00000395323 THC2738167
ENST00000299335 THC2465816
ENST00000535572 THC2550989
ENST00000460276 THC2498048
ENST00000555138 THC2685600
THC2703546

ENST00000382488 THC2485730
ENST00000268793 THC2472083
THC2482602
THC2492321
THC2587207
THC2509527

ENST00000425519 THC2504790
THC2550884
ENST00000337537 THC2467542

ENST00000302874 THC2473959
ENST00000477769 THC2630409
ENST00000476012 THC2709548
ENST00000221784 THC2463349
ENST00000439137 THC2535623
ENST00000446075 THC2462486

ENST00000398049
ENST00000369041 THC2677560

ENST00000374884 THC2601023
ENST00000505471 THC2473452

THC2617250
ENST00000485438 THC2491822

THC2490178

ENST00000389057 THC2491363
THC2532432
THC2493810

ENST00000216733 THC2691780
ENST00000283946 THC2492073
ENST00000245539 THC2495156
ENST00000269349 THC2509236
ENST00000321753 THC2602221
ENST00000537466 THC2461939
ENST00000527658 THC2748099

ENST00000395238 THC2554165
ENST00000537937 NP1472890
ENST00000265537 THC2466548
ENST00000370193 THC2484319
ENST00000378166 THC2483337
ENST00000535786 THC2490195
ENST00000367254 THC2606592
ENST00000557121 THC2640402

ENST00000366801 THC2472145
ENST00000370654 THC2509004
THC2570319

ENST00000413183 NP1074417
ENST00000431281 THC2638470
ENST00000542371 THC2527107
ENST00000296147 THC2478250
ENST00000543689 THC2486443
ENST00000496360 NP1161088
ENST00000282259 THC2476733
ENST00000252996 THC2491483
NP1167333
ENST00000278742 THC2468365

ENST00000343666 THC2494437
ENST00000449135 THC2529849
ENST00000434056 THC2462444
ENST00000485910 THC2577143

THC2490731
ENST00000421851
ENST00000421059 THC2629558

THC2688744
THC2486935
ENST00000447610
ENST00000401393 THC2588840
ENST00000380095 NP883181
ENST00000474774 THC2735825

ENST00000448379 THC2710241
ENST00000357635 THC2714674
THC2552880
ENST00000481189 THC2505028
ENST00000460601 THC2586373
ENST00000399409 THC2500514
ENST00000392613 NP1150712
ENST00000424094 THC2652951
THC2654170
ENST00000523779 THC2489025

ENST00000369519 NP1247843
ENST00000264276 THC2462529
THC2682124
ENST00000554732 THC2503396
ENST00000493790 THC2475637
ENST00000355078 THC2547295
ENST00000312457 THC2487602
ENST00000479015 THC2466936
ENST00000519496 THC2504563
ENST00000327435 THC2588118
THC2670652
ENST00000339619 NP404987
ENST00000221975 THC2565101
ENST00000296215 THC2462395
ENST00000485005 THC2514456
ENST00000372654 THC2516193
ENST00000368325 THC2471381

ENST00000494077 THC2594981
ENST00000262813 THC2472431
THC2484299

ENST00000304477 THC2486743
ENST00000265354 THC2466344
THC2540697
ENST00000432148 THC2698682
ENST00000415638 THC2474289
THC2499620
ENST00000503572
ENST00000506176 THC2640237
THC2558116
THC2660500

ENST00000490296 THC2490568
ENST00000444034 THC2701421
THC2480487

THC2552265
ENST00000246785 THC2582537
ENST00000359323 NP119378
ENST00000436493 THC2499995
ENST00000376476 THC2538172
ENST00000359678 THC2768043
ENST00000296577 THC2469886

ENST00000308214 THC2462277
ENST00000449391
ENST00000554026 THC2530145
ENST00000425276 THC2478181
ENST00000304372 THC2528087
ENST00000547254 THC2627206

ENST00000380818 THC2487518

ENST00000478824 THC2656978
ENST00000368261 THC2555909
ENST00000253669 THC2608001
ENST00000485420 THC2586662
ENST00000341255 THC2462399
ENST00000374610 THC2471838
ENST00000392590 THC2467382
ENST00000471362 THC2480185
ENST00000450736 THC2472566
ENST00000511647 THC2462608
ENST00000479406 THC2584230

ENST00000459860 THC2577722
ENST00000269389 THC2582240
ENST00000501748 THC2534630

ENST00000361171 THC2732761
ENST00000393656 THC2492293
ENST00000312033 NP1242542
ENST00000315808 THC2660219
ENST00000358820 NP1475647
ENST00000328300 THC2605603

THC2515414
ENST00000462299 THC2479059
THC2601754
ENST00000520794 THC2633790
ENST00000396409 THC2470903
THC2605119
ENST00000444347 THC2463817
ENST00000361794 THC2601178
ENST00000462775 THC2471249
ENST00000317965
ENST00000338548 THC2639814
ENST00000361564 THC2539368
ENST00000377626 THC2474681
ENST00000006967 NP104107
ENST00000253055 THC2473483
ENST00000392859 NP922729
ENST00000488771 THC2655240

ENST00000442267 THC2601089
THC2550884
THC2644716
ENST00000548472 THC2610817
ENST00000480194 THC2580491
ENST00000376168 THC2479503
ENST00000543248 NP092838
THC2618341
ENST00000310442 THC2471405
ENST00000391852 NP1188826
ENST00000465044 THC2486434
ENST00000326181 THC2469070
ENST00000369679 THC2464084
ENST00000431261 THC2466541
ENST00000382175 THC2559600

ENST00000455995 THC2477251
ENST00000236147 THC2468826
ENST00000392282 THC2468336
ENST00000328762 THC2472467
THC2615996
ENST00000403537 THC2480248

THC2474955
ENST00000376535
ENST00000533601 THC2494401
ENST00000463805 THC2475697
ENST00000458386
ENST00000378722 THC2678952
ENST00000390293 NP186136
ENST00000268035 THC2461723
ENST00000373614 THC2652583

ENST00000369470 THC2478451
ENST00000376795 THC2492868

ENST00000481823 THC2472215
ENST00000508190 THC2473688
ENST00000535674 THC2469602
ENST00000267522 THC2490581
ENST00000497705 THC2475536
ENST00000251287 THC2473872
ENST00000465679 THC2650920

ENST00000352983 THC2551101

ENST00000372310 THC2615837
ENST00000462741 THC2462110
THC2637940
ENST00000484040 THC2482445
ENST00000320159 THC2473309
ENST00000290216 THC2498248

ENST00000233838 THC2461100
ENST00000543500
ENST00000352301 THC2566009
THC2612183
ENST00000295256 THC2475033
ENST00000303991 THC2464237

ENST00000371876	THC2464571
ENST00000424214	THC2602974
	THC2497009
ENST00000338257	THC2476258
ENST00000479406	THC2583776
ENST00000282096	THC2472240
	THC2504691
ENST00000466974	THC2622096
ENST00000396446	THC2472972
	THC2481470
	THC2471403
ENST00000426875	THC2601597
ENST00000378536	THC2465126
	THC2578046
	THC2670911
ENST00000225688	THC2466358
	THC2626473
	THC2606770
ENST00000427280	THC2593447
	THC2479024
ENST00000322340	THC2655264
ENST00000399188	NP1133302
ENST00000254846	THC2601820
ENST00000521804	
	THC2648557
ENST00000401624	THC2600935
ENST00000545155	THC2462924
ENST00000401878	THC2521212
ENST00000468776	NP1459775
ENST00000407995	THC2677560
ENST00000003607	THC2603680
ENST00000382387	THC2663731
ENST00000481407	THC2503966
ENST00000260276	THC2531358
ENST00000376512	THC2520588
ENST00000280346	THC2468415
ENST00000493171	NP1456583
ENST00000442510	THC2468590
ENST00000344463	THC2506978
ENST00000301093	THC2501456

ENST00000355192 THC2571089

ENST00000388711 THC2519454

ENST00000313683 NP1159435
THC2644639

ENST00000395538 NP349818

ENST00000372539 THC2482498

ENST00000522255 THC2463973

ENST00000368012 THC2471020

ENST00000436044 THC2616462

ENST00000397228 THC2484982

ENST00000450791 THC2539407

ENST00000162391 THC2715851

ENST00000379123

ENST00000302060 THC2461278

ENST00000484801 THC2502979

ENST00000371269 THC2497269

ENST00000548221 THC2701147

ENST00000414019 THC2472101

ENST00000412021 THC2491631

ENST00000488500 NP1154415

ENST00000403657 THC2531282

ENST00000404537 THC2770984

ENST00000329665 THC2549297

ENST00000342350 THC2703788

ENST00000473756 THC2615048
THC2656106

ENST00000537825 NP210153

ENST00000394769 THC2486039

ENST00000464560 THC2472077

ENST00000464106 THC2567014

ENST00000370220 THC2467167

ENST00000425890 THC2602834

ENST00000478254 THC2620018

ENST00000261714 THC2625618

ENST00000367208 THC2612579

ENST00000412401 THC2607461
THC2520127

ENST00000290730 THC2488725

ENST00000557061 THC2536364

ENST00000299633 THC2468716

ENST00000538112 THC2475513

ENST00000355673 THC2466235

ENST00000476823 NP1165055

ENST00000375662 THC2475284

ENST00000335624 THC2607038

ENST00000301093 THC2474215

ENST00000252816 THC2709411

ENST00000258091 THC2589623

ENST00000414162 NP1141922

ENST00000460761 NP1133302

ENST00000479162 THC2462098

ENST00000199320 THC2579757

THC2464296

THC2646184

GO

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0002009(morphogenesis of an epithelium)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003845(11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase [NAD(P)] act
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005759(mitochon
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001503(ossification)|GO:0001666(response to hyp
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001525(a
GO:0003993(acid phosphatase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006766
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular r
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi ap
GO:0003847(1-alkyl-2-acetyl glycerophosphocholine esterase activity)|GO:0005543(phospholipid bi
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0005602(complement component C1
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0003700(sequence-specific
GO:0001568(blood vessel development)|GO:0003007(heart morphogenesis)|GO:0005178(integrin

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(r
GO:0001102(RNA polymerase II activating transcription factor binding)|GO:0003677(DNA binding)|
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extrac
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:00
GO:0005178(integrin binding)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesi
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0002158(osteoclast proliferation)|GO:0004872(rec
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:(
GO:0001758(retinal dehydrogenase activity)|GO:0004029(aldehyde dehydrogenase (NAD) activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0001758(retinal dehydrogenase activity)|GO:0004029(aldehyde dehydrogenase (NAD) activity)
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho GTPase activator activity)|GO:0005622(in
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001829(trophectodermal cell differentiation)|

GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005604(

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001665(alpha-N-acetylgalactosaminide alpha-2,6-sialyltransfer
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000792(r
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(c

GO:0005634(nucleus)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(me
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005625(soluble fraction)|

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0007229(integrin-mediated signaling pathway)
GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0045
GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoske

GO:0004047(aminomethyltransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondric
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(:

GO:0001656(metanephros development)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma men

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:(
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0004181(metalloprotease activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(ext
GO:0005634(nucleus)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(me
GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0001567(cholesterol 25-hydroxylase activity)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005783(endo
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP bindir
GO:0005328(neurotransmitter:sodium symporter activity)|GO:0005332(gamma-aminobutyric acid:
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003714(transcriptior
GO:0004061(arylformamidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000582
GO:0003774(motor activity)|GO:0005923(tight junction)|GO:0016459(myosin complex)|GO:00300
GO:0001553(luteinization)|GO:0001822(kidney development)|GO:0005515(protein binding)|GO:00

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0006103(2-oxoglutarate met:

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005164(tumor necrosis factor receptor binding)|GO:000552

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0005096(GTPase

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0002576(plate

GO:0000346(transcription export complex)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:C
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recomb

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0004012(phospholipid-
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000710(meiotic mismatch repair) | GO:0000795(synaptonem:
GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:000573

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle) | GO:0000187(activation of MAPK activity) | GO:000

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0003700(s

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0004012(phospholipid-
GO:0005515(protein binding) | GO:0005856(cytoskeleton) | GO:0007155(cell adhesion) | GO:0007156

GO:0005515(protein binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0006469(negative regulation of protei
GO:0004177(aminopeptidase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0006508(proteolysis) | GO:
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0001570(v

GO:0005328(neurotransmitter:sodium symporter activity) | GO:0005332(gamma-aminobutyric acid:
GO:0001525(angiogenesis) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005886(plasma membrane) | GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004017(adenylate kinase activity) | GO:0005524(ATP binding)
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003777(microtubule motor activity) | GO:0005524(ATP bindir

GO:0002087(regulation of respiratory gaseous exchange by neurological system process) | GO:00037
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005615(e
GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005576(extracellular region)
GO:0005634(nucleus) | GO:0005654(nucleoplasm) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0006355(regulation
GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytc
GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(c
GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0007155(cell adhesion)
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000185(activation of MAPKKK activity) | GO:0004672(protein

GO:0005634(nucleus) | GO:0005643(nuclear pore) | GO:0015031(protein transport) | GO:0016020(me
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity) | GO:0005267(potassium channel activity) | GO:0005

GO:0005068(transmembrane receptor protein tyrosine kinase adaptor activity) | GO:0005070(SH3/S
GO:0003674(molecular_function) | GO:0005575(cellular_component) | GO:0008150(biological_proce
GO:0003677(DNA binding) | GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0005515(protein bind

GO:0003823(antigen binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006955(immune response)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001818(negative regu
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0008270(zinc
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fracti
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0030054(cell junction)|C

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003777(microtubule motor activ
GO:0001568(blood vessel development)|GO:0003007(heart morphogenesis)|GO:0005178(integrin
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005001(transmembrane receptor protein tyrosine phosphatas

GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005769(early endosome)|GO
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005001(tr

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(c
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004465(lipoprotein lipase activity)|GO:0005515(protein binding)|
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC

GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0004862(cAMP-dependent protein kinase inhibiti
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:000157
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recc

GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003723(RNA binding)|

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001756(somitogenesis)|GO:0001843(neural tu

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004714(transmembrane receptor protein tyrosine kinase act

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0001655(uro

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:

GO:0016829(lyase activity)|GO:0016831(carboxy-lyase activity)|GO:0019752(carboxylic acid metab
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000405(bubble DNA binding)|GO:0000733(DNA strand renat

GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000710(meiotic mismatch repair)|GO:0000795(synaptonem:

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0001726(ruffle)|GO:0001891(phagocytic cup)|GO:0001934(positive regulation of protein phosph

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0008168(methyltransferase a
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl

GO:0005215(transporter activity)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0006810(transport)
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002689(negative regulation of leukocyte chemotaxis)|GO:0003337
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004828(serine-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP bindin
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)

GO:0003684(damaged DNA binding)|GO:0003906(DNA-(apurinic or apyrimidinic site) lyase activity)
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0001655(uro
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid-
GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0001530(lipopolysaccharide binding
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005575(cellula

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0006968(cellular defense response)|GO:(

GO:0005488(binding)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007399(nervous sy
GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(ii

GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0001960(negative regulation of cytokine-mediated signaling pathway)|GO:0004601(oxidase
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005622
GO:0004047(aminomethyltransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0005372(water transmembrane transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005886

GO:0003835(beta-galactoside alpha-2,6-sialyltransferase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0000076(DNA replication checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0001568
GO:0001568(blood vessel development)|GO:0004720(protein-lysine 6-oxidase activity)|GO:0005524
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005219(ryanodine-sensitive
GO:0005488(binding)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0001756(somitogenesis
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0004822(isoleucine
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(ligase

GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA processing)
GO:0001960(negative regulation of cytokine-mediated signaling pathway)|GO:0004601(oxidase
GO:0004645(phosphorylase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003723(RNA
GO:0004470(malic enzyme activity)|GO:0004473(malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylase))
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001889(liver development)|GO:0003677(DNA
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524
GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cell cycle
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004522(pancreatic ribonuclease
GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0042127(regulation of

GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)

GO:0001736(establishment of planar polarity)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0001942(hair cell
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(GTPase
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0006508(proteolysis)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002020(protease binding)|GO:0003697(single-stranded DNA
GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|
GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000109(nucleotide-excision repair complex)|GO:00
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005216(ion channel activity

GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0003677(DNA binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:00
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001826(inner cell mass cell differentiation)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005634(nucleu
GO:0005813(centrosome)|GO:0007601(visual perception)|GO:0050896(response to stimulus)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(!
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0004439(phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate 5-phosphatase activity)|GO:0004445(inositol-p

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004693(cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:00055
GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor a
GO:0004470(malic enzyme activity)|GO:0004473(malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxyl

GO:0000279(M phase)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003725(double
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000082(G1/S transition of
GO:0005576(extracellular region)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006208(pyrimidine base catabolic process)|GO

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0001894(tissue morphogenesis)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)
GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA processing)

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromatin organization)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001889(liver development)|GO:0003858(3-hydroxybutyrate metabolic process)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0005123(death receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000082(G1/S transition of cell cycle)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0006810(translation)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007155(translation)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001667(ameboid movement)

GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005744(mitochondrial outer membrane)
GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000795(synaptonemal complex)|GO:0005488(binding)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0021522(spinal cord motor neuron differentiation)|GO:0031224(positive regulation of cell cycle)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000346(transcription elongation factor activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005784(rough endoplasmic reticulum)
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(nucleosome assembly)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0010165(resistance to oxidative stress)
GO:0002726(positive regulation of T cell cytokine production)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000228(r
GO:0001822(kidney development)|GO:0001823(mesonephros development)|GO:0002003(angio

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellula

GO:0005242(inward rectifier potassium channel activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel ac

GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|
GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005515(prot
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001894(tissue homeostasis)|GO:0003989(acetyl-CoA carbox

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003705(sequence-specific enhancer binding RNA polymerase II tra
GO:0005095(GTPase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004465(lipoprotein lipase activity)|GO:0005515(protein binding)|
GO:0005328(neurotransmitter:sodium symporter activity)|GO:0005334(norepinephrine:sodium sy

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005452(inorganic anion exchanger activity)|GO:0005624(m

GO:0001507(acetylcholine catabolic process in synaptic cleft)|GO:0005515(protein binding)|GO:00

GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0003714(transcriptio

GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to r
GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:000
GO:0000302(response to reactive oxygen species)|GO:0002674(negative regulation of acute inflam
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP bindir
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000832(inositol hexakisphosphate 5-kinase activity)|GO:000
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(E

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G

GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001701(in uter

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|G
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001656(metanephros

GO:0001822(kidney development)|GO:0001890(placenta development)|GO:0005518(collagen binc
GO:0000089(mitotic metaphase)|GO:0000463(maturation of LSU-rRNA from tricistronic rRNA trans
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticul

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0003677(DNA binding)|

GO:0004044(amidophosphoribosyltransferase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005829
GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:!

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000776(kinetochore)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003677

GO:0005829(cytosol)|GO:0006700(C21-steroid hormone biosynthetic process)|GO:0006810(transp
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0002011(r
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:0005615(ex
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008180(signalo
GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(inte
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006355(regulati
GO:0003677(DNA binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005778(peroxisomal membrane)|GO
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:001615
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(seq
GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005840(ribosome)|GO:0006412(translation)|C

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0071339(MLL1 complex)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005815(centriole)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004512(inositol-3-phosphate synthase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0055085(transmembrane transport)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory region sequence-specific DNA binding)

GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006468(protein phosphorylation)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005031(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0005488(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extrac

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatas
GO:0001889(liver development)|GO:0003985(acetyl-CoA C-acetyltransferase activity)|GO:0005739

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008270(zinc io
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0005622(intracellular)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:C
GO:0005488(binding)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(L
GO:0004029(aldehyde dehydrogenase (NAD) activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004004(ATP-dependent RNA heli
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatas
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001709(c

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001569(p

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0002642(positive regulation of immunoglobulin biosynthetic process)|GO:0005515(protein binc
GO:0001503(ossification)|GO:0003993(acid phosphatase activity)|GO:0004446(multiple inositol-pc

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(bindin
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000086(G2/M tran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001837(epithelial to mesenchymal transition)|GO:0003700(s
GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|

GO:0004169(dolichyl-phosphate-mannose-protein mannosyltransferase activity)|GO:0005783(endc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0002134(UTP binding)|
GO:0000178(exosome (RNase complex))|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process,
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001505(regulation of neurotransmitter levels)|GO:0001933(
GO:0002080(acrosomal membrane)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0006508

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(c

GO:0005488(binding)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:000

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016788(hydrolase activity, acting on ester bonds)|GO:0019478(D-am

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatas

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0042803(protein homodimerization activity)

GO:0002163(alpha-dystroglycan binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular r

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000086(G2/M tran

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005576(extracellul

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucle

GO:0001841(neural tube formation)|GO:0005488(binding)|GO:0005929(cilium)|GO:0007224(smoc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004070(aspartate carbamoyltransferase activity)|GO:000408

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskelet

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extr

GO:0005488(binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000776(kinetochore)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003677

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000086(G2/M tran

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007219

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0004519(endonuclease

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fracti

GO:0005524(ATP binding)|GO:0006200(ATP catabolic process)|GO:0006298(mismatch repair)|GO:

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004402(histone ac

GO:0001869(negative regulation of complement activation, lectin pathway)|GO:0002576(platelet d

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005886(plas

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(ext

GO:0008060(ARF GTPase activator activity)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0032312(regulation

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:00059

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(

GO:0005488(binding)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005604(basement membrane)|GO:0005

GO:0000786(nucleosome)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0001740(Barr body)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004484(mRNA guanylyltransferase activity)|GO:0004651(po
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000563

GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubu
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(n
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:00
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005575(cellular_compon
GO:0004084(branched-chain-amino-acid transaminase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cyto
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, L
GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007399
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b

GO:0005524(ATP binding)|GO:0006200(ATP catabolic process)|GO:0006298(mismatch repair)|GO:

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0000794(co
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0001775(cell activation)|GO:0001944(vasculature development)|GO:0003151(outflow tract mc
GO:0005068(transmembrane receptor protein tyrosine kinase adaptor activity)|GO:0005070(SH3/S
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0004519(endonuclease

GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO

GO:0006811(ion transport)|GO:0006829(zinc ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000239(p

GO:0005432(calcium:sodium antiporter activity)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005739(mi
GO:0001518(voltage-gated sodium channel complex)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activi

GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription c

GO:0005488(binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:000

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0005634(nucleus)|GO:0045843(negative regulation of striated muscle tissue development)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003684(damaged DNA binding)|GO:0003887(DNA-directed I

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0030261(chromosome condensation)

GO:0000022(mitotic spindle elongation)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(n

GO:0004152(dihydroorotate dehydrogenase activity)|GO:0004158(dihydroorotate oxidase activity)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucle

GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion bindin

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0005487(nucleocytoplasmic transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear ei

GO:0005487(nucleocytoplasmic transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear ei

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endopl:

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0001503(ossification)|GO:0003993(acid phosphatase activity)|GO:0004446(multiple inositol-pc

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0002052
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001656(metanephros
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005516(calmodulin binc
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000236(mitotic p

GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0003677(DNA binding)|GO:000372

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(in
GO:0005576(extracellular region)
GO:0002087(regulation of respiratory gaseous exchange by neurological system process)|GO:0003;
GO:0005576(extracellular region)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0004860(p

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006520(cellular amino acid metabolic process)|GO:0009636(res
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0002053(p

GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:(

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005222(intra
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004813(alanine-tRNA ligase acti

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004402(histone ac
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016020(membrane)|GO:00160
GO:0000910(cytokinesis)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mit

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006260(DNA replication)|GO:0006473(pi

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003941(L-serine ammonia-lyase activity)|GO:0004794(L-thr

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005732(small nucle
GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000087
GO:0002260(lymphocyte homeostasis)|GO:0003158(endothelium development)|GO:0005381(iron

GO:0005634(nucleus)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0007275(multicellular organismal development)

GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0

GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(mitotic ce

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004512(inositol-3-phosphate synthase activity)|GO:0005737
GO:0001510(RNA methylation)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005

GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0001756(som
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005515(prot
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005886(plasma m
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(prot
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:000574
GO:0005622(intracellular)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006364(rRNA processing
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005737(cyto
GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0000972(transcription-dependent tethering of RNA polymeras
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r
GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|
GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005622(intracellular)|GO:000573

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deader
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003883(CTP synthase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GC
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0001731(formation of translation preinitiation complex)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005671(Ada2/Gcn5/Ada3 transcription a
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic retic
GO:0005515(protein binding)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:00082
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000471
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:00068
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0001843(neural tube closure)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor
GO:0016829(lyase activity)|GO:0016831(carboxy-lyase activity)|GO:0019752(carboxylic acid metab
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009966(regulation of signal transduction)|GO:0010765(positive regu
GO:0005829(cytosol)|GO:0005942(phosphatidylinositol 3-kinase complex)|GO:0007596(blood coag
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004478(methionine adenosyltransferase activity)|GO:00055
GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0004722(protein serine/threonine phosph

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0005576(extracellular region)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003697(single-stranded DNA binding) | GO:0004519(endonuclease

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatio

GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0005622(intracellular)

GO:0005829(cytosol) | GO:0006457(protein folding) | GO:0016272(prefoldin complex) | GO:0044267(

GO:0005524(ATP binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mitochond

GO:0001501(skeletal system development) | GO:0005488(binding) | GO:0005509(calcium ion binding

GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005813(centrosome) | GO:0005856(cyt

GO:0008060(ARF GTPase activator activity) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0032312(regulation

GO:0003779(actin binding) | GO:0005488(binding) | GO:0016043(cellular component organization) | C

GO:0001569(patterning of blood vessels) | GO:0001666(response to hypoxia) | GO:0001667(ameboid

GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005622(intracellu

GO:0008060(ARF GTPase activator activity) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0032312(regulation

GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle) | GO:0000236(mitotic prometaphase) | GO:0000278(mitot

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003684(damaged DNA binding) | GO:0003713(transcription coactiv

GO:0005488(binding) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0016829(lyase activity) | GO:0016831(carboxy-lyase activity) | GO:0019752(carboxylic acid metab

GO:0003723(RNA binding) | GO:0005488(binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | G

GO:0005102(receptor binding) | GO:0005769(early endosome) | GO:0005794(Golgi apparatus) | GO:0

GO:0000178(exosome (RNase complex)) | GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process,

GO:0005216(ion channel activity) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005789(endoplasmic

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nu

GO:0005488(binding) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005643(nuclear pore)

GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005096(GTPase activator activity) | GO:0005622(intracellular) | GO:0007165(signal transduction

GO:0000781(chromosome, telomeric region)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)|GO:0000796(condensin complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:000569

GO:0004553(hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds)|GO:0004563(beta-N-acetylhex

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000010(trans-hexaprenyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006744(GTPase activity)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:00058

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005884(actin filament)|GO:00058

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0004084(branched-chain-amino-acid transaminase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005637(nuclear inner membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:00160

GO:0005634(nucleus)|GO:0005637(nuclear inner membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016020(membrane)

GO:0008060(ARF GTPase activator activity)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0032312(regulation of transcription)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonserine|GO:0000120(RNA polymerase I transcription factor complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:00056

GO:0017183(peptidyl-diphthamide biosynthetic process from peptidyl-histidine)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001890(placenta development)|GO:0002134(UTP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deader|GO:0001921(positive regulation of receptor recycling)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005884(actin filament)|GO:0005884(actin filament)

GO:0001843(neural tube closure)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0002053(p
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:000
GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001667(ameboid

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006396(RNA processing)|GO:000817
GO:0005575(cellular_component)|GO:0043066(negative regulation of apoptosis)|GO:0043488(reg
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000

GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006605(protein targeting)|GO:0016020(membran
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005768(endosome)|GO:000579
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004449(isocitrate dehydrogenase (NAD+) activity)|GO:0
GO:0005634(nucleus)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007275(multicellular organismal development)
GO:0001947(heart looping)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chrom
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006351(transcr

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005730(nucleol

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0005515(protein bin

GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006357(regulation of
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0
GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0004871(signal transduc
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000471
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cyto
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005267(potassium channel activity)|GO:0005886(plasma m

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003924(GTPase activit
GO:0000083(regulation of transcription involved in G1/S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000117(re
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(mi
GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:0001844(protein insertion into mitoc
GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:00057:
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:000
GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma me

GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0006914(autophagy)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0016020

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0030133(tran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP bindin

GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0002218(activation of innate imm
GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0001750(photoreceptor outer segment)|GO:(
GO:0004367(glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD+] activity)|GO:0004368(glycerol-3-phosph
GO:0004139(deoxyribose-phosphate aldolase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005
GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0002218(activation of innate imm

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(bindin

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)
GO:0005178(integrin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005201(extracellular
GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma me

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004477(methenyltetra
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00057:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005
GO:0001702(gastrulation with mouth forming second)|GO:0007275(multicellular organismal devel

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004797(thymidine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!

GO:0042802(identical protein binding)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r
GO:0000137(Golgi cis cisterna)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|G
GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:00
GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001667(ameboidal cell migration)|GO:0003779(actin bindin
GO:0001671(ATPase activator activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001816(cytokine production)|GO:0001865(NK T cell differen
GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006606(pr
GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515(protein bindin

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)|GO:0002755(MyD88-dependent toll-like receptor
GO:0002407(dendritic cell chemotaxis)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(recept
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001666(response t

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005975(carbohydrate metaboli

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic reticul
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004435(phosphatidylinositol p
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006692(prostanoid metabolic proc
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO
GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005833(hemoglobin complex)|GO:0006810(transpo
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000508
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:
GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:000
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004568(chitinase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005975(carbohydrate metabolic proc
GO:0001819(positive regulation of cytokine production)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO
GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:001
GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)|GO:0002821(positive regulation of
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005198(structural molecule ac
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005634(nucleus)|GO:000573
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0008643(carbohydrate transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001556(oocyte maturation)|GO:0004115(3',5'-cyclic-AMP phosphodiesterase activity)|GO:000

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005216(ion channel activity
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005737(cytopl
GO:0004322(ferroxidase activity)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005912(adherens junction)|GO:0005923(tight junction)|GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(spliceosomal complex)|GO:0006397(mRNA processing)|GO:0001101(response to acid)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002060(purine base binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0006979(response to oxidative stress)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001975(response to a hypoxic environment)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0006917(induction of apoptosis)|GO:0006950(ribosome biogenesis)|GO:0000977(RNA polymerase II regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0000981(sequence-specific DNA binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005159(insulin-like growth factor receptor binding)|GO:0005515(positive regulation of receptor internalization)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0055085(transmembrane transport)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005085(transmembrane transport)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid-mediated signaling pathway)|GO:0002092(positive regulation of receptor internalization)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000902(cell morphogenesis)

GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular signal transduction)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004383(guanylate cyclase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0035556(intracellular signal transduction)
GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008092(cytoskeleton organization)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0050776(regulation of ion channel activity)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001741(XY body)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membran

GO:0009058(biosynthetic process)|GO:0016757(transferase activity, transferring glycosyl groups)
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPKK
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GC
GO:0001077(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding tran
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005544(calcium-dependent phospholipid binding)|GO:0005
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0004222(

GO:0002437(inflammatory response to antigenic stimulus)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000597!
GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002576(platelet degran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005247(voltage-gated chl
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005046(KDEL sequence binding)|GO:0005783(endoplasmic ret
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006812(cation transport)|GO:00
GO:0005634(nucleus)|GO:0060041(retina development in camera-type eye)
GO:0001671(ATPase activator activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding

GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|
GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001847(opsonin receptor activity)|GO:0005576(extr

GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:001
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006040(amino sugar metabolic

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001105(F
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003700(sequence-spe
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0008544(epidermis development)|GO:0045095(kera
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0019209(kinase ;

GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007517(muscle o
GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor ac
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0004298(threonine-type endopeptidase activi
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001844(protein insertion into mitochondrial membrane involv

GO:0005886(plasma membrane) | GO:0005911(cell-cell junction) | GO:0005923(tight junction) | GO:0005931(integral to membrane) | GO:0004034(aldose 1-epimerase activity) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005975(carbohydrate metabolic process) | GO:0003713(transcription coactivator activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005623(membrane)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004735(pyrraline-5-carboxylate reductase activity) | GO:0005931(integral to membrane) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0005931(integral to membrane) | GO:0003674(molecular_function) | GO:0008150(biological_process) | GO:0072669(tRNA-splicing ligation) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0006950(response to stress) | GO:0007049(cell cycle) | GO:0007050(cell cycle arrest) | GO:0008270(angiogenesis) | GO:0001726(ruffle) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation) | GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001672(regulation of chromatin assembly or disassembly) | GO:0005931(integral to membrane) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity) | GO:0005201(extracellular matrix structural constituent) | GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0001542(cell cycle arrest) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0009055(electron carrier activity) | GO:0015035(voltage-gated ion channel activity) | GO:0005244(voltage-gated ion channel activity) | GO:0005247(voltage-gated chloride channel activity)

GO:0002576(platelet degranulation) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0007155(cell adhesion) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005623(membrane)

GO:0004566(beta-glucuronidase activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005576(extracellular region)

GO:0001666(response to hypoxia) | GO:0002020(protease binding) | GO:0002576(platelet degranulation) | GO:0001725(stress fiber) | GO:0001726(ruffle) | GO:0002576(platelet degranulation) | GO:0003779(angiogenesis) | GO:0005634(nucleus)

GO:0001869(negative regulation of complement activation, lectin pathway) | GO:0002576(platelet degranulation) | GO:0004497(monooxygenase activity) | GO:0004507(steroid 11-beta-monooxygenase activity) | GO:0004322(ferroxidase activity) | GO:0005506(iron ion binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005623(membrane)

GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0005515(protein binding) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0006417(regulation of transcription) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005856(cytoskeleton) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0005887(extracellular region) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0008150(biological_process) | GO:0051636(Gram-negative bacterium)

GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein coupled receptor activity) | GO:0005634(nucleus)

GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation) | GO:0002551(mast cell chemotaxis)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005388(calcium-transporting ATPase activity) | GO:0005524(ion channel activity)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(enc
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006952(defense
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellula
GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0007399(nervous system d

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|G
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005615(extracellular space
GO:0004052(arachidonate 12-lipoxygenase activity)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005634(nu
GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(rece
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000487

GO:0007049(cell cycle)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016702(oxidoreductase activity,

GO:0001878(response to yeast)|GO:0001909(leukocyte mediated cytotoxicity)|GO:0002679(respir
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005776(aut
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001542(c
GO:0005576(extracellular region)|GO:0007399(nervous system development)|GO:0020037(heme l
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0043123(positive reg
GO:0002540(leukotriene production involved in inflammatory response)|GO:0004464(leukotriene-l

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r

GO:0005634(nucleus)|GO:0017124(SH3 domain binding)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(c

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007166(cell surfac

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000508
GO:0007165(signal transduction)|GO:0016316(phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 4-phosphata
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0016020(membran
GO:0002020(protease binding)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004869(cystein
GO:0002053(positive regulation of mesenchymal cell proliferation)|GO:0002903(negative regulatio
GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(
GO:0004034(aldose 1-epimerase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005975(carbohydrate met
GO:0003097(renal water transport)|GO:0005223(intracellular cGMP activated cation channel activi
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:001503:

GO:0050699(WW domain binding)

GO:0000103(sulfate assimilation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001501(skeletal system de
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0015143(urate transmembrane tr
GO:0007420(brain development)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|G
GO:0000982(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding tran
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005911(cell-cell junction)|GO:0005923(tight junction)|GO:0
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004396(hexokinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:(
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005794(Golgi :
GO:0001798(positive regulation of type IIa hypersensitivity)|GO:0001970(positive regulation of acti
GO:0002053(positive regulation of mesenchymal cell proliferation)|GO:0004871(signal transducer :
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005634(nucleu

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006487(pro

GO:0004462(lactoylglutathione lyase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasi
GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(n
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005529(sugar bindi

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000155(two-component sensor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protei
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0001975(response to amph
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001921(positive regulation of receptor recycling)|GO:0003
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005212(structural constituent of eye lens
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0007165(sig

GO:0003674(molecular_function)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005634(nucle

GO:0001675(acrosome assembly)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivato

GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to men
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004017(adenylate kinase activity)|GO:0004127(cytidylate kir
GO:0004601(oxidase activity)|GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005515(protein bi
GO:0006260(DNA replication)
GO:0004601(oxidase activity)|GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005515(protein bi

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007155(cell adh
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO

GO:0005488(binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006810(transport)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004504(peptidylglycine monooxygenase activity)|GO:0004

GO:0003824(catalytic activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000979(RNA polymerase II core promoter sequence-specific DNA binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005516(calmegin)|GO:0001891(phagocytic cup)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003810(protein-glutamine gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0033017(sarcoplasmic reticulum membrane)

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001502(catalytic activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0006511(ubiquitin)

GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0002244(hemopoietic progenitor cell differentiation)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005776(autophagy)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleus)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000776(kinetochore)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004033(aldo-keto reductase (NADP) activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0004720(protein-lysine 6-oxidase activity)|GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:00055

GO:0005488(binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005099(Ras GTPase activator activity)|GO:0005737(cytosol)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0004861(catalytic activity)|GO:0003712(transcription cofactor activity)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0000784(nuclear chromosome organization)|GO:0001816(cytokine production)|GO:0002215(defense response to nematode)|GO:0002526(acute inflammation)|GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0001503(ossification)|GO:0005201(extracellular matrix structural organization)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016337(cell-cell
GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0004871(signal transducer activity
GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0002039(p53 binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0001609
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0001710(mesodermal
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0006633
GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005833(hemoglobin complex)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO:0005575
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515
GO:0005576(extracellular region)|GO:0006979(response to oxidative stress)|GO:0008430(selenium
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0001658(branching in

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled
GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004396(hexokinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(ligase
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0005

GO:0002237(response to molecule of bacterial origin)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00056
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006548(histidine catabolic process)|GO:00195
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(trans-Golgi network)|GO:0005886(plasma membrane)|
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008150(bio
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:000
GO:0005634(nucleus)|GO:0005829(cytosol)|GO:0043124(negative regulation of I-kappaB kinase/NF-
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000
GO:0001819(positive regulation of cytokine production)|GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled

GO:0001942(hair follicle development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005887(GO:0001931(uropod)|GO:0005178(integrin binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005747(mitochondrial outer membrane)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008092(cytoskeleton assembly)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0009268(response to hypoxia)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004383(guanylate cyclase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005164(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004553(hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds)|

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000050(urea cycle)|GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0001666(response to hypoxia)|

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005506(immune response)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0001938(positive regulation of enzyme activity)|GO:0003823(antigen binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005929(cilium)|GO:0017124(SH3 domain binding)|GO:0019272(positive regulation of transcription, DNA-dependent)|

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007158(neuron cell-cell adhesion)|

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005925(focal adhesion)|GO:0015629(activation of protein kinase activity)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001553(luteinization)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005242(inward rectifier potassium channel activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0002062(chondrocyte differentiation)|GO:0002088(lens development in camera-type eye)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|

GO:0001726(ruffle)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005158(
GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(
GO:0001709(cell fate determination)|GO:0001757(somite specification)|GO:0005112(Notch bindin
GO:0000776(kinetochore)|GO:0000777(condensed chromosome kinetochore)|GO:0003774(motor
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0005515(protein binding)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(membrane)|GO:00160
GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001878(response to yeast)|GO:0002149(hypochlorous acid biosynthetic process)|GO:0002679
GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005216(ion channel activity)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003830(beta-1,4-mannosylglycoprotein 4-beta-N-acetylglucos
GO:0000185(activation of MAPKKK activity)|GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:000551
GO:0004158(dihydroorotate oxidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0
GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049(c
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006470(protein r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001569(patterning
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|G
GO:0002102(podosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006801(supe
GO:0002674(negative regulation of acute inflammatory response)|GO:0002677(negative regulatio
GO:0005070(SH3/SN2 adaptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000212(meiotic r
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005275(amine transmembrane transporter activity)|GO:00
GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007165(si
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0004175(endoropeptidase activity)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:000557
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004522(pancreatic rib
GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000471
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004906(interferon-gamma receptor activity)|GO:0005886(plas
GO:0001726(ruffle)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(pr
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|G

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005576(extracellular region)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003712(transcription
GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)|GO:0002821(positive regulation (c
GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005546(phosphatidyli
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001618(viral receptor activity)|GO:0002076(osteoblast development)|GO:0005488(binding)|C
GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:00047
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006595(polyamine met:

GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005923(tight junction)|GO:00
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:

GO:0001656(metanephros development)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0004861(c
GO:0004866(endorpeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor ac
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005622(intracellular)|GO:0042981(regulation of apoptosis)
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0009103(lipic

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005031(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0005488(t

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003700(s
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen vi
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:000
GO:0000125(PCAF complex)|GO:0000776(kinetochore)|GO:0003712(transcription cofactor activity

GO:0005576(extracellular region)
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001950(plasma membrane enriched fraction)|GO:0004872
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:00160
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:000468
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005024(transforming growth factor beta receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005509
GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma me
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0006417(regulation of translation)
GO:0002102(podosome)|GO:0005178(integrin binding)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007159(l
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0030819(positive regulat

GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0001706(endoderm formation)|GO:0004726(non-n
GO:0000018(regulation of DNA recombination)|GO:0001915(negative regulation of T cell mediated

GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005833(hemoglobin complex)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0006464(protein modification process)|GO:0006508(protcol
GO:0005261(cation channel activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membran
GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cyto
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nucl
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006508(prot
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001709(cell fate determination)|GO:0002011(morphogenesis of a

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:C

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001701(in utero ei
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0003735(structural constituent of ribosom

GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0001750(photoreceptor outer segment)|GO:(
GO:0000307(cyclin-dependent protein kinase holoenzyme complex)|GO:0001934(positive regulatic
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004869(cysteine-type endopeptidase inhib
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GC
GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005576(extracellular re
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0006917(indi
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003714(transcriptior
GO:0004180(carboxypeptidase activity)|GO:0004185(serine-type carboxypeptidase activity)|GO:00
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005925
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000407(pre-autophagosomal structure)|GO:0000421(autopha

GO:0003677(DNA binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008092(cytoskelet
GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005856(cytoskel
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006

GO:0005024(transforming growth factor beta receptor activity) | GO:0005488(binding) | GO:0005509
GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005794(Golgi ap
GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity) | GO:0005096(GTPase activator activity) | GO:0005100(Rho G
GO:0005344(oxygen transporter activity) | GO:0005829(cytosol) | GO:0005833(hemoglobin complex)
GO:0001503(ossification) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005765(lysos
GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0035556(intracellular signal transductio
GO:0002218(activation of innate immune response) | GO:0004857(enzyme inhibitor activity) | GO:00
GO:0001822(kidney development) | GO:0004065(arylsulfatase activity) | GO:0005509(calcium ion bin
GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatio
GO:0003674(molecular_function) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008150
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005525(GTP binding) | GO:000
GO:0001503(ossification) | GO:0002548(monocyte chemotaxis) | GO:0004872(receptor activity) | GO:
GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004871(signal transducer act
GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0000165(MAPKKK cascade) | GO:0000271(polysaccharide biosyn
GO:0001666(response to hypoxia) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0003712(transcriptio
GO:0005506(iron ion binding) | GO:0006633(fatty acid biosynthetic process) | GO:0016020(membran
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005856(cytoskeleton) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0005938
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004672(protein kinase activity) | GO:0004674(protein serine/
GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane) | GO:0016020
GO:0002020(protease binding) | GO:0005215(transporter activity) | GO:0005488(binding) | GO:00055
GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005794(Golgi apparatus) | GO:0005886
GO:0003677(DNA binding) | GO:0003743(translation initiation factor activity) | GO:0005515(protein b
GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein cou
GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0002576(platelet degranulation) | GO:0004866(endopeptidase ir
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000278(n
GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0005161(platelet-derived growth factor receptor binding) | GO:0
GO:0005624(membrane fraction) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0005887(integral to plasma
GO:0004605(phosphatidate cytidyltransferase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:000574:
GO:0005198(structural molecule activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0045095(keratin filame

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho GTPase activator activity)|GO:0005515(pr
GO:0001578(microtubule bundle formation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural m
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016491(oxidoreductase a
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0002540(leukotriene production involved in inflammatory response)|GO:0004051(arachidonate
GO:0008113(peptide-methionine-(S)-S-oxide reductase activity)|GO:0055114(oxidation-reduction p
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GC
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000978(F
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007596(blood coagulation)|GO:
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0008747(N-acetylneur
GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005105(type 1 fibroblast growth

GO:0005509(calcium ion binding)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005576(extracellular region)|G
GO:0002102(podosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006801(supe
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO
GO:0001503(ossification)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0005125(cytokine activity)|C
GO:0003774(motor activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|GO:0007268(synaptic transmissi
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004912(interleukin-3 receptor activity)|GO:0005886(plasma m
GO:0005488(binding)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005886(plasma membrane)|
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:C

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005335(serotonin:sodium symporter activity)|GO:0005515
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005783(endoplasmic reticu
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:00055
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005251(delayed rectifier potassium channel a
GO:0005488(binding)
GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006508
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0008150(biologi
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005886(plasm

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007166(cell surface receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001501(skin ruffle)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(integral to plasma membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0007411(GTPase activator activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005924(cell-substrate adherens junction)|GO:0002125(maternal aggressive behavior)|GO:0003084(positive regulation of systemic arterial blood pressure)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum protein binding)|GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005925(focal adhesion)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005488(binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005178(integrin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001666(reactive oxygen species production)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0004697(protein kinase C activity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0005589(collagen type VI)|GO:0007111(collagen binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0003840(gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005975(carboxypeptidase activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016020(membrane)|GO:0006909(phagocytosis)|GO:0007165(signal_transduction)|GO:0015629(actin_cytoskeleton)|GO:0005488(binding)|GO:0006826(iron_ion_transport)|GO:0006879(cellular_iron_ion_homeostasis)|GO:0001568(blood_vessel_development)|GO:0001702(gastrulation_with_mouth_forming_second)|GO:0005184(neuropeptide_hormone_activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular_region)

GO:0005215(transporter_activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0016021(integral_to_membrane)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004145(diamine_N-acetyltransferase_activity)|GO:0005515(protein_binding)|GO:0004872(receptor_activity)|GO:0005887(integral_to_plasma_membrane)|GO:0007166(cell_surface_receptor_activity)|GO:0001932(regulation_of_protein_phosphorylation)|GO:0004860(protein_kinase_inhibitor_activity)|GO:0004888(transmembrane_receptor_activity)|GO:0005887(integral_to_plasma_membrane)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0004672(protein_kinase_activity)|GO:0004713(protein_tyrosine_kinase_activity)|GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0003924(GTPase_activity)|GO:0005515(protein_binding)|GO:0006811(ion_transport)|GO:0006812(cation_transport)|GO:0006814(sodium_ion_transport)|GO:0000226(microtubule_cytoskeleton_organization)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0003676(nucleic_acid_binding)|GO:0004519(endonuclease_activity)|GO:0004522(pancreatic_ribonuclease_activity)|GO:0002839(positive_regulation_of_immune_response_to_tumor_cell)|GO:0005125(cytokine_activity)|GO:0005624(membrane_fraction)|GO:0005887(integral_to_plasma_membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0001530(lipopolysaccharide_binding)|GO:0005576(extracellular_region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005790(smooth_endoplasmic_reticulum)|GO:0005815(microtubule_organization)|GO:0004221(ubiquitin_thiolesterase_activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific_protease_activity)|GO:0004301(epoxide_hydrolase_activity)|GO:0005625(soluble_fraction)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0004871(signal_transducer_activity)|GO:0004872(receptor_activity)|GO:0004930(G-protein_coupled_receptor_activity)|GO:0004180(carboxypeptidase_activity)|GO:0004185(serine-type_carboxypeptidase_activity)|GO:0004842(ubiquitin-protein_ligase_activity)|GO:0005765(lysosomal_membrane)|GO:0005768(endothelial_cell_membrane)|GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0004674(protein_serine/threonine_kinase_activity)|GO:0000187(activation_of_MAPK_activity)|GO:0001666(response_to_hypoxia)|GO:0001786(phosphatase_activity)|GO:0004869(cysteine-type_endopeptidase_inhibitor_activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0030413(ion_transport)|GO:0004871(signal_transducer_activity)|GO:0004872(receptor_activity)|GO:0004879(ligand-dependent_receptor_activity)

GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0005524(ATP_binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0004445(inositol-polyphosphate_5-phosphatase_activity)|GO:0007154(cell_communication)|GO:0000922(spindle_pole)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral_to_membrane)|GO:0055085(transmembrane_transporter_activity)|GO:0003677(DNA_binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0007165(signal_transduction)

GO:0004364(glutathione_transferase_activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0003729(mRNA_binding)|GO:0003730(mRNA_3'-UTR_binding)|GO:0001503(ossification)|GO:0002576(platelet_degranulation)|GO:0005509(calcium_ion_binding)|GO:0000139(Golgi_membrane)|GO:0005765(lysosomal_membrane)|GO:0005794(Golgi_apparatus)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0007264(small GTPase mediated s
GO:0004726(non-membrane spanning protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005515(protein
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:
GO:0005576(extracellular region)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000582
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005261(cation channel activity)|GO:0005272(sodium channel a
GO:0005576(extracellular region)|GO:0006955(immune response)|GO:0008270(zinc ion binding)|C
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:000468
GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:001602:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004004(ATP-dependent RNA heli
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binc

GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00

GO:0004622(lysophospholipase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(ext
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001537(N-acetylgalactosamine 4-O-sulfotransferase activity)|C

GO:0002237(response to molecule of bacterial origin)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00056
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004145(diamine N-acetyltransferase activity)|GO:0005515(protein
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0002221(pattern recognition receptor signaling pathway)|GO:0005044(scavenger receptor acti
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005886(plasma membrane)|
GO:0005488(binding)|GO:0005540(hyaluronic acid binding)|GO:0006954(inflammatory response)|
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004850(uridine phosphorylase activity)|GO:0005737(cytoplasm

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0015031(protein transport)|GO:0017089(glycolipid transporter activit
GO:0003870(5-aminolevulinate synthase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|G

GO:0001725(stress fiber)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0008360(regulation of cell shape)|
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0008283(cell proliferation)|GO:0016020(membrane)|GO:0
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0016491(oxidoreductase activity)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001921(positive regulation of receptor recycling)|GO:0003
GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cyto
GO:0001920(negative regulation of receptor recycling)|GO:0005068(transmembrane receptor prot
GO:0005524(ATP binding)|GO:0005929(cilium)|GO:0044267(cellular protein metabolic process)
GO:0003823(antigen binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|G

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0000776(kinetochore)|GO:0000777(condensed chromosome kinetochore)|GO:0003774(motor
GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho G
GO:0001756(somitogenesis)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005625
GO:0000156(two-component response regulator activity)|GO:0004114(3',5'-cyclic-nucleotide phosphatase
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0000267(cell fraction)|GO:0003097(renal water transport)|GO:0003779(actin binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005001(transmembrane receptor protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005882(intermediate filament)|GO:0007010(cytoskeleton)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004614(phosphoglucosyltransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016020(membrane)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0001772(immunological synapse)|GO:0001910(regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0015031(protein transport)|GO:0015633(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005353(fructose transmembrane transporter activity)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0004871(signal transducer activity, G-protein coupled)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0001621(ADP receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0015031(protein transport)|GO:0015633(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005353(fructose transmembrane transporter activity)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0004871(signal transducer activity, G-protein coupled)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0001621(ADP receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005353(fructose transmembrane transporter activity)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0004871(signal transducer activity, G-protein coupled)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0001621(ADP receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005353(fructose transmembrane transporter activity)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0004871(signal transducer activity, G-protein coupled)|GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0001621(ADP receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(n

GO:0004566(beta-glucuronidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular |

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001649(c
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006461(protein complex assembly)|G
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellula

GO:0004052(arachidonate 12-lipoxygenase activity)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005515(pr
GO:0000042(protein targeting to Golgi)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GC
GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:000

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extrac
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(n
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GC
GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004459(L-lactate dehydrogenase activity)|GO:0005737(cyto
GO:0002544(chronic inflammatory response)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005509
GO:0001533(cornified envelope)|GO:0002020(protease binding)|GO:0004869(cysteine-type endop
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001846(opsonin binding)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:003258
GO:0003333(amino acid transmembrane transport)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cyt
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GC
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla

GO:0003779(actin binding)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005624(membrane fraction
GO:0001816(cytokine production)|GO:0002860(positive regulation of natural killer cell mediated cy
GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(rece
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:(

GO:0005351(sugar:hydrogen symporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005765(ly:

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002237(response to molecule of bacterial origin)|GO:0005153(inte
GO:0001578(microtubule bundle formation)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0005737(cytoplasm)|GC
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla

GO:0004865(protein serine/threonine phosphatase inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:

GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005929(cilium)|GO:0017124(SH3 domain binding)|GO:0019
GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0002407(dendritic cell chemotaxis)|GO:0002827(positiv
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)
GO:0001764(neuron migration)|GO:0002507(tolerance induction)|GO:0004871(signal transducer a

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytopla:

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0002407(dendritic cell chemotaxis)|GO:0002827(positiv
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00043
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000080(G1 phase of mitot
GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007049(cell cycle)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol
GO:0005515(protein binding)|GO:0030133(transport vesicle)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007275(multicellular organismal development)|C
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005200(structural constituent
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000508

GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0042325(regulati
GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endopl

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule ac
GO:0005488(binding)|GO:0007154(cell communication)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0015031(p
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0002244(f

GO:0001798(positive regulation of type IIa hypersensitivity)|GO:0001970(positive regulation of acti
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004145(diamine N-acetyltransferase activity)|GO:0005515(protein
GO:0005634(nucleus)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0006917(induction of apoptosis)|GO:0006950(r
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005794(Golgi app
GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005768(endosome)|GO:0016020(membrane)|GO:001602
GO:0001077(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding tran
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004504(peptidylglycine monooxygenase activity)|GO:0004

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005516(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007264(synaptic transmission)

GO:0001798(positive regulation of type IIa hypersensitivity)|GO:0001805(positive regulation of type IIb hypersensitivity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004896(cytokine receptor activity)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005576(extracellular matrix organization)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006950(response to stress)|GO:0006986(respiration)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005840(ribosome biogenesis)|GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle)|GO:0001967(suckling behavior)|GO:0002218(activation of protein kinase activity)

GO:0001798(positive regulation of type IIa hypersensitivity)|GO:0001805(positive regulation of type IIb hypersensitivity)|GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid transport)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)|GO:0003823(antigen binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0031225(anchored to membrane)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003835(beta-galactoside alpha-2,6-sialyltransferase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0030175(filopodium)|GO:0031225(anchored to membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005085(transmembrane transport)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001889(liver development)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0002026(regulation of the cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634(nucleus)

GO:0001726(ruffle)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)
GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0001706(endoderm formation)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005791(rough endoplasmic reticulum)|GO:0005792(microsome)|GO:0001933(negative regulation of protein phosphorylation)|GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005518(collagen binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0000122(negative regulation of transcription)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006461(protein

GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)
GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0009653(antioxidant activity)|GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004115(3',5'-cyclic-AMP phosphodiesterase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005625(soluble fraction)

GO:0000272(polysaccharide catabolic process)|GO:0004568(chitinase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003007(transcription)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008150(biological_process)

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0007491(transport)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0008285(negative regulation of cell proliferation)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0001922(B-1 B cell homeostasis)|GO:0002020(protease binding)|GO:0002218(activation of innate immunity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0005634(nucleus)
GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0006950(response
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000508
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule ac
GO:0005375(copper ion transmembrane transporter activity)|GO:0005887(integral to plasma mem

GO:0004620(phospholipase activity)|GO:0004806(triglyceride lipase activity)|GO:0005576(extracel
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein bindin,

GO:0004767(sphingomyelin phosphodiesterase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:000557
GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005929(cilium)|GO:0017124(SH3 domain binding)|GO:0019
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004143(diacylglycerol kinase activity)|GO:0005509(calcium i
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004435(phosphatidylinositol p
GO:0005576(extracellular region)|GO:0006464(protein modification process)|GO:0006508(protcol
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005529(sugar bindi
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016874(ligase activity)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extra

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005625(soluble fraction)|
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protei

GO:0006351(transcription, DNA-dependent)|GO:0010923(negative regulation of phosphatase activ
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002237(response to molecule of bacterial origin)|GO:0005153(inte
GO:0042113(B cell activation)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(bindin
GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0001525(angiogenesis)|G
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005201(extracellular matrix structu

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C activity)|GO:0004871(signal transducer activity)
GO:0046872(metal ion binding)

GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C activity)|GO:0004871(signal transducer activity)
GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007399(nervous system development)|GO:0016020(membrane)|
GO:0004114(3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity)|GO:0004115(3',5'-cyclic-AMP phosph
GO:0005634(nucleus)|GO:0009887(organ morphogenesis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protei
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membran
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000785(c

GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(trans-Golgi network)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005200(structural constituent of ribosome)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005344(catalytic activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0009653(angiogenesis)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003700(sequencing)|GO:0004771(sterol esterase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0006629(lipid metabolic process)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003009(skeletal muscle contraction)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005575(cellular component)|GO:0006511(ubiquitin)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0006810(transport)|GO:0008643(carbohydrate transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005041(low-density lipoprotein receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)|GO:0004716(receptor signaling protein tyrosine kinase activity)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001657(ubiquitin)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003556(intracellular signal transduction)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006644(lipid transport)|GO:0000185(activation of MAPKKK activity)|GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001568(blood vessel development)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to membrane)|GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001772(immunological synapse)|GO:0004725(protein tyrosine phosphorylation)|GO:0001875(lipopolysaccharide receptor activity)|GO:0002221(pattern recognition receptor signaling)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005344(catalytic activity)|GO:0004716(receptor signaling protein tyrosine kinase activity)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005546(phosphatidylinositol 3-kinase activity)|GO:0001702(gastrulation with mouth forming second)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005525(GTP binding)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:00016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001078(F-actin)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006812(ion channel activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:00055178(integrin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(trans-Golgi network)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001775(cell activation)|GO:0001959(regulation of cytokine

GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0004622(lysophospholipase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0007596(blood coagulation)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005911(cell-cell junction)|GO:0002543(activation of blood coagulation via clotting cascade)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004914(interleukin-5 receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005859(muscle cell)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0004622(lysophospholipase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0004411(homogentisate 1,2-dioxygenase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006520(cellular adhesion)|GO:0001504(neurotransmitter uptake)|GO:0005313(L-glutamate transmembrane transporter activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004869(cysteine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001959(regulation of cytokine)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0004601(oxidoreductase activity)|GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005216(integral to membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004700(antigen binding)|GO:0003823(antigen binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004668(protein-arginine deiminase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005634(neurite outgrowth)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0002026(regulation of the cell cycle)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005516(calmodulin-dependent protein kinase activity)

GO:0043005(neuron projection)|GO:0043025(neuronal cell body)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0005602(complement component C1
GO:0001822(kidney development)|GO:0002009(morphogenesis of an epithelium)|GO:0004089(car
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|G
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005770(late endosome)|GO:00058
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00043
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(ext
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000588
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma m

GO:0002526(acute inflammatory response)|GO:0002544(chronic inflammatory response)|GO:0005
GO:0001694(histamine biosynthetic process)|GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|G
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005344(c
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0005886(plasma membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparat
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0001968(fibronectin binding)|GO:0005080(protein kir
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005634(nucleu
GO:0002092(positive regulation of receptor internalization)|GO:0002523(leukocyte migration invol

GO:0005576(extracellular region)|GO:0006955(immune response)|GO:0008009(chemokine activity
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0042981(r

GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|G
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005544(calcium-dependent phospholipid binding)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0002407(dendritic cell chemotaxis)|GO:0002676(regulation of chronic inflammatory response)|
GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0005529(sugar binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0008629(induction
GO:0004620(phospholipase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular s
GO:0005529(sugar binding)|GO:0005622(intracellular)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0006811(ion transport)|
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003714(transcriptior
GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004568(chitinase activity)|GO:0005201(extracellular matrix str
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005516(calmo
GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005509(cal

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0030424(axon)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r
GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0005634(nucleus)|GO:0060041(retina development in camera-type eye)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005938

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004423(iduronate-2-sulfatase activity)|GO:0005764(lysosome)
GO:0000050(urea cycle)|GO:0001889(liver development)|GO:0001938(positive regulation of endot
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004386(helicase activity)|
GO:0005672(transcription factor TFIIA complex)|GO:0006367(transcription initiation from RNA poly

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000287(magnesium ion
GO:0003723(RNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004697(protein kinase
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003724(RNA helicase activity)|G

GO:0000095(S-adenosylmethionine transmembrane transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003682(ch
GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochond

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021
GO:0000463(maturation of LSU-rRNA from tricistronic rRNA transcript (SSU-rRNA, 5.8S rRNA, LSU-r

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005732(small nu
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0001869(negative regulation of complement activation, lectin pathway)|GO:0002576(platelet d

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000166(nucleotide
GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0032580(Golgi cisterna membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004386(helicase activity)|
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrar
GO:0001726(ruffle)|GO:0001891(phagocytic cup)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016209(antioxidant activity)|GO:00456
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonser
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0016740(transl
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000983(F
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0002028(regulation of sodium ion transport)|GO:0005432(c
GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0008033(tRNA processing)|C

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplas
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000132(establishment of mitotic spindle orientatio
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endopl.

GO:0004314([acyl-carrier-protein] S-malonyltransferase activity)|GO:0005488(binding)|GO:000573

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:000

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucl

GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:000

GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005641(nu
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005515(proteir

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003697(single-stranded DNA binding) | GO:0005634(nucleus)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005681(sp

GO:0006915(apoptosis)

GO:0004095(carnitine O-palmitoyltransferase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005741(r

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatio

GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0019012(virion)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005088(Ras guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:00050

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001729(ceramide kinase activity) | GO:0003951(NAD+ kinase

GO:0000712(resolution of meiotic recombination intermediates) | GO:0000775(chromosome, centric

GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005815(microtubule organizing center

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization) | GO:0003779(actin binding) | GO:0005178(inte

GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0

GO:0005328(neurotransmitter:sodium symporter activity) | GO:0005332(gamma-aminobutyric acid:

GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulation of transcription, DNA-

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle) | GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0000784(nuclear chron

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity) | GO:0004822(isoleuc

GO:0005216(ion channel activity) | GO:0005516(calmodulin binding) | GO:0005886(plasma membran

GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus

GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0008285(negative regulation of cell prolif

GO:0000123(histone acetyltransferase complex) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0043966(histor

GO:0001826(inner cell mass cell differentiation) | GO:0005506(iron ion binding) | GO:0005634(nucle

GO:0001764(neuron migration) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005576(extracellular region) | G

GO:0005634(nucleus) | GO:0008033(tRNA processing) | GO:0008168(methyltransferase activity) | GO:

GO:0000794(condensed nuclear chromosome) | GO:0000795(synaptonemal complex) | GO:0005488(

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005654(nucle

GO:0005515(protein binding) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005769(early endosome) | GO

GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000407(pre-autophagosomal structure) | GO:0004674(proteii

GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000

GO:0005634(nucleus)|GO:0045843(negative regulation of striated muscle tissue development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003727(single-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006511(ubiquitin-dependent protein catabolic process)|GO:0002532(production of molecular mediator involved in inflammatory response)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0006511(ubiquitin-dependent protein catabolic process)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005315(inorganic phosphate binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0008203(ubiquitin-dependent protein catabolic process)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA helicase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0007398(ectoderm development)|GO:0004003(ATP-dependent DNA helicase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005031(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)

GO:0002039(p53 binding)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0002020(protease binding)|GO:0000125(PCAF complex)|GO:0003712(transcription cofactor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0019012(virion)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000346(transcription export complex)|GO:0000398(nuclear pore complex)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0016043(cellular component organization)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006956(complement activation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005523(tropomyosin binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(spermatogenesis)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000381(regulation of alternative nuclear mRNA splicing, via spliceosome)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000239(pachytene)|GO:0001556(oocyte maturation)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0006810(transport)|GO:0022900(electron transport chain)|GO:0004181(metalloprotease activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular region)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005501(retinoid binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005738(cytoplasmic part)|GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000059(protein import into nucleus, docking)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0003735(spermatogenesis)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPK activity)|GO:0004714(transcription)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0000781(chromosome)|GO:0019005(SCF ubiquitin ligase complex)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003676(ribosome)|GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0008285(negative regulation of transcription)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(nucleus)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005768(endosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004714(transcription)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008324(cation transmembrane transporter activity)|GO:0016020(ribosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0001569(patterning of tissue)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003674(ribosome)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007283(spermatogenesis)|GO:0016020(ribosome)

GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0007275(multicellular organismal process)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0015693(magnesium ion transport)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0006446(receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)

GO:0003779(actin binding)|GO:0030036(actin cytoskeleton organization)|GO:0030054(cell junction organization)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005795(Golgi apparatus)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001980(regulation of systemic arterial blood pressure by ischemic preconditioning)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(membrane)|GO:0005488(binding)

GO:0004506(squalene monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(cholesterol homeostasis)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005795(Golgi apparatus)

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromatin organization)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006464(protein modification process)|GO:0006465(protein modification process)|GO:0001816(cytokine production)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005869(dynactin complex)|GO:0007018(G-protein coupled receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003678(DNA helicase activity)|GO:0003679(DNA topoisomerase activity)

GO:0001101(response to acid)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005625(membrane fraction)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubule organizing center)|GO:0005816(microtubule organizing center)

GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005740(mitochondrion)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006886(intracellular protein transport)|GO:0016020(membrane)|GC

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000979(RNA polymerase II core promoter sequence-specific
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005975(carbohydrate metabo
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0003824(catalytic
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004945(angiotensin type II
GO:0004445(inositol-polyphosphate 5-phosphatase activity)|GO:0007154(cell communication)|GO

GO:0005275(amine transmembrane transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000777(condensed chromosome kinetochore)|GO:0000910(
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005604(basemen
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005088(Ras guanyl-nucleotide excha
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006071(glycerol metabolic process)|GO:0006629(lipid metabolic pro
GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006879(cellu
GO:0001725(stress fiber)|GO:0002009(morphogenesis of an epithelium)|GO:0002166(beta-dystrog
GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0006897(endocytosis)|GO:0008270(zinc ion b
GO:0003677(DNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004536(deoxyribonuclease ac
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0017124(SH3 domain binding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0006904(vesicle docking i
GO:0002768(immune response-regulating cell surface receptor signaling pathway)|GO:0004871(sig
GO:0000149(SNARE binding)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0001956(positive regulation o

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:000
GO:0000318(protein-methionine-R-oxide reductase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GC

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0008270(zinc ion bindin
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0000922(spindle pole)|GO:0001833(inner cell mass cell proliferation)|GO:0005515(protein binc
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:00055
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005625(soluble fraction)|
GO:0007154(cell communication)|GO:0035091(phosphatidylinositol binding)

GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016874(ligase activity)|GO:0032480

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005041(low-density lipoprotein receptor activity)|GO:0005509
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)
GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0008508(bile acid:sodium symporter activity)

GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0000980(RNA polymerase activity)
GO:0001503(ossification)|GO:0001707(mesoderm formation)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005509
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005509
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003810(protein-glutamine gamma-glutamyltransferase activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005247(voltage-gated channel activity)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)
GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0002576(platelet degranulation)
GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004465(lipoprotein lipase activity)|GO:0004620(phospholipase activity)|GO:0004806(triglyceride lipase activity)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0016020(membrane)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001950(plasma membrane enriched fraction)|GO:0004872(receptor activity)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005924(cell-substrate adherens junction)
GO:0016209(antioxidant activity)|GO:0016491(oxidoreductase activity)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005502(11-cis retinal binding)|GO:0005509
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001750(photoreceptor outer segment)|GO:0003924(GTPase activity)
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0001878(response to yeast)|GO:0001909(leukocyte mediated cytotoxicity)|GO:0002679(respiratory chain complex assembly)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0035556(intracellular signal transduction)
GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001774(microglial cell activation)|GO:0001921(positive regulation of cell proliferation)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005509
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006260(DNA replication)|GO:0006473(positive regulation of cell proliferation)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0004198(calcium-dep

GO:0000155(two-component sensor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000792(heterochromatin)|GO:0000987(core promoter proximal region sequence-specific DNA
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem
GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016568(ch

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|G
GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0003677(DNA binding)|GO:000372

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000902(c
GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0000122(negative regulation of transcription fi

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005637(
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to separate SSU-rRNA from 5.8S rRNA and LSU-rRNA :
GO:0000030(mannosyltransferase activity)|GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0004169(dolichyl-p
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)
GO:0001786(phosphatidylserine binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005546(phosphatidyl

GO:0005622(intracellular)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007165(signal transduction)|GO:
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrar

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006520(cellular amino acid metabolic process)|GO:0008890(gly
GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonser

GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0006307(DNA deal
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0019899(enzyme bindin

GO:0016829(lyase activity)|GO:0016831(carboxy-lyase activity)|GO:0019752(carboxylic acid metab
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0006810(transport)|GO:C

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007420(brain development)|GO:0014069(postsynaptic dens
GO:0005576(extracellular region)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005515(protein bindir

GO:0004170(dUTP diphosphatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0008270(zinc ion binding)|GC
GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0005975(car

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005794(Golgi
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005509(calcium ion binding

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0002158(osteoclast proliferation)|GO:0004872(rec
GO:0016567(protein ubiquitination)|GO:0080008(CUL4 RING ubiquitin ligase complex)
GO:0000975(regulatory region DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcrip

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0003684(damag
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular reg

GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006749(glutathione m

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005769(early endosome)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004832(valine-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP binding
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucl

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(pro

GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GC

GO:0003407(neural retina development)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003713(transcripti

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003700(se
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0015377(cation:chloride symporter activity)|GO:0016021(inte
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000987(c

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004017(adenylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:000

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005337(nucleoside transmembrane transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonser
GO:0003841(1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0005783(endoplasmic retic

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000573
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|G

GO:0005576(extracellular region)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0000718(nucleotide-excision repair, DNA damage rem
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005783(endoplasmic reticul
GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(:
GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)

GO:0000346(transcription export complex)|GO:0000347(THO complex)|GO:0000445(THO complex

GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000776(kinetochore)|GO:0003682(chromatin binc
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003909(DNA ligase activity)|GO:

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005515(prot
GO:0015031(protein transport)|GO:0042147(retrograde transport, endosome to Golgi)

GO:0000177(cytoplasmic exosome (RNase complex))|GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing b
GO:0004109(coproporphyrinogen oxidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochor
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:00058
GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor ac
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004594(pantothenate kinase activity)|GO:0005524(ATP bind

GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0000780(condensed nuclear chromosome, centromeric region)|GO:0005515(protein binding)|GO
GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to separate SSU-rRNA from 5.8S rRNA and LSU-rRNA

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
GO:0001829(trophectodermal cell differentiation)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding tra
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0
GO:0005576(extracellular region)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA hel
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(n

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:
GO:0001725(stress fiber)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006936(mu
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005819(spindle

GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion bir

GO:0005351(sugar:hydrogen symporter activity)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter
GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC

GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(i
GO:0005488(binding)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006826(iron ion tr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009611(response to wounding)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0031225(anchored to membrane)
GO:0001882(nucleoside binding)|GO:0002060(purine base binding)|GO:0004731(purine-nucleoside

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829
GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(trans-Golgi network)|GO:0005886(plasma membrane)|

GO:0001514(selenocysteine incorporation)|GO:0008430(selenium binding)|GO:0045454(cell redox

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:00071

GO:0004568(chitinase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0016740(transferase activity)|GO:
GO:0002553(histamine secretion by mast cell)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble factor
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:
GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0001892(embryonic placenta development)|GO:0003677(DNA

GO:0001725(stress fiber)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0016
GO:0004726(non-membrane spanning protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005811(lipid particle)|GO:0008152(metabolic process)|GO:
GO:0008195(phosphatidate phosphatase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to
GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cytosol)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000777(condensed chromosome kinetochore)|GO:0000910(

GO:0004720(protein-lysine 6-oxidase activity)|GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:00055
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005

GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003857(3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:0005
GO:0009607(response to biotic stimulus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(pro

GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005792(microso

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021

GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:00

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0005813(centrosome)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0015629(actin cytoskeleton)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl

GO:0001785(prostaglandin J receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007126(meiosis)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of

GO:0003923(GPI-anchor transamidase activity)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)

GO:0000123(histone acetyltransferase complex)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:0006811(ion transport)|GO:00068

GO:0003341(cilium movement)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0031514(

GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor ac

GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005887(integral to plasma memb

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO

GO:0005095(GTPase inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:(

GO:0003779(actin binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytc

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004857(enzyme inhibitor activity)|GO:0007601(visu

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000579

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0002407(dendritic

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005634(nucleus)|G

GO:0001580(detection of chemical stimulus involved in sensory perception of bitter taste)|GO:000

GO:0001614(purinergic nucleotide receptor activity)|GO:0002554(serotonin secretion by platelet)|

GO:0001817(regulation of cytokine production)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transc

GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0008508(bile acid:sodium symp

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracell

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:000

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005178(integrin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:00

GO:0001578(microtubule bundle formation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural m

GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasm
GO:0007049(cell cycle)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016702(oxidoreductase activity,
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001523(retinoid metabolic process)|GO:0004745(retinol def
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:(

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001569(pa
GO:0001539(ciliary or flagellar motility)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GC
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(mi
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003727(single-stranded RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0043565(sequence-sp

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856

GO:0005461(UDP-glucuronic acid transmembrane transporter activity)|GO:0005463(UDP-N-acetylglu

GO:0003779(actin binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(prote
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:(
GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular r
GO:0003876(AMP deaminase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006144(purine base metabolic pr

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576
GO:0004563(beta-N-acetylhexosaminidase activity)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:001602
GO:0001817(regulation of cytokine production)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004016(adenylate cyclase acti

GO:0003779(actin binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005523(tropomyosin binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0001822(kidney development)|GO:0002001(renin secretion into blood stream)|GO:0004252(sensory perception)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005522(profilin binding)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005488(binding)|GO:0006505(GPI anchor metabolic process)|GO:0006886(intracellular protein binding)|GO:0004616(phosphogluconate dehydrogenase (decarboxylating) activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003420(regulation of growth plate cartilage chondrocyte proliferation)|GO:0003713(transcription factor activity)

GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006397(mitochondrion)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005148(prolactin receptor binding)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular matrix structural constituent)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005518(collagen binding)|GO:0004857(enzyme inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular matrix structural constituent)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005083(small GTPase regulator activity)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006355(regulatory activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleus)

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleus)

GO:0005515(protein binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0001947(heart looping)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromatin organization)

GO:0001843(neural tube closure)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005769(early endosome)|GO:0000052(citrulline metabolic process)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de

GO:0003417(growth plate cartilage development)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005522(membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005655(zinc ion binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016874(ligase activity)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to separate SSU-rRNA from 5.8S rRNA and LSU-rRNA)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0031965(nuclear membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatase)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0000012(single strand break repair)|GO:0000786(nucleosome)|GO:0001673(male germ cell nucleus)

GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005522(membrane)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoplasm)|GO:0000300(peripheral to membrane of membrane fraction)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0044212(transcription regulatory region)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000902(cell morphogenesis)

GO:0000303(response to superoxide)|GO:0001315(age-dependent response to reactive oxygen spe
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r

GO:0000777(condensed chromosome kinetochore)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0005515(protei
GO:0005488(binding)

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005886(plasm.

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0001756(somitogenesis
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005534(galactose binding
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005739(mitochondrion)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00055
GO:0004857(enzyme inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006457(protein folding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0002020(protease binding)|GO:0002709(regulation of T cell
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008151
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0042254(ribosome bio
GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000792(heterochromatin)|GO:0000987(core promoter proximal region sequence-specific DNA
GO:0001503(ossification)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001889(liver development)|GO:0003824(catalytic activity)|C
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0008013(beta-catenin binding)|GO:0010212(response to ionizing radiation)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000790(r
GO:0002768(immune response-regulating cell surface receptor signaling pathway)|GO:0004871(sig

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00
GO:0017137(Rab GTPase binding)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrar

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0004715(non-m
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005085(guanyl-nucleotide
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000981(s
GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)
GO:0006457(protein folding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G
GO:0004559(alpha-mannosidase activity)|GO:0005537(mannose binding)|GO:0005625(soluble frac
GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)|GO:0002821(positive regulation of
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002102(podosome)|GO:000
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|G
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0002553(histamine secretion by mast cell)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble f
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005247(voltage-gated chloride channel activit
GO:0004176(ATP-dependent peptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleu
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000187(a
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:000
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:001678
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GC

GO:0005391(sodium:potassium-exchanging ATPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:000
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003677(DNA
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000902(c

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:001250
GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nu
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006954(inflammatory respor
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006629(lipid metabolic proce
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001503(ossification)|GO:0004383(guanylate cyclase activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004803(transposase activity)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005524(ATP bi
GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC class II)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubule)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005164(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0004362(glutathione-disulfide reductase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005777(peroxisome)

GO:0001578(microtubule bundle formation)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-strand binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005678(chromatin assembly complex)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-strand binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005678(chromatin assembly complex)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000281(cytokine activity)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0006887(exocytosis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(membrane)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0016020(membrane)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000076(DNA replication checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition)|GO:0005488(binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005539(sugar binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)

GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:0001885(endothelial cell development)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005796(Golgi lumen)|GO:0008146(su
GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C activity)|GO:0004871(signal transducer activity)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0004518
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0006917(induction of apoptosis)|GO:001646

GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:000
GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000117(regulation of transcription involved in G2/
GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA helicase activity)|GO:0005488(bindin
GO:0000302(response to reactive oxygen species)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004096

GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008284(positive regulatio

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001501(s
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004767(sphingomyelin phosphodiesterase activity)|GO:00057
GO:0001656(metanephros development)|GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0001759(or
GO:0006919(activation of caspase activity)|GO:0008624(induction of apoptosis by extracellular sig
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cytoskeleton organization)|GO:0
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)

GO:0005813(centrosome)

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005245(voltage-gated calcium channel activit
GO:0003032(detection of oxygen)|GO:0004128(cytochrome-b5 reductase activity)|GO:0005783(en
GO:0001816(cytokine production)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA b
GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:00058
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008285(negative regulation of cell
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005783(endoplasmic reticul
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular reg
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0001968(fibronectin binding)|GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0004872(receptor act

GO:0004069(L-aspartate:2-oxoglutarate aminotransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006337(nucleosome dis

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000086(G2/M tran

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic retic
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytop
GO:0000244(assembly of spliceosomal tri-snRNP)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosc

GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytopl
GO:0007224(smoothened signaling pathway)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to me
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0002040(sprouting angiogenesis)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(recepto
GO:0001892(embryonic placenta development)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transc

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cyt
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004637(phosphoribosylamine-glycine ligase activity)|GO:000

GO:0001655(urogenital system development)|GO:0001658(branching involved in ureteric bud mor
GO:0005488(binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005544(calcium-dependent p
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005513(detection of calcium ion)|GO:0005515(protein bind

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r

GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen via MHC class I)|GO:0004177(
GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0005977(glycogen metabolic process)

GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001822(kidney development)|GO:0002040(sprouting

GO:0001568(blood vessel development)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0004871

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000981(s

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005942(phosp
GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO
GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003678(DNA helicase activity)|G

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004075(biotin carboxylase activity)|GO:0004736(pyruvate ca

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003678(DNA helicase activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0001772(immunological synapse)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004252(serine-type endo
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup
GO:0004602(glutathione peroxidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0004713(prot
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(:

GO:0001822(kidney development)|GO:0001889(liver development)|GO:0001920(negative regulati
GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000381(regulation of alternative nuclear mRNA splicing, via s

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)
GO:0004064(arylesterase activity)|GO:0008150(biological_process)|GO:0009058(biosynthetic proc
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0006810(transport)|GO:0009
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP bi
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006355(regulation of tr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubule)|GO:0007010(cytos

GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0004518(nuclease activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic ret
GO:0002426(immunoglobulin production in mucosal tissue)|GO:0002636(positive regulation of ger
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0001662(behavioral fear response)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007165(signal trans

GO:0007049(cell cycle)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016740(transferase ac
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0001659(temperature homeostasis)|GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C activity
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0009058(biosynthetic process)|GO:0016769(transferase activity

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel activit
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005929
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005615(extracellular space
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003873(6-phosphofructo-2-kinase activity)|GO:0004331(fruct

GO:0016042(lipid catabolic process)|GO:0016787(hydrolase activity)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000666!
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004859(phospholipase
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006355(regulation of transcripti
GO:0001888(glucuronyl-galactosyl-proteoglycan 4-alpha-N-acetylglucosaminyltransferase activity)|
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0003676(nucleic acid binding)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004871(signal transducer act

GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)|GO:0002268(follicular dendritic cell differentiatio
GO:0005739(mitochondrion)
GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0006464(protein modification process)
GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003705(sequence-specific enhancer binding RNA
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0006897(endocytosis)|GO:0008270(zinc ion

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(!
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004402(histone acetyltransferase activity)|GO:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000562
GO:0000275(mitochondrial proton-transporting ATP synthase complex, catalytic core F(1))|GO:000
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via
GO:0000300(peripheral to membrane of membrane fraction)|GO:0003674(molecular_function)|GO:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00056
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0015031(protein transport)|GO:0030150(protein import into mit

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000242(pericentriolar material)|GO:0001948(glycoprotein b
GO:0005634(nucleus)|GO:0005689(U12-type spliceosomal complex)|GO:0006915(apoptosis)|GO:C
GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(end
GO:0004418(hydroxymethylbilane synthase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0002532(production of molecular mediator involved in inflammatory response)|GO:0004872(re
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270
GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(meta
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:C
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006810(transport)|GO:0009925(basal plasma membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006457(
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:000
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(D
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005814(centriole)|GO:0005856(cytoskele
GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005577(fibrinogen complex
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000579
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001944(vasculature development)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellul
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000086(G2/M tran
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:000562
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004550(nucleoside diphosphate kinase activity)|GO:0005524
GO:0000183(chromatin silencing at rDNA)|GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:000
GO:0005575(cellular_component)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008150(biological_process)|GO:000
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:00057
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004496(mevalonate kinase activity)|GO:0005524(ATP bindin
GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005819(spindle)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001894(tissue homeostasis)|GO:0003989(acetyl-CoA carbox
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006916(anti-apopt

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007517(muscle organ development)|GO:0031965(nuclear m
GO:0005622(intracellular)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:00073
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001568(blood vessel c
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000790(r
GO:0001726(ruffle)|GO:0003785(actin monomer binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005747(mitochon
GO:0000038(very long-chain fatty acid metabolic process)|GO:0003995(acyl-CoA dehydrogenase ac
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005783(endoplasmic reticul
GO:0001726(ruffle)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleu

GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0002218(activation of innate imm
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0006886(intracellular protein transport)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplas
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003777(microtubule motor acti
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005634(nucleus)|(
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)
GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016740(transferase ac
GO:0001514(selenocysteine incorporation)|GO:0008430(selenium binding)|GO:0045454(cell redox
GO:0004859(phospholipase inhibitor activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005543(phos

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to me

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000904(cell morphogenesis involved in differentiation)|GO:0001701(in utero embryonic devel

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:00

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0008747(N-acetylneur
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016324(apical plasma membrane)|GO:0030318(melanocyte
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005737(cyt
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005678(chromatin assembly complex)|G
GO:0005515(protein binding)|GO:0005768(endosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802
GO:0004198(calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion bi
GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0001503(ossification)|GO:0005201(extracellular matrix st
GO:0002026(regulation of the force of heart contraction)|GO:0003785(actin monomer binding)|GC
GO:0004416(hydroxyacylglutathione hydrolase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytopl

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005496(steroid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleus)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0010008(endosome membrane)|GO:0015031(protein transport)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006511(ubiquitin-depe

GO:0004653(polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005768(endosome)|GO:0001675(acrosome assembly)|GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005096(GTPase act

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000421(autophagic vacuole membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular protein binding)|GO:0001503(ossification)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0004866(endopeptidase inhibition)|GO:0001514(selenocysteine incorporation)|GO:0008430(selenium binding)|GO:0045454(cell redox homeostasis)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001574(ganglioside biosynthetic process)|GO:0003828(alpha-1,3-galactosyltransferase activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005829(cytosol)|GO:0009611(membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004844(uracil DNA N-glycosylase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0005975(carrier activity)|GO:0005242(inward rectifier potassium channel activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000228(r

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001503(ossification)|GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004017(adenylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008150(biol

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubule cytoskeleton)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0002316(follicular B cell differentiation)|GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C acti

GO:0000149(SNARE binding)|GO:0001921(positive regulation of receptor recycling)|GO:0005515(p

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007275(multice
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|G
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytop
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00

GO:0007165(signal transduction)|GO:0008283(cell proliferation)
GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:000023

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006811(ion tran
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001501(s
GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006629(lipic
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004857(enzyme inhibitor activity)|GO:0005102(receptor bi
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006955(immune response)|GO:0007169(trans

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0032526(response to retinoic ac

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000792(f
GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006629(lip

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006486(protein glycosylation)|G

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0002039(p

GO:0000062(fatty-acyl-CoA binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nuc
GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0005739(mito
GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001701(in uter
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0005515(protein bin
GO:0002282(microglial cell activation involved in immune response)|GO:0004871(signal transducer
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00

GO:0000038(very long-chain fatty acid metabolic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:00

GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000380(alternative nuclear mRNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0004514(nicotinate-nucleotide diphosphorylase (carboxylating) activity)|GO:0004516(nicotinate-nucleotide diphosphorylase activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nucleoplasm)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005216(ion channel activity)

GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001667(ameboidal cell migration)|GO:0002576(platelet degranulation)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:0007166(cell-cell adhesion)|GO:0002682(regulation of immune system process)|GO:0003840(gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005068(transmembrane receptor protein tyrosine kinase activity)

GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0008104(protein localization)|GO:0015031(protein transport)

GO:0003796(lysozyme activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016998(cell wall macromolecule biosynthetic process)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006917(induction of apoptosis)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006886(intracellular protein binding)|GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007166(cell-cell adhesion)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005626(insoluble fraction)|GO:0001960(negative regulation of cytokine-mediated signaling pathway)|GO:0004725(protein tyrosine phosphorylation)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid-mediated signaling pathway)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle)|GO:0002642(positive regulation of immunoglobulin biosynthetic process)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0016020(membrane)

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000253(3-keto sterol reductase activity)|GO:0004303(estradiol biosynthetic process)

GO:0005768(endosome)|GO:0016020(membrane)|GO:0031901(early endosome membrane)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000087

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007399(nervous system)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005783
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)

GO:0001726(ruffle)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005158(platelet activation)
GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005829
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(platelet activation)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0006001
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0001671(ATPase activator activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515
GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886
GO:0005886(plasma membrane)

GO:0005123(death receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634
GO:0004630(phospholipase D activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0001512(dihydropyridine riboside quinone reductase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005634
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005515
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0045333(cellular respiration)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule associated with cell cycle)
GO:0001826(inner cell mass cell differentiation)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005730

GO:0000120(RNA polymerase I transcription factor complex)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005576
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrion)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005604(basement membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005515(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPKKK cascade)|GO:0003333(amino acid transmembrane transport)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0008544(epidermis development)|GO:0045095(keratinocyte proliferation)|GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001944(vasculature development)|GO:0003030(positive regulation of transcription, DNA dependent)|GO:0004057(arginyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000165(positive regulation of transcription, DNA dependent)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005829(cytosol)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0004180(carboxypeptidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006504(positive regulation of transcription, DNA dependent)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005267(potassium channel activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006811(ion transport)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0016757(transferase activity, transferring glycosyl group)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004735(pyrraline-5-carboxylate reductase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0002115(store-operated calcium entry)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(skeletal system development)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:004442(positive regulation of transcription, DNA dependent)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000253(3-keto sterol reductase activity)|GO:0004303(estrogen response element binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0003785(actin monomer binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005385(zinc ion transmembrane transporter activity)|GO:0005829(cytosol)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005929(cilium)|GO:0035085(cilium axon)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(pr
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016746(transferase activity, transferring acyl groups)|GO:00479
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005778(peroxisomal membrane)|
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003712(transcriptior

GO:0001741(XY body)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003713(tr
GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0005184(neuropeptide hormone activity)|G(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005793(ER-Golgi intermediate co
GO:0004724(magnesium-dependent protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0004741([

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0017183(peptidyl-diphthamide biosynthetic process from peptidyl-his

GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0042578(phosphoric ester hydrolase activity)

GO:0002080(acrosomal membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005768(endosome)|G

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0003779(actin binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0007049(ce
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0000279(M phase)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003725(double
GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0004866(endopeptidase ir

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi a
GO:0004536(deoxyribonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:00
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0000718(nucleotide-excision repair, DNA damage rem

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)

GO:0001635(calcitonin gene-related polypeptide receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005882(intercellular signaling)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005932(microtubule cytoskeleton)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(GTPase inhibitor activity)|GO:0000026(alpha-1,2-mannosyltransferase activity)|GO:0000030(mannosyltransferase activity)|GO:0000031(beta-1,2-mannosyltransferase activity)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0016020(membrane)

GO:0004470(malic enzyme activity)|GO:0004473(malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylase) (NADP+))

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004832(valine-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004729(oxygen-dependent protoporphyrinogen oxidase activity)|GO:0006810(transport)|GO:0006869(lipid transport)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005744(mitochondrial membrane)

GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0002576(platelet activation)|GO:0001772(immunological synapse)|GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0001913(T cell mediated cytotoxicity)|GO:0002355(detection of tumor cell)|GO:0002860(positive regulation of cell growth)|GO:0000302(response to reactive oxygen species)|GO:0001300(chronological cell aging)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005923(tight junction)|GO:0007268(synaptic transmission)|GO:0007422(peripheral nervous system development)

GO:0005488(binding)

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000789(cytoplasmic chromatin)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005522(profilin binding)|GO:00057
GO:0005829(cytosol)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0008234(cyste

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0002062(chondrocyte differentiation)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellula
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0006457(protein fc
GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0002009(morphogenesis of an epithelium)|GO:0005515(prote
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005929(cilium)|GO:0034464(BBSome)

GO:0004777(succinate-semialdehyde dehydrogenase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:00

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007275(multi

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0016445(somatic

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016021(integral to membrane)|

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubule)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA helicase activity)|GO:0005488(bindin
GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0001678(cellular glucose homeostasis)
GO:0005634(nucleus)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005884(actin filament)|GO:00058

GO:0005509(calcium ion binding)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(:
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005764

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003779(actin binding)|GO

GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0002218(activation of innate imm
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003953(NAD+ nucleosidase activity)|GO:0005886(plasma m

GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0004842(ubiquitin- μ

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005746(mitochondri

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000176(nuclear exosome (RNase complex))|GO:0000178(exo
GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003723(RNA binding

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000460(maturation of 5.8S rRNA)|GO:0003723(RNA binding

GO:0003779(actin binding)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)

GO:0005488(binding)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)|C

GO:0000506(glycosylphosphatidylinositol-N-acetylglucosaminyltransferase (GPI-GnT) complex)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0004672(protein k

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to m

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nuc

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006486(protein glycosylation

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0042113(B cell activator

GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:00047

GO:0004047(aminomethyltransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondric

GO:0005102(receptor binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrar

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0001833(inner cell m

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to memb

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001947(r

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|

GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|G

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008486(diphosphoinositol-polyphosphate diphosphatase activity)|G

GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005789(endoplasmic r

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cyt

GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:00

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0004603(phenylethanolamine N-methyltransferase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0008168
GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005929(cilium)|GO:
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000988(p
GO:0005092(GDP-dissociation inhibitor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:00056:
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(

GO:0005524(ATP binding)|GO:0006457(protein folding)|GO:0009408(response to heat)|GO:00160
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006355(regulati

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0003677(DNA binding)

GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003779(actin bin
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002689(negative regulation of leukocyte chemotaxis)|GO:000333:
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0004887(thyroid horn

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mit
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005272(sodium channel activity)|GO:0005887(integral to pl
GO:0003723(RNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)
GO:0004360(glutamine-fructose-6-phosphate transaminase (isomerizing) activity)|GO:0005529(sug
GO:0005488(binding)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003714(t
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:00057:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:001:
GO:0000904(cell morphogenesis involved in differentiation)|GO:0005178(integrin binding)|GO:000
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001952(regulation
GO:0000138(Golgi trans cisterna)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005634(nucleus)|GO:00057

GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007165(signal transduct
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005516(calmodulin binding)
GO:0001782(B cell homeostasis)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:
GO:0002639(positive regulation of immunoglobulin production)|GO:0005102(receptor binding)|GO:
GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0002
GO:0000910(cytokinesis)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0001701(in utero embryo
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016791(phosphatase activity)
GO:0005634(nucleus)|GO:0008781(N-acylneuraminate cytidyltransferase activity)|GO:0009103(li

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0001756(somitogenesis)|GO:0001843(neural tube clo

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0003841(1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0004806(triglyceride lipase
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GC
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00

GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0016021(integral to membrane)|G
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0019987(negative regulation of anti-apo
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005784(Sec61 translo
GO:0005068(transmembrane receptor protein tyrosine kinase adaptor activity)|GO:0005070(SH3/S
GO:0005488(binding)|GO:0007154(cell communication)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0015031(p
GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen via MHC class I)|GO:0005576(

GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000788(nuclear nucleosome)|GO:0001779(natura
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000470
GO:0008285(negative regulation of cell proliferation)|GO:0016042(lipid catabolic process)|GO:001

GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:00

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cyto
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005534(galactose binding

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|G
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0004715(non-m
GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:00080
GO:0004514(nicotinate-nucleotide diphosphorylase (carboxylating) activity)|GO:0005737(cytoplas
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:001678
GO:0005488(binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016491(o
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004896(cytokine receptor activity)|GO:0004912(interleukin-3 r
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005484(SNAP receptor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:000
GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001708(cell fate specific
GO:0001950(plasma membrane enriched fraction)|GO:0005484(SNAP receptor activity)|GO:00055
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(enc

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular regi

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubule)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

GO:0001917(photoreceptor inner segment)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cyt
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0001568(blood vessel development)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003705(

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0006897(endocytosis)|GO:0008270(zinc ion
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005262(calcium channel activity)|GO:0005768(endosome)|GO

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005913(cell-cell adherens junction)|GO:
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005539(glycosaminoglycan binding)|GO:0005887(integral to pl
GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RN

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0003779(actin binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0008307(structu
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0004930(G-prot

GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0004622(lysophospholipase activity)|GO:0005529(suga
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:00
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002052(positive regulation of neuroblast proliferation)|GO:00025
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0004577(N-acetylglucosaminyl diphosphodolichol N-acetylglucosaminyltransferase activity)|GO

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cytoskeleton organization)|GO:0000000
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0002682(regulation of immune system process)|GO:0003840(gamma-glutamyltransferase activity)

GO:0001675(acrosome assembly)|GO:0005070(SH3/SN2 adaptor activity)|GO:0005096(GTPase activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000000
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000000
GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0008083(growth factor receptor binding)
GO:0005488(binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005088(Ras guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005000
GO:0003333(amino acid transmembrane transport)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005624(membrane)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0015377(cation:chloride symporter activity)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0005783(enzyme binding)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0007268(synaptic transmission)|GO:0000000
GO:0000785(chromatin)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0004649(poly(ADP-ribose) glycohydrolase activity)

GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004465(lipoprotein lipase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000000

GO:0003723(RNA binding)

GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001818(negative regulation of gene expression)
GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000178(exosome (RNase complex))|GO:0000288(negative regulation of gene expression)
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004326(tetrahydrofolylpolyglutamate synthase activity)|GO:0000000
GO:0001562(response to protozoan)|GO:0001808(negative regulation of type IV hypersensitivity)|GO:0000000

GO:0005813(centrosome)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007411(
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006401(RNA catabolic process)|GO:0032299(ri
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulat
GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(r
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005158(insuli
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008152(metabolic pr
GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008270(zinc ion binding)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003917(DNA topoisomerase type I activity)|GO:0003918(DN
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!

GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA helicase activity)|GO:0005488(bindin
GO:0004029(aldehyde dehydrogenase (NAD) activity)|GO:0004043(L-aminoadipate-semialdehyde c

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001656(metanephros development)|GO:0001657
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005903(brush border)|GO:0007605(sensory perception of sound)|G

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006916(anti-apopt

GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0042325(regulati
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005324(long-chain fatty acid transporter activity)|GO:00055
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0004503(monophenol monooxygenase activity)|GO:000
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule ac
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(in
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006950(response to stress)|GO:0016020(membrane)|GO:00160

GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic reticulu
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(r
GO:0005488(binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:001

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007601(visual perception
GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-strand
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0001975(response to amph

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004571(mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase acti
GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0002218(activation of innate immu
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0010390(histone monoubiquitination)|GC
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma m
GO:0005634(nucleus)

GO:0005634(nucleus)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0015630(microtubule cytoskeleton)
GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0004034(aldose 1-epimerase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005975(carbohydrate met
GO:0003841(1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0008654(phospholipid bios
GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor ac
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001935(endothelial cell proliferation)|GO:0002246(wound healing

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006917(induction of apoptosis)|GO:(

GO:0004342(glucosamine-6-phosphate deaminase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005975(

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005737(cytopl
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:00
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006874(cellular calcium ic
GO:0005488(binding)

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00056

GO:0003674(molecular_function)|GO:0006396(RNA processing)|GO:0007283(spermatogenesis)|G
GO:0007165(signal transduction)|GO:0035556(intracellular signal transduction)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001542(c

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005875(microtubule associated complex)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003682(chromatin bindin
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0005576(extracellular region)

GO:0008033(tRNA processing)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:(

GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threoc
GO:0004629(phospholipase C activity)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0035556(intracell
GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004721(

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(ext
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00058

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0001915(negative regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0001960(negative regulation c
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000086(G2/M tran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003883(CTP synthase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleoli
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|C
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0004672(protein k

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000049(tRNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cyto
GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cy
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004435(phosphatidylinositol p

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(protei
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0030036(actir

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016055(Wnt
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0000781(chromosome, telomeric region)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellu
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003777(microtubule motor acti

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0042255(ribosome assembly)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005765(lysosomal membran
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005770(late endosome)|GO:00058
GO:0005158(insulin receptor binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|G
GO:0005575(cellular_component)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0007269(neurotransmitter sec

GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:002290

GO:0005006(epidermal growth factor receptor activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO:000515
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001077(F
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000785(c
GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005126(cytokine receptor binding)|GO:0005576(extracellular r
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005859(muscle myosin complex)|GO:0006955(immune resp
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005626(insoluble frac
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0005886(plasma r
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0032580(Golgi cisterna membrane)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:00

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005388(calcium-transporting ATPase activity)|GO:0005524(/
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001558(r

GO:0003674(molecular_function)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:00
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0005515(protein bir
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(pr

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004610(phosphoacetylglucosamine mutase activity)|GC

GO:0007049(cell cycle)|GO:0007050(cell cycle arrest)|GO:0007089(traversing start control point of
GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation
GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:000592
GO:0000132(establishment of mitotic spindle orientation)|GO:0005096(GTPase activator activity)|(
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from f

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000922(spir
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(n
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000976(t

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0031214(biomineral tissue development)

GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|(
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucle

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0004674(protein serine/thre
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004857(enzyme inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008191(metalloendopeptida
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005522(profilin binding)|GO:0

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003674(r
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005267(potassium channel activity)|GO:0005

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008064(regu
GO:0005052(peroxisome matrix targeting signal-1 binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000793(condensed chro
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0004672(protein kinase activit

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucle
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0005886(pla

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005247(voltage-gated chloride channel activit
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activi

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0004032(alcohol:NADP+ 1-oxidoreductase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004553(hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds)|

GO:0005576(extracellular region)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule activity)

GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008137(NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity)|GO:0009051(oxidoreductase activity, NADH)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007261(ion channel activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0055085(transmembrane transport)

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005245(voltage-gated calcium channel activity)

GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0008508(bile acid:sodium symporter activity)

GO:0001972(retinoic acid binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005797(Golgi medial cisterna)|GO:0006024(glycosaminoglycan)

GO:0005488(binding)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007399(nervous system development)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0007605(sensory perception of sound)|GO:0032420(stereocilia)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006259(DNA replication)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylated)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005511(oxidoreductase activity, NADH)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004735(pyrraline-5-carboxylate reductase activity)|GO:0006259(DNA replication)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0002526(acute inflammatory response)|GO:0002544(chronic inflammatory response)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008152(metabolic process)|GO:0008168(methyltransferase activity)

GO:0008152(metabolic process)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP bi
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti

GO:0001889(liver development)|GO:0001890(placenta development)|GO:0001948(glycoprotein bi
GO:0003677(DNA binding)|GO:0004571(mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase activity)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005041(low-density lipoprotein receptor activity)|GO:0005509
GO:0005515(protein binding)|GO:0005912(adherens junction)|GO:0005923(tight junction)|GO:000

GO:0001919(regulation of receptor recycling)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005764(lysosome

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004896(cytokine recep
GO:0000114(regulation of transcription involved in G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000122(neg
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005783(endoplasmic re
GO:0004668(protein-arginine deiminase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cy

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GC
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0002028(regulation of sodium ion transport)|GO:0005432(c
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003831(beta-N-acetylglucosaminy|glycopeptide beta-1,4-galac
GO:0001849(complement component C1q binding)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:000
GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cy

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005678
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:001602
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004383(guanylate cyclase activity)|GO:0004872(receptor acti
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cy

GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001514(selenocysteine incorpor

GO:0003837(beta-ureidopropionase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005912(nucleus)|GO:000166(nucleotide binding)|GO:0004788(thiamine diphosphokinase activity)|GO:0005524(ATPase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006352(transcription initiation, DNA-dependent)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0004866(endopeptidase activity)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic metaphase)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008599(protein phosphatase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008284(positive regulation of cell proliferation)|GO:0030097(hemolysis)

GO:0005109(frizzled binding)|GO:0005114(type II transforming growth factor beta receptor binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003374(dynamin polymerization involved in mitochondrial fission)

GO:0002313(mature B cell differentiation involved in immune response)|GO:0004871(signal transduction)

GO:0003823(antigen binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0006952(defense response)|GO:0007254(immune response)

GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0001824(blastocyst development)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005634(nucleus)|GO:0060041(retina development in camera-type eye)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007399(nervous system development)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0005200(structural constituent of cell)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005234(extracellular-glutaminase activity)|GO:0000123(histone acetyltransferase complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0003007(heart morphogenesis)

GO:0001726(ruffle)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0001937(negative regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005912(nucleus)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(transcription initiation, RNA-dependent)

GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0008234(cysteine-type peptidase act

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006479(protein methylation)

GO:0000940(condensed chromosome outer kinetochore)|GO:0005515(protein binding)|GO:00056
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000902(c

GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(i
GO:0005488(binding)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001822(kidney development)|GO:0007275(multicellular organism

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0017015(regulation of transforming growth fac

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000212(n
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0002230(positive regulation of defense response to virus by host)|GO:0003723(RNA binding)|G
GO:0000975(regulatory region DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcrip
GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005886(plasma membrane)|C
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|C

GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extrac
GO:0006417(regulation of translation)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:00:

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001726(r
GO:0004170(dUTP diphosphatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005819(spindle)|GO:0005856(cytoskeletc

GO:0005576(extracellular region)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:006027:

GO:0000786(nucleosome)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0001740(Barr body)|GO:000
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005471(ATP:ADP antiporter activity)|GO:0005515(protein b
GO:0002860(positive regulation of natural killer cell mediated cytotoxicity directed against tumor c
GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008599(protein
GO:0005488(binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0006325(chrom
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005730(nucleol
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004017(adenylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochor
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0004128(cytochrome-b5 reductase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondri
GO:0000137(Golgi cis cisterna)|GO:0000138(Golgi trans cisterna)|GO:0000139(Golgi membrane)|G
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0006981
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000149(SNARE binding)|GO:0001950(plasma membrane enriched fraction)|GO:0005484(SNAI

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0006355
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007126(meiosis)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:
GO:0000221(vacuolar proton-transporting V-type ATPase, V1 domain)|GO:0004842(ubiquitin-prote
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytop
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005

GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000988(p
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001954(p
GO:0008033(tRNA processing)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0017150(tRNA dihydrouri

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA bi

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00057
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000486
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000922(spindle pole)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskelet

GO:0006915(apoptosis)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005525(serine-type carboxypeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005622(intracellular space)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005525(serine-type carboxypeptidase activity)|GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(cytoskeleton organization)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006955(nucleus)

GO:0005829(cytosol)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0034329(cell junction assembly)|GO:0004373(glycogen (starch) synthase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005626(insoluble fraction)

GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:002290(endosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:003191(transport)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0042981(transport)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005769(early endosome)|GO:0006897(transport)|GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001822(kidney development)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:0006935(chemotaxis)

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000978(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding)|GO:0000978(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0042802(identical protein binding)

GO:0005622(intracellular space)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0034097(response to cytokine stimulus)|GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000090(mitotic anaphase)|GO:0000236(mitotic prophase)

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000785(chromatin)|GO:0001939(female pronucleus)|GO:0003824(catalytic activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular space)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006200(ATP cata
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0008324(cation tra
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003012(muscle system process)|GO:0005507(
GO:0005739(mitochondrion)
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:00160

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006486(protein glycosylation)|GO:
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:000573

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016568(chromatin modification)|GO:00165
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000776(kin
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004829(threonine-tRNA li

GO:0003779(actin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cytoskele
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organizat
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cyto
GO:0001661(conditioned taste aversion)|GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)|GO:000

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004842(ubiquitin-pr
GO:0000300(peripheral to membrane of membrane fraction)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006929(substrate-de
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:00160
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001649(osteoblast dif

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0001812(positive regulation of type I hypersensitivity)|GO:0001820(serotonin secretion)|GO:00
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(D
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004735(pyrraline-5-carboxylate reductase activity)|GO:0006

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|GO:
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000502(proteasome complex)|GO:0004842(ubiquitin-pr
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:00

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006364(rRNA processing)|GO:0008649(rRNA methyltransferase activ

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0030036(activ

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0004596(peptide alpha-N-acetyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008270(zinc ion bin

GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory transcription factor activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003835(beta-galactoside alpha-2,6-sialyltransferase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005887(integral to p

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(translation elongation factor activity)|GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0002268(follicular dendritic cell differentiation)|GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)|GO:0002282(microglial cell activation involved in response to lipopolysaccharide)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005525(GTP binding)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0010225(response to UV-C)|GO:0010332(response to gamma radiation)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001975(response to a hypoxic environment)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(translation elongation factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001659(t

GO:0002540(leukotriene production involved in inflammatory response)|GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004383(guanylate cyclase activity)|GO:0004872(receptor activity, ligand-gated ion channel)

GO:0004806(triglyceride lipase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005615(extracellular space)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005576(extracellular_region)|GO:0008150(biological_process)|GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0003878(ATP_citrate_synthase_activity)|GO:0004775(succinate_dehydrogenase_activity)|GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0000398(nuclear_mRNA_splicing_via_spliceosome)|GO:000369

GO:0004871(signal_transducer_activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0003677(DNA_binding)|GO:0004386(helicase_activity)|GO:0000932(cytoplasmic_mRNA_processing_body)|GO:0003723(RNA_binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005506(iron_ion_binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006974(response_to_DNA_damage_stimulus)|GO:0007049(cell_cycle)|GO:0008054(cyclin_catabolic_process)

GO:0000387(spliceosomal_snRNP_assembly)|GO:0005515(protein_binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral_to_membrane)|GO:0000139(Golgi_membrane)|GO:0005794(Golgi_apparatus)|GO:0015031(protein_transport)|GO:00004659(prenyltransferase_activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide_binding)|GO:0001530(lipopolysaccharide_binding)|GO:0002039(p53_binding)

GO:0002504(antigen_processing_and_presentation_of_peptide_or_polysaccharide_antigen_via_MHC_class_II_antigen_presenting_complex)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008150(biological_process)|GO:0003723(RNA_binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear_envelope)|GO:0005640(nuclear_envelope)

GO:0002092(positive_regulation_of_receptor_internalization)|GO:0002523(leukocyte_migration_involvement_in_cell_to_cell_contact)|GO:0004871(signal_transducer_activity)|GO:0005886(plasma_membrane)|GO:0007165(signal_transduction)|GO:0003677(DNA_binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation_of_cell_to_cell_contact)

GO:0005515(protein_binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral_to_membrane)|GO:0005509(calcium_ion_binding)|GO:0005515(protein_binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006974(response_to_DNA_damage_stimulus)

GO:0003700(sequence-specific_DNA_binding_transcription_factor_activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000902(cell_morphogenesis)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002102(podosome)|GO:0002523(leukocyte_migration_involvement_in_cell_to_cell_contact)

GO:0070374(positive_regulation_of_ERK1_and_ERK2_cascade)|GO:0005261(cation_channel_activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005765(lysosomal_membrane)|GO:0003779(actin_binding)|GO:0005515(protein_binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0000070(mitotic_sister_chromatid_segregation)|GO:0000084(S_phase_of_mitotic_cell_cycle)|GO:0000084(S_phase_of_mitotic_cell_cycle)|GO:0000084(S_phase_of_mitotic_cell_cycle)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006956(complement activ
GO:0001826(inner cell mass cell differentiation)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GC
GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007160(cell-matrix adhes
GO:0000346(transcription export complex)|GO:0000347(THO complex)|GO:0000445(THO complex
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007267(cell-cell signaling)|GO:0
GO:0008146(sulfotransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membran
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005882(intermediate filament)|GO:0006

GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005576(extracellular region)|GO:000
GO:0005488(binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:00
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006457(protein folding)|GO:0031072(heat shock protein binding
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00055
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0002407(dendritic cell chemotaxis)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(recept
GO:0005515(protein binding)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0016020(m
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0
GO:0005634(nucleus)|GO:0006397(mRNA processing)|GO:0008380(RNA splicing)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004252(serine-type endopepti
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001537(N-acetylgalactosamine 4-O-sulfotransferase activity)|C
GO:0001553(luteinization)|GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001822(kidney development)|GO:00
GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005845(mRNA ca
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005575(cellular_component)|C

GO:0005488(binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006953(acute-phase response)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to memb
GO:0005488(binding)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRN
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000082(G:

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005923(tight junction)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007
GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma me

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005678(chromatin assembly complex)|GO:0006334(nucleosome assem

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mi
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0055085(transmembrane transp
GO:0000293(ferric-chelate reductase activity)|GO:0004128(cytochrome-b5 reductase activity)|GO:

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro

GO:0002726(positive regulation of T cell cytokine production)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:00037
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005518(collagen binding)|GO:0005624(membrane fraction)|G
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004679(AMP-activated protein kinase activity)|GO:0004691(

GO:0005515(protein binding)|GO:0005773(vacuole)|GO:0005774(vacuolar membrane)|GO:00068:
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000922(spir
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endopla
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)
GO:0001960(negative regulation of cytokine-mediated signaling pathway)|GO:0005149(interleukin-

GO:0001614(purinergic nucleotide receptor activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004931(e
GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|G

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008324(cation transmembrane transporter activity)|GO:001602

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000793(condensed chro
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00

GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003779(actin binding)|GO:0030036(actin cytoskeleton organization)|GO:0030054(cell junctio
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005507(copper ion binding)|GO:0006875(cellular metal ion

GO:0001819(positive regulation of cytokine production)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0043123(pos
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004016(adenylate cyclase acti
GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cy

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic
GO:0005576(extracellular region)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005623

GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001532(interleukin-21 receptor activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002224(toll-like receptor activity)

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005813(centrosome)

GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0007154(cell communication)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0015031(protein transport)|GO:0005096
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0001707(mesoderm formation)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005695

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004693(cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005515
GO:0001916(positive regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0002230(positive regulation of
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003714(transcription factor activity)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(spindle

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0008060(ARF GTPase activator activity)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0032312(regulation of transcription factor activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515
GO:0002020(protease binding)|GO:0002863(positive regulation of inflammatory response to antigen)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(enzyme binding)
GO:0001735(prenylcysteine oxidase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000922(spindle pole)|GO:0001833(inner cell mass cell proliferation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000176(nuclear exosome (RNase complex))|GO:0000177(3'-5' RNA processing)

GO:0000062(fatty-acyl-CoA binding)|GO:0006810(transport)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0030102(membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromatin organization)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0007338(single fertilization)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000115(regulation of transcription involved in S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000155(two-component sensor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005546(phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic metaphase)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006071(glycerol metabolic process)|GO:0006629(lipid metabolic process)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006595(polyamine biosynthetic process)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006750(glutamate biosynthetic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001654(eye development)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0005487(nucleocytoplasmic transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004700(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006750(glutamate biosynthetic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001654(eye development)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0005487(nucleocytoplasmic transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004700(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006750(glutamate biosynthetic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001654(eye development)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0005487(nucleocytoplasmic transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004700(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004700(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0002819(regulation of adaptive immune response)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003996(acyl-CoA ligase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006874(cellular calcium ion binding)|GO:0000179(rRNA (adenine-N6,N6-)-dimethyltransferase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0003756(protein disulfide isomerase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005780(lysosome)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003723(RNA binding)

GO:0000183(chromatin silencing at rDNA)|GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001574(ganglioside biosynthetic process)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005882(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0050699(WW domain binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005328(neurotransmitter:sodium symporter activity)|GO:0005369(taurine:sodium symporter activity)

GO:0001784(phosphotyrosine binding)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007267(cell-cell signaling)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0015032(lysosome)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0010181(FMN binding)|GO:0016020(membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(trans-Golgi network)|GO:0005886(plasma membrane)|

GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001801(angiogenesis)|

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001837(epithelial to mesenchymal transition)|GO:0001801(angiogenesis)|

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004476(mannose-6-phosphate isomerase activity)|GO:0005571(molecular function)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(cytoplasmic)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001659(temperature homeostasis)|GO:0001660(fever generation)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003887(DNA-directed DNA polymerase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0001974(blood vessel remodeling)|

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003714(transcription)|

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003680(AT DNA binding)|GO:0003700(spermatogenesis)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001801(angiogenesis)|

GO:0005515(protein binding)|GO:0019005(SCF ubiquitin ligase complex)|GO:0060712(spongiosus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(prot
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004730(pseudouridylate synthase activ
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008180(signalosome)|GO:0010388(cullin den
GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005634
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006508(proteolysis

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005913(cell-cell adherens junction)|GO:C

GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000738(DNA catabolic process, exonucleolytic)|G

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)

GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:00057:

GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:002

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:001
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extrac
GO:0001655(urogenital system development)|GO:0001658(branching involved in ureteric bud mor
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup

GO:0003779(actin binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000582
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000:

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005874(microtubule)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007067(mitosis)|
GO:0003993(acid phosphatase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase a
GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)|GO:0002821(positive regulation c

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:004687
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation

GO:0000904(cell morphogenesis involved in differentiation)|GO:0005198(structural molecule activi

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(
GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extrac
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nuc

GO:0001764(neuron migration)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009117(nucleotide metabolic proce

GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0042127(regu

GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005085(guanyl-nuclec

GO:0002102(podosome)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma men
GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:00056(
GO:0005829(cytosol)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0008234(cyste
GO:0001878(response to yeast)|GO:0001909(leukocyte mediated cytotoxicity)|GO:0002679(respir;
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0
GO:0001725(stress fiber)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0003779(actin b
GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005856(cytoskel

GO:0000339(RNA cap binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005488(bind

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000975(r

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005905(coai

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0003677(DNA binding

GO:0008013(beta-catenin binding)|GO:0010212(response to ionizing radiation)

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000082(G1/S transition of

GO:0001071(nucleic acid binding transcription factor activity)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005814(centriole)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005488(binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000299(integral to membrane)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005087(Ran guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004849(uridine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007596(blood coagulation)|GO:0002116(semaphorin receptor complex)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005622(intracellular signal transduction)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA processing)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006950(response to stress)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:00016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000922(spindle pole)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0004301(epoxide hydrolase activity)|GO:0004463(leukocyte chemotaxis)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular signal transduction)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0008016(regulation of heart contraction)|GO:0008076(voltage-gated potassium channel complex assembly)|GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:0003839(gamma-glutamylcyclotransferase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004817(cysteine-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0005506(iron ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005506(iron ion binding)

GO:0003712(transcription cofactor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005198(GTP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000726

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum protein import)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0016805(dipeptidase activity)

GO:0005070(SH3/SN2 adaptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005886(GTP binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005637(nuclear inner membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0007010(cytoskeleton organization)|GO:0022604(regulation of cell morphogenesis)|GO:0035506(allantoin metabolic process)|GO:0001553(luteinization)|GO:0003690(double-strand break repair, non-homologous end joining)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0005515(membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000225(N-acetylglucosaminylphosphatidylinositol deacetylase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0017111(GTP binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003779(actin binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0001514(selenocysteine incorporation)|GO:0008430(selenium binding)|GO:0045454(cell redox homeostasis)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0005594(collagen type IX)|GO:00074

GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008146(sulfotransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0030018(Z disc)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005184(neuropeptide hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005847(mRNA cleavage)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001726(ruffle)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho gua
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005764(lysosome)|GO:0006629(li
GO:0001609(adenosine receptor activity, G-protein coupled)|GO:0004871(signal transducer activity
GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor ac
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001892(embryonic placenta de
GO:0000149(SNARE binding)|GO:0005484(SNAP receptor activity)|GO:0005765(lysosomal membra

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:000554
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidas

GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001656(metanephros
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005829
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00

GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001667(ameboidal cell migration)|GO:0002576(platelet deg
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0000033(alpha-1,3-mannosyltransferase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:000
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005923(tight junction)|GO:0008180(signalosome)|GO:0030054(cell j
GO:0002116(semaphorin receptor complex)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005622(intracellu
GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006357

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:000715
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004735(pyrraline-5-carboxylate reductase activity)|GO:0005

GO:0004167(dopachrome isomerase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016829(lyase activity)|
GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005488(binding)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004647(phosphoserine phosphatase activity)|GO:00055
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008380(RNA splicing)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004672(protein kinase

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006364(rRNA processing)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001764(neuron migration)|GO:0003016(respiratory system process)|GO:0003677(DNA binding)
GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000176(nuclear exosome (RNase complex))|GO:0

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003680(AT DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0006552(leucine catabolic process)
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005247(voltage-gated chloride channel activity)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005516(calmodulin binding)

GO:0003839(gamma-glutamylcyclotransferase activity)|GO:0016746(transferase activity, transferin)
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005178(integral to membrane)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001649(catalytic activity)

GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0002000
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003714(transcription factor activity)

GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016568(chromatin binding)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000236(mitotic cell cycle)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004693(cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005516(calmodulin binding)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016180(snRNA processing)|GO:0032039(mitotic cell cycle)
GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0004167(dopachrome isomerase activity)|GO:0005516(calmodulin binding)
GO:0001824(blastocyst development)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(catalytic activity)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0008150(biological_process)
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0003674(molecular_function)
GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005678(mitotic cell cycle)
GO:0000320(re-entry into mitotic cell cycle)|GO:0001890(placenta development)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:0005516(calmodulin binding)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskeleton organization)
GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004672(protein kinase activity)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent transcription)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005829(cytoskeleton organization)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005763(mitochondrial small ribosomal subunit)
GO:0004518(nuclease activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum protein transport)

GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005471(ATP:ADP antiporter activity)|GO:0005488(binding)|
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)

GO:0002282(microglial cell activation involved in immune response)|GO:0003725(double-stranded
GO:0005863(striated muscle myosin thick filament)|GO:0006936(muscle contraction)|GO:0008307
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cytosol
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006914(autophagy)|GO:0008233(peptidase
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000244(assembly of spliceosomal tri-snRNP)|GO:0000375(RNA
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory
GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005367(myo-inositol:sodium symporter activity)|GO:0005863

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005215
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0009615(response to virus)

GO:0004047(aminomethyltransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000086(G2/M transition
GO:0000983(RNA polymerase II core promoter sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005622
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC class II)

GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005783(endoplasmic reticulum
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006950(response to stress)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0008324(cation transport
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005777(peroxisome
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008195(phosphatidate phosphatase)

GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635
GO:0000981(sequence-specific DNA binding RNA polymerase II transcription factor activity)|GO:0003674
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005635

GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005488(binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000149(SNARE binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0000920(cytokinetic cell separation)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0051297(centrosome)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0004013(adenosylhomocysteinase activity)|GO:0006730(one-carbon metabolic process)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0004896(cytokinesis)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0017148(negative regulation of translation)|GO:0019717(synaptosome)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005488(binding)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)|GO:0003723(RNA binding)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0008113(peptide-methionine-(S)-S-oxide reductase activity)|GO:0055114(oxidation-reduction process)|GO:0000042(protein targeting to Golgi)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005031(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0005488(t

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005667(tra

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004303(estradiol 17-beta-dehydrogenase activity)|GO:0005!

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006412(transla

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004819(glutamine-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP bir

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:000562

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellu

GO:0005634(nucleus)|GO:0005671(Ada2/Gcn5/Ada3 transcription activator complex)|GO:0006355

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016874(ligase activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0001542(ovulation from ovarian follicle)|GO:0001554(luteolysis)|GO:0004622(lysophospholipa

GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005622(intrac

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00!

GO:0004061(arylformamidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000582

GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral t

GO:0007050(cell cycle arrest)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002318(myeloid p

GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003989(acetyl-CoA carboxylase activity)|GO:0004075(biotin

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:C

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubule)|GO:0007010(cytoskeleton)
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0001709(cell fate determination)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0001030(RNA polymerase III type 1 promoter DNA binding)|GO:0001031(RNA polymerase III type 1 promoter DNA binding)

GO:0005488(binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0002467(germinal center formation)|GO:0050853(B cell receptor signaling pathway)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0009986(cell surface)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007155(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)
GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005338(nucleotide-sugar transmembrane transporter activity)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000981(spermatogenesis)
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000132(establishment of mitotic spindle orientation)
GO:0000900(translation repressor activity, nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)

GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004872(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)
GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006464(protein modification process)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)|GO:0002821(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)
GO:0001968(fibronectin binding)|GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0004872(receptor activity, ligand-gated ion channel)
GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0001843(neural tube closure)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006954(inflammatory response)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0004715(non-muscle myosin II activity)

GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0006868(glutamine transport)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003779(actin bin

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00039

GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004674(protein serine/thi
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0009103(lip
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)
GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417(regulation of translation)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein bindin
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000982(F
GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0000796(condensir

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005975(carbohydrate metaboli
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006886(intrac
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0009968(nega
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to mem
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005938
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005229(intracellular calcium activated chloride channel acti
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004713(protein tyrosin

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucl
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:00056
GO:0005813(centrosome)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0
GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase activity)
GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0004602(glutathione peroxidase activity)|GO:000

GO:0005813(centrosome)

GO:0003882(CDP-diacylglycerol-serine O-phosphatidyltransferase activity)|GO:0005622(intracellular)
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002089(lens morphogenesis in camera-type eye)|GO:0003700(sec
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:00071
GO:0001726(ruffle)|GO:0005100(Rho GTPase activator activity)|GO:0005547(phosphatidylinositol-
GO:0004629(phospholipase C activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0016042(lipid ca
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0001975(response to amphetamine)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(rece
GO:0005093(Rab GDP-dissociation inhibitor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:00
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cyt
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004749(ribose phosph

GO:0003677(DNA binding)|GO:0004520(endodeoxyribonuclease activity)|GO:0004531(deoxyribon
GO:0001823(mesonephros development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(pr

GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:0005515(protein binding)|GO:00057

GO:0005178(integrin binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extrac
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006415(translational termination)|GO:
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005737(cytopl
GO:0003983(UTP:glucose-1-phosphate uridylyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|C
GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0

GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006979(response to oxidativ

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0006066(alcohol m

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004143(diacylglycerol kinase activity)|GO:0005095(GTPase i

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regul
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005814(centriole)|GO:0005856(cytoskele

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006833(water transport)|
GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to men
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|G

GO:0005739(mitochondrion)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|G

GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C activity)|GO:0004629(phospholipase C activity)|
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0035556(intracellular signal tran
GO:0004560(alpha-L-fucosidase activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005625(soluble fraction

GO:0003779(actin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubi
GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GC

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0001775(cell activation)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0004857(enzyme inhibitor ac
GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:000715
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005198(
GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000777(condensed chromosome kinetochore
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:000483!

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005001(tr

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intra

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006810(transport)|GO:00068
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0005634(nucleus)

GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004402(histone acetyltransferase activity)|GO:
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005737

GO:0004395(hexaprenyldihydroxybenzoate methyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002224(toll-like re

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004505(phenylalanine 4-monooxygenase activ
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000441(SSL2-core TFIIH c

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:(

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deader

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003924(GTPase activity)|

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005041(low-density lipoprotein receptor activity)|GO:0005488
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000381(regulation of alternative nuclear mRNA splicing, via s
GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:00080
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nu
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000922(spir
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0004407(histone deacetylase activity)|GO:0005634
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0008026(ATP-dependent helicase

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0010212(response to ionizing radiation)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001520(outer dense fiber)|GO:0004791(thioredoxin-disulfide reductase activity)|GO:0005634

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001916(positive regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:
GO:0002331(pre-B cell allelic exclusion)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004519(endonuclease act
GO:0000104(succinate dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochr

GO:0003723(RNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001539(ciliary or flagellar motility)|GO:0003777(microtubule
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004143(diacylglycerol kinase activity)|GO:0005524(ATP bind
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008146(sulfotransferase activity
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:
GO:0004766(spermidine synthase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006555(methionine metabol
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparat
GO:0005515(protein binding)|GO:0005925(focal adhesion)|GO:0008284(positive regulation of cell
GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphat
GO:0001725(stress fiber)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003779(actin binding)|GO:00057

GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001701(in u
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:000
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001786(phosphatidylserine binding)|GO:0005178(integrin binding
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006810(tra

GO:0005575(cellular_component)|GO:0019213(deacetylase activity)|GO:0042278(purine nucleosic
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005509(calcium ion bindi
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein
GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004485(methylcrotonoyl-CoA carboxylase activity) | GO:0005

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0005634(nucleus) | GC

GO:0000790(nuclear chromatin) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:000
GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein cou

GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent) | GO:0006954(infla
GO:0003743(translation initiation factor activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0006412(transl
GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005576(extracellular region) | GO:
GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005622(intracellu
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0004672(protein kinase
GO:0005515(protein binding) | GO:0006957(complement activation, alternative pathway) | GO:0016
GO:0005488(binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0016491(oxidoreductase activity) | GO:0016568(ch
GO:0004452(isopentenyl-diphosphate delta-isomerase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:C

GO:0005739(mitochondrion) | GO:0006950(response to stress) | GO:0016020(membrane) | GO:00160
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0043231(intracellular membrane-bounded organelle)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005525(GTP binding) | GO:000
GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0016445(somatic
GO:0003743(translation initiation factor activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytop

GO:0003779(actin binding) | GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton) | GO:0007010(cytos

GO:0009607(response to biotic stimulus) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membe
GO:0005794(Golgi apparatus) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0006917(induction of apoptosi
GO:0001525(angiogenesis) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity) | GO:0006811(ion transport) | GO:0009268(response

GO:0000060(protein import into nucleus, translocation) | GO:0001818(negative regulation of cytokin
GO:0004331(fructose-2,6-bisphosphate 2-phosphatase activity) | GO:0005622(intracellular) | GO:001
GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatic

GO:0007010(cytoskeleton organization)|GO:0008093(cytoskeletal adaptor activity)|GO:0014704(in

GO:0000012(single strand break repair)|GO:0003684(damaged DNA binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000
GO:0003785(actin monomer binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0005524(A
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001654(eye development)|GO:0001822(kidney de
GO:0004181(metalloproteinase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase a

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001672(regulation of chromatin assembly or disassembly)|G
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001825(blastocyst formation)|GO:0003924(GTPase activity)
GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0001701(in utero em
GO:0008152(metabolic process)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0030500(regulation of bone r
GO:0000922(spindle pole)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0004674(protein serine/threonine
GO:0005634(nucleus)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000275(mitochondrial proton-transporting ATP synthase complex, catalytic core F(1))|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001523(retinoid metabolic process)|GO:0003016(respiratory
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0007049(cell cycl

GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005929(cil
GO:0006810(transport)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001942(hair follicle development)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to p

GO:0005576(extracellular region)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004550(nucleoside diphosphate kinase activity)|GO:0005524
GO:0004046(aminoacylase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO

GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucle

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004735(pyrraline-5-carboxylate reductase activity)|GO:0005
GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplas

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucle

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0005996(monosaccharide metabolic process)|GO:0006004(fucose metabolic process)|GO:0016

GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000389(nuclear mRNA 3'-splice sit
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0001756(somitogenesis)|GO:0003016(respiratory system process)|GO:0003677(DNA binding)|

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001821(his

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(pr
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004349(glutamate 5-kinase activity)|GO:0004350(glutamate

GO:0000922(spindle pole)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous rec
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0008270(zinc
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase :

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001658(k
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0005102(receptor binding)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|C

GO:0003779(actin binding)|GO:0005523(tropomyosin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00058
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer m
GO:0004028(3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase activity)|GO:0004030(aldehyde dehydrogenase
GO:0004367(glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD+] activity)|GO:0004368(glycerol-3-phosph
GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(ca
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005391(sodium:potassiur
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0009058(biosynthetic process)|GO:0016769(transferase activity
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001780(neutrophil homeostasis)|GO:0002250(adaptive immune r

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0030308(negative regulation of cell growt
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009611(response to wounding)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004797(thymidine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|GO:0009607(response to biotic stress)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0004027(alcohol sulfotransferase activity)|GO:0004062(aryl sulfotransferase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigens)
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005829(cytosol)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0031424(keratinization)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic metaphase)

GO:0005515(protein binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006955(immune response)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(immune response)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007049(cell cycle)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004637(phosphoribosylamine-glycine ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA processing)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0019005(SCF ubiquitin ligase complex)|GO:0030163(protein catabolic process)

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic metaphase)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005095(GTPase inhibitor activity)|GO:0005099(Ras GTPase activat
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007275(multicellular organis
GO:0005488(binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0001503(ossification)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein bindi
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003875(ADP-ribosylarginine hydrolase activity)|GO:000
GO:0001726(ruffle)|GO:0001784(phosphotyrosine binding)|GO:0002820(negative regulation of ad
GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|G
GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0006396(RNA processing)|G
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016829(lyase activity)
GO:0035556(intracellular signal transduction)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003887(DNA-directed DNA polymerase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(in
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:00055
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005886(plas

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007399(nervous system development)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005576(extracellular region)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:00
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule ac
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0016887(ATPase activity)
GO:0000138(Golgi trans cisterna)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002064(epithelial cell devel
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000795(synaptonemal complex)|GO:0001673(male germ cel
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(i

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005761(mitoch

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006260(DNA replic
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005452(inorganic anion exchanger activity)|GO:0005886(pl

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005832

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0005488(binding)

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004766(spermidine synthase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006555(methionine metabolism)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000090(mitotic anaphase)|GO:0000236(mitotic prophase)

GO:0000062(fatty-acyl-CoA binding)|GO:0004361(glutaryl-CoA dehydrogenase activity)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0000781(chromosome, telomeric region)|GO:0001516(positive regulation of gene expression)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000403(Y-form DNA binding)

GO:0002087(regulation of respiratory gaseous exchange by neurological system process)|GO:0004353(positive regulation of gene expression)

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001958(endochondral ossification)|GO:0002063(positive regulation of gene expression)

GO:0006915(apoptosis)|GO:0030154(cell differentiation)

GO:0006811(ion transport)|GO:0006829(zinc ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005247(voltage-gated chloride channel activity)

GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0045095(keratin filament)

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004423(iduronate-2-sulfatase activity)|GO:0005764(lysosome)

GO:0001819(positive regulation of cytokine production)|GO:0001961(positive regulation of cytokine production)

GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003007(heart development)

GO:0005768(endosome)|GO:0010008(endosome membrane)|GO:0015031(protein transport)|GO:0003824(catalytic activity)

GO:0004339(glucan 1,4-alpha-glucosidase activity)|GO:0004689(phagocytosis)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001916(positive regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(intercellular junction)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)

GO:0005524(ATP binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005577(extracellular matrix)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001782(B cell homeostasis)|GO:0002218(activation of protein kinase activity)

GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0000079
GO:0002532(production of molecular mediator involved in inflammatory response)|GO:0004872(re
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho GTPase activator activity)|GO:0005622(in
GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0003779(actin binding)|GO:000487:

GO:0004553(hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds)|GO:0004558(alpha-glucosidase
GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0016757(transferase activity, transferring g

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004571(mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase acti
GO:0005634(nucleus)|GO:0032088(negative regulation of NF-kappaB transcription factor activity)|

GO:0004180(carboxypeptidase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006508(proteolysis)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005829
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0001706(endodern
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(pi

GO:0003333(amino acid transmembrane transport)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004075(biotin carboxylase activity)|GO:0004485(methylcro
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004198(calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion bi

GO:0001850(complement component C3a binding)|GO:0002430(complement receptor mediated si

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide excha
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005:

GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005813(centrosome)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase
GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral i
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0000179(rRNA (adenine-N6,N6-)-dimethyltransferase activity)|GO:0003712(transcription cofac
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(c
GO:0000105(histidine biosynthetic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004329(formate
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005747(mitochon
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004305(ethanolamine kinase activity)|GO:0005524(ATP binc

GO:0000149(SNARE binding)|GO:0001504(neurotransmitter uptake)|GO:0005249(voltage-gated p
GO:0008584(male gonad development)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrar
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0000922(spindle pole)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0004674(protein serine/threonine
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005200(structural constituent of cytoske
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0001726(ruffle)|GO:0003785(actin monomer binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(
GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005522(profilin binding)|GO:C
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0002053(p
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001537(N-acetyl galactosamine 4-O-sulfotransferase activity)|C
GO:0005634(nucleus)|GO:0006349(regulation of gene expression by genetic imprinting)|GO:00063
GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nu
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cytc
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008380(RNA spli
GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0005111(type 2 fibroblast growth factor receptor bi

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005730(nucleol

GO:0001889(liver development)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|C
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005737(cytoplas
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0008781(N-acylneuraminate cytidyltransferase

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005901(caveola)|GO:0016021(inte
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0004222(
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007411(axon guidance)|GO:000

GO:0005634(nucleus)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0007155(

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000236(mitotic spindle organization)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0010008(endosome membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0001931(uropod)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005689(U12-type spliceosomal complex)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001931(uropod)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(Golgi apparatus)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006487(protein N-linked glycosylation)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005742(mitochondrial outer membrane translocase complex)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane translocase complex)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001890(negative regulation of transcription)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0002437(inflammatory response to antigenic stimulus)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003872(6-phosphofructokinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001837(epithelial cell morphogenesis)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0001833(inner cell mass cell proliferation)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0006892(post-Golgi vesicle-trafficking)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005761(mitochondrial outer membrane)|GO:0005762(mitochondrial inner membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417(regulation of translation)|GO:0006418(regulation of translation)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:00059
GO:0005158(insulin receptor binding)
GO:0000789(cytoplasmic chromatin)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003676(nucleic acid bir

GO:0016301(kinase activity)|GO:0016773(phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor)|
GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005740(mitochondrial envelope)|GO:000

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005216(ion channel activity)
GO:0004559(alpha-mannosidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005975(carbohyd
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005484(SNAP receptor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:000
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:000
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(m
GO:0005484(SNAP receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007266(Rho pr

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006955(immune

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(protei
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006
GO:0004623(phospholipase A2 activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:000
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001518(voltage-gated sodium channel complex)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activi
GO:0003674(molecular_function)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005575(cellular_component

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GC
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0006917(induction of apoptosis)|GO:004847

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005856(cytoskeleton)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006302(double-strand break repair)|GO:
GO:0005581(collagen)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006301(postreplication
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:000157
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0
GO:0001955(blood vessel maturation)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|G

GO:0003009(skeletal muscle contraction)|GO:0005523(tropomyosin binding)|GO:0005829(cytosol)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|G

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0045095(keratin filament)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0006810(transport
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005740(mitochondrial envelope)|GO:0005741(mitochondrial ou
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004423(iduronate-2-sulfatase activity)|GO:0005764(lysosome)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003682(c
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005488(b
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:004687

GO:0000346(transcription export complex)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(in

GO:0005488(binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004303(estradiol 17-beta-dehydrogenase activity)|GO:0005
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(

GO:0001505(regulation of neurotransmitter levels)|GO:0001933(negative regulation of protein pho
GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylati
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(E
GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:

GO:0003847(1-alkyl-2-acetyl-glycerophosphocholine esterase activity) | GO:0005543(phospholipid bi
GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding) | GO:0005102(receptor binding) | GO:0005179(hor
GO:0005125(cytokine activity) | GO:0005615(extracellular space) | GO:0006935(chemotaxis) | GO:001
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000228(nuclear chromosome) | GO:0000287(magnesium ion
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0003700(s
GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0046872(metal i
GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000796(c
GO:0002020(protease binding) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0005509(calcium ion binding) | G
GO:0005634(nucleus) | GO:0006260(DNA replication)
GO:0000075(cell cycle checkpoint) | GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activ
GO:0001077(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding tran
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:000468
GO:0004117(calmodulin-dependent cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity) | GO:0005516(calr
GO:0005212(structural constituent of eye lens) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005625(soluble
GO:0000786(nucleosome) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005694(chromo:
GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005829(cytosol) | GO:0005912(adherens juncti
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0005515(protein bind
GO:0005634(nucleus)
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005923(tight junction) | GO:0008180(signalosome) | GO:0030054(cell j
GO:0005515(protein binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005654(nucle
GO:0003824(catalytic activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005624(membrane fraction) | GO
GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response) | GO:0002821(positive regulation c
GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008150(biological_process) | GO:0030018(Z dis
GO:0005198(structural molecule activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0016226(iron-sulfur clu
GO:0001077(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding tran
GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway) | GO:0002281(macrophage activation involved in i
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005927(muscle tendon junction) | GO:0030891(VCB complex) | GO:00:
GO:0002062(chondrocyte differentiation) | GO:0005102(receptor binding) | GO:0005576(extracellula
GO:0004872(receptor activity) | GO:0004888(transmembrane receptor activity) | GO:0006952(defens
GO:0005215(transporter activity) | GO:0005504(fatty acid binding) | GO:0005515(protein binding) | G
GO:0004872(receptor activity)
GO:0005634(nucleus)
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003674(molecular_function) | GO:0004765(shikimate kinase :

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0005813(centrosome)|GO:0007601(visual perception)|GO:0050896(response to stimulus)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0004198(calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0000033(alpha-1,3-mannosyltransferase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008143(GTPase inhibitor activity)|GO:0005083(small GTPase regulator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005095(GTPase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleus)|GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0004860(catalytic activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005319(lipid transporter activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0001542(ovulation from follicle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0008670(2,4-dienoyl-CoA reductase activity)

GO:0005739(mitochondrion)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001725(stress fiber)|GO:0003065(positive regulation of heart rate by epinephrine)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0003405(positive regulation of transcription)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cytoplasm)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005829(cytosol)|GO:0016787(hydrolas

GO:0002755(MyD88-dependent toll-like receptor signaling pathway)|GO:0004872(receptor activity
GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003720(telomera
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0005626(insoluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:00

GO:0008152(metabolic process)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0016779(nucleotidyltransfe

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulati
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma m

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0002224(toll-like recep
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006916(anti-apoptosis)|GO:0019987(negative regulation of anti-apo

GO:0002116(semaphorin receptor complex)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005622(intracellu

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007165(signal transduction
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0002224
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005509(calciu
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cy
GO:0006417(regulation of translation)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:00
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005887(integral to plasma mem

GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-depend
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005792(mic
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0008150(biological_proce
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016491(oxidoreductase ar
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal development
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitoch

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!

GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0009615(respons
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cyto
GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular reg
GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GC
GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0032580(Golgi cisterna membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0042742(defense respons
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00071
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular reg
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activ
GO:0000138(Golgi trans cisterna)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP b
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000563

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005511(membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016757(transferase activity, transmembrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007275(multicellular organismal process)|GO:0072669(tRNA-splicing ligase complex)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016670(oxidoreductase activity, NADPH dependent)|GO:0001947(heart looping)|GO:0003139(secondary heart field specification)|GO:0003143(embryo development)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005338(nucleotide-sugar transmembrane transporter activity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000090(mitotic anaphase)|GO:0000132(estrogen response)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016567(protein ubiquitination)|GO:0030374(ligand-dependent nuclear receptor activity)|GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001614(purinergic nucleotide receptor activity)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0003937(IMP cyclohydrolase activity)|GO:0004643(phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide ribotransferase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003883(CTP synthase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005813(centrosome)|GO:0004089(carbonate dehydratase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial membrane)

GO:0001716(L-amino-acid oxidase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0016491(oxidoreductase activity, NADPH dependent)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004714(transmembrane receptor protein tyrosine kinase activity)

GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0004727(prenylated protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005769(early endosome)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005871(cytoskeleton organization)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005815(centrosome organization)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005109(frizzled binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0008284(positive regulation of transcription factor activity)|GO:0001817(regulation of cytokine production)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005768(endosome)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000976(transcription start site clearance)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002407(dendritic cell chemotaxis)|GO:0002724(regulation of transcription factor activity)

GO:0000492(box C/D snoRNP assembly)|GO:0070761(pre-snoRNP complex)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005738(nucleoplasm)|GO:0002429(immune response-activating cell surface receptor signaling pathway)|GO:0005886(platelet degranulation)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(catalytic activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005887(integral to plasma membrane)

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0000083(regulation of transcription involved in G1/S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000117(positive regulation of transcription factor activity)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007100(oxidoreductase activity)|GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0004502(kynurenine 3-monooxygenase activity)|GO:0005622(intracellular)

GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008486(diphosphoinositol-polyphosphate 3-kinase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0004823(leucine aminotransferase activity)|GO:0002116(semaphorin receptor complex)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000982(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005

GO:0005634(nucleus)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous ex
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(regulation of transcription involved

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000471

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000579:
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0042981(regulation of apoptosis)|GO:0051726
GO:0005829(cytosol)|GO:0006810(transport)|GO:0006869(lipid transport)|GO:0006893(Golgi to p
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0004866(endorpeptidase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0010859(calcium-
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein bindin
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000403(Y-form DNA b

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol
GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0003995(acyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:0003997(acyl-CoA oxidase activity)|GO:000577:
GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008270(zinc ion binding)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic

GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0019213(deacetylase activity)|GO:0042278(purine nucleoside me
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004713(protein tyrosin
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001525(angiogenesi
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005250(A-type (transient outward) potassium
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0007155(cell a
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0042254(ribosome bio

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005504(fatty acid binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0003093(regulation of glomerular filtration)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005929(cilium)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:001

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008146(sulfotransferase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0016791(phosphatase activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-

GO:0003823(antigen binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0032580(Golgi cisterna membrane)

GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

GO:0005764(lysosome)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubu

GO:0007165(signal transduction)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001916(positive regulation of T cell mediated cytotoxicity)|G

GO:0000780(condensed nuclear chromosome, centromeric region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005

GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000

GO:0000014(single-stranded DNA specific endodeoxyribonuclease activity)|GO:0000109(nucleotide

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:00

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0006044(N-acetylglucosamine metabolic proces

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004857(enzyme inhibitor activity)|GO:0005829(cyto

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007596(blood coagulation)|GO:0031225(anchored to memb

GO:0005525(GTP binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulu

GO:0001675(acrosome assembly)|GO:0002860(positive regulation of natural killer cell mediated cy

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0005515

GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000132(establishment of mitotic spindle orientatio
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005840(ribosome
GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(reg

GO:0004014(adenosylmethionine decarboxylase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006595(polya
GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nu
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004333(fumarate hydratase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|G
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001945(lymph vessel development)|GO:0002042(cell migration in
GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001886(endothe
GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0042254(ribo

GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO

GO:0005515(protein binding)|GO:0016765(transferase activity, transferring alkyl or aryl (other than
GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0016607(nuclear

GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004018(N6-(1,2-dicarboxyethyl)AMP AMP-lyase (fumarate-

GO:0000050(urea cycle)|GO:0000064(L-ornithine transmembrane transporter activity)|GO:000006
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003676(r
GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cytoskelet
GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphoryla

GO:0001958(endochondral ossification)|GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0004122(cystal
GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000785(chromatin)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001824(blastocyst development)|
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular regio

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0006939(sm

GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:000574

GO:0000096(sulfur amino acid metabolic process)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005515(pro
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0015031(protein tr

GO:0005488(binding)

GO:0006644(phospholipid metabolic process)|GO:0006954(inflammatory response)|GO:0007165(s
GO:0005488(binding)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417(regulation of translation)|GO:000712

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001975(response to a
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(in

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000712(resolution of meiotic recombination intermediates)|

GO:0002058(uracil binding)|GO:0002059(thymine binding)|GO:0004157(dihydropyrimidinase activ
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005488(binding)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000285(1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase activity
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0006952(defense response)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004889(nicotinic acetylcholine-activated cation-selective chanr
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005215(transp
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0000781(chromosome, telomeric region)|GO:0000783(nu
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000239(pachytene)|GO:0001556(oocyte maturation)|GO:0004047(aminomethyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005960(glycine c
GO:0005576(extracellular region)
GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006400(tRNA modification)|GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0000045(autophagic vacuole assembly)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokine
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004367(glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD+] activity)|GO:0004368(glycerol-3-phosph
GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor a
GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma me
GO:0001652(granular component)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006955(immune response)|GO:0016020(membrane)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005794(Golgi app
GO:0004372(glycine hydroxymethyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytopl
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosph
GO:0005829(cytosol)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007411(axon guida
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003714(transcript
GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005179(hormone activ
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0006955(immune response)|GO:0016020(membrane)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005762(mitoch
GO:0000160(two-component signal transduction system (phosphorelay))|GO:0003713(transcriptio
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006200(ATP cata
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005523(tropomyosin binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005861
GO:0001658(branching involved in ureteric bud morphogenesis)|GO:0001841(neural tube formatio
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0006810(transport)|GO:0001915(negative regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0002230(positive regulation of
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005615(extracellular space)|GO:

GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:00058
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0006981
GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrion)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(mitochondrion)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005506(iron ion binding)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)
GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0016607(nuclear speckle)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular protein transport)
GO:0000127(transcription factor TFIIC complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000212(meiotic spindle organization)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0005874(mitochondrion)
GO:0001843(neural tube closure)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)
GO:0005575(cellular_component)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008150(biological_process)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0007275(multicellular organism development)

GO:0001726(ruffle)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(membrane)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0003723(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003706(ligand-regulated ion channel activity)
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0003416(endochondral bone growth)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0005576(membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007275(multicellular organism development)
GO:0000215(tRNA 2'-phosphotransferase activity)|GO:0006388(tRNA splicing, via endonucleolytic cleavage)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(L
GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0003779(actin binding)|GO:0004721(phosphoprotein phospho
GO:0005773(vacuole)|GO:0005774(vacuolar membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(riboso
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006457(protein folding)|GO:0031072(heat shock protein binding)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006824(cobalt ion transport)|G
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005164(tumor necrosis factor r
GO:0001561(fatty acid alpha-oxidation)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0003755(pepti
GO:0030165(PDZ domain binding)|GO:0042981(regulation of apoptosis)|GO:0045428(regulation of

GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation

GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0008270(zinc
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0003924(G
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:00
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0001578(microtubule bundle formation)|GO:0002166(beta-dystroglycan binding)|GO:0005198
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(pro
GO:0003779(actin binding)|GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0004871(signal trans
GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(trans-Golgi network)|GO:0005886(plasma membrane)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP bi
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007154(cell communication)|GO:0016021(integral to memb

GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|G
GO:0005083(small GTPase regulator activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(i

GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(i
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005744(mitoch
GO:0005515(protein binding)|GO:0005521(lamin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nucl
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005201
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003963(RNA-3'-phosphate cyclase activity)|GO:0005634(nuclei
GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0005078(MAP-kinase scaffold activity)|GO:00055

GO:0000042(protein targeting to Golgi)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:004690
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515
GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0004508(steroid 17-alpha-monooxygenase activity)|GO:

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006813(potassium ion transport)
GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005516(calmodulin binding
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007219(Notch signaling
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0030036(actin

GO:0003723(RNA binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001952(regulation of cell-matrix adhesion)|GO:0004672(protein
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0002098(tRNA wobble uridine modification)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004818(glutamate-tRNA ligase activity)
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005840(ribosome)
GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0001756(somitogenesis)|GO:0001974(blood vessel remodeling)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrion)
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0009103(lipid binding)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005544(calcium-dependent phospholipid binding)|GO:0005

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled
GO:0004415(hyaluronoglucosaminidase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005764(lysozyme
GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(ion
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA helicase activity)|GO:0005488(binding)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005763(mitochondrial small ribosomal subunit)|GO:0005840(ribo

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|GO:0005509
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:

GO:0004092(carnitine O-acetyltransferase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005743(mitochondrion)

GO:0005488(binding) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005743(mitochondrial inner membrane) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005829(cytosol) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0000000(biological process) | GO:0003674(molecular_function) | GO:0005575(cellular_component) | GO:0008150(biological_process)

GO:0005216(ion channel activity) | GO:0005244(voltage-gated ion channel activity) | GO:0005267(potassium channel activity) | GO:0003995(acyl-CoA dehydrogenase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005739(mitochondrion)

GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005096(GTPase activator activity) | GO:0005829(cytosol) | GO:0007264(small GTPase mediated signal transduction) | GO:0004033(aldo-keto reductase (NADP) activity) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005829(cytosol) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0030054(cell junction) | GO:0001536(cytoskeleton)

GO:0000723(telomere maintenance) | GO:0000781(chromosome, telomeric region) | GO:0000783(nucleosome)

GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0006915(apoptosis) | GO:0007049(cell cycle) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001889(liver development) | GO:0004066(asparagine synthase activity) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0006915(apoptosis) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0016746(transferase activity, transferring acyl groups) | GO:0004793(heart rate) | GO:0002027(regulation of heart rate) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005615(extracellular matrix) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005759(mitochondrial matrix)

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity) | GO:0005267(potassium channel activity) | GO:0005269(calcium channel activity)

GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0008168(methyltransferase activity) | GO:0004252(serine-type endopeptidase activity) | GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005515(potassium ion binding)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity) | GO:0005488(binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005515(potassium ion binding)

GO:0003684(damaged DNA binding) | GO:0003729(mRNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0004222(metalloendopeptidase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0006508(proteolysis)

GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0006950(response to stress) | GO:0002080(acrosomal membrane) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0031225(anchored to membrane) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0001841(neural tube formation) | GO:0005215(transporter activity) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0006811(ion transport) | GO:0005328(neurotransmitter:sodium symporter activity) | GO:0005887(integral to plasma membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004672(protein kinase
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000123(r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000508

GO:0005529(sugar binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005975(c
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intrac
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000308(c

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0007275(m
GO:0000975(regulatory region DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcrip
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001892(e
GO:0002083(4-hydroxybenzoate decaprenyltransferase activity)|GO:0004659(prenyltransferase ac

GO:0001726(ruffle)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005730(nucleo
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:000
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)

GO:0005518(collagen binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0008201(heparin binding)|GC

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004638(phosphoribosylaminoimidazole carboxylase activity)
GO:0002430(complement receptor mediated signaling pathway)|GO:0004872(receptor activity)|GC
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:0007165(sig
GO:0005262(calcium channel activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA bi

GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0000796(condensin
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0008033(tRNA processing)|C
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000785(c
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion bindin
GO:0003723(RNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004523(ribonuclease H activit
GO:0004395(hexaprenyldihydroxybenzoate methyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondri

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005768(endosome)|GC

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral membrane)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral membrane)

GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006812(cation transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003976(UDP-N-acetylglucosamine-lysosomal-enzyme N-acetylglucosaminidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005385(zinc ion transmembrane transporter activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0002684(positive regulation of immune system process)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0007018(microtubule-based movement)|GO:0030282(bone mineralization)

GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0003986(acetyl-CoA hydrolase activity)|GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0030282(bone mineralization)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016209(antioxidant activity)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005929(cilium)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0016021(integral membrane)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000578(electrogenic ion transport)

GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0004803(transposase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosph

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:000582
GO:0005634(nucleus)|GO:0008284(positive regulation of cell proliferation)|GO:0009790(embryo d
GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005856(cytc
GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001570(vasculog
GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005886(plasma membrane)|

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:(
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0001766(membrane raft polarization)|GO:0001768(establishment of T cell polarity)|GO:00017
GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplas
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005509(ca

GO:0001843(neural tube closure)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:00

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008146(sulfotransferase activity

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid-
GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(reg
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007165

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004642(phosphoribosylformylglycinamide synthase activity
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(c
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0008138(protein tyrosine/serine/threonine
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochor
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nuc

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005504(fatty acid binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006595(polyamine metabolic process)|GO:0008295(spermidine

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphate binding)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0008138(protein tyrosine/serine/threonine kinase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0004014(adenosylmethionine decarboxylase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006595(polymerization)|GO:0030324(lung development)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000272(polysaccharide catabolic process)|GO:0004568(chitinase activity)|GO:0005576(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004521(endonuclease activity)|GO:0004748(ribonucleoside-diphosphate reductase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005655(ATP binding)

GO:0005176(ErbB-2 class receptor binding)|GO:0005178(integrin binding)|GO:0005200(structural constituent of ribosome)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003678(DNA helicase activity)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cytosol)|GO:0012505(endomembrane system)|GO:0015031(ribosome)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0000171(ribonuclease MRP activity)|GO:0000172(ribonuclease MRP complex)|GO:0001682(tRNA processing)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0032006(mitochondrion)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0000062(fatty-acyl-CoA binding)|GO:0005488(binding)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0030198(extracellular matrix organization)|GO:0031012(extracellular matrix organization)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006520(cellular amino acid metabolic process)

GO:0005488(binding)

GO:0004617(phosphoglycerate dehydrogenase activity)|GO:0006564(L-serine biosynthetic process)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(nucleus)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0015293(symporter activity)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001077(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006511(ubiquitin-dependent proteolysis)

GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001889(liver development)|GO:0003985(acetyl-CoA C-acetyltransferase activity)|GO:0005739(cytoplasm)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(transcription factor activity)
GO:0004622(lysophospholipase activity)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006606(protein import)
GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0008237(metallopeptidase activity)|GO:0005634(nucleus)
GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrion)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0004872(receptor tyrosine kinase activity)
GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0005111(type 2 fibroblast growth factor receptor binding)

GO:0001826(inner cell mass cell differentiation)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005524(ATP binding)|GO:

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001727(lipid kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|C
GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytop
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0016226(iron-sulfur cluster a

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004713(protein tyrosin

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004526(ribonuclease P activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:00
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multice

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000236(mitotic p
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from f
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004674(protein serine/threonine
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003713(t
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001707(mesoderm formation)|GO:0005102(receptor bindir
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(n
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005783(endoplasmic reticu

GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondr
GO:0004526(ribonuclease P activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005655(nucleolar ribonuclease P c

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000718(nucleotide-excisio

GO:0005576(extracellular region)

GO:0000045(autophagic vacuole assembly)|GO:0000153(cytoplasmic ubiquitin ligase complex)|GO
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00040

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005654(nucleolus) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0006915(apoptosis) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005794(Golgi apparatus) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly) | GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome) |

GO:0004872(receptor activity) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001726(ruffle) | GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0005089(Rho guanine nucleotide exchange factor activity)

GO:0003779(actin binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0007010(cytoskeleton)

GO:0003674(molecular_function) | GO:0005575(cellular_component) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0003674(molecular_function) | GO:0004806(triglyceride lipase activity) | GO:0005575(cellular_component)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0004872(receptor activity) | GO:0007275(multicellular organismal development) | GO:0007399(negative regulation of multicellular organismal development)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity) | GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle) | GO:0000278(mitotic cell cycle) | GO:0005515(protein binding)

GO:0001968(fibronectin binding) | GO:0001974(blood vessel remodeling) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0003779(actin binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0007216(positive regulation of cell proliferation) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0000738(DNA catabolic process, exonucleolytic) | GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0004511(positive regulation of cell proliferation) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0042127(regulation of cell proliferation) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle) | GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle) | GO:0000231(positive regulation of cell proliferation) | GO:0004045(aminoacyl-tRNA hydrolase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0006915(apoptosis) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0005215(transporter activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005643(nuclear pore) | GO:0005730(ribosome) | GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus)

GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005615(extracellular matrix)

GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(ribosome) | GO:0005506(iron ion binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006464(pr
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005769(early endosome)|
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0016020(membran

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016020(membrane)|GO:
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003682(chromatin bindir
GO:0001782(B cell homeostasis)|GO:0002636(positive regulation of germinal center formation)|G
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001665(alpha-N-acetylgalactosaminide alpha-2,6-sialyltransfer
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006486(protein glycosylation)|
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoske
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000089(mitotic metaphase)|GO:0000236(mitotic p
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005622(intracellular)|G
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(C
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016491(oxidoreductase activity

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0016568(chromatin modification)|GO:0043984(
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|GO:00081

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|G
GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005622(intracellular)|
GO:0006936(muscle contraction)|GO:0008307(structural constituent of muscle)|GO:0032982(myo:
GO:0007218(neuropeptide signaling pathway)|GO:0008188(neuropeptide receptor activity)|GO:00

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006812(cation transport)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|G
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001505(regulation of neurotransmitter levels)|GO:0001933(
GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005543(phospholipid binding

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006487(pro
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007155(cell adhesion
GO:0000395(nuclear mRNA 5'-splice site recognition)|GO:0001105(RNA polymerase II transcription

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005524(ATP binding)|GO:GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein couplGO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0004674(protein serine/threonineGO:0005216(ion channel activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:00160GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007015(actin filament oGO:0007154(cell communication)|GO:0035091(phosphatidylinositol binding)GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:00057

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleusGO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001702(gastrula

GO:0003056(regulation of vascular smooth muscle contraction)|GO:0004435(phosphatidylinositol |GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNAGO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004849(uridine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|G

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005814(centriole)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005912(adheren.

GO:0000155(two-component sensor activity)|GO:0005242(inward rectifier potassium channel activ

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytcGO:0005515(protein binding)|GO:0035329(hippo signaling cascade)|GO:0046872(metal ion binding)GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005739(mitochi

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005544(calcium-dependent phospholipid binding)GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0005529(sugar binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)GO:0000050(urea cycle)|GO:0000064(L-ornithine transmembrane transporter activity)|GO:000006GO:0001553(luteinization)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucle

GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005267(potassium channel activity)|GO:0005
GO:0001923(B-1 B cell differentiation)|GO:0002020(protease binding)|GO:0002237(response to m
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006310(DNA recombination)|GO:0007126(r
GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005576(extracellular region)|GO

GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005200(structural constituent of cytoske
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/
GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005125(cytokine activit

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0006364(rRNA processing
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA processing)|GO:0016567(proteir

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004329(formate-tetrahydrof
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)|GO:0
GO:0005525(GTP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005694(chromo:
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005921(gap junction)
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|C

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007165(signal tr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005622(intracellular)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004435(phosphatidylinositol p
GO:0004044(amidophosphoribosyltransferase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005829

GO:0005813(centrosome)|GO:0005932(microtubule basal body)|GO:0008158(hedgehog receptor a
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006508(prote

GO:0005515(protein binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:001602:

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc
GO:0004013(adenosylhomocysteinase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016746(transferase activity, transferring acyl groups)|GO:00479
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005622(in
GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005666(DNA-dire
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0007049(cell cycle)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001672(regulation of chromatin assembly or disassembly)|G
GO:0000213(tRNA-intron endonuclease activity)|GO:0000214(tRNA-intron endonuclease complex)

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000089(mitotic metaphase)|GO:0000166(nucleoti
GO:0003923(GPI-anchor transamidase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(
GO:0000244(assembly of spliceosomal tri-snRNP)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosc

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0008940(nitrate re
GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0005109(frizzled binding)|GO:0005137(interleukin-5 recept

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005001(tr
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskelet
GO:0008903(hydroxypyruvate isomerase activity)|GO:0016853(isomerase activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0000502(proteasome complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006457(protein folding)|GC
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0
GO:0005519(cytoskeletal regulatory protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal t
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:00057
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000980(F
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0003677(DNA binding)|G
GO:0005515(protein binding)|GO:0005521(lamin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003724(RNA helicase activity)|G
GO:0003333(amino acid transmembrane transport)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cyt
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005829(cytosol)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0030316(c

GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0003674(molecular_

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001726(ruffle)|GO:0001894(tissue homeostasis)|GO:0001955

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005768(endosome)|GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004647(phosphoserine phosphatase activity)|GO:0008283(cell proliferation)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0016757(transferase activity)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0003065(positive regulation of heart rate by epinephrine)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0004033(aldo-keto reductase (NADP) activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0004645(phosphorylase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00048511(rhythmic process)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0004830(tryptophan)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003924(GTPase activity)

GO:0005622(intracellular)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0007305

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006928(ce

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:00
GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000178(exosome (RNase complex))|GO:0000288(
GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0001726(ruffle)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(r
GO:0005488(binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|G
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0006004(f
GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007399(nervous system development)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000236(mitotic p
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0006915(apoptosis)

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|G

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000648:

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004430(1-phosphatidylinositol 4-kinase activity)|GO:000552
GO:0005576(extracellular region)

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0008270(zinc ion binding)
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007288(sperm axoneme assembly)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004653(polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000010(trans-hexaprenyltranstransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006744|
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006955(immune response)|GO:

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000381(regulation of alternative nuclear mRNA splicing, via s
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004383(guanylate cyclase activity)|GO:0004872(receptor ac
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016491(oxidoreductase activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid-
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(n
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005887(integral to pl:

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0006103(2-oxoglut
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0008270(zinc ion binding)|

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0005783(en
GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0006897(end

GO:0005634(nucleus)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0006310(DNA recombination)|GO:0008270(zin
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004889(nicotinic acetylcholine-activated cation-selective chanr

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cyt

GO:0016567(protein ubiquitination)|GO:0080008(CUL4 RING ubiquitin ligase complex)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006952(defense response)|GO:0016021(integral to membra
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated pot

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005925(focal adhesion)|GO:0008270(zinc ion
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000086(G2/M transition c
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deader
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:001:

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:00055
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonser
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(ii

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0000956(nuclear-transcribed mRNA catabolic

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006810(tra
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nu
GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005010(insulin-like growth
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007399(nervous system development)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)
GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000212(meiotic :

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008380(RNA spli
GO:0016791(phosphatase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA bi
GO:0005634(nucleus)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006807(nitrogen compound metabolic process)|GO:000692:

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0016020(membrane)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000266(r
GO:0005634(nucleus)|GO:0006974(response to DNA damage stimulus)|GO:0007050(cell cycle arre
GO:0006811(ion transport)|GO:0006816(calcium ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000:

GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cyto
GO:0004298(threonine-type endopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptid

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000:
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_com

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(c

GO:0001750(photoreceptor outer segment)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activit

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA processing)|GO:0030529(ribonu
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma m
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005515(p
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000166(nucleotide bindin

GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0004872(receptor activity)|GO:000:
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activ
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GC
GO:0004766(spermidine synthase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006595(polyamine metaboli
GO:0005242(inward rectifier potassium channel activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel ac

GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008270(zinc ion binding)|GC
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002089(lens morphogenesis in camera-type eye)|GO:0003700(sec
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008270(zinc ion bir

GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind

GO:0003840(gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0006749(glutathione metabolic process)|GC

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|C
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000082(G1/S t

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic
GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0008508(bile acid:sodium sym

GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006610(ribosomal prot
GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886(plasma membrar
GO:0004322(ferroxidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005

GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:000581
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucl
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0001928(regulation of exocyst asse

GO:0001819(positive regulation of cytokine production)|GO:0004888(transmembrane receptor act
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(L

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005834(heterotrimeric G-protein complex)|GO:00058
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005923(tight junction)|GO:0007605(sensory perception of s
GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0006470(protein dephosphorylatic
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000775(c
GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000178(exosome (RNase complex))|GO:0000288(
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0006897(end

GO:0001539(ciliary or flagellar motility)|GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0005227(calcium activ
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000981(s
GO:0005634(nucleus)|GO:0005678(chromatin assembly complex)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcr
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004008(copper-exporting AT
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cyto
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:000
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007266(Rho protein signal transduction)|GO:0008360(regulation of c
GO:0005313(L-glutamate transmembrane transporter activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0004623(phospholipase A2 activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0016042(lipid catab
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886(plasma membrar

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005622(intra
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati

GO:0001675(acrosome assembly)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivat
GO:0005634(nucleus)

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:000578
GO:0001533(cornified envelope)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein bi
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004017(adenylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0030154(cell differentiation)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006829(zinc ion transport)|GO:(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator
GO:0001517(N-acetylglucosamine 6-O-sulfotransferase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(pr

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0007275(multicellular organismal

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005776(extracellular region)|GO:0005488(binding)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008324(cation transmembrane transporter activity)|GO:0010001(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0004181(metallocarboxypeptidase activity)|GO:0004185(serine-type carboxypeptidase activity)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006936(muscle cell)|GO:0001957(intramembranous ossification)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0001740(Barr body)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005694(chromosome)|GO:0051276(chronic disease)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005778(peroxisome biogenesis)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0030017(sarcoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003722(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0006631(fatty acid metabolic process)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006464(protein modification)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008081(phosphoric diester hydrolase activity)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005471(ATP:ADP antiporter activity)|GO:0005488(binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0004677(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|GO:0007268(synaptic transmission)|GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005770(late endosome)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003868(4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase activity)|GO:0009072(aromatic amino acid far

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000165(N

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003727(single-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein binding
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:
GO:0002455(humoral immune response mediated by circulating immunoglobulin)|GO:0003677(DN
GO:0005576(extracellular region)
GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0002020(protease binding)|G
GO:0005070(SH3/S2 adaptor activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006461(protein complex assembl
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0005488(binding)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r
GO:0005088(Ras guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:001647
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucl
GO:0005310(dicarboxylic acid transmembrane transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|
GO:0004571(mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase activity)|GO:0005509(calcium ion b
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of
GO:0000104(succinate dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005740(mitoch

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001656(r
GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:000:
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004749(ribose phosphate diphosphokinase activity)|GO
GO:0005451(monovalent cation:hydrogen antiporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|G
GO:0004181(metalloprotease activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha

GO:0004415(hyaluronoglucosaminidase activity)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0035329(hippo signaling cascade)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(cytoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005875(microtubule associated complex)

GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0003939(L-iditol 2-dehydrogenase activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005615(extracellular region)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005938(cell cortex)|GO:0001658(branching involved in ureteric bud morphogenesis)|GO:0001841(neural tube formation)

GO:0001891(phagocytic cup)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000086(G2/M transition checkpoint)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006662(glycerol ether metabolic process)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005655(actin filament)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005624(membrane fraction)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004905(type I interferon receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005800(Golgi apparatus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C activity)|GO:0004629(phospholipase C activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupling)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupling)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|GO:0000076(DNA replication checkpoint)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial membrane)

GO:0005622(intracellular)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004816(asparagine-tRNA binding)|GO:0030163(protein catabolic process)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016022(integral component of membrane)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000165(negative regulation of transcription)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005623(nucleus)

GO:0001631(cysteinyl leukotriene receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral component of membrane)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupling)|GO:0005488(binding)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005534(galactose binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006396(RNA processing)|GO:0008171(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005829(cytosol)|GO:0008611(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0003723(DNA binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003906(DNA-(apurinic/apyrimidinic) site binding)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(ribosomal small subunit assembly)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005913(cell-cell adhesion)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0045095(keratin filament)|GO:0001726(ruffle)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0003779(actin binding)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005634(nucleolus)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(integral to membrane)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005375(copper ion transmembrane transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003374(dynamin polymerization involved in mitochondrial fission)|GO:0002098(tRNA wobble uridine modification)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble cytoskeletal protein binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005083(small GTPase regulator activity)|GO:0005006(glycosylphosphatidylinositol-N-acetylglucosaminyltransferase (GPI-GnT) complex)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003678(DNA helicase activity)|GO:0003684(damaged DNA binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular protein binding)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001841(neural tube formation)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0031424(keratinization)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeletal protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003887(DNA-directed DNA polymerase activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum protein binding)|GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0016567(protein ubiquitination)|GO:0080008(CUL4 RING ubiquitin ligase complex)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006487(protein N-linked glycosylation)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016042(lipid catabolic process)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0002088(lens development in camera-type eye)|GO:0002089(lens morphogenesis in camera-type eye)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004475(mannose-1-phosphate guanylyltransferase activity)|
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007275(multicellular organismal development)
GO:0005622(intracellular)|GO:0042981(regulation of apoptosis)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016020(membrane)|GO:0

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton organization)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007280(heart morphogenesis)
GO:0001725(stress fiber)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0003007(heart morphogenesis)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005784(rough endoplasmic reticulum)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:0005515(protein binding)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001782(B cell homeostasis)|GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)
GO:0001732(formation of translation initiation complex)|GO:0003743(translation initiation factor activity)

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton organization)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic ce

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000650:

GO:0001822(kidney development)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0001952(regulation of ce
GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005666(DNA-dire
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000387(s
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleoti
GO:0001889(liver development)|GO:0003985(acetyl-CoA C-acetyltransferase activity)|GO:0005739
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003714(transcriptior
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002121(inter-male aggressive behavior)|GO:0003829(beta-1,3

GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005792

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003374(dynamin polymerization involved in mitochondrial fi

GO:0006810(transport)|GO:0006869(lipid transport)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0016020(merg
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004017(adenylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|C
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000441(SSL2-core TFIIH c
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003870(5-aminolevulinat synthase activity)|GO:0005515(
GO:0003723(RNA binding)|GO:0006396(RNA processing)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:00082
GO:0003779(actin binding)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0016
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005452(inorganic anion exchanger activity)|GO:0005624(mi

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(c

GO:0001505(regulation of neurotransmitter levels)|GO:0001975(response to amphetamine)|GO:00

GO:0000339(RNA cap binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005488(bind
GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0007049(cell cycle)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005732(small nucleolar ribonucleoprotein com
GO:0004438(phosphatidylinositol-3-phosphatase activity)|GO:0004722(protein serine/threonine pl
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004810(tRNA adenylyltransferas
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016226(iron-sulfur clu
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004693(cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005577(cytokinesis)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0000915(cytokinesis, actomyosin contractile ring assembly)|GO:0001

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0001763(morphogenesis of a branching structure)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0008060(ARF GTPase activator activity)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008150(biological_process)

GO:0003677(DNA binding)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0007420(brain development)

GO:0001578(microtubule bundle formation)|GO:0002166(beta-dystroglycan binding)|GO:0005198

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002536(respiratory burst involved in inflammatory response)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016119(membrane)|GO:0007155(cell adhesion)

GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)|GO:0002821(positive regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0008150(biological_process)|GO:0030280(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006486(protein glycosylation)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000932(cytokinesis)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003941(L-serine aminotransferase activity)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromatin organization)

GO:0003939(L-iditol 2-dehydrogenase activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005615(extracellular region)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000988(positive regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(collagen)|GO:0006955(immune response)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)

GO:0005634(nucleus)|GO:0008380(RNA splicing)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016874(ligase activity)|GO:00004497(monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0000785(chromatin)|GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0002053(positive regulation of transcription)
GO:0000780(condensed nuclear chromosome, centromeric region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0004435(phosphatidylinositol phospholipase C activity)|GO:0004629(phospholipase C activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016787(hydrolytic activity)
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0002376(immune system process)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005504(fatty acid binding)|GO:0004300(enoyl-CoA hydratase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005766(translation)|GO:000339(RNA cap binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0008270(translation)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0016020(membrane organization)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0004568(chitinase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0004435(pl
GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|G
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003676(r

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000900(translation repressor activity, nucleic acid binding)|C
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004357(glutamate-cys

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|G

GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000725(recombinational repair)|GO:0005515(protein
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0045095(keratin filament)

GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(end
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0004306(ethanolamine-phosphate cytidyltransferase activity)|GO:0005575(cellular_compone
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004370(glycerol kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|C

GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006457(protein folding)|
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005783(endoplasmic reticul
GO:0005099(Ras GTPase activator activity)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005737(cytopl

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0006887(exocytosis)|GO:0015031(protein transport)|GO:0030667(secretory granule membran
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006916(
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006461(prc

GO:0005488(binding)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|C
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001968(fibror
GO:0001671(ATPase activator activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006950(response to stress)|C
GO:0005576(extracellular region)

GO:0001954(positive regulation of cell-matrix adhesion)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(c
GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to separate SSU-rRNA from 5.8S rRNA and LSU-rRNA :

GO:0005576(extracellular region)

GO:0005515(protein binding)|GO:0071568(UFM1 conjugating enzyme activity)|GO:0071569(protein binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0016020(membrane)

GO:0002237(response to molecule of bacterial origin)|GO:0002740(negative regulation of cytokine production)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005912(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0000422(Golgi apparatus)|GO:0000042(protein targeting to Golgi)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005770(early endosome membrane)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)

GO:0000045(autophagic vacuole assembly)|GO:0000407(pre-autophagosomal structure)|GO:0005912(nucleus)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0035556(intracellular signal transduction)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0003756(protein disulfide isomerase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(oxidoreductase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005770(early endosome membrane)|GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(double-strand break repair)

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytosol)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001890(placenta development)|GO:0002134(UTP binding)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0006944(cellular membrane fusion)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004090(carbonyl reductase (NADPH) activity)|GO:0005737(cytosol)|GO:0002125(maternal aggressive behavior)|GO:0003084(positive regulation of systemic arterial blood pressure)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005912(nucleus)|GO:0003920(GMP reductase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006144(purine base metabolic process)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(oxidoreductase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006812(ion transport)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0001764(neuron migration)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activ
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cy
GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplas
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(r
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA processing)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004693(cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:00055:

GO:0001915(negative regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0001960(negative regulation c

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005778(peroxisomal membrane)|
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0006139(nucleobase, nucleoside, nucleotide and nucleic acid metabolic process)|GO:0006213(p
GO:0001573(ganglioside metabolic process)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(en
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005625(soluble fraction)|

GO:0005634(nucleus)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001839(neural plate morphogenesis)|GO:000:
GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008270(zinc ion bin
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006865(amino acid transport)|C
GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0003923(GPI-anchor transamidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endopl:

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membr

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup

GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|
GO:0005515(protein binding)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:000
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO

GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003823(antigen binding)|GO:0005070(SH3/S2 adaptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006355(negative regulation of phosphatase activity)|GO:0019902(phosphatase binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006260(DNA replication)|GO:0006281(DNA replication)|GO:0042169(SH2 domain binding)

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006511(ubiquitin-dependent proteolysis)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0019209(kinase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0016316(phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 4-phosphatase activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005829(cytosol)|GO:0009611(negative regulation of transcription)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001078(extracellular region)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0042742(defense response to bacterium)|GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006725(cellular aromatic compound metabolic process)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0030154(cell differentiation)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003723(RNA binding)

GO:0004089(carbonate dehydratase activity)|GO:0006730(one-carbon metabolic process)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0007186(negative regulation of transcription)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004920(interleukin-10 receptor activity)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006355(regulation of transcription)

GO:0005488(binding)|GO:0005540(hyaluronic acid binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:

GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:004687

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|G

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001954(positive regulation of cell-matrix adhesion)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(c

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001537(N-acetylgalactosamine 4-O-sulfotransferase activity)|G

GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005262(calcium channel activity)|GO:0005272(sodium chan

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0045892(negative regulat

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0002020(protease binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0003924(GT

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000470

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004370(glycerol kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma

GO:0001510(RNA methylation)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0006364(rRNA processing)|G

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006464(protein mod

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0001837(epithelial

GO:0003810(protein-glutamine gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0008219(cell death)|GO:G

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-spe

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000648:

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO

GO:0005634(nucleus)|GO:0005680(anaphase-promoting complex)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005544(calcium-dependent p

GO:0005882(intermediate filament)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activ
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:00
GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007257(activa
GO:0005576(extracellular region)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001730(2'-5'-oligoadenylate synthetase activity)|GO:000372
GO:0005488(binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005819
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu
GO:0008318(protein prenyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0018342(pro

GO:0001946(lymphangiogenesis)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005488
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0004016(adenylate cyclase acti

GO:0002223(stimulatory C-type lectin receptor signaling pathway)|GO:0002418(immune response
GO:0000052(citrulline metabolic process)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005737(cytoplasm)|

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004449(isocitrate dehydrogenase (NAD+) activity)|GO:00
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006897(endocytosis)|GO:0015031(protein transport)|GO:00

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:00

GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular regio
GO:0000910(cytokinesis)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cyto
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucl
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005764(lysosome)|GO:0007264(

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0004908(interle
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008150(biological_process)|GO
GO:0005488(binding)|GO:0006879(cellular iron ion homeostasis)|GO:0030097(hemopoiesis)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005

GO:0000018(regulation of DNA recombination)|GO:0000072(M phase specific microtubule process
GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006508(
GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005771(multivesicular body)|GO:0005886(pla
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005856(cytoskelet
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005887(integral to plasma m

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activit
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000236(mitotic p
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005488(binc

GO:0005524(ATP binding)|GO:0016301(kinase activity)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003700(s

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0004061(arylformamidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000582

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005783(endoplasm

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000579:
GO:0004415(hyaluronoglucosaminidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005764(l
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endopla
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005537(mannose binding)|GO:00
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021

GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0000775(chromosome, centromeric region

GO:0000105(histidine biosynthetic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0007399(nervous system process)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)

GO:0005488(binding)

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003963(RNA-3'-phosphate cyclase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001000(translation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005665(DNA-directed RNA polymerase activity)

GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005488(binding)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004569(glycoprotein endo-alpha-1,2-mannosidase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0000463(maturation of LSU-rRNA from tricistronic rRNA transcript (SSU-rRNA, 5.8S rRNA, LSU-rRNA)|GO:0004402(histone acetyltransferase activity)|GO:0016573(histone acetylation)

GO:0001508(regulation of action potential)|GO:0001964(startle response)|GO:0001975(response to stress)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005768(endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005833(hemoglobin complex)|GO:0006457(protein folding)|GO:0004059(arylamine N-acetyltransferase activity)|GO:0004060(arylamine N-acetyltransferase activity)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic metaphase)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0006096(glycogen storage)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005758(mitochondrial intermembrane space)|GO:0006111(regulation of transcription)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0015629(actin cyto
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005776(autophagic vacuole)|GO:0006914(autophagy)|GO:0007275(

GO:0003779(actin binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000582
GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007399(nervous system development)|G
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from f
GO:0001573(ganglioside metabolic process)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|
GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:

GO:0004198(calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004871(signal transdu
GO:0001960(negative regulation of cytokine-mediated signaling pathway)|GO:0005149(interleukin-

GO:0005634(nucleus)|GO:0006334(nucleosome assembly)
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific |
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005763(mitochondrial small ribosomal subunit)|GO:0005840(rik
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006811(ion transport)|GC

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(i

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001726(ruffle)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(seq

GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005515(p
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(:
GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005882(intermediate filament)|GO:0005886(plasma m

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellu

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005626(insoluble frac
GO:0005634(nucleus)|GO:0005678(chromatin assembly complex)|GO:0006334(nucleosome assem
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00
GO:0000155(two-component sensor activity)|GO:0005242(inward rectifier potassium channel activ

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005267(potassium channel activity)|GO:0005
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0010923(negative

GO:0001533(cornified envelope)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0031424(keratinization)|GO:004444
GO:0003823(antigen binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane recept

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005576(extracellular region)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002224(toll-like re
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000573
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0016740(transferase activity)|GO:0019799(tubulin N-acetyltransferase activity)
GO:0003860(3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:000575
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0006662(gly
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004622(lysophospholipase activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(c

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro
GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0048471
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005768(
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma memb
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005267(potassium channel activity)|GO:0006

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003828(alpha-N-acetylneuraminase alpha-2,8-sialyltransferase
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006397(m
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007269(neurotransmitter secretion)|GO

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006511(ubiquitin-depe
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0030154(cell differentiation)
GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005338(nucleotide-sugar transmembrane transporter activity)

GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GC
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)

GO:0005777(peroxisome)|GO:0007031(peroxisome organization)|GO:0016020(membrane)|GO:00
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0048471(perinuc
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0
GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondr
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)|GO:0019904(protein domain specific binding
GO:0005575(cellular_component)|GO:0043066(negative regulation of apoptosis)|GO:0043488(reg
GO:0000492(box C/D snoRNP assembly)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GC
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GC
GO:0004738(pyruvate dehydrogenase activity)|GO:0004739(pyruvate dehydrogenase (acetyl-trans
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005525(GTP b
GO:0004320(oleoyl-[acyl-carrier-protein] hydrolase activity)|GO:0006633(fatty acid biosynthetic pr
GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0005171(hepatocyte growth factor receptor binding)|GO:000551

GO:0007165(signal transduction)|GO:0008060(ARF GTPase activator activity)|GO:0008093(cytoske
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000958(mitochondrial mRNA catabolic process)|GO:000096
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005575(cellular_compon
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000662

GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0005515(protein bind
GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)|GO:0005125(cytokine activity)|G
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0008344(adult locomotory
GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:00055
GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal developme

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001730(2'-5'-oligoadenylate synthetase activity) | GO:000372

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0003924(GTPase activity) |

GO:0005576(extracellular region) | GO:0005604(basement membrane) | GO:0005614(interstitial mat
GO:0000014(single-stranded DNA specific endodeoxyribonuclease activity) | GO:0000075(cell cycle c
GO:0003674(molecular_function) | GO:0005634(nucleus) | GO:0007034(vacuolar transport) | GO:0008
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0005622(intracellular) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0007275(multicellular organismal developr

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding) | GO:0046872(metal ion binding)

GO:0005083(small GTPase regulator activity) | GO:0005215(transporter activity) | GO:0005515(prote
GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatio

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004022(alcohol dehydrogenase (NAD) activity) | GO:0005737
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity) | GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity) | GO:0004726(non-membrane spanning protein

GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005769(early endosome) | GO:0006897
GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)
GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0006412(translation)

GO:0006457(protein folding) | GO:0031072(heat shock protein binding) | GO:0051082(unfolded prot

GO:0006814(sodium ion transport) | GO:0008508(bile acid:sodium symporter activity) | GO:0016020
GO:0003713(transcription coactivator activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulation of tra
GO:0003824(catalytic activity) | GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity) | GO:0005515(pr

GO:0001816(cytokine production) | GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0005515(protein binding)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatio
GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity) | GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000785(chromatin) | GO:0004077(biotin-[acetyl-CoA-carboxy

GO:0005739(mitochondrion) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity) |

GO:0005125(cytokine activity) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005615(extracellular space) |

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004459(L-lactate dehydrogenase activity)|GO:0005737(cyto
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005262(calcium channel activity)|GO:0005515(protein bind

GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0000398
GO:0003723(RNA binding)|GO:0004482(mRNA (guanine-N7-)-methyltransferase activity)|GO:0005

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003881(CDP-diacylglycerol-inositol 3-phosphatidyltransferase :
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000578(embryonic axis specification)|GO:0001525(angiogene

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005522(profilin binding)|GO:C

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004655(porphobilinogen synthase activity)|GO:0005829(cytos
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001558(re
GO:0006810(transport)|GO:0006869(lipid transport)|GO:0008289(lipid binding)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(double-strand br

GO:0000786(nucleosome)|GO:0001740(Barr body)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleu
GO:0004526(ribonuclease P activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO

GO:0004366(glycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:00
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(e
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0005622(intracellular)|G
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006412(translation)|G
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005689(U12-type spliceosomal comp

GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0004526(ribonuclease P activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)|GO:0005515(protein bindi

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005730(nucleolus)|GO:C
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000726

GO:0005829(cytosol)|GO:0016874(ligase activity)
GO:0004126(cytidine deaminase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005509(ca
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006310(

GO:0001662(behavioral fear response)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000578(embryonic axis specification)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:000
GO:0003723(RNA binding)|GO:0004826(phenylalanine-tRNA ligase activity)
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleu
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016491(oxidoreductase ac
GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0005515(protein binding)|GO:000563
GO:0005576(extracellular region)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005856(cytoskelet
GO:0009968(negative regulation of signal transduction)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(inte
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004693(cyclin-depende
GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007189(activation of adeny
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003857(3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:000
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006914(autophagy)|GO:0007275(multicel
GO:0004372(glycine hydroxymethyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytopl

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0008289(lipid binding)|GO:000
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006950(response to stres

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0004771(sterol esterase

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA
GO:0003756(protein disulfide isomerase activity)|GO:0004656(procollagen-proline 4-dioxygenase a

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005031(tumor
GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0008021(synaptic vesicle)|GO:0016020(membrane
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006260(DNA repli
GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006508(proteolysis

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001822(kidney development)|GO:0007275(multicellular organism

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0005576(extracellular region)

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001894(tissue homeostasis)|GO:0005634(nuc

GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:00

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(n

GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0000288

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004713(protein tyrosin

GO:0000307(cyclin-dependent protein kinase holoenzyme complex)|GO:0000785(chromatin)|GO:0

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0043065(positive regulati

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417

GO:0000183(chromatin silencing at rDNA)|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:

GO:0005515(protein binding)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0007399(nervous system devel

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005634(nucleu

GO:0005576(extracellular region)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-depe

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000688:

GO:0003779(actin binding)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0008093(cytoskeletal adaptor act

GO:0003876(AMP deaminase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005829(cytosol)|GC

GO:0005488(binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0014069(postsynaptic density)|GO:00:

GO:0003923(GPI-anchor transamidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum protein processing)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0002181(positive regulation of cell cycle)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0000042(protein targeting to Golgi)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004594(pantothenate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000073(spindle pole body separation)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000028(mitotic cell cycle)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0003735(serine-type endopeptidase activity)|GO:0000186(activation of MAPK activity)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0000189(positive regulation of cell cycle)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0009982(pseudouracil nucleoside biosynthetic process)|GO:0005793(ER-Golgi intermediate compartment)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005801(cis-Golgi network)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0035556(intracellular signal transduction)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0035556(intracellular signal transduction)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005689(UDP-glucose 4-epimerase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0019904(protein domain specific binding)

GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000270(positive regulation of cell cycle)

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular matrix)

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000688:

GO:0001047(core promoter binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DN
GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

GO:0002639(positive regulation of immunoglobulin production)|GO:0002920(regulation of humora
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001077(F

GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0002762(negative regu
GO:0000334(3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:00
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000691!
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular reg
GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0006897(endocytosis)|GO:0008270(zinc ion l
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0001784(phosphotyrosine binding)|GO:0005515(protein bi

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(in
GO:0005242(inward rectifier potassium channel activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel ac
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic ret

GO:0000300(peripheral to membrane of membrane fraction)|GO:0003674(molecular_function)|GC

GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003924(GTP
GO:0001508(regulation of action potential)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005267(potassi
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(ct
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004889(nicotinic acetylcholine-activated cation-selective chanr
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|G
GO:0005576(extracellular region)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0005777(peroxisome)|GO:0005778(peroxisomal membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:001

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003827(alpha-1,3-mannosylglycoprotein 2-beta-N-acetylgluco:

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0006897(enc

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(
GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondr

GO:0001732(formation of translation initiation complex)|GO:0003743(translation initiation factor a

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005496(steroid binding)|GO:00055
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell
GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0006044(N-acetylglucosamine metabolic proces

GO:0001726(ruffle)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho gua
GO:0001936(regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0002040(sprouting angiogenesis)|GO:
GO:0001946(lymphangiogenesis)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005488
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001822(kidney development)|GO:0004674(protein serine/th
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008289(lipid binding)|GO:00160

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferas

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:000815

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP bindir
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002790(peptide secretion)|GO:0005515(protein binding)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0004674(protein serine/thre
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000722(telomere m

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000511
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0010923(negative regulation of p

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000562
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005740(mitochondrial envelope)|GO:0005743(mitochondrial in
GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0019902(phosphatase binding)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005840(ribosome)|GO:0006412(translation)
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005764(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000815(
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC

GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001614(purinergic nucleotide receptor activity)|GO:
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol
GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0016810(hydrolase activity, acting on carbon-nit
GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc
GO:0016881(acid-amino acid ligase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000468
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004896(cytokine receptor activity)|GO:0005515(protein bindir

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0004128(cytochrome-b5 reductase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondri
GO:0006457(protein folding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:00

GO:0001030(RNA polymerase III type 1 promoter DNA binding)|GO:0001031(RNA polymerase III ty
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cyto

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)|GO

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0000578(embryonic axis specification) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0016055(Wnt receptor signaling pathway) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0016055(Wnt receptor signaling pathway)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0000910(cytokinesis) | GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0007049(cell cycle) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus)

GO:0000247(C-8 sterol isomerase activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004985(opioid receptor activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005576(extracellular region)

GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000977(RNA polymerase II regulatory region sequence-specific DNA binding) | GO:0000981(sequence-specific DNA binding)

GO:0000151(ubiquitin ligase complex) | GO:0000209(protein polyubiquitination) | GO:0000723(telomerase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005743(mitochondrial inner membrane) | GO:0006626(protein tyrosine phosphorylation) | GO:0005529(sugar binding) | GO:0016936(galactoside binding)

GO:0005829(cytosol) | GO:0006600(creatine metabolic process) | GO:0006601(creatine biosynthetic process) | GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization) | GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity) | GO:0005267(potassium channel activity) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0006811(ion transport) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding)

GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005096(GTPase activator activity) | GO:0005100(Rho GTPase activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001558(regulation of cell growth) | GO:0003854(3-beta-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity) | GO:0002113(interleukin-33 binding) | GO:0002826(negative regulation of T-helper 1 type immune response)

GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0046872(metal ion binding)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0005488(binding) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0004553(hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0004596(peptide alpha-N-acetyltransferase activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0003995(acyl-CoA dehydrogenase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005739(mitochondrion)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cyt
GO:0000038(very long-chain fatty acid metabolic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitoch

GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:000827

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(n

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004467(long-chain fatty acid-CoA ligase activity)|GO:000552
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic
GO:0015171(amino acid transmembrane transporter activity)|GO:0016020(membrane)|GO:001602
GO:0005261(cation channel activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(r
GO:0004727(prenylated protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005769(early endosome)|GO:(

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007015(actin filament o
GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucle

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0001501(skeletal s

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0004113(2',3'-cyclic-nucleotide 3'-phosph

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent
GO:0001556(oocyte maturation)|GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0001701(ir
GO:0001561(fatty acid alpha-oxidation)|GO:0005347(ATP transmembrane transporter activity)|GO
GO:0046872(metal ion binding)

GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membr
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:000!

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005
GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:00057
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00058
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(L
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005737(cyt
GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005829(cytosol)|
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0015031(protein transport)|GO:0

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005488(binding)

GO:0002042(cell migration involved in sprouting angiogenesis)|GO:0004872(receptor activity)|GO:

GO:0004185(serine-type carboxypeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005829

GO:0000120(RNA polymerase I transcription factor complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:00056
GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005254(chloride channel
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001047(c
GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:000551.
GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004672(prot
GO:0000062(fatty-acyl-CoA binding)|GO:0003857(3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:(
GO:0004719(protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O-methyltransferase activity)|GO:0005737(cytop
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor a
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO
GO:0004630(phospholipase D activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrar
GO:0001960(negative regulation of cytokine-mediated signaling pathway)|GO:0004888(transmembr
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006508(proteolysis
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000930(gamma-tubulin complex)|GO:00

GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle)|GO:0001967(suckling behavior)|GO:0002218(activation
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0000805(X chromosome)|GO:0000806(Y chromosome)|GO:0001741(XY body)|GO:0003682(ch

GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(spl
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000165(N
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GC

GO:0001782(B cell homeostasis)|GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:000

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001578(microtubule bundle formation)|GO:0001764(neuron

GO:0005095(GTPase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:000

GO:0001935(endothelial cell proliferation)|GO:0001944(vasculature development)|GO:0001976(neuron differentiation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003723(RNA processing)|GO:0005104(fibroblast growth factor receptor binding)|GO:0005158(insulin receptor binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0030837(negative regulation of actin filament polymerization)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000083(regulation of transcription involved in G1/S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000122(nucleus)

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016226(iron-sulfur cluster)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005070(SH3/SHP2 adaptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0001968(fibronectin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005829(cytoskeleton)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004896(cytokine receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0004114(3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity)|GO:0005095(GTPase inhibitor activity)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0008150(biological_process)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006968(cellular defense response)|GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000796(cytoskeleton)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016477(plasma membrane)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006897(endocytosis)|GO:0015031(protein transport)|GO:000

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000976(t

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006355(regulation of transcripti

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005829(cytosol)|GO:0016787(hydrolas)|GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006334(nucleolus)|GO:0016491(oxidoreductase activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:00059

GO:0004322(ferroxidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005905(oxidoreductase activity)|GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0004908(interleukin-1 receptor activity)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule cytoskeleton organization)

GO:0005515(protein binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000083(G2/M transition of mitotic cell cycle)

GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000178(exosome (RNase complex))|GO:0000288(DNA replication)|GO:0002039(p53 binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003714(transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007261(oxidoreductase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005905(oxidoreductase activity)

GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(membrane organization)|GO:0000038(very long-chain fatty acid metabolic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005783(endoplasmic

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008134(transcription factor binding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic

GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0006396(RNA processing)|GO:
GO:0005005(transmembrane-ephrin receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578

GO:0005634(nucleus)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic

GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001960(negative regulation)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005623

GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783
GO:0002115(store-operated calcium entry)|GO:0005509(calcium ion binding)
GO:0004121(cystathionine beta-lyase activity)|GO:0004123(cystathionine gamma-lyase activity)|GO:
GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleus)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008146(sulfotransferase activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine

GO:0001822(kidney development)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0001952(regulation of cell cycle)
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)|GO:0016020(membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006810(transport)|GO:0012505(endomembrane system)|GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000785(chromatin)|GO:0001939(female proreproductive organ development)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016180(snRNA processing)|GO:0032039(translation)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)|GO:0015629(actin cytoskeleton)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000073(spindle pole body separation)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000076(DNA replication checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0001533(cornified envelope)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004090(carbonyl reductase (NADPH) activity)|GO:0005739(ribosome)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0004046(aminoacylase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006508(translation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0003009(skeletal muscle contraction)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003774(motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(spliceosomal complex)|GO:0006397(mRNA processing)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003774(motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(spliceosomal complex)|GO:0006397(mRNA processing)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0005488(binding)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0016607(nuclear speck)|GO:0046872(me
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005164(tumor necrosis factor r

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0006810(transport)|GO:0006869(lipid transport)|GO:0008289(lipid binding)
GO:0005672(transcription factor TFIIA complex)|GO:0006367(transcription initiation from RNA poly
GO:0002092(positive regulation of receptor internalization)|GO:0004672(protein kinase activity)|G
GO:0005001(transmembrane receptor protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005515(protein

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0009653(anatomical structure mo
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein bindir
GO:0005769(early endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:00

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00

GO:0004174(electron-transferring-flavoprotein dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondric
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner r
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ
GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005819(spindle)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000253(3-keto sterol reductase activity)|GO:0004303(estradi
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucle
GO:0005049(nuclear export signal receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|C

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0001939(female pronucleus)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:00
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007275(multicellular organis
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0001932(regulation of protein phosphoryl
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleoti
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006606(protein

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006417(regulation of translation)
GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0002829(negative regulation of type 2 immune response)|GO

GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0016020(membrane)|GO:(
GO:0004571(mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase activity)|GO:0005509(calcium ion b
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005640(nucl
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001525(a

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007059(chromosome se

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000922(sp

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000216(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003857(3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:000

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(membrane)|GO:00160:

GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:000563
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0006915(apoptosis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000511
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006415(translational termination)|GO:
GO:0005622(intracellular)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0046872(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004821(histidine-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP binc

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005525(G

GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005887(integral to plasma
GO:0003677(DNA binding)|GO:0007010(cytoskeleton organization)|GO:0007275(multicellular orga
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup

GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nu
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004568(chitinase activity)|GO:0005576(extracellular region)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0016567(protein ubiquitination)|GO:0080008(CUL4 RING ubiquit
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(exte
GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005515(protei
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001889(li
GO:0005006(epidermal growth factor receptor activity)|GO:0005154(epidermal growth factor rece
GO:0005509(calcium ion binding)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic ret

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:(
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004970(ionotropic glutamate receptor activity)|GO:0005215(tr

GO:0003774(motor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(mic

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(r

GO:0004616(phosphogluconate dehydrogenase (decarboxylating) activity)|GO:0005739(mitochondr
GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:

GO:0003712(transcription cofactor activity)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:000

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049(cell cyc
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005391(sodium:potassium-exchanging ATPase activity)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma

GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nu

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006865(amino acid transport)|G
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer merr

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:00071
GO:0035556(intracellular signal transduction)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel activ

GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005737(cytoplasm)|
GO:0005488(binding)
GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0030001(metal ion transport)|GO:0046872
GO:0005773(vacuole)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006879(cellular iron ion homeostasis)|GO:(
GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007283(spermatogenesis)|GO:0009434(r

GO:0001523(retinoid metabolic process)|GO:0004622(lysophospholipase activity)|GO:0004623(ph
GO:0003841(1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0005783(endoplasmic retic
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000152(nuclear ubiquitin ligase complex)|GO:0004221
GO:0004325(ferrochelatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|G
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000922(spir
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G
GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellula

GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000281(cytokinesis after mitosis)|GO:0003
GO:0000801(central element)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007126(meiosis)
GO:0003847(1-alkyl-2-acetyl-glycerophosphocholine esterase activity)|GO:0005515(protein binding
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005975(carbohydrate metaboli
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic

GO:0005529(sugar binding)

GO:0004784(superoxide dismutase activity)|GO:0005375(copper ion transmembrane transporter a
GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0017148(negative regulation of translation)|GO:0019717(synaptosom

GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from f
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ
GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006875(cellular
GO:0000155(two-component sensor activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:l
GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006886(intracellular protein transport)|GO:0016192(vesicle-me
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membra
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0008150(biological_proce

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase :
GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417(regulation

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002675(positive regulation of acute inflammatory response)

GO:0001754(eye photoreceptor cell differentiation)|GO:0004181(metalloprotease activity
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0016020(membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886(i

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:000

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005764(lysosome)|GO:00
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006919(activation of caspase activity)|
GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla

GO:0001077(RNA polymerase II core promoter proximal region sequence-specific DNA binding tran
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0005576(extracellular region)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005488(binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006810(transport)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b

GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal t

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0032580(Golgi cisterna membrane)
GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0003723

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004339(glucan 1,4-alpha-glucosidase activity)|GO:0004689(ph
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000309(nicotinamide-nucleotide adenylyltransferase activity
GO:0005764(lysosome)|GO:0006464(protein modification process)|GO:0008474(palmitoyl-(proteir
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:002290

GO:0008022(protein C-terminus binding)

GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cytosol)|GO:0010008(endosome membrane)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0046872(metabolic process)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(enzyme activity)|GO:0000170(sphingosine hydroxylase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005544(phospholipid binding)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004528(phosphodiesterase I activity)|GO:0004551(nucleotide binding)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0007126(meiosis)|GO:0007127(meiosis)

GO:0004045(aminoacyl-tRNA hydrolase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016787(hydrolytic enzyme activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005689(U12-type spliceosomal complex)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001836(release of cytochrome c from mitochondria)|GO:0001885(endothelial cell development)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0004677(DNA-dependent protein kinase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0031225(anchored to membrane)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005262(calcium channel activity)|GO:0006810(ion channel activity)

GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0003723(RNA polymerase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004798(thymidylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008276(protein methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular matrix)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic metaphase)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylated)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0034329(cell junction assembly)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner m

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membr
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005515(protein bi

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005515(protein binding

GO:0001725(stress fiber)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0003779(actin binding)|GO:00057
GO:0003341(cilium movement)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0031514(

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activ

GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla

GO:0004859(phospholipase inhibitor activity)|GO:0005504(fatty acid binding)|GO:0005576(extrace

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic reti

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic

GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0001892(embryonic placenta development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0005243(gap junction channel activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005922(connexo

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003707(steroid horn

GO:0001652(granular component)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006461(protein complex assembl

GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubule organizing center)|GO:

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003857(3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:000

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006457(protein folding)|GO:0006486(protein glycosylation)|G

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucl

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000404(loop DNA binding)|GO:0000405(bubble DNA bindi
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003872(6-phosphofructokinase activity)|GO:0005515(protei

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005634
GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:00

GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)
GO:0003847(1-alkyl-2-acetylglycerophosphocholine esterase activity)|GO:0005543(phospholipid bi

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005783(endoplasmic
GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005802(trans-Golgi network)|GO:0005829(cyt
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0006066(alcohol m

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000166(nucleotide
GO:0004167(dopachrome isomerase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016829(lyase activity)|

GO:0005829(cytosol)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0007596(blood coagulation)|GO:00076
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000139(C
GO:0004415(hyaluronoglucosaminidase activity)|GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|C
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004839(ubiquitin activating enzyme activity)|GO:0005515(pi

GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:000
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004514(nicotinate-nucleotide diphosphorylase (carboxylating) activity)|GO:0004516(nicotinat
GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nu
GO:0005576(extracellular region)|GO:0030198(extracellular matrix organization)|GO:0031012(extr
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:00
GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005764(lysosome)|GO:00057

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007275(multicellular organismal dev
GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular spac
GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005739(mitochondrion)
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellu
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005622(intracellula

GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0002230(positive regulation of defense res
GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007565(female pregnancy)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001106(F
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(pr
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000922(spir

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0001945(lymph vessel development)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005912(adherens j

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006487(pro
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003713(transcriptio
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005856(cytoskelet
GO:0000104(succinate dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005740(mitoch

GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005758(mitochond

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005515(protein
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000176(nuclear exosome (RNase complex))|GO:00

GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009615(response to virus)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003697(single-stranded DNA bind
GO:0008152(metabolic process)|GO:0016042(lipid catabolic process)|GO:0016787(hydrolase activi

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005515
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008180(signalosome)|GO:0010388(cullin den
GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0002446(neutrophil mediated immunity)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:00
GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005521(lar
GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|G

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002318(myeloid p
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003007(f
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(in

GO:0001673(male germ cell nucleus)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DI
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic reticul

GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0004679(AMP-activated protein kinase activity)|GO:0004691(cAMP-dependent protein kinase a
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008150(biological_process)|GO:00301
GO:0005634(nucleus)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0006631(fatty acid metabolic proc
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016020(membran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000380(alternative nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|
GO:0000247(C-8 sterol isomerase activity)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:000476
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(C

GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:00057

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:000
GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recomb
GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)
GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytop

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008180(signalosome)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003777(microtubule motor acti
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA pr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001730(2'-5'-oligoadenylate synthetase activity)|GO:000372

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0006915(apoptosis)|GO:0034968(histone lysine methylation)|GO:0035064(methylated histone
GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulun
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activ
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005882(intermediate filament)|GO:0006
GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytr

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|G
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(C

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005087(Ran guanyl-nucleotide excha
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008134(
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas

GO:0005829(cytosol)|GO:0006412(translation)|GO:0008171(O-methyltransferase activity)|GO:001
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003682(ch

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004386(helicase activity)|
GO:0004576(oligosaccharyl transferase activity)|GO:0004579(dolichyl-diphosphooligosaccharide-pr
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0060271(cilium morphogenesis)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:000573

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0035556(intracellular signal transduction)|GO:0046872(metal ion binc
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup
GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)
GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:(
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|GO:0004300(enoyl-CoA hydratase &
GO:0005643(nuclear pore)|GO:0015031(protein transport)|GO:0017056(structural constituent of r
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange fact

GO:0002020(protease binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0045786(neg
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005518(collagen binding)|GC
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0045095(keratin filament)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma mem

GO:0045087(innate immune response)
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004814(arginine-tRNA ligase act
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005634(nucleu
GO:0007154(cell communication)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0015031(protein transport)|GO:(

GO:0002687(positive regulation of leukocyte migration)|GO:0005515(protein binding)|GO:000578:
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|Gt
GO:0005515(protein binding)|GO:0005793(ER-Golgi intermediate compartment)|GO:0007049(cell
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005515(protein binc

GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0005515(protein bind
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA pr

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0004084(branched-chain-amino-acid transam
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0004510(tryptophan 5-monooxygenase activity)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005829(cy
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021
GO:0001726(ruffle)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|G
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0043231(intracellular membrane-bounded orga
GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005840(ribosome)|GO:0006412(translation)

GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0005095(GTPase inhibitor activity)|GO:0005488(bir
GO:0000109(nucleotide-excision repair complex)|GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:000
GO:0000036(acyl carrier activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:(
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005432(calcium:sodium antiporter activity)|GO:0005515(prote

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004674(protein serine)

GO:0000124(SAGA complex)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004221(ubiquitin)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634

GO:0005351(sugar:hydrogen symporter activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0005085(membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0005254(chloride channel)

GO:0000059(protein import into nucleus, docking)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0006811(ion transport)|GO:0006812(cation transport)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004329(formate-tetrahydrofolate ligase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0004822(isoleucine tRNA ligase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002790(peptide secretion)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription)

GO:0003826(alpha-ketoacid dehydrogenase activity)|GO:0003863(3-methyl-2-oxobutanoate dehydrogenase activity)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleoli)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005515(protein binding)

GO:0000145(exocyst)|GO:0006904(vesicle docking involved in exocytosis)|GO:0015031(protein transport)|GO:0001671(ATPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:0004569(glycoprotein endo-alpha-1,2-mannosidase activity)|GO:0004571(mannosyl-oligosaccharide 4-epimerase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0016740(transcription, DNA-dependent)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000983(ferrous ion binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0008150(biological_process)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001574(ganglioside biosynthetic process)|GO:0004513(neolactonase activity)

GO:0003779(actin binding)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001942(hair follicle development)|GO:0003854(3-beta-hydroxyacyl-CoA lyase activity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003836(beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0006665(sphingolipid metabolic process)|GO:0016020(membrane)|GO:0000799(nuclear condensin complex)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007040(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003700(serine-type endopeptidase activity)

GO:0000300(peripheral to membrane of membrane fraction)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0004105(choline-phosphate cytidyltransferase act
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0010529(negative regulation of transposition)|GO:0016787(hydr
GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005524(ATP bindi
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005814(centriole)|GO:0005819(spindle)|

GO:0001848(complement binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005488(binding)|GO:00
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0008168(methyltransferase activity)|G
GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006508(

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004402(histone acetyltransferase activi
GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)

GO:0006810(transport)|GO:0006869(lipid transport)|GO:0008289(lipid binding)
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem

GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0002495(antigen processing and presentation of pepti
GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006024(glycosaminoglycan biosynthetic process)|
GO:0002091(negative regulation of receptor internalization)|GO:0004725(protein tyrosine phosphat
GO:0000338(protein deneddylation)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003743(t
GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0004499(flavin-containing monooxygenase activity)|GO
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006486(protein glycosylation)|

GO:0001726(ruffle)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho gua

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008376(acetylgalactosaminyltransferase activity)|GO:0016020(

GO:0005634(nucleus)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0006310(DNA recombination)|GO:0008270(zi
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de

GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cy
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003854(3-beta-hydroxy-delta5-steroid dehydrogenase activi

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005814(centriole)|GO:0005856(cytoskele

GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008150(biological_process)|GO:0044419(inter
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)
GO:0005488(binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)
GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|
GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005770(late

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:000

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0004402(r

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008479(queueine tRNA-ribosyltransfera
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cyt
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-depe
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005768(endosome)|GO:000579
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001934(positive regulation of pr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006

GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004826(phenylalanine-tRNA liga
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ
GO:0005515(protein binding)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000718(nucleotide-excision repair, DNA damage removal)|
GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006461(protein complex asse
GO:0004402(histone acetyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:00058

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deader

GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0004502(kynurenine 3-monooxygenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0009897(external side of plas

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001730(2'-5'-oligoadenylate synthetase activity)|GO:000372
GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0004830(tryptophan-tRNA ligas
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001503(ossification)|GO:0005125(cytokine activit
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016180(snRNA processing)|GO:0032039
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005522(profilin binding)|GO:00057
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to memb
GO:0005048(signal sequence binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplas
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0030126(COPI vesicle coat)|C
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000214(tRNA-intron endonuclease complex)|GO:0000398(n

GO:0003840(gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006520(c
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002028(regulation of sodium ion transport)|GO:0004674(pr
GO:0001503(ossification)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal t
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008324(cation transmembrane transporter activity)|GO:001

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006950(response to stress)|GO:0007165(sig
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(n
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000253(3-keto sterol reductase activity)|GO:0004303(estrad

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006139(nucleobase, nucleos
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0003723(RNA binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004303(estradiol 17-beta-del
GO:0004300(enoyl-CoA hydratase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble frac
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(L

GO:0001825(blastocyst formation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00057
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(protei
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(sing

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(:
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0006950(response to stress)|GO:0
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0001824(blastocyst development)|GO:0004842(ubiqu
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001825(blastocyst formation)|GO:0003924(GTPase activity)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0006942(regulation of striated muscle contraction)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0008307(st
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005001(transmembrane receptor protein

GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005874(microtubule)|GO:0006457(protein f

GO:0006954(inflammatory response)|GO:0007155(cell adhesion)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000792(f
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0003723(RNA binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)|C

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006629(lipid m
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0
GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0019209(kinase ;

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005770(late endosome)|GO:0005794(Golgi apparatus
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:00043
GO:0001954(positive regulation of cell-matrix adhesion)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(c
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005575(cellular_comp
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cyt
GO:0000155(two-component sensor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrior

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0006810(transport)|GO:0005677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0002021(response to dietary excess)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004028(3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase activity)|GO:0004030(aldehyde dehydrogenase activity)|GO:0002223(stimulatory C-type lectin receptor signaling pathway)|GO:0002418(immune response)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004831(tyrosine-tRNA ligase activity)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008081(phosphoric diester hydrolase activity)

GO:0000188(inactivation of MAPK activity)|GO:0001706(endoderm formation)|GO:0004725(protein tyrosine phosphorylation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005764(lysosome)|GO:0006812(transport)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0001756(somitogenesis)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005539(glycosaminoglycan binding)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006401(RNA catabolic process)|GO:0032299(ribonuclease H2 complex)|GO:0000010(trans-hexaprenyltranstransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006937(regulation of muscle contraction)
GO:0005622(intracellular)|GO:0015629(actin cytoskeleton)|GO:0017053(transcriptional repressor activity)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0007034(vacuolar transport)|GO:0008270(zinc ion binding)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008270(zinc ion binding)
GO:0000038(very long-chain fatty acid metabolic process)|GO:0001676(long-chain fatty acid metabolic process)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003682(catalytic activity)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007186(G-protein coupled receptor activity)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000777(condensed chromosome kinetochore)|GO:0004672(catalytic activity)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0008083(growth factor activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(GTPase activity)
GO:0005975(carbohydrate metabolic process)|GO:0005977(glycogen metabolic process)|GO:0016020(membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)
GO:0004579(dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycotransferase activity)|GO:0005634(nucleus)
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity)
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0005576(extracellular region)
GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:0007275(chemotaxis)
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatory activity)
GO:0000036(acyl carrier activity)|GO:0005504(fatty acid binding)|GO:0005509(calcium ion binding)
GO:0006457(protein folding)|GO:0016272(prefoldin complex)|GO:0044267(cellular protein metabolic process)
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005789(endoplasmic reticulum)

GO:0005515(protein binding)|GO:0008134(transcription factor binding)|GO:0031625(ubiquitin proteasome activity)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005887(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001953(negative regulation of cell-matrix adhesion)|GO:0005777(G-protein coupled receptor activity)
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)
GO:0004082(bisphosphoglycerate mutase activity)|GO:0004083(2,3-bisphospho-D-glycerate 2-phosphate 3-kinase activity)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0005576(extracellular region)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0004768(stearoyl-CoA 9-desaturase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(enzyme activity)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005882(intermediate filament)|GO:0005887(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000376(RNA splicing, via spliceosome)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid transfer activity)
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0009986(cell surface)|GO:0000209(protein polyubiquitination)
GO:0000502(proteasome complex)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0003677(DNA binding)
GO:0004844(uracil DNA N-glycosylase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000293(ferric-chelate reductase activity)|GO:0005506(iron ion binding)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)
GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005887(integral to membrane)
GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0001401(mitochondrial sorting and targeting)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006486(protein glycosylation)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0022857(transmembrane transport)

GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016023(cytoplasmic membrane-bounded vesicle)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006260(DNA replication)

GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:000

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004326(tetrahydrofolylpolyglutamate synthase activity)|GO:

GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007286(spe
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003868(4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase activity)|GO:00
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003713(t

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007275(multicellular orga
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005516(calmodulin binding)|C
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(sp

GO:0004615(phosphomannomutase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:00
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008150(biol
GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001539(ciliary or flagellar motility)|GO:0003777(microtubule
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003712(transcription cofactor activity)|GO:0004518(nuclea

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005905(coated pit)|GO:0006

GO:0005634(nucleus)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0006310(DNA recombination)|GO:0008270(zit

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous ext

GO:0003837(beta-ureidopropionase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:00

GO:0003993(acid phosphatase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0000083(regulation of transcription involved in G1/S phase of mitotic cell cycle)|GO:0003700(se
GO:0003009(skeletal muscle contraction)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)
GO:0003826(alpha-ketoacid dehydrogenase activity)|GO:0003863(3-methyl-2-oxobutanoate dehyd

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0017076(purine nucleotide

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0000242(pericentriola

GO:0003779(actin binding)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005625(soluble fracti
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochc

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016226(iron-sulfur clu
GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(r
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0001614(purinergic nucleotide receptor activity)|GO:0001894(tissue homeostasis)|GO:0002020

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc
GO:0004033(aldo-keto reductase (NADP) activity)|GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0007601(visual perception)|GO:0050896(response to stimulus)
GO:0001939(female pronucleus)|GO:0001940(male pronucleus)|GO:0003677(DNA binding)|GO:00

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA processing)|GO:0030529(ribonu
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0002031(G-protein coupled receptor internalization)|GO:00

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0007165(signal transduction)|GO

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005506(iro

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:(
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000!

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0004672(protein

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008270(zinc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002456(T cell mediated immunity)|GO:0005198(structural m

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/
GO:0006915(apoptosis)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0002039(p53 binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chron
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006355(regulation of transcripti
GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000578

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0005078(MAP-kinase scaffold activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deader GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001782(B cell homeostasis)|GO:0005488(binding)|GO:0005! GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001078(F

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005840(ribosome)|GO:0006412(translation)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regul
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0016491(oxidoreductase activity)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0004715(non-m
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondric
GO:0002092(positive regulation of receptor internalization)|GO:0004672(protein kinase activity)|G
GO:0005813(centrosome)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003723(RNA binding
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endoplasmic reticulum lumen)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006260(DNA replication)|GO:0007049(cell c

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(!
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!
GO:0000038(very long-chain fatty acid metabolic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:00

GO:0004890(GABA-A receptor activity)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005230(extracellula
GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0007165(signal transduction)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005640(nuclear outer membrane)|G

GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000958(mitochondrial mRNA catabolic process)|G

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007126(meiosis)
GO:0000045(autophagic vacuole assembly)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(regulation of transcription involved

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005575(cellular_compon
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005737(
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000904(c
GO:0000149(SNARE binding)|GO:0005484(SNAP receptor activity)|GO:0005765(lysosomal membra

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001725(stress fit

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006457(prot
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(sp

GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005739(mitoch

GO:0002347(response to tumor cell)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(c
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004449(isocitrate dehydrogenase (NAD+) activity)|GO:0
GO:0001950(plasma membrane enriched fraction)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucl
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apopto
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000975(r
GO:0005634(nucleus)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0016829(lyase activity)|GO:0016831(carboxy-lyase activity)|GO:0019752(carboxylic acid metab
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009966(regulation of signal transduction)|GO:0010765(positive regu
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005634(nucleus)|

GO:0005488(binding)

GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003883(CTP synthase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GC

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000785(chromatin)|GO:0001939(female pror
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi a

GO:0005737(cytoplasm)
GO:0004364(glutathione transferase activity)| GO:0005737(cytoplasm)| GO:0005829(cytosol)| GO:00003677(DNA binding)| GO:0005509(calcium ion binding)| GO:0005615(extracellular space)| GO:0005640(nuclear outer membrane)| GO:0005783(endoplasmic reticulum)| GO:0005789(endoplasmic reticulum lumen)| GO:0005515(protein binding)| GO:0005634(nucleus)| GO:0005730(nucleolus)| GO:0005737(cytoplasm)| GO:0000166(nucleotide binding)| GO:0004672(protein kinase activity)| GO:0004714(transmembrane protein activity)| GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)| GO:0003700(stress fiber)| GO:0001725(stress fiber)| GO:0005488(binding)| GO:0005634(nucleus)| GO:0005730(nucleolus)| GO:0000030(mannosyltransferase activity)| GO:0005783(endoplasmic reticulum)| GO:0005789(endoplasmic reticulum lumen)| GO:0005518(collagen binding)| GO:0005604(basement membrane)| GO:0005886(plasma membrane)| GO:0016020(membrane)| GO:0016021(integral to membrane)| GO:0003674(molecular_function)| GO:0005886(plasma membrane)| GO:0008150(biological_process)| GO:0005634(nucleus)| GO:0005730(nucleolus)| GO:0006364(rRNA processing)| GO:0030688(primitive nuclear envelope)| GO:0008270(zinc ion binding)| GO:0046872(metal ion binding)| GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)| GO:0000082(G1/S transition of cell cycle)| GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)| GO:0005576(extracellular region)| GO:0005615(extracellular space)| GO:0003674(molecular_function)| GO:0005575(cellular_component)| GO:0008150(biological_process)| GO:0005515(protein binding)| GO:0004032(alditol:NADP+ 1-oxidoreductase activity)| GO:0004033(aldo-keto reductase (NADP) activity)| GO:0005634(nucleus)| GO:0005730(nucleolus)| GO:0031965(nuclear membrane)| GO:0000303(response to superoxide)| GO:0001666(response to hypoxia)| GO:0005488(binding)| GO:0005216(ion channel activity)| GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)| GO:0005247(voltage-gated ion channel activity)| GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)| GO:0000730(DNA recombination)| GO:0003779(actin binding)| GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)| GO:0005515(protein binding)| GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)| GO:0000278(mitotic cell cycle)| GO:0003674(molecular_function)| GO:0004177(aminopeptidase activity)| GO:0005737(cytoplasm)| GO:0006508(proteolysis)| GO:0008150(biological_process)| GO:0000166(nucleotide binding)| GO:0005215(transporter activity)| GO:0005524(ATP binding)| GO:0000166(nucleotide binding)| GO:0004672(protein kinase activity)| GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)| GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)| GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to splice)| GO:0000793(condensed chromosome)| GO:0005515(protein binding)| GO:0005634(nucleus)| GO:00003735(structural constituent of ribosome)| GO:0005622(intracellular)| GO:0005739(mitochondrion)|

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005234(extracellular-glutam
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005694(chromo
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005245(voltage-gated calcium channel activit
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0000242(pericentriolar material)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0
GO:0005829(cytosol)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cyto

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent o
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000367

GO:0000123(histone acetyltransferase complex)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0043966(histor

GO:0001726(ruffle)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005158(insulin receptor binding)|GO:000519
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0001824(blastocyst development)|GO:0004842(ubiqu
GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0002576(platelet degranulatio

GO:0003993(acid phosphatase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase a
GO:0001866(NK T cell proliferation)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005125(cytokine
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006898(r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003727(single-stranded RNA binding)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membran
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0005575(cellular_component)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mi
GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via

GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003682(chi
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(n

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatory
GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005788(endoplasmic
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:000551
GO:0000785(chromatin) | GO:0000793(condensed chromosome) | GO:0003682(chromatin binding) | GO:
GO:0005576(extracellular region) | GO:0006810(transport) | GO:0006869(lipid transport) | GO:001602
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0005515(p
GO:0004872(receptor activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0007155(cell adhesion) | GO:0016
GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding) | GO:0005634(nucleus)
GO:0005198(structural molecule activity) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0005923(tight junc
GO:0001837(epithelial to mesenchymal transition) | GO:0001889(liver development) | GO:0003007(r
GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0035556(intracellular signal transduction) | GO:0046872(metal ion
GO:0005624(membrane fraction) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0016020(membrane) | GO:
GO:0003779(actin binding) | GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton) | GO:0005515(prote
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001726(ruffle) | GO:0003774(motor activity) | GO:0003779(ac
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:000552
GO:0004872(receptor activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005886(plasma membrane) | GO
GO:0001725(stress fiber) | GO:0003674(molecular_function) | GO:0003779(actin binding) | GO:00057
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005524(ATP binding) | GO:000
GO:0007165(signal transduction)
GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005794(Golgi apparatus) | GO:0006888(ER to Golgi vesicl
GO:0004380(glycoprotein-fucosylgalactoside alpha-N-acetylgalactosaminyltransferase activity) | GO:
GO:0000784(nuclear chromosome, telomeric region) | GO:0000794(condensed nuclear chromosome
GO:0005515(protein binding) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0000922(spindle pole) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005813(centrosome) | GO:0005874(microt
GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0005575(cellular_component) | GO:0005634(nucleus) | GC
GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0003723(RNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005681(splice
GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolu
GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005840(riboso
GO:0005576(extracellular region) | GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)
GO:0002347(response to tumor cell) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(c
GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005743(mitochondrial inner membrane) | GO:0005750(mitochon
GO:0001726(ruffle) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005545(1-phosphatidylinositol binding) | GC
GO:0000155(two-component sensor activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004672(protei

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006461(protein
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003674(molecular_function)|GO:00056
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0003924(GT
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0004806(triglyceride lipase activity)|GO:0005811(lipid particle)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitoch

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005761(mitoch
GO:0002221(pattern recognition receptor signaling pathway)|GO:0005488(binding)|GO:0005529(s
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417(regulation of tr
GO:0001819(positive regulation of cytokine production)|GO:0005102(receptor binding)|GO:00056

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0003779(actin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskele
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006281(DNA repair)|GO:0006310(DN
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003407(neural retina development)|GO:0005388(calcium-tr
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0004842(ubiquitin-pro

GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006457(pro
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(e

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(pro

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005

GO:0005242(inward rectifier potassium channel activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel ac
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005290(L-histidine transmembrane transporter activity)|GO

GO:0005488(binding)

GO:0005525(GTP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membra
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0002281(macrophage activation involved in immune response)|GO:0005575(cellular_compone
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPKK
GO:0004045(aminoacyl-tRNA hydrolase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005762(mitoch
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0000900(translation repressor activity, nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:00
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006355(regulation of transcripti
GO:0001662(behavioral fear response)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000645

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|G
GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0002286(T cell activation involved in immune re
GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:000563

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016787(hydrolase act
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003824(catalytic activ

GO:0000339(RNA cap binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005515(prot
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016787(hydrolase activity)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003690(c
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006355(regulati
GO:0004033(aldo-keto reductase (NADP) activity)|GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:
GO:0005488(binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006810(transport)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007067(r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|G
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0003677(DNA

GO:0005576(extracellular region)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005886(pla
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0005622(intracellular)|Gt
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005737(

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005778(peroxisomal membrane)|
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide exchange factor activit

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(m
GO:0007283(spermatogenesis)|GO:0007601(visual perception)|GO:00050896(response to stimulus)

GO:0003779(actin binding)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005515(prote
GO:0005886(plasma membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005545(1-phosphatidylinos
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu
GO:0003674(molecular_function)|GO:0004180(carboxypeptidase activity)|GO:0005575(cellular_co
GO:0005319(lipid transporter activity)|GO:0006488(dolichol-linked oligosaccharide biosynthetic pr
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0003677(DNA binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005355(glucose transmembrane transporter activity)|GO:0

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006917(induction of :

GO:0005178(integrin binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extrac

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(G2/M transition of mitotic cell cycle)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0005730(nuclear membrane)

GO:0000502(proteasome complex)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005525(GTP binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005083(small molecule binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0019904(protein domain specific binding)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)

GO:0000149(SNARE binding)|GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0001956(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000165(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006357(regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000794(condensed nuclear chromosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-strand binding)

GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005525(GTP binding)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006595(polyamine met:
GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0000795(synaptonemal complex)|GO:0001673(male ge

GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001726(ruffle)|GO:0001946(lymphangiogenesis)|GO:00053
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(pr

GO:0005488(binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:001
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0017025(TBP-c
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005643(nucle
GO:0005634(nucleus)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007275(multicellular organismal development)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer mem
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001505(regulation of neurotransmitter levels)|GO:0001933(negative regulation of protein phc
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0016020(membrane)|GO:(
GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0005576(extracellular region)

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:
GO:0004588(orotate phosphoribosyltransferase activity)|GO:0004590(orotidine-5'-phosphate deca

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0015031(protein ti
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0006915(apoptosis)|GO:0034968(histone lysine methylation)|GO:0035064(methylated histone
GO:0005515(protein binding)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(ir
GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0001822(kidney development)|GO:0001889(liver development)|GO:0003677(DNA binding)|GC

GO:0005622(intracellular)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|
GO:0005813(centrosome)|GO:0005932(microtubule basal body)|GO:0008158(hedgehog receptor a
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0009607(response to biotic stimulus)|GO:0016021(integral to

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008180(signalo

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regul
GO:0005576(extracellular region)
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(mic

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004896(cytokine receptor activity)|GO:0004911(interleukin-2 r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0005515(protein binding)|GO:0035329(hippo signaling cascade)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0005794(Golgi
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0003674(molecular_function)|GO:0008150(biological_process)|GO:0072669(tRNA-splicing liga
GO:0005576(extracellular region)|GO:0008150(biological_process)|GO:0051636(Gram-negative ba

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003972(RNA ligase (ATP) activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:002

GO:0005488(binding)
GO:0001975(response to amphetamine)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005737(cytoplasm

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016740(transferase activity)|
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001542(ovulation from ovarian follicle)|GO:0001666(response
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomer

GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0019
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001890(p

GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006400(trRNA modification)|GO:0

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001569(pa

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006810(transport)|GO:0009925(basal plasma membrane)

GO:0005477(pyruvate secondary active transmembrane transporter activity)|GO:0005624(membra

GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:00

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008081(phosphoric diester hydroly

GO:0001763(morphogenesis of a branching structure)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytos

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005488(binding)|GO:00

GO:0005576(extracellular region)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001937(negative regulation of endothelial cell proliferation)|G

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000082(G1/S transition of

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001666(response t

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic

GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:000581

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005198(stru

GO:0000049(trRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004831(tyrosine-tRNA ligase act

GO:0001766(membrane raft polarization)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binc

GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0016042(lipid catabolic process)|GO:00167

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(G

GO:0000266(mitochondrial fission)|GO:0004089(carbonate dehydratase activity)|GO:0005739(mit

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004653(polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase activity

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(translation)

GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0003810(protein-glutamine gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006796(phosphate metabolic process)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0001504(neurotransmitter uptake)|GO:0005283(sodium:amino acid symporter activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004017(adenylate kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005622(intracellular)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005923(tight junction)|GO:0030054(cell junction)

GO:0000145(exocyst)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006904(vesicle docking involved in exocytosis)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000088(S phase of mitotic cell cycle)

GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016020(membrane)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0006979(response to oxidative stress)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003777(microtubule motor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal process)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004765(shikimate kinase activity)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003682(chromatin b
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0004791(thioredoxin-disulfide reductase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu:
GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005833(hemoglobin complex)|GO:0006810(transpo

GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000085(G2 phase of mitotic cell cycle)|GO:000027
GO:0003677(DNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-depe
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0004726(non-membrane spanning protein
GO:0005158(insulin receptor binding)|GO:0005159(insulin-like growth factor receptor binding)|GO
GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005777(peroxisome)

GO:0004000(adenosine deaminase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extrac

GO:0000010(trans-hexaprenyltranstransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitc

GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cy

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000287(magnesium ion bi
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001968(fibronectin binding)|GO:0004303(estradiol 17-beta-
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000152(nuclear ubiquitin ligase complex)|GO:0004221

GO:0005576(extracellular region)|GO:0008150(biological_process)|GO:0030280(structural constitu
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0000421(autophagic vacuole membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellu

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0

GO:0001872(1,3-beta-D-glucan binding)|GO:0001878(response to yeast)|GO:0005576(extracellular
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000369
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001944(vasculature development)|GO:0005576(e

GO:0000164(protein phosphatase type 1 complex)|GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0001958(endochondral ossification)|GO:0005053(peroxisome biogenesis)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004143(diacylglycerol kinase activity)|GO:0005509(calcium ion transport)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic metaphase)|GO:0001605(adrenomedullin receptor activity)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004871(signal transduction)

GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005158(insulin receptor binding)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005515(positive regulation of transcription)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016043(cellular component organization)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0051537(2 iron, 2 sulfur oxidoreductase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006457(cytoskeleton)

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0001875(lipopolysaccharide receptor activity)|GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0030308(negative regulation of cell growth)|GO:0045749(negative regulation of cell cycle)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006796(phosphate metabolic process)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0004540(ribonuclease activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004896(cytokine receptor activity)|GO:0004912(interleukin-3 receptor activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(positive regulation of transcription)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006508(positive regulation of transcription)|GO:0001569(patterning of blood vessels)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001667(ameboid movement)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0003796(lysosome)|GO:0003796(lysozyme activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0008152(metabolic process)

GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|GO:0003712(transcription cofactor .
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004001(adenosine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0005529(sugar binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GC
GO:0005634(nucleus)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas

GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol,
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005622(intracel
GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000087
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous ex
GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007165(signal transduction,
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0001675(acrosome assembly)|GO:0005070(SH3/SN2 adaptor activity)|GO:0005096(GTPase act
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004329(formate-tetrahydrofo
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000209(protein
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:00
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion bindin
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de

GO:0005515(protein binding)

GO:0002827(positive regulation of T-helper 1 type immune response)|GO:0002829(negative regula
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mi
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleoti

GO:0003826(alpha-ketoacid dehydrogenase activity)|GO:0003863(3-methyl-2-oxobutanoate dehyd
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005484(SNAP receptor activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen via MHC class I)|GO:0005509(

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005055(lamir
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003705(ser
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0003677(DNA binding)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(pr
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi a
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005737(cytoplas
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0017111(nucleoside-triphosphatas

GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nu

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003995(acyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:0003997(acyl-CoA oxidase activity)|GO:0005739

GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(ca
GO:0000022(mitotic spindle elongation)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(n
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005634(nucleus)|GO:0005637(nuclear inner membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:00160
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochor

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucl
GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription fact

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon

GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005875(m
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007165(signal tran:

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003676(r
GO:0001533(cornified envelope)|GO:0003810(protein-glutamine gamma-glutamyltransferase activ

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006693(prostaglandin metabolic process)

GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(rough endoplasmic reticulum)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003714(transcription)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubule)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(microtubule)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0006928(cellular component movement)|GO:0007338(single filamentous actin)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription)

GO:0000022(mitotic spindle elongation)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic spindle assembly)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005201(extracellular matrix)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0005088(Ras guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0016471(mitochondrion)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrar
GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0000183(chromatin silencing at rDNA)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886
GO:0016791(phosphatase activity)
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0006508(pi
GO:0004045(aminoacyl-tRNA hydrolase activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0006829(zinc ion transport)|GO:

GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0004499(flavin-containing monooxygenase activity)|GO
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem

GO:0001302(replicative cell aging)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:00

GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:

GO:0005178(integrin binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extrac
GO:0005041(low-density lipoprotein receptor activity)|GO:0005044(scavenger receptor activity)|G
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00

GO:0005634(nucleus)|GO:0016567(protein ubiquitination)|GO:0030374(ligand-dependent nuclear

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0003723
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA bin|GO:0005829(cytosol)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0034329(cell junction assembly)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001658(branching involved in ureteric bud morph|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005697(telom|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006606(prc|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0031419(cobalamin binding)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membr|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0010923(negative

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(mitotic ce

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:C|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005216(ion channel activity)

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000152(nuclear ubiquitin ligase complex)|GO:0004221|GO:0002230(positive regulation of defense response to virus by host)|GO:0003723(RNA binding)|G|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|(|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005758(mit|GO:0002151(G-quadruplex RNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR bir|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|G|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0003777(microtubule motor activi

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0007049(cell cycle)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu|GO:0003723(RNA binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0010529(negative regulation of trans

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007275(multicellular orga

GO:0005319(lipid transporter activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000469
GO:0000012(single strand break repair)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003697(s
GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nu
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(pla

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:00
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005814(centriole)|GO:0005856(cytoskele
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:C

GO:0000346(transcription export complex)|GO:0000347(THO complex)|GO:0000445(THO complex

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00

GO:0000014(single-stranded DNA specific endodeoxyribonuclease activity)|GO:0000109(nucleotide

GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001649(osteoblast differentiation)|GO:0001666(response to hypo
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein bin
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0008150(biologi

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|
GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol,
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(regulation of transcription involved
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005793(ER-Golgi intermediate c
GO:0001504(neurotransmitter uptake)|GO:0005283(sodium:amino acid symporter activity)|GO:00
GO:0016301(kinase activity)
GO:0005634(nucleus)

GO:0004596(peptide alpha-N-acetyltransferase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:000

GO:0000777(condensed chromosome kinetochore)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005737(cytop
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0004563(beta-N-acetylhexosaminidase activity)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0000904(cell morphogenesis involved in differentiation)|GO:0005178(integrin binding)|GO:000

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0019838(growth factor bin
GO:0007275(multicellular organismal development)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001085(RNA polymerase II transcription factor binding)|GO:
GO:0001726(ruffle)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleu
GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm

GO:0007155(cell adhesion)

GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0007049(cell cycle)|GO:0007067(mitosis)|GO:0042802(identical protein binding)|GO:0051301(

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(e

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:00
GO:0004470(malic enzyme activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005200(s
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0001675(acrosome assembly)|GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005096(GTPase act

GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0004029(aldehyde dehydrogenase (NAD) activity)|GO:0004030(aldehyde dehydrogenase [NAD]
GO:0000910(cytokinesis)|GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001726(ruffle)|GO:0001948(glycoprot

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000275(mitochondrial proton-transporting ATP synthase cor
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(trans

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(pr

GO:0001915(negative regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0001960(negative regulation c
GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular spa
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplas
GO:0004117(calmodulin-dependent cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity)|GO:0005516(calr
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0001569(patterning of k

GO:0000145(exocyst)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006887
GO:0006457(protein folding)|GO:0016272(prefoldin complex)|GO:0044267(cellular protein metabo
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:00

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:

GO:0005515(protein binding)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006071(glycerol metabolic process)|GO:0006629(lipid metabolic pro
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0016998(cell wall macromolecule catabolic process)

GO:0003977(UDP-N-acetylglucosamine diphosphorylase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:00057:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001656(metanephros development)|GO:0001701(in utero e
GO:0000922(spindle pole)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0007049(cell c
GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0000339(RNA cap binding)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0005634(nucleus)|

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0004871(s

GO:0006457(protein folding)|GO:0019538(protein metabolic process)|GO:0051087(chaperone bin

GO:0004149(dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0000104(succinate dehydrogenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitoch

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endoso

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003921(GMP synthase activity)|GO:0003922(GMP synthase
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005874(m
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000152(nuclear ubiquitin ligase complex)|GO:0004221

GO:0000430(regulation of transcription from RNA polymerase II promoter by glucose)|GO:0000432
GO:0005882(intermediate filament)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(mul
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(re
GO:0003712(transcription cofactor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|G
GO:0000186(activation of MAPKK activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0016020(membrane)|GO:001
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005524(ATP binding)|GO:

GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus

GO:0005083(small GTPase regulator activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005575(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003727(single-stranded RNA binding)|GO:0005634(nucleus)
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|G

GO:0001601(peptide YY receptor activity)|GO:0001602(pancreatic polypeptide receptor activity)|G

GO:0005529(sugar binding)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochor

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005783(endoplasmic reticul
GO:0001709(cell fate determination)|GO:0003706(ligand-regulated transcription factor activity)|G
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0042127(regul
GO:0001972(retinoic acid binding)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0005792(n
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0006935(chemotaxis)|GO:(
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000910(cytokinesis)|G

GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0001756(somitogenesis)|GO:0001843(neural tube clo
GO:0005768(endosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0007212(dopamine receptor signaling
GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016788(hydrolase activity, acting on ester b
GO:0000050(urea cycle)|GO:0000053(argininosuccinate metabolic process)|GO:0000166(nucleotid

GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003700(sequence-s
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondrial matrix)|GO:0006103(2-oxoglutarate met;

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008152(metabolic process)|GO:0008168(methyltransferase acti
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|C
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0045333(cellular respiration
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0000781(chromosome, telomeric region)|GO:0000783(nu

GO:0000049(tRNA binding)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005737(cytoplas
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nu
GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006508(proteolysis)|GO:

GO:0002504(antigen processing and presentation of peptide or polysaccharide antigen via MHC cla
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|Gt
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0005509(calcium ion binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA hel
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mitochc
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GC
GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:(

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal devel
GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0007165(signal transduction)|GO:0017124(SH3 domair
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000216(l
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:(
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004802(transketolase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|Gt
GO:0005524(ATP binding)|GO:0006200(ATP catabolic process)|GO:0006298(mismatch repair)|GO:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcrip
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0004908(interle

GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0004035(alkaline phosphatase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016020(membr
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005783(endoplasmic reti

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007399(nervous

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0044419(interspecies interaction between organ

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000287(magnesium

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005768(endosome)|GO:0005802(tra

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|G

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003684(damaged DNA binding)|GO:0003824(catalytic activity)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007067(mitosis)|GO:0007346(regulatio

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplas

GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0003677(D

GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005622(intracellular)|GO:00

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417(regulation of translation)|GO:003017

GO:0000822(inositol hexakisphosphate binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005216(ion ch

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005761(mitoch

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001077(F

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004919(interleukin-9 receptor activity)|GO:0005576(extracellu

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid-

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005452(inorganic anion exchanger activity)|GO:0005886(pla

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r

GO:0001725(stress fiber)|GO:0003065(positive regulation of heart rate by epinephrine)|GO:00037

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:(

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(e

GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005245(voltage-gated calcium channel activit

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005624(m

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001889(liver development)|GO:0001890(placenta development)|GO:0001948(glycoprotein bi
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0000288
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubule organizing center)|GO:0005856(cytoskeleton)|(
GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006364(rRNA proce
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004860(protein kinase
GO:0003943(N-acetylgalactosamine-4-sulfatase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0008484(sulfi

GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0006508(proteolysis)|GO:000823

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membran
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005778

GO:0006812(cation transport)|GO:0015297(antiporter activity)|GO:0015299(solute:hydrogen antiq

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000381(regulation of alternative nuclear mRNA splicing, via s
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0000045(autophagic vacuole assembly)|GO:0000421(autophagic vacuole membrane)|GO:0005
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0005515(protein binding)|

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytop
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008168(methyltransfer
GO:0000784(nuclear chromosome, telomeric region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(prot
GO:0005515(protein binding)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007165(signal transduction)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004998(transferrin recepto
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0005515
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000573

GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nu
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0001726(ruffle)|GO:0004438(phosphatidylinositol-3-phosphatase activity)|GO:0004725(protein
GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor a

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000!
GO:0000785(chromatin)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0003682(chromatin binding)|
GO:0003676(nucleic acid binding)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol
GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005518(collagen binding)|GO:000557
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:00056

GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008483(transaminase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0008201(heparin binding)|GO:0017134(fibroblast growth fac
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO
GO:0000049(tRNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|C
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0002774(Fc receptor mediated inhibitory signaling pathway)|GO:0004872(receptor activity)|GC

GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000088(mitotic prophase)|GO:0000278(mitotic cel
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004335(galactokinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|G

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0005634(nucleus)|GO:0005689(U12-type spliceosomal complex)|GO:0006397(mRNA processin
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005829(cytosol)|
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004528(phosphodiesterase I activity)|GO:0004551(nucleoti

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|G

GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005625(soluble fractic
GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(in

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004004(ATP-dependent RNA heli
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0046658(anchored to pl
GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0004198(calcium-dependent cysteine-type endopeptidase acti
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000462(maturation of SSU-rRNA from tricistronic rRNA transcript (SSU-rRNA, 5.8S rRNA, LSU-r
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma mem
GO:0001786(phosphatidylserine binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005545(1-phosphatid
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0001654(eye development)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0001892(embryonic placenta development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:000

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007224(smoothened sig
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005055(lamir
GO:0003841(1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0008152(metabolic process
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:C
GO:0001076(RNA polymerase II transcription factor binding transcription factor activity)|GO:00036
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:00

GO:0005515(protein binding)
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G

GO:0007275(multicellular organismal development)
GO:0001607(neuromedin U receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0048471(perinuclear space)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005769(eukaryotic cell cycle)|GO:0000403(Y-form DNA binding)|GO:0003684(damaged DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004089(carbonate dehydratase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016323(basolateral membrane)|GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0001938(positive regulation of cell growth)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0008940(nitrate reductase activity)|GO:0004648(O-phospho-L-serine:2-oxoglutarate aminotransferase activity)|GO:0006564(L-serine biosynthesis)

GO:0004105(choline-phosphate cytidyltransferase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000790(ribosome biogenesis)|GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to 5' splice site)

GO:0000979(RNA polymerase II core promoter sequence-specific DNA binding)|GO:0000983(RNA polymerase II core promoter sequence-specific DNA binding)|GO:0001659(temperature homeostasis)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA replication)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005753(mitochondrial proton transport)

GO:0004115(3',5'-cyclic-AMP phosphodiesterase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0010609(posttranslational modification)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005092(GDP-dissociation inhibitor activity)|GO:0005093(Rab GDP-dissociation inhibitor activity)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0001824(blastocyst development)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003899(DNA replication)|GO:0001614(purinergic nucleotide receptor activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transcription)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activity)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA replication)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0000036(acyl carrier activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008101(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003707(steroid hormone biosynthesis)

GO:0005198(structural molecule activity) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0005923(tight junction) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006397(mRNA processing)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005215(transporter activity) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0000049(tRNA binding) | GO:0001525(angiogenesis) | GO:0001937(negative regulation of endothelial cell proliferation)

GO:0000049(tRNA binding) | GO:0001525(angiogenesis) | GO:0001937(negative regulation of endothelial cell proliferation)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0003714(transcription factor activity)

GO:0005515(protein binding) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0000278(mitotic cell cycle) | GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:00004372(glycine hydroxymethyltransferase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004372(glycine hydroxymethyltransferase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006333(chromatin assembly or disassembly) | GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005741(mitochondrial membrane) | GO:0003743(translation initiation factor activity) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005829(cytosol) | GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005635(nucleoplasm) | GO:0000988(protein binding transcription factor activity) | GO:0001501(skeletal system development)

GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005635(nucleoplasm) | GO:0000988(protein binding transcription factor activity) | GO:0001501(skeletal system development)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0017111(nucleoside-triphosphate binding)

GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008033(tRNA processing) | GO:0016491(oxidoreductase activity) | GO:0017150(tRNA dihydrouridine synthase activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005198(structural molecule activity) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0001664(G-protein-coupled receptor binding) | GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity) | GO:0005096(GTPase activator activity) | GO:0005575(cellular component) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005515(protein binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0047631(ADP-ribose diphosphatase activity)

GO:0000346(transcription export complex)|GO:0000347(THO complex)|GO:0000445(THO complex)|GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001942(hair follicle development)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005085(guanylnucleotide cyclase activity)|GO:0015991(ATP hydrolysis coupled proton transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0004647(phosphoserine phosphatase activity)|GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0006986(response to unfolded protein)|GO:0007283(spermatogenesis)|GO:0016020(membrane)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoskeleton)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005882(intermediate filament)|GO:0008544(epidermal cell morphogenesis)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004111(creatine kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001820(serotonin secretion)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular matrix)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule activity)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005522(transport)|GO:0001893(maternal placenta development)|GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0031640(killing of cells of o
GO:0007154(cell communication)|GO:0035091(phosphatidylinositol binding)
GO:0001503(ossification)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein bindi
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006916(ant
GO:0001784(phosphotyrosine binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription f
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000579:
GO:0001889(liver development)|GO:0001942(hair follicle development)|GO:0002224(toll-like rece
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016491(oxidoreductase ac
GO:0005319(lipid transporter activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005576(extracellular region)|GC
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0046872(metal ion I

GO:0008654(phospholipid biosynthetic process)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000471

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic
GO:0005576(extracellular region)|GO:0042742(defense response to bacterium)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0002218(activ:

GO:0005622(intracellular)|GO:0015629(actin cytoskeleton)|GO:0017053(transcriptional repressor

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005515(p

GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0006811(ion transport)|GO:00

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000792(r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0001671(ATPase activator activity)|GO:0003007(heart morphogenesis)|GO:0003779(actin bind

GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|G

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003714(transcription
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004998(transferrin receptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|
GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0042578(phosphoric ester hydrolase activity)
GO:0002113(interleukin-33 binding)|GO:0002826(negative regulation of T-helper 1 type immune re
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056
GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006886(intrac

GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:(
GO:0005575(cellular_component)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:000995
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005:

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004127(cytidylate kinase activity)|GO:0004798(thymidylate

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nu

GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(end
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from F
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004383(guanylate cyclase activity)|GO:0004872(receptor ac

GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005520(insulin-like grow

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008376(acetylgalactosaminyltransferase activity)|GO:0016020(

GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0005576(extracellular region)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005761(mitoch
GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho GTPase acti
GO:0016757(transferase activity, transferring glycosyl groups)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016491(oxidoreductase ac
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005625(soluble fraction)|GC
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GC

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006397(mRNA processing)|GO:0006810(tra
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0030837(negative regulation of actin filament polymerization)
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|C
GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005795(Golgi
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004873(asialoglycoprotein receptor activity)|GO:0005515(prot
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:00
GO:0000718(nucleotide-excision repair, DNA damage removal)|GO:0003700(sequence-specific DN/

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007275(multicellular organismal
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-deper
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC

GO:0004872(receptor activity)|GO:0009897(external side of plasma membrane)|GO:0016020(membr
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(pr
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005070(SH3/SN2 adaptor activity)|GO:0005625(soluble fraction)|C

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016491(oxidoreductase activity
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016740(transferase activity)|
GO:0003810(protein-glutamine gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0005200(structural consti
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003723(RN/
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003713(transcription

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GC
GO:0000150(recombinase activity)|GO:0001077(RNA polymerase II core promoter proximal region
GO:0001867(complement activation, lectin pathway)|GO:0003823(antigen binding)|GO:0005102(r

GO:0001975(response to amphetamine)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GC

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000216(l

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:00

GO:0005337(nucleoside transmembrane transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:

GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005744
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005088

GO:0000050(urea cycle)|GO:0001889(liver development)|GO:0001938(positive regulation of endot

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(riboso
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049(cell cyc
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrar
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0032526(response to retinoic acid)|GO:0042221(response to chemica
GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|
GO:0004402(histone acetyltransferase activity)|GO:0004415(hyalurononglucosaminidase activity)|

GO:0005581(collagen)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008

GO:0005581(collagen)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007275(multicellular organismal devi
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008324(cation transmembrane transporter activity)|GO:001
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005758(mitochondrial intermembrane space)|GO:0015031(prot
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001517(N-acetylglucosamine 6-O-sulfotransferase activity)|GC
GO:0003995(acyl-CoA dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitoch
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000209(protein polyubiq
GO:0004556(alpha-amylase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular regio
GO:0003682(chromatin binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor a
GO:0005488(binding)|GO:0007126(meiosis)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001654(e

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004569(glycoprotein endo-alpha-1,2-mannosidase activity)|GC
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021

GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005085(guanyl-nucl

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0004165(dodecenoyl-CoA delta-isomerase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(lysine catabolic process)|GO:0008195(phosphatidate phosphatase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000049(tRNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine phosphorylation)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005262(calcium channel activity)|GO:0005768(endosome)|GO:0005743(lysine catabolic process)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006259(DNA metabolic process)|GO:0017124(lysine catabolic process)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006631(fatty acid metabolism)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001503(ossification)|GO:0002224(toll-like receptor signaling pathway)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0004666(peroxidase activity, glutathione peroxidase)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004127(cytidylate kinase activity)|GO:0004798(thymidylate kinase activity)

GO:0005436(sodium:phosphate symporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(lysine catabolic process)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to ITS2)|GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000790(lysine catabolic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004127(cytidylate kinase activity)|GO:0004849(uridine kinase activity)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0008283(cell proliferation)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001709(cell fate determination)|GO:0003706(ligand-regulated transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000242(pericentriolar material)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000563

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0007067(r
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001504(neurotransmitter uptake)|GO:0004351(glutamate d
GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fractio
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006950(response to stress)|GO:0007165(sig

GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:00057
GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0002224(toll-like receptor signalin

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0008270(zinc

GO:0006836(neurotransmitter transport)|GO:0017156(calcium ion-dependent exocytosis)|GO:003
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic ret
GO:0003779(actin binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cytoskelet

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0030424(axon)|GO:0030
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006417(regulation of translation)|GO:003017
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO
GO:0005488(binding)

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0001778(plasma membrane repair)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005634(nucleus)|
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleoti

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001944(vasculature development)|GO:00030:

GO:0002087(regulation of respiratory gaseous exchange by neurological system process)|GO:0004:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:00
GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide excha
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0

GO:0005634(nucleus)|GO:0006334(nucleosome assembly)
GO:0005488(binding)
GO:0001816(cytokine production)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0004659(prenyltransferase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00057:
GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0003700(sequence
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0004672(protein kinase activ
GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005777(peroxisome)|GO:000
GO:0003677(DNA binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004802(transketolase activity)|GO:0005625(soluble frac
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem
GO:0005102(receptor binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0045087(innate immune r
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000080(G1 phase of mitot
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005764(lysosome)|GO:00
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondric
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:
GO:0004168(dolichol kinase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic r
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0004867(serine-type er
GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005840(ribosome)|
GO:0007338(single fertilization)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000:
GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001944(vasculature development)|GO:00030:
GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0008270(zinc
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009611(response to wounding)
GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral t

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0000777(condensed chromosome kinetochore) | GO:0000793(condensed chromosome) | GO:0000800(chromatin organization)

GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0005082(negative regulation of transcription) | GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0000975(negative regulation of transcription) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004454(ketohexokinase activity) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005525(GTP binding)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0003724(RNA polymerase II transcription) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0009615(response to virus) | GO:0010529(negative regulation of transcription) | GO:0000216(M/G1 transition of mitotic cell cycle) | GO:0000278(mitotic cell cycle) | GO:0005515(protein binding) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001880(Mullerian duct regression) | GO:0004872(receptor activity, ligand-gated ion channel)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0003701(DNA binding transcription factor activity) | GO:0003702(DNA binding transcription factor activity)

GO:0004366(glycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005740(mitochondrial membrane) | GO:0002446(neutrophil mediated immunity) | GO:0003713(transcription coactivator activity) | GO:0003714(transcription coactivator activity) | GO:0003841(1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity) | GO:0008152(metabolic process) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0016491(oxidoreductase activity, NADPH dependent) | GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005577(extracellular matrix) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0000046(autophagic vacuole fusion) | GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0001508(regulation of transcription) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0006469(negative regulation of protein binding) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005654(nucleoplasm) | GO:0001525(angiogenesis) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0007275(angiogenesis) | GO:0004571(mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase activity) | GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0004177(aminopeptidase activity) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0006508(proteolysis) | GO:0000800(chromatin organization) | GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0006869(lipid transport) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane) | GO:0000000(behavior) | GO:0001967(suckling behavior) | GO:0001975(response to amphetamine) | GO:0004871(signal transduction) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005769(early endosome) | GO:0005770(early endosome)

GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0007155(cell adhesion) | GO:0007156(cell adhesion)

GO:0005488(binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(meta
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(n
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016023(cytoplasmic membrane-bounded vesicle)
GO:0007276(gamete generation)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0006665(sphingolipid m

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reti

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(L
GO:0000430(regulation of transcription from RNA polymerase II promoter by glucose)|GO:0000432

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0006029(proteoglycan metabolic proce
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004653(polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase activity
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005770(late endosome)|GO:0005794(Golgi apparatus

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GC
GO:0004668(protein-arginine deiminase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(c
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(prot
GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endopla
GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001664(G-protein-coupl

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:
GO:0000405(bubble DNA binding)|GO:0003684(damaged DNA binding)|GO:0003690(double-stran
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0009653(anatomical structure morphology)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000381(regulation of alternative nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0006508(ion channel activity)

GO:0004724(magnesium-dependent protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:0004741(ion channel activity)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0035556(intracellular signal transduction)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0004620(phospholipase activity)|GO:0004623(phospholipase A2 activity)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005622(intracellular)|GO:0016119(carotene metabolic process)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0004767(sphingomyelin phosphodiesterase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005793(ER-Golgi intermediate compartment)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0002407(dendritic cell chemotaxis)|GO:0003779(actin binding)|GO:0004435(phosphatidylinositol 3-kinase activity)|GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005261(cation channel activity)|GO:0005262(calcium channel activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0005793(ER-Golgi intermediate compartment)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003682(chromatin binding)

GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006605(protein targeting)|GO:0016020(membran
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005768(endosome)|GO:0006810(transport)|GO:0010008

GO:0004872(receptor activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005525(GTP b
GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0
GO:0005506(iron ion binding)|GO:0016702(oxidoreductase activity, acting on single donors with in

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005681(sp
GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006
GO:0000303(response to superoxide)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005215(transporter

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003681(bent DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA bin
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucl
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0009986(cell surface)|GO:0016021(integral to membrane)|G

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-depe
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)

GO:0000910(cytokinesis)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0001664(G-protein-coupled r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0005
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003887(DNA-directed DNA polymerase activity)|GO:0005622(intra

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:0
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0006
GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0004181(metalloprotease activity)|GO:0006508
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:00071
GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0005634(nucleus)
GO:0004132(dCMP deaminase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006206(pyrimidine base metab
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004749(ribose phosph
GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0005515(protein bind
GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor ac

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0006631(fatty acid metabolic pr
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000470
GO:0003896(DNA primase activity)|GO:0006260(DNA replication)|GO:0006269(DNA replication, sy
GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytop
GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005044(scaver
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005042(netrin receptor activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016020(membrane)|GO:0
GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0005524(ATP binding)|GO
GO:0000023(maltose metabolic process)|GO:0002026(regulation of the force of heart contraction)
GO:0005622(intracellular)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007283(sperr

GO:0005515(protein binding)|GO:0005545(1-phosphatidylinositol binding)|GO:0005575(cellular_cr

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008967(phosphoglycolate phosph

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cy

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003682(c

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucle
GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO
GO:0005634(nucleus)

GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(ir
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001937(negative regulation of endothelial cell proliferation)|G
GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005737(
GO:0005515(protein binding)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(ir
GO:0004459(L-lactate dehydrogenase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytopla:

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000650:

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:(
GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0003810(protein-glutamine gamma-glutamyltransferase
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003831(beta-N-acetylglucosaminylglycopeptide beta-1,4-galac

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003725(double-stranded RNA binding) | GO:0004672(protein
GO:0005634(nucleus)

GO:0001666(response to hypoxia) | GO:0001932(regulation of protein phosphorylation) | GO:000223
GO:0005622(intracellular) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005815(microtubule organizing center) | G
GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mitoch
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0005634(nucleus) | GC

GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0009056(catabolic process) | GO:0016788(hydrolase activity, activ

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000228(nuclear chromosome) | GO:0000712(resolution of me

GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005829(cytosol) | GO:0008286(insulin r
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005
GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0007275(multicellular organismal develop

GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005768(endosome) | GO:0005794(Golgi appara

GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0005083(small GTPase regulator activity) | GO:0005109(frizzled l
GO:0005099(Ras GTPase activator activity) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005737(cytoplasm) | GC
GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cyto
GO:0005515(protein binding) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005789(endoplasmic retic

GO:0001640(adenylate cyclase inhibiting metabotropic glutamate receptor activity) | GO:0004872(re
GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulation of transcription, DNA-

GO:0005515(protein binding) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005788(endoplasmic retic
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0004749(ribose phosph

GO:0005576(extracellular region)

GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005635(nuclear envelope) | GO:0005783(
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:(
GO:0003674(molecular_function) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0007275(mu
GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005622(intracellu
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001568(blood vessel development) | GO:0001569(patterning
GO:0004872(receptor activity) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent o

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005765(lysosomal me

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003785(actin monome
GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(in
GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0000722(telomere m

GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004386(helicase activity)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA hel
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0002218(activation
GO:0001824(blastocyst development)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(c
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005575(cellular_c
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005313(L-glutamate transmembrane transporter activity)|G
GO:0005739(mitochondrion)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0035556(intracellular signal transduction)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0000242(pericentriola
GO:0000266(mitochondrial fission)|GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0004311(farne

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro
GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0000775(chromosome, centromeric regio

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous extracellular matrix)|GO:0007605(se

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008532(N-acetyllactosaminide l
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004715(non-membrane spanning protein tyrosine kinase act
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0001972(retinoic acid binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic ret

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000178(exosome (RNase complex)) | GO:0000398(nuclear mRNA processing) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005743(mitochondrial inner membrane)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0005488(binding)

GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton) | GO:0007283(spermatogenesis) | GO:0008544(eukaryotic cell cycle)

GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein coupled receptor activity) | GO:0004596(peptide alpha-N-acetyltransferase activity) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008080(N-acetyltransferase activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0002039(p53 binding) | GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0046872(metal ion binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0001558(regulation of cell growth) | GO:0005625(soluble fraction) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulation of gene expression)

GO:0005739(mitochondrion) | GO:0006783(heme biosynthetic process) | GO:0016020(membrane) | GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005625(soluble fraction) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0005515(protein binding)

GO:0003846(2-acylglycerol O-acyltransferase activity) | GO:0004144(diacylglycerol O-acyltransferase activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0002376(immune system process)

GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005829(cytosol) | GO:0006805(xenobiotic metabolic process) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005388(calcium-transporting ATPase activity) | GO:0005524(transport)

GO:0004620(phospholipase activity) | GO:0006629(lipid metabolic process) | GO:0009395(phospholipase activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001669(acrosomal vesicle) | GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle) | GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle) | GO:0000083(M phase of mitotic cell cycle)

GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:0005488(binding) | GO:0005829(cytosol) | GO:0005047(signal recognition particle binding) | GO:0005488(binding) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005634(nucleus)

GO:0003684(damaged DNA binding) | GO:0004519(endonuclease activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0003713(transcription)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005886(plasma membra
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006261(DNA-depend
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind

GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005768(endosome)|GO:0005783(endoplas
GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas

GO:0001768(establishment of T cell polarity)|GO:0001771(immunological synapse formation)|GO:(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003919(FMN adenylyltransfe

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:(

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cyt

GO:0000300(peripheral to membrane of membrane fraction)|GO:0001766(membrane raft polariza
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005516(calmodulin binding)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006071(glycerol metabolic process)|GO:0006629(lipid metabolic pro
GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatic

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007049(cell cycle)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:00082
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucle
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel acti
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|G
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0002495(antigen processing and presentation of pepti

GO:0001588(dopamine receptor activity, coupled via Gs)|GO:0001963(synaptic transmission, dopa

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005737(
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004911(interleukin-2 receptor activity)|GO:0005886(plasma m
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001707(mesoderm formation)|GO:0001932(regulation of pr

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cyto
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005085(guanyl-nucleotide
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GC

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006412(transla
GO:0005488(binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nu
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:000551
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000551

GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016874(ligase activity)|GO:0046872

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006955(immune response)|C
GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005625(soluble fraction)|G
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)
GO:0008152(metabolic process)|GO:0016787(hydrolase activity)
GO:0003923(GPI-anchor transamidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endopl

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA

GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cy

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00

GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0003677(DNA binding
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004849(uridine kinase activity)|GO:0005515(protein binding
GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005529(sugar b
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004519(enc

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0009791(post-e
GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho GTPase acti
GO:0004069(L-aspartate:2-oxoglutarate aminotransferase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|C
GO:0000492(box C/D snoRNP assembly)|GO:0005515(protein binding)|GO:0042254(ribosome biog
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004579(dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycotransferase activity)|GO:0005624(me
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|C

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005576(extracellular region)
GO:0005515(protein binding)
GO:0000014(single-stranded DNA specific endodeoxyribonuclease activity)|GO:0000019(regulation

GO:0004497(monooxygenase activity)|GO:0004499(flavin-containing monooxygenase activity)|GO

GO:0007275(multicellular organismal development)
GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(
GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0000122(negative regulation of transci

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000
GO:0001889(liver development)|GO:0001890(placenta development)|GO:0001948(glycoprotein bi
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0031225(anchored to membrane)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005626(insoluble fraction)|GO:0005634
GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0007049(cell cycle)|GO:000

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005515(p
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0006511(ubiquitin-depe

GO:0000922(spindle pole)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005819(spindl
GO:0001504(neurotransmitter uptake)|GO:0005283(sodium:amino acid symporter activity)|GO:00
GO:0003779(actin binding)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho GTPase activa
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:C
GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002062(chondrocyte differentiation)|GO:0005102(receptor bindin
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005524(ATP bi

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0005829

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003680(AT DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA bind
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0003827(alpha-1,3-mannosylglycoprotein 2-beta-N-acetylgluco:
GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001666(re

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002080(acrosomal membrane)|GO:0005529(sugar binding)|G

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005747(mitochon
GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0004181(metalloprotease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GC
GO:0005506(iron ion binding)|GO:0016702(oxidoreductase activity, acting on single donors with in

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0003975(UDP-N-acetylglucosamine-dolichyl-phosphate N-acetylglucosaminophosphotransferas

GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic
GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoske
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0
GO:0000050(urea cycle)|GO:0004042(acetyl-CoA:L-glutamate N-acetyltransferase activity)|GO:000

GO:0001816(cytokine production)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule ac
GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005829(cyto
GO:0004021(L-alanine:2-oxoglutarate aminotransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:
GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcript
GO:0005547(phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005

GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:001712
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005515(p
GO:0005488(binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0004035(alkaline phosphatase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0009986(cell surf
GO:0005634(nucleus)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0006412(translation)

GO:0005540(hyaluronic acid binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0009986(cell surface)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006351(transcrip
GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay)|GO:0000785

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0003924(GTPase activity)|GC
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(pr
GO:0004000(adenosine deaminase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006154(adenosine cataboli
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005634(nucleus)|GO:00
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006916(anti-apoptosis)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005634(nucleus)
GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|C

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc
GO:0001843(neural tube closure)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021
GO:0009058(biosynthetic process)|GO:0016757(transferase activity, transferring glycosyl groups)

GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005739(mitoch

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005031(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0005515(p
GO:0001825(blastocyst formation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00056

GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc

GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000186(activation of MAPKK

GO:0045095(keratin filament)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005794(Golgi ap

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003777(microtubule motor activ

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleu

GO:0000137(Golgi cis cisterna)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004767(sphingomyelin phosph

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000253(3-keto sterol reductase activity)|GO:0004090(carboi

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0003684(damaged I

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005777(pei

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016491(o)

GO:0004587(ornithine-oxo-acid transaminase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitoc

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati

GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005100(Rho G

GO:0005882(intermediate filament)

GO:0000123(histone acetyltransferase complex)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding trans

GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0004721(phosphoprotein phosphatase ac

GO:0005545(1-phosphatidylinositol binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GC

GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G

GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral i

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004518(nuclease activity)|GO:0006281(DNA repair)

GO:0003988(acetyl-CoA C-acyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001934(positive regulation of gene expression)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0045892(negative regulation of gene expression)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0004843(ubiquitin-specific protease activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006811(ion transport)|GO:0006865(amino acid transport)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nucleosome assembly)|GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to spliceosome assembly)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001843(ribosome biogenesis)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0050660(flavin adenine dinucleotide binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004351(glutamate decarboxylase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular protein binding)|GO:0004758(serine C-palmitoyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)

GO:0004351(glutamate decarboxylase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular protein binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)|GO:0002027(regulation of heart rate)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular protein binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0000375(RNA splicing, via transesterification reactions)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via transesterification reactions)

GO:0005488(binding)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006464(protein modification)|GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular protein binding)|GO:0006915(apoptosis)

GO:0042994(cytoplasmic sequestering of transcription factor)

GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005576(extracellular region)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007159(leukocyte cell-cell adhesior

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:000579:
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001570(v
GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from f
GO:0000127(transcription factor TFIIIC complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006355(regulation
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004090(carbonyl reductase (NADPH) activity)|GO:0005739(r

GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0005515(protein k
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004439(phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate 5-phosphatase activity)|GO:0004725(protein ty
GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomer:
GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0010859(calcium-
GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP bindir

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0055085(transmembrane transp
GO:0000015(phosphopyruvate hydratase complex)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004
GO:0000922(spindle pole)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytosk

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004747(ribokinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|G
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006952(defense response)|GO:0007259(JAK-STAT cascade)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005102(receptor binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein bindir

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003779(actin binding)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0030154(cell cycle)|GO:0001759(organ induction)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004459(L-lactate dehydrogenase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0001736(establishment of planar polarity)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0001944(vascular development)|GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005515(protein binding)

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003941(L-serine ammonia-lyase activity)|GO:0004794(L-threonine deaminase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005529(sugar binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004536(deoxyribonuclease activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005515(protein binding)|GO:0035556(intracellular signal transduction)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005543(phospholipid binding)|GO:0001889(liver development)|GO:0001942(hair follicle development)|GO:0002224(toll-like receptor activity)|GO:0004629(phospholipase C activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0016042(lipid catabolic process)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000072(M phase specific microtubule process)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001937(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001649(catalytic activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005581(positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0001656(metanephros development)|GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0001759(organ development)|GO:0004114(3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003841(1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0008152(metabolic process)|GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0003823(antigen binding)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005102(receptor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004003(ATP-dependent DNA helicase activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006629(lipid metabolism)|GO:0001750(photoreceptor outer segment)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016568(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0003714(transcription)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006810(transport)|GO:0006811(transport)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006744(ubiquinone biosynthetic process)|GO:0016709(oxidoreductase activity)|GO:0004114(3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity)|GO:0004115(3',5'-cyclic-AMP phosphodiesterase activity)

GO:0002026(regulation of the force of heart contraction)|GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005737(cytoplasm)

GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005887(integral to plasma membrane)

GO:0004185(serine-type carboxypeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005829(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005247(voltage-gated chloride channel activity)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000083(regulation of transcription involved in G1/S phase of mitotic cell cycle)|GO:0002064(enzyme activity)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006887(exocytosis)|GO:0007049(cell cycle checkpoint)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005782(peroxisomal matrix)|GO:0006091(generation of precursor tRNA)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)

GO:0001582(detection of chemical stimulus involved in sensory perception of sweet taste)|GO:000

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005829(cytosol)
GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007283(spermatogenesis)|GO:0009434(r
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:00
GO:0001736(establishment of planar polarity)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0001843(neural
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|G
GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor acti

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003682(c
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO
GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellula
GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005769(early endosome)|GO:00
GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma
GO:0005313(L-glutamate transmembrane transporter activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005509(
GO:0004611(phosphoenolpyruvate carboxykinase activity)|GO:0004613(phosphoenolpyruvate carb
GO:0001570(vasculogenesis)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|G

GO:0005768(endosome)

GO:0005576(extracellular region)

GO:0000149(SNARE binding)|GO:0004198(calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity
GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005622(intra

GO:0001503(ossification)|GO:0002250(adaptive immune response)|GO:0002548(monocyte chemo

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:001503:

GO:0005542(folic acid binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006766(vitamin metabolic p
GO:0000132(establishment of mitotic spindle orientation)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:00
GO:0001772(immunological synapse)|GO:0001935(endothelial cell proliferation)|GO:0004385(gua
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000212(n
GO:0005576(extracellular region)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:00086

GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008180(signalosome)
GO:0005544(calcium-dependent phospholipid binding) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0016020(membrane)
GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005622(intracellular)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004672(protein kinase activity) | GO:0004697(protein kinase activity)

GO:0005515(protein binding) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle) | GO:0000236(mitotic prometaphase) | GO:0000278(mitotic cell cycle)
GO:0003674(molecular_function) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005575(cellular_component)
GO:0000049(tRNA binding) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0003677(DNA binding)
GO:0003774(motor activity) | GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0004872(receptor activity)
GO:0004872(receptor activity) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005886(plasma membrane)
GO:0001650(fibrillar center) | GO:0003743(translation initiation factor activity) | GO:0005515(protein binding)
GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatory activity)
GO:0004872(receptor activity) | GO:0004888(transmembrane receptor activity) | GO:0004896(cytokinesis)

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity) | GO:0019901(protein kinase activity)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatory activity)
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity) | GO:0005201(extracellular matrix structure)
GO:0003713(transcription coactivator activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus)

GO:0005634(nucleus) | GO:0008284(positive regulation of cell proliferation) | GO:0016604(nuclear binding)

GO:0003674(molecular_function) | GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity) | GO:0008150(biological process)
GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005758(mitochondrion)
GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005622(intracellular)
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity) | GO:0004714(serine/threonine kinase activity)
GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0015629(actin cytoskeleton) | GO:0030054(ribosome)

GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0005794(Golgi apparatus) | GO:0015031(protein transport) | GO:0016020(membrane)
GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001937(negative regulation of endothelial cell proliferation) | GO:0005083(small GTPase regulation)

GO:0004307(ethanolaminephosphotransferase activity) | GO:0008654(phospholipid biosynthetic process)
GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005575(cellular component)
GO:0005044(scavenger receptor activity) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0016020(membrane)
GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0003713(transcription coactivator activity) | GO:0003723(RNA binding)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0003713(transcription factor activity)

GO:0001618(viral receptor activity)|GO:0005175(CD27 receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0004492(methylmalonyl-CoA decarboxylase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001047(cytosol)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021(membrane)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000387(small molecule binding)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003875(ADP-ribosylarginine hydrolase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005829(cytosol)

GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007517(muscle organ development)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006412(translation)|GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0003840(gamma-glutamyltransferase activity)

GO:0006749(glutathione metabolic process)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000239(pachytene)|GO:0000794(condensed nuclear chromatin)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0010038(response to stress)

GO:0004047(aminomethyltransferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0045454(cell redox homeostasis)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004879(ligand-dependent receptor activity)

GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm

GO:0001530(lipopolysaccharide binding)|GO:0001816(cytokine production)|GO:0004871(signal tra

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001934(positive
GO:0001844(protein insertion into mitochondrial membrane involved in induction of apoptosis)|GC
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0016787(hydrolase activity)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0006811(ion transp
GO:0005515(protein binding)|GO:0035556(intracellular signal transduction)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003840(gamma-glutamyltransferase activity)|GO:0006749(glutathione metabolic process)|GC

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intrac

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000072(M phase specific microtubule process)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:000193
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0005782(peroxisomal matrix)|GO:000
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006839(mitochondrial transport)|
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005515(protei
GO:0001539(ciliary or flagellar motility)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)

GO:0005886(plasma membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0004180(carboxypeptidase activity)|GO:0005575(cellular_co

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006261(DNA-depend
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0031225(anchored to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0006464(protein modification process)|GO:0015031(protein t

GO:0004872(receptor activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GC
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein bindir

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA bir
GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cyto

GO:0005080(protein kinase C binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005851
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008
GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:00055
GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005737(
GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0001890(placenta development)|GO:0004842(ubiquit

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005746(mitochondrial respiratory

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA
GO:0003954(NADH dehydrogenase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochond
GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mit
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0004221(ubiquitin thic
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005777(peroxisome)|GO:0006508(proteolys
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005739(mito
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000382
GO:0000045(autophagic vacuole assembly)|GO:0000407(pre-autophagosomal structure)|GO:0005!
GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006260(DNA replic
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003873(6-phosphofructo-2-ki
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(L
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transci

GO:0006810(transport)|GO:0022900(electron transport chain)
GO:0001750(photoreceptor outer segment)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma me
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005634(nucleus)|G
GO:0000785(chromatin)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleol

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006355(regulatio

GO:0003779(actin binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0007601(visual perception) | GO:0009653(
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005856(cytoskeleton) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0007160(
GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0005794(Golgi apparatus) | GO:0016020(membrane) | GO:00160

GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0007399(nervous system development)
GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005622(intracellu
GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0008134(

GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity) | GO:0005624(membrane fraction) | GO:0005768(
GO:0004872(receptor activity) | GO:0005031(tumor necrosis factor receptor activity) | GO:0005515(p
GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucle

GO:0005515(protein binding)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence
GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0005911(cell-cell junction) |

GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005622(intracellu

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0008168(meth
GO:0005576(extracellular region)

GO:0005215(transporter activity) | GO:0005272(sodium channel activity) | GO:0005351(sugar:hydrog
GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0006355(regulation of
GO:0008318(protein prenyltransferase activity) | GO:0016740(transferase activity) | GO:0018342(pro
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0009615(response to virus)
GO:0004872(receptor activity) | GO:0004905(type I interferon receptor activity) | GO:0005886(plasm

GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008270(zinc ion binding) | GO:0010609(posttra
GO:0003674(molecular_function) | GO:0005575(cellular_component) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0
GO:0001891(phagocytic cup) | GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation) | GO:000

GO:0003677(DNA binding) | GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0001975(response to a

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0004860(p
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0001501(skeletal system development) | GO:0001508(regulati

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)|GO:0015629(actin c
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007596(blood coagulation)|GO:0031225(anchored to memb

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006875(cellular
GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:000578
GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001889(liver development)|GO:0004155(6,7-dihydropteridir
GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0000122(negative regulation of transcription fi

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016874(ligase activity)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004658(propionyl-CoA carboxylase activity)|GO:0005524(ATP
GO:0006810(transport)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0008493(tetracycline transporter activity)|GO
GO:0006869(lipid transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:00
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi ap
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004143(diacylglycerol kinase activity)|GO:0005509(calcium i
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001822(kidney development)|GO:0001974(blood vessel re

GO:0000138(Golgi trans cisterna)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005794(Golgi apparatus)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(C
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007254

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0
GO:0003723(RNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0004577(N-acetylglucosaminyl diphosphodolichol N-acetylglucosaminyltransferase activity)|GO
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006508(prc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:000467:

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0016567(prot

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000244(assembly of spliceosomal tri-snRNP)|GO:0000375(RI GO:0000027(ribosomal large subunit assembly)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006892(post-Golgi \ GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552 GO:0004609(phosphatidylserine decarboxylase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008654

GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(n

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00

GO:0002526(acute inflammatory response)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005625(soluble GO:0008152(metabolic process)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0033883(pyridoxal phosphata

GO:0005313(L-glutamate transmembrane transporter activity)|GO:0005315(inorganic phosphate tr GO:0005576(extracellular region)

GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0004704(NF-kappaB-inducing kinase activ

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552

GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0000781(chromosom GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity GO:0004859(phospholipase inhibitor activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005634(nucle GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000785(chromatin)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:00 GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonser GO:0005515(protein binding)|GO:0005671(Ada2/Gcn5/Ada3 transcription activator complex)|GO:(GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner mem GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0000724(double-str. GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nu GO:0001525(angiogenesis)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0 GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0004653(polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase activity GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:000

GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000278(mitotic cell cycle

GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0005515(protein bind
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(bindin
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006351(transcription, DNA-dependent)|GO:00
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0051537(2 iron, 2 sulfur cluster b

GO:0002020(protease binding)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activ
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:000372
GO:0001707(mesoderm formation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006333(chromatin assembly or disassem
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003714(t

GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcriptic
GO:0002361(CD4-positive, CD25-positive, alpha-beta regulatory T cell differentiation)|GO:0002522

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0004672(protein kina
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recomb
GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0003677(DNA binding
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000563
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0005634(nucleus)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016607(nuclear
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005515(pr

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005622(intracellular)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005742(mitochondrial outer mem
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cyt

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005488(binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleo

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucl
GO:0001726(ruffle)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0008643(carbohydrate transport
GO:0006950(response to stress)|GO:0008285(negative regulation of cell proliferation)|GO:0016021

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0004715(non-m
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO
GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitot
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006952(defense response)
GO:0000059(protein import into nucleus, docking)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:00056

GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005576(extracellular region)|GO:000

GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-de
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005488(t

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005522(profilin binding)|GO:
GO:0015629(actin cytoskeleton)|GO:0030036(actin cytoskeleton organization)|GO:0051015(actin f

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005814(centriole)|GO:0005856(cytosk
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005783(endoplasmic reticul
GO:0000104(succinate dehydrogenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitoch
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0031424(keratinization)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0000042(protein targeting to Golgi)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005802(trans-Golgi net

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulati
GO:0005634(nucleus)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006457(protein folding)|GO:0006986(response t

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005488(binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005758(mitochondrial intermembrane space)

GO:0000413(protein peptidyl-prolyl isomerization)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(protein binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0001503(ossification)|GO:0001558(regulation of cell growth)|GO:0005520(insulin-like growth factor binding)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004427(inorganic diphosphatase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0004348(glucosylceramidase activity)|GO:0005790(smooth endoplasmic reticulum)|GO:0005791(smooth endoplasmic reticulum protein binding)|GO:0000028(ribosomal small subunit assembly)|GO:0000122(negative regulation of transcription factor activity)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005740(mitochondrial envelope)|GO:0006917(induction of apoptosis)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001539(ciliary or flagellar motility)|GO:0003777(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0043231(intracellular membrane-bounded organelle)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal lumen)

GO:0000447(endonucleolytic cleavage in ITS1 to separate SSU-rRNA from 5.8S rRNA and LSU-rRNA)|GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005856(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003934(GTP cyclohydrolase I activity)|GO:0005509(calcium ion binding)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)

GO:0007165(signal transduction)|GO:0016316(phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 4-phosphata:
GO:0001503(ossification)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:
GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005522(profilin binding)|GO:00057.

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004065(arylsulfatase activity)|GO:0005764(lysosome)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:00
GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0032580(Golgi cisterna membrane)
GO:0005634(nucleus)
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000421(autophagic vacuole)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007010(cy
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to memb
GO:0005737(cytoplasm)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coup

GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005641(nu
GO:0001725(stress fiber)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(c
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004896(cytokine receptor activity)|GO:0005515(protein bindir
GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cy
GO:0016757(transferase activity, transferring glycosyl groups)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase activity)
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000308(cytoplasmic cyclin-dependent prote

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005942(phosphatidylin

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000228(r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activ

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0004386(helicase activity) | GO:000

GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005829(cytosol) | GO:

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle) | GO:0000083(regulation of transcription involved
GO:0003674(molecular_function) | GO:0005575(cellular_component) | GO:0005769(early endosome

GO:0005488(binding) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005739(mit
GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0004522(pancreatic ribonuclease activity) | GO:0005576(extr
GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005813(centrosome)

GO:0005488(binding) | GO:0006886(intracellular protein transport) | GO:0010807(regulation of synap
GO:0004497(monooxygenase activity) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005789(endoplas
GO:0005507(copper ion binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008270(zinc
GO:0003723(RNA binding) | GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0005515(protein b
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0008460(dTDP-glucose 4,6-dehydratase activity) | GO:0009225

GO:0003674(molecular_function) | GO:0005886(plasma membrane) | GO:0008150(biological_proces
GO:0000305(response to oxygen radical) | GO:0004791(thioredoxin-disulfide reductase activity) | GO
GO:0002384(hepatic immune response) | GO:0002446(neutrophil mediated immunity) | GO:0002548
GO:0005737(cytoplasm) | GO:0012505(endomembrane system) | GO:0016020(membrane) | GO:0048

GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity) | GO:0005622(intracellular) | GO:0016757(transfe
GO:0004346(glucose-6-phosphatase activity) | GO:0005783(endoplasmic reticulum) | GO:0005789(er

GO:0005096(GTPase activator activity) | GO:0005829(cytosol) | GO:0007264(small GTPase mediated
GO:0016020(membrane) | GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005759(mitochondrial matrix) | GO:0006810(transport) | GO:0009

GO:0005739(mitochondrion)
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity) | GO:0005634(nucleus) | GC
GO:0000139(Golgi membrane) | GO:0003674(molecular_function) | GO:0005634(nucleus) | GO:00057
GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0006396(RNA processing) | GO:000

GO:0005086(ARF guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0005622(intracellular) | GO:00057

GO:0004569(glycoprotein endo-alpha-1,2-mannosidase activity)|GO:0004571(mannosyl-oligosacch
GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005575(cellular_component)|G
GO:0005112(Notch binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0

GO:0004470(malic enzyme activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:00

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|
GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0001077(RNA poly

GO:0001755(neural crest cell migration)|GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003700(

GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006508(proteolysis)|GO:
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005031(tumor necrosis factor receptor activity)|GO:0005515(p

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005829(cytosol)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0046872(r
GO:0000795(synaptonemal complex)|GO:0000800(lateral element)|GO:0003677(DNA binding)|GC
GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondi
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0007275(multicellul:
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005254(chloride channel activity)|GO:0005624(membrane t
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:(
GO:0005576(extracellular region)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002250(adaptive immune response)|GO:0002721(regulator
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apoptosis)|G
GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005105(type 1 fibroblast growth

GO:0001766(membrane raft polarization)|GO:0001768(establishment of T cell polarity)|GO:00017
GO:0008150(biological_process)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GC

GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005515(p

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0006355(regulation of transcripti

GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0004835(tubulin-tyrosine ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|G

GO:0000127(transcription factor TFIIC complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein k

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0000398(nuclear mRNA

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA
GO:0005515(protein binding)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006629(lipid metabolic process)|GO:0007275(multicellular c
GO:0004177(aminopeptidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006508
GO:0016740(transferase activity)|GO:0019799(tubulin N-acetyltransferase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0003857(3-hydroxyacyl-C
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005537(ma

GO:0004649(poly(ADP-ribose) glycohydrolase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleoli
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004465(lipoprotein lipase activity)|GO:0005576(extracellular re
GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0003677(DNA binding
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:00

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(pr

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0016491(oxidoreductase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:00058

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(r
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004004(ATP-dependent RNA heli
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0033004(negativ

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005509(ca

GO:0001671(ATPase activator activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006950(response to stress)|C
GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0005515(protein bind
GO:0001785(prostaglandin J receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872
GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007165(signal transduction

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:000
GO:0000062(fatty-acyl-CoA binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004091(carboxylesterase

GO:0007049(cell cycle)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016702(oxidoreductase activity,

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001502(cartilage

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005740(mitochondrial envelope)|

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004012(phospholipid-

GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0006865(amino acid transport)
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytop
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0005634(nucleus)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0
GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004594(pantothenate kinase activity)|GO:0005524(ATP bind
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0019843(rRNA binding)
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO
GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(S phase of mitotic cell cycle)|GO:00

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO

GO:0005576(extracellular region)|GO:0008083(growth factor activity)
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0001614(purinergic nucleotide receptor activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(t
GO:0002576(platelet degranulation)|GO:0003755(peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity)|GO:0

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000785(chromatin)|GO:0004842(ubiquitin-protein liga

GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:0005488(binding)

GO:0004108(citrate (Si)-synthase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondria)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007165(signal transduction)

GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002731(negative regulation of dendritic cell cytokine production)|GO:0000785(chromatin)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0000793(condensed chromosome)

GO:0004357(glutamate-cysteine ligase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006208(pyridoxal phosphate 5-phosphatase activity)|GO:0004439(phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate 5-phosphatase activity)|GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008150(biological_process)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(translation elongation factor activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008152(metabolic process)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(G2/M transition of mitotic cell cycle)

GO:0005215(transporter activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006810(transporter activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001077(Factor Xa activity)|GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma m

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005886(plasma membrane)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu

GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma me

GO:0001522(pseudouridine synthesis)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0009982(pseudouridine synt

GO:0001525(angiogenesis)|GO:0002062(chondrocyte differentiation)|GO:0005178(integrin binding

GO:0004114(3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:(

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004075(biotin carboxylase activity)|GO:0004658(propionyl-C

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006886(intracellular protein transport)|GO:0006887(exocytosis)|GO

GO:0005515(protein binding)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006412(translation)|GO:0008284(positive

GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000785(chromatin)|GO:0005515(protein binc

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)

GO:0000785(chromatin)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005634

GO:0003887(DNA-directed DNA polymerase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(in

GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001764(neuron migration)|GO:0001890(place

GO:0006811(ion transport)|GO:0006814(sodium ion transport)|GO:0008508(bile acid:sodium sym

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001655(u

GO:0003674(molecular_function)|GO:0008150(biological_process)|GO:0016020(membrane)|GO:0

GO:0001942(hair follicle development)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007165(signal transduction)|

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006208(pyrimidine base catabolic process)|GC

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000380(alternative nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|

GO:0000932(cytoplasmic mRNA processing body)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(pr

GO:0007155(cell adhesion)|GO:0008092(cytoskeletal protein binding)|GO:0016020(membrane)|G

GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer mem

GO:0005634(nucleus) | GO:0008033(tRNA processing) | GO:0008168(methyltransferase activity) | GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005654(nucleoplasm) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0006303(doub

GO:0003735(structural constituent of ribosome) | GO:0006412(translation) | GO:0015934(large ribosomal subunit) | GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)

GO:0004871(signal transducer activity) | GO:0004872(receptor activity) | GO:0004930(G-protein coupled receptor activity) | GO:0005096(GTPase activator activity) | GO:0005097(Rab GTPase activator activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0002639(positive regulation of immunoglobulin production) | GO:0002920(regulation of humoral immune response) | GO:0001523(retinoid metabolic process) | GO:0001701(in utero embryonic development) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0009055(electron carrier activity) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0008270(zinc ion binding)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle) | GO:0000236(mitotic prometaphase) | GO:0000278(mitotic metaphase) | GO:0003779(actin binding) | GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton) | GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005524(ATP binding) | GO:0005739(mitochondrion)

GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0004683(calmodulin-dependent protein kinase activity) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0003677(DNA binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0006915(apoptosis) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0006606(protein binding) | GO:0003674(molecular_function) | GO:0003676(nucleic acid binding) | GO:0005622(intracellular) | GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter) | GO:0001568(t

GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding) | GO:0003723(RNA binding) | GO:0005047(signal recognition particle binding) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0005737(cytoplasm) | GO:0005529(sugar binding) | GO:0005887(integral to plasma membrane) | GO:0007155(cell adhesion) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0003924(GTPase activity) | GO:0005525(GTP binding) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0005739(mitochondrion) | GO:0005777(peroxisome) | GO:0001604(G-protein coupled receptor activity) | GO:0005509(calcium ion binding) | GO:0005929(cilium) | GO:0005930(axoneme) | GO:0008022(protein transport) | GO:0001501(skeletal system development) | GO:0005215(transporter activity) | GO:0005515(protein binding) | GO:0000166(nucleotide binding) | GO:0000228(nuclear chromosome) | GO:0000287(magnesium ion binding) | GO:0004176(ATP-dependent peptidase activity) | GO:0005488(binding) | GO:0006508(proteolysis) | GO:0005576(extracellular region) | GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003677(DNA binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:0005694(chromosome) | GO:0005730(nucleolus) | GO:0001674(female germ cell nucleus) | GO:0005515(protein binding) | GO:0005634(nucleus) | GO:000

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0003724(RNA helicase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0009951(membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001658(branching involved in ureteric bud morphogenesis)|GO:0002053(positive regulation of cell cycle)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0016491(oxidoreductase activity)|GO:0016702(oxidoreductase activity, cytoplasmic)|GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0006836(neurotransmitter transport)|GO:0016020(membrane)

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005794(Golgi apparatus)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001508(regulation of cell cycle)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005929(cilium)|GO:0034464(BBSome)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005509(acrosomal vesicle)|GO:0000045(autophagic vacuole assembly)|GO:0000407(pre-autophagosomal structure)|GO:0005509(acrosomal vesicle)

GO:0008104(protein localization)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic metaphase)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005829(cytosol)|GO:0007268(synaptic transmission)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0001616(growth hormone secretagogue receptor activity)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apoptosis)

GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(regulation of transcription involved in cell cycle)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004335(galactokinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(purine nucleotide binding)|GO:0004075(biotin carboxylase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular matrix)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004478(methionine adenosyltransferase activity)|GO:0005509(acrosomal vesicle)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0006400(lysosomal lumen)

GO:0000087(M phase of mitotic cell cycle)|GO:0000236(mitotic prometaphase)|GO:0000278(mitotic
GO:0000416(positive regulation of histone H3-K36 methylation)|GO:0005515(protein binding)|GO:
GO:0000226(microtubule cytoskeleton organization)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoske
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008643(carbohydrate transport)|G

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006508(proteolysis)|GO:
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:003
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0004672(protein kinase acti
GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005245(voltage-gated calcium channel activit
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001948(glycoprotein binding
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activ

GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000487
GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006397(mRNA pro

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000626
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006260(DNA

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001568(k
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005515(protein bind
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0005096(GTPase
GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0004553(hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds)|GO:0004557(alpha-galactosida
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(riboso

GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005626(insoluble fraction)|GO:000!

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000!
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0006457(protein folding)|GO:003:
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005741(mitochondrial outer membrane)|GO:0005743(mitochor
GO:0000127(transcription factor TFIIIC complex)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0004402(histone a
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001726(ruffle)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(G
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005515(protei
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005057(receptor signaling protein activity)|GO:0005886(plasm
GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005747(mitochon

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0008137(NADH dehydrogenase (ubiquinone) activity)|GO:000905

GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0004842(ubiquitin-protein

GO:0001948(glycoprotein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006457(protein folding)|
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006508(proteolysis)|
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(centrosome)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(nucleus)
GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)

GO:0005070(SH3/SH2 adaptor activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007265(Ras protein signal transduction)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004679(AMP-activated protein kinase activity)
GO:0001657(ureteric bud development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005739(mitochondrion)
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0004672(protein kinase activity)

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)
GO:0005739(mitochondrion)
GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0005515(protein binding)

GO:0001965(G-protein alpha-subunit binding)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000723(telomere maintenance)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)
GO:0005230(extracellular ligand-gated ion channel activity)|GO:0005234(extracellular-glutamate-gated ion channel activity)

GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000083(regulation of transcription involved
GO:0008195(phosphatidate phosphatase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral t
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008643(carbohydrate transport)|GO:0016020(membrane)|C

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005515(pro

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:00064
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004697(protein kinase C activity)|GO:0005524(ATP binding)
GO:0007154(cell communication)|GO:0008289(lipid binding)|GO:0015031(protein transport)|GO:C
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0007212(dopami
GO:0003677(DNA binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)
GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(:

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0001537(N-acetylgalactosamine 4-O-sulfotransferase activity)|C
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_proce

GO:0001707(mesoderm formation)|GO:0001953(negative regulation of cell-matrix adhesion)|GO:C
GO:0000786(nucleosome)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromo:
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0006810(transport

GO:0001666(response to hypoxia)|GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0003677(DN
GO:0001501(skeletal system development)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005201(extrace
GO:0004601(peroxidase activity)|GO:0005344(oxygen transporter activity)|GO:0005737(cytoplasm
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GC
GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005543(phospholipid binding

GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0002020(protease binding)|GO:000

GO:0004164(diphthine synthase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008152(metaboli

GO:0005515(protein binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:000573
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005739(mitochon
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004423(iduronate-2-sulfatase activity)|GO:0005764(lysosome)
GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0006605(protein targeting)|GO:0016020(membrar

GO:0004190(aspartic-type endopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(end

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005768(endosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0007586(digestion)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005854(nascent polypeptide chain biosynthesis)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006284(base-excision repair)|GO:0008166(negative regulation of transcription)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004450(isocitrate dehydrogenase (NADP+) activity)|GO:0005622(intracellular|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)|GO:0004032(alcohol:NADP+ oxidoreductase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006006(glucose transport)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002731(negative regulation of dendritic cell cytokine production)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0000395(nuclear mRNA 5'-splice site recognition)|GO:0001105(RNA polymerase II transcription)

GO:0001822(kidney development)|GO:0001889(liver development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)|GO:0008643(carbohydrate transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription)

GO:0002088(lens development in camera-type eye)|GO:0002525(acute inflammatory response to injury)

GO:0001915(negative regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0001960(negative regulation of cell growth)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001932(regulation of protein phosphorylation)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0008150(biological_process)|GO:0000175(3'-5'-exoribonuclease activity)|GO:0000177(cytoplasmic exosome (RNase complex))|GO:0001736(establishment of planar polarity)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0001942(hair cell development)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005795(Golgi apparatus)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005829(cytosol)|GO:0000077(DNA damage checkpoint)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006887(exocytosis)|GO:0006892(post-Golgi vesicle transport)

GO:0000228(nuclear chromosome)|GO:0001741(XY body)|GO:0001835(blastocyst hatching)|GO:0

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003899(DNA-directed RNA polymerase activity)|GO:0005634(nucl
GO:0005575(cellular_component)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008150(biological_process)|GO:000
GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007339(binding of sperm to zona pellucida)|GO:0016021(int

GO:0001502(cartilage condensation)|GO:0001568(blood vessel development)|GO:0001701(in uter

GO:0001501(skeletal system development)|GO:0001784(phosphotyrosine binding)|GO:0003993(ar
GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucle
GO:0045095(keratin filament)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004090(carbonyl reductase (NADPH) activity)|GO:0005739(r
GO:0001702(gastrulation with mouth forming second)|GO:0001843(neural tube closure)|GO:0001!

GO:0000239(pachytene)|GO:0000289(nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening)|GO:0000:

GO:0004366(glycerol-3-phosphate O-acyltransferase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:000

GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0004667(prostaglandin-D synthase activity)|G

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552
GO:0004065(arylsulfatase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase activi

GO:0006812(cation transport)|GO:0015299(solute:hydrogen antiporter activity)|GO:0016020(mem
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein cou
GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0005634(nucl
GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|
GO:0005515(protein binding)|GO:0005516(calmodulin binding)|GO:0005545(1-phosphatidylinosit
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005515(protein bindin
GO:0005576(extracellular region)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mit
GO:0001974(blood vessel remodeling)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005125(cytokine activit
GO:0000035(acyl binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001580(detection of chemical stir
GO:0007165(signal transduction)

GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0004818(glutamate-tRNA ligase ac
GO:0000060(protein import into nucleus, translocation)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000487

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005975(carbohydrate metabolism)

GO:0004659(prenyltransferase activity)|GO:0004663(Rab geranylgeranyltransferase activity)|GO:0004664(Rab geranyltransferase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein binding)

GO:0000785(chromatin)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0006275(regulation of transcription)|GO:0000125(PCAF complex)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002039(p53 binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)

GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0009968(negative regulation of transcription)

GO:0000785(chromatin)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006333(chromatin assembly or disassembly)|GO:0000299(integral to membrane of membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000000(integral to membrane)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)|GO:0004608(phosphatidylethanolamine N-methyltransferase activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0003726(double-stranded RNA binding)|GO:0000724(double-strand break repair via homologous recombination)|GO:0000730(DNA recombination)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0007165(signal transduction)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0004864(protein phosphatase inhibitor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005830(cytoplasmic region)

GO:0000300(peripheral to membrane of membrane fraction)|GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008150(biological process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001042(RNA polymerase I core binding)|GO:0001889(liver development)|GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0003779(actin binding)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0048306(calcium-dependent protein binding)

GO:0000785(chromatin)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|GO:0006275(regulation of transcription)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0003007(heart morphogenesis)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003697(single-stranded DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006334(nucleosome assembly)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003873(6-phosphofructo-2-kinase activity)|GO:0004331(fructose 6-phosphate 2-kinase activity)

GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0001501(silencing of transcription factor activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0000793(con

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005385(zinc ion transmembrane transporter activity)|GO:0005
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006397(m
GO:0004091(carboxylesterase activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005788(endopla

GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane

GO:0003824(catalytic activity)|GO:0016853(isomerase activity)

GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from P
GO:0005634(nucleus)|GO:0005829(cytosol)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006950(respon

GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000082(G1/S transition of
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0016021(integral to membran
GO:0004725(protein tyrosine phosphatase activity)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005886

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008536(Ran GT
GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004527(exonuclease activity)|GO:0005622(intracellular)|G

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0016

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0003978(UDP-glucose 4-epime

GO:0000146(microfilament motor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0001726(ruffle)|C

GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0008270(zinc ion binding)|
GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(e
GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005743(mitochondrial inner membrane)|GO:0005747(mitochon

GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(m
GO:0005488(binding)

GO:0007420(brain development)|GO:0008021(synaptic vesicle)|GO:0017124(SH3 domain binding)

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0002684(positive regulation of immune system process)|GO:0005215(transporter activity)|GO:
GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0007283(spermatogenesi
GO:0001739(sex chromatin)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:00
GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000785(chromatin)|GO:0004842(ubiquitin-protein liga
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apoptosis)|GO:0009887(organ morphogenesis)|GO:0016020
GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:00
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO
GO:0007155(cell adhesion)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regul
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005856(cytoskeleton)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016491(ox
GO:0005488(binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006897(e
GO:0005216(ion channel activity)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic
GO:0005622(intracellular)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0008233(peptidase activ
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:00160
GO:0004866(endopeptidase inhibitor activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor ac
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:000
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:000552

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activ
GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0004519(endonuclease activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0
GO:0003725(double-stranded RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellula
GO:0002432(granuloma formation)|GO:0002467(germinal center formation)|GO:0005515(protein
GO:0000080(G1 phase of mitotic cell cycle)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007605(sensory perceptio

GO:0001944(vasculature development)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(recep
GO:0001656(metanephros development)|GO:0004175(endopeptidase activity)|GO:0004190(asper

GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005829(cytosol)|GO:0008021(mitochondrion)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007224(smoothed muscle cell)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0016020(membrane)|GO:0032580(Golgi cisterna membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005575(cellular_component)

GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0006811(ion transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0001540(beta-amyloid binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0001525(angiogenesis)|GO:0005161(platelet-derived growth factor receptor binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0000411(translation)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antigen)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005758(mitochondrial intermembrane space)|GO:0006694(steroid hormone)|GO:0003779(actin binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000242(pericentriolar material)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004721(phosphoprotein phosphatase activity)|GO:0016787(hydrolase activity)

GO:0003993(acid phosphatase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0016787(hydrolase activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0004795(threonine synthase activity)|GO:0005125(cytokinesis)

GO:0005529(sugar binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0007155(cell adhesion)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0015031(protein transport)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0043066(negative regulation of apoptosis)|GO:0043488(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006357(regulation of transcription from RN
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005925(focal adhesion)
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0001542(ovulation from ovarian follicle)|GO:0001822(kidney development)|GO:0004222(meta
GO:0005515(protein binding)|GO:0008033(tRNA processing)|GO:0008168(methyltransferase activi
GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0000977(RNA polymerase II regulatory region sequence-speci

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005768(endosome)|GO:0005794(Golgi

GO:0005515(protein binding)|GO:0035556(intracellular signal transduction)
GO:0000165(MAPKKK cascade)|GO:0004722(protein serine/threonine phosphatase activity)|GO:00

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0016567(protein ubiquitination)|GO:0080008(CUL4 RING ubiquitin
GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membr
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum membrane)|GO:0016021

GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005840(ribosome)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0004674(protein serine/

GO:0005634(nucleus)
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003730(mRNA 3'-UTR binding)|G
GO:0006659(phosphatidylserine biosynthetic process)|GO:0008654(phospholipid biosynthetic proc

GO:0005515(protein binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:00
GO:0005515(protein binding)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0008150(biological_process)|
GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:
GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005581(collagen)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0008
GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0002474(antigen processing and presentation of peptide antige
GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005759(mitochondr
GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0055085(transmembrane transp
GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)
GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0040008(regu
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus
GO:0005044(scavenger receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinac

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity

GO:0000793(condensed chromosome)|GO:0001938(positive regulation of endothelial cell proliferation)|GO:0002020(protease binding)|GO:0002448(mast cell mediated immunity)|GO:0004867(serine-type protease inhibitor activity)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0004857(enzyme inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0001554(luteolysis)|GO:0003407(neural retina development)|GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002098(tRNA wobble uridine modification)|GO:0004792(thiolase activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003671(serine-type endopeptidase activity)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)|GO:0000287(magnesium ion binding)

GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0007596(blood coagulation)|GO:0016020(multicellular organismal development)

GO:0002011(morphogenesis of an epithelial sheet)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005085(guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005089(Rho guanyl-nucleotide exchange factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)|GO:0005507(copper ion binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004674(protein serine/threonine kinase activity)|GO:0004867(serine-type protease inhibitor activity)|GO:0000118(histone deacetylase complex)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0007126(meiosis)|GO:0008233(phenolase activity)

GO:0000159(protein phosphatase type 2A complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0005764(lysosome)|GO:0005765(lysosomal membrane)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005761(mitochondrion)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0006915(apoptosis, intrinsic)

GO:0006810(transport)|GO:0006869(lipid transport)|GO:0008289(lipid binding)

GO:0002020(protease binding)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)

GO:0007276(gamete generation)

GO:0002378(immunoglobulin biosynthetic process)|GO:0004653(polypeptide N-acetylgalactosamin

GO:0003779(actin binding)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cyt

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007155(cell adhesion)|GO:0017124(SH3 domain binding)|GO:001991

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005622(intracellu
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000184(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonser
GO:0001881(receptor recycling)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005769(early endosome)|GO:(
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0043234(protein complex)
GO:0001843(neural tube closure)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003690(double-stranded DNA b

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000832(inositol hexakisphosphate 5-kinase activity)|GO:000
GO:0000239(pachytene)|GO:0000289(nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening)|GO:0000:
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004823(leucine-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP bindin
GO:0000976(transcription regulatory region sequence-specific DNA binding)|GO:0001947(heart loc
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004385(guanylate kinase activity)|GO:0004674(protein serin
GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005801(cis-Golgi network)|GO:0005829(cytosol)|GO:00
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006629(lipid metabolic proce

GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0006260(DNA replic
GO:0003723(RNA binding)|GO:0004812(aminoacyl-tRNA ligase activity)|GO:0005524(ATP binding)|

GO:0004865(protein serine/threonine phosphatase inhibitor activity)|GO:0005515(protein binding)
GO:0000062(fatty-acyl-CoA binding)|GO:0005488(binding)
GO:0004197(cysteine-type endopeptidase activity)|GO:0004221(ubiquitin thiolesterase activity)|G
GO:0005488(binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)
GO:0006886(intracellular protein transport)|GO:0012505(endomembrane system)|GO:0016020(m
GO:0001707(mesoderm formation)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|
GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005515(protein bir
GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-spec

GO:0004252(serine-type endopeptidase activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(e

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)
GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005887(integral to plasm
GO:0005215(transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:00056
GO:0000381(regulation of alternative nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0001701(in uter

GO:0003420(regulation of growth plate cartilage chondrocyte proliferation)|GO:0003958(NADPH-h

GO:0000070(mitotic sister chromatid segregation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000724(c
GO:0045095(keratin filament)
GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005773(vacuol

GO:0004129(cytochrome-c oxidase activity)

GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007051(spindle organ
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005654(nucleoplasm)|GO:0006366(trans
GO:0004663(Rab geranylgeranyltransferase activity)|GO:0006464(protein modification process)|G
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005793(ER-Golgi intermediate co

GO:0004833(tryptophan 2,3-dioxygenase activity)|GO:0005829(cytosol)|GO:0006569(tryptophan c

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:000563
GO:0001701(in utero embryonic development)|GO:0001726(ruffle)|GO:0005085(guanyl-nucleotide

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000910(cytokinesis)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0004674
GO:0001541(ovarian follicle development)|GO:0001669(acrosomal vesicle)|GO:0005198(structural
GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupl
GO:0007155(cell adhesion)|GO:0009986(cell surface)|GO:0016020(membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein b
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005515(protein binding)|G
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity
GO:0000775(chromosome, centromeric region)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas
GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005737(cytoplas

GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0000983(RNA polymerase II core promoter sequence-specific)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription factor activity)

GO:0005520(insulin-like growth factor binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular matrix)

GO:0000038(very long-chain fatty acid metabolic process)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000166(nucleotide binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0001104(RNA polymerase II transcription cofactor activity)|GO:0003712(transcription cofactor activity)

GO:0006915(apoptosis)

GO:0004800(thyroxine 5'-deiodinase activity)|GO:0005768(endosome)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0000104(succinate dehydrogenase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005102(receptor binding)|GO:0005179(hormone activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0003860(3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005755(oxidation-reduction)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)

GO:0030030(cell projection organization)|GO:0035721(intraflagellar retrograde transport)|GO:0060000(translation)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003824(catalytic activity)|GO:0004329(formate-tetrahydrofolate ligase activity)|GO:0005249(voltage-gated potassium channel activity)|GO:0006813(potassium ion transport)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0003714(transcription corepressor activity)

GO:0000125(PCAF complex)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002039(p53 binding)|GO:0003122(cholesterol homeostasis)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000922(spindle pole)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005813(plasma membrane)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0006355(regulation of transcription factor activity)

GO:0006457(protein folding)|GO:0016272(prefoldin complex)|GO:0044267(cellular protein metabolic process)|GO:0005634(nucleus)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004370(glycerol kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0000123(histone acetyltransferase complex)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005176(ErbB-2 class receptor binding)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)

GO:0000086(G2/M transition of mitotic cell cycle)|GO:0000278(mitotic cell cycle)|GO:0005634(nucleus)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0005125(cytokine activity)|GO:0005576(extracellular matrix structural constituent)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0005768(endosome)|GO:0015031(protein transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0031902(lactate dehydrogenase activity)|GO:0002446(neutrophil mediated immunity)|GO:0003713(transcription coactivator activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0046872(metal ion binding)|GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005200(structural constituent of cytoskeleton)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0005488(binding)|GO:0005576(extracellular matrix structural constituent)

GO:0004128(cytochrome-b5 reductase activity)|GO:0016491(oxidoreductase activity)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005509(calmodulin-dependent protein kinase activity)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)

GO:0003950(NAD+ ADP-ribosyltransferase activity)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005099(Ras GTPase activator activity)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0004871(signal transducer activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004930(G-protein coupled receptor activity)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000082(G1/S transition of mitotic cell cycle)|GO:0000084(serine/threonine kinase activity)|GO:0004579(dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycotransferase activity)|GO:0008250(oligonucleotide binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription, DNA-dependent)|GO:0005506(iron ion binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0007399(nervous system development)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003714(transcription corepressor activity)|GO:0004672(protocadherin activity)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005822(serine/threonine kinase activity)|GO:0005488(binding)

GO:0005096(GTPase activator activity)|GO:0005097(Rab GTPase activator activity)|GO:0005509(calmodulin-dependent protein kinase activity)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0004749(ribose phosphate binding)

GO:0008270(zinc ion binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000151(ubiquitin ligase complex)|GO:0000185(activation of MAPKKK activity)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0003032(detection of oxygen)|GO:0004128(cytochrome-b5 reductase activity)|GO:0005783(enzyme activity)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)

GO:0002020(protease binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005529(sugar binding)|GO:0005530(activation of MAPK activity)|GO:0002218(activation of innate immune response)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)

GO:0003723(RNA binding)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferase activity)

GO:0045095(keratin filament)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0005887(plasma membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0006810(transport)|GO:0012505(endomembrane system)|GO:0012506(endomembrane system)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004713(protein tyrosine kinase activity)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005615(extracellular space)|GO:0007189(activation of adhesion)

GO:0005886(plasma membrane)|GO:0007166(cell surface receptor linked signaling pathway)|GO:0007167(cell surface receptor linked signaling pathway)|GO:0004860(protein kinase inhibitor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005738(cytoplasm)

GO:0003779(actin binding)|GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nucleus)|GO:0000075(cell cycle checkpoint)|GO:0000079(regulation of cyclin-dependent protein kinase activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005575(cellular_component)|GO:0005730(nucleolus)|GO:0005731(nucleolus)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005249(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubule organizing center)|GO:0005819(spindle)|GO:0005820(spindle)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0003729(mRNA binding)|GO:0003735(small molecule binding)

GO:0005328(neurotransmitter:sodium symporter activity)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005625(membrane fraction)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0005041(low-density lipoprotein receptor activity)|GO:0005044(low-density lipoprotein receptor activity)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005623(intracellular)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of gene expression)|GO:0006508(proteolysis)|GO:0016805(dipeptidase activity)

GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic reticulum)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003677(DNA binding)

GO:0000287(magnesium ion binding)|GO:0001516(prostaglandin biosynthetic process)|GO:0004366(ion channel activity)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:0030426(growth cone)|GO:0031175(neuron projection development)

GO:0000910(cytokinesis)|GO:0004842(ubiquitin-protein ligase activity)|GO:0007049(cell cycle)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0017111

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005

GO:0005176(ErbB-2 class receptor binding)|GO:0005201(extracellular matrix structural constituent)|GO:0004114(3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase activity)|GO:0004115(3',5'-cyclic-AMP phosphodiesterase activity)

GO:0003743(translation initiation factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006446(regulation of transcription factor activity)|GO:0003674(molecular_function)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0007275(multicellular organismal development)|GO:0004872(receptor activity)|GO:0004888(transmembrane receptor activity)|GO:0005488(binding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0002456(T cell mediated immunity)|GO:0005198(structural constituent of ribosome)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0000166(nucleotide binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003774(motor activity)|GO:0003779(actin binding)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0003924(GTPase activity)|GO:0005525(GTP binding)|GO:0005488(binding)

GO:0005488(binding)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0000122(negative regulation of transcription from RNA polymerase II promoter)|GO:0005488(binding)|GO:0006810(transport)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005244(voltage-gated ion channel activity)|GO:0005245(voltage-gated calcium channel activity)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0006950(response to stress)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003723(RNA binding)

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003779(actin binding)|GO:0004672(protein kinase activity)|GO:0002020(protease binding)|GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0042645(mitochondrial nucleoid)

GO:0003674(molecular_function)|GO:0005634(nucleus)|GO:0008150(biological_process)|GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005338(nucleotide-sugar transmembrane transporter activity)|GO:0004742(dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0004364(glutathione transferase activity)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005789(endoplasmic reticulum)|GO:0001915(negative regulation of T cell mediated cytotoxicity)|GO:0001960(negative regulation of transcription factor activity)|GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003951(NAD+ kinase activity)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulation of transcription factor activity)

GO:0000318(protein-methionine-R-oxide reductase activity)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0005887(integral to plasma membrane)|GO:0016020(membrane)

GO:0005509(calcium ion binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005578(proteinaceous ex

GO:0005198(structural molecule activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0000421(autophagic vacuole membrane)|GO:0005737(cytoplas

GO:0005515(protein binding)|GO:0005576(extracellular region)|GO:0005886(plasma membrane)|

GO:0005768(endosome)|GO:0005794(Golgi apparatus)|GO:0010008(endosome membrane)|GO:0

GO:0005515(protein binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005215(transporter activity)|GO:0005634(nucleus)|GO:00057

GO:0003690(double-stranded DNA binding)|GO:0003705(sequence-specific enhancer binding RNA

GO:0000790(nuclear chromatin)|GO:0000979(RNA polymerase II core promoter sequence-specific

GO:0006457(protein folding)|GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)|GO:00

GO:0000139(Golgi membrane)|GO:0005624(membrane fraction)|GO:0005634(nucleus)|GO:00057

GO:0001782(B cell homeostasis)|GO:0001934(positive regulation of protein phosphorylation)|GO:(

GO:0004362(glutathione-disulfide reductase activity)|GO:0005625(soluble fraction)|GO:0005737(c

GO:0004656(procollagen-proline 4-dioxygenase activity)|GO:0005488(binding)|GO:0005506(iron ic

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(c

GO:0007010(cytoskeleton organization)|GO:0008093(cytoskeletal adaptor activity)|GO:0014704(in

GO:0003674(molecular_function)|GO:0003677(DNA binding)|GO:0003700(sequence-specific DNA

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0004140(dephospho-CoA kinase activity)|GO:0005524(ATP bi

GO:0003676(nucleic acid binding)|GO:0008168(methyltransferase activity)|GO:0016740(transferas

GO:0000187(activation of MAPK activity)|GO:0000902(cell morphogenesis)|GO:0001837(epithelial

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005730(nucleolu

GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)

GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005815(microtubule organizing center)|GO:0005856(cytoskeleton)|

GO:0000398(nuclear mRNA splicing, via spliceosome)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0005515(prot

GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0003746(translation elongation factor activity)|GO:0003924(c

GO:0000209(protein polyubiquitination)|GO:0002474(antigen processing and presentation of pepti

GO:0000245(spliceosome assembly)|GO:0000387(spliceosomal snRNP assembly)|GO:0000398(nuc

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0005515(protein binding)|GO:0005783(endoplasmic reticulum)|GO:0005789(endoplasmic retic

GO:0004222(metalloendopeptidase activity)|GO:0004867(serine-type endopeptidase inhibitor activ
GO:0005634(nucleus)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0008083(growth factor activity)|GO:0008283(c

GO:0003700(sequence-specific DNA binding transcription factor activity)|GO:0005634(nucleus)|GC
GO:0003677(DNA binding)|GO:0003682(chromatin binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(ch

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0016020(membrane)|GO:0016021(integral to membrane)

GO:0003677(DNA binding)|GO:0005622(intracellular)|GO:0005634(nucleus)|GO:0006355(regulatio
GO:0000288(nuclear-transcribed mRNA catabolic process, deadenylation-dependent decay)|GO:00
GO:0000166(nucleotide binding)|GO:0005524(ATP binding)|GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(
GO:0005737(cytoplasm)|GO:0005739(mitochondrion)|GO:0005886(plasma membrane)|GO:00072

GO:0003735(structural constituent of ribosome)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005622(intrac
GO:0005634(nucleus)|GO:0005635(nuclear envelope)|GO:0005643(nuclear pore)|GO:0005730(nu
GO:0000179(rRNA (adenine-N6,N6-)-dimethyltransferase activity)|GO:0003723(RNA binding)|GO:0
GO:0004872(receptor activity)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005886(plasma membrane)|GO

Description

homeobox A6 [Source:HGNC Symbol;Acc:5107] [ENST00000222728]
Homo sapiens homeobox A5 (HOXA5), mRNA [NM_019102]
Homo sapiens hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1 (HSD11B1), transcript variant 2, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens cytochrome P450, family 27, subfamily A, polypeptide 1 (CYP27A1), nuclear gene encoding cytochrome P450
Homo sapiens matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kDa gelatinase, 92kDa type IV collagenase) (MMP9), mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens homeobox A7 (HOXA7), mRNA [NM_006896]
Homo sapiens acid phosphatase 5, tartrate resistant (ACP5), transcript variant 4, mRNA [NM_001611111]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 13 (CCL13), mRNA [NM_005408]
Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein (PDE4DIP), transcript variant 3, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens phospholipase A2, group VII (platelet-activating factor acetylhydrolase, plasma) (PLA2G7), mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens homeobox A6 (HOXA6), mRNA [NM_024014]
Homo sapiens complement component 1, q subcomponent, B chain (C1QB), mRNA [NM_000491]
Homo sapiens homeobox A3 (HOXA3), transcript variant 2, mRNA [NM_153631]
Homo sapiens collagen, type V, alpha 1 (COL5A1), mRNA [NM_000093]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100652984 (LOC100652984), mRNA [XM_003401111]
Homo sapiens uncharacterized LOC404266 (LOC404266), non-coding RNA [NR_033205]
Homo sapiens zinc finger protein 503 (ZNF503), mRNA [NM_032772]
Homo sapiens early growth response 2 (EGR2), transcript variant 1, mRNA [NM_000399]
Homo sapiens matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase) (MMP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens inhibin, beta A (INHBA), mRNA [NM_002192]
Homo sapiens glycoprotein (transmembrane) nmb (GPNMB), transcript variant 1, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens natriuretic peptide receptor C/guanylate cyclase C (atrionatriuretic peptide receptor C) (NPR3), mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens homeobox A9 (HOXA9), mRNA [NM_152739]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 22 (ARHGAP22), mRNA [NM_021226]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1 (ALDH1A1), mRNA [NM_000689]
Homo sapiens cancer/testis antigen family 45, member A1 (CT45A1), mRNA [NM_001017417]
Homo sapiens ZNF503 antisense RNA 2 (non-protein coding) (ZNF503-AS2), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_033205]
Homo sapiens ribosomal RNA processing 7 homolog A (*S. cerevisiae*) (RRP7A), mRNA [NM_015703]
Homo sapiens 5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 1F (HTR1F), mRNA [NM_000866]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1 (ALDH1A1), mRNA [NM_000689]
Homo sapiens SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 1 (SRGAP1), mRNA [NM_020762]
Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
immunoglobulin heavy constant mu [Source:HGNC Symbol;Acc:5541] [ENST00000390559]
ic26c05.y3 HR85 islet Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [BI439073]
Homo sapiens FRAS1 related extracellular matrix 1 (FREM1), transcript variant 1, mRNA [NM_144961]
Homo sapiens uncharacterized LOC284551 (LOC284551), non-coding RNA [NR_027085]
Homo sapiens ST6 (alpha-N-acetyl-neuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1,3)-N-acetylgalactosaminide alpha-L-fucosyltransferase 6 (ST6GALNAC1), mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens sal-like 4 (*Drosophila*) (SALL4), mRNA [NM_020436]
Homo sapiens homeobox C4 (HOXC4), transcript variant 1, mRNA [NM_014620]
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein) (BCL11A), transcript variant 1, mRNA [NM_001080252]

KCNQ5 intronic transcript 1 (non-protein coding) [Source:HGNC Symbol;Acc:41354] [ENST00000445
Homo sapiens nuclear pore complex interacting protein (NPIP), mRNA [NM_006985]
Homo sapiens corticotropin releasing hormone binding protein (CRHBP), mRNA [NM_001882]
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens calcium and integrin binding family member 2 (CIB2), mRNA [NM_006383]
Homo sapiens vasohibin 2 (VASH2), transcript variant 1, mRNA [NM_024749]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 6 (CCDC6), mRNA [NM_005436]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001954), lincRNA [TCONS_I2_00004170]
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens sarcosine dehydrogenase (SARDH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, tra
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 7 (MCM7), transcript variant 1, r
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens integrin, alpha 8 (ITGA8), mRNA [NM_003638]
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens RAB40B, member RAS oncogene family (RAB40B), mRNA [NM_006822]
Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 1 (ANAPC1), mRNA [NM_022662]
Homo sapiens carboxypeptidase X (M14 family), member 1 (CPXM1), transcript variant 1, mRNA [NI
Homo sapiens nuclear pore complex interacting protein (NPIP), mRNA [NM_006985]
Homo sapiens mex-3 homolog A (C. elegans) (MEX3A), mRNA [NM_001093725]
Homo sapiens cholesterol 25-hydroxylase (CH25H), mRNA [NM_003956]
Homo sapiens StAR-related lipid transfer (START) domain containing 9 (STARD9), mRNA [NM_02075
Homo sapiens solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, GABA), member 13 (SLC6A13),
Homo sapiens brain and acute leukemia, cytoplasmic (BAALC), transcript variant 1, mRNA [NM_024
Homo sapiens homeobox C6 (HOXC6), transcript variant 2, mRNA [NM_153693]
Homo sapiens arylformamidase (AFMID), transcript variant 2, mRNA [NM_001010982]
Homo sapiens cingulin-like 1 (CGNL1), transcript variant 2, mRNA [NM_032866]
Homo sapiens schwannomin interacting protein 1 (SCHIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_01457
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Q67VC5_ORYSA (Q67VC5) DeliriumA-like, partial (3%) [THC2536575]
Homo sapiens homeobox B5 (HOXB5), mRNA [NM_002147]
Homo sapiens amino adipate aminotransferase (AADAT), transcript variant 1, mRNA [NM_016228]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein FLJ20444 (FLJ20444), miscRNA [XR_132891]
Homo sapiens cDNA FLJ37117 fis, clone BRACE2022270. [AK094436]
Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 18 (KCNJ18), mRNA [NM
Homo sapiens autism susceptibility candidate 2 (AUTS2), transcript variant 1, mRNA [NM_015570]
Homo sapiens TNF receptor-associated protein 1 (TRAP1), mRNA [NM_016292]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100289092 (LOC100289092), miscRNA [XR_109278]
PREDICTED: Homo sapiens FOXP1 intronic transcript 1 (non-protein coding) (FOXP1-IT1), miscRNA [r
Homo sapiens G-protein signaling modulator 1 (GPSM1), transcript variant 1, mRNA [NM_00114563

titin [Source:HGNC Symbol;Acc:12403] [ENST00000392423]
Q9AHE7_9RHIZ (Q9AHE7) Amide/urea-binding FmdD-like protein, partial (5%) [THC2660495]
Homo sapiens THO complex 3 (THOC3), mRNA [NM_032361]
Homo sapiens RAD54-like (S. cerevisiae) (RAD54L), transcript variant 1, mRNA [NM_003579]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008015), lincRNA [TCONS_00017433]
Homo sapiens ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8A, member 2 (ATP8A2), mRNA
Homo sapiens mutS homolog 5 (E. coli) (MSH5), transcript variant 1, mRNA [NM_025259]
Homo sapiens FAT tumor suppressor homolog 1 (Drosophila) (FAT1), mRNA [NM_005245]
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens IQ motif containing GTPase activating protein 3 (IQGAP3), mRNA [NM_178229]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 48 (C19orf48), mRNA [NM_199249]
Homo sapiens zinc finger homeobox 3 (ZFHX3), transcript variant A, mRNA [NM_006885]
NPIP-like protein LOC729978 [Source:UniProtKB/Swiss-Prot;Acc:A6NJ64] [ENST00000356023]
Nuclear pore complex-interacting protein-like 2 [Source:UniProtKB/Swiss-Prot;Acc:A6NHN6] [ENSTC
PREDICTED: Homo sapiens dystonin-like (LOC100652766), mRNA [XM_003403438]
Homo sapiens ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8A, member 2 (ATP8A2), mRNA
Homo sapiens myelin protein zero-like 2 (MPZL2), transcript variant 1, mRNA [NM_005797]
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens DEP domain containing MTOR-interacting protein (DEPTOR), mRNA [NM_022783]
Homo sapiens methionyl aminopeptidase type 1D (mitochondrial) (METAP1D), nuclear gene encodi
Homo sapiens smoothed, frizzled family receptor (SMO), mRNA [NM_005631]
PREDICTED: Homo sapiens ovostatin (OVOS), mRNA [XM_001715897]
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens IQCJ-SCHIP1 readthrough (IQCJ-SCHIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001197113
Homo sapiens solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, GABA), member 13 (SLC6A13),
Homo sapiens homeobox B3 (HOXB3), mRNA [NM_002146]
Homo sapiens Na⁺/K⁺ transporting ATPase interacting 2 (NKAIN2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens adenylate kinase 4 (AK4), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript va
Homo sapiens StAR-related lipid transfer (START) domain containing 9 (STARD9), mRNA [NM_02075
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686O248 (from clone DKFZp686O248). [CR627426]
Homo sapiens pre-B-cell leukemia homeobox 3 (PBX3), transcript variant 1, mRNA [NM_006195]
Homo sapiens cathepsin G (CTSG), mRNA [NM_001911]
Homo sapiens von Willebrand factor C and EGF domains (VWCE), mRNA [NM_152718]
Homo sapiens RRN3 RNA polymerase I transcription factor homolog (S. cerevisiae) (RRN3), mRNA [N
Homo sapiens syntaxin binding protein 4 (STXBP4), mRNA [NM_178509]
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein) (BCL11A), transcript variant 2, mRNA [
Homo sapiens G protein-coupled receptor 20 (GPR20), mRNA [NM_005293]
Homo sapiens trophinin associated protein (tastin) (TROAP), transcript variant 1, mRNA [NM_00548
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase kinase 1 (MAP4K1), transcript variant
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014694), lincRNA [TCONS_I2_00028604]
Homo sapiens nuclear pore complex interacting protein (NPIP), mRNA [NM_006985]
Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 10 (KCNK10), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens histone cluster 1, H4d (HIST1H4D), mRNA [NM_003539]
Homo sapiens WD repeat domain 90 (WDR90), mRNA [NM_145294]
Homo sapiens B-cell linker (BLNK), transcript variant 1, mRNA [NM_013314]
Homo sapiens transmembrane protein 56 (TMEM56), transcript variant 2, mRNA [NM_152487]
Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 3 (ZBED3), mRNA [NM_032367]
Homo sapiens homeobox B9 (HOXB9), mRNA [NM_024017]

Homo sapiens immunoglobulin J polypeptide, linker protein for immunoglobulin alpha and mu poly
Homo sapiens transmembrane protein 132E (TMEM132E), mRNA [NM_207313]
Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 5 (RPS6KA5), transcript variant 2, m
Homo sapiens DBF4 homolog B (*S. cerevisiae*) (DBF4B), transcript variant 1, mRNA [NM_145663]
Homo sapiens occludin (OCLN), transcript variant 1, mRNA [NM_002538]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 4 (LRRC4), mRNA [NM_022143]
Homo sapiens cDNA FLJ42869 fis, clone BRHIP2022221. [AK124859]
Homo sapiens kinesin family member 4A (KIF4A), mRNA [NM_012310]
Homo sapiens collagen, type V, alpha 1 (COL5A1), mRNA [NM_000093]
emopamil binding protein-like [Source:HGNC Symbol;Acc:18061] [ENST00000378274]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, S (PTPRS), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 29 (SNORD29), small nucleolar RNA [NR_002559]
Homo sapiens CD8b molecule (CD8B), transcript variant 5, mRNA [NM_004931]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 3 (CXCR3), transcript variant 1, mRNA [NM_001504
Homo sapiens transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008185), lincRNA [TCONS_00017074]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 125 (GPR125), mRNA [NM_145290]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, D (PTPRD), transcript variant 1, mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004640), lincRNA [TCONS_I2_00008608]
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein) (BCL11A), transcript variant 3, mRNA [N
Homo sapiens transmembrane and immunoglobulin domain containing 2 (TMIGD2), transcript varia
HCG1980662Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q86VH3] [ENST00000446344
Homo sapiens nuclear pore complex interacting protein related gene (LOC100132247), mRNA [NM_
Homo sapiens heparan sulfate proteoglycan 2 (HSPG2), mRNA [NM_005529]
Homo sapiens Spi-B transcription factor (Spi-1/PU.1 related) (SPIB), transcript variant 1, mRNA [NM
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC645722, transcript variant 2 (LOC645722), miscRNA [XR
Homo sapiens protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor beta (PKIB), transcript variant 1,
Homo sapiens microtubule-associated protein 7 (MAP7), transcript variant 4, mRNA [NM_003980]
Homo sapiens FANCD2/FANCI-associated nuclease 1 (FAN1), transcript variant 1, mRNA [NM_01496
Homo sapiens zinc finger protein 839 pseudogene (LOC389906), non-coding RNA [NR_034031]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC645722, transcript variant 2 (LOC645722), miscRNA [XR
Homo sapiens C-type lectin domain family 18, member B (CLEC18B), mRNA [NM_001011880]
protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member A [Source:HGNC S
Homo sapiens phenylalanyl-tRNA synthetase, beta subunit (FARSB), mRNA [NM_005687]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 22 (SNORD22), small nucleolar RNA [NR_000008]
Homo sapiens K(lysine) acetyltransferase 2A (KAT2A), mRNA [NM_021078]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007834), lincRNA [TCONS_I2_00014346]
Homo sapiens histone cluster 1, H4e (HIST1H4E), mRNA [NM_003545]
AF080231 polymerase {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (25%) [THC2604413]
Homo sapiens TYRO3 protein tyrosine kinase (TYRO3), mRNA [NM_006293]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC283588 (LOC283588), miscRNA [XR_110237]
Homo sapiens naked cuticle homolog 2 (*Drosophila*) (NKD2), mRNA [NM_033120]
Homo sapiens helicase, lymphoid-specific (HELLS), mRNA [NM_018063]
Homo sapiens, clone IMAGE:4590099, mRNA. [BC048193]

Homo sapiens homeobox B6 (HOXB6), mRNA [NM_018952]
nuclear pore complex interacting protein-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:34409] [ENST000004299]
Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_0
Homo sapiens GTP binding protein 6 (putative) (GTPBP6), mRNA [NM_012227]
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 114 (C10orf114), mRNA [NM_001010911]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group L (FANCL), transcript variant 1, mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506897 (LOC100506897), miscRNA [XR_133523]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 64 (SNORA64), small nucleolar RNA [NR_002326]
Homo sapiens pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 2, pseudogene (PDXDC2P), nc
Homo sapiens RecQ protein-like 4 (RECQL4), mRNA [NM_004260]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505773 (LOC100505773), miscRNA [XR_108295]
Homo sapiens cDNA FLJ52225 complete cds, moderately similar to S-adenosylmethionine synthetas
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 3, mRNA (cDNA clone IMAGE:5218144)
Homo sapiens mutS homolog 5 (E. coli) (MSH5), transcript variant 3, mRNA [NM_002441]
Homo sapiens transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 114 (C9orf114), mRNA [NM_016390]

Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 26 (C6orf26), mRNA [NM_001039651]
Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]

Homo sapiens G protein-coupled receptor 125 (GPR125), mRNA [NM_145290]
Homo sapiens tRNA methyltransferase 11 homolog (S. cerevisiae) (TRMT11), mRNA [NM_00103171]
Homo sapiens Ras homolog enriched in brain like 1 (RHEBL1), mRNA [NM_144593]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 135 (GPR135), mRNA [NM_022571]
Homo sapiens cDNA FLJ45506 fis, clone BRTHA2020695. [AK127414]
Homo sapiens dpy-19-like 2 pseudogene 3 (C. elegans) (DPY19L2P3), transcript variant 1, non-codin
Homo sapiens copine VII (CPNE7), transcript variant 2, mRNA [NM_014427]
Homo sapiens gremlin 1 (GREM1), transcript variant 2, mRNA [NM_001191323]
Homo sapiens seryl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (SARS2), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens G patch domain containing 4 (GPATCH4), transcript variant 2, mRNA [NM_182679]
Homo sapiens nei endonuclease VIII-like 1 (E. coli) (NEIL1), mRNA [NM_024608]
Homo sapiens phenylalanyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (FARS2), nuclear gene encoding mito
Homo sapiens helicase, lymphoid-specific (HELLS), mRNA [NM_018063]
Homo sapiens ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8A, member 2 (ATP8A2), mRNA
Homo sapiens scavenger receptor class B, member 1 (SCARB1), transcript variant 1, mRNA [NM_00:
Homo sapiens leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 4 (LRFN4), mRNA [NM_
Homo sapiens ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 10 (ADAMTS10), mRNA
Homo sapiens arginine decarboxylase pseudogene (LOC149086), non-coding RNA [NR_034112]
Homo sapiens KRAB-A domain containing 1 (KRBA1), mRNA [NM_032534]
Homo sapiens histone cluster 1, H4d (HIST1H4D), mRNA [NM_003539]
Homo sapiens killer cell lectin-like receptor subfamily C, member 4 (KLRC4), mRNA [NM_013431]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 52 (SNORD52), small nuclear RNA [NR_002742]
Homo sapiens basic leucine zipper and W2 domains 2 (BZW2), transcript variant 1, mRNA [NM_001
Homo sapiens C-type lectin-like 1 (CLECL1), mRNA [NM_172004]

Homo sapiens tripartite motif containing 45 (TRIM45), transcript variant 1, mRNA [NM_025188]
Homo sapiens peroxidase homolog (Drosophila) (PXDN), mRNA [NM_012293]
Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 3 (XRCC3), tran
Homo sapiens pyruvate dehydrogenase phosphatase regulatory subunit (PDPR), mRNA [NM_01799]
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 8 (NUDT8), transcript vari
Homo sapiens solute carrier family 14 (urea transporter), member 1 (Kidd blood group) (SLC14A1), t
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506948 (LOC100506948), miscRNA [XR_110299]
Homo sapiens ST6 beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 2 (ST6GAL2), transcript variant 1, r
Homo sapiens glycoprotein E (MNS blood group) (GYPE), transcript variant 1, mRNA [NM_002102]
Homo sapiens chromatin licensing and DNA replication factor 1 (CDT1), mRNA [NM_030928]
Homo sapiens lysyl oxidase (LOX), transcript variant 1, mRNA [NM_002317]
Homo sapiens ryanodine receptor 3 (RYR3), transcript variant 1, mRNA [NM_001036]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 24 (TTC24), mRNA [NM_001105669]
Homo sapiens v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog (avian) (ERG), transcript variant 2
Homo sapiens cDNA FLJ16364 fis, clone THYMU2032976. [AK131345]
Homo sapiens protein kinase, DNA-activated, catalytic polypeptide (PRKDC), transcript variant 1, mF
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group A (FANCA), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens isoleucyl-tRNA synthetase (IARS), transcript variant long, mRNA [NM_013417]
Homo sapiens vav 2 guanine nucleotide exchange factor (VAV2), transcript variant 2, mRNA [NM_0
Homo sapiens uncharacterized LOC388152 (LOC388152), non-coding RNA [NR_027001]
Homo sapiens HEAT repeat containing 1 (HEATR1), mRNA [NM_018072]
Homo sapiens peroxidase homolog (Drosophila) (PXDN), mRNA [NM_012293]
Homo sapiens methylthioadenosine phosphorylase (MTAP), mRNA [NM_002451]
Homo sapiens RNA binding protein with multiple splicing (RBPMS), transcript variant 3, mRNA [NM_
Homo sapiens malic enzyme 3, NADP(+)-dependent, mitochondrial (ME3), nuclear gene encoding m
Homo sapiens Kruppel-like factor 1 (erythroid) (KLF1), mRNA [NM_006563]
Homo sapiens ras-related C3 botulinum toxin substrate 3 (rho family, small GTP binding protein Rac
Homo sapiens MIS18 kinetochore protein homolog A (S. pombe) (MIS18A), mRNA [NM_018944]
Homo sapiens ribonuclease, RNase A family, k6 (RNASE6), mRNA [NM_005615]
Homo sapiens cell division cycle associated 7 (CDCA7), transcript variant 1, mRNA [NM_031942]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 3 (SNORA3), small nucleolar RNA [NR_002580]
Homo sapiens F-box protein 41 (FBXO41), mRNA [NM_001080410]
Homo sapiens zinc finger protein 839 pseudogene (LOC389906), non-coding RNA [NR_034031]
Homo sapiens histone cluster 1, H4I (HIST1H4L), mRNA [NM_003546]
Homo sapiens vang-like 2 (van gogh, Drosophila) (VANGL2), mRNA [NM_020335]
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA [NM_001402]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group L (FANCL), transcript variant 2, mRNA [NM_

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 12 (SNORD12), small nucleolar RNA [NR_003030]
Homo sapiens cathepsin F (CTSF), mRNA [NM_003793]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506662 (LOC100506662), miscRNA [XR_109727]
Homo sapiens zinc finger protein 324B (ZNF324B), mRNA [NM_207395]
Homo sapiens OTU domain containing 7A pseudogene (LOC100288637), transcript variant 1, non-cc
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 108 (SNORD108), small nucleolar RNA [NR_001292]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007911), lincRNA [TCONS_00016958]
Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 1 (ANAPC1), mRNA [NM_022662]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 25 pseudogene (LOC202181), non-coding RNA [N
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 2 (C10orf2), transcript variant 1, mRNA [NM_02
Homo sapiens solute carrier family 25, member 36 (SLC25A36), transcript variant 1, mRNA [NM_00:
Homo sapiens polymerase (DNA directed), delta 1, catalytic subunit 125kDa (POLD1), mRNA [NM_0
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506411 (LOC100506411), miscRNA [XR_110219]
Homo sapiens ryanodine receptor 1 (skeletal) (RYR1), transcript variant 1, mRNA [NM_000540]
Homo sapiens mRNA for hypothetical protein (C8ORF15). [AJ312027]

Homo sapiens RRN3 RNA polymerase I transcription factor homolog (*S. cerevisiae*) pseudogene, mR
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015561), lincRNA [TCONS_I2_00030715]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DP beta 1 (HLA-DPB1), mRNA [NM_00212:
Homo sapiens aryl-hydrocarbon receptor repressor (AHRR), transcript variant 1, mRNA [NM_02073
Homo sapiens cathepsin L2 (CTSL2), transcript variant 1, mRNA [NM_001333]

Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), transcript variant 2, mRNA [NM_002206]
Homo sapiens leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 4 (LRFN4), mRNA [NM_
Homo sapiens tet methylcytosine dioxygenase 1 (TET1), mRNA [NM_030625]
Homo sapiens family with sequence similarity 161, member A (FAM161A), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens zinc finger protein 837 (ZNF837), transcript variant 1, mRNA [NM_001129730]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase, 5 (PSMC5), transcript varian
Homo sapiens centromere protein J (CENPJ), mRNA [NM_018451]
Homo sapiens interferon-related developmental regulator 2 (IFRD2), mRNA [NM_006764]
Homo sapiens cDNA FLJ45890 fis, clone OCBBF3022576. [AK127789]
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene 1 (GUSBP1), transcript variant 3, non-coding RNA [N

Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 74 (C12orf74), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens mRNA for hypothetical protein (C8ORF16). [AJ312026]
Homo sapiens family with sequence similarity 7, member A1 (non-protein coding) (FAM7A1), non-c

PREDICTED: Homo sapiens ovostatin homolog 2-like (LOC728715), mRNA [XM_003119524]
Homo sapiens inositol polyphosphate-5-phosphatase, 72 kDa (INPP5E), mRNA [NM_019892]
BC010854 amyloid beta A4 precursor protein-binding, family B, member 1, isoform delta E9 {Homo
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 10 (CDK10), transcript variant a, mRNA [NM_052988]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 3 gamma, 58kDa (EIF2B3), transcri
Homo sapiens malic enzyme 3, NADP(+)-dependent, mitochondrial (ME3), nuclear gene encoding m
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 65 (SNORA65), small nucleolar RNA [NR_002449]
Homo sapiens interleukin enhancer binding factor 3, 90kDa (ILF3), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens tripartite motif containing 61 (TRIM61), mRNA [NM_001012414]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506392 (LOC100506392), miscRNA [XR_110490]
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene 1 (GUSBP1), transcript variant 3, non-coding RNA [N
Homo sapiens protein kinase, membrane associated tyrosine/threonine 1 (PKMYT1), transcript vari
nuclear pore complex interacting protein-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:34409] [ENST000004299

Homo sapiens golgin subfamily A member 2-like (AGSK1), non-coding RNA [NR_026811]
Homo sapiens dihydropyrimidinase-like 4 (DPYSL4), mRNA [NM_006426]
Homo sapiens familial acute myelogenous leukemia related factor mRNA, complete cds. [EF413001]
Homo sapiens collagen, type II, alpha 1 (COL2A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001844]
Homo sapiens poly(A) binding protein, cytoplasmic 1-like (PABPC1L), mRNA [NM_001124756]
HEAT repeat containing 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:25517] [ENST00000366579]

Homo sapiens histone cluster 1, H2ab (HIST1H2AB), mRNA [NM_003513]
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:A8MQ56] [ENST00000552123]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012663), lincRNA [TCONS_00026612]
Homo sapiens 3-hydroxybutyrate dehydrogenase, type 1 (BDH1), nuclear gene encoding mitochond
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 125 (C9orf125), mRNA [NM_032342]
Homo sapiens spastic ataxia of Charlevoix-Saguenay (sacsin) (SACS), mRNA [NM_014363]
Homo sapiens p53-induced death domain protein (PIDD), transcript variant 1, mRNA [NM_145886]
Homo sapiens cyclin E1 (CCNE1), mRNA [NM_001238]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011837), lincRNA [TCONS_00024918]
Homo sapiens spire homolog 2 (Drosophila) (SPIRE2), mRNA [NM_032451]
Q8TDH6_HUMAN (Q8TDH6) CLL-associated antigen KW-1 splice variant 1 (Fragment), partial (72%)
Homo sapiens AFG3 ATPase family gene 3-like 1 (S. cerevisiae), pseudogene (AFG3L1P), transcript v
Homo sapiens JPX transcript, XIST activator (non-protein coding) (JPX), non-coding RNA [NR_02458
Homo sapiens CTF18, chromosome transmission fidelity factor 18 homolog (S. cerevisiae) (CHTF18),
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 11B (ARHGAP11B), mRNA [NM_001039841]
Homo sapiens JPX transcript, XIST activator (non-protein coding) (JPX), non-coding RNA [NR_02458
Homo sapiens homeobox A4 (HOXA4), mRNA [NM_002141]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 12 (CXCL12), transcript variant 1, mRNA [NM_199168]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 142 (C9orf142), mRNA [NM_183241]
Homo sapiens cDNA FLJ41999 fis, clone SPLEN2029683. [AK123993]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 102B (CCDC102B), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial thiamine pyrophosphate carrier), member 19
Homo sapiens stromal antigen 3 (STAG3), mRNA [NM_012447]
Homo sapiens MAM domain containing glycosylphosphatidylinositol anchor 2 (MDGA2), transcript v
Homo sapiens DTX2P1-UPK3BP1-PMS2P11 readthrough (non-protein coding) (DTX2P1-UPK3BP1-PN
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 76 (SNORD76), small nucleolar RNA [NR_003942]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007271), lincRNA [TCONS_I2_00013558]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 45 (C12orf45), mRNA [NM_152318]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 39B (DDX39B), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 67 (SNORA67), small nucleolar RNA [NR_002912]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 56 (SNORD56), small nuclear RNA [NR_002739]
Homo sapiens polymerase I and transcript release factor (PTRF), mRNA [NM_012232]
Homo sapiens N-acetyltransferase 8-like (GCN5-related, putative) (NAT8L), mRNA [NM_178557]
casein kinase 1, epsilon [Source:HGNC Symbol;Acc:2453] [ENST00000403904]
Homo sapiens X-ray radiation resistance associated 1 (XRRA1), mRNA [NM_182969]
Homo sapiens TNF receptor-associated factor 2 (TRAF2), mRNA [NM_021138]
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member F, pseudogene (FAM86FP), non-coding R

Homo sapiens high mobility group AT-hook 2 (HMGA2), transcript variant 1, mRNA [NM_003483]
Homo sapiens renin (REN), mRNA [NM_000537]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505874, transcript variant 3 (LOC100505874), miscF
Homo sapiens KCNQ1 opposite strand/antisense transcript 1 (non-protein coding) (KCNQ1OT1), non-coding RNA [NR_003078]
Homo sapiens WD repeat domain 5 (WDR5), transcript variant 1, mRNA [NM_017588]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 110 (SNORD110), small nucleolar RNA [NR_003078]
Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 14 (KCNJ14), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 96A (SNORD96A), small nucleolar RNA [NR_002592]
Homo sapiens amiloride-sensitive cation channel 2, neuronal (ACCN2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens nucleolar complex associated 2 homolog (*S. cerevisiae*) (NOC2L), mRNA [NM_015658]
Homo sapiens acetyl-CoA carboxylase alpha (ACACA), transcript variant 2, mRNA [NM_198839]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004640), lincRNA [TCONS_I2_00008603]
Homo sapiens transcription factor AP-4 (activating enhancer binding protein 4) (TFAP4), mRNA [NM_001080]
Homo sapiens importin 5 (IPO5), mRNA [NM_002271]

Homo sapiens intraflagellar transport 140 homolog (*Chlamydomonas*) (IFT140), mRNA [NM_014714]
Homo sapiens heparan sulfate proteoglycan 2 (HSPG2), mRNA [NM_005529]
Homo sapiens solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, noradrenalin), member 2 (SLC6A6), mRNA [NM_001080]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 30 (SNORD30), small nucleolar RNA [NR_002561]
Homo sapiens thimet oligopeptidase 1 (THOP1), mRNA [NM_003249]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 35A (SNORD35A), small nucleolar RNA [NR_000018]
Homo sapiens uncharacterized LOC100287765 (LOC100287765), non-coding RNA [NR_038988]
Homo sapiens solute carrier family 4, anion exchanger, member 3 (SLC4A3), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens postmeiotic segregation increased 2 pseudogene 4 (PMS2P4), non-coding RNA [NR_001080]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506948 (LOC100506948), miscRNA [XR_110299]
Homo sapiens collagen-like tail subunit (single strand of homotrimer) of asymmetric acetylcholinesterase (AChE), mRNA [NM_001080]
Homo sapiens zinc and ring finger 2 pseudogene 1 (ZNRF2P1), non-coding RNA [NR_003502]
D80009 Start codon is not identified {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (12%) [THC2480]
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene (LOC100133050), non-coding RNA [NR_027503]
Homo sapiens tonsoku-like, DNA repair protein (TONSL), mRNA [NM_013432]

Homo sapiens ecotropic viral integration site 2A (EVI2A), transcript variant 1, mRNA [NM_00100392]
Homo sapiens fibulin 1 (FBLN1), transcript variant C, mRNA [NM_001996]
Homo sapiens glutathione S-transferase pi 1 (GSTP1), mRNA [NM_000852]
Homo sapiens StAR-related lipid transfer (START) domain containing 9 (STARD9), mRNA [NM_020750]
Homo sapiens RhoX homeobox family, member 2 (RHOF2), mRNA [NM_032498]
Homo sapiens C1q and tumor necrosis factor related protein 3 (C1QTNF3), transcript variant 2, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 55 (DDX55), mRNA [NM_020936]
Homo sapiens inositol hexakisphosphate kinase 2 (IP6K2), transcript variant 1, mRNA [NM_016291]
nuclear receptor subfamily 6, group A, member 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:7985] [ENST000004871]
Q9BTU1_HUMAN (Q9BTU1) C1GALT1 protein (Fragment), partial (67%) [THC2771198]
Homo sapiens BMS1 pseudogene 1 (BMS1P1), non-coding RNA [NR_026566]

Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 11 (USP11), mRNA [NM_004651]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_002002), lincRNA [TCONS_00004156]
Homo sapiens OTU domain containing 3 (OTUD3), mRNA [NM_015207]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006155), lincRNA [TCONS_I2_00011390]
Homo sapiens polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant) (PKD1), transcript variant 2, mRNA
acyl-CoA synthetase long-chain family member 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:16496] [ENST00000413
Homo sapiens JPX transcript, XIST activator (non-protein coding) (JPX), non-coding RNA [NR_024582]
Homo sapiens RNA binding motif protein 14 (RBM14), transcript variant 1, mRNA [NM_006328]
Homo sapiens neurofibromin 1 (NF1), transcript variant 2, mRNA [NM_000267]
Homo sapiens HOXA11 antisense RNA 1 (non-protein coding) (HOXA11-AS1), antisense RNA [NR_00
Homo sapiens decorin (DCN), transcript variant A1, mRNA [NM_001920]
Homo sapiens pescadillo homolog 1, containing BRCT domain (zebrafish) (PES1), transcript variant 1
Homo sapiens zinc finger protein 469 (ZNF469), mRNA [NM_001127464]
Homo sapiens ceramide synthase 1 (CERS1), transcript variant 2, mRNA [NM_198207]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 21 (SNORD21), small nucleolar RNA [NR_000006]
Homo sapiens zinc finger protein 502 (ZNF502), transcript variant 1, mRNA [NM_033210]
Homo sapiens golgin subfamily A member 2-like (AGSK1), non-coding RNA [NR_026811]
Homo sapiens metastasis associated 1 (MTA1), transcript variant 1, mRNA [NM_004689]
Homo sapiens regulator of telomere elongation helicase 1 (RTEL1), transcript variant 1, mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013256), lincRNA [TCONS_00026840]

Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase (PPAT), mRNA [NM_002703]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 3 (KCTD3), mRNA [NM_01612
Homo sapiens mRNA for FLJ00363 protein. [AK090442]
Homo sapiens kinesin family member 22 (KIF22), mRNA [NM_007317]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 80 (SNORD80), small nucleolar RNA [NR_003940]
Homo sapiens StAR-related lipid transfer (START) domain containing 5 (STARD5), mRNA [NM_18190
Homo sapiens homeobox B4 (HOXB4), mRNA [NM_024015]
Homo sapiens glypican 2 (GPC2), mRNA [NM_152742]
Homo sapiens Vpr (HIV-1) binding protein (VPRBP), transcript variant 1, mRNA [NM_014703]
Homo sapiens CD19 molecule (CD19), transcript variant 2, mRNA [NM_001770]
Homo sapiens cDNA FLJ37107 fis, clone BRACE2020157. [AK094426]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506934 (LOC100506934), miscRNA [XR_109940]
Homo sapiens TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, C, 110kDa (TAF:
Homo sapiens CXXC finger protein 5 (CXXC5), mRNA [NM_016463]
Homo sapiens MPV17 mitochondrial membrane protein-like (MPV17L), nuclear gene encoding mito
Homo sapiens syntaxin binding protein 6 (amisyn) (STXBP6), mRNA [NM_014178]
Homo sapiens PHD finger protein 5A (PHF5A), mRNA [NM_032758]
Homo sapiens GCN1 general control of amino-acid synthesis 1-like 1 (yeast) (GCN1L1), mRNA [NM_
Homo sapiens family with sequence similarity 156, member A (FAM156A), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 12B (SNORD12B), small nucleolar RNA [NR_003695]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 75 (SNORA75), small nucleolar RNA [NR_002921]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 5 pseudogene (LOC652276), n
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008223), lincRNA [TCONS_00017540]

Homo sapiens apolipoprotein L domain containing 1 (APOLD1), transcript variant 2, mRNA [NM_030300]

Homo sapiens LAS1-like (*S. cerevisiae*) (LAS1L), transcript variant 1, mRNA [NM_031206]

Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 5 (HAUS5), mRNA [NM_015302]

Homo sapiens ADAM metallopeptidase domain 15 (ADAM15), transcript variant 1, mRNA [NM_020700]

Homo sapiens inositol-3-phosphate synthase 1 (ISYNA1), transcript variant 1, mRNA [NM_016368]

huntingtin interacting protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:4913] [ENST00000479835]

Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 141 (C1orf141), mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 10 (SNORA10), small nucleolar RNA [NR_002327]

Homo sapiens PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (*S. cerevisiae*) (PMS2), transcript variant 1 [NM_001013674]

Homo sapiens glycophorin B (MNS blood group) (GYPB), mRNA [NM_002100]

Homo sapiens leucine rich repeat containing 20 (LRRC20), transcript variant 3, mRNA [NM_018205]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 83B (SNORD83B), small nucleolar RNA [NR_000028]

Homo sapiens cDNA FLJ40672 fis, clone THYMU2021509. [AK097991]

Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 2 (NLRP2), transcript variant 1, mRNA [NM_017800]

Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kazal type 2 (acrosin-trypsin inhibitor) (SPINK2), mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens acyl-CoA synthetase medium-chain family member 3 (ACSM3), transcript variant 2, mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens E2F transcription factor 5, p130-binding (E2F5), transcript variant 1, mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens NYN domain and retroviral integrase containing (NYNRIN), mRNA [NM_025081]

Homo sapiens mucin 1, cell surface associated (MUC1), transcript variant 1, mRNA [NM_002456]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 116-19 (SNORD116-19), small nucleolar RNA [NR_001200]

Homo sapiens centrosomal protein 78kDa (CEP78), transcript variant 1, mRNA [NM_001098802]

Homo sapiens cDNA FLJ16106 fis, clone THYMU1000496, moderately similar to KINESIN-LIKE PROTEIN

Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 1C (p57, Kip2) (CDKN1C), transcript variant 1, mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens solute carrier family 43, member 3 (SLC43A3), mRNA [NM_199329]

Homo sapiens KIAA0664-like 3 (KIAA0664L3), non-coding RNA [NR_024034]

Homo sapiens insulin-like growth factor 2 mRNA binding protein 1 (IGF2BP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 13 (C16orf13), transcript variant 1, mRNA [NM_001013674]

BC043345 BMS1-like, ribosome assembly protein {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (10 amino acids)

Homo sapiens ATPase family, AAA domain containing 3A (ATAD3A), nuclear gene encoding mitochondrial protein

Homo sapiens zinc finger protein 711 (ZNF711), mRNA [NM_021998]

Homo sapiens homeobox B8 (HOXB8), mRNA [NM_024016]

Homo sapiens zinc finger protein 485 (ZNF485), mRNA [NM_145312]

Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_001200]

Homo sapiens denticleless homolog (*Drosophila*) (DTL), mRNA [NM_016448]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100652740 (LOC100652740), mRNA [XM_003400]

Homo sapiens protein kinase C and casein kinase substrate in neurons 1 (PACSIN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 68 (SNORD68), small nucleolar RNA [NR_002450]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 48 (SNORD48), small nucleolar RNA [NR_002745]

Homo sapiens SHQ1 homolog (*S. cerevisiae*) (SHQ1), mRNA [NM_018130]

Homo sapiens TBC1 domain family, member 4 (TBC1D4), mRNA [NM_014832]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_011074), lincRNA [TCONS_00022796]

Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 25 (TNFRSF25), transcript variant 1, mRNA [NM_001013674]

Homo sapiens zinc finger protein 593 (ZNF593), mRNA [NM_015871]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 1B (SNORD1B), small nucleolar RNA [NR_004396]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 79 (SNORD79), small nucleolar RNA [NR_003939]
Homo sapiens plasminogen activator, tissue (PLAT), transcript variant 1, mRNA [NM_000930]
Homo sapiens uncharacterized LOC100190986 (LOC100190986), non-coding RNA [NR_024456]
Homo sapiens ATPase family, AAA domain containing 3B (ATAD3B), nuclear gene encoding mitoch
Homo sapiens acetyl-CoA acetyltransferase 1 (ACAT1), nuclear gene encoding mitochondrial proteir

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507303 (LOC100507303), miscRNA [XR_109242]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens zinc finger protein 711 (ZNF711), mRNA [NM_021998]
major histocompatibility complex, class II, DP beta 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:4940] [ENST0000004
Homo sapiens methyltransferase like 21B (METTL21B), transcript variant 2, mRNA [NM_206914]
Homo sapiens Tel2 interacting protein 1 homolog (*S. pombe*) (TTI1), mRNA [NM_014657]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC283588 (LOC283588), miscRNA [XR_110237]
Kruppel-like factor 12 [Source:HGNC Symbol;Acc:6346] [ENST00000472022]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member B1 (ALDH1B1), nuclear gene encoding mi
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene (SMA4), non-coding RNA [NR_029426]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 109B (CCDC109B), mRNA [NM_017918]
Homo sapiens RNA, U2 small nuclear 2 (RNU2-2), small nuclear RNA [NR_002761]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 56 (DDX56), mRNA [NM_019082]
Homo sapiens ATPase family, AAA domain containing 3B (ATAD3B), nuclear gene encoding mitoch
Homo sapiens homeobox A2 (HOXA2), mRNA [NM_006735]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001148), lincRNA [TCONS_00000111]
Homo sapiens arachidonate 12-lipoxygenase pseudogene 2 (ALOX12P2), non-coding RNA [NR_0027
Homo sapiens centromere protein M (CENPM), transcript variant 1, mRNA [NM_024053]
Homo sapiens lymphoid enhancer-binding factor 1 (LEF1), transcript variant 1, mRNA [NM_016269]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 32B (SNORD32B), small nucleolar RNA [NR_003049]
Homo sapiens centromere protein O (CENPO), transcript variant 1, mRNA [NM_024322]
Homo sapiens marginal zone B and B1 cell-specific protein (MZB1), mRNA [NM_016459]
Homo sapiens multiple inositol-polyphosphate phosphatase 1 (MINPP1), transcript variant 1, mRNA
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506948 (LOC100506948), miscRNA [XR_110299]
Homo sapiens C-type lectin domain family 2, member D (CLEC2D), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens CHK2 checkpoint homolog (*S. pombe*) (CHEK2), transcript variant 3, mRNA [NM_001(
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B (HNRNPAB), transcript variant 2, mRN.
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 5 (GEMIN5), transcript variant 1, mRNA [P
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507520, transcript variant 1 (LOC100507520), miscF

Homo sapiens protein-O-mannosyltransferase 2 (POMT2), mRNA [NM_013382]
BC010854 amyloid beta A4 precursor protein-binding, family B, member 1, isoform delta E9 {Homo
Homo sapiens mitochondrial poly(A) polymerase (MTPAP), nuclear gene encoding mitochondrial pr
Homo sapiens exosome component 6 (EXOSC6), mRNA [NM_058219]
Homo sapiens phosphatidylethanolamine binding protein 1 (PEBP1), mRNA [NM_002567]
Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 4 (PCSK4), mRNA [NM_017573]
chromosome 2 open reading frame 43 [Source:HGNC Symbol;Acc:26145] [ENST00000419825]
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA [NM_001402]

Homo sapiens leprecan-like 2 (LEPREL2), mRNA [NM_014262]
Homo sapiens JPX transcript, XIST activator (non-protein coding) (JPX), non-coding RNA [NR_024582]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 126 (C14orf126), mRNA [NM_080664]
Homo sapiens ATPase family, AAA domain containing 3B (ATAD3B), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens ankyrin repeat and sterile alpha motif domain containing 6 (ANKS6), mRNA [NM_173
Homo sapiens anterior gradient homolog 2 (Xenopus laevis) (AGR2), mRNA [NM_006408]
Homo sapiens CHK2 checkpoint homolog (S. pombe) (CHEK2), transcript variant 2, mRNA [NM_1458
Homo sapiens coiled-coil domain containing 150 (CCDC150), mRNA [NM_001080539]
Homo sapiens growth differentiation factor 10 (GDF10), mRNA [NM_004962]

Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 71C (SNORA71C), small nucleolar RNA [NR_003017]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004107), lincRNA [TCONS_00007864]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4E binding protein 1 (EIF4EBP1), mRNA [NM_0
Homo sapiens intraflagellar transport 172 homolog (Chlamydomonas) (IFT172), mRNA [NM_015662]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507520, transcript variant 2 (LOC100507520), miscF
Homo sapiens carbamoyl-phosphate synthetase 2, aspartate transcarbamylase, and dihydroorotase
Homo sapiens WD repeat domain 62 (WDR62), transcript variant 1, mRNA [NM_001083961]
Homo sapiens histone cluster 1, H1d (HIST1H1D), mRNA [NM_005320]
Homo sapiens complement component 4B (Chido blood group) (C4B), mRNA [NM_001002029]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 12 (TTC12), mRNA [NM_017868]
Homo sapiens zinc finger protein 519 (ZNF519), transcript variant 1, mRNA [NM_145287]
Homo sapiens homeobox A9 (HOXA9), mRNA [NM_152739]
Homo sapiens kinesin family member 22 (KIF22), mRNA [NM_007317]
Homo sapiens CHK2 checkpoint homolog (S. pombe) (CHEK2), transcript variant 3, mRNA [NM_0010
Homo sapiens v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian)-like 2 (MYBL2), mRNA [NM_00
Homo sapiens GDP-mannose 4,6-dehydratase (GMDS), mRNA [NM_001500]
Homo sapiens PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (S. cerevisiae) (PMS2), transcript variant 1
UI-H-ED0-axo-o-05-0-UI.s1 NCI_CGAP_ED0 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5831644 3', mRNA seq
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene 11 (GUSBP11), non-coding RNA [NR_024448]
Homo sapiens occludin (OCLN), transcript variant 1, mRNA [NM_002538]

Homo sapiens postmeiotic segregation increased 2-like 2 pseudogene (PMS2L2), non-coding RNA [N
Homo sapiens suppressor of Ty 3 homolog (S. cerevisiae) (SUPT3H), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade G (C1 inhibitor), member 1 (SERPING1), transcript va
Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group I (FANCI), transcript variant 2, mRNA [NM_0
Homo sapiens EGF-like-domain, multiple 8 (EGFL8), transcript variant 1, mRNA [NM_030652]
Homo sapiens ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7 (AGAP7), mRNA [NM_0
Homo sapiens WD repeat domain 34 (WDR34), mRNA [NM_052844]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001733), lincRNA [TCONS_00003923]
Homo sapiens connector enhancer of kinase suppressor of Ras 1 (CNKSR1), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 87 (SNORD87), small nucleolar RNA [NR_002598]
Homo sapiens BMS1 homolog, ribosome assembly protein (yeast) (BMS1), mRNA [NM_014753]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507803 (LOC100507803), miscRNA [XR_111563]

Homo sapiens C-type lectin domain family 11, member A (CLEC11A), mRNA [NM_002975]
Q16003_HUMAN (Q16003) Lymphocyte-specific protein 1 (Fragment), complete [THC2561048]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_000000]
NPIP-like protein LOC729978 [Source:UniProtKB/Swiss-Prot;Acc:A6NJ64] [ENST00000532936]
Homo sapiens histone cluster 1, H2bf (HIST1H2BF), mRNA [NM_003522]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 17 (SNORA17), small nucleolar RNA [NR_002958]
Homo sapiens leprecan-like 1 (LEPREL1), transcript variant 1, mRNA [NM_018192]
ik41b08.y1 HR85 islet Homo sapiens cDNA clone IMAGE: 5783390 5', mRNA sequence [BQ417053]
Q96C45_HUMAN (Q96C45) ULK4 protein, partial (17%) [THC2500926]
Homo sapiens H2A histone family, member Y (H2AFY), transcript variant 3, mRNA [NM_138610]
RNA guanylyltransferase and 5'-phosphatase [Source:HGNC Symbol;Acc:10073] [ENST00000369475]
Homo sapiens mitochondrial GTPase 1 homolog (*S. cerevisiae*) (MTG1), nuclear gene encoding mito
Homo sapiens cDNA FLJ31380 fis, clone NHNPC1000101. [AK055942]
Homo sapiens fibronectin type III and SPRY domain containing 1 (FSD1), mRNA [NM_024333]
Homo sapiens polo-like kinase 4 (PLK4), transcript variant 1, mRNA [NM_014264]
Homo sapiens polymerase (DNA directed), epsilon (POLE), mRNA [NM_006231]
Homo sapiens NYN domain and retroviral integrase containing (NYNRIN), mRNA [NM_025081]
Homo sapiens branched chain amino-acid transaminase 2, mitochondrial (BCAT2), nuclear gene enc
Homo sapiens zinc finger protein 598 (ZNF598), mRNA [NM_178167]
Homo sapiens NmrA-like family domain containing 1 (NMRAL1), mRNA [NM_020677]
YLP motif containing 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17798] [ENST00000238571]
Homo sapiens PRP3 pre-mRNA processing factor 3 homolog (*S. cerevisiae*) (PRPF3), mRNA [NM_004388]
Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 14 (SCARNA14), guide RNA [NR_004388]
Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 9 (IGSF9), transcript variant 2, mRNA [NM_025081]
ribosomal protein S2 [Source:HGNC Symbol;Acc:10404] [ENST00000526586]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 59 (C16orf59), mRNA [NM_025108]
Homo sapiens postmeiotic segregation increased 2 pseudogene 5 (PMS2P5), transcript variant 2, nc
BROAD Institute lincRNA (XLOC_l2_008151), lincRNA [TCONS_l2_00014727]
Homo sapiens regulator of chromosome condensation 1 (RCC1), transcript variant 4, mRNA [NM_002285]
Homo sapiens AF4/FMR2 family, member 3 (AFF3), transcript variant 1, mRNA [NM_002285]
Homo sapiens zinc finger protein 578 (ZNF578), mRNA [NM_001099694]

Homo sapiens frizzled family receptor 2 (FZD2), mRNA [NM_001466]
Homo sapiens B-cell linker (BLNK), transcript variant 1, mRNA [NM_013314]
Homo sapiens PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (*S. cerevisiae*) (PMS2), transcript variant 1
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-20 (SNORD114-20), small nucleolar RNA [NR_003297]
Homo sapiens coxsackie virus and adenovirus receptor (CXADR), transcript variant 1, mRNA [NM_002285]
Homo sapiens WD repeat domain 27 (WDR27), transcript variant 1, mRNA [NM_182552]
Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 10 (SLC39A10), transcript variant 1
Homo sapiens euchromatic histone-lysine N-methyltransferase 2 (EHMT2), transcript variant NG36/10
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 34 (C22orf34), non-coding RNA [NR_026997]
HSU75968 CHL1 protein {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (22%) [THC2544756]
Homo sapiens solute carrier family 8 (sodium/calcium exchanger), member 3 (SLC8A3), transcript va
Homo sapiens sodium channel, voltage-gated, type IX, alpha subunit (SCN9A), mRNA [NM_002977]

Q8TDH6_HUMAN (Q8TDH6) CLL-associated antigen KW-1 splice variant 1 (Fragment), partial (26%)
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507918 (LOC100507918), miscRNA [XR_111617]
Homo sapiens TAF6-like RNA polymerase II, p300/CBP-associated factor (PCAF)-associated factor, 6
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene (LOC100170939), non-coding RNA [NR_024054]
Homo sapiens DTX2P1-UPK3BP1-PMS2P11 readthrough (non-protein coding) (DTX2P1-UPK3BP1-PN
Homo sapiens thyroid adenoma associated (THADA), transcript variant 3, mRNA [NM_001083953]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 55 (DDX55), mRNA [NM_020936]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 15A (SNORD15A), small nucleolar RNA [NR_000005]
Homo sapiens pleiomorphic adenoma gene-like 1 (PLAGL1), transcript variant 2, mRNA [NM_00671
Homo sapiens LUC7-like (*S. cerevisiae*) (LUC7L), transcript variant 2, mRNA [NM_201412]
Homo sapiens X (inactive)-specific transcript (non-protein coding) (XIST), non-coding RNA [NR_0015
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 86 (SNORD86), small nucleolar RNA [NR_004399]

Homo sapiens polymerase (DNA directed), theta (POLQ), mRNA [NM_199420]
Homo sapiens autism susceptibility candidate 2 (AUTS2), transcript variant 3, mRNA [NM_00112723]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 24 (SNORA24), small nucleolar RNA [NR_002963]
Homo sapiens ubiquilin-like (UBQLNL), mRNA [NM_145053]
Homo sapiens non-SMC condensin II complex, subunit H2 (NCAPH2), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens kinesin family member 23 (KIF23), transcript variant 1, mRNA [NM_138555]
Homo sapiens dihydroorotate dehydrogenase (quinone) (DHODH), nuclear gene encoding mitochor
Homo sapiens proline rich 22 (PRR22), mRNA [NM_001134316]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 22 (SNORA22), small nucleolar RNA [NR_002961]
Homo sapiens cervical cancer suppressor gene 5 mRNA, complete cds. [AF390550]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 80B (SNORA80B), small nucleolar RNA [NR_028374]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens NOP56 ribonucleoprotein homolog (yeast) (NOP56), transcript variant 1, mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100652784 (LOC100652784), mRNA [XM_00340
HSU77948 Bruton's tyrosine kinase-associated protein-135 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), f
Homo sapiens aldehyde oxidase 2 pseudogene (AOX2P), non-coding RNA [NR_001557]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 2 (C19orf2), transcript variant 1, mRNA [NM_00
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100652933 (LOC100652933), mRNA [XM_00340
Homo sapiens ring finger protein 220 (RNF220), mRNA [NM_018150]
Homo sapiens histone cluster 1, H1b (HIST1H1B), mRNA [NM_005322]
nucleoporin like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:20261] [ENST00000466694]
Homo sapiens nucleoporin like 1 (NUPL1), transcript variant 1, mRNA [NM_014089]
Homo sapiens uncharacterized LOC389831 (LOC389831), mRNA [NM_001242480]
Homo sapiens hypothetical FLJ39653, mRNA (cDNA clone IMAGE:40146949). [BC132927]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 340 (LINC00340), non-coding RNA [NR_0154
Homo sapiens zinc finger protein 41 homolog (mouse) (ZFP41), mRNA [NM_173832]
Homo sapiens Src homology 2 domain containing transforming protein D (SHD), mRNA [NM_02020]
Homo sapiens ubiquilin 4 (UBQLN4), mRNA [NM_020131]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 58 (SNORA58), small nucleolar RNA [NR_002985]
Homo sapiens cDNA FLJ34612 fis, clone KIDNE2014170, highly similar to 40S RIBOSOMAL PROTEIN 5

Homo sapiens hematological and neurological expressed 1-like (HN1L), mRNA [NM_144570]
Homo sapiens multiple inositol-polyphosphate phosphatase 1 (MINPP1), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens disrupted in schizophrenia 1 (DISC1), transcript variant S, mRNA [NM_001012959]
Homo sapiens neurofibromin 1 (NF1), transcript variant 2, mRNA [NM_000267]
Homo sapiens POM121 and ZP3 fusion (POMZP3), transcript variant 2, mRNA [NM_152992]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 27 (SNORD27), small nucleolar RNA [NR_002563]
Homo sapiens microtubule associated monooxygenase, calponin and LIM domain containing 1 (MICA
Homo sapiens zinc finger protein 793 (ZNF793), mRNA [NM_001013659]
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene 2 (GUSBP2), non-coding RNA [NR_003504]
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member C1 (FAM86C1), transcript variant 3, mRN
PREDICTED: Homo sapiens ovostatin homolog 2-like (LOC728715), mRNA [XM_003119524]
Homo sapiens adducin 2 (beta) (ADD2), transcript variant 2, mRNA [NM_017482]
Homo sapiens aurora kinase B (AURKB), mRNA [NM_004217]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100129940 (LOC100129940), miscRNA [XR_110372]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506930 (LOC100506930), transcript variant 2, non-coding RN
Homo sapiens KH-type splicing regulatory protein (KHSRP), mRNA [NM_003685]
ALU2_HUMAN (P39189) Alu subfamily SB sequence contamination warning entry, partial (32%) [TH
Homo sapiens cysteine-rich secretory protein 2 (CRISP2), transcript variant 1, mRNA [NM_003296]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 19 (TBC1D19), mRNA [NM_018317]
Homo sapiens C1q and tumor necrosis factor related protein 4 (C1QTNF4), mRNA [NM_031909]
Homo sapiens pre-B-cell leukemia homeobox 3 (PBX3), transcript variant 1, mRNA [NM_006195]
Homo sapiens B melanoma antigen (BAGE), mRNA [NM_001187]
BX111592 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998D162621, mRNA sequence [BX1
Homo sapiens uncharacterized LOC730101 (LOC730101), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506289 (LOC100506289), miscRNA [XR_108753]
Homo sapiens protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor gamma (PKIG), transcript varian
Homo sapiens uncharacterized LOC284385 (LOC284385), mRNA [NM_001242812]
Homo sapiens Treacher Collins-Franceschetti syndrome 1 (TCOF1), transcript variant 4, mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC442075 (LOC442075), miscRNA [XR_110030]
Homo sapiens biphenyl hydrolase-like (serine hydrolase) (BPHL), transcript variant 1, mRNA [NM_0
Homo sapiens forkhead box P1 (FOXP1), transcript variant 1, mRNA [NM_032682]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004605), lincRNA [TCONS_I2_00008534]
Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 1 (TTLL1), transcript variant 1, mRNA [NM
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000263), lincRNA [TCONS_00000997]
Homo sapiens RAB23, member RAS oncogene family (RAB23), transcript variant 1, mRNA [NM_016
nuclear pore complex interacting protein-like 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:28989] [ENST000005351

Homo sapiens elongation protein 2 homolog (*S. cerevisiae*) (ELP2), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 4 (HCN4), mRN
Homo sapiens alanyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative) (AARS2), nuclear gene encoding n
602018404F1 NCI_CGAP_Brn67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4154136 5', mRNA sequence [BF:
Homo sapiens coiled-coil domain containing 18 (CCDC18), mRNA [NM_206886]

Homo sapiens suppressor of Ty 3 homolog (*S. cerevisiae*) (SUPT3H), transcript variant 2, mRNA [NM_001080449]

Homo sapiens FAD-dependent oxidoreductase domain containing 1 (FOXRED1), nuclear gene encoding protein [AF461897]

Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 19 (TTC19), transcript variant 1, mRNA [NM_017775]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 36C (SNORD36C), small nucleolar RNA [NR_000016]

Homo sapiens inhibitor of growth family, member 5 (ING5), mRNA [NM_032329]

Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]

Homo sapiens serine dehydratase-like (SDSL), mRNA [NM_138432]

Homo sapiens poly (ADP-ribose) glycohydrolase pseudogene (LOC728407), non-coding RNA [NR_021522]

Homo sapiens zinc finger protein 195 (ZNF195), transcript variant 3, mRNA [NM_007152]

Homo sapiens helicase-like transcription factor (HLTF), transcript variant 1, mRNA [NM_003071]

Homo sapiens FP15331 mRNA, complete cds. [AF461897]

HCG1981372, isoform CRA_c Novel protein Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Accession:Q8WNA4]

Homo sapiens human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 3 (HIVEP3), transcript variant 1, mRNA [NM_001080449]

Homo sapiens ribosomal RNA processing 9, small subunit (SSU) processome component, homolog (LOC100652950), non-coding RNA [NR_021522]

Homo sapiens structural maintenance of chromosomes 1A (SMC1A), mRNA [NM_006306]

Homo sapiens solute carrier family 40 (iron-regulated transporter), member 1 (SLC40A1), mRNA [NM_001080449]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652950, transcript variant 1 (LOC100652950), miscFeature [NR_021522]

Homo sapiens nasal embryonic LHRH factor (NELF), transcript variant 2, mRNA [NM_015537]

Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_004404]

Homo sapiens proliferation-associated 2G4, 38kDa (PA2G4), mRNA [NM_006191]

Homo sapiens WD repeat domain 18 (WDR18), mRNA [NM_024100]

Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 12 (SCARNA12), guide RNA [NR_003010]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506965 (LOC100506965), miscRNA [XR_110300]

Homo sapiens cyclin-dependent kinase 6 (CDK6), transcript variant 1, mRNA [NM_001259]

Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 174 (LINC00174), non-coding RNA [NR_026888]

HHAGE000653 Human liver regeneration after partial hepatectomy Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [AF461897]

Homo sapiens RNA, U105A small nucleolar (RNU105A), small nucleolar RNA [NR_004404]

Homo sapiens chromatin assembly factor 1, subunit B (p60) (CHAF1B), mRNA [NM_005441]

Homo sapiens G protein-coupled receptor 162 (GPR162), transcript variant A-2, mRNA [NM_019858]

Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 57 (SNORA57), small nucleolar RNA [NR_004390]

Homo sapiens nuclear pore complex interacting protein related gene (LOC100132247), mRNA [NM_001080449]

Homo sapiens uncharacterized LOC100272216 (LOC100272216), non-coding RNA [NR_027439]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 58A (SNORD58A), small nucleolar RNA [NR_002571]

Homo sapiens sperm associated antigen 4 (SPAG4), mRNA [NM_003116]

Homo sapiens Sec61 alpha 2 subunit (*S. cerevisiae*) (SEC61A2), transcript variant 1, mRNA [NM_018044]

Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_004404]

Homo sapiens DNA replication helicase 2 homolog (yeast) (DNA2), mRNA [NM_001080449]

Homo sapiens neurofibromin 1 pseudogene 2 (NF1P2), non-coding RNA [NR_028506]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 15B (SNORD15B), small nucleolar RNA [NR_000025]

Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 76 (SNORA76), small nucleolar RNA [NR_002995]

Q8WNA4_DAUMA (Q8WNA4) Luteinizing hormone beta subunit (Fragment), partial (10%) [THC260]

Homo sapiens inositol-3-phosphate synthase 1 (ISYNA1), transcript variant 1, mRNA [NM_016368]

Homo sapiens FtsJ homolog 3 (*E. coli*) (FTSJ3), mRNA [NM_017647]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 88C (SNORD88C), small nucleolar RNA [NR_003069]

Homo sapiens secreted frizzled-related protein 1 (SFRP1), mRNA [NM_003012]
Homo sapiens transmembrane protein 121 (TMEM121), mRNA [NM_025268]
Homo sapiens polymerase (RNA) I polypeptide A, 194kDa (POLR1A), mRNA [NM_015425]
Homo sapiens MARVEL domain containing 1 (MARVELD1), mRNA [NM_031484]
Homo sapiens baculoviral IAP repeat containing 5 (BIRC5), transcript variant 3, mRNA [NM_001012]
Homo sapiens hook homolog 1 (Drosophila) (HOOK1), mRNA [NM_015888]
Homo sapiens A kinase (PRKA) anchor protein 1 (AKAP1), nuclear gene encoding mitochondrial prot
rhotekin 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:19364] [ENST00000395260]
Homo sapiens CCR4 carbon catabolite repression 4-like (*S. cerevisiae*) (CCRN4L), mRNA [NM_01211]
Homo sapiens ribosomal RNA processing 1 homolog B (*S. cerevisiae*) (RRP1B), mRNA [NM_015056]
Homo sapiens zinc finger protein 692 (ZNF692), transcript variant 2, mRNA [NM_017865]
Homo sapiens granzyme H (cathepsin G-like 2, protein h-CCPX) (GZMH), mRNA [NM_033423]
Homo sapiens LIM domain binding 1 (LDB1), transcript variant 3, mRNA [NM_003893]
Homo sapiens zinc finger protein 135 (ZNF135), transcript variant 2, mRNA [NM_003436]
Homo sapiens RNA binding motif protein 15 (RBM15), transcript variant 1, mRNA [NM_022768]
Homo sapiens solute carrier family 25, member 29 (SLC25A29), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 14 (CARD14), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 33 (SNORD33), small nucleolar RNA [NR_000020]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4B (EIF4B), mRNA [NM_001417]
Homo sapiens CTP synthase II (CTPS2), transcript variant 2, mRNA [NM_175859]
Homo sapiens zinc finger protein 497 (ZNF497), mRNA [NM_198458]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 42 (C15orf42), mRNA [NM_152259]

Homo sapiens CSRP2 binding protein (CSRP2BP), transcript variant 1, mRNA [NM_020536]
Homo sapiens FAD-dependent oxidoreductase domain containing 2 (FOXRED2), transcript variant 1,
Homo sapiens STAM binding protein-like 1 (STAMBPL1), mRNA [NM_020799]
Homo sapiens obscurin, cytoskeletal calmodulin and titin-interacting RhoGEF (OBSCN), transcript va
Homo sapiens WAS protein family homolog 1 (WASH1), mRNA [NM_182905]
Homo sapiens zinc finger protein 280A (ZNF280A), mRNA [NM_080740]
Homo sapiens centromere protein M (CENPM), transcript variant 2, mRNA [NM_001002876]
Homo sapiens LIM domain only 4 (LMO4), mRNA [NM_006769]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686B0962 (from clone DKFZp686B0962). [BX647358]
Homo sapiens transmembrane protein 63C (TMEM63C), mRNA [NM_020431]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein-like 3 (nucleolar)-like (GNL3L), transcript variant :
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010440), lincRNA [TCONS_00021571]
Homo sapiens SLC2A4 regulator (SLC2A4RG), mRNA [NM_020062]
Homo sapiens CNKSR family member 3 (CNKSR3), mRNA [NM_173515]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 3 (gamma) (PIK3R3), transcript variant
Homo sapiens methionine adenosyltransferase II, alpha (MAT2A), mRNA [NM_005911]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit B", beta (PPP2R3B), mRNA [NM_013239]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506882 (LOC100506882), miscRNA [XR_109418]
Homo sapiens JPX transcript, XIST activator (non-protein coding) (JPX), non-coding RNA [NR_02458]
Homo sapiens kinetochore associated 1 (KNTC1), mRNA [NM_014708]
Homo sapiens von Willebrand factor D and EGF domains (VWDE), mRNA [NM_001135924]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506966 (LOC100506966), miscRNA [XR_108881]
Homo sapiens PMS2 postmeiotic segregation increased 2 (*S. cerevisiae*) (PMS2), transcript variant 1
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_108881]
Homo sapiens zinc finger protein 589 (ZNF589), mRNA [NM_016089]
Homo sapiens cDNA FLJ46084 fis, clone TESTI2006543. [AK127969]
Homo sapiens family with sequence similarity 171, member A1 (FAM171A1), mRNA [NM_00101092]
Homo sapiens G patch domain containing 4 (GPATCH4), transcript variant 2, mRNA [NM_182679]
Homo sapiens prefoldin subunit 4 (PFDN4), mRNA [NM_002623]
Homo sapiens spastic ataxia of Charlevoix-Saguenay (sacsin) (SACS), mRNA [NM_014363]
Homo sapiens latent transforming growth factor beta binding protein 3 (LTBP3), transcript variant 2
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 8 (TTC8), transcript variant 1, mRNA [NM_144596]
Homo sapiens ankyrin repeat and sterile alpha motif domain containing 3 (ANKS3), transcript variant 1
Homo sapiens ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7 (AGAP7), mRNA [NM_00101092]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 36 (LRRC36), transcript variant 1, mRNA [NM_018296]
Homo sapiens PHOSPHO2-KLHL23 readthrough (PHOSPHO2-KLHL23), mRNA [NM_001199290]
Homo sapiens diaphanous homolog 3 (*Drosophila*) (DIAPH3), transcript variant 1, mRNA [NM_00101092]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 12 (CXCL12), transcript variant 3, mRNA [NM_001033]
Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507437, transcript variant 2 (LOC100507437), miscRNA [XR_108881]
Homo sapiens RWD domain containing 3 (RWDD3), transcript variant 1, mRNA [NM_015485]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 26 (SNORA26), small nucleolar RNA [NR_003016]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100132815 (LOC100132815), miscRNA [XR_111844]
Homo sapiens ribosomal L1 domain containing 1 (RSL1D1), mRNA [NM_015659]
Homo sapiens DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 26B (DDX26B), mRNA [NM_182540]
Homo sapiens ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7 (AGAP7), mRNA [NM_00101092]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004771), lincRNA [TCONS_I2_00008795]
Homo sapiens PHD finger protein 14 (PHF14), transcript variant 2, mRNA [NM_014660]
Homo sapiens cDNA FLJ90806 fis, clone Y79AA1000750. [AK075287]
PREDICTED: Homo sapiens protein capicua homolog (LOC100652741), mRNA [XM_003403479]
Homo sapiens APEX nuclease (multifunctional DNA repair enzyme) 1 (APEX1), transcript variant 3, mRNA [NM_020945]
Homo sapiens WDFY family member 4 (WDFY4), mRNA [NM_020945]
Homo sapiens pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 2, pseudogene (PDXDC2P), non-coding RNA [NR_108881]
Homo sapiens KIAA0020 (KIAA0020), mRNA [NM_014878]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 60 (SNORD60), small nuclear RNA [NR_002736]
Homo sapiens contactin associated protein-like 2 (CNTNAP2), mRNA [NM_014141]
Homo sapiens exosome component 8 (EXOSC8), mRNA [NM_181503]
Homo sapiens piezo-type mechanosensitive ion channel component 1 (PIEZO1), mRNA [NM_001144]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015536), lincRNA [TCONS_I2_00030224]
Homo sapiens peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator-related 1 (PPRC1), mRNA [NM_022897]
Homo sapiens RAN binding protein 17 (RANBP17), mRNA [NM_022897]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 10 (C6orf10), mRNA [NM_006781]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 42 (ARHGAP42), mRNA [NM_152432]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 6 (SNORA6), small nucleolar RNA [NR_002325]
Homo sapiens cDNA FLJ45786 fis, clone NETRP2008488. [AK127688]

Homo sapiens RAP1 interacting factor homolog (yeast) (RIF1), transcript variant 1, mRNA [NM_0181
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L4 (MRPL4), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens non-SMC condensin I complex, subunit G (NCAPG), mRNA [NM_022346]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006665), lincRNA [TCONS_I2_00012420]
Homo sapiens hexosaminidase (glycosyl hydrolase family 20, catalytic domain) containing (HEXDC),
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004839), lincRNA [TCONS_00010350]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 24 (SNORD24), small nucleolar RNA [NR_002447]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 226 (C1orf226), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens transmembrane protein 177 (TMEM177), transcript variant 2, mRNA [NM_030577]

Homo sapiens prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 1 (PDSS1), mRNA [NM_014317]
Homo sapiens zinc finger protein 124 (ZNF124), transcript variant 2, mRNA [NM_001243740]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 32A (SNORD32A), small nucleolar RNA [NR_000021]
Homo sapiens ceramide synthase 6 (CERS6), mRNA [NM_203463]
Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 11 (TTLL11), transcript variant 2, mRNA [N

Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 1 (ANAPC1), mRNA [NM_022662]
Homo sapiens zinc finger protein 599 (ZNF599), mRNA [NM_001007248]
Homo sapiens allograft inflammatory factor 1-like (AIF1L), transcript variant 3, mRNA [NM_001185C
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 91B (SNORD91B), small nucleolar RNA [NR_003073]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505976 (LOC100505976), miscRNA [XR_110096]
Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]
Homo sapiens cDNA FLJ45482 fis, clone BRTHA2001953. [AK127393]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 36B (ANKRD36B), mRNA [NM_025190]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009140), lincRNA [TCONS_I2_00017153]
Homo sapiens suppression of tumorigenicity 18 (breast carcinoma) (zinc finger protein) (ST18), mRN

Homo sapiens branched chain amino-acid transaminase 1, cytosolic (BCAT1), transcript variant 1, m
full-length cDNA clone CS0DI009YC01 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR6
Homo sapiens transmembrane protein 201 (TMEM201), transcript variant 2, mRNA [NM_00101086

Homo sapiens ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 7 (AGAP7), mRNA [NM_
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family E (OABP), member 1 (ABCE1), transcript variant 1, n
Homo sapiens smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (C. elegans) (SMG1), m
Homo sapiens TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, A, 48kDa (TAF1,
Homo sapiens histone cluster 1, H3b (HIST1H3B), mRNA [NM_003537]
Homo sapiens WD repeat domain 85 (WDR85), mRNA [NM_138778]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 81 (SNORA81), small nucleolar RNA [NR_002989]

Homo sapiens heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 1 (HSP90AB1), mRNA [NM
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4A1 (EIF4A1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens scribbled homolog (Drosophila) (SCRIB), transcript variant 1, mRNA [NM_182706]
Homo sapiens hydaticiform mole associated and imprinted (non-protein coding) (HYMAI), non-codi
Homo sapiens LIM domain only 4 (LMO4), mRNA [NM_006769]

Homo sapiens forkhead box P1 (FOXP1), transcript variant 2, mRNA [NM_001012505]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014518), lincRNA [TCONS_I2_00028204]
Homo sapiens zinc finger, RAN-binding domain containing 3 (ZRANB3), mRNA [NM_032143]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007598), lincRNA [TCONS_00016208]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 12 (CXCL12), transcript variant 2, mRNA [NM_000609]
Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]
Homo sapiens HLA complex group 18 (non-protein coding) (HCG18), non-coding RNA [NR_024052]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 34 (SNORD34), small nucleolar RNA [NR_000019]
Homo sapiens GTP binding protein 6 (putative) (GTPBP6), mRNA [NM_012227]
Homo sapiens mitochondrial rRNA methyltransferase 1 homolog (*S. cerevisiae*) (MRM1), nuclear ge

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100506079 (LOC100506079), mRNA [XM_0031:
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652906 (LOC100652906), miscRNA [XR_132576]
Homo sapiens solute carrier family 46 (folate transporter), member 1 (SLC46A1), transcript variant :
full-length cDNA clone CS0DI009YC01 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR6
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 9 (SNORA9), small nucleolar RNA [NR_002952]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 46 (SNORD46), small nucleolar RNA [NR_000024]
Homo sapiens synaptogyrin 1 (SYNGR1), transcript variant 1b, mRNA [NM_145731]
Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 7 (SLC9A7), mRNA [NM
Homo sapiens isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) beta (IDH3B), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens spindlin 1 (SPIN1), mRNA [NM_006717]
Homo sapiens SET domain, bifurcated 2 (SETDB2), transcript variant 1, mRNA [NM_031915]
Homo sapiens CDK5 regulatory subunit associated protein 3 (CDK5RAP3), mRNA [NM_176096]
Homo sapiens proline, glutamate and leucine rich protein 1 (PELP1), mRNA [NM_014389]

Homo sapiens Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1 (WHSC1), transcript variant 1, mRNA [NM_13
Homo sapiens uncharacterized LOC92659 (LOC92659), non-coding RNA [NR_015454]
Homo sapiens misato homolog 1 (*Drosophila*) (MSTO1), mRNA [NM_018116]
Homo sapiens WW domain containing oxidoreductase (WWOX), transcript variant 1, mRNA [NM_0:

Homo sapiens WDFY family member 4 (WDFY4), mRNA [NM_020945]
Homo sapiens TAR (HIV-1) RNA binding protein 1 (TARBP1), mRNA [NM_005646]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C (C1/C2) (HNRNPC), transcript variant 1, r
Homo sapiens transcription elongation regulator 1 (TCERG1), transcript variant 1, mRNA [NM_0067
Homo sapiens zinc and ring finger 3 (ZNRF3), transcript variant 1, mRNA [NM_001206998]
Homo sapiens frizzled family receptor 4 (FZD4), mRNA [NM_012193]
Homo sapiens obscurin, cytoskeletal calmodulin and titin-interacting RhoGEF (OBSCN), transcript va
Homo sapiens vacuolar protein sorting 35 homolog (*S. cerevisiae*) (VPS35), mRNA [NM_018206]
Homo sapiens potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, beta member
Homo sapiens WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pse
Homo sapiens Ras-related GTP binding C (RRAGC), mRNA [NM_022157]
Homo sapiens BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 1 (BACH1), transcr
Homo sapiens serine/threonine kinase 17b (STK17B), mRNA [NM_004226]

Homo sapiens family with sequence similarity 110, member A (FAM110A), transcript variant 3, mRNA
Homo sapiens BCL2 binding component 3 (BBC3), transcript variant 4, mRNA [NM_014417]
Homo sapiens tropomyosin 4 (TPM4), transcript variant 2, mRNA [NM_003290]
Homo sapiens egl nine homolog 3 (C. elegans) (EGLN3), mRNA [NM_022073]
Homo sapiens dachshund homolog 1 (Drosophila) (DACH1), transcript variant 1, mRNA [NM_08075]
Homo sapiens CD58 molecule (CD58), transcript variant 1, mRNA [NM_001779]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012549), lincRNA [TCONS_00025728]
Homo sapiens DNA-damage regulated autophagy modulator 1 (DRAM1), mRNA [NM_018370]
Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_01
chromosome 12 open reading frame 39 [Source:HGNC Symbol;Acc:28139] [ENST00000256969]
Homo sapiens kinesin family member C3 (KIFC3), transcript variant 1, mRNA [NM_005550]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128262 (LOC100128262), miscRNA [XR_110396]
Homo sapiens mitochondrial antiviral signaling protein (MAVS), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxyge
Homo sapiens glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 (soluble) (GPD1), mRNA [NM_005276]
Homo sapiens deoxyribose-phosphate aldolase (putative) (DERA), mRNA [NM_015954]
Homo sapiens mitochondrial antiviral signaling protein (MAVS), nuclear gene encoding mitochondri
AGENCOURT_10626084 NIH_MGC_141 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6739185 5', mRNA seque
Homo sapiens golgin A7 (GOLGA7), transcript variant 2, mRNA [NM_001002296]
Homo sapiens CD44 molecule (Indian blood group) (CD44), transcript variant 1, mRNA [NM_000610]
Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_01
Homo sapiens ADP-ribosylation-like factor 6 interacting protein 5 (ARL6IP5), mRNA [NM_006407]
Homo sapiens G patch domain and ankyrin repeats 1 (GPANK1), transcript variant 2, mRNA [NM_03
laminin, beta 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:6486] [ENST00000393559]
Homo sapiens CD58 molecule (CD58), transcript variant 1, mRNA [NM_001779]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family O member 2 (PLEKHO2), transcript va
Homo sapiens ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 (rho family, small GTP binding protein Rac
Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2, methenyltetrahyd
Homo sapiens GTPase activating protein (SH3 domain) binding protein 2 (G3BP2), transcript variant
Homo sapiens fucose-1-phosphate guanylyltransferase (FPGT), transcript variant 1, mRNA [NM_003
Homo sapiens thromboxane A2 receptor (TBXA2R), transcript variant a, mRNA [NM_001060]
Homo sapiens ATPase, H+ transporting, lysosomal 42kDa, V1 subunit C1 (ATP6V1C1), mRNA [NM_01
Homo sapiens N-acetyltransferase 8B (GCN5-related, putative, gene/pseudogene) (NAT8B), mRNA [
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 486 (LINC00486), transcript variant 2, non-cc
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013370), lincRNA [TCONS_00027385]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507286 (LOC100507286), miscRNA [XR_109951]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, G (HLA-G), mRNA [NM_002127]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 2 (HLA-DQA2), mRNA [NM_0200
chromosome 20 open reading frame 112 [Source:HGNC Symbol;Acc:16106] [ENST00000375678]

Homo sapiens calmin (calponin-like, transmembrane) (CLMN), mRNA [NM_024734]
Q2H1E0_CHAGB (Q2H1E0) Predicted protein, partial (5%) [THC2723627]
Homo sapiens thymidine kinase 2, mitochondrial (TK2), nuclear gene encoding mitochondrial protei
Homo sapiens ras homolog gene family, member F (in filopodia) (RHOF), mRNA [NM_019034]

Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 30 (C9orf30), transcript variant 4, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens phosphodiesterase 2A, cGMP-stimulated (PDE2A), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens atlastin GTPase 1 (ATL1), transcript variant 2, mRNA [NM_181598]

Homo sapiens histone cluster 3, H3 (HIST3H3), mRNA [NM_003493]

Q3UVJ2_MOUSE (Q3UVJ2) Adult male urinary bladder cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone Q3UVJ2

Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 6 (DNAJB6), transcript variant 2, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens IL2-inducible T-cell kinase (ITK), mRNA [NM_005546]

Homo sapiens CDC14 cell division cycle 14 homolog B (*S. cerevisiae*) (CDC14B), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens pituitary tumor-transforming 1 interacting protein (PTTG1IP), mRNA [NM_004339]

Homo sapiens kinase suppressor of ras 1 (KSR1), mRNA [NM_014238]

Homo sapiens Nedd4 family interacting protein 2 (NDFIP2), transcript variant 1, mRNA [NM_019080]

603047960F1 NIH_MGC_116 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5188262 5', mRNA sequence [BI762128]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 107 (CCDC107), transcript variant A, mRNA [NM_174922]

Homo sapiens nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, beta (NF- κ B1), mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 1 (CXCR1), mRNA [NM_000634]

Homo sapiens protein kinase, AMP-activated, alpha 1 catalytic subunit (PRKAA1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens family with sequence similarity 102, member A (FAM102A), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 3 (C4orf3), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isozyme 1 (MGAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

T cell receptor beta variable 9 [Source:HGNC Symbol;Acc:12246] [ENST00000390363]

Homo sapiens tyrosylprotein sulfotransferase 2 (TPST2), transcript variant 1, mRNA [NM_00100856]

Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha inhibiting activity polypeptide 3 (GAI3), mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens dipeptidase 2 (DPEP2), mRNA [NM_022355]

Homo sapiens CD244 molecule, natural killer cell receptor 2B4 (CD244), transcript variant 2, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens hemoglobin, theta 1 (HBQ1), mRNA [NM_005331]

Homo sapiens TRAF2 and NCK interacting kinase (TNIK), transcript variant 1, mRNA [NM_015028]

Homo sapiens lipin 2 (LPIN2), mRNA [NM_014646]

Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 3D (PPP1R3D), mRNA [NM_006242]

Homo sapiens runt-related transcription factor 1 (RUNX1), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001.1]

Homo sapiens chitinase, di-N-acetyl- (CTBS), mRNA [NM_004388]

Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]

Homo sapiens CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 5 (CMTM5), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens coatamer protein complex, subunit alpha (COPA), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens cysteine-serine-rich nuclear protein 1 (CSRNP1), mRNA [NM_033027]

Homo sapiens CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 2 (CMTM2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

v-raf murine sarcoma 3611 viral oncogene homolog [Source:HGNC Symbol;Acc:646] [ENST00000371000]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_006973), lincRNA [TCONS_00014902]

Homo sapiens solute carrier family 37 (glycerol-3-phosphate transporter), member 1 (SLC37A1), mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens phosphodiesterase 3A, cGMP-inhibited (PDE3A), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506643 (LOC100506643), miscRNA [XR_109456]

Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 1 (ITPR1), transcript variant 2, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens regulator of G-protein signaling 10 (RGS10), transcript variant 1, mRNA [NM_001005001.1]

Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA [NM_002032]

Homo sapiens immediate early response 5-like (IER5L), mRNA [NM_203434]
Homo sapiens transmembrane protein 41A (TMEM41A), mRNA [NM_080652]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 27 (TTC27), transcript variant 1, mRNA [NM_017735]
Homo sapiens endothelial cell adhesion molecule (ESAM), mRNA [NM_138961]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 2 (MAPKAPK2), transcript variant 1, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens free fatty acid receptor 3 (FFAR3), mRNA [NM_005304]
Homo sapiens similar to solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 14, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens family with sequence similarity 160, member B1 (FAM160B1), transcript variant 1, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens thioredoxin-like 4B (TXNL4B), transcript variant 1, mRNA [NM_017853]
Homo sapiens legumain (LGMN), transcript variant 2, mRNA [NM_001008530]
Homo sapiens solute carrier family 44, member 1 (SLC44A1), mRNA [NM_080546]
Homo sapiens anterior pharynx defective 1 homolog B (C. elegans) (APH1B), transcript variant 1, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens phosphorylase, glycogen, liver (PYGL), transcript variant 1, mRNA [NM_002863]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor 4 (ARF4), mRNA [NM_001660]
Homo sapiens selenoprotein K (SELK), mRNA [NM_021237]
Homo sapiens TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2 (TAB2), mRNA [NM_015093]
Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin 12 (gene/pseudogene) (SIGLEC12), transcript variant 1, mRNA [NM_005304]
Human MHC class I HLA-Cw1 gene, complete cds. [M26429]
Homo sapiens phosphoribosyl transferase domain containing 1 (PRTFDC1), mRNA [NM_020200]
Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog (avian) (MAF), transcript variant 1, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens exocyst complex component 3-like 2 (EXOC3L2), mRNA [NM_138568]
Homo sapiens tumor protein p53 inducible nuclear protein 1 (TP53INP1), transcript variant 1, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens myocyte enhancer factor 2D (MEF2D), mRNA [NM_005920]
Homo sapiens tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, eta polypeptide (TYRO3), mRNA [NM_005304]
Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 6 (MFSD6), mRNA [NM_017694]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 72 (C17orf72), transcript variant 2, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens kalirin, RhoGEF kinase (KALRN), transcript variant 1, mRNA [NM_001024660]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5494257, partial cds. [BC041488]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 13 (GNA13), mRNA [NM_006575]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 8 family, member B (LRRC8B), transcript variant 1, mRNA [NM_005304]
Homo sapiens ATPase, class II, type 9B (ATP9B), mRNA [NM_198531]
Homo sapiens SCY1-like 2 (S. cerevisiae) (SCYL2), mRNA [NM_017988]
Homo sapiens serine/threonine kinase 4 (STK4), mRNA [NM_006282]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_l2_005490), lincRNA [TCONS_l2_00010170]
Homo sapiens YOD1 OTU deubiquinating enzyme 1 homolog (S. cerevisiae) (YOD1), mRNA [NM_018575]
Homo sapiens musculin (MSC), mRNA [NM_005098]
Homo sapiens guanylate cyclase 1, soluble, beta 3 (GUCY1B3), mRNA [NM_000857]
Homo sapiens splanchnin/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 1 (SPSB1), mRNA [NM_021237]
Homo sapiens FERM domain containing 3 (FRMD3), transcript variant 2, mRNA [NM_001244959]
Homo sapiens hematopoietic cell signal transducer (HCST), transcript variant 1, mRNA [NM_014266]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 5 (ANKRD5), transcript variant 1, mRNA [NM_022096]
Homo sapiens oligosaccharyltransferase 4 homolog (S. cerevisiae) (OST4), mRNA [NM_001134693]
Homo sapiens pre-B-cell leukemia homeobox 4 (PBX4), transcript variant 1, mRNA [NM_025245]
Homo sapiens T-cell leukemia translocation altered gene (TCTA), mRNA [NM_022171]

Homo sapiens mitochondrial fission factor (MFF), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001105294]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652948 (LOC100652948), miscRNA [XR_132783]
Homo sapiens glycosyltransferase-like domain containing 1 (GTDC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5 (MAP3K5), mRNA [NM_005923]
Homo sapiens CAP-GLY domain containing linker protein 1 (CLIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens solute carrier organic anion transporter family, member 3A1 (SLCO3A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens phospholipid scramblase 1 (PLSCR1), mRNA [NM_021105]
Homo sapiens annexin A3 (ANXA3), mRNA [NM_005139]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase domain 10 (ADAM10), mRNA [NM_001110]
Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_011052]
Homo sapiens paraneoplastic antigen MA1 (PNMA1), mRNA [NM_006029]
Homo sapiens zinc finger protein, Y-linked (ZFY), transcript variant 1, mRNA [NM_003411]
ZNF695_HUMAN (Q8IWX3) Zinc finger protein 695 (Zinc finger protein SBZF3), partial (8%) [THC2641]
Homo sapiens beta 1,3-galactosyltransferase-like (B3GALTL), mRNA [NM_194318]
Homo sapiens epidermal growth factor (EGF), transcript variant 1, mRNA [NM_001963]
Homo sapiens chloride channel 4 (CLCN4), mRNA [NM_001830]
Homo sapiens egf-like module containing, mucin-like, hormone receptor-like 3 (EMR3), mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 2 (KDEL2), mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens solute carrier family 24 (sodium/potassium/calcium exchanger), member 3 (SLC24A3), mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens Mdm1 nuclear protein homolog (mouse) (MDM1), transcript variant 2, mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 6 (DNAJB6), transcript variant 1, mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens family with sequence similarity 26, member E (FAM26E), mRNA [NM_153711]
Homo sapiens uncharacterized LOC285401 (LOC285401), non-coding RNA [NR_027104]
Homo sapiens filamin A, alpha (FLNA), transcript variant 2, mRNA [NM_001110556]
AGENCOURT_10580380 NIH_MGC_128 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6710146 5', mRNA sequence [U08401]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 18 (pulmonary and activation-regulated) (CCL18), mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens CD14 molecule (CD14), transcript variant 3, mRNA [NM_001174104]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132891 (LOC100132891), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_011052]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 33B (ANKRD33B), mRNA [NM_001164440]
Homo sapiens CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 6 (CMTM6), mRNA [NM_017818]
Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 6 (ST3GAL6), mRNA [NM_006100]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010840), lincRNA [TCONS_00022516]
Homo sapiens zinc finger protein, multitype 2 (ZFPM2), mRNA [NM_012082]
Homo sapiens Kruppel-like factor 6 (KLF6), transcript variant A, mRNA [NM_001300]
Homo sapiens keratin 83 (KRT83), mRNA [NM_002282]
Homo sapiens MOB kinase activator 1B (MOB1B), transcript variant 2, mRNA [NM_173468]
CR742085 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1738313 5', mRNA sequence [U08401]
Homo sapiens four and a half LIM domains 3 (FHL3), transcript variant 1, mRNA [NM_004468]
Homo sapiens hepcidin antimicrobial peptide (HAMP), mRNA [NM_021175]
Homo sapiens ring finger protein 141 (RNF141), mRNA [NM_016422]
Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor) (TFPI), transcript variant 1, mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 70kDa, V1 subunit A (ATP6V1A), mRNA [NM_001105294]
Homo sapiens protease, serine, 50 (PRSS50), mRNA [NM_013270]
Homo sapiens SH3-domain GRB2-like endophilin B1 (SH3GLB1), transcript variant 2, mRNA [NM_001105294]

Homo sapiens F11 receptor (F11R), mRNA [NM_016946]
Homo sapiens galactose mutarotase (aldose 1-epimerase) (GALM), mRNA [NM_138801]
Homo sapiens ring finger protein 14 (RNF14), transcript variant 1, mRNA [NM_004290]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434C0631 (from clone DKFZp434C0631). [AL831947]
PREDICTED: Homo sapiens uncharacterized protein CXorf49-like (LOC100129291), miscRNA [XR_13:
Homo sapiens pyrroline-5-carboxylate reductase family, member 2 (PYCR2), mRNA [NM_013328]
Homo sapiens RAB1A, member RAS oncogene family (RAB1A), transcript variant 1, mRNA [NM_004
chromosome 2 open reading frame 49 [Source:HGNC Symbol;Acc:28772] [ENST00000437250]
Homo sapiens transmembrane BAX inhibitor motif containing 1 (TMBIM1), mRNA [NM_022152]
Homo sapiens cell growth regulator with ring finger domain 1 (CGRRF1), mRNA [NM_006568]
Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 12A (TNFRSF12A), mRNA [NM_0
Homo sapiens calcium binding protein 39 (CAB39), transcript variant 1, mRNA [NM_016289]
Homo sapiens tousled-like kinase 1 (TLK1), transcript variant 1, mRNA [NM_012290]
Homo sapiens transmembrane protein 140 (TMEM140), mRNA [NM_018295]
Homo sapiens Kallmann syndrome 1 sequence (KAL1), mRNA [NM_000216]
Homo sapiens forkhead box O3 (FOXO3), transcript variant 1, mRNA [NM_001455]
Homo sapiens SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 3 (SH3BGRL3), mRNA [NM_03128
Homo sapiens chloride intracellular channel 4 (CLIC4), nuclear gene encoding mitochondrial protein
BX331476 Homo sapiens NEUROBLASTOMA COT 10-NORMALIZED Homo sapiens cDNA clone CS0DE
Homo sapiens multimerin 1 (MMRN1), mRNA [NM_007351]
Homo sapiens dynamin 3 (DNM3), transcript variant 1, mRNA [NM_015569]

PREDICTED: Homo sapiens cytokine receptor CRL2 (LOC100287290), mRNA [XM_002342405]
Homo sapiens heparanase (HPSE), transcript variant 1, mRNA [NM_006665]

Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 1 (S
Homo sapiens actinin, alpha 1 (ACTN1), transcript variant 2, mRNA [NM_001102]
Homo sapiens akirin 1 (AKIRIN1), transcript variant 1, mRNA [NM_024595]
Homo sapiens alpha-2-macroglobulin (A2M), mRNA [NM_000014]
Homo sapiens cytochrome P450, family 11, subfamily B, polypeptide 1 (CYP11B1), nuclear gene enc
Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA [NM_002032]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003501), lincRNA [TCONS_00008036]
Homo sapiens prostaglandin I2 (prostacyclin) receptor (IP) (PTGIR), mRNA [NM_000960]
ALU3_HUMAN (P39190) Alu subfamily SB1 sequence contamination warning entry, partial (12%) [TI
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507025 (LOC100507025), miscRNA [XR_108687]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 15A (PPP1R15A), mRNA [NM_014330]
Homo sapiens stomatin (STOM), transcript variant 2, mRNA [NM_198194]
Homo sapiens proline-rich protein BstNI subfamily 3 (PRB3), mRNA [NM_006249]
Homo sapiens HRAS-like suppressor family, member 5 (HRASLS5), transcript variant 1, mRNA [NM_0
Homo sapiens oxoeicosanoid (OXE) receptor 1 (OXER1), mRNA [NM_148962]
Homo sapiens akirin 1 (AKIRIN1), transcript variant 1, mRNA [NM_024595]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor 3 (CCR3), transcript variant 1, mRNA [NM_001837]

Homo sapiens ATPase, Ca⁺⁺ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2 (ATP2A2), transcript variant

Homo sapiens perilipin 2 (PLIN2), transcript variant 1, mRNA [NM_001122]
Homo sapiens CD83 molecule (CD83), transcript variant 1, mRNA [NM_004233]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 3 (CCL3), mRNA [NM_002983]
Homo sapiens neurogranin (protein kinase C substrate, RC3) (NRGN), transcript variant 1, mRNA [NI
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015037), lincRNA [TCONS_I2_00029078]
Homo sapiens tyrosylprotein sulfotransferase 1 (TPST1), mRNA [NM_003596]
Homo sapiens platelet/endothelial cell adhesion molecule (PECAM1), mRNA [NM_000442]
Homo sapiens arachidonate 15-lipoxygenase (ALOX15), mRNA [NM_001140]
Homo sapiens complement component 5a receptor 1 (C5AR1), mRNA [NM_001736]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 6 (TRPM6), transc
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009409), lincRNA [TCONS_00019608]
Homo sapiens uncharacterized LOC647979 (LOC647979), non-coding RNA [NR_027451]
Homo sapiens tet methylcytosine dioxygenase 2 (TET2), transcript variant 2, mRNA [NM_017628]

Homo sapiens neutrophil cytosolic factor 1 (NCF1), mRNA [NM_000265]
Homo sapiens testis expressed 14 (TEX14), transcript variant 1, mRNA [NM_198393]

Homo sapiens GABA(A) receptor-associated protein like 1 (GABARAPL1), mRNA [NM_031412]
Homo sapiens forkhead box O3 (FOXO3), transcript variant 1, mRNA [NM_001455]
Homo sapiens cytochrome b5 domain containing 2 (CYB5D2), transcript variant 1, mRNA [NM_1446
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 32 (C18orf32), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens leukotriene C4 synthase (LTC4S), mRNA [NM_145867]
PREDICTED: Homo sapiens microtubule-associated proteins 1A/1B light chain 3B-like (LOC392288),
Homo sapiens SKI-like oncogene (SKIL), transcript variant 1, mRNA [NM_005414]
Homo sapiens myocardial zonula adherens protein (MYZAP), transcript variant 1, mRNA [NM_0010:

ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (6%) [THC2
Homo sapiens SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 2 (SH3BGL2), mRNA [NM_03146
Homo sapiens cell death-inducing DFFA-like effector c (CIDEA), transcript variant 3, mRNA [NM_022
Homo sapiens uncharacterized LOC100506190 (LOC100506190), non-coding RNA [NR_038955]
Homo sapiens interleukin 17 receptor A (IL17RA), mRNA [NM_014339]
Homo sapiens uncharacterized LOC729178 (LOC729178), non-coding RNA [NR_034115]
Homo sapiens TRAF2 and NCK interacting kinase (TIK1), transcript variant 1, mRNA [NM_015028]
Homo sapiens inositol polyphosphate-4-phosphatase, type II, 105kDa (INPP4B), transcript variant 1,
Homo sapiens prostaglandin E receptor 4 (subtype EP4) (PTGER4), mRNA [NM_000958]
Homo sapiens coenzyme Q10 homolog B (S. cerevisiae) (COQ10B), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens cystatin B (stefin B) (CSTB), mRNA [NM_000100]
Homo sapiens insulin receptor substrate 2 (IRS2), mRNA [NM_003749]
Homo sapiens cathepsin D (CTSD), mRNA [NM_001909]
Homo sapiens galactose mutarotase (aldose 1-epimerase) (GALM), mRNA [NM_138801]
Homo sapiens aquaporin 1 (Colton blood group) (AQP1), transcript variant 1, mRNA [NM_198098]
Homo sapiens stress-associated endoplasmic reticulum protein family member 2 (SERP2), mRNA [N
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507195 (LOC100507195), miscRNA [XR_110374]
Homo sapiens WW domain binding protein 5 (WBP5), transcript variant 1, mRNA [NM_016303]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008141), lincRNA [TCONS_00017307]
RST20757 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG201536]
Homo sapiens 3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate synthase 2 (PAPSS2), transcript variant 2, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens solute carrier family 22 (organic anion/urate transporter), member 12 (SLC22A12), transcript variant 1, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens tetraspanin 2 (TSPAN2), mRNA [NM_005725]
Homo sapiens aryl hydrocarbon receptor nuclear translocator-like (ARNTL), transcript variant 3, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens F11 receptor (F11R), mRNA [NM_016946]
Homo sapiens hexokinase 1 (HK1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens sphingosine-1-phosphate receptor 1 (S1PR1), mRNA [NM_001400]
Homo sapiens fucosyltransferase 8 (alpha (1,6) fucosyltransferase) (FUT8), transcript variant 1, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens complement component 3 (C3), mRNA [NM_000064]
Homo sapiens insulin receptor substrate 1 (IRS1), mRNA [NM_005544]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 9 (RGS9), transcript variant 3, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 43 (C22orf43), mRNA [NM_016449]
Homo sapiens magnesium transporter 1 (MAGT1), mRNA [NM_032121]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 2 (UBE2Q2P2), non-coding RNA [NR_027309]
Homo sapiens glyoxalase I (GLO1), mRNA [NM_006708]
Homo sapiens formin homology 2 domain containing 1 (FHOD1), mRNA [NM_013241]
Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 3 (LGALS3), transcript variant 3, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens uncharacterized LOC148824 (LOC148824), non-coding RNA [NR_027309]
Homo sapiens sushi domain containing 3 (SUSD3), mRNA [NM_145006]
Homo sapiens pyruvate dehydrogenase kinase, isozyme 1 (PDK1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2 (NR4A2), mRNA [NM_006186]
Homo sapiens endothelin converting enzyme 1 (ECE1), transcript variant 1, mRNA [NM_001397]
Homo sapiens Yip1 interacting factor homolog B (S. cerevisiae) (YIF1B), transcript variant 2, mRNA [NM_00116593]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506007 (LOC100506007), miscRNA [XR_110480]
Homo sapiens beaded filament structural protein 1, filensin (BFSP1), transcript variant 1, mRNA [NM_00116593]
Homo sapiens ankyrin 3, node of Ranvier (ankyrin G) (ANK3), transcript variant 1, mRNA [NM_020918]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002502), lincRNA [TCONS_I2_00005340]
Homo sapiens F-box protein 40 (FBXO40), mRNA [NM_016298]
Homo sapiens uncharacterized LOC645431 (LOC645431), non-coding RNA [NR_024334]
Homo sapiens TBP-like 1 (TBPL1), mRNA [NM_004865]
Homo sapiens family with sequence similarity 81, member B (FAM81B), mRNA [NM_152548]
Homo sapiens bromodomain, testis-specific pseudogene (LOC643486), non-coding RNA [NR_003533]
Homo sapiens Rh blood group, CcEe antigens (RHCE), transcript variant 1, mRNA [NM_020485]
Homo sapiens adenylate kinase 8 (AK8), mRNA [NM_152572]
Homo sapiens hemoglobin, alpha 2 (HBA2), mRNA [NM_000517]
Homo sapiens S-phase response (cyclin related) (SPHAR), mRNA [NM_006542]
Homo sapiens hemoglobin, alpha 2 (HBA2), mRNA [NM_000517]
Homo sapiens cDNA FLJ39579 fis, clone SKMUS2003168. [AK096898]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 65 (GPR65), mRNA [NM_003608]
Homo sapiens glycoprotein V (platelet) (GP5), mRNA [NM_004488]
Homo sapiens CD244 molecule, natural killer cell receptor 2B4 (CD244), transcript variant 1, mRNA [NM_00116593]

Homo sapiens SEC14-like 1 (*S. cerevisiae*) (SEC14L1), transcript variant 7, mRNA [NM_001204410]
Homo sapiens HIV-1 Tat interactive protein 2, 30kDa (HTATIP2), transcript variant 2, mRNA [NM_001204410]
Homo sapiens organic solute transporter alpha (OSTalpha), mRNA [NM_152672]
Homo sapiens serine incorporator 1 (SERINC1), mRNA [NM_020755]
Homo sapiens peptidylglycine alpha-amidating monooxygenase (PAM), transcript variant 5, mRNA [

Homo sapiens LanC lantibiotic synthetase component C-like 3 (bacterial) (LANCL3), transcript variant 1, mRNA [NM_001204410]
Homo sapiens FYN oncogene related to SRC, FGR, YES (FYN), transcript variant 1, mRNA [NM_002033]
Homo sapiens NLR family, CARD domain containing 5 (NLRC5), mRNA [NM_032206]
Homo sapiens zinc finger protein 175 (ZNF175), mRNA [NM_007147]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507360 (LOC100507360), miscRNA [XR_109953]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 2, 24kDa (RGS2), mRNA [NM_002923]
Homo sapiens platelet endothelial aggregation receptor 1 (PEAR1), mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens myeloid-associated differentiation marker (MYADM), transcript variant 1, mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens coagulation factor XIII, A1 polypeptide (F13A1), mRNA [NM_000129]
Homo sapiens junctional sarcoplasmic reticulum protein 1 (JSRP1), mRNA [NM_144616]
Homo sapiens N-acylsphingosine amidohydrolase (acid ceramidase) 1 (ASAH1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens ALX homeobox 1 (ALX1), mRNA [NM_006982]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 53 (USP53), mRNA [NM_019050]

CD69 molecule [Source:HGNC Symbol;Acc:1694] [ENST00000416624]
Homo sapiens FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog B (FOSB), transcript variant 1, mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog B (RELB), mRNA [NM_006509]
Homo sapiens pleckstrin (PLEK), mRNA [NM_002664]
Homo sapiens GABA(A) receptor-associated protein like 1 (GABARAPL1), mRNA [NM_031412]
Homo sapiens ras homolog gene family, member U (RHOU), transcript variant 1, mRNA [NM_021200]
Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 1 (P2RY1), mRNA [NM_002563]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 137B (GPR137B), mRNA [NM_003272]
Homo sapiens presenilin 2 (Alzheimer disease 4) (PSEN2), transcript variant 1, mRNA [NM_000447]
Homo sapiens brain protein I3 (BRI3), transcript variant 1, mRNA [NM_015379]
Homo sapiens aldo-keto reductase family 1, member C3 (3-alpha hydroxysteroid dehydrogenase, tyrosine specific) (AKR1C3), transcript variant 1, mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isozyme 1 (MGAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens tubulin, alpha-like 3 (TUBAL3), transcript variant 1, mRNA [NM_024803]
Homo sapiens lysyl oxidase-like 3 (LOXL3), mRNA [NM_032603]
Homo sapiens family with sequence similarity 149, member B1 (FAM149B1), mRNA [NM_173348]
Homo sapiens SEC14-like 1 (*S. cerevisiae*) (SEC14L1), transcript variant 1, mRNA [NM_003003]
Homo sapiens KIAA0247 (KIAA0247), mRNA [NM_014734]
Homo sapiens RAS p21 protein activator 3 (RASA3), mRNA [NM_007368]
Homo sapiens hexamethylene bis-acetamide inducible 2 (HEXIM2), mRNA [NM_144608]
Homo sapiens calcium binding and coiled-coil domain 1 (CALCOCO1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens zinc finger protein 683 (ZNF683), transcript variant 1, mRNA [NM_001114759]
Homo sapiens SLX4 structure-specific endonuclease subunit homolog (*S. cerevisiae*) (SLX4), mRNA [NM_001080471]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 4 (TNFSF4), mRNA [NM_003326]
Homo sapiens matrix Gla protein (MGP), transcript variant 1, mRNA [NM_001190839]

Homo sapiens intercellular adhesion molecule 5, telencephalin (ICAM5), mRNA [NM_003259]
Homo sapiens adenosine A3 receptor (ADORA3), transcript variant 2, mRNA [NM_000677]
Homo sapiens interleukin 16 (IL16), transcript variant 2, mRNA [NM_172217]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002534), lincRNA [TCONS_00004623]
Homo sapiens ring finger and CHY zinc finger domain containing 1 (RCHY1), transcript variant 1, mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens LPS-responsive vesicle trafficking, beach and anchor containing (LRBA), transcript variant 1, mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens SMAD family member 1 (SMAD1), transcript variant 1, mRNA [NM_005900]
Homo sapiens cytochrome P450, family 1, subfamily B, polypeptide 1 (CYP1B1), mRNA [NM_000104]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase-like A domain containing 2 (PTPLAD2), mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
Homo sapiens CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) small phosphatase (CTDP1), transcript variant 1, mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens tripartite motif containing 13 (TRIM13), transcript variant 3, mRNA [NM_213590]
Homo sapiens selenoprotein P, plasma, 1 (SEPP1), transcript variant 1, mRNA [NM_005410]
Homo sapiens integrin-linked kinase (ILK), transcript variant 3, mRNA [NM_001014795]
Homo sapiens TCR gamma alternate reading frame protein (TARP), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, A (HLA-A), transcript variant 1, mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens succinate receptor 1 (SUCNR1), mRNA [NM_033050]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase F (PIPF), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_00100430664]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011052), lincRNA [TCONS_00022769]
Homo sapiens uncharacterized LOC728431 (LOC728431), non-coding RNA [NR_038842]
Homo sapiens hexokinase 3 (white cell) (HK3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_00100430664]

Homo sapiens sal-like 2 (Drosophila) (SALL2), mRNA [NM_005407]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like (HNRPLL), transcript variant 1, mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens uncharacterized LOC400087 (FLJ37505), non-coding RNA [NR_033987]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 2 (CXCL2), mRNA [NM_002089]
Homo sapiens amidohydrolase domain containing 1 (AMDHD1), mRNA [NM_152435]
Homo sapiens RAS (RAD and GEM)-like GTP binding 2 (REM2), mRNA [NM_173527]
Homo sapiens tripartite motif containing 40 (TRIM40), mRNA [NM_138700]
Homo sapiens uncharacterized LOC100287177 (LOC100287177), mRNA [NM_001242348]
Homo sapiens solute carrier family 35, member E1 (SLC35E1), mRNA [NM_024881]
Homo sapiens transmembrane protein 154 (TMEM154), mRNA [NM_152680]
Homo sapiens family with sequence similarity 187, member A [Source:HGNC Symbol;Acc:35153] [ENST000003317]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000175), lincRNA [TCONS_00000929]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507392 (LOC100507392), non-coding RNA [NR_038908]
Homo sapiens consortin, connexin sorting protein (CNST), transcript variant 1, mRNA [NM_152609]
Homo sapiens filamin A interacting protein 1-like (FILIP1L), transcript variant 1, mRNA [NM_182909]
Homo sapiens transmembrane protein 104 (TMEM104), mRNA [NM_017728]
Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 3 (SLC2A3), mRNA [NM_00100430664]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 89 (C9orf89), mRNA [NM_032310]
Homo sapiens calcium binding protein 5 (CABP5), mRNA [NM_019855]
Homo sapiens pellino homolog 1 (Drosophila) (PELI1), mRNA [NM_020651]
Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 1 (P2RY1), mRNA [NM_002563]

ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (9%) [THC2
Homo sapiens salvador homolog 1 (Drosophila) (SAV1), mRNA [NM_021818]
Homo sapiens intercellular adhesion molecule 2 (ICAM2), transcript variant 5, mRNA [NM_000873]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 1 (PSMD1), transcript v
Homo sapiens epoxide hydrolase 3 (EPHX3), transcript variant 1, mRNA [NM_024794]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 3, 12kDa (NDUFB3), nuclear ;
Homo sapiens mitochondrial antiviral signaling protein (MAVS), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens FERM domain containing 3 (FRMD3), transcript variant 1, mRNA [NM_174938]
Homo sapiens integrin, beta 5 (ITGB5), mRNA [NM_002213]
Homo sapiens hydrogen voltage-gated channel 1 (HVCN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001040]
Homo sapiens synemin, intermediate filament protein (SYNM), transcript variant A, mRNA [NM_14!
Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein (PDE4DIP), transcript variant 9, mRNA [NM
Homo sapiens translin-associated factor X (TSNAX), mRNA [NM_005999]
Homo sapiens guanylate cyclase 1, soluble, beta 3 (GUCY1B3), mRNA [NM_000857]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); transl
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 10 (TNFSF10), transcript variant :
Homo sapiens galactosidase, alpha (GLA), mRNA [NM_000169]
Homo sapiens non-protein coding RNA 185 (NCRNA00185), non-coding RNA [NR_001544]
Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 27-like 2 (IFI27L2), mRNA [NM_032036]
Homo sapiens cortactin (CTTN), transcript variant 3, mRNA [NM_001184740]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2H (UBE2H), transcript variant 1, mRNA [NM_003344
Homo sapiens arginase, type II (ARG2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_0
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008992), lincRNA [TCONS_00018641]
Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 5 (FBXL5), transcript variant 1, mRNA [NM_012
Homo sapiens integrin, beta 3 (platelet glycoprotein IIIa, antigen CD61) (ITGB3), mRNA [NM_00021:
Homo sapiens CD48 molecule (CD48), mRNA [NM_001778]
Homo sapiens S100 calcium binding protein A11 (S100A11), mRNA [NM_005620]
Homo sapiens enkurin, TRPC channel interacting protein (ENKUR), mRNA [NM_145010]
Homo sapiens caspase 4, apoptosis-related cysteine peptidase pseudogene (LOC643733), transcript
Homo sapiens runt-related transcription factor 1; translocated to, 1 (cyclin D-related) (RUNX1T1), tr
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 53 (C15orf53), mRNA [NM_207444]
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 52 (C3orf52), transcript variant 2, mRNA [NM_02
Homo sapiens nescient helix loop helix 2 (NHLH2), transcript variant 1, mRNA [NM_005599]
Homo sapiens ninjurin 2 (NINJ2), mRNA [NM_016533]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006915), lincRNA [TCONS_00014849]
Homo sapiens actin filament associated protein 1 (AFAP1), transcript variant a, mRNA [NM_001134
BX095413 NCI_CGAP_Kid3 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998P233802, mRNA sequence [BX0954
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007554), lincRNA [TCONS_00015746]
Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor, alpha polypeptide (PDGFRA), mRNA [NM_00
Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 6 (KCNK6), mRNA [NM_004823]
Homo sapiens S100 calcium binding protein A12 (S100A12), mRNA [NM_005621]
Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 2B (WNT2B), transcript variant
Homo sapiens leucine rich repeat containing 8 family, member B (LRRC8B), transcript variant 1, mRl
Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 3 (NRIP3), mRNA [NM_020645]

Homo sapiens talin 1 (TLN1), mRNA [NM_006289]

Homo sapiens collagen, type VI, alpha 2 (COL6A2), transcript variant 2C2a, mRNA [NM_058174]

Homo sapiens delta-like 1 (Drosophila) (DLL1), mRNA [NM_005618]

Homo sapiens dynein, light chain, Tctex-type 3 (DYNLT3), mRNA [NM_006520]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, C (HLA-C), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens leucine rich repeat containing 71 (LRRC71), mRNA [NM_144702]

Homo sapiens translocation associated membrane protein 2 (TRAM2), mRNA [NM_012288]

Homo sapiens SLAM family member 8 (SLAMF8), mRNA [NM_020125]

Homo sapiens myeloperoxidase (MPO), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens PR domain containing 5 (PRDM5), mRNA [NM_018699]

Homo sapiens chloride channel 3 (CLCN3), transcript variant e, mRNA [NM_173872]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, E (HLA-E), mRNA [NM_005516]

Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 211 (C6orf211), mRNA [NM_024573]

Homo sapiens mannosyl (beta-1,4)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase (MGAT3), mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 82 (C9orf82), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma (GADD45G), mRNA [NM_006705]

Homo sapiens dihydropyrimidine dehydrogenase (DPYD), transcript variant 1, mRNA [NM_000110]

RST13952 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG194895]

Homo sapiens pelota homolog (Drosophila) (PELO), mRNA [NM_015946]

Homo sapiens dual specificity phosphatase 13 (DUSP13), transcript variant 1, mRNA [NM_00100727]

Homo sapiens transforming growth factor, beta receptor II (70/80kDa) (TGFB2), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens Purkinje cell protein 2 (PCP2), mRNA [NM_174895]

Homo sapiens SH3 and PX domains 2A (SH3PXD2A), mRNA [NM_014631]

T cell receptor delta variable 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:12263] [ENST00000390469]

Homo sapiens myocardial zonula adherens protein (MYZAP), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 103 (CCDC103), mRNA [NM_213607]

Homo sapiens interleukin 4 (IL4), transcript variant 1, mRNA [NM_000589]

Homo sapiens GRB2-related adaptor protein 2 (GRAP2), mRNA [NM_004810]

Homo sapiens myosin, heavy chain 9, non-muscle (MYH9), mRNA [NM_002473]

Homo sapiens aquaporin 9 (AQP9), mRNA [NM_020980]

Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 51 (C19orf51), mRNA [NM_178837]

Homo sapiens collagen, type VI, alpha 2 (COL6A2), transcript variant 2C2a', mRNA [NM_058175]

Homo sapiens breast cancer anti-estrogen resistance 3 (BCAR3), mRNA [NM_003567]

Homo sapiens WW and C2 domain containing 1 (WWC1), transcript variant 3, mRNA [NM_015238]

Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 6 (PCSK6), transcript variant 3, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens ribonuclease, RNase A family, 3 (RNASE3), mRNA [NM_002935]

Homo sapiens leucine rich repeat containing 32 (LRRC32), transcript variant 1, mRNA [NM_005512]

Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 13 (MAPK13), mRNA [NM_002754]

Homo sapiens apoptosis-associated tyrosine kinase (AATK), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens transmembrane BAX inhibitor motif containing 4 (TMBIM4), mRNA [NM_016056]

Homo sapiens interferon gamma receptor 1 (IFNGR1), mRNA [NM_000416]

Homo sapiens villin 1 (VIL1), mRNA [NM_007127]

Homo sapiens neuroepithelial cell transforming 1 (NET1), transcript variant 1, mRNA [NM_0010471]

Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 1 (P2RY1), mRNA [NM_002563]
Homo sapiens family with sequence similarity 55, member A (FAM55A), mRNA [NM_152315]
Homo sapiens MYC associated factor X (MAX), transcript variant 4, mRNA [NM_145114]
Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript vari
Homo sapiens par-3 partitioning defective 3 homolog (C. elegans) (PARD3), transcript variant 1, mRI
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 108 (C20orf108), mRNA [NM_080821]
Homo sapiens C-type lectin domain family 5, member A (CLEC5A), mRNA [NM_013252]
Homo sapiens thromboxane A synthase 1 (platelet) (TBXAS1), transcript variant 2, mRNA [NM_0309
Homo sapiens spermine oxidase (SMOX), transcript variant 1, mRNA [NM_175839]
Homo sapiens X antigen family, member 2B (XAGE2B), mRNA [NM_001079538]
Homo sapiens lin-7 homolog A (C. elegans) (LIN7A), mRNA [NM_004664]
Homo sapiens platelet-derived growth factor alpha polypeptide (PDGFA), transcript variant 1, mRN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003657), lincRNA [TCONS_00008203]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 74 (C7orf74), mRNA [NM_175884]
Homo sapiens iroquois homeobox 3 (IRX3), mRNA [NM_024336]
Homo sapiens hexamethylene bis-acetamide inducible 1 (HEXIM1), mRNA [NM_006460]
tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor) [Source:HGNC Symbol,
Homo sapiens lipoma HMGIC fusion partner-like 2 (LHFPL2), mRNA [NM_005779]
Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 6 (CARD6), mRNA [NM_032587]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 83 (C8orf83), transcript variant 1, mRNA [NM_00
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000175), lincRNA [TCONS_00000930]
Homo sapiens glycosyltransferase 25 domain containing 2 (GLT25D2), mRNA [NM_015101]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003400), lincRNA [TCONS_00007354]
Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 4 (TNFRSF4), mRNA [NM_00332

Homo sapiens TSC22 domain family, member 3 (TSC22D3), transcript variant 2, mRNA [NM_004089
Homo sapiens endoplasmic reticulum aminopeptidase 1 (ERAP1), transcript variant 2, mRNA [NM_C
Homo sapiens Rho-related BTB domain containing 3 (RHOBTB3), mRNA [NM_014899]
Q9BSD2_HUMAN (Q9BSD2) C21orf105 protein (Fragment), partial (17%) [THC2690820]
Q9BSD2_HUMAN (Q9BSD2) C21orf105 protein (Fragment), partial (17%) [THC2690820]
Homo sapiens hemoglobin, beta pseudogene 1 (HBBP1), non-coding RNA [NR_001589]
Homo sapiens dachshund homolog 1 (Drosophila) (DACH1), transcript variant 1, mRNA [NM_08075]
Homo sapiens K(lysine) acetyltransferase 2B (KAT2B), mRNA [NM_003884]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 122 (CCDC122), mRNA [NM_144974]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 56 (C1orf56), mRNA [NM_017860]
Homo sapiens ryanodine receptor 2 (cardiac) (RYR2), mRNA [NM_001035]
Homo sapiens glycosyltransferase-like 1B (GYLTL1B), mRNA [NM_152312]
Homo sapiens myosin light chain kinase (MYLK), transcript variant 1, mRNA [NM_053025]
Homo sapiens tetraspanin 14 (TSPAN14), transcript variant 1, mRNA [NM_030927]
Homo sapiens latent transforming growth factor beta binding protein 1 (LTBP1), transcript variant 1
Homo sapiens CD47 molecule (CD47), transcript variant 2, mRNA [NM_198793]
Homo sapiens trinucleotide repeat containing 6C (TNRC6C), transcript variant 1, mRNA [NM_00114
Homo sapiens fermitin family member 3 (FERMT3), transcript variant URP2LF, mRNA [NM_178443]
Homo sapiens melanocortin 2 receptor accessory protein 2 (MRAP2), mRNA [NM_138409]

Homo sapiens dual specificity phosphatase 1 (DUSP1), mRNA [NM_004417]
Homo sapiens interleukin 7 receptor (IL7R), mRNA [NM_002185]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 14 (SAMD14), mRNA [NM_174920]
Homo sapiens hemoglobin, gamma A (HBG1), mRNA [NM_000559]
Homo sapiens glutamyl-peptide cyclotransferase (QPCT), mRNA [NM_012413]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 6 (TRPC6), mRNA [NM_012413]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008672), lincRNA [TCONS_00018859]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 53 (C7orf53), transcript variant 1, mRNA [NM_180290]

Homo sapiens emerlin (EMD), mRNA [NM_000117]
Homo sapiens caspase 4, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP4), transcript variant gamma, mRNA [NM_000117]
Homo sapiens jagged 1 (JAG1), mRNA [NM_000214]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652760 (LOC100652760), miscRNA [XR_132680]
Homo sapiens phospholipase A2, group X1A (PLA2G12A), mRNA [NM_030821]

Homo sapiens chondroadherin-like (CHADL), mRNA [NM_138481]
Homo sapiens bridging integrator 2 (BIN2), mRNA [NM_016293]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005495), lincRNA [TCONS_00011392]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132774 (LOC100132774), non-coding RNA [NR_033827]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 13 (GNA13), mRNA [NM_006575]
Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 19 (TM4SF19), transcript variant 1, mRNA [NM_006575]
Homo sapiens serine/threonine kinase 17b (STK17B), mRNA [NM_004226]
Homo sapiens cylindromatosis (turban tumor syndrome) (CYLD), transcript variant 1, mRNA [NM_001007232]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005692), lincRNA [TCONS_I2_00010603]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505500, transcript variant 1 (LOC100505500), miscRNA [XR_133265]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008221), lincRNA [TCONS_I2_00014844]
Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase) (PTGS1), transcript variant 1, mRNA [NM_001007232]
Homo sapiens cyclin D3 (CCND3), transcript variant 2, mRNA [NM_001760]
Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 17 (CARD17), mRNA [NM_001007232]
Homo sapiens solute carrier organic anion transporter family, member 3A1 (SLCO3A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001007232]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 8 (GNG8), mRNA [NM_033255]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 5 (C16orf5), transcript variant 1, mRNA [NM_001007232]
Homo sapiens activating transcription factor 3 (ATF3), transcript variant 4, mRNA [NM_001040619]
Homo sapiens cathepsin A (CTSA), transcript variant 1, mRNA [NM_000308]
Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor-like 3 (F2RL3), mRNA [NM_003950]
Homo sapiens LIM and senescent cell antigen-like domains 1 (LIMS1), transcript variant 2, mRNA [NM_001007232]
Homo sapiens WD repeat domain, phosphoinositide interacting 1 (WIPI1), mRNA [NM_017983]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008323), lincRNA [TCONS_00017647]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100291105 (LOC100291105), miscRNA [XR_133265]
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 11 (BTBD11), transcript variant a, mRNA [NM_0010180]
Homo sapiens FERM domain containing 3 (FRMD3), transcript variant 1, mRNA [NM_174938]
Homo sapiens family with sequence similarity 65, member B (FAM65B), transcript variant 1, mRNA [NM_001007232]
Homo sapiens translocation associated membrane protein 1 (TRAM1), mRNA [NM_014294]
Homo sapiens RALBP1 associated Eps domain containing 2 (REPS2), transcript variant 1, mRNA [NM_001007232]

Homo sapiens latent transforming growth factor beta binding protein 1 (LTBP1), transcript variant 1
Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein (PDE4DIP), transcript variant 9, mRNA [NM_001104429]
Homo sapiens uncharacterized LOC100134229 (LOC100134229), non-coding RNA [NR_024451]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 6 (ARHGAP6), transcript variant 1, mRNA [NM_013427]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008221), lincRNA [TCONS_I2_00014842]
Homo sapiens hemoglobin, gamma A (HBG1), mRNA [NM_000559]
Homo sapiens sortilin 1 (SORT1), transcript variant 1, mRNA [NM_002959]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008114), lincRNA [TCONS_00017292]
Homo sapiens splein/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 4 (SPSB4), mRNA [NM_080463]
Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]
Homo sapiens uncharacterized LOC440896 (LOC440896), non-coding RNA [NR_015361]
Homo sapiens sulfatase 2 (SULF2), transcript variant 1, mRNA [NM_018837]
Homo sapiens zinc finger protein 770 (ZNF770), mRNA [NM_014106]
xv20h02.x1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2813715 3', mRNA sequence
Homo sapiens tripartite motif containing 10 (TRIM10), transcript variant 2, mRNA [NM_052828]
Homo sapiens RAB30, member RAS oncogene family (RAB30), mRNA [NM_014488]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 11 (TNFSF11), transcript variant 1, mRNA [NM_001104429]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507319 (LOC100507319), miscRNA [XR_108980]
Homo sapiens ATPase, Ca⁺⁺ transporting, type 2C, member 1 (ATP2C1), transcript variant 3, mRNA [NM_001104429]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507448, transcript variant 2 (LOC100507448), miscRNA [XR_108980]
Homo sapiens N-deacetylase/N-sulfotransferase (heparan glucosaminyl) 1 (NDST1), mRNA [NM_001104429]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100287375 (LOC100287375), miscRNA [XR_108450]
hypoxia inducible factor 3, alpha subunit [Source:HGNC Symbol;Acc:15825] [ENST00000457865]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4300770. [BC007817]
Homo sapiens MYC associated factor X (MAX), transcript variant 3, mRNA [NM_145113]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012021), lincRNA [TCONS_I2_00022884]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 4 (C5orf4), mRNA [NM_032385]
Homo sapiens formin binding protein 1-like (FNBP1L), transcript variant 1, mRNA [NM_001024948]
PREDICTED: Homo sapiens uncharacterized protein CXorf49-like (LOC100129291), miscRNA [XR_130463]
Homo sapiens v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 3 (protein kinase B, gamma) (AKT3), mRNA [NM_001104429]
Homo sapiens transmembrane protein 189 (TMEM189), transcript variant 1, mRNA [NM_199129]
Homo sapiens lipocalin 2 (LCN2), mRNA [NM_005564]
Homo sapiens ArfGAP with SH3 domain, ankyrin repeat and PH domain 2 (ASAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_001104429]
Homo sapiens general transcription factor IIB (GTF2B), mRNA [NM_001514]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor-like 2 (CCRL2), transcript variant 1, mRNA [NM_003909]
Homo sapiens protein S (alpha) (PROS1), mRNA [NM_000313]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 346 (LINC00346), non-coding RNA [NR_027704]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 152 (LINC00152), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_027704]
Homo sapiens tubulin, alpha 4a (TUBA4A), mRNA [NM_006000]
Homo sapiens platelet derived growth factor C (PDGFC), transcript variant 1, mRNA [NM_016205]
Homo sapiens phosphatidic acid phosphatase type 2A (PPAP2A), transcript variant 2, mRNA [NM_108450]
Homo sapiens CDP-diacylglycerol synthase (phosphatidate cytidyltransferase) 2 (CDS2), mRNA [NM_001104429]
Homo sapiens keratin 81 (KRT81), mRNA [NM_002281]

Homo sapiens yippee-like 2 (Drosophila) (YPEL2), mRNA [NM_001005404]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 10 (ARHGAP10), mRNA [NM_024605]
Homo sapiens microtubule-associated protein 1B (MAP1B), mRNA [NM_005909]
Homo sapiens glucose-fructose oxidoreductase domain containing 1 (GFOD1), transcript variant 1, r
Homo sapiens sushi domain containing 1 (SUSD1), mRNA [NM_022486]
histone cluster 2, H2aa3 [Source:HGNC Symbol;Acc:4736] [ENST00000369161]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507540 (LOC100507540), miscRNA [XR_108989]
Homo sapiens arachidonate 5-lipoxygenase-activating protein (ALOX5AP), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens yippee-like 5 (Drosophila) (YPEL5), transcript variant 4, mRNA [NM_016061]
Homo sapiens CD200 receptor 1 (CD200R1), transcript variant 1, mRNA [NM_138806]
Homo sapiens basic helix-loop-helix family, member e41 (BHLHE41), mRNA [NM_030762]
Homo sapiens SH2B adaptor protein 3 (SH2B3), mRNA [NM_005475]
Homo sapiens ring finger protein 11 (RNF11), mRNA [NM_014372]
Homo sapiens tripartite motif containing 58 (TRIM58), mRNA [NM_015431]
Homo sapiens inverted formin, FH2 and WH2 domain containing (INF2), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens uncharacterized LOC728228 (LOC728228), non-coding RNA [NR_033917]
Homo sapiens transmembrane protein 111 (TMEM111), mRNA [NM_018447]
Homo sapiens N-acetylneuraminase pyruvate lyase (dihydrodipicolinate synthase) (NPL), transcript
Homo sapiens neuropilin 1 (NPTN), transcript variant b, mRNA [NM_012428]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010385), lincRNA [TCONS_00021787]
Homo sapiens calmodulin-like 3 (CALML3), mRNA [NM_005185]
Homo sapiens folate receptor 3 (gamma) (FOLR3), mRNA [NM_000804]
Homo sapiens SH3 and PX domains 2A (SH3PXD2A), mRNA [NM_014631]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 62 (C5orf62), mRNA [NM_032947]
Homo sapiens V-set and immunoglobulin domain containing 8 (VSIG8), mRNA [NM_001013661]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 22 (DUSP22), mRNA [NM_020185]
Homo sapiens secreted phosphoprotein 1 (SPP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001040058]
Homo sapiens myosin, light chain 6, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6), transcript variar
Homo sapiens myelin basic protein (MBP), transcript variant 8, mRNA [NM_001025100]
Homo sapiens interleukin 3 receptor, alpha (low affinity) (IL3RA), mRNA [NM_002183]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 7B (TTC7B), mRNA [NM_001010854]
Homo sapiens receptor (G protein-coupled) activity modifying protein 1 (RAMP1), mRNA [NM_0058
Homo sapiens myeloid cell nuclear differentiation antigen (MNDA), mRNA [NM_002432]
Homo sapiens related RAS viral (r-ras) oncogene homolog (RRAS), mRNA [NM_006270]
Homo sapiens WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pse
Homo sapiens solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, serotonin), member 4 (SLC6A4)
Homo sapiens xylosyltransferase II (XYLT2), mRNA [NM_022167]
Homo sapiens HtrA serine peptidase 4 (HTRA4), mRNA [NM_153692]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 3 (KCNA3), mRN
Homo sapiens small glutamine-rich tetratricopeptide repeat (TPR)-containing, beta (SGTB), mRNA [I
Homo sapiens X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P) 1, soluble (XPNPEP1), transcript variant
Homo sapiens homeodomain interacting protein kinase 2 (HIPK2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
Homo sapiens plakophilin 2 (PKP2), transcript variant 2b, mRNA [NM_004572]

Homo sapiens interleukin 17 receptor A (IL17RA), mRNA [NM_014339]
Homo sapiens hydroxycarboxylic acid receptor 3 (HCAR3), mRNA [NM_006018]
Homo sapiens Kruppel-like factor 10 (KLF10), transcript variant 1, mRNA [NM_005655]
Homo sapiens S100 calcium binding protein A11 (S100A11), mRNA [NM_005620]
Homo sapiens NCK-associated protein 1 (NCKAP1), transcript variant 2, mRNA [NM_205842]
BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:1083] [ENST00000267]
Homo sapiens uncharacterized LOC255411 (LOC255411), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_000000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004924), lincRNA [TCONS_00010404]
Homo sapiens nexilin (F actin binding protein) (NEXN), transcript variant 1, mRNA [NM_144573]
Homo sapiens arginine vasopressin receptor 1A (AVPR1A), mRNA [NM_000706]
Homo sapiens insulin induced gene 1 (INSIG1), transcript variant 1, mRNA [NM_005542]
Homo sapiens FK506 binding protein 1B, 12.6 kDa (FKBP1B), transcript variant 2, mRNA [NM_05403]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007731), lincRNA [TCONS_I2_00015589]
Homo sapiens ubiquitin D (UBD), mRNA [NM_006398]
Homo sapiens transmembrane protein 63A (TMEM63A), mRNA [NM_014698]

Homo sapiens uncharacterized LOC644246 (LOC644246), non-coding RNA [NR_034172]
Homo sapiens family with sequence similarity 196, member A (FAM196A), mRNA [NM_001039762]
Novel proteinUncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:A6ZJ83] [ENST00000463107]
Homo sapiens Ras-like without CAAX 1 (RIT1), mRNA [NM_006912]
Homo sapiens zinc finger protein 185 (LIM domain) (ZNF185), transcript variant 1, mRNA [NM_001100]
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like [Source:HGNC Symbol;Acc:25127] [ENST000004100]
Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
Homo sapiens cytochrome P450, family 1, subfamily B, polypeptide 1 (CYP1B1), mRNA [NM_000104]
Homo sapiens transmembrane and tetratricopeptide repeat containing 2 (TMTC2), mRNA [NM_152]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 3-like 3 (CCL3L3), mRNA [NM_001001437]
Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 19 (TM4SF19), transcript variant 1, mRNA [NM_001100]
Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein (PDE4DIP), transcript variant 5, mRNA [NM_001100]
Homo sapiens cytochrome b-245, beta polypeptide (CYBB), mRNA [NM_000397]
Q2UV32_ASPOR (Q2UV32) Multicopper oxidases, partial (4%) [THC2752127]
Homo sapiens CD9 molecule (CD9), mRNA [NM_001769]
Q49AT5_HUMAN (Q49AT5) CPXM2 protein, partial (11%) [THC2741013]
Homo sapiens toll-like receptor 4 (TLR4), transcript variant 1, mRNA [NM_138554]
Homo sapiens interferon induced transmembrane protein 4 pseudogene (IFITM4P), non-coding RNA [NR_000000]
Homo sapiens protein kinase C, beta (PRKCB), transcript variant 2, mRNA [NM_002738]
Homo sapiens integral membrane protein 2B (ITM2B), mRNA [NM_021999]
Homo sapiens hippocalcin-like 1 (HPCAL1), transcript variant 2, mRNA [NM_134421]
Homo sapiens collagen, type VI, alpha 1 (COL6A1), mRNA [NM_001848]
Homo sapiens TRAF family member-associated NFKB activator (TANK), transcript variant 1, mRNA [NM_001100]
Homo sapiens CDC14 cell division cycle 14 homolog C (S. cerevisiae) (CDC14C), non-coding RNA [NR_000000]
DKFZp761F0910_s1 761 (synonym: hamy2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp761F0910 3', mRNA sequence [NM_001100]
Homo sapiens lysophosphatidic acid receptor 5 (LPAR5), transcript variant 1, mRNA [NM_020400]
Homo sapiens glycoprotein, alpha-galactosyltransferase 1 pseudogene (GGTA1P), transcript variant 1, mRNA [NM_001100]

Homo sapiens transmembrane 6 superfamily member 1 (TM6SF1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens coronin, actin binding protein, 1C (CORO1C), transcript variant 1, mRNA [NM_014325.1]

Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide-like 17 (FTHL17), mRNA [NM_031894.1]

Homo sapiens phosphatidic acid phosphatase type 2B (PPAP2B), mRNA [NM_003713.1]

Homo sapiens galanin prepropeptide (GAL), mRNA [NM_015973.1]

Homo sapiens uncharacterized LOC728431 (LOC728431), non-coding RNA [NR_038842.1]

Homo sapiens SEC14-like 5 (*S. cerevisiae*) (SEC14L5), mRNA [NM_014692.1]

Homo sapiens spermidine/spermine N1-acetyltransferase 1 (SAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens interleukin 17 receptor A (IL17RA), mRNA [NM_014339.1]

Homo sapiens suppressor of cytokine signaling 1 (SOCS1), mRNA [NM_003745.1]

Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 6 (IGSF6), mRNA [NM_005849.1]

DA171866 BRAMY2 Homo sapiens cDNA clone BRAMY2034205 5', mRNA sequence [DA171866.1]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505592 (LOC100505592), miscRNA [XR_109463.1]

Homo sapiens v-src sarcoma (Schmidt-Ruppin A-2) viral oncogene homolog (avian) (SRC), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens RAB33A, member RAS oncogene family (RAB33A), mRNA [NM_004794.1]

Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 9 (SLC9A9), mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens ring finger protein 19A (RNF19A), transcript variant 1, mRNA [NM_183419.1]

Homo sapiens ribonuclease, RNase A family, 1 (pancreatic) (RNASE1), transcript variant 3, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens CD40 ligand (CD40LG), mRNA [NM_000074.1]

Homo sapiens tetraspanin 9 (TSPAN9), transcript variant 1, mRNA [NM_006675.1]

Homo sapiens bactericidal/permeability-increasing protein (BPI), mRNA [NM_001725.1]

Homo sapiens sarcolemma associated protein (SLMAP), mRNA [NM_007159.1]

Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 9, Y-linked (USP9Y), mRNA [NM_004654.1]

Homo sapiens epoxide hydrolase 2, cytoplasmic (EPHX2), mRNA [NM_001979.1]

Homo sapiens G protein-coupled receptor 84 (GPR84), mRNA [NM_020370.1]

Homo sapiens cathepsin A (CTSA), transcript variant 2, mRNA [NM_001127695.1]

Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 2 (MARCH2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 2 (ROCK2), mRNA [NM_004850.1]

Homo sapiens thrombospondin 1 (THBS1), mRNA [NM_003246.1]

Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 16 (CARD16), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens prostaglandin E receptor 3 (subtype EP3) (PTGER3), transcript variant 4, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens uncharacterized LOC100128822 (LOC100128822), non-coding RNA [NR_027387.1]

Homo sapiens phosphatidylinositol-5-phosphate 4-kinase, type II, alpha (PIP4K2A), mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens inositol polyphosphate-5-phosphatase, 40kDa (INPP5A), mRNA [NM_005539.1]

Homo sapiens centrosomal protein 44kDa (CEP44), transcript variant 1, mRNA [NM_001040157.1]

Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 1 (MFS1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211.1]

Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 34 (ZBTB34), mRNA [NM_001099270.1]

Homo sapiens arrestin domain containing 4 (ARRDC4), mRNA [NM_183376.1]

Homo sapiens LP2209 mRNA, complete cds. [AY203950.1]

Homo sapiens glutathione S-transferase omega 1 (GSTO1), transcript variant 1, mRNA [NM_004832.1]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_012861), lincRNA [TCONS_00026538.1]

Homo sapiens RNA binding motif protein 38 (RBM38), transcript variant 1, mRNA [NM_017495.1]

Homo sapiens secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin) (SPARC), mRNA [NM_003118.1]

Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 2 subunit (AP1S2), mRNA [NM_003916.1]

Homo sapiens RAB42, member RAS oncogene family (RAB42), transcript variant 2, mRNA [NM_152:
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 12 (PTPN12), transcript variant 1, m
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 3 (CXCL3), mRNA [NM_002090]
Homo sapiens vasorin (VASN), mRNA [NM_138440]
ALU7_HUMAN (P39194) Alu subfamily SQ sequence contamination warning entry, partial (12%) [TH
Homo sapiens chemokine-like factor (CKLF), transcript variant 5, mRNA [NM_001040138]
Homo sapiens Rho-related BTB domain containing 1 (RHOBTB1), transcript variant 4, mRNA [NM_0
Homo sapiens amiloride binding protein 1 (amine oxidase (copper-containing)) (ABP1), mRNA [NM_
Homo sapiens peptidoglycan recognition protein 1 (PGLYRP1), mRNA [NM_005091]
Homo sapiens myosin light chain kinase (MYLK), transcript variant 1, mRNA [NM_053025]
Homo sapiens LMBR1 domain containing 1 (LMBRD1), mRNA [NM_018368]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 43 (DDX43), mRNA [NM_018665]
Homo sapiens BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 2 (BNIP2), mRNA [NM_004330]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507195 (LOC100507195), miscRNA [XR_110374]
Homo sapiens sequestosome 1 (SQSTM1), transcript variant 1, mRNA [NM_003900]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506762 (LOC100506762), miscRNA [XR_109879]
Homo sapiens lysophospholipase-like 1 (LYPLAL1), mRNA [NM_138794]
Homo sapiens relaxin 3 (RLN3), mRNA [NM_080864]
Homo sapiens carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 13 (CHST13), mRNA [NM_152889]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 2 pseudogene 1 (CXCR2P1), non-coding RNA [NR_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011645), lincRNA [TCONS_00024807]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 2 (CXCL2), mRNA [NM_002089]
spermidine/spermine N1-acetyltransferase 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:10540] [ENST00000379253
Homo sapiens ELOVL fatty acid elongase 7 (ELOVL7), transcript variant 1, mRNA [NM_024930]
Homo sapiens collectin sub-family member 12 (COLEC12), mRNA [NM_130386]
Homo sapiens caspase 14, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP14), mRNA [NM_012114]
Homo sapiens receptor (G protein-coupled) activity modifying protein 1 (RAMP1), mRNA [NM_0058
Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6 (TNFAIP6), mRNA [NM_007115]
Homo sapiens PDZK1 interacting protein 1 (PDZK1IP1), mRNA [NM_005764]
Homo sapiens uridine phosphorylase 1 (UPP1), transcript variant 2, mRNA [NM_181597]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009888), lincRNA [TCONS_I2_00018862]
Homo sapiens taxilin gamma 2, pseudogene (TXLNG2P), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_0
Homo sapiens protein kinase C, alpha (PRKCA), mRNA [NM_002737]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506544 (LOC100506544), miscRNA [XR_109720]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family A (phosphoinositide binding specific)
Homo sapiens aminolevulinate, delta-, synthase 1 (ALAS1), transcript variant 1, mRNA [NM_000688
Homo sapiens DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 like 9 (DDX11L9), non-coding RNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004568), lincRNA [TCONS_00009523]
Homo sapiens myosin, light chain 12A, regulatory, non-sarcomeric (MYL12A), mRNA [NM_006471]
Homo sapiens tetraspanin 33 (TSPAN33), mRNA [NM_178562]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002761), lincRNA [TCONS_I2_00005178]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006495), lincRNA [TCONS_00013864]
Homo sapiens lysosomal-associated membrane protein 3 (LAMP3), mRNA [NM_014398]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 7 (DHR57), mRNA [NM_016029]

Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_012328]

Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 9 (DNAJB9), mRNA [NM_012328]

Homo sapiens glycoprotein IX (platelet) (GP9), mRNA [NM_000174]

Homo sapiens sialic acid acetyltransferase (SIAE), transcript variant 1, mRNA [NM_170601]

Homo sapiens solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 3 (SLC10A3)

Homo sapiens integrin, beta 1 (fibronectin receptor, beta polypeptide, antigen CD29 includes MDF2)

Homo sapiens caspase 5, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP5), transcript variant a, mRNA [NM_000174]

Homo sapiens trichohyalin (TCHH), mRNA [NM_007113]

Homo sapiens family with sequence similarity 174, member A (FAM174A), mRNA [NM_198507]

Homo sapiens WAS protein family, member 3 (WASF3), mRNA [NM_006646]

Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 5 (CXCL5), mRNA [NM_002994]

PREDICTED: Homo sapiens microtubule-associated proteins 1A/1B light chain 3B-like (LOC392288), mRNA [NM_000174]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001826), lincRNA [TCONS_00003088]

Homo sapiens thymosin beta 4, X-linked (TMSB4X), mRNA [NM_021109]

Homo sapiens brain expressed, X-linked 1 (BEX1), mRNA [NM_018476]

Homo sapiens progesterone and adiponectin receptor family member V (PAQR5), transcript variant 1, mRNA [NM_000174]

Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 14 (TNFSF14), transcript variant 1, mRNA [NM_000174]

Homo sapiens RAB31, member RAS oncogene family (RAB31), mRNA [NM_006868]

Homo sapiens CD69 molecule (CD69), transcript variant 1, mRNA [NM_001781]

Homo sapiens Kruppel-like factor 3 (basic) (KLF3), mRNA [NM_016531]

Homo sapiens carbohydrate (N-acetylglucosamine 6-O) sulfotransferase 7 (CHST7), mRNA [NM_019000]

Homo sapiens protein disulfide isomerase family A, member 5 (PDIA5), transcript variant 1, mRNA [NM_000174]

Homo sapiens ST8 alpha-N-acetylneuraminidase alpha-2,8-sialyltransferase 5 (ST8SIA5), mRNA [NM_000174]

Homo sapiens serum deprivation response (SDPR), mRNA [NM_004657]

Homo sapiens protein kinase C, beta (PRKCB), transcript variant 2, mRNA [NM_002738]

Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 47 (C10orf47), mRNA [NM_153256]

Homo sapiens arachidonate 5-lipoxygenase (ALOX5), mRNA [NM_000698]

Homo sapiens DNA cross-link repair 1A (DCLRE1A), mRNA [NM_014881]

Homo sapiens gamma-aminobutyric acid (GABA) A receptor, epsilon (GABRE), mRNA [NM_004961]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001013), lincRNA [TCONS_00001675]

Homo sapiens N-acetylneuraminidase pyruvate lyase (dihydrodipicolinate synthase) (NPL), transcript variant 1, mRNA [NM_000174]

Homo sapiens tetraspanin 14 (TSPAN14), transcript variant 1, mRNA [NM_030927]

Homo sapiens integrin alpha FG-GAP repeat containing 1 (ITFG1), mRNA [NM_030790]

Homo sapiens kazrin, periplakin interacting protein (KAZN), transcript variant A, mRNA [NM_015201]

Homo sapiens sulfiredoxin 1 (SRXN1), mRNA [NM_080725]

Homo sapiens thrombospondin 1 (THBS1), mRNA [NM_003246]

Homo sapiens elastase, neutrophil expressed (ELANE), mRNA [NM_001972]

Homo sapiens testis-specific transcript, Y-linked 15 (non-protein coding) (TTY15), non-coding RNA [NR_012328]

Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 11 (GNG11), mRNA [NM_004000]

Homo sapiens regulator of G-protein signaling 18 (RGS18), mRNA [NM_130782]

Homo sapiens cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 1, cytosolic (CMPK1), transcript variant 1, mRNA [NM_000174]

Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 47 (C10orf47), mRNA [NM_153256]

Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 3 (SLC2A3), mRNA [NM_000174]

Homo sapiens armadillo repeat containing, X-linked 3 (ARMCX3), transcript variant 1, mRNA [NM_000174]

Homo sapiens endothelin converting enzyme 1 (ECE1), transcript variant 3, mRNA [NM_001113347]
Homo sapiens cortactin (CTTN), transcript variant 1, mRNA [NM_005231]
Homo sapiens T cell receptor associated transmembrane adaptor 1 (TRAT1), mRNA [NM_016388]
Homo sapiens Bardet-Biedl syndrome 12 (BBS12), transcript variant 2, mRNA [NM_152618]
Homo sapiens ficolin (collagen/fibrinogen domain containing) 1 (FCN1), mRNA [NM_002003]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507800 (LOC100507800), miscRNA [XR_112441]
Homo sapiens msh homeobox 2 pseudogene 1 (MSX2P1), non-coding RNA [NR_002307]
Homo sapiens transmembrane protein 104 (TMEM104), mRNA [NM_017728]
Homo sapiens dynein, light chain, Tctex-type 3 (DYNLT3), mRNA [NM_006520]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 6 (ARHGAP6), transcript variant 3, mRNA [NM_006125]
Homo sapiens abl-interactor 1 (ABI1), transcript variant 1, mRNA [NM_005470]
Homo sapiens phosphodiesterase 8B (PDE8B), transcript variant 1, mRNA [NM_003719]
Homo sapiens NCK adaptor protein 2 (NCK2), transcript variant 1, mRNA [NM_003581]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family O member 1 (PLEKHO1), mRNA [NM_000486]
Homo sapiens aquaporin 2 (collecting duct) (AQP2), mRNA [NM_000486]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, N polypeptide 2 (PTPRN2), transcript variant 1, mRNA [NM_000486]
Homo sapiens resistin (RETN), transcript variant 1, mRNA [NM_020415]
Homo sapiens keratin 86 (KRT86), mRNA [NM_002284]
Homo sapiens Src-like-adaptor 2 (SLA2), transcript variant 1, mRNA [NM_032214]
Homo sapiens glycoprotein VI (platelet) (GP6), transcript variant 1, mRNA [NM_001083899]
Homo sapiens laminin, gamma 1 (formerly LAMB2) (LAMC1), mRNA [NM_002293]
Homo sapiens phosphoglucomutase 1 (PGM1), transcript variant 1, mRNA [NM_002633]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002761), lincRNA [TCONS_I2_00005178]
Homo sapiens transmembrane 6 superfamily member 1 (TM6SF1), transcript variant 1, mRNA [NM_000486]
Homo sapiens intercellular adhesion molecule 1 (ICAM1), mRNA [NM_000201]
Homo sapiens Src-like-adaptor 2 (SLA2), transcript variant 1, mRNA [NM_032214]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 160 (GPR160), mRNA [NM_014373]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100505906 (LOC100505906), mRNA [XM_003111111]
Homo sapiens lysosomal trafficking regulator (LYST), mRNA [NM_000081]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014182), lincRNA [TCONS_I2_00027727]
Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase ID (CAMK1D), transcript variant 1, mRNA [NM_000486]
Homo sapiens thymosin beta 4, X-linked (TMSB4X), mRNA [NM_021109]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002865), lincRNA [TCONS_00006262]
Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose/fructose transporter), member 5 (SLC2A5), mRNA [NM_000486]
Homo sapiens adenosine A2a receptor (ADORA2A), mRNA [NM_000675]
Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 12 (P2RY12), transcript variant 1, mRNA [NM_000486]
Homo sapiens RAP1B, member of RAS oncogene family (RAP1B), transcript variant 1, mRNA [NM_000486]
Homo sapiens leukocyte receptor cluster (LRC) member 8 (LENG8), mRNA [NM_052925]
Homo sapiens acrosin binding protein (ACRBP), mRNA [NM_032489]
Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 6 (PCSK6), transcript variant 1, mRNA [NM_000486]
Q8KON8_MOUSE (Q8KON8) Bms1l protein (Fragment), partial (5%) [THC2529564]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 244 (LINC00244), non-coding RNA [NR_024111]
Homo sapiens platelet factor 4 (PF4), mRNA [NM_002619]
Homo sapiens proline-rich nuclear receptor coactivator 1 (PNRC1), mRNA [NM_006813]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100505906 (LOC100505906), mRNA [XM_0031:
Homo sapiens tubulin, alpha 4a (TUBA4A), mRNA [NM_006000]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506779 (LOC100506779), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens heparanase (HPSE), transcript variant 1, mRNA [NM_006665]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 52 (C15orf52), mRNA [NM_207380]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506915 (LOC100506915), miscRNA [XR_133225]
Homo sapiens snail homolog 1 (Drosophila) (SNAI1), mRNA [NM_005985]
Homo sapiens TNF receptor-associated factor 1 (TRAF1), transcript variant 1, mRNA [NM_005658]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 8 (CCL8), mRNA [NM_005623]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014566), lincRNA [TCONS_I2_00028267]
Homo sapiens arachidonate 12-lipoxygenase (ALOX12), mRNA [NM_000697]
Homo sapiens optineurin (OPTN), transcript variant 1, mRNA [NM_001008211]
Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 11 (WNT11), mRNA [NM_0046
Homo sapiens egf-like module containing, mucin-like, hormone receptor-like 4 pseudogene (EMR4F
Homo sapiens matrix metalloproteinase 25 (MMP25), mRNA [NM_022468]
Homo sapiens tubulin, alpha 4a (TUBA4A), mRNA [NM_006000]
Homo sapiens notch 3 (NOTCH3), mRNA [NM_000435]
Homo sapiens clusterin (CLU), transcript variant 1, mRNA [NM_001831]
Homo sapiens lactate dehydrogenase C (LDHC), transcript variant 1, mRNA [NM_002301]
Homo sapiens S100 calcium binding protein A9 (S100A9), mRNA [NM_002965]
Homo sapiens cystatin A (stefin A) (CSTA), mRNA [NM_005213]
Homo sapiens integrin, alpha V (vitronectin receptor, alpha polypeptide, antigen CD51) (ITGAV), tra
Homo sapiens golgin A2 (GOLGA2), mRNA [NM_004486]
Homo sapiens solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 8 (SLC7
Homo sapiens ribosomal protein S4, Y-linked 1 (RPS4Y1), mRNA [NM_001008]
Homo sapiens pro-platelet basic protein (chemokine (C-X-C motif) ligand 7) (PPBP), mRNA [NM_002
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1 (HLA-DQA1), mRNA [NM_0021

Homo sapiens uncharacterized LOC729178 (LOC729178), non-coding RNA [NR_034115]
Homo sapiens uncharacterized LOC283050 (LOC283050), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_
Homo sapiens uncharacterized LOC100128420 (LOC100128420), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens PDZ and LIM domain 5 (PDLIM5), transcript variant 1, mRNA [NM_006457]
Homo sapiens CD226 molecule (CD226), mRNA [NM_006566]
Homo sapiens formyl peptide receptor 1 (FPR1), transcript variant 2, mRNA [NM_002029]
Homo sapiens chemokine-like factor (CKLF), transcript variant 4, mRNA [NM_181641]
EST10539 Adipose tissue, white | Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence [AA302842]

zr79a12.s1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:681886 3', mRNA sequence [AA2
Homo sapiens solute carrier family 17 (anion/sugar transporter), member 5 (SLC17A5), mRNA [NM_
major histocompatibility complex, class I, P (pseudogene) [Source:HGNC Symbol;Acc:21196] [ENSTO
Homo sapiens interleukin 8 (IL8), mRNA [NM_000584]
Homo sapiens growth arrest-specific 2 like 1 (GAS2L1), transcript variant 3, mRNA [NM_152237]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1 (HLA-DQA1), mRNA [NM_0021

Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14C (PPP1R14C), mRNA [NM_0: AV715291 DCB Homo sapiens cDNA clone DCBCDE09 5', mRNA sequence [AV715291]

Homo sapiens enkurin, TRPC channel interacting protein (ENKUR), mRNA [NM_145010]

Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor 2 (CCR2), transcript variant A, mRNA [NM_00112304]

Homo sapiens cytoplasmic polyadenylation element binding protein 4 (CPEB4), mRNA [NM_030627]

Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor 4 (CCR4), mRNA [NM_005508]

PREDICTED: Homo sapiens gamma-taxilin-like (LOC100509121), mRNA [XM_003120334]

Homo sapiens grainyhead-like 1 (Drosophila) (GRHL1), mRNA [NM_198182]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507540 (LOC100507540), miscRNA [XR_108989]

Homo sapiens histamine receptor H4 (HRH4), transcript variant 1, mRNA [NM_021624]

Homo sapiens mRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 2005635. [AL389942]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC440934 (LOC440934), miscRNA [XR_108436]

Homo sapiens transmembrane protein 170B (TMEM170B), mRNA [NM_001100829]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100653030 (LOC100653030), miscRNA [XR_132913]

Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor 2 (CCR2), transcript variant B, mRNA [NM_00112339]

Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 3, Y-linked (DDX3Y), transcript variant 2, mF

Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2D (p19, inhibits CDK4) (CDKN2D), transcript variar

histone cluster 1, H2ac [Source:HGNC Symbol;Acc:4733] [ENST00000314088]

Homo sapiens uncharacterized LOC100128420 (LOC100128420), transcript variant 1, non-coding RN

Homo sapiens G0/G1switch 2 (G0S2), mRNA [NM_015714]

Homo sapiens FYN binding protein (FYB), transcript variant 1, mRNA [NM_001465]

Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family F (with FYVE domain) member 2 (PLEI

Homo sapiens histone cluster 1, H2bk (HIST1H2BK), mRNA [NM_080593]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, J (pseudogene) (HLA-J), non-coding RNA [N

Homo sapiens interferon-related developmental regulator 1 (IFRD1), transcript variant 2, mRNA [NM

Homo sapiens tubulin, beta 1 class VI (TUBB1), mRNA [NM_030773]

Homo sapiens cDNA FLJ43991 fis, clone TESTI4019843, highly similar to Rattus norvegicus huntingtii

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006937), lincRNA [TCONS_I2_00012888]

Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14A (PPP1R14A), transcript vari

Homo sapiens kinesin-associated protein 3 (KIFAP3), transcript variant 1, mRNA [NM_014970]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130938 (LOC100130938), miscRNA [XR_110148]

Homo sapiens tubulin, alpha-like 3 (TUBAL3), transcript variant 1, mRNA [NM_024803]

Homo sapiens sorting nexin family member 21 (SNX21), transcript variant 4, mRNA [NM_00104263:

Homo sapiens formyl peptide receptor 3 (FPR3), mRNA [NM_002030]

Homo sapiens follistatin (FST), transcript variant FST344, mRNA [NM_013409]

Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 3 (Xenopus laevis) (DACT3), mRNA [NM

Homo sapiens complement component 3 (C3), mRNA [NM_000064]

Homo sapiens spermidine/spermine N1-acetyltransferase 1 (SAT1), transcript variant 1, mRNA [NM

Homo sapiens tumor protein p53 inducible nuclear protein 1 (TP53INP1), transcript variant 1, mRNA/

Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), transcript variant 1, mRNA [NM_0048

Homo sapiens transmembrane protein 55A (TMEM55A), mRNA [NM_018710]

Homo sapiens microphthalmia-associated transcription factor (MITF), transcript variant 1, mRNA [N

Homo sapiens peptidylglycine alpha-amidating monooxygenase (PAM), transcript variant 1, mRNA [

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506824 (LOC100506824), miscRNA [XR_108370]

Homo sapiens cathepsin L1 pseudogene 8 (CTSL1P8), non-coding RNA [NR_033405]
Homo sapiens platelet-derived growth factor beta polypeptide (PDGFB), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens RNA binding protein with multiple splicing 2 (RBPMS2), mRNA [NM_194272]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 2 (MAP3K2), mRNA [NM_006609]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 1 (RGS1), mRNA [NM_002922]
Homo sapiens ral guanine nucleotide dissociation stimulator-like 4 (RGL4), mRNA [NM_153615]
Q6NT14_HUMAN (Q6NT14) ZNF80 protein (Fragment), partial (13%) [THC2630350]
Homo sapiens Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; gamma polypeptide (FCER1G), mRNA
Homo sapiens family with sequence similarity 198, member B (FAM198B), transcript variant 2, mRNA
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130938 (LOC100130938), miscRNA [XR_110148]
Homo sapiens Epstein-Barr virus induced 3 (EBI3), mRNA [NM_005755]
Homo sapiens platelet-derived growth factor alpha polypeptide (PDGFA), transcript variant 2, mRNA
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 14 [Source:HGNC Symbol;Acc:1830
Homo sapiens NUAK family, SNF1-like kinase, 2 (NUAK2), mRNA [NM_030952]
Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 8 (CEACAM8), mRNA [NM_
Homo sapiens heat shock 27kDa protein 3 (HSPB3), mRNA [NM_006308]
Homo sapiens ribosomal protein S4, Y-linked 2 (RPS4Y2), mRNA [NM_001039567]
Homo sapiens amyloid beta (A4) precursor protein (APP), transcript variant 1, mRNA [NM_000484]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130938 (LOC100130938), miscRNA [XR_110148]
Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; gamma polypeptide [Source:HGNC Symbol;Acc:3611
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 3 (RGS3), transcript variant 4, mRNA [NM_134427]
Homo sapiens family with sequence similarity 107, member B (FAM107B), mRNA [NM_031453]
Homo sapiens S100 calcium binding protein P (S100P), mRNA [NM_005980]
Homo sapiens transmembrane and coiled-coil domain family 2 (TMCC2), transcript variant 1, mRNA
colony stimulating factor 2 receptor, alpha, low-affinity (granulocyte-macrophage) [Source:HGNC Sy
Homo sapiens myocardial zonula adherens protein (MYZAP), transcript variant 1, mRNA [NM_0010:
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1A, Y-linked (EIF1AY), mRNA [NM_004681]
Homo sapiens ATPase, aminophospholipid transporter (APLT), class I, type 8A, member 1 (ATP8A1),
Homo sapiens kelch-like 35 (Drosophila) (KLHL35), mRNA [NM_001039548]
Homo sapiens human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 2 (HIVEP2), mRNA [N
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), m
Homo sapiens LY6/PLAUR domain containing 1 (LYPD1), transcript variant 1, mRNA [NM_144586]
Homo sapiens ST6 beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 1 (ST6GAL1), transcript variant 1, r
Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus G6D (LY6G6D), mRNA [NM_021246]
Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 1 (MFSD1), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens taxilin gamma 2, pseudogene (TXLNG2P), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_0
Homo sapiens integrin, alpha 6 (ITGA6), transcript variant 2, mRNA [NM_000210]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 33 (C19orf33), mRNA [NM_033520]
Homo sapiens mannosidase, alpha, class 2A, member 1 (MAN2A1), mRNA [NM_002372]
Homo sapiens phosphodiesterase 5A, cGMP-specific (PDE5A), transcript variant 1, mRNA [NM_0010:
Homo sapiens serum/glucocorticoid regulated kinase 1 (SGK1), transcript variant 1, mRNA [NM_005
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2H (UBE2H), transcript variant 1, mRNA [NM_003344
Homo sapiens chromosome 13 open reading frame 15 (C13orf15), mRNA [NM_014059]

Homo sapiens FERM domain containing 4B (FRMD4B), mRNA [NM_015123]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 5 (DUSP5), mRNA [NM_004419]
Homo sapiens RAB32, member RAS oncogene family (RAB32), mRNA [NM_006834]
Homo sapiens RAP1B, member of RAS oncogene family (RAP1B), transcript variant 1, mRNA [NM_0:
Homo sapiens ubiquitin associated and SH3 domain containing B (UBASH3B), mRNA [NM_032873]
Homo sapiens solute carrier family 7 (anionic amino acid transporter light chain, xc- system), memb
Homo sapiens prion protein (PRNP), transcript variant 1, mRNA [NM_000311]
Homo sapiens nidogen 1 (NID1), mRNA [NM_002508]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009311), lincRNA [TCONS_I2_00017628]
Homo sapiens tumor necrosis factor (TNF), mRNA [NM_000594]

Homo sapiens transmembrane protein 40 (TMEM40), mRNA [NM_018306]
Homo sapiens solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, y+L system), member 7 (SL
RST20757 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG201536]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 1 (melanoma growth stimulating activity, alpha) (CXC
Homo sapiens SWI5 recombination repair homolog (yeast) (SWI5), mRNA [NM_001040011]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130938 (LOC100130938), miscRNA [XR_110148]
Homo sapiens uncharacterized LOC728431 (LOC728431), non-coding RNA [NR_038842]
Homo sapiens immediate early response 3 (IER3), mRNA [NM_003897]
Homo sapiens hemoglobin, beta (HBB), mRNA [NM_000518]
Homo sapiens egf-like module containing, mucin-like, hormone receptor-like 1 (EMR1), mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012953), lincRNA [TCONS_I2_00024711]
Homo sapiens tripartite motif containing 13 (TRIM13), transcript variant 3, mRNA [NM_213590]
Homo sapiens phosphodiesterase 4B, cAMP-specific (PDE4B), transcript variant d, mRNA [NM_001C
IL2-NT0102-160600-105-C03 NT0102 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BF366239]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505573 (LOC100505573), miscRNA [XR_109180]
Homo sapiens chitinase 1 (chitotriosidase) (CHIT1), mRNA [NM_003465]
Homo sapiens left-right determination factor 1 (LEFTY1), mRNA [NM_020997]
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 1 (C18orf1), transcript variant a2, mRNA [NM_1
Homo sapiens growth arrest-specific 2 like 1 pseudogene (LOC340508), non-coding RNA [NR_00294
Homo sapiens clone 23963 mRNA sequence. [AF007131]
Homo sapiens mesoderm specific transcript homolog (mouse) (MEST), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens integrin, alpha 6 (ITGA6), transcript variant 2, mRNA [NM_000210]
Homo sapiens family with sequence similarity 63, member A (FAM63A), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens uncharacterized LOC441307 (FLJ44511), non-coding RNA [NR_033963]
Homo sapiens mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,6-N-acetyl-glucosaminyltransferase, isozy
Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant
Homo sapiens coiled-coil domain containing 19 (CCDC19), mRNA [NM_012337]
Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 3 (TNFAIP3), mRNA [NM_006290]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 116 (C1orf116), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens cDNA FLJ33983 fis, clone DFNES2004684. [AK091302]
Homo sapiens cyclin J-like (CCNJL), mRNA [NM_024565]
Homo sapiens nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, alpha (NI
Homo sapiens haptoglobin (HP), transcript variant 1, mRNA [NM_005143]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC728975 (LOC728975), miscRNA [XR_110914]
Homo sapiens stannin (SNN), mRNA [NM_003498]
Homo sapiens TRAF2 and NCK interacting kinase (TNIK), transcript variant 9, non-coding RNA [NR_0
Homo sapiens tubulin, alpha 8 (TUBA8), transcript variant 1, mRNA [NM_018943]
Homo sapiens solute carrier family 31 (copper transporters), member 2 (SLC31A2), mRNA [NM_001
Homo sapiens tubulin, alpha 3c (TUBA3C), mRNA [NM_006001]
Homo sapiens lipase, hepatic (LIPC), mRNA [NM_000236]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 21 (ARHGAP21), mRNA [NM_020824]
Q26195_PLAVI (Q26195) Pva1 protein, partial (11%) [THC2719986]
Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase, acid-like 3A (SMPDL3A), mRNA [NM_006714]
Homo sapiens enkurin, TRPC channel interacting protein (ENKUR), mRNA [NM_145010]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 34 (GPR34), transcript variant 4, mRNA [NM_001097579]
Homo sapiens diacylglycerol kinase, gamma 90kDa (DGKG), transcript variant 1, mRNA [NM_001346]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha z polypeptide (GNAZ), mRNA [N
Homo sapiens glutaminyl-peptide cyclotransferase (QPCT), mRNA [NM_012413]
Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 3 (LGALS3), transcript variant 1, mRNA [NM_002:
Homo sapiens neuralized homolog 3 (Drosophila) pseudogene (NEURL3), non-coding RNA [NR_0268
Homo sapiens ADAM-like, decysin 1 (ADAMDEC1), transcript variant 2, mRNA [NM_001145271]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009994), lincRNA [TCONS_00020694]
Homo sapiens delta-like 1 homolog (Drosophila) (DLK1), mRNA [NM_003836]
Homo sapiens Kruppel-like factor 9 (KLF9), mRNA [NM_001206]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007656), lincRNA [TCONS_I2_00014098]

Homo sapiens C-type lectin domain family 1, member B (CLEC1B), transcript variant 1, mRNA [NM_ (

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507507 (LOC100507507), miscRNA [XR_108783]
Homo sapiens SPOC domain containing 1 (SPOCD1), mRNA [NM_144569]
interleukin 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:6025] [ENST00000401931]
Homo sapiens B-cell scaffold protein with ankyrin repeats 1 (BANK1), transcript variant 1, mRNA [NI
O52K2_HUMAN (Q8NGK3) Olfactory receptor 52K2, partial (29%) [THC2647746]
Homo sapiens lymphatic vessel endothelial hyaluronan receptor 1 (LYVE1), mRNA [NM_006691]
Homo sapiens jun proto-oncogene (JUN), mRNA [NM_002228]
Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2), mRNA [NM_006528]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 97 (C6orf97), mRNA [NM_025059]
Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog B (avian) (MAFB), mRNA/
Homo sapiens phospholipase C, eta 1 (PLCH1), transcript variant 2, mRNA [NM_014996]
Homo sapiens MOB kinase activator 3C (MOB3C), transcript variant 1, mRNA [NM_145279]
Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor-like 2 (F2RL2), mRNA [NM_004101]
Homo sapiens ninjurin 1 (NINJ1), mRNA [NM_004148]
Homo sapiens phosphodiesterase 4D, cAMP-specific (PDE4D), transcript variant 3, mRNA [NM_0011
Homo sapiens transmembrane protein 176B (TMEM176B), transcript variant 1, mRNA [NM_014020
Homo sapiens C-type lectin domain family 1, member B (CLEC1B), transcript variant 1, mRNA [NM_ (

Homo sapiens pleckstrin homology-like domain, family A, member 1 (PHLDA1), mRNA [NM_007350]
Homo sapiens sulfide quinone reductase-like (yeast) (SQRDL), nuclear gene encoding mitochondrial
Homo sapiens inhibitor of DNA binding 2, dominant negative helix-loop-helix protein (ID2), mRNA [I

pigeon homolog (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:28042] [ENST00000334003]
Homo sapiens adducin 3 (gamma) (ADD3), transcript variant 1, mRNA [NM_016824]
Homo sapiens hemoglobin, zeta (HBZ), mRNA [NM_005332]
Homo sapiens immediate early response 3 (IER3), mRNA [NM_003897]
Homo sapiens prickle homolog 1 (Drosophila) (PRICKLE1), transcript variant 1, mRNA [NM_153026]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100287049 (LOC100287049), miscRNA [XR_132477]
Homo sapiens tetraspanin 18 (TSPAN18), mRNA [NM_130783]
Homo sapiens Kruppel-like factor 2 (lung) (KLF2), mRNA [NM_016270]
Homo sapiens lipase A, lysosomal acid, cholesterol esterase (LIPA), transcript variant 2, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens uncharacterized LOC285954 (LOC285954), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001142343]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1A, Y-linked (EIF1AY), mRNA [NM_004681]
Homo sapiens integrin, alpha M (complement component 3 receptor 3 subunit) (ITGAM), transcript variant 1, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA [NM_003279]
Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus G6F (LY6G6F), mRNA [NM_001003693]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 53 (USP53), mRNA [NM_019050]
Homo sapiens integral membrane protein 2B (ITM2B), mRNA [NM_021999]
Homo sapiens chemokine-like receptor 1 (CMKLR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens solute carrier family 35, member D3 (SLC35D3), mRNA [NM_001008783]
Homo sapiens low density lipoprotein receptor-related protein 12 (LRP12), transcript variant 1, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, B (HLA-B), mRNA [NM_005514]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 4 (CCL4), transcript variant 1, mRNA [NM_002984]
Homo sapiens SMAD family member 7 (SMAD7), transcript variant 1, mRNA [NM_005904]
Homo sapiens spleen/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 1 (SPSB1), mRNA [NM_021999]
Homo sapiens energy homeostasis associated (ENHO), mRNA [NM_198573]
Homo sapiens monocyte to macrophage differentiation-associated (MMD), mRNA [NM_012329]
Homo sapiens phospholipase A2, group IVC (cytosolic, calcium-independent) (PLA2G4C), transcript variant 1, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma (GADD45G), mRNA [NM_006705]
Homo sapiens microfibrillar-associated protein 3-like (MFAP3L), transcript variant 1, mRNA [NM_021999]
Homo sapiens gap junction protein, alpha 4, 37kDa (GJA4), mRNA [NM_002060]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, J (PTPRJ), transcript variant 1, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens toll-like receptor 2 (TLR2), mRNA [NM_003264]
Homo sapiens hemoglobin, zeta (HBZ), mRNA [NM_005332]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 4 (CCL4), transcript variant 1, mRNA [NM_002984]
Homo sapiens par-3 partitioning defective 3 homolog (C. elegans) (PARD3), transcript variant 9, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens N-acetyltransferase 8B (GCN5-related, putative, gene/pseudogene) (NAT8B), mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens transmembrane protein 176A (TMEM176A), mRNA [NM_018487]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3 (ABCC3), transcript variant 1, mRNA [NM_001142343]
Homo sapiens family with sequence similarity 107, member B (FAM107B), mRNA [NM_031453]
Homo sapiens ghrelin/obestatin prepropeptide (GHRL), transcript variant 1, mRNA [NM_016362]
Homo sapiens transmembrane protein 40 (TMEM40), mRNA [NM_018306]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 34 (C14orf34), transcript variant 1, non-coding RNA [NM_001142343]
Homo sapiens basic helix-loop-helix family, member e40 (BHLHE40), mRNA [NM_003670]
BX093705 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998A044130 ; IMAGE:1628043,
Homo sapiens solute carrier organic anion transporter family, member 2B1 (SLCO2B1), transcript variant 1, mRNA [NM_001142343]

Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 12 (NLRP12), transcript variant 1, mRNA [NM_001167890]

Homo sapiens EGF-like-domain, multiple 6 (EGFL6), transcript variant 2, mRNA [NM_001167890]

Homo sapiens pigeon homolog (Drosophila) (PION), mRNA [NM_017439]

Homo sapiens CD24 molecule (CD24), mRNA [NM_013230]

Homo sapiens ENTH domain containing 1 (ENTHD1), mRNA [NM_152512]

DENN/MADD domain containing 2C [Source:HGNC Symbol;Acc:24748] [ENST00000369540]

Homo sapiens monoglyceride lipase (MGLL), transcript variant 1, mRNA [NM_007283]

Homo sapiens endonuclease domain containing 1 (ENDOD1), mRNA [NM_015036]

Homo sapiens murine retrovirus integration site 1 homolog (MRVI1), transcript variant 2, mRNA [NM_001130861]

Homo sapiens claudin 5 (CLDN5), transcript variant 1, mRNA [NM_001130861]

Homo sapiens anoctamin 6 (ANO6), transcript variant 1, mRNA [NM_001025356]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, B (HLA-B), mRNA [NM_005514]

Homo sapiens interleukin 5 receptor, alpha (IL5RA), transcript variant 3, mRNA [NM_175725]

Homo sapiens myosin, light chain 9, regulatory (MYL9), transcript variant 2, mRNA [NM_181526]

Homo sapiens CD200 receptor 1 (CD200R1), transcript variant 2, mRNA [NM_138939]

Homo sapiens monoglyceride lipase (MGLL), transcript variant 1, mRNA [NM_007283]

Homo sapiens homogentisate 1,2-dioxygenase (HGD), mRNA [NM_000187]

Homo sapiens solute carrier family 1 (glial high affinity glutamate transporter), member 3 (SLC1A3), mRNA [NM_002357]

Homo sapiens MAX dimerization protein 1 (MXD1), transcript variant 1, mRNA [NM_002357]

Homo sapiens cystatin F (leukocystatin) (CST7), mRNA [NM_003650]

Homo sapiens interleukin-1 receptor-associated kinase 2 (IRAK2), mRNA [NM_001570]

Homo sapiens baculoviral IAP repeat containing 3 (BIRC3), transcript variant 1, mRNA [NM_001165]

Homo sapiens hemoglobin, alpha 2 (HBA2), mRNA [NM_000517]

602622620F1 NCI_CGAP_Skn4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4747804 5', mRNA sequence [BG602622620F1]

Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]

Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 59 (C19orf59), mRNA [NM_174918]

Homo sapiens pannexin 1 (PANX1), mRNA [NM_015368]

Homo sapiens transmembrane protein 82 (TMEM82), mRNA [NM_001013641]

Homo sapiens G protein-coupled receptor kinase 5 (GRK5), mRNA [NM_005308]

Homo sapiens ficolin (collagen/fibrinogen domain containing) 1 (FCN1), mRNA [NM_002003]

Homo sapiens C-type lectin domain family 1, member B (CLEC1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001167890]

Homo sapiens SH3-domain binding protein 5 (BTK-associated) (SH3BP5), transcript variant 1, mRNA [NM_001167890]

Homo sapiens CD96 molecule (CD96), transcript variant 1, mRNA [NM_198196]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, F (HLA-F), transcript variant 3, mRNA [NM_001167890]

Homo sapiens uncharacterized LOC644246 (LOC644246), non-coding RNA [NR_034172]

Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 2 (CCL2), mRNA [NM_002982]

Homo sapiens peptidyl arginine deiminase, type IV (PADI4), mRNA [NM_012387]

Homo sapiens adrenomedullin (ADM), mRNA [NM_001124]

Homo sapiens pre T-cell antigen receptor alpha (PTCRA), transcript variant 1, mRNA [NM_00124316]

Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 9 (TNFRSF9), mRNA [NM_001566]

Homo sapiens microfibrillar-associated protein 3-like (MFAP3L), transcript variant 1, mRNA [NM_001167890]

Homo sapiens regulator of G-protein signaling 16 (RGS16), mRNA [NM_002928]

Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 96 (C11orf96), mRNA [NM_001145033]

Homo sapiens copine V (CPNE5), mRNA [NM_020939]

Homo sapiens complement component 1, q subcomponent, A chain (C1QA), mRNA [NM_015991]
Homo sapiens carbonic anhydrase II (CA2), mRNA [NM_000067]
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 5D (KDM5D), transcript variant 2, mRNA [NM_004653]
Homo sapiens transmembrane protein 158 (gene/pseudogene) (TMEM158), mRNA [NM_015444]
Homo sapiens KIAA1324 (KIAA1324), mRNA [NM_020775]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 3, Y-linked (DDX3Y), transcript variant 1, mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens cathepsin L1 (CTSL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001912]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Isk-related family, member 3 (KCNE3), mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells-like 1 (TREM1), mRNA [NM_178174]
Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells 2 (TREM2), mRNA [NM_018965]
Homo sapiens dishevelled associated activator of morphogenesis 1 (DAAM1), mRNA [NM_014992]
Homo sapiens uncharacterized LOC644246 (LOC644246), non-coding RNA [NR_034172]
Homo sapiens S100 calcium binding protein A8 (S100A8), mRNA [NM_002964]
Homo sapiens proteoglycan 3 (PRG3), mRNA [NM_006093]
Homo sapiens hemoglobin, epsilon 1 (HBE1), mRNA [NM_005330]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 95 (C1orf95), mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 48 (C15orf48), transcript variant 2, mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens ventricular zone expressed PH domain homolog 1 (zebrafish) (VEPH1), transcript variant 1, mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens PERP, TP53 apoptosis effector (PERP), mRNA [NM_022121]
Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin 15 (SIGLEC15), mRNA [NM_213602]
Homo sapiens oligodendrocyte transcription factor 1 (OLIG1), mRNA [NM_138983]
Homo sapiens syndecan 4 (SDC4), mRNA [NM_002999]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 9 (RGS9), transcript variant 1, mRNA [NM_003835]
Homo sapiens selectin E (SELE), mRNA [NM_000450]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507039, transcript variant 1 (LOC100507039), mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens platelet factor 4 variant 1 (PF4V1), mRNA [NM_002620]
Homo sapiens BCL2-related protein A1 (BCL2A1), transcript variant 1, mRNA [NM_004049]
Homo sapiens clone Affy2H6-6, mRNA sequence. [DQ656067]
Homo sapiens neutrophil cytosolic factor 2 (NCF2), transcript variant 1, mRNA [NM_000433]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 1 (melanoma growth stimulating activity, alpha) (CXCL1), mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens multiple C2 domains, transmembrane 1 (MCTP1), transcript variant L, mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3 (ABCC3), transcript variant 1, mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 5 (CCL5), mRNA [NM_002985]
Homo sapiens bactericidal/permeability-increasing protein (BPI), mRNA [NM_001725]
Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 12 (LGALS12), transcript variant 2, mRNA [NM_001003665]
Homo sapiens lipase, member H (LIPH), mRNA [NM_139248]
Homo sapiens lectin, galactoside-binding-like (LGALS1), mRNA [NM_014181]
Homo sapiens V-set and transmembrane domain containing 1 (VSTM1), mRNA [NM_198481]
Homo sapiens solute carrier family 15, member 3 (SLC15A3), transcript variant 1, mRNA [NM_016581]
Homo sapiens activating transcription factor 3 (ATF3), transcript variant 4, mRNA [NM_001040619]
Homo sapiens resistin (RETN), transcript variant 1, mRNA [NM_020415]
Homo sapiens chitinase 3-like 1 (cartilage glycoprotein-39) (CHI3L1), mRNA [NM_001276]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 16 (RGS16), mRNA [NM_002928]
Homo sapiens matrix metalloproteinase 12 (macrophage elastase) (MMP12), mRNA [NM_002426]

Homo sapiens parvalbumin (PVALB), mRNA [NM_002854]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012863), lincRNA [TCONS_00026542]
Homo sapiens class II, major histocompatibility complex, transactivator (CIITA), mRNA [NM_000246]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), beta 5 (GNB5), transcript variant 2, mRNA [NM_00100246]
Homo sapiens Mdm1 nuclear protein homolog (mouse) (MDM1), transcript variant 2, mRNA [NM_00100246]
Homo sapiens A kinase (PRKA) anchor protein 12 (AKAP12), transcript variant 1, mRNA [NM_005101]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 16 (ANKRD16), transcript variant 2, mRNA [NM_001009941]
Homo sapiens SMYD family member 5 (SMYD5), mRNA [NM_006062]
Homo sapiens iduronate 2-sulfatase (IDS), transcript variant 2, mRNA [NM_006123]
Homo sapiens arginase, liver (ARG1), transcript variant 1, mRNA [NM_001244438]
Homo sapiens helicase with zinc finger (HE LZ), mRNA [NM_014877]
Homo sapiens STON1-GTF2A1L readthrough (STON1-GTF2A1L), transcript variant 1, mRNA [NM_177442]
PREDICTED: Homo sapiens cytokine receptor CRL2 (LOC100287290), mRNA [XM_002342405]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 69 (SNORD69), small nucleolar RNA [NR_003057]
Homo sapiens mutS homolog 2, colon cancer, nonpolyposis type 1 (E. coli) (MSH2), mRNA [NM_00100246]
Homo sapiens ribonuclease T2 (RNASET2), mRNA [NM_003730]
Homo sapiens uncharacterized LOC100292680 (LOC100292680), non-coding RNA [NR_028415]
Homo sapiens zinc finger protein 76 (ZNF76), mRNA [NM_003427]
Homo sapiens cancer/testis antigen family 45, member A5 (CT45A5), transcript variant 1, mRNA [NM_00100246]
Homo sapiens cDNA FLJ36403 fis, clone THYMU2009948. [AK093722]
Homo sapiens protein kinase N3 (PKN3), mRNA [NM_013355]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 8 (ABCA8), mRNA [NM_007168]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 10 (DDX10), mRNA [NM_004398]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007832), lincRNA [TCONS_I2_00014331]
Homo sapiens cDNA FLJ42583 fis, clone BRACE3009090. [AK124574]
Homo sapiens solute carrier family 25, member 26 (SLC25A26), nuclear gene encoding mitochondrially encoded protein
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 73A (SNORA73A), small nucleolar RNA [NR_002907]
Homo sapiens cell division cycle associated 5 (CDCA5), mRNA [NM_080668]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein 1, 51kDa (NDUFV1), nuclear gene encoding protein
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008152), lincRNA [TCONS_00017504]
Homo sapiens DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 (DDX11), transcript variant 1, mRNA [NM_00100246]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006513), lincRNA [TCONS_00013877]
Homo sapiens KIAA1462 (KIAA1462), mRNA [NM_020848]
Homo sapiens emopamil binding protein-like (EBPL), mRNA [NM_032565]
Homo sapiens block of proliferation 1 (BOP1), mRNA [NM_015201]
Homo sapiens uncharacterized locus LOC441204 (LOC441204), non-coding RNA [NR_015364]
Homo sapiens REC8 homolog (yeast) (REC8), transcript variant 2, mRNA [NM_001048205]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009140), lincRNA [TCONS_I2_00017153]
Homo sapiens NOP58 ribonucleoprotein homolog (yeast) (NOP58), mRNA [NM_015934]
Homo sapiens zinc finger protein 337 (ZNF337), mRNA [NM_015655]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade G (C1 inhibitor), member 1 (SERPING1), transcript variant 1, mRNA [NM_00100246]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 80 (SNORA80), small nucleolar RNA [NR_002996]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 11 (ZDHHC11), mRNA [NM_024786]

Homo sapiens zinc finger protein 512B (ZNF512B), mRNA [NM_020713]
Homo sapiens sterile alpha motif and leucine zipper containing kinase AZK (ZAK), transcript variant :
Homo sapiens golgin A8 family, member I, pseudogene (GOLGA8IP), non-coding RNA [NR_024074]
Homo sapiens zinc finger protein 320 (ZNF320), mRNA [NM_207333]
Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 1 (ANAPC1), mRNA [NM_022662]
Homo sapiens DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 37 (DHX37), mRNA [NM_032656]
Homo sapiens solute carrier family 5 (sodium-dependent vitamin transporter), member 6 (SLC5A6),
Homo sapiens sorting nexin 5 (SNX5), transcript variant 2, mRNA [NM_014426]
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 58 (C10orf58), transcript variant 4, mRNA [NM_
Homo sapiens GTP binding protein 3 (mitochondrial) (GTPBP3), nuclear gene encoding mitochondri:

Homo sapiens uncharacterized LOC100129387 (LOC100129387), non-coding RNA [NR_024490]

Homo sapiens smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (C. elegans) (SMG1), mF
Homo sapiens dynactin 5 (p25) (DCTN5), transcript variant 2, mRNA [NM_001199011]
Homo sapiens hairy/enhancer-of-split related with YRPW motif 1 (HEY1), transcript variant 2, mRNA
protein kinase, cAMP-dependent, catalytic, beta [Source:HGNC Symbol;Acc:9381] [ENST000003706:
Homo sapiens solute carrier family 8 (sodium/calcium exchanger), member 1 (SLC8A1), transcript v:
Homo sapiens pseudouridylate synthase 7 homolog (S. cerevisiae) (PUS7), mRNA [NM_019042]
Homo sapiens uncharacterized LOC389831 (LOC389831), mRNA [NM_001242480]
Homo sapiens ribosomal protein S4, X-linked (RPS4X), mRNA [NM_001007]
Homo sapiens centromere protein A (CENPA), transcript variant 1, mRNA [NM_001809]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S2 (MRPS2), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens T-cell leukemia/lymphoma 1A (TCL1A), transcript variant 1, mRNA [NM_021966]
Homo sapiens RNA, U105A small nucleolar (RNU105A), small nucleolar RNA [NR_004404]
Homo sapiens malonyl CoA:ACP acyltransferase (mitochondrial) (MCAT), nuclear gene encoding mit
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 45 (C16orf45), transcript variant 1, mRNA [NM_
LOC652203 proteinUncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q32Q44] [ENST000003
Q6IHG2_DROME (Q6IHG2) HDC02633, partial (8%) [THC2534303]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC400692 (LOC400692), miscRNA [XR_109520]
Homo sapiens family with sequence similarity 203, member A (FAM203A), mRNA [NM_016458]
Q4RES2_TETNG (Q4RES2) Chromosome 13 SCAF15122, whole genome shotgun sequence, partial (1
Homo sapiens family with sequence similarity 207, member A (FAM207A), mRNA [NM_058190]
Homo sapiens cDNA FLJ41951 fis, clone PROST1000528. [AK123945]
Homo sapiens MYC-associated zinc finger protein (purine-binding transcription factor) (MAZ), trans
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014720), lincRNA [TCONS_I2_00028644]
Homo sapiens guanylate binding protein 5 (GBP5), transcript variant 1, mRNA [NM_052942]
Homo sapiens methyltransferase like 1 (METTL1), transcript variant 1, mRNA [NM_005371]
Homo sapiens cDNA FLJ45482 fis, clone BRTHA2001953. [AK127393]
Homo sapiens fibulin 2 (FBLN2), transcript variant 1, mRNA [NM_001004019]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens calcyclin binding protein (CACYPB), transcript variant 1, mRNA [NM_014412]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 5A (EIF5A), transcript variant B, mRNA [NM_0C
Homo sapiens imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding) (IPW), non-coding RNA [NR_

HUMHSP60A chaperonin (HSP60) {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (46%) [THC253747]
Homo sapiens single stranded DNA binding protein 4 (SSBP4), transcript variant 1, mRNA [NM_0326]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005438), lincRNA [TCONS_I2_00010087]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2 (HNRNPA1L2), transcript variant :
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001971), lincRNA [TCONS_I2_00003557]
Homo sapiens paraneoplastic antigen like 5 (PNMA5), transcript variant 3, mRNA [NM_052926]
Homo sapiens carnitine palmitoyltransferase 1B (muscle) (CPT1B), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens dpy-19-like 2 pseudogene 3 (C. elegans) (DPY19L2P3), transcript variant 1, non-codin

Homo sapiens family with sequence similarity 86, member A pseudogene (FLJ10661), transcript vari
Homo sapiens zinc finger protein 579 (ZNF579), mRNA [NM_152600]
Homo sapiens uncharacterized LOC100128881 (LOC100128881), non-coding RNA [NR_036480]
Homo sapiens endogenous retrovirus group MER34, member 1 (ERVMER34-1), transcript variant 2,
Homo sapiens son of sevenless homolog 1 (Drosophila) (SOS1), mRNA [NM_005633]
Homo sapiens acylglycerol kinase (AGK), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_
Homo sapiens stimulated by retinoic acid 13 homolog (mouse) (STRA13), mRNA [NM_144998]
Homo sapiens SAC3 domain containing 1 (SAC3D1), mRNA [NM_013299]
Homo sapiens dystonin (DST), transcript variant 1e, mRNA [NM_001723]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 14 (ZDHHC14), transcript variant 2, mRNA [NM_15
Homo sapiens solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, betaine/GABA), member 12 (SL
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 79 (C17orf79), mRNA [NM_018405]
Homo sapiens M-phase phosphoprotein 9 (MPHOSPH9), mRNA [NM_022782]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128563 (LOC100128563), miscRNA [XR_132703]
Homo sapiens PIF1 5'-to-3' DNA helicase homolog (S. cerevisiae) (PIF1), mRNA [NM_025049]
Homo sapiens isoleucyl-tRNA synthetase (IARS), transcript variant long, mRNA [NM_013417]
Homo sapiens potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, i
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC729570, transcript variant 2 (LOC729570), miscRNA [XR
Homo sapiens TWIST neighbor (TWISTNB), mRNA [NM_001002926]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 16B (SNORA16B), small nucleolar RNA [NR_004389]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 59B (SNORD59B), small nucleolar RNA [NR_003046]
Homo sapiens KIAA1522 (KIAA1522), transcript variant 1, mRNA [NM_020888]
Homo sapiens leucine zipper, down-regulated in cancer 1 (LDOC1), mRNA [NM_012317]
Homo sapiens PHD finger protein 16 (PHF16), transcript variant 1, mRNA [NM_014735]
Homo sapiens tet methylcytosine dioxygenase 1 (TET1), mRNA [NM_030625]
Homo sapiens netrin 1 (NTN1), mRNA [NM_004822]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 4 (non-protein coding) (SNHG4), transcript variant 2, r
Homo sapiens tRNA methyltransferase 61 homolog A (S. cerevisiae) (TRMT61A), mRNA [NM_15230
Homo sapiens leprecan-like 4 (LEPREL4), mRNA [NM_006455]
Homo sapiens structure specific recognition protein 1 (SSRP1), mRNA [NM_003146]
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member A (FAM86A), transcript variant 1, mRNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008015), lincRNA [TCONS_00017433]
Homo sapiens CD8b molecule (CD8B), transcript variant 5, mRNA [NM_004931]
Homo sapiens proline-rich coiled-coil 2B (PRRC2B), mRNA [NM_013318]
Homo sapiens unc-51-like kinase 3 (C. elegans) (ULK3), mRNA [NM_001099436]

Homo sapiens cDNA FLJ46080 fis, clone TESTI2004971. [AK127966]
Homo sapiens acyl-CoA thioesterase 11 (ACOT11), transcript variant 2, mRNA [NM_147161]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 10 (SAMD10), mRNA [NM_080621]
Homo sapiens LUC7-like (*S. cerevisiae*) (LUC7L), transcript variant 2, mRNA [NM_201412]
Homo sapiens zinc finger protein 74 (ZNF74), transcript variant 1, mRNA [NM_003426]
Homo sapiens KH domain containing, RNA binding, signal transduction associated 3 (KHDRBS3), mR
Homo sapiens PCNA antisense RNA 1 (non-protein coding) (PCNA-AS1), non-coding RNA [NR_02837]
Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 9 (CARD9), transcript variant 1, mRNA [
Homo sapiens zinc finger, matrin-type 1 (ZMAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001011657]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 54 (USP54), mRNA [NM_152586]
Homo sapiens interleukin 4 receptor (IL4R), transcript variant 1, mRNA [NM_000418]
Homo sapiens mutY homolog (*E. coli*) (MUTYH), transcript variant alpha1, mRNA [NM_012222]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase like 1 (USPL1), mRNA [NM_005800]
Homo sapiens apolipoprotein L, 4 (APOL4), transcript variant a, mRNA [NM_030643]
Homo sapiens uncharacterized LOC147646 (LOC147646), mRNA [NM_001193623]
Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 21 (TNFRSF21), mRNA [NM_014
Homo sapiens BRX1, biogenesis of ribosomes, homolog (*S. cerevisiae*) (BRX1), mRNA [NM_018321]
Homo sapiens solute carrier family 20 (phosphate transporter), member 1 (SLC20A1), mRNA [NM_0
Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), transcript variant 2, mRNA [NM_02274
Homo sapiens tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1 (TRANK1), mRNA [NM_014
Homo sapiens keratin 6B (KRT6B), mRNA [NM_005555]
Homo sapiens acyl-CoA synthetase family member 2 (ACSF2), mRNA [NM_025149]
Homo sapiens ectodysplasin A2 receptor (EDA2R), transcript variant 3, mRNA [NM_001242310]
Homo sapiens replication factor C (activator 1) 3, 38kDa (RFC3), transcript variant 1, mRNA [NM_00
AF310676 E3 ubiquitin ligase SMURF2 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (5%) [THC2558
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 10 (USP10), mRNA [NM_005153]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 49 (DDX49), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens breast cancer 2, early onset (BRCA2), mRNA [NM_000059]
Homo sapiens transformation/transcription domain-associated protein (TRRAP), transcript variant 2
Homo sapiens endogenous retrovirus group MER34, member 1 (ERMER34-1), transcript variant 2,
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1 like 4A (EPB41L4A), mRNA [NM_022140]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L12 (MRPL12), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens THO complex 4 (THOC4), mRNA [NM_005782]
Homo sapiens diaphanous homolog 3 (*Drosophila*) (DIAPH3), transcript variant 2, mRNA [NM_0309:
Homo sapiens RIMS binding protein 3 (RIMBP3), mRNA [NM_015672]
Homo sapiens complement factor H (CFH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript
Homo sapiens calponin 3, acidic (CNN3), mRNA [NM_001839]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2 (HNRNPA1L2), transcript variant :
Homo sapiens ankyrin repeat domain 36 (ANKRD36), mRNA [NM_001164315]
Homo sapiens RNA binding protein, fox-1 homolog (*C. elegans*) 2 (RBFox2), transcript variant 1, mR
Homo sapiens uncharacterized LOC100507218 (LOC100507218), non-coding RNA [NR_040017]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 28 (C17orf28), mRNA [NM_030630]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 49A (SNORD49A), small nucleolar RNA [NR_002744]
Homo sapiens thyroid hormone receptor interactor 13 (TRIP13), transcript variant 2, mRNA [NM_0C

Homo sapiens transcription factor CP2 (TFCP2), transcript variant 1, mRNA [NM_005653]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 3 (CCDC3), mRNA [NM_031455]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 63 (C5orf63), transcript variant 2, mRNA [NM_005653]
Homo sapiens carboxypeptidase X (M14 family), member 1 (CPXM1), transcript variant 1, mRNA [NM_005653]
Homo sapiens DEP domain containing 7 (DEPDC7), transcript variant 2, mRNA [NM_139160]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 45 (SNORA45), small nucleolar RNA [NR_002977]
Homo sapiens kelch domain containing 4 (KLHDC4), transcript variant 3, mRNA [NM_001184854]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 10, 42kDa (NDUFA10), nuclear DNA-encoding, mitochondrial, mRNA [NM_001184854]
Homo sapiens nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1 (NOLC1), mRNA [NM_004741]
Homo sapiens cellular retinoic acid binding protein 1 (CRABP1), mRNA [NM_004378]
Homo sapiens RNA pseudouridylylase domain containing 4 (RPU4), transcript variant 1, mRNA [NM_001184854]
Homo sapiens nucleoporin 205kDa (NUP205), mRNA [NM_015135]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100509487 (LOC100509487), miscRNA [XR_111767]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 12C (SNORD12C), small nucleolar RNA [NR_002433]
Homo sapiens RAD51 homolog D (S. cerevisiae) (RAD51D), transcript variant 6, mRNA [NM_001142]
Homo sapiens ataxia telangiectasia and Rad3 related (ATR), mRNA [NM_001184]
Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily 1, isoform 1
Homo sapiens ribosomal protein L7 (RPL7), mRNA [NM_000971]
Homo sapiens uncharacterized LOC643406 (LOC643406), non-coding RNA [NR_029405]
Homo sapiens guanylate cyclase 2E (GUCY2E), non-coding RNA [NR_024042]
Homo sapiens neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 1 (NTRK1), transcript variant 2, mRNA [NM_001184]
Homo sapiens telomeric repeat binding factor 2, interacting protein (TERF2IP), mRNA [NM_018975]
Homo sapiens F-box protein 15 (FBXO15), transcript variant 1, mRNA [NM_152676]
Homo sapiens actin related protein 2/3 complex, subunit 1B, 41kDa (ARPC1B), mRNA [NM_005720]
Homo sapiens JAZF zinc finger 1 (JAZF1), mRNA [NM_175061]
Homo sapiens uncharacterized LOC100129617 (LOC100129617), non-coding RNA [NR_045112]
Q275K3_MYCFV (Q275K3) Phage integrase, partial (4%) [THC2725860]
Homo sapiens transducer of ERBB2, 1 (TOB1), transcript variant 1, mRNA [NM_005749]
Homo sapiens protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type II, beta (PRKAR2B), mRNA [NM_001184]
Homo sapiens leptin receptor overlapping transcript (LEPROT), transcript variant 1, mRNA [NM_011842]
Homo sapiens glycoprotein Ib (platelet), alpha polypeptide (GP1BA), mRNA [NM_000173]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007207), lincRNA [TCONS_00015162]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506816 (LOC100506816), miscRNA [XR_108400]
Homo sapiens mixed lineage kinase 4 (KIAA1804), mRNA [NM_032435]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 12 (TNFSF12), transcript variant 1
Homo sapiens transforming growth factor, beta 1 (TGFB1), mRNA [NM_000660]
Homo sapiens sideroflexin 3 (SFXN3), mRNA [NM_030971]
Homo sapiens AT rich interactive domain 5A (MRF1-like) (ARID5A), mRNA [NM_212481]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012244), lincRNA [TCONS_00025429]
Homo sapiens vascular endothelial growth factor A (VEGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_001024]
Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 12A (ZC3H12A), mRNA [NM_025079]
Homo sapiens transducin-like enhancer of split 4 (E(sp1) homolog, Drosophila) (TLE4), mRNA [NM_001184]
Homo sapiens cation channel, sperm-associated, beta (CATSPERB), mRNA [NM_024764]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003843), lincRNA [TCONS_I2_00006993]

BX116846 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGp998M24518, mRNA seq
Homo sapiens Ras association and DIL domains (RADIL), mRNA [NM_018059]
Homo sapiens NIPA-like domain containing 4 (NIPAL4), transcript variant 2, mRNA [NM_001172292]
Homo sapiens family with sequence similarity 190, member B (FAM190B), mRNA [NM_018999]
Homo sapiens zinc finger protein 25 (ZNF25), mRNA [NM_145011]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1B (EIF1B), mRNA [NM_005875]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 97 (GPR97), mRNA [NM_170776]
Homo sapiens C2CD2-like (C2CD2L), mRNA [NM_014807]
DA998032 T1ESE2 Homo sapiens cDNA clone T1ESE2002149 5', mRNA sequence [DA998032]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000063), lincRNA [TCONS_00000157]
Homo sapiens xin actin-binding repeat containing 2 (XIRP2), transcript variant 1, mRNA [NM_15238]
Homo sapiens GLI pathogenesis-related 2 (GLIPR2), mRNA [NM_022343]
Homo sapiens G antigen 2B (GAGE2B), mRNA [NM_001098411]
Homo sapiens transmembrane protein 191B (TMEM191B), mRNA [NM_001242313]
Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALA)
Homo sapiens troponin I type 3 (cardiac) (TNNI3), mRNA [NM_000363]
Homo sapiens Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 5 (RASSF5), transcript variant :
Homo sapiens HEAT repeat containing 5A, mRNA (cDNA clone IMAGE:6733067), complete cds. [BCC
Homo sapiens squalene epoxidase (SQLE), mRNA [NM_003129]
1718340A KALIG-1 gene. {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (11%) [THC2783530]
Homo sapiens RAB20, member RAS oncogene family (RAB20), mRNA [NM_017817]
Homo sapiens uncharacterized LOC100129066 (UNQ6494), non-coding RNA [NR_024280]
Homo sapiens histone cluster 2, H2aa4 (HIST2H2AA4), mRNA [NM_001040874]
Homo sapiens Ras-related GTP binding D (RRAGD), mRNA [NM_021244]
Homo sapiens ubiquitin-like 4A (UBL4A), mRNA [NM_014235]
Homo sapiens sphingosine-1-phosphate receptor 3 (S1PR3), mRNA [NM_005226]
Homo sapiens actin-related protein 10 homolog (S. cerevisiae) (ACTR10), mRNA [NM_018477]
Homo sapiens excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation gro
Homo sapiens cell death-inducing DFFA-like effector c pseudogene (CIDECP), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 1 (SLC9A1), mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011722), lincRNA [TCONS_00024405]
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10 (ARHGEF10), mRNA [NM_014629]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008950), lincRNA [TCONS_00018049]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase, 2 (PSMC2), transcript varian
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007647), lincRNA [TCONS_00016272]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006775), lincRNA [TCONS_00014676]
Homo sapiens CD52 molecule (CD52), mRNA [NM_001803]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 1 (DHRS1), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens cDNA FLJ13884 fis, clone THYRO1001534. [AK023946]
Homo sapiens clone HQ0195\$ PRO0195 mRNA, complete cds. [AF090901]
Homo sapiens platelet/endothelial cell adhesion molecule (PECAM1), mRNA [NM_000442]
Homo sapiens olfactomedin 4 (OLFM4), mRNA [NM_006418]
BX113501 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998P245920, mRNA sequence [BX113

Homo sapiens stonin 1 (STON1), transcript variant 2, mRNA [NM_006873]
Homo sapiens uncharacterized LOC100128252 (LOC100128252), transcript variant 2, non-coding RNA
Homo sapiens NLR family, CARD domain containing 5 (NLRC5), mRNA [NM_032206]
Homo sapiens dihydrodiol dehydrogenase (dimeric) (DHDH), mRNA [NM_014475]
Homo sapiens hexosaminidase B (beta polypeptide) (HEXB), mRNA [NM_000521]
Homo sapiens angiotensin II receptor-associated protein (AGTRAP), transcript variant 4, mRNA [NM_000539]
Homo sapiens inositol polyphosphate-5-phosphatase, 40kDa (INPP5A), mRNA [NM_005539]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003925), lincRNA [TCONS_00008464]
Homo sapiens solute carrier family 22 (organic cation/carnitine transporter), member 16 (SLC22A16)
Homo sapiens septin 7 (SEPT7), transcript variant 2, mRNA [NM_001011553]
Homo sapiens rhomboid domain containing 1 (RHBDD1), transcript variant 1, mRNA [NM_032276]
Homo sapiens WD repeat domain 26 (WDR26), transcript variant 1, mRNA [NM_025160]
Homo sapiens uncharacterized LOC114796 (KIAA1908), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_025160]
Homo sapiens T cell receptor beta chain mRNA, complete cds. [EF101778]
Homo sapiens blocked early in transport 1 homolog (S. cerevisiae) (BET1), mRNA [NM_005868]
Homo sapiens ladinin 1 (LAD1), mRNA [NM_005558]
Homo sapiens RasGEF domain family, member 1B (RASGEF1B), mRNA [NM_152545]
Homo sapiens glycerophosphodiester phosphodiesterase domain containing 5 (GDPD5), mRNA [NM_015254]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 34kDa, V1 subunit D (ATP6V1D), mRNA [NM_015254]
Homo sapiens vinculin (VCL), transcript variant 1, mRNA [NM_014000]
Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 3 (MARCH3), mRNA [NM_178450]
Homo sapiens deoxyribonuclease I-like 1 (DNASE1L1), transcript variant 1, mRNA [NM_006730]
Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, N-methyl D-aspartate-associated protein 1 (glutamate receptor 1) (GRIN1), mRNA [NM_001011553]
Homo sapiens SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 2 (SH3BGL2), mRNA [NM_031460]
Homo sapiens sec1 family domain containing 2 (SCFD2), mRNA [NM_152540]
Homo sapiens CD40 molecule, TNF receptor superfamily member 5 (CD40), transcript variant 1, mRNA [NM_001011553]
Homo sapiens syntaxin 1A (brain) (STX1A), transcript variant 1, mRNA [NM_004603]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008245), lincRNA [TCONS_00017380]
Homo sapiens interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 5 (IFIT5), mRNA [NM_012400]
Homo sapiens selenoprotein X, 1 (SEPX1), mRNA [NM_016332]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005647), lincRNA [TCONS_00012113]
Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 12C (ZC3H12C), mRNA [NM_033390]
Homo sapiens olfactory receptor, family 10, subfamily W, member 1 (OR10W1), mRNA [NM_207370]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003206), lincRNA [TCONS_00005805]
Q8RLX7_STRPY (Q8RLX7) Collagen-like protein 2, partial (6%) [THC2606148]
PREDICTED: Homo sapiens kinesin-like protein family member 6-like (LOC100130097), mRNA [XM_001011553]
Homo sapiens Shwachman-Bodian-Diamond syndrome (SBDS), mRNA [NM_016038]
Homo sapiens RAN binding protein 9 (RANBP9), mRNA [NM_005493]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 56 (C5orf56), non-coding RNA [NR_045116]
Homo sapiens RAS guanyl releasing protein 1 (calcium and DAG-regulated) (RASGRP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001011553]
Homo sapiens delta-like 1 homolog (Drosophila) (DLK1), mRNA [NM_003836]
Homo sapiens HCLS1 binding protein 3 (HS1BP3), mRNA [NM_022460]

Homo sapiens ring finger protein 125 (RNF125), mRNA [NM_017831]

Homo sapiens transmembrane protein 119 (TMEM119), mRNA [NM_181724]

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family G (WHITE), member 4 (ABCG4), transcript variant 1, BROAD Institute lincRNA (XLOC_005166), lincRNA [TCONS_00011691]

Homo sapiens low density lipoprotein receptor (LDLR), transcript variant 1, mRNA [NM_000527]

Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 3 (B3GNT3), mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein (PDE4DIP), transcript variant 3, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 211 (C6orf211), mRNA [NM_024573]

Homo sapiens solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7 (SLC10A7)

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004180), lincRNA [TCONS_I2_00007710]

Homo sapiens uncharacterized LOC647979 (LOC647979), non-coding RNA [NR_027451]

Homo sapiens T-cell acute lymphocytic leukemia 1 (TAL1), mRNA [NM_003189]

Homo sapiens twisted gastrulation homolog 1 (Drosophila) (TWSG1), mRNA [NM_020648]

Homo sapiens synaptopodin 2-like (SYNPO2L), transcript variant 2, mRNA [NM_024875]

Homo sapiens rhabdoid tumor deletion region gene 1 (RTDR1), mRNA [NM_014433]

Homo sapiens coagulation factor XIII, A1 polypeptide (F13A1), mRNA [NM_000129]

Homo sapiens chloride channel 4 (CLCN4), mRNA [NM_001830]

Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 14 (P2RY14), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens selectin P (granule membrane protein 140kDa, antigen CD62) (SELP), mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens IQ motif and Sec7 domain 2 (IQSEC2), transcript variant 2, mRNA [NM_015075]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507525 (LOC100507525), miscRNA [XR_108784]

Homo sapiens lipoprotein lipase (LPL), mRNA [NM_000237]

Homo sapiens coenzyme Q10 homolog B (S. cerevisiae) (COQ10B), nuclear gene encoding mitochondrion

Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 25 (C6orf25), transcript variant 7, mRNA [NM_131073]

Homo sapiens Fc fragment of IgA, receptor for (FCAR), transcript variant 3, mRNA [NM_133271]

Homo sapiens ryanodine receptor 2 (cardiac) (RYR2), mRNA [NM_001035]

Homo sapiens nexilin (F actin binding protein) (NEXN), transcript variant 1, mRNA [NM_144573]

Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 21 (C9orf21), mRNA [NM_153698]

Homo sapiens retinaldehyde binding protein 1 (RLBP1), mRNA [NM_000326]

Homo sapiens transmembrane protein 138 (TMEM138), transcript variant 1, mRNA [NM_016464]

Homo sapiens RAB27A, member RAS oncogene family (RAB27A), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens engrailed homeobox 1 (EN1), mRNA [NM_001426]

Homo sapiens uncharacterized LOC388588 (LOC388588), mRNA [NM_001163724]

Homo sapiens uncharacterized LOC100128682 (LOC100128682), non-coding RNA [NR_040046]

Homo sapiens surfactant protein 4 (SURF4), mRNA [NM_033161]

Homo sapiens signal transducing adaptor molecule (SH3 domain and ITAM motif) 2 (STAM2), mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens neutrophil cytosolic factor 1 (NCF1), mRNA [NM_000265]

Homo sapiens G protein-coupled receptor 155 (GPR155), transcript variant 9, mRNA [NM_001033001]

Homo sapiens sel-1 suppressor of lin-12-like 3 (C. elegans) (SEL1L3), mRNA [NM_015187]

Homo sapiens synuclein, alpha (non A4 component of amyloid precursor) (SNCA), transcript variant 1

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001853), lincRNA [TCONS_I2_00003387]

Homo sapiens synaptotagmin-like 4 (SYTL4), transcript variant 1, mRNA [NM_080737]

Homo sapiens inhibitor of growth family, member 5 (ING5), mRNA [NM_032329]

Homo sapiens small optic lobes homolog (Drosophila) (SOLH), mRNA [NM_005632]
Homo sapiens StAR-related lipid transfer (START) domain containing 10 (STARD10), mRNA [NM_006
Homo sapiens Cas scaffolding protein family member 4 (CASS4), transcript variant 2, mRNA [NM_02
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 116 (LINC00116), non-coding RNA [NR_0270
Homo sapiens uncharacterized LOC100506123 (LOC100506123), non-coding RNA [NR_040097]
SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:19744] [ENST00000490889]
Homo sapiens ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 1 (UHRF1), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 23 homolog (yeast) (TIMM23), nuclear
Homo sapiens ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, Y-linked (UTY), transcript vari
Homo sapiens uncharacterized LOC100506190 (LOC100506190), non-coding RNA [NR_038955]
full-length cDNA clone CS0DI064YE22 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR6
Homo sapiens thioesterase superfamily member 5 (THEM5), mRNA [NM_182578]
Homo sapiens PRO2007 mRNA, complete cds. [AF116680]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132356 (LOC100132356), non-coding RNA [NR_034127]
Homo sapiens carbohydrate sulfotransferase 10 (CHST10), mRNA [NM_004854]
Homo sapiens KH-type splicing regulatory protein (KHSRP), mRNA [NM_003685]

Homo sapiens transmembrane protein 129 (TMEM129), transcript variant 2, mRNA [NM_138385]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008440), lincRNA [TCONS_00018153]
Homo sapiens nipsnap homolog 1 (C. elegans) (NIPSNAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_003634
Homo sapiens msh homeobox 1 (MSX1), mRNA [NM_002448]
Homo sapiens ribosomal protein S14 (RPS14), transcript variant 3, mRNA [NM_005617]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002076), lincRNA [TCONS_I2_00003732]
Sad1 and UNC84 domain containing 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:18587] [ENST00000340926]
Homo sapiens zinc finger protein 610 (ZNF610), transcript variant 3, mRNA [NM_173530]
aj37c10.s1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone 1392498 3', mRNA sequence [AA833682]
Homo sapiens NOP14 nucleolar protein homolog (yeast) (NOP14), mRNA [NM_003703]
Homo sapiens protein-O-mannosyltransferase 1 (POMT1), transcript variant 1, mRNA [NM_007171]
Homo sapiens family with sequence similarity 90, member A1 (FAM90A1), mRNA [NM_018088]
Homo sapiens synaptotagmin-like 2 (SYTL2), transcript variant c, mRNA [NM_206927]
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 40 (C22orf40), mRNA [NM_207327]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 2, pseudogene (TR
Homo sapiens rhotekin 2 (RTKN2), mRNA [NM_145307]
Homo sapiens cadherin 9, type 2 (T1-cadherin) (CDH9), mRNA [NM_016279]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100508196 (LOC100508196), miscRNA [XR_111691]
Homo sapiens glycine C-acetyltransferase (GCAT), nuclear gene encoding mitochondrial protein, tra
Homo sapiens FK506 binding protein 4, 59kDa (FKBP4), mRNA [NM_002014]
Homo sapiens zinc finger protein 850 (ZNF850), mRNA [NM_001193552]
Homo sapiens smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (C. elegans) (SMG1), m
Homo sapiens uncharacterized LOC100507501 (LOC100507501), non-coding RNA [NR_039999]
Homo sapiens alkB, alkylation repair homolog 2 (E. coli) (ALKBH2), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens RNA binding motif protein 12B (RBM12B), mRNA [NM_203390]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 56 (C2orf56), nuclear gene encoding mitochondri
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010591), lincRNA [TCONS_00021991]

Homo sapiens pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 1 (PDXDC1), mRNA [NM_015115]
Homo sapiens solute carrier family 35, member F2 (SLC35F2), mRNA [NM_017515]
PREDICTED: Homo sapiens GALI1870 (LOC100133299), miscRNA [XR_108564]
Homo sapiens kelch-like 17 (Drosophila) (KLHL17), mRNA [NM_198317]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 69 (C17orf69), transcript variant 1, non-coding RNA
Homo sapiens 5'-nucleotidase, cytosolic III-like (NT5C3L), transcript variant 1, mRNA [NM_052935]
Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 23 (SCARNA23), guide RNA [NR_003007]
Homo sapiens deoxyuridine triphosphatase (DUT), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_017515]
Homo sapiens small nuclear RNA activating complex, polypeptide 4, 190kDa (SNAPC4), mRNA [NM_017515]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 70 (C12orf70), mRNA [NM_001145010]
Q6IE36_HUMAN (Q6IE36) Ovostatin-2 (Fragment), partial (9%) [THC2548537]

Homo sapiens dihydrouridine synthase 3-like (*S. cerevisiae*) (DUS3L), transcript variant 1, mRNA [NM_017515]
Homo sapiens nucleoporin 93kDa (NUP93), transcript variant 1, mRNA [NM_014669]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 96B (SNORD96B), small nucleolar RNA [NR_004379]
Homo sapiens regulatory solute carrier protein, family 1, member 1 (RSC1A1), mRNA [NM_006511]
Homo sapiens protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH), transcript variant 1, mRNA [NM_002743]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 21 (SNORA21), small nucleolar RNA [NR_002576]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein-like 3 (nucleolar) (GNL3), transcript variant 1, mRNA [NM_017515]
Homo sapiens natriuretic peptide receptor C/guanylate cyclase C (atrionatriuretic peptide receptor C) (NPR3), transcript variant 1, mRNA [NM_017515]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 16 (DCAF16), mRNA [NM_017741]
Homo sapiens interferon regulatory factor 5 (IRF5), transcript variant 3, mRNA [NM_001098627]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506990 (LOC100506990), transcript variant 2, non-coding RNA
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505481 (LOC100505481), miscRNA [XR_108349]
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 17 (ARHGEF17), mRNA [NM_014786]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group G (FANCG), mRNA [NM_004629]
Homo sapiens centrosomal protein 70kDa (CEP70), mRNA [NM_024491]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 11B (SNORD11B), small nucleolar RNA [NR_003694]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008402), lincRNA [TCONS_00018127]
Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus G5B (LY6G5B), mRNA [NM_021221]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 71A (SNORA71A), small nucleolar RNA [NR_002911]
Homo sapiens glutathione S-transferase mu 2 (muscle) (GSTM2), transcript variant 1, mRNA [NM_017515]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010856), lincRNA [TCONS_00023006]
Homo sapiens cytoplasmic linker associated protein 2 (CLASP2), transcript variant 1, mRNA [NM_017515]
Homo sapiens rabaptin, RAB GTPase binding effector protein 2 (RABEP2), mRNA [NM_024816]
Homo sapiens valyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative) (VARS2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_017515]
Homo sapiens RNA polymerase II associated protein 1 (RPAP1), mRNA [NM_015540]
Homo sapiens cDNA FLJ27128 fis, clone SPL07659. [AK130638]
Homo sapiens family with sequence similarity 92, member A1 (FAM92A1), mRNA [NM_145269]
MKL/myocardin-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:29819] [ENST00000389126]
Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA G2 (SNAR-G2), small nuclear RNA [NR_024244]
Homo sapiens family with sequence similarity 95, member B1 (FAM95B1), non-coding RNA [NR_024244]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 12 (RGS12), transcript variant 2, mRNA [NM_002926]
Q94XE9_ANOT1 (Q94XE9) NADH dehydrogenase subunit II (Fragment), partial (5%) [THC2529542]

Homo sapiens actin-like 6A (ACTL6A), transcript variant 3, mRNA [NM_178042]
PREDICTED: Homo sapiens zinc finger protein 100-like (LOC400682), mRNA [XM_001726878]
Homo sapiens forkhead box K2 (FOXK2), mRNA [NM_004514]
Homo sapiens solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 9 (SLC12A9), mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens SMAD family member 3 (SMAD3), transcript variant 1, mRNA [NM_005902]
602502986F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4616589 5', mRNA sequence [BG482]
Homo sapiens MFI2 antisense RNA 1 (non-protein coding) (MFI2-AS1), non-coding RNA [NR_038285]
Homo sapiens cDNA FLJ44722 fis, clone BRACE3022847. [AK126677]
Homo sapiens adenylate kinase 4 (AK4), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens chondroitin sulfate proteoglycan 5 (neuroglycan C) (CSPG5), transcript variant 5, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 105B (SNORD105B), small nucleolar RNA [NR_003688]
Homo sapiens transmembrane protein 237 (TMEM237), transcript variant 1, mRNA [NM_00104438]
Homo sapiens solute carrier family 29 (nucleoside transporters), member 2 (SLC29A2), mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens smg-1 homolog, phosphatidylinositol 3-kinase-related kinase (C. elegans) (SMG1), mRNA [NM_001080252]
lysocardiolipin acyltransferase 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:26756] [ENST00000319406]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 41 (SNORD41), small nuclear RNA [NR_002751]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008381), lincRNA [TCONS_I2_00015025]
Homo sapiens ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 1 (AGAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens RNA binding motif protein 14 (RBM14), transcript variant 1, mRNA [NM_006328]
Homo sapiens uncharacterized LOC401105 (FLJ42393), non-coding RNA [NR_024413]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 69 (C17orf69), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_024413]
Homo sapiens zinc finger protein 532 (ZNF532), mRNA [NM_018181]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 36 (ANKRD36), mRNA [NM_001164315]
family with sequence similarity 185, member A [Source:HGNC Symbol;Acc:22412] [ENST000004967]
Homo sapiens damage-specific DNA binding protein 2, 48kDa (DDB2), mRNA [NM_000107]
Homo sapiens BRCA2 and CDKN1A interacting protein (BCCIP), transcript variant C, mRNA [NM_001080252]
Homo sapiens BEN domain containing 4 (BEND4), transcript variant 1, mRNA [NM_207406]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 1C (SNORD1C), small nucleolar RNA [NR_004397]
reticulon 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:10469] [ENST00000338850]
Homo sapiens methyltransferase like 17 (METTL17), transcript variant 2, mRNA [NM_022734]
Homo sapiens neural proliferation, differentiation and control, 1 (NPDC1), mRNA [NM_015392]
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 3 (MCM3), mRNA [NM_002388]
Homo sapiens histone cluster 1, H2ag (HIST1H2AG), mRNA [NM_021064]
cannabinoid receptor interacting protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:24546] [ENST00000409862]

Homo sapiens glycogenin 2 (GYG2), transcript variant 2, mRNA [NM_003918]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507094 (LOC100507094), miscRNA [XR_109558]
Homo sapiens THO complex 6 homolog (Drosophila) (THOC6), transcript variant 1, mRNA [NM_024388]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003878), lincRNA [TCONS_00008431]
qi73d08.y5 NCI_CGAP_Ov26 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1862127 5', mRNA sequence [AI792]
Homo sapiens FK506 binding protein 4, 59kDa (FKBP4), mRNA [NM_002014]
Homo sapiens doublecortin-like kinase 2 (DCLK2), transcript variant 1, mRNA [NM_001040260]
Homo sapiens chromobox homolog 5 (CBX5), transcript variant 1, mRNA [NM_001127322]
Homo sapiens ligase III, DNA, ATP-dependent (LIG3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001080252]

Homo sapiens polymerase (RNA) mitochondrial (DNA directed) (POLRMT), nuclear gene encoding r

Homo sapiens vacuolar protein sorting 54 homolog (*S. cerevisiae*) (VPS54), transcript variant 1, mRNA

Homo sapiens calcium regulated heat stable protein 1, 24kDa (CARHSP1), transcript variant 2, mRNA

Homo sapiens coproporphyrinogen oxidase (CPOX), mRNA [NM_000097]

Homo sapiens paralemm (PALM), transcript variant 1, mRNA [NM_002579]

Homo sapiens T-cell lymphoma invasion and metastasis 1 (TIAM1), mRNA [NM_003253]

Homo sapiens pantothenate kinase 1 (PANK1), transcript variant alpha, mRNA [NM_148977]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011987), lincRNA [TCONS_I2_00022830]

Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 5 (TTLL5), mRNA [NM_015072]

Homo sapiens suppressor of variegation 4-20 homolog 2 (*Drosophila*) (SUV420H2), mRNA [NM_032

Homo sapiens UTP20, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast) (UTP20), mRNA

Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 62 (SNORA62), small nucleolar RNA [NR_002324]

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 6 (ABCC6), transcript varian

Homo sapiens DIRAS family, GTP-binding RAS-like 1 (DIRAS1), mRNA [NM_145173]

DA381152 BRTHA2 Homo sapiens cDNA clone BRTHA2014635 5', mRNA sequence [DA381152]

Homo sapiens FK506 binding protein 3, 25kDa (FKBP3), mRNA [NM_002013]

Homo sapiens HOP homeobox (HOPX), transcript variant 2, mRNA [NM_139211]

Homo sapiens nuclear prelamins A recognition factor-like (NARFL), mRNA [NM_022493]

Homo sapiens Parkinson disease 7 domain containing 1 (PDDC1), mRNA [NM_182612]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L1 (MRPL1), nuclear gene encoding mitochondrial p

Homo sapiens slowmo homolog 1 (*Drosophila*) (SLMO1), transcript variant 2, mRNA [NM_006553]

Homo sapiens F-box protein, helicase, 18 (FBXO18), transcript variant 2, mRNA [NM_178150]

Homo sapiens tubulin, beta class I (TUBB), mRNA [NM_178014]

Homo sapiens SPAG5 antisense RNA 1 (non-protein coding) (SPAG5-AS1), non-coding RNA [NR_040

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100131607, transcript variant 2 (LOC100131607), miscF

Homo sapiens WD repeat domain 26 (WDR26), transcript variant 1, mRNA [NM_025160]

Homo sapiens ankyrin repeat domain 9 (ANKRD9), mRNA [NM_152326]

Homo sapiens ras homolog gene family, member B (RHOB), mRNA [NM_004040]

Homo sapiens myosin, light chain 12B, regulatory (MYL12B), transcript variant 2, mRNA [NM_03354

Homo sapiens MAD2L1 binding protein (MAD2L1BP), transcript variant 1, mRNA [NM_001003690]

ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (11%) [THC:

Homo sapiens tripartite motif containing 47 (TRIM47), mRNA [NM_033452]

Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5263734. [BC035129]

Homo sapiens, clone IMAGE:4337652, mRNA. [BC018676]

Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 9 (SLC2A9), transcrip

Homo sapiens filamin A, alpha (FLNA), transcript variant 1, mRNA [NM_001456]

Homo sapiens CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), epsilon (CEBPE), mRNA [NM_001805]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_000554), lincRNA [TCONS_00000387]

Homo sapiens furry homolog (*Drosophila*) (FRY), mRNA [NM_023037]

Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA [NM_000146]

Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 29 (C7orf29), mRNA [NM_138434]

Homo sapiens 5'-nucleotidase, cytosolic III (NT5C3), transcript variant 1, mRNA [NM_001002010]

Homo sapiens KIAA1370 (KIAA1370), mRNA [NM_019600]

Homo sapiens uncharacterized LOC400027 (LOC400027), non-coding RNA [NR_028408]
ALU7_HUMAN (P39194) Alu subfamily SQ sequence contamination warning entry, partial (11%) [TH
Homo sapiens transmembrane protein 189 (TMEM189), transcript variant 1, mRNA [NM_199129]
Homo sapiens FGFR1 oncogene partner 2 (FGFR1OP2), transcript variant 3, mRNA [NM_001171888]
Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus G6C (LY6G6C), mRNA [NM_025261]
Homo sapiens purine nucleoside phosphorylase (PNP), mRNA [NM_000270]
Homo sapiens H3 histone, family 3A (H3F3A), mRNA [NM_002107]
Homo sapiens RAB3C, member RAS oncogene family (RAB3C), mRNA [NM_138453]
Homo sapiens consortin, connexin sorting protein (CNST), transcript variant 2, mRNA [NM_0011394]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011794), lincRNA [TCONS_00024473]
Homo sapiens selenoprotein T (SELT), mRNA [NM_016275]
Homo sapiens tripartite motif-containing protein ENSP00000309378-like (LOC120824), mRNA [NM_
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 18 (ARHGAP18), mRNA [NM_033515]
DA233116 BRAWH3 Homo sapiens cDNA clone BRAWH3028924 5', mRNA sequence [DA233116]
Homo sapiens chitobiase, di-N-acetyl- (CTBS), mRNA [NM_004388]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 95 (C9orf95), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, zeta pc
Homo sapiens proline-rich transmembrane protein 4 (PRRT4), transcript variant 1, mRNA [NM_001.
Homo sapiens coiled-coil domain containing 90A (CCDC90A), mRNA [NM_001031713]
Homo sapiens MAX dimerization protein 4 (MXD4), mRNA [NM_006454]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 183 (C1orf183), transcript variant 1, mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002433), lincRNA [TCONS_I2_00005330]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 2C (DENND2C), mRNA [NM_198459]
Homo sapiens transmembrane protein 17 (TMEM17), mRNA [NM_198276]
Homo sapiens membrane protein, palmitoylated 1, 55kDa (MPP1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), beta (CEBPB), mRNA [NM_005194]
Homo sapiens cDNA FLJ38333 fis, clone FCBBF3025674. [AK095652]
Homo sapiens zyxin (ZYX), transcript variant 1, mRNA [NM_003461]
Homo sapiens solute carrier family 22 (organic cation/ergothioneine transporter), member 4 (SLC22
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2F (putative) (UBE2F), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 18 (brain-derived) (PTPN18), transc
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000743), lincRNA [TCONS_00001427]
Homo sapiens methyltransferase like 7A (METTL7A), mRNA [NM_014033]
Homo sapiens lipid phosphate phosphatase-related protein type 2 (LPPR2), transcript variant 1, mRl
Homo sapiens charged multivesicular body protein 2A (CHMP2A), transcript variant 1, mRNA [NM_(
Homo sapiens septin 7 (SEPT7), transcript variant 1, mRNA [NM_001788]
Homo sapiens cDNA FLJ45928 fis, clone PLACE6019674. [AK127825]
Homo sapiens lysyl oxidase-like 3 (LOXL3), mRNA [NM_032603]
Homo sapiens RAB6C, member RAS oncogene family (RAB6C), mRNA [NM_032144]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 324 (LINC00324), non-coding RNA [NR_0269
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015315), lincRNA [TCONS_I2_00030031]
Homo sapiens tight junction protein 2 (zona occludens 2) (TJP2), transcript variant 1, mRNA [NM_0C
Homo sapiens crystallin, lambda 1 (CRYL1), mRNA [NM_015974]
Homo sapiens proline-rich transmembrane protein 2 (PRRT2), mRNA [NM_145239]

Homo sapiens VAMP (vesicle-associated membrane protein)-associated protein A, 33kDa (VAPA), tr
Homo sapiens family with sequence similarity 104, member A (FAM104A), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens neutral cholesterol ester hydrolase 1 (NCEH1), transcript variant 2, mRNA [NM_0207
Homo sapiens germ cell associated 1 (GSG1), transcript variant 3, mRNA [NM_001080554]
Homo sapiens syntrophin, beta 1 (dystrophin-associated protein A1, 59kDa, basic component 1) (SN
Homo sapiens AT rich interactive domain 3B (BRIGHT-like) (ARID3B), mRNA [NM_006465]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 96 (C1orf96), mRNA [NM_145257]
Homo sapiens small VCP/p97-interacting protein (SVIP), mRNA [NM_148893]
Homo sapiens intracisternal A particle-promoted polypeptide (IPP), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens olfactory receptor, family 4, subfamily K, member 14 (OR4K14), mRNA [NM_0010047
Homo sapiens cDNA FLJ25144 fis, clone CBR07272. [AK057873]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 44 (GPR44), mRNA [NM_004778]

Homo sapiens radial spoke head 1 homolog (Chlamydomonas) (RSPH1), mRNA [NM_080860]
Homo sapiens HMG-box transcription factor 1 (HBP1), transcript variant 2, mRNA [NM_012257]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class K (PIGK), mRNA [NM_005482]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002803), lincRNA [TCONS_00006963]
Homo sapiens uncharacterized LOC401014 (DKFZp686O1327), non-coding RNA [NR_033870]
Homo sapiens inhibitor of growth family, member 4 (ING4), transcript variant 1, mRNA [NM_01616:
Homo sapiens family with sequence similarity 18, member B2 (FAM18B2), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 38kDa, V0 subunit d1 (ATP6V0D1), mRNA [NM_0
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505729 (LOC100505729), miscRNA [XR_108524]
Homo sapiens radial spoke head 9 homolog (Chlamydomonas) (RSPH9), transcript variant 1, mRNA

Homo sapiens uncharacterized LOC149837 (LOC149837), non-coding RNA [NR_015406]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade D (heparin cofactor), member 1 (SERPIND1), mRNA |
Homo sapiens lysosomal protein transmembrane 5 (LAPTM5), mRNA [NM_006762]
Homo sapiens RAS guanyl releasing protein 2 (calcium and DAG-regulated) (RASGRP2), transcript va
Homo sapiens CDC42 small effector 1 (CDC42SE1), transcript variant 1, mRNA [NM_001038707]
Homo sapiens diaphanous homolog 1 (Drosophila) (DIAPH1), transcript variant 1, mRNA [NM_0052:
Homo sapiens phosphodiesterase 6H, cGMP-specific, cone, gamma (PDE6H), mRNA [NM_006205]
Homo sapiens Yip1 domain family, member 5 (YIPF5), transcript variant 2, mRNA [NM_030799]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 4 (CXCR4), transcript variant 1, mRNA [NM_001008
Homo sapiens leucine rich repeat containing 8 family, member D (LRRC8D), transcript variant 2, mR
Homo sapiens MAX interactor 1 (MXI1), transcript variant 2, mRNA [NM_130439]
Homo sapiens receptor (chemosensory) transporter protein 4 (RTP4), mRNA [NM_022147]
Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 1 (P2RX1), mRNA [NM_002558]
Homo sapiens E74-like factor 1 (ets domain transcription factor) (ELF1), transcript variant 1, mRNA |
Homo sapiens solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7 (SLC10A7)
Homo sapiens transforming growth factor beta 1 induced transcript 1 (TGFB11), transcript variant :
Homo sapiens neuroepithelial cell transforming 1 (NET1), transcript variant 1, mRNA [NM_0010471
Homo sapiens transmembrane protease, serine 13 (TMPRSS13), transcript variant 3, mRNA [NM_0C
Homo sapiens semaphorin 7A, GPI membrane anchor (John Milton Hagen blood group) (SEMA7A), t
Homo sapiens microtubule-associated protein 1B (MAP1B), mRNA [NM_005909]

valosin containing protein (p97)/p47 complex interacting protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:3089]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 299 (LINC00299), non-coding RNA [NR_0341]
Homo sapiens tet methylcytosine dioxygenase 2 (TET2), transcript variant 1, mRNA [NM_00112720]

Homo sapiens F-box protein 8 (FBXO8), mRNA [NM_012180]
Homo sapiens septin 4 (SEPT4), transcript variant 1, mRNA [NM_004574]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_000755), lincRNA [TCONS_00000492]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002171), lincRNA [TCONS_I2_00004301]
Homo sapiens programmed cell death 10 (PDCD10), transcript variant 1, mRNA [NM_007217]
Homo sapiens retinol dehydrogenase 11 (all-trans/9-cis/11-cis) (RDH11), mRNA [NM_016026]
Homo sapiens ras homolog gene family, member B (RHOB), mRNA [NM_004040]
PREDICTED: Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 118 (C1orf118), miscRNA [XR_11206]
Homo sapiens activin A receptor, type I (ACVR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001105]
Homo sapiens rhopilin associated tail protein 1-like (ROPN1L), transcript variant 1, mRNA [NM_03:
Homo sapiens zinc finger protein 365 (ZNF365), transcript variant C, mRNA [NM_199451]
Homo sapiens zinc finger protein 36, C3H type, homolog (mouse) (ZFP36), mRNA [NM_003407]
Homo sapiens taxilin gamma 2, pseudogene (TXLNG2P), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_0
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 41 (C5orf41), transcript variant 1, mRNA [NM_15

Homo sapiens trichohyalin (TCHH), mRNA [NM_007113]

Homo sapiens solute carrier family 35 (UDP-glucuronic acid/UDP-N-acetylgalactosamine dual transp
Homo sapiens histone cluster 1, H3a (HIST1H3A), mRNA [NM_003529]
RGP1 retrograde golgi transport homolog (*S. cerevisiae*) [Source:HGNC Symbol;Acc:21965] [ENST00
BC012612 cathepsin L, preproprotein {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (54%) [THC253
Homo sapiens actin related protein 2/3 complex, subunit 2, 34kDa (ARPC2), transcript variant 1, mR
Homo sapiens serine/threonine kinase 17b (apoptosis-inducing), mRNA (cDNA clone IMAGE:628072
chemokine (C-X-C motif) ligand 6 (granulocyte chemotactic protein 2) [Source:HGNC Symbol;Acc:10
Homo sapiens CD163 molecule (CD163), transcript variant 1, mRNA [NM_004244]
Homo sapiens adenosine monophosphate deaminase 3 (AMPD3), transcript variant 3, mRNA [NM_ (

Homo sapiens UBX domain protein 6 (UBXN6), transcript variant 1, mRNA [NM_025241]
Homo sapiens complement factor D (adipsin) (CFD), mRNA [NM_001928]
Homo sapiens GM2 ganglioside activator (GM2A), transcript variant 1, mRNA [NM_000405]
Homo sapiens transmembrane protein 87B (TMEM87B), mRNA [NM_032824]
T cell receptor beta constant 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:12157] [ENST00000466254]
Homo sapiens kin of IRRE like 2 (*Drosophila*) (KIRREL2), transcript variant 3, mRNA [NM_199180]
Homo sapiens ubiquitin associated and SH3 domain containing A (UBASH3A), transcript variant 1, m
Homo sapiens RAB27B, member RAS oncogene family (RAB27B), mRNA [NM_004163]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011480), lincRNA [TCONS_00024123]
Homo sapiens adenylate cyclase 6 (ADCY6), transcript variant 1, mRNA [NM_015270]

Homo sapiens caldesmon 1 (CALD1), transcript variant 1, mRNA [NM_033138]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 162 (C1orf162), mRNA [NM_174896]
Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 11 (MFSD11), transcript variant 5, mRNA [NM_012249]
Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 5 (PCSK5), transcript variant 2, mRNA [NM_005184]
Homo sapiens ras homolog gene family, member Q (RHOQ), mRNA [NM_012249]
Homo sapiens calmodulin 3 (phosphorylase kinase, delta) (CALM3), mRNA [NM_005184]
Homo sapiens serine active site containing 1 (SERAC1), mRNA [NM_032861]
Homo sapiens phosphogluconate dehydrogenase (PGD), mRNA [NM_002631]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 77 (C19orf77), mRNA [NM_001136503]
Homo sapiens coactivator-associated arginine methyltransferase 1 (CARM1), mRNA [NM_199141]
Homo sapiens zinc finger protein 521 (ZNF521), mRNA [NM_015461]
Homo sapiens oxysterol binding protein-like 1A (OSBPL1A), transcript variant 2, mRNA [NM_080597]
Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 8 (SRSF8), mRNA [NM_032102]
Homo sapiens ZBTB20 antisense RNA 1 (non-protein coding) (ZBTB20-AS1), non-coding RNA [NR_032102]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family O member 1 (PLEKHO1), mRNA [NM_019944]
Homo sapiens zinc finger protein 334 (ZNF334), transcript variant 2, mRNA [NM_199441]
Homo sapiens nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin) (NPM1), transcript variant 1, mRNA [NM_000948]
Homo sapiens prolactin (PRL), transcript variant 1, mRNA [NM_000948]
Homo sapiens integrin, alpha 2 (CD49B, alpha 2 subunit of VLA-2 receptor) (ITGA2), mRNA [NM_002102]
Homo sapiens TIMP metalloproteinase inhibitor 3 (TIMP3), mRNA [NM_000362]
Homo sapiens RAB1B, member RAS oncogene family (RAB1B), mRNA [NM_030981]
Homo sapiens importin 7 (IPO7), mRNA [NM_006391]
Homo sapiens GTPase, IMAP family member 8 (GIMAP8), mRNA [NM_175571]
Homo sapiens prostate tumor overexpressed 1 (PTOV1), mRNA [NM_017432]
Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 6 pseudogene (P2RX6P), non-coding RNA [NR_027049]
Homo sapiens ZNF503 antisense RNA 1 (non-protein coding) (ZNF503-AS1), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_027049]
Homo sapiens zinc finger family member 788 (ZNF788), non-coding RNA [NR_027049]
Homo sapiens glioma tumor suppressor candidate region gene 2 (GLTSCR2), mRNA [NM_015710]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761A0423 (from clone DKFZp761A0423) [AL353951]
Homo sapiens suppressor of zeste 12 homolog pseudogene (SUZ12P), non-coding RNA [NR_024187]
Homo sapiens tigger transposable element derived 3 (TIGD3), mRNA [NM_145719]
Homo sapiens NFkB activating protein pseudogene 1 (NKAPP1), non-coding RNA [NR_027131]
Homo sapiens neuralized homolog 4 (Drosophila) (NEURL4), transcript variant 1, mRNA [NM_03244]
Homo sapiens cDNA FLJ78176 complete cds. [AK293046]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 61 (SNORA61), small nucleolar RNA [NR_002987]
Homo sapiens ring finger protein 126 (RNF126), mRNA [NM_194460]
Homo sapiens prothymosin, alpha (PTMA), transcript variant 2, mRNA [NM_002823]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L46 (MRPL46), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens SET domain, bifurcated 2 (SETDB2), transcript variant 1, mRNA [NM_031915]
Homo sapiens kelch domain containing 4 (KLHDC4), transcript variant 1, mRNA [NM_017566]
Homo sapiens deformed epidermal autoregulatory factor 1 (Drosophila) (DEAF1), mRNA [NM_0210]
Homo sapiens rabaptin, RAB GTPase binding effector protein 2 (RABEP2), mRNA [NM_024816]
Homo sapiens dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2 (DDAH2), mRNA [NM_013974]
Homo sapiens family with sequence similarity 165, member B (FAM165B), mRNA [NM_058182]

Homo sapiens phospholysine phosphohistidine inorganic pyrophosphate phosphatase (LHPP), trans
Homo sapiens Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 2 (WHSC2), mRNA [NM_005663]
Homo sapiens uncharacterized transcript (LOC100144603), non-coding RNA [NR_021492]
Homo sapiens thrombospondin 3 (THBS3), mRNA [NM_007112]
Homo sapiens RIO kinase 1 (yeast) (RIOK1), transcript variant 2, mRNA [NM_153005]
Homo sapiens mucin 22 (MUC22), mRNA [NM_001198815]
Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 1-like pseudogene (LOC650368), non-coding RNA [NF
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group E (FANCE), mRNA [NM_021922]
Homo sapiens neuralized homolog 1B (Drosophila) (NEURL1B), mRNA [NM_001142651]
Homo sapiens NOP14 nucleolar protein homolog (yeast) (NOP14), mRNA [NM_003703]
Homo sapiens transmembrane protein 48 (TMEM48), transcript variant 1, mRNA [NM_018087]
Homo sapiens mRNA turnover 4 homolog (S. cerevisiae) (MRTO4), mRNA [NM_016183]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 41 (CCDC41), transcript variant 1, mRNA [NM_016122]
Homo sapiens ATPase family, AAA domain containing 3C (ATAD3C), mRNA [NM_001039211]

Homo sapiens NOP56 ribonucleoprotein homolog (yeast) (NOP56), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 7 (ARHGEF7), transcript variant 1, mR
Homo sapiens family with sequence similarity 200, member B (FAM200B), mRNA [NM_001145191]
Homo sapiens transition protein 1 (during histone to protamine replacement) (TNP1), mRNA [NM_
K-EST0217412 L18POOL1n1 Homo sapiens cDNA clone L18POOL1n1-8-D04 5', mRNA sequence [CB1
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 150 (C9orf150), mRNA [NM_203403]
Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member A (CLEC4A), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens microtubule-associated protein 1A (MAP1A), mRNA [NM_002373]
Homo sapiens T-box 3 (TBX3), transcript variant 2, mRNA [NM_016569]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 4C (DENND4C), mRNA [NM_017925]
Homo sapiens transmembrane protein 59 (TMEM59), mRNA [NM_004872]
Homo sapiens pim-3 oncogene (PIM3), mRNA [NM_001001852]
Homo sapiens uncharacterized LOC285419 (LOC285419), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_
Homo sapiens MTERF domain containing 2 (MTERFD2), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_0
actin related protein 2/3 complex, subunit 5, 16kDa [Source:HGNC Symbol;Acc:708] [ENST0000036
Homo sapiens Janus kinase 2 (JAK2), mRNA [NM_004972]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010825), lincRNA [TCONS_00022499]
Homo sapiens tensin 1 (TNS1), mRNA [NM_022648]
Homo sapiens BCL2-like 11 (apoptosis facilitator) (BCL2L11), transcript variant 1, mRNA [NM_13862
Homo sapiens interleukin 16 (IL16), transcript variant 1, mRNA [NM_004513]

Homo sapiens nuclear receptor subfamily 3, group C, member 1 (glucocorticoid receptor) (NR3C1), i
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010184), lincRNA [TCONS_00020905]
Homo sapiens Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 2 (ROCK2), mRNA [NM_004850]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009363), lincRNA [TCONS_00019165]
Homo sapiens MTERF domain containing 1 (MTERFD1), nuclear gene encoding mitochondrial protei
Homo sapiens poly(A) binding protein, cytoplasmic 4 (inducible form) (PABPC4), transcript variant 1
Homo sapiens receptor accessory protein 6 (REEP6), mRNA [NM_138393]
Homo sapiens serine/threonine kinase 4 (STK4), mRNA [NM_006282]

Homo sapiens superoxide dismutase 2, mitochondrial (SOD2), nuclear gene encoding mitochondrial
Homo sapiens homeodomain interacting protein kinase 2 (HIPK2), transcript variant 1, mRNA [NM_00006381]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002997), lincRNA [TCONS_00006381]
Homo sapiens sperm associated antigen 5 (SPAG5), mRNA [NM_006461]
Homo sapiens HEAT repeat containing 2 (HEATR2), mRNA [NM_017802]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 11 (ZDHHC11), mRNA [NM_024786]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004640), lincRNA [TCONS_I2_00008611]
Homo sapiens natural cytotoxicity triggering receptor 2 (NCR2), transcript variant 1, mRNA [NM_00008611]
Homo sapiens hypothetical protein LOC151878, mRNA (cDNA clone IMAGE:3844647), partial cds. [E00008611]
Homo sapiens protein kinase, DNA-activated, catalytic polypeptide (PRKDC), transcript variant 1, mRNA [NM_001136572]
Homo sapiens family with sequence similarity 90, member A7 (FAM90A7), mRNA [NM_001136572]
Q8WYQ7_HUMAN (Q8WYQ7) Galectin-9, partial (51%) [THC2784969]
casein kinase 1, gamma 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:2454] [ENST00000447727]
leucine rich repeat containing 7 [Source:HGNC Symbol;Acc:18531] [ENST00000370958]
Homo sapiens family with sequence similarity 178, member B (FAM178B), transcript variant A, mRNA [NM_0000298858]
chromosome 14 open reading frame 159 [Source:HGNC Symbol;Acc:20498] [ENST00000298858]
Homo sapiens ubiquitin-like 7 (bone marrow stromal cell-derived) (UBL7), transcript variant 1, mRNA [NM_00013404]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006035), lincRNA [TCONS_00013404]
Homo sapiens regulatory factor X-associated protein (RFXAP), mRNA [NM_000538]
succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein pseudogene 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:20498]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 14 (ZDHHC14), transcript variant 2, mRNA [NM_015196]
Homo sapiens zinc finger protein 682 (ZNF682), transcript variant 1, mRNA [NM_033196]
Homo sapiens family with sequence similarity 207, member A (FAM207A), mRNA [NM_058190]
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 9 homolog (yeast) (TIMM9), nuclear gene [NM_000538]
Homo sapiens non-POU domain containing, octamer-binding (NONO), transcript variant 2, mRNA [NM_000538]
Homo sapiens HSPA (heat shock 70kDa) binding protein, cytoplasmic cochaperone 1 (HSPBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_000538]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 57 (C19orf57), mRNA [NM_024323]
Homo sapiens dipeptidyl-peptidase 4 (DPP4), mRNA [NM_001935]
Homo sapiens SPRY domain containing 4 (SPRYD4), mRNA [NM_207344]
Homo sapiens MYC induced nuclear antigen (MINA), transcript variant 1, mRNA [NM_001042533]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 3 (KCTD3), mRNA [NM_01612]
Homo sapiens C17orf76 antisense RNA 1 (non-protein coding) (C17orf76-AS1), transcript variant 27 [NM_01612]
Homo sapiens ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 1 (UHRF1), transcript variant 2, mRNA [NM_000538]
Homo sapiens extracellular matrix protein 1 (ECM1), transcript variant 1, mRNA [NM_004425]
Homo sapiens ATG7 autophagy related 7 homolog (S. cerevisiae) (ATG7), transcript variant 1, mRNA [NM_000538]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 109 (C17orf109), transcript variant 1, mRNA [NM_000538]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013940), lincRNA [TCONS_00029017]
leucine zipper and CTNNBIP1 domain containing [Source:HGNC Symbol;Acc:17497] [ENST0000037709]
Homo sapiens chromobox homolog 7 (CBX7), mRNA [NM_175709]
Homo sapiens CD40 molecule, TNF receptor superfamily member 5 (CD40), transcript variant 1, mRNA [NM_000538]
Q571B6_MOUSE (Q571B6) MKIAA1971 protein (Fragment), partial (50%) [THC2554418]
Homo sapiens mitochondrial calcium uptake 1 (MICU1), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_000538]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 64B (CCDC64B), mRNA [NM_001103175]
Homo sapiens solute carrier organic anion transporter family, member 1B1 (SLCO1B1), mRNA [NM_000538]

Homo sapiens v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral oncogene homolog 1 (YES1), mRNA [NM_005433]
amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) [Source:HGNC Symbol;Acc:443] [ENST00000462747]
Homo sapiens twist homolog 1 (Drosophila) (TWIST1), mRNA [NM_000474]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 23 (TBC1D23), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 16 (DNAJC16), mRNA [NM_015291]
Homo sapiens 5'-nucleotidase, cytosolic III (NT5C3), transcript variant 1, mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens mannosidase, alpha, class 2B, member 1 (MAN2B1), transcript variant 1, mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript variant 1, mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens ARP3 actin-related protein 3 homolog (yeast) (ACTR3), mRNA [NM_005721]
Homo sapiens RAS guanyl releasing protein 2 (calcium and DAG-regulated) (RASGRP2), transcript variant 1, mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens matrix-remodelling associated 7 (MXRA7), transcript variant 1, mRNA [NM_00100851]
Homo sapiens tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, zeta polypeptide (TYRO3), mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens chloride intracellular channel 5 (CLIC5), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens cereblon (CRBN), transcript variant 1, mRNA [NM_016302]
Homo sapiens TNF receptor-associated factor 6 (TRAF6), transcript variant 1, mRNA [NM_145803]
Homo sapiens Rab interacting lysosomal protein (RILP), mRNA [NM_031430]
Homo sapiens transcription factor EC (TFEC), transcript variant 1, mRNA [NM_012252]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652757 (LOC100652757), miscRNA [XR_132878]
Homo sapiens ESF1, nucleolar pre-rRNA processing protein, homolog (*S. cerevisiae*) (ESF1), mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens abhydrolase domain containing 14A (ABHD14A), mRNA [NM_015407]
Homo sapiens plasminogen activator, urokinase receptor (PLAUR), transcript variant 3, mRNA [NM_001002010]

Homo sapiens ATPase, Na⁺/K⁺ transporting, beta 2 polypeptide (ATP1B2), mRNA [NM_001678]
Homo sapiens osteoglycin (OGN), transcript variant 1, mRNA [NM_033014]
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp) pseudogene (LOC220)
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 54 (C7orf54), non-coding RNA [NR_027330]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S5 (MRPS5), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens methyltransferase like 2A (METTL2A), mRNA [NM_181725]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003125), lincRNA [TCONS_00006511]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007884), lincRNA [TCONS_I2_00015705]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 4C (DENND4C), mRNA [NM_017925]
Homo sapiens androgen receptor (AR), transcript variant 1, mRNA [NM_000044]
Homo sapiens vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens WWC family member 3 (WWC3), mRNA [NM_015691]
Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 3 (hematopoietic cell-specific)
Homo sapiens calcium binding and coiled-coil domain 2 (CALCOCO2), mRNA [NM_005831]
Homo sapiens CD180 molecule (CD180), mRNA [NM_005582]
Homo sapiens adiponectin receptor 1 (ADIPOR1), transcript variant 1, mRNA [NM_015999]
Homo sapiens natriuretic peptide receptor B/guanylate cyclase B (atrionatriuretic peptide receptor)
Homo sapiens uncharacterized LOC100133311 (LOC100133311), transcript variant 1, non-coding RNA
Homo sapiens SET domain and mariner transposase fusion gene (SETMAR), transcript variant 1, mRNA [NM_001002010]
Homo sapiens spastic paraplegia 7 (pure and complicated autosomal recessive) (SPG7), nuclear gene
Homo sapiens protein interacting with PRKCA 1 (PICK1), transcript variant 1, mRNA [NM_012407]

Homo sapiens adenosine A2a receptor (ADORA2A), mRNA [NM_000675]
Homo sapiens WD repeat domain 4 (WDR4), transcript variant 2, mRNA [NM_033661]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DM alpha (HLA-DMA), mRNA [NM_006120]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 49 (LRRC49), transcript variant 2, mRNA [NM_017691]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 27 pseudogene (LOC440461), non-coding RNA [NR_020000]
Homo sapiens KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) containing 2 (KDELC2), mRNA [NM_153705]
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 5C (KDM5C), transcript variant 1, mRNA [NM_004187]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 31 (DDX31), transcript variant 2, mRNA [NM_004187]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 9 (TNFSF9), mRNA [NM_003811]
Homo sapiens tight junction protein 2 (zona occludens 2) (TJP2), transcript variant 2, mRNA [NM_205500]
Homo sapiens reticulon 2 (RTN2), transcript variant 1, mRNA [NM_005619]
Homo sapiens glutathione reductase (GSR), transcript variant 1, mRNA [NM_000637]
Homo sapiens melanoma antigen family D, 4B (MAGED4B), transcript variant 1, mRNA [NM_030801]
Homo sapiens Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 2 (RAPGEF2), mRNA [NM_014247]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 88 (C2orf88), transcript variant 1, mRNA [NM_005500]
Homo sapiens putative homeodomain transcription factor 1 (PHTF1), mRNA [NM_006608]
Homo sapiens PRAME family member 12 (PRAMEF12), mRNA [NM_001080830]
Homo sapiens solute carrier family 19 (folate transporter), member 1 (SLC19A1), transcript variant :
Homo sapiens peroxisomal biogenesis factor 3 (PEX3), mRNA [NM_003630]
zinc finger, DHHC-type containing 11B [Source:HGNC Symbol;Acc:32962] [ENST00000522356]
Homo sapiens growth arrest-specific 2 like 2 (GAS2L2), mRNA [NM_139285]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505853 (LOC100505853), miscRNA [XR_110155]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 3-like 3 (CCL3L3), mRNA [NM_001001437]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010323), lincRNA [TCONS_00021532]
Homo sapiens leucine-rich PPR-motif containing (LRPPRC), mRNA [NM_133259]
Homo sapiens nucleosome assembly protein 1-like 1 (NAP1L1), transcript variant 1, mRNA [NM_139285]
PREDICTED: Homo sapiens TSSP3028 (LOC100131826), miscRNA [XR_109830]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 68 (SNORA68), small nucleolar RNA [NR_000012]
Homo sapiens dihydrofolate reductase (DHFR), mRNA [NM_000791]
Homo sapiens Pentatricopeptide repeat domain 3 (PTCD3), nuclear gene encoding mitochondrial pr
Homo sapiens myosin, heavy chain 10, non-muscle (MYH10), mRNA [NM_005964]
Homo sapiens solute carrier family 17, member 9 (SLC17A9), mRNA [NM_022082]
Homo sapiens ribosomal RNA processing 12 homolog (*S. cerevisiae*) (RRP12), transcript variant 1, m
Homo sapiens cell division cycle 45 homolog (*S. cerevisiae*) (CDC45), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens versican (VCAN), transcript variant 1, mRNA [NM_004385]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 3 (TTC3), transcript variant 1, mRNA [NM_003316]
Homo sapiens zinc finger, CCHC domain containing 8 (ZCCHC8), mRNA [NM_017612]
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 29 (C22orf29), mRNA [NM_024627]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 15 (KCTD15), transcript varian
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase H (cyclophilin H) (PPIH), mRNA [NM_006347]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 26 (SNORD26), small nucleolar RNA [NR_002564]
Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog G (avian) (MAFG), trans
Homo sapiens spectrin, beta, erythrocytic (SPTB), transcript variant 1, mRNA [NM_001024858]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC541472 (LOC541472), miscRNA [XR_108749]

Homo sapiens glutathione peroxidase 1 (GPX1), transcript variant 2, mRNA [NM_201397]
Homo sapiens transmembrane protein 71 (TMEM71), transcript variant 1, mRNA [NM_144649]
Homo sapiens maternally expressed 3 (non-protein coding) (MEG3), transcript variant 5, non-coding
Homo sapiens heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 1 (HS3ST1), mRNA [NM_005114]
Homo sapiens phospholipase C, eta 1 (PLCH1), transcript variant 2, mRNA [NM_014996]
Homo sapiens KIAA1147 (KIAA1147), mRNA [NM_001080392]
Homo sapiens tyrosyl-DNA phosphodiesterase 2 (TDP2), mRNA [NM_016614]
Homo sapiens prune homolog 2 (Drosophila) (PRUNE2), mRNA [NM_015225]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 98 (SNORD98), small nucleolar RNA [NR_003076]
Homo sapiens fibulin 1 (FBLN1), transcript variant D, mRNA [NM_006486]
Homo sapiens TAF1 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 250kDa (T
Homo sapiens tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1 (TRANK1), mRNA [NM_014
Homo sapiens catalase (CAT), mRNA [NM_001752]
chromosome 20 open reading frame 112 [Source:HGNC Symbol;Acc:16106] [ENST00000375673]
T cell receptor beta variable 6-5 [Source:HGNC Symbol;Acc:12230] [ENST00000390368]
Homo sapiens MARCKS-like 1 (MARCKSL1), mRNA [NM_023009]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100508196 (LOC100508196), miscRNA [XR_111691]
Homo sapiens suppressor of fused homolog (Drosophila) (SUFU), transcript variant 1, mRNA [NM_0
Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase 4, neutral membrane (neutral sphingomyelinase-3
Homo sapiens sprouty homolog 1, antagonist of FGF signaling (Drosophila) (SPRY1), transcript varia
Homo sapiens death-associated protein (DAP), mRNA [NM_004394]
Homo sapiens actin binding LIM protein family, member 3 (ABLIM3), mRNA [NM_014945]
Homo sapiens proline rich 3 (PRR3), transcript variant 1, mRNA [NM_025263]
Homo sapiens complement component (3b/4b) receptor 1-like (CR1L), mRNA [NM_175710]

Q71TC8_BPP1 (Q71TC8) Tub, partial (6%) [THC2637261]
Homo sapiens RUN and SH3 domain containing 2 (RUSC2), mRNA [NM_014806]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 14 (CCDC14), mRNA [NM_022757]
Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, T type, alpha 1I subunit (CACNA1I), transcript v
Homo sapiens cytochrome b5 reductase 4 (CYB5R4), mRNA [NM_016230]
Homo sapiens nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 2 (NFATC2), tr
Homo sapiens transcription factor A, mitochondrial (TFAM), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens integrin, beta 2 (complement component 3 receptor 3 and 4 subunit) (ITGB2), transci
Homo sapiens storkhead box 1 (STOX1), transcript variant 1, mRNA [NM_152709]
Homo sapiens polymeric immunoglobulin receptor (PIGR), mRNA [NM_002644]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens deleted in lung and esophageal cancer 1 (DLEC1), transcript variant DLEC1-N1, mRNA
Homo sapiens olfactory receptor, family 2, subfamily T, member 33 (OR2T33), mRNA [NM_0010046
Homo sapiens procollagen-lysine, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase 2 (PLOD2), transcript variant 1, mR
Homo sapiens family with sequence similarity 3, member A (FAM3A), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens integrin beta 3 binding protein (beta3-endonexin) (ITGB3BP), transcript variant 2, mR
Homo sapiens integrin, alpha 4 (antigen CD49D, alpha 4 subunit of VLA-4 receptor) (ITGA4), mRNA [P
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505594 (LOC100505594), miscRNA [XR_109582]
Homo sapiens TMEM56-RWDD3 readthrough (TMEM56-RWDD3), mRNA [NM_001199691]

Homo sapiens glutamic-oxaloacetic transaminase 2, mitochondrial (aspartate aminotransferase 2) (Homo sapiens AF4/FMR2 family, member 3 (AFF3), transcript variant 1, mRNA [NM_002285]
Homo sapiens ribosomal RNA processing 15 homolog (*S. cerevisiae*) (RRP15), mRNA [NM_016052]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 2B (SNORA2B), small nucleolar RNA [NR_002951]
Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfam
Homo sapiens zinc finger protein 137, pseudogene (ZNF137P), non-coding RNA [NR_023311]
Homo sapiens CHK2 checkpoint homolog (*S. pombe*) (CHEK2), transcript variant 3, mRNA [NM_0016
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 43 (SNORA43), small nucleolar RNA [NR_002975]
Homo sapiens phosphofurin acidic cluster sorting protein 2 (PACS2), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group A (FANCA), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens PRP31 pre-mRNA processing factor 31 homolog (*S. cerevisiae*) (PRPF31), mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004640), lincRNA [TCONS_I2_00008604]
Homo sapiens TRAF interacting protein (TRAIP), mRNA [NM_005879]
Homo sapiens tectonic family member 2 (TCTN2), transcript variant 1, mRNA [NM_024809]
Homo sapiens golgin subfamily A member 2-like (AGSK1), non-coding RNA [NR_026811]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 124 (GPR124), mRNA [NM_032777]
Homo sapiens heat shock transcription factor 1 (HSF1), mRNA [NM_005526]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 61 (C11orf61), mRNA [NM_024631]
Homo sapiens plakophilin 4 (PKP4), transcript variant 1, mRNA [NM_003628]
Homo sapiens phosphoribosylglycinamide formyltransferase, phosphoribosylglycinamide synthetas

Homo sapiens pre-B-cell leukemia homeobox 1 (PBX1), transcript variant 1, mRNA [NM_002585]
Homo sapiens secretoglobin, family 3A, member 2 (SCGB3A2), mRNA [NM_054023]
Homo sapiens annexin A7 (ANXA7), transcript variant 2, mRNA [NM_004034]
Homo sapiens EH-domain containing 1 (EHD1), mRNA [NM_006795]
Homo sapiens stromal interaction molecule 1 (STIM1), mRNA [NM_003156]
DA714598 NT2RI2 Homo sapiens cDNA clone NT2RI2021603 5', mRNA sequence [DA714598]
Q7CVR7_AGRT5 (Q7CVR7) AGR_L_941GMp, partial (6%) [THC2648044]
Homo sapiens homeodomain interacting protein kinase 2 (HIPK2), transcript variant 1, mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507447 (LOC100507447), miscRNA [XR_108503]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 7 (CCDC7), transcript variant 1, mRNA [NM_145023]
Homo sapiens endoplasmic reticulum aminopeptidase 2 (ERAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_C
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 3B (PPP1R3B), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens jumonji domain containing 6 (JMJD6), transcript variant 2, mRNA [NM_015167]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506643 (LOC100506643), miscRNA [XR_109456]
Homo sapiens v-crk sarcoma virus CT10 oncogene homolog (avian)-like (CRKL), mRNA [NM_005207]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 198 (C1orf198), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens nuclear factor I/B (NFIB), transcript variant 3, mRNA [NM_005596]
Homo sapiens cDNA FLJ45867 fis, clone OCBBF3003745. [AK127766]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 2 (beta) (PIK3R2), mRNA [NM_005027]
Homo sapiens inverted formin, FH2 and WH2 domain containing (INF2), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens CD74 molecule, major histocompatibility complex, class II invariant chain (CD74), tra
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006034), lincRNA [TCONS_00013402]
Homo sapiens DCN1, defective in cullin neddylation 1, domain containing 2 (*S. cerevisiae*) (DCUN1D

Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfam
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506130, transcript variant 1 (LOC100506130), miscF
Homo sapiens zinc finger family member 788 (ZNF788), non-coding RNA [NR_027049]
Homo sapiens pyruvate carboxylase (PC), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript v
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member A pseudogene (FLJ10661), transcript vari
Homo sapiens RuvB-like 1 (E. coli) (RUVBL1), mRNA [NM_003707]
Homo sapiens granzyme B (granzyme 2, cytotoxic T-lymphocyte-associated serine esterase 1) (GZM
Homo sapiens olfactory receptor, family 2, subfamily W, member 3 (OR2W3), mRNA [NM_0010019
Homo sapiens glutathione peroxidase 4 (phospholipid hydroperoxidase) (GPX4), transcript variant 3
Homo sapiens tyrosine kinase with immunoglobulin-like and EGF-like domains 1 (TIE1), mRNA [NM_
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 7 (MCM7), transcript variant 2, I
Homo sapiens zinc finger protein 521 (ZNF521), mRNA [NM_015461]
Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 9 (PCSK9), mRNA [NM_174936]
Homo sapiens B-box and SPRY domain containing (BSPRY), mRNA [NM_017688]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 41 (C7orf41), mRNA [NM_152793]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001556), lincRNA [TCONS_00004835]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011924), lincRNA [TCONS_I2_00022763]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686J1595 (from clone DKFZp686J1595) [BX538057]
Homo sapiens RNA binding protein, fox-1 homolog (C. elegans) 2 (RBFox2), transcript variant 1, mR
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013153), lincRNA [TCONS_I2_00024967]
Homo sapiens GTP binding protein 2 (GTPBP2), mRNA [NM_019096]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 3 (C20orf3), mRNA [NM_020531]
Homo sapiens electron-transfer-flavoprotein, alpha polypeptide (ETFa), nuclear gene encoding mitc
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2W (putative) (UBE2W), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens taxilin gamma (TXLNG), transcript variant 1, mRNA [NM_018360]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 16A (SNORA16A), small nucleolar RNA [NR_003035]
Homo sapiens keratin 18 pseudogene 55 (KRT18P55), non-coding RNA [NR_028334]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 21 (C1orf21), mRNA [NM_030806]
Homo sapiens katanin p60 subunit A-like 2 (KATNAL2), mRNA [NM_031303]
Homo sapiens calmodulin regulated spectrin-associated protein 1 (CAMSAP1), mRNA [NM_015447]
Homo sapiens non-SMC element 4 homolog A (S. cerevisiae) (NSMCE4A), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 44 (C19orf44), mRNA [NM_032207]
Homo sapiens zinc finger protein 608 (ZNF608), mRNA [NM_020747]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DM alpha (HLA-DMA), mRNA [NM_006120]
Homo sapiens post-GPI attachment to proteins 1 (PGAP1), mRNA [NM_024989]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13 (TNFSF13), transcript variant 1
Homo sapiens serologically defined colon cancer antigen 3 (SDCCAG3), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group D2 (FANCD2), transcript variant 2, mRNA [N
Homo sapiens Kruppel-like factor 8 (KLF8), transcript variant 1, mRNA [NM_007250]
Homo sapiens midkine (neurite growth-promoting factor 2) (MDK), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens family with sequence similarity 117, member B (FAM117B), mRNA [NM_173511]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010167), lincRNA [TCONS_00021389]
Homo sapiens cell cycle progression 1 (CCPG1), transcript variant 2, mRNA [NM_020739]

Homo sapiens glutathione S-transferase theta 2B (gene/pseudogene) (GSTT2B), mRNA [NM_001080]

Homo sapiens RAB11A, member RAS oncogene family (RAB11A), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

Homo sapiens MAS-related GPR, member G (MRGPRG), mRNA [NM_001164377]

Homo sapiens 5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2A (HTR2A), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

Homo sapiens 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase homolog (Arabidopsis)(non-functional)

Homo sapiens family with sequence similarity 101, member B (FAM101B), mRNA [NM_182705]

Homo sapiens SERTA domain containing 2 (SERTAD2), mRNA [NM_014755]

Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 1 (endothelial) (TNFAIP1), mRNA [NM_001080]

Homo sapiens transmembrane protein 64 (TMEM64), transcript variant 1, mRNA [NM_001008495]

DKFZp686H0168_r1 686 (synonym: hlcc3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp686H0168 5', mRNA seq

Homo sapiens platelet/endothelial cell adhesion molecule (PECAM1), mRNA [NM_000442]

Homo sapiens 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 2 (PFKFB2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_013955), lincRNA [TCONS_00029036]

Homo sapiens abhydrolase domain containing 4 (ABHD4), mRNA [NM_022060]

Homo sapiens family with sequence similarity 189, member A2 (FAM189A2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652867 (LOC100652867), miscRNA [XR_132475]

Homo sapiens cat eye syndrome chromosome region, candidate 6 (CECR6), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

Homo sapiens sphingosine-1-phosphate phosphatase 2 (SGPP2), mRNA [NM_152386]

Homo sapiens annexin A2 (ANXA2), transcript variant 2, mRNA [NM_001002857]

Homo sapiens zinc finger protein 814 (ZNF814), mRNA [NM_001144989]

Homo sapiens exostoses (multiple)-like 2 (EXTL2), transcript variant 1, mRNA [NM_001439]

Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 42 (C8orf42), mRNA [NM_175075]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013124), lincRNA [TCONS_I2_00024924]

Homo sapiens family with sequence similarity 200, member B (FAM200B), mRNA [NM_001145191]

Homo sapiens ATPase, Ca⁺⁺ transporting, type 2C, member 1 (ATP2C1), transcript variant 8, mRNA [NM_001080]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100653033 (LOC100653033), miscRNA [XR_132874]

Homo sapiens nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells 2 (p49/p100) (NFKB1)

Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 33 (C21orf33), nuclear gene encoding mitochondrially encoded protein

Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 12 (TTLL12), mRNA [NM_015140]

Homo sapiens forkhead box I2 (FOXI2), mRNA [NM_207426]

Homo sapiens RUN and FYVE domain containing 1 (RUFY1), transcript variant 1, mRNA [NM_025158]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_005737), lincRNA [TCONS_00011496]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_006939), lincRNA [TCONS_00014870]

Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 4 (MCM4), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

Homo sapiens transcriptional adaptor 1 (TADA1), mRNA [NM_053053]

Homo sapiens Obg-like ATPase 1 (OLA1), transcript variant 1, mRNA [NM_013341]

Homo sapiens ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, gamma polypeptide 1 (ATP5G1), mRNA [NM_001080]

Homo sapiens zinc finger protein 519 (ZNF519), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_033354]

Homo sapiens PRP4 pre-mRNA processing factor 4 homolog (yeast) (PRPF4), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

Homo sapiens alveolar soft part sarcoma chromosome region, candidate 1 (ASPSCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100287250 (LOC100287250), mRNA [XM_002340]

Homo sapiens zinc finger protein 483 (ZNF483), transcript variant 2, mRNA [NM_001007169]

Homo sapiens TAM41, mitochondrial translocator assembly and maintenance protein, homolog (S. cerevisiae)

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506471 (LOC100506471), miscRNA [XR_109675]

Homo sapiens lymphocyte-specific protein tyrosine kinase (LCK), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens programmed cell death 7 (PDCD7), mRNA [NM_005707]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128278 (LOC100128278), miscRNA [XR_110306]

Homo sapiens endoplasmic reticulum metalloproteinase 1 (ERMP1), mRNA [NM_024896]

Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 84 (SNORA84), small nucleolar RNA [NR_003704]

Homo sapiens hydroxymethylbilane synthase (HMBS), transcript variant 1, mRNA [NM_000190]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_005473), lincRNA [TCONS_00011960]

Homo sapiens zinc finger protein 121 (ZNF121), mRNA [NM_001008727]

Homo sapiens family with sequence similarity 169, member A (FAM169A), mRNA [NM_015566]

Homo sapiens interleukin 4 receptor (IL4R), transcript variant 2, mRNA [NM_001008699]

Homo sapiens tripartite motif containing 6 (TRIM6), transcript variant 1, mRNA [NM_001003818]

Homo sapiens widely interspaced zinc finger motifs (WIZ), mRNA [NM_021241]

Homo sapiens DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 30 (DHX30), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens organic solute carrier partner 1 (OSCP1), transcript variant 2, mRNA [NM_206837]

Homo sapiens heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 2, pseudogene (HSP90AB Q6FTS4_CANGA (Q6FTS4) Similarity, partial (15%) [THC2660300]

Homo sapiens MDS1 and EVI1 complex locus (MECOM), transcript variant 6, mRNA [NM_001164001]

Homo sapiens regulatory factor X, 5 (influences HLA class II expression) (RFX5), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens centrosomal protein 55kDa (CEP55), transcript variant 1, mRNA [NM_018131]

Homo sapiens suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein) (ST13), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens fibrinogen-like 2 (FGL2), mRNA [NM_006682]

Homo sapiens cDNA clone IMAGE:40010290. [BC109228]

Homo sapiens centromere protein P (CENPP), mRNA [NM_001012267]

Homo sapiens family with sequence similarity 171, member A1 (FAM171A1), mRNA [NM_00101092]

Homo sapiens family with sequence similarity 195, member A pseudogene (LOC286467), non-coding RNA [LOC286467]

Homo sapiens secreted frizzled-related protein 5 (SFRP5), mRNA [NM_003015]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008434), lincRNA [TCONS_00018704]

Homo sapiens CHK2 checkpoint homolog (S. pombe) (CHEK2), transcript variant 3, mRNA [NM_001001001]

spermatogenesis associated 13 [Source:HGNC Symbol;Acc:23222] [ENST00000466831]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 64 (SNORD64), small nucleolar RNA [NR_001294]

Homo sapiens non-metastatic cells 4, protein expressed in (NME4), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001001001]

Homo sapiens suppressor of variegation 3-9 homolog 1 (Drosophila) (SUV39H1), mRNA [NM_003171]

Homo sapiens Williams Beuren syndrome chromosome region 22 (WBSCR22), transcript variant 1, rDNA [NM_001001001]

Homo sapiens transmembrane protein 97 (TMEM97), mRNA [NM_014573]

AGENCOURT_10185273 NIH_MGC_126 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6562423 5', mRNA sequence [IMAGE:6562423]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L2 (MRPL2), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001001001]

Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 40 homolog (yeast) (TOMM40), nuclear gene [NM_001001001]

Homo sapiens mevalonate kinase (MVK), transcript variant 1, mRNA [NM_000431]

Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 7 (HAUS7), mRNA [NM_017518]

Homo sapiens acetyl-CoA carboxylase alpha (ACACA), transcript variant 2, mRNA [NM_198839]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505730, transcript variant 2 (LOC100505730), miscRNA [XR_110306]

Homo sapiens LIM domain containing 2 (LIMD2), mRNA [NM_030576]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505908 (LOC100505908), miscRNA [XR_109311]

Homo sapiens brain-derived neurotrophic factor (BDNF), transcript variant 1, mRNA [NM_170735]

Q6TDT1_HUMAN (Q6TDT1) Protein transactivated by hepatitis B virus E antigen, partial (27%) [THC:
Homo sapiens transgelin 2 (TAGLN2), mRNA [NM_003564]
Homo sapiens chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (CSGALNACT1), transcript va
Homo sapiens sphingosine kinase 1 (SPHK1), transcript variant 2, mRNA [NM_182965]
Homo sapiens GATA binding protein 3 (GATA3), transcript variant 1, mRNA [NM_001002295]
Homo sapiens metastasis suppressor 1 (MTSS1), mRNA [NM_014751]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 4, 9kDa (NDUFA4), nuclear {
Homo sapiens acyl-CoA oxidase 1, palmitoyl (ACOX1), transcript variant 3, mRNA [NM_001185039]
Homo sapiens lysophosphatidylcholine acyltransferase 2 (LPCAT2), mRNA [NM_017839]
Homo sapiens palladin, cytoskeletal associated protein (PALLD), transcript variant 3, mRNA [NM_00
Q6UWM8_HUMAN (Q6UWM8) GNNC2999, partial (16%) [THC2606542]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010379), lincRNA [TCONS_00021781]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003787), lincRNA [TCONS_00008338]
Homo sapiens mitochondrial antiviral signaling protein (MAVS), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens Yip1 interacting factor homolog B (*S. cerevisiae*) (YIF1B), transcript variant 2, mRNA [
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009331), lincRNA [TCONS_I2_00017656]
Homo sapiens target of myb1-like 2 (chicken) (TOM1L2), transcript variant 3, mRNA [NM_00108296
Homo sapiens ring finger protein 103 (RNF103), transcript variant 1, mRNA [NM_005667]
Homo sapiens kinesin family member 3C (KIF3C), mRNA [NM_002254]
Homo sapiens MAX interactor 1 (MXI1), transcript variant 2, mRNA [NM_130439]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 17 (CCL17), mRNA [NM_002987]
Homo sapiens glutathione S-transferase theta 2 (GSTT2), mRNA [NM_000854]
Homo sapiens selenoprotein T (SELT), mRNA [NM_016275]
Homo sapiens annexin A5 (ANXA5), mRNA [NM_001154]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011873), lincRNA [TCONS_I2_00022667]
Homo sapiens uroplakin 1A (UPK1A), mRNA [NM_007000]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506737 (LOC100506737), miscRNA [XR_109732]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 108 (GPR108), mRNA [NM_001080452]
Homo sapiens disabled homolog 2, mitogen-responsive phosphoprotein (*Drosophila*) (DAB2), transcr
Homo sapiens GRB2-associated binding protein 3 (GAB3), transcript variant 1, mRNA [NM_0010815
Homo sapiens interferon, gamma-inducible protein 30 (IFI30), mRNA [NM_006332]
BX104722 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998G143560, mRNA sequence [BX1
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004629), lincRNA [TCONS_00010829]
Homo sapiens pro-platelet basic protein-like 2 (PPBPL2), non-coding RNA [NR_026769]
Homo sapiens N-acetylneuraminase pyruvate lyase (dihydrodipicolinate synthase) (NPL), transcript
Homo sapiens melanoregulin (MREG), mRNA [NM_018000]
Homo sapiens centrosomal protein 135kDa (CEP135), mRNA [NM_025009]
Homo sapiens nucleosome assembly protein 1-like 1 (NAP1L1), transcript variant 1, mRNA [NM_139
Homo sapiens secretory carrier membrane protein 1 (SCAMP1), mRNA [NM_004866]
Homo sapiens calpain 13 (CAPN13), mRNA [NM_144575]
Homo sapiens matrix Gla protein (MGP), transcript variant 2, mRNA [NM_000900]
Homo sapiens myosin, light chain 4, alkali; atrial, embryonic (MYL4), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens paroxysmal nonkinesigenic dyskinesia (PNKD), nuclear gene encoding mitochondrial |
zt72a06.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:727858 5' similar to contains L1.t3

Homo sapiens progesterone receptor membrane component 1 (PGRMC1), mRNA [NM_006667]
Homo sapiens PDZ domain containing 2 (PDZD2), mRNA [NM_178140]
Homo sapiens vacuolar protein sorting 37 homolog C (S. cerevisiae) (VPS37C), mRNA [NM_017966]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 38 (USP38), mRNA [NM_032557]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002049), lincRNA [TCONS_00004207]
Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase
Homo sapiens CD84 molecule (CD84), transcript variant 2, mRNA [NM_003874]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 31kDa, V1 subunit E1 (ATP6V1E1), transcript vari:
chimerin (chimaerin) 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:1944] [ENST00000410098]
Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALA:
Homo sapiens c-Maf inducing protein (CMIP), transcript variant 1, mRNA [NM_198390]
Homo sapiens cytokine inducible SH2-containing protein (CISH), transcript variant 2, mRNA [NM_14
Homo sapiens SUMO1/sentrin/SMT3 specific peptidase 2 (SEN2), mRNA [NM_021627]
Homo sapiens microtubule-associated protein 1 light chain 3 beta (MAP1LC3B), mRNA [NM_022818]
Homo sapiens PDZ and LIM domain 7 (enigma) (PDLIM7), transcript variant 4, mRNA [NM_213636]
Homo sapiens protein S (alpha) (PROS1), mRNA [NM_000313]
Homo sapiens selenoprotein T (SELT), mRNA [NM_016275]
Homo sapiens ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 4 (ST8SIA4), transcript va
Homo sapiens zymogen granule protein 16 homolog B (rat) (ZG16B), mRNA [NM_145252]
Homo sapiens interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 2 (IFIT2), mRNA [NM_0015
Homo sapiens transmembrane protein 44 (TMEM44), transcript variant 1, mRNA [NM_138399]
Homo sapiens uracil-DNA glycosylase (UNG), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcrip
Homo sapiens nucleoporin 188kDa (NUP188), mRNA [NM_015354]
Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 12 (KCNJ12), mRNA [NM
Homo sapiens high mobility group AT-hook 2 (HMGA2), transcript variant 2, mRNA [NM_003484]
Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA A3 (SNAR-A3), small nuclear RNA [NR_024214]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 8 (MAPK8), transcript variant JNK1-b2, mRNA [NM_
Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, alpha 7 (CHRNA7), transcript variant 2, mRNA [NM_0C
Homo sapiens adenylate kinase 2 (AK2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript va
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 25 (TTC25), mRNA [NM_031421]
Homo sapiens WD repeat domain 74 (WDR74), mRNA [NM_018093]
Homo sapiens ubiquitin associated protein 2 (UBAP2), mRNA [NM_018449]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012017), lincRNA [TCONS_00024736]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 1A (HSPA1A), mRNA [NM_005345]
Homo sapiens transforming, acidic coiled-coil containing protein 1 (TACC1), transcript variant 1, mR
Homo sapiens discoidin, CUB and LCCL domain containing 1 (DCBLD1), mRNA [NM_173674]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (15%) [THC:
Homo sapiens Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor (CD32) (FCGR2A), transcript variant 1, m
Homo sapiens mRNA for FLJ00217 protein. [AK074144]
Homo sapiens phospholipase C, gamma 2 (phosphatidylinositol-specific) (PLCG2), mRNA [NM_0026
RST11351 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG192243]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100292409 (LOC100292409), miscRNA [XR_108319]
Homo sapiens BDNF antisense RNA 1 (non-protein coding) (BDNF-AS1), transcript variant BT2B, non
Homo sapiens vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin) (VAMP3), mRNA [NM_004781]

Homo sapiens numb homolog (Drosophila) (NUMB), transcript variant 1, mRNA [NM_001005743]
Homo sapiens RAS guanyl releasing protein 2 (calcium and DAG-regulated) (RASGRP2), transcript va
Homo sapiens transmembrane protein 45A (TMEM45A), mRNA [NM_018004]
Homo sapiens cell division cycle 37 homolog (*S. cerevisiae*)-like 1 (CDC37L1), mRNA [NM_017913]
Homo sapiens TNFAIP3 interacting protein 1 (TNIP1), transcript variant 5, mRNA [NM_006058]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 2 (SERPINB2), transcript var
Homo sapiens intersectin 1 (SH3 domain protein) (ITSN1), transcript variant 2, mRNA [NM_0010011
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 51 (DDX51), mRNA [NM_175066]
ALU5_HUMAN (P39192) Alu subfamily SC sequence contamination warning entry, partial (11%) [TH
Homo sapiens PDGFA associated protein 1 (PDAP1), mRNA [NM_014891]
Homo sapiens centromere protein F, 350/400kDa (mitosin) (CENPF), mRNA [NM_016343]
Homo sapiens BEN domain containing 4 (BEND4), transcript variant 1, mRNA [NM_207406]
Homo sapiens solute carrier family 43, member 1 (SLC43A1), transcript variant 1, mRNA [NM_0036:
Homo sapiens noggin (NOG), mRNA [NM_005450]
Homo sapiens family with sequence similarity 156, member B (FAM156B), mRNA [NM_001099684]
Homo sapiens TP53-target gene 3 protein-like (LOC729264), mRNA [NM_001243722]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 97 (SNORD97), small nucleolar RNA [NR_004403]
Homo sapiens fatty acid binding protein 6, ileal (FABP6), transcript variant 1, mRNA [NM_00104044
Homo sapiens angiopoietin-like 4 (ANGPTL4), transcript variant 1, mRNA [NM_139314]
Homo sapiens ORM1-like 3 (*S. cerevisiae*) (ORMDL3), mRNA [NM_139280]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010679), lincRNA [TCONS_00022076]
Homo sapiens lymphocyte cytosolic protein 2 (SH2 domain containing leukocyte protein of 76kDa) (
Homo sapiens uncharacterized LOC100507246 (LOC100507246), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens transmembrane protein 161A (TMEM161A), mRNA [NM_017814]

Homo sapiens chromobox homolog 2 (CBX2), transcript variant 1, mRNA [NM_005189]
Homo sapiens arachidonate 15-lipoxygenase, type B (ALOX15B), transcript variant d, mRNA [NM_0C
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005209), lincRNA [TCONS_00011744]
Homo sapiens beta-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 2 (B3GALNT2), mRNA [NM_152490]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 101 (SNORD101), small nucleolar RNA [NR_002434]
Homo sapiens ribosomal protein L22 (RPL22), mRNA [NM_000983]
Homo sapiens ubiquitin associated protein 2 (UBAP2), mRNA [NM_018449]
Homo sapiens euchromatic histone-lysine N-methyltransferase 1 (EHMT1), transcript variant 1, mRN

Homo sapiens acyl-CoA binding domain containing 6 (ACBD6), mRNA [NM_032360]
Homo sapiens transforming growth factor beta regulator 4 (TBRG4), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant) (PKD1), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens WW domain containing oxidoreductase (WWOX), transcript variant 3, mRNA [NM_1:
Homo sapiens chemokine (C-X3-C motif) receptor 1 (CX3CR1), transcript variant 4, mRNA [NM_001:
Homo sapiens centrosomal protein 72kDa (CEP72), mRNA [NM_018140]
Homo sapiens zinc finger, RAN-binding domain containing 3 (ZRANB3), mRNA [NM_032143]
Homo sapiens lymphocyte-specific protein 1 pseudogene (LOC645166), transcript variant 1, non-co
Homo sapiens uncharacterized LOC100506930 (LOC100506930), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 5 (SLC27A5), mRNA [NM_01

Homo sapiens CDC14 cell division cycle 14 homolog B (*S. cerevisiae*) (CDC14B), transcript variant 2, mRNA [NM_006425]
Homo sapiens SLU7 splicing factor homolog (*S. cerevisiae*) (SLU7), mRNA [NM_006425]
Homo sapiens nicotinamide phosphoribosyltransferase (NAMPT), mRNA [NM_005746]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100287223 (LOC100287223), mRNA [XM_002342200]
Homo sapiens TSPY-like 1 (TSPYL1), mRNA [NM_003309]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002617), lincRNA [TCONS_00005992]
Homo sapiens chloride channel 3 (CLCN3), transcript variant a, mRNA [NM_001243372]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006821), lincRNA [TCONS_I2_00012703]
Homo sapiens CAP, adenylate cyclase-associated protein 1 (yeast) (CAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001243372]

Homo sapiens chemokine-like factor (CKLF), transcript variant 1, mRNA [NM_016951]
Homo sapiens gamma-glutamyltransferase 1 (GGT1), transcript variant 1, mRNA [NM_005265]
Homo sapiens signal-regulatory protein beta 2 (SIRPB2), transcript variant 1, mRNA [NM_00112296]
Q5SRJ3_HUMAN (Q5SRJ3) Zinc finger protein 452 (Fragment), partial (3%) [THC2529829]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 86 (C16orf86), mRNA [NM_001012984]
Homo sapiens docking protein 2, 56kDa (DOK2), mRNA [NM_003974]
Homo sapiens histone cluster 1, H4b (HIST1H4B), mRNA [NM_003544]
Homo sapiens arginine-glutamic acid dipeptide (RE) repeats (RERE), transcript variant 1, mRNA [NM_001243372]

Homo sapiens vacuolar protein sorting 13 homolog B (yeast) (VPS13B), transcript variant 4, mRNA [NM_001243372]
Homo sapiens lysozyme-like 4 (LYZL4), mRNA [NM_144634]
Homo sapiens zinc finger protein 607 (ZNF607), transcript variant 1, mRNA [NM_032689]
Homo sapiens serine incorporator 3 (SERINC3), transcript variant 1, mRNA [NM_006811]
Homo sapiens haloacid dehalogenase-like hydrolase domain containing 1 (HDHD1), transcript variant 1, mRNA [NM_001243372]
Homo sapiens SET domain containing 4 (SETD4), transcript variant 1, mRNA [NM_017438]
Homo sapiens stonin 2 (STON2), mRNA [NM_033104]
Homo sapiens interferon induced transmembrane protein 1 (9-27) (IFITM1), mRNA [NM_003641]
Homo sapiens lamin A/C (LMNA), transcript variant 2, mRNA [NM_005572]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, F (PTPRF), transcript variant 1, mRNA [NM_001243372]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506328 (LOC100506328), miscRNA [XR_109927]
Homo sapiens uncharacterized LOC389332 (LOC389332), non-coding RNA [NR_024418]
Homo sapiens interleukin-1 receptor-associated kinase 1 binding protein 1 (IRAK1BP1), mRNA [NM_001243372]
Homo sapiens EH-domain containing 3 (EHD3), mRNA [NM_014600]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 104 (C17orf104), mRNA [NM_001145080]
Homo sapiens ATPase, class V, type 10A (ATP10A), mRNA [NM_024490]
Homo sapiens Bloom syndrome, RecQ helicase-like (BLM), mRNA [NM_000057]
Plasma cell-induced resident endoplasmic reticulum protein [Source:UniProtKB/Swiss-Prot;Acc:Q8V001]
Homo sapiens CDGSH iron sulfur domain 1 (CISD1), mRNA [NM_018464]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 73A (SNORD73A), small nucleolar RNA [NR_000007]
Homo sapiens histone cluster 1, H3i (HIST1H3I), mRNA [NM_003533]
Homo sapiens ZW10 interactor (ZWINT), transcript variant 2, mRNA [NM_032997]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group A (FANCA), transcript variant 1, mRNA [NM_001243372]
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7 (HSD17B7), mRNA [NM_016371]

Homo sapiens RAB15 effector protein (REP15), mRNA [NM_001029874]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 1 (SAMD1), mRNA [NM_138352]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 16 (SNORD16), small nucleolar RNA [NR_002440]
Homo sapiens structural maintenance of chromosomes 1A (SMC1A), mRNA [NM_006306]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506930 (LOC100506930), transcript variant 2, non-coding RNA
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 13 (ZDHHC13), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens small EDRK-rich factor 1B (centromeric) (SERF1B), transcript variant 2, mRNA [NM_0
Homo sapiens post-GPI attachment to proteins 2 (PGAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_014489]
Homo sapiens olfactory receptor, family 10, subfamily W, member 1 (OR10W1), mRNA [NM_20737
Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, F (HLA-F), transcript variant 2, mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002283), lincRNA [TCONS_00004409]
talin 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:11845] [ENST00000378192]
Homo sapiens engulfment and cell motility 2 (ELMO2), transcript variant 2, mRNA [NM_182764]
Homo sapiens fibroblast growth factor receptor 2 (FGFR2), transcript variant 2, mRNA [NM_022970
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013153), lincRNA [TCONS_I2_00024964]
Q5TF36_HUMAN (Q5TF36) REV3-like, catalytic subunit of DNA polymerase zeta (Yeast), partial (20%
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002651), lincRNA [TCONS_I2_00005011]
Homo sapiens brain protein I3 (BRI3), transcript variant 1, mRNA [NM_015379]
Homo sapiens GATS, stromal antigen 3 opposite strand (GATS), transcript variant 1, mRNA [NM_178
Homo sapiens calponin 1, basic, smooth muscle (CNN1), mRNA [NM_001299]
Homo sapiens CD274 molecule (CD274), mRNA [NM_014143]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 6 (DNAJB6), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens inverted formin, FH2 and WH2 domain containing (INF2), transcript variant 3, mRNA
Homo sapiens ventricular zone expressed PH domain homolog 1 (zebrafish) (VEPH1), transcript vari
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014244), lincRNA [TCONS_00029809]

Homo sapiens nerve growth factor receptor (TNFRSF16) associated protein 1 (NGFRAP1), transcript
Homo sapiens phospholipase D family, member 3 (PLD3), transcript variant 2, mRNA [NM_012268]
Homo sapiens NAD(P)H dehydrogenase, quinone 2 (NQO2), mRNA [NM_000904]
Homo sapiens SH3-binding domain kinase 1 (SBK1), mRNA [NM_001024401]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S25 (MRPS25), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens FAST kinase domains 1 (FASTKD1), mRNA [NM_024622]
Homo sapiens tubulin, beta 6 class V (TUBB6), mRNA [NM_032525]
Homo sapiens notchless homolog 1 (Drosophila) (NLE1), transcript variant 2, mRNA [NM_00101444
AV760348 MDS Homo sapiens cDNA clone MDSELC09 5', mRNA sequence [AV760348]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 107 (SNORD107), small nucleolar RNA [NR_001293]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 21 (C1orf21), mRNA [NM_030806]
Homo sapiens proline rich 20B (PRR20B), mRNA [NM_001130404]
Homo sapiens CD3e molecule, epsilon associated protein (CD3EAP), mRNA [NM_012099]
Homo sapiens methyltransferase like 1 (METTL1), transcript variant 1, mRNA [NM_005371]
Homo sapiens TSC22 domain family, member 1 (TSC22D1), transcript variant 1, mRNA [NM_183422
Homo sapiens angiopoietin-like 6 (ANGPTL6), mRNA [NM_031917]
Homo sapiens tripartite motif containing 35 (TRIM35), transcript variant 2, mRNA [NM_171982]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, assembly factor 3 (NDUFAF:

Homo sapiens praja ring finger 2 (PJA2), mRNA [NM_014819]
Homo sapiens laminin, beta 4 (LAMB4), mRNA [NM_007356]
Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 3 (NLRP3), transcript variant 6, mRNA [NM_001:
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5 (MAP3K5), mRNA [NM_005923]
Homo sapiens solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 5 (SLC7
AGENCOURT_16391134 NIH_MGC_227 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:30718868 5', mRNA sequ
Homo sapiens uncharacterized LOC100505576 (LOC100505576), non-coding RNA [NR_038847]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 23 (C19orf23), non-coding RNA [NR_027271]
Homo sapiens keratin 83 (KRT83), mRNA [NM_002282]
Homo sapiens fibroblast growth factor 13 (FGF13), transcript variant 1, mRNA [NM_004114]
Homo sapiens zinc finger, AN1-type domain 5 (ZFAND5), transcript variant c, mRNA [NM_006007]
Homo sapiens arginyltransferase 1 (ATE1), transcript variant 1, mRNA [NM_001001976]
Homo sapiens ring finger protein 215 (RNF215), mRNA [NM_001017981]
Homo sapiens coactosin-like 1 (Dictyostelium) (COTL1), mRNA [NM_021149]
Homo sapiens cDNA FLJ30901 fis, clone FEBRA2005778. [AK055463]

Homo sapiens tensin 1 (TNS1), mRNA [NM_022648]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006335), lincRNA [TCONS_00013117]
Homo sapiens CNDP dipeptidase 2 (metallopeptidase M20 family) (CNDP2), transcript variant 1, mR
dynein, axonemal, heavy chain 14 [Source:HGNC Symbol;Acc:2945] [ENST00000495456]
Homo sapiens zinc finger protein 691 (ZNF691), transcript variant 1, mRNA [NM_001242739]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005559), lincRNA [TCONS_00012631]
17000531326764 GRN_ES Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [CN284311]
homeodomain interacting protein kinase 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:14402] [ENST00000342645]
Homo sapiens abhydrolase domain containing 16A (ABHD16A), transcript variant 1, mRNA [NM_02:

Homo sapiens trafficking protein particle complex 2 (TRAPPC2), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens transmembrane protein 38A (TMEM38A), mRNA [NM_024074]
Homo sapiens uncharacterized LOC729975 (FLJ30403), non-coding RNA [NR_034159]
Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells 1 (TREM1), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens phosphatidylinositol-5-phosphate 4-kinase, type II, beta (PIP4K2B), mRNA [NM_0035
Homo sapiens dead end homolog 1 (zebrafish) (DND1), mRNA [NM_194249]
Homo sapiens pyrroline-5-carboxylate reductase 1 (PYCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_00690:
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009982), lincRNA [TCONS_00020677]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2 (HNRNPA1L2), transcript variant :
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 63 (SNORA63), small nucleolar RNA [NR_002586]
Homo sapiens family with sequence similarity 72, member A (FAM72A), mRNA [NM_001123168]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 24 (C19orf24), mRNA [NM_017914]
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7 (HSD17B7), mRNA [NM_016371]
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1 (elliptocytosis 1, RH-linked) (EPB41), transcr
Homo sapiens LIM domain and actin binding 1 (LIMA1), transcript variant 2, mRNA [NM_016357]
Homo sapiens solute carrier family 30 (zinc transporter), member 5 (SLC30A5), transcript variant 1,
Homo sapiens uncharacterized LOC151475 (LOC151475), non-coding RNA [NR_040038]
Homo sapiens cystin 1 (CYS1), mRNA [NM_001037160]

RAB GTPase activating protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17155] [ENST00000317419]
Homo sapiens glycine-N-acyltransferase-like 2 (GLYATL2), mRNA [NM_145016]
Homo sapiens fatty acyl CoA reductase 2 (FAR2), mRNA [NM_018099]
Homo sapiens MYC associated factor X (MAX), transcript variant 6, mRNA [NM_197957]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506201, transcript variant 4 (LOC100506201), miscF
Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfam
oe35d02.y1 Human keratoconus cornea, unamplified, (od [CV575364]
Homo sapiens RAB37, member RAS oncogene family (RAB37), transcript variant 3, mRNA [NM_175
Homo sapiens pyruvate dehydrogenase phosphatase catalytic subunit 2 (PDP2), mRNA [NM_020786]
1718340A KALIG-1 gene. {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (11%) [THC2783530]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002043), lincRNA [TCONS_00004197]
Homo sapiens DPH2 homolog (S. cerevisiae) (DPH2), transcript variant 1, mRNA [NM_001384]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011686), lincRNA [TCONS_00024362]
Homo sapiens inositol polyphosphate-5-phosphatase F (INPP5F), transcript variant 3, mRNA [NM_0
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 341 (LINC00341), non-coding RNA [NR_0267
Homo sapiens flotillin 2 (FLOT2), mRNA [NM_004475]
Q3GYV4_9ACTO (Q3GYV4) Cytochrome c-type biogenesis protein CcmB, partial (9%) [THC2579237]
Homo sapiens polyamine-modulated factor 1 (PMF1), transcript variant 1, mRNA [NM_001199654]
Homo sapiens lymphocyte-specific protein 1 (LSP1), transcript variant 5, mRNA [NM_001242932]
Homo sapiens growth arrest and DNA-damage-inducible, gamma interacting protein 1 (GADD45GIP
Homo sapiens plexin C1 (PLXNC1), transcript variant 1, mRNA [NM_005761]
Q8TAW2_HUMAN (Q8TAW2) CD99L2 protein, partial (24%) [THC2604051]
Homo sapiens zinc finger protein 808 (ZNF808), mRNA [NM_001039886]
Homo sapiens homeobox A10 (HOXA10), transcript variant 1, mRNA [NM_018951]
Homo sapiens Scm-like with four mbt domains 2 (SFMBT2), transcript variant 1, mRNA [NM_001029
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507342 (LOC100507342), miscRNA [XR_109514]
Homo sapiens interleukin enhancer binding factor 3, 90kDa (ILF3), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens low density lipoprotein receptor class A domain containing 2 (LDLRAD2), mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009725), lincRNA [TCONS_00020396]
Homo sapiens brain abundant, membrane attached signal protein 1 (BASP1), mRNA [NM_006317]
Homo sapiens uncharacterized LOC541471 (LOC541471), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_

PREDICTED: Homo sapiens MAST4 antisense RNA 1 (non-protein coding) (MAST4-AS1), miscRNA [XF
Homo sapiens protein kinase D2 (PRKD2), transcript variant 1, mRNA [NM_016457]
Homo sapiens protein S (alpha) (PROS1), mRNA [NM_000313]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004262), lincRNA [TCONS_00009850]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 6 (PSMD6), mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003318), lincRNA [TCONS_00006704]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507286 (LOC100507286), miscRNA [XR_109951]
phosphodiesterase 4D interacting protein [Source:HGNC Symbol;Acc:15580] [ENST00000479369]
Homo sapiens DNA fragmentation factor, 45kDa, alpha polypeptide (DFFA), transcript variant 2, mR
Homo sapiens damage-specific DNA binding protein 2, 48kDa (DDB2), mRNA [NM_000107]
Homo sapiens glutamine and serine rich 1 (QSER1), mRNA [NM_001076786]

Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 2B (KDM2B), transcript variant 2, mRNA [NM_001005]
Homo sapiens zinc finger protein 695 (ZNF695), transcript variant 1, mRNA [NM_020394]
Homo sapiens uncharacterized LOC100287765 (LOC100287765), non-coding RNA [NR_038988]
Homo sapiens calcitonin receptor-like (CALCRL), mRNA [NM_005795]
Homo sapiens keratin 19 (KRT19), mRNA [NM_002276]
Homo sapiens WD repeat domain 19 (WDR19), mRNA [NM_025132]

Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5203707, containing frame-shift errors. [BC110990]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class Z (PIGZ), mRNA [NM_025163]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506048, transcript variant 1 (LOC100506048), miscF
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011573), lincRNA [TCONS_00023779]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008629), lincRNA [TCONS_00017871]
Homo sapiens mucin-like 1 (MUCL1), mRNA [NM_058173]
AGENCOURT_8868358 NIH_MGC_142 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6464505 5', mRNA sequen
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014399), lincRNA [TCONS_00029924]
Homo sapiens malic enzyme 1, NADP(+)-dependent, cytosolic (ME1), mRNA [NM_002395]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 27 (SNORA27), small nucleolar RNA [NR_002575]
Homo sapiens aggrecan (ACAN), transcript variant 2, mRNA [NM_013227]
Homo sapiens valyl-tRNA synthetase (VARS), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [I
Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA H (SNAR-H), small nuclear RNA [NR_024342]
AF285159 topoisomerase II alpha-4 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (4%) [THC267512]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A2 (ANKRD20A2), mRNA [NM_001012421]
Q71V99_HUMAN (Q71V99) Cyclophilin , partial (12%) [THC2560329]
Homo sapiens zinc finger protein 514 (ZNF514), mRNA [NM_032788]
Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 9 (CARD9), transcript variant 2, mRNA [I
Homo sapiens protoporphyrinogen oxidase (PPOX), nuclear gene encoding mitochondrial protein, ti
Homo sapiens oxysterol binding protein-like 6 (OSBPL6), transcript variant 5, mRNA [NM_00120148]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L45 (MRPL45), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens H3 histone, family 3A (H3F3A), mRNA [NM_002107]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506546, transcript variant 2 (LOC100506546), miscF
Homo sapiens selectin P (granule membrane protein 140kDa, antigen CD62) (SELP), mRNA [NM_00:
Homo sapiens linker for activation of T cells (LAT), transcript variant 1, mRNA [NM_014387]
Homo sapiens tudor domain containing 10 (TDRD10), transcript variant 2, mRNA [NM_182499]
Homo sapiens cytotoxic and regulatory T cell molecule (CRTAM), mRNA [NM_019604]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), me
peripheral myelin protein 22 [Source:HGNC Symbol;Acc:9118] [ENST00000395936]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686G10213 (from clone DKFZp686G10213). [BX648603]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010267), lincRNA [TCONS_I2_00019377]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 28 (TTC28), mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens GINS complex subunit 2 (Psf2 homolog) (GINS2), mRNA [NM_016095]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 36 (ANKRD36), mRNA [NM_001164315]
Homo sapiens TAF2 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 150kDa (T
Homo sapiens nucleophosmin/nucleoplasmin 2 (NPM2), mRNA [NM_182795]

Homo sapiens transmembrane protein 41B (TMEM41B), transcript variant 1, mRNA [NM_015012]
Homo sapiens WAS/WASL interacting protein family, member 1, mRNA (cDNA clone MGC:111041 IF
Homo sapiens OTU domain containing 5 (OTUD5), transcript variant 1, mRNA [NM_017602]
RATHDP helix destabilizing protein {Rattus norvegicus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (48%) [THC254
Homo sapiens MAX dimerization protein 1 (MXD1), transcript variant 1, mRNA [NM_002357]
Homo sapiens cytokine-like 1 (CYTL1), mRNA [NM_018659]
Homo sapiens ceramide synthase 4 (CERS4), mRNA [NM_024552]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 11 (DNAJC11), mRNA [NM_018198]
Homo sapiens timeless homolog (Drosophila) (TIMELESS), mRNA [NM_003920]
Homo sapiens BBSome interacting protein 1 (BBIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001195304]
Homo sapiens Prader-Willi/Angelman region-1 (PAR1), non-coding RNA [NR_022009]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013308), lincRNA [TCONS_00027310]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 5 family, member A1 (ALDH5A1), nuclear gene encoding mi
Homo sapiens coiled-coil domain containing 92 (CCDC92), mRNA [NM_025140]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_000942), lincRNA [TCONS_I2_00001274]
Homo sapiens family with sequence similarity 72, member D (FAM72D), mRNA [NM_207418]
Homo sapiens TSC22 domain family, member 4 (TSC22D4), mRNA [NM_030935]
Homo sapiens polyhomeotic homolog 2 (Drosophila) (PHC2), transcript variant 1, mRNA [NM_19804
Homo sapiens imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding) (IPW), non-coding RNA [NR_022009]
Homo sapiens catenin, beta like 1 (CTNNBL1), mRNA [NM_030877]
DA666023 NCRRM1 Homo sapiens cDNA clone NCRRM1000040 5', mRNA sequence [DA666023]
Homo sapiens uncharacterized LOC348751 (FONG), non-coding RNA [NR_034096]
Homo sapiens leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 3 (LRFN3), mRNA [NM_001185]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686E13230 (from clone DKFZp686E13230). [CR749422]
Homo sapiens glutamate-rich WD repeat containing 1 (GRWD1), mRNA [NM_031485]
Homo sapiens EF-hand domain family, member A2 (EFHA2), mRNA [NM_181723]
Homo sapiens KIAA0284 (KIAA0284), transcript variant 2, mRNA [NM_015005]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010151), lincRNA [TCONS_I2_00019225]
Homo sapiens glucokinase (hexokinase 4) regulator (GCKR), mRNA [NM_001486]
Homo sapiens myc target 1 (MYCT1), mRNA [NM_025107]
Homo sapiens allograft inflammatory factor 1-like (AIF1L), transcript variant 3, mRNA [NM_001185]
Homo sapiens cDNA FLJ46155 fis, clone TESTI4001517. [AK128036]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 5 (ANKRD5), transcript variant 1, mRNA [NM_022096]
Homo sapiens replication protein A2, 32kDa (RPA2), mRNA [NM_002946]
Homo sapiens cathepsin S (CTSS), transcript variant 1, mRNA [NM_004079]
PREDICTED: Homo sapiens hCG1980447 (LOC255187), miscRNA [XR_110313]
Homo sapiens potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha member
DB029717 TESTI2 Homo sapiens cDNA clone TESTI2013026 5', mRNA sequence [DB029717]
Homo sapiens mitochondrial antiviral signaling protein (MAVS), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens V-set and transmembrane domain containing 4 (VSTM4), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens Friend leukemia virus integration 1 (FLI1), transcript variant 1, mRNA [NM_002017]
Homo sapiens bone marrow stromal cell antigen 1 (BST1), mRNA [NM_004334]

Homo sapiens F-box protein 6 (FBXO6), mRNA [NM_018438]

Homo sapiens COX15 homolog, cytochrome c oxidase assembly protein (yeast) (COX15), nuclear gene
Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA B2 (SNAR-B2), small nuclear RNA [NR_024230]
Homo sapiens exosome component 10 (EXOSC10), transcript variant 1, mRNA [NM_001001998]
Homo sapiens RNA pseudouridylate synthase domain containing 2 (RPUUSD2), mRNA [NM_152260]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507086 (LOC100507086), non-coding RNA [NR_038289]
Homo sapiens nucleolar protein 9 (NOL9), mRNA [NM_024654]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 111 (SNORD111), small nucleolar RNA [NR_003079]
phosphatase and actin regulator 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:25793] [ENST00000373838]
Homo sapiens cDNA FLJ33345 fis, clone BRACE2003713. [AK090664]
Homo sapiens KIAA0664 (KIAA0664), mRNA [NM_015229]
Homo sapiens DIS3 mitotic control homolog (*S. cerevisiae*)-like 2 (DIS3L2), mRNA [NM_152383]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class Y (PIGY), nuclear gene encoding
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4 (MAP3K4), transcript variant 1, mRNA

BROAD Institute lincRNA (XLOC_000939), lincRNA [TCONS_00001608]
Homo sapiens tryptophan rich basic protein (WRB), transcript variant 1, mRNA [NM_004627]
Homo sapiens immediate early response 2 (IER2), mRNA [NM_004907]
Homo sapiens myeloma overexpressed 2 (MYEOV2), transcript variant 1, mRNA [NM_138336]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013894), lincRNA [TCONS_00028980]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 22 (lymphoid) (PTPN22), transcript
Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 3 (ST3GAL3), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens GRB2-binding adaptor protein, transmembrane (GAPT), mRNA [NM_152687]
Homo sapiens thromboxane A synthase 1 (platelet) (TBXAS1), transcript variant 5, mRNA [NM_0011
GB

GPR50 antisense RNA 1 (non-protein coding) [Source:HGNC Symbol;Acc:40259] [ENST00000454196]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012754), lincRNA [TCONS_00026410]
Homo sapiens sarcosine dehydrogenase (SARDH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, tra
Homo sapiens V-set domain containing T cell activation inhibitor 1 (VTCN1), mRNA [NM_024626]
Homo sapiens GINS complex subunit 1 (Psf1 homolog) (GINS1), mRNA [NM_021067]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:40108878. [BC133670]
Homo sapiens CUB domain containing protein 1 (CDCP1), transcript variant 1, mRNA [NM_022842]
Homo sapiens uncharacterized LOC100294145 (LOC100294145), transcript variant 1, non-coding RNA
Homo sapiens forkhead box J1 (FOXJ1), mRNA [NM_001454]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 28 (SNORA28), small nucleolar RNA [NR_002964]
Homo sapiens MOK protein kinase (MOK), mRNA [NM_014226]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015821), lincRNA [TCONS_I2_00030598]
tetratricopeptide repeat domain 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:12393] [ENST00000399010]

Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit C (EIF3C), transcript variant 3, mRNA
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 10 (NUDT10), mRNA [NM_001001998]
Homo sapiens glutathione S-transferase mu 5 (GSTM5), mRNA [NM_000851]
Q8IV82_HUMAN (Q8IV82) JAK1 protein (Fragment), partial (36%) [THC2515540]
Homo sapiens limbic system-associated membrane protein (LSAMP), mRNA [NM_002338]
Homo sapiens cadherin-related family member 1 (CDHR1), transcript variant 2, mRNA [NM_001171]

Homo sapiens phenylethanolamine N-methyltransferase (PNMT), mRNA [NM_002686]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 21B (TTC21B), mRNA [NM_024753]
Homo sapiens period homolog 2 (Drosophila) (PER2), mRNA [NM_022817]
Homo sapiens RAN binding protein 1 (RANBP1), mRNA [NM_002882]
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 8 (MCM8), transcript variant 2, i
Q35L47_9BRAD (Q35L47) Probable nicotinate-nucleotide adenylyltransferase , partial (8%) [THC25:
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily A, member 4 (DNAJA4), transcript variant 1, mRNA
small nuclear RNA activating complex, polypeptide 3, 50kDa [Source:HGNC Symbol;Acc:11136] [ENS
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003775), lincRNA [TCONS_00008931]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family D (ALD), member 4 (ABCD4), transcript variant 1, ml
Homo sapiens zinc finger protein 594 (ZNF594), mRNA [NM_032530]
Homo sapiens BAH domain and coiled-coil containing 1 (BAHCC1), mRNA [NM_001080519]
Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
Homo sapiens gremlin 1 (GREM1), transcript variant 1, mRNA [NM_013372]
Homo sapiens bromodomain containing 8 (BRD8), transcript variant 1, mRNA [NM_006696]
Homo sapiens histone cluster 2, H3a (HIST2H3A), mRNA [NM_001005464]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009249), lincRNA [TCONS_00019972]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein 70kDa (U1) (SNRNP70), mRNA [NM_003089]
Homo sapiens FtsJ homolog 2 (E. coli) (FTSJ2), mRNA [NM_013393]
Homo sapiens amiloride-sensitive cation channel 4, pituitary (ACCN4), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens ribonuclease T2 (RNASET2), mRNA [NM_003730]
Homo sapiens glutamine--fructose-6-phosphate transaminase 1 (GFPT1), transcript variant 1, mRNA/
Homo sapiens FERM domain containing 8 (FRMD8), mRNA [NM_031904]
Homo sapiens activating transcription factor 7 interacting protein (ATF7IP), mRNA [NM_018179]
Homo sapiens ARP3 actin-related protein 3 homolog B (yeast) (ACTR3B), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens guanylate binding protein 3 (GBP3), mRNA [NM_018284]
Homo sapiens laminin, beta 2 (laminin S) (LAMB2), mRNA [NM_002292]
Homo sapiens zinc finger protein 24 (ZNF24), mRNA [NM_006965]
Homo sapiens ubiquitin domain containing 1 (UBTD1), mRNA [NM_024954]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, catalytic, beta polypeptide (PIK3CB), mRNA [NM_006219]
Homo sapiens sphingomyelin synthase 1 (SGMS1), mRNA [NM_147156]
Homo sapiens uncharacterized LOC100133445 (LOC100133445), non-coding RNA [NR_037844]
Homo sapiens uncharacterized LOC285000 (LOC285000), non-coding RNA [NR_038891]
Homo sapiens BAI1-associated protein 2-like 2 (BAIAP2L2), mRNA [NM_025045]
Homo sapiens inositol-trisphosphate 3-kinase B (ITPKB), mRNA [NM_002221]
Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 13B (TNFRSF13B), mRNA [NM_
Homo sapiens cardiotrophin-like cytokine factor 1 (CLCF1), transcript variant 1, mRNA [NM_013246]
Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R), mRNA [NM_001992]
Homo sapiens BCL2-like 1 (BCL2L1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant
Homo sapiens myotubularin related protein 12 (MTMR12), mRNA [NM_001040446]
Homo sapiens cytidine monophosphate N-acetylneuraminic acid synthetase (CMAS), mRNA [NM_0:
Putative ubiquitin-like protein FUBI-like protein ENSP00000310146 [Source:UniProtKB/Swiss-Prot;A
Homo sapiens tetraspanin 5 (TSPAN5), mRNA [NM_005723]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506870, transcript variant 2 (LOC100506870), miscF

Homo sapiens zinc finger E-box binding homeobox 2 (ZEB2), transcript variant 3, non-coding RNA [NM_001077594]
Homo sapiens exocyst complex component 3-like 4 (EXOC3L4), mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens KIAA0232 (KIAA0232), transcript variant 1, mRNA [NM_014743]
Homo sapiens abhydrolase domain containing 5 (ABHD5), mRNA [NM_016006]
Homo sapiens protocadherin alpha 13 (PCDHA13), transcript variant 2, mRNA [NM_031865]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade I (neuroserpin), member 1 (SERPINI1), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens histone cluster 1, H4a (HIST1H4A), mRNA [NM_003538]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006150), lincRNA [TCONS_00014163]
Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic tail (Q8WSI5_AEDAE) (Q8WSI5) Prophenol oxidase, partial (3%) [THC2551759]
Homo sapiens nucleoside-triphosphatase, cancer-related (NTPCR), mRNA [NM_032324]
Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8 (TNFAIP8), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens signal sequence receptor, delta (SSR4), transcript variant 2, mRNA [NM_006280]
Homo sapiens GRB2-associated binding protein 2 (GAB2), transcript variant 2, mRNA [NM_012296]
Homo sapiens sorting nexin family member 21 (SNX21), transcript variant 4, mRNA [NM_00104263]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class I-related (MR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens centrin EF-hand protein 4, pseudogene (CETN4P), non-coding RNA [NR_024041]
Homo sapiens transcription factor 3 (E2A immunoglobulin enhancer binding factors E12/E47) (TCF3) (TCF3), mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 9 (MAP3K9), mRNA [NM_033141]
Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 3 (RARRES3), mRNA [NM_004444]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 35B (SNORD35B), small nucleolar RNA [NR_001285]
Homo sapiens inner membrane protein, mitochondrial (IMMT), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001077594]

Homo sapiens GC-rich sequence DNA-binding factor 1 (GCFC1), transcript variant 2, mRNA [NM_011077594]
Homo sapiens ELL associated factor 1 (EAF1), mRNA [NM_033083]
Homo sapiens related RAS viral (r-ras) oncogene homolog 2 (RRAS2), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]

Homo sapiens calcium homeostasis modulator 2 (CALHM2), transcript variant 1, mRNA [NM_015911]
Homo sapiens charged multivesicular body protein 1B (CHMP1B), mRNA [NM_020412]
Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 9 (LGALS9), transcript variant 2, mRNA [NM_002444]
ALU7_HUMAN (P39194) Alu subfamily SQ sequence contamination warning entry, partial (9%) [THC2551759]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006718), lincRNA [TCONS_I2_00013323]
Homo sapiens uncharacterized LOC100294145 (LOC100294145), transcript variant 1, non-coding RNA [NM_001077594]
Homo sapiens v-Ha-ras Harvey rat sarcoma viral oncogene homolog (HRAS), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens megakaryocyte-associated tyrosine kinase (MATK), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens elcC homolog 2 (E. coli) (ELAC2), transcript variant 2, mRNA [NM_173717]
Homo sapiens quinolinate phosphoribosyltransferase (QPRT), mRNA [NM_014298]
Homo sapiens abhydrolase domain containing 14A (ABHD14A), mRNA [NM_015407]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 39C (TTC39C), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens microtubule associated monoxygenase, calponin and LIM domain containing 2 [Source:HGNC Symbol; accession:NM_001077594]
Homo sapiens colony stimulating factor 2 receptor, beta, low-affinity (granulocyte-macrophage) (CSF2RB), mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens ring finger protein 208 (RNF208), mRNA [NM_031297]
Homo sapiens blocked early in transport 1 homolog (S. cerevisiae)-like (BET1L), transcript variant 1, mRNA [NM_001077594]
Homo sapiens microsomal glutathione S-transferase 1 (MGST1), transcript variant 1c, mRNA [NM_001077594]

Homo sapiens T-box 1 (TBX1), transcript variant C, mRNA [NM_080647]
Homo sapiens syntaxin 3 (STX3), transcript variant 1, mRNA [NM_004177]
perilipin 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:248] [ENST00000380464]
Homo sapiens leucine zipper protein 6 (LUZP6), mRNA [NM_001128619]
Homo sapiens matrilin 2 (MATN2), transcript variant 2, mRNA [NM_030583]
Homo sapiens uncharacterized LOC642826 (LOC642826), non-coding RNA [NR_024495]
Homo sapiens echinoderm microtubule associated protein like 6 (EML6), mRNA [NM_001039753]
Homo sapiens COBW domain containing 5 (CBWD5), mRNA [NM_001024916]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 42B (SNORD42B), small nucleolar RNA [NR_000013]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013567), lincRNA [TCONS_00027953]
DA924772 SMINT2 Homo sapiens cDNA clone SMINT2011338 5', mRNA sequence [DA924772]
Homo sapiens FK506 binding protein 5 (FKBP5), transcript variant 1, mRNA [NM_004117]
Homo sapiens integrin alpha FG-GAP repeat containing 2 (ITFG2), mRNA [NM_018463]
Homo sapiens cadherin-related 23 (CDH23), transcript variant 1, mRNA [NM_022124]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 1B (DENND1B), transcript variant 3, mRNA [NM_00:
Homo sapiens tripartite motif containing 16-like (TRIM16L), mRNA [NM_001037330]
Homo sapiens BEN domain containing 2 (BEND2), transcript variant 2, mRNA [NM_001184767]
Homo sapiens forkhead box O1 (FOXO1), mRNA [NM_002015]
Homo sapiens family with sequence similarity 35, member A (FAM35A), mRNA [NM_019054]
Homo sapiens RUN and FYVE domain containing 1 (RUFY1), transcript variant 1, mRNA [NM_025158]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 8 family, member B (LRRC8B), transcript variant 1, mR
Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 2 (Fc fragment of IgE, high affi
Homo sapiens H3 histone, family 3A (H3F3A), mRNA [NM_002107]
Homo sapiens cDNA FLJ33733 fis, clone BRAWH2018267. [AK091052]
Homo sapiens synovial sarcoma, X breakpoint 2 interacting protein (SSX2IP), transcript variant 5, ml
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 10 (C10orf10), mRNA [NM_007021]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4556546, partial cds. [BC065757]
Homo sapiens podocalyxin-like 2 (PODXL2), mRNA [NM_015720]
Homo sapiens Era G-protein-like 1 (E. coli) (ERAL1), mRNA [NM_005702]
Homo sapiens WD repeat domain 52 (WDR52), transcript variant 2, mRNA [NM_018338]
Homo sapiens solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 18 antisense (SLC22A18)
PREDICTED: Homo sapiens FLJ38717 protein (FLJ38717), miscRNA [XR_108650]
HCG1981372, isoform CRA_cNovel proteinUncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:
Homo sapiens myosin binding protein C, slow type (MYBPC1), transcript variant 2, mRNA [NM_2068
Homo sapiens xenotropic and polytropic retrovirus receptor 1 (XPR1), transcript variant 1, mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009255), lincRNA [TCONS_00019107]
Homo sapiens Charcot-Leyden crystal protein (CLC), mRNA [NM_001828]
Homo sapiens SLAM family member 7 (SLAMF7), mRNA [NM_021181]
Homo sapiens vascular endothelial growth factor C (VEGFC), mRNA [NM_005429]
Homo sapiens Ras homolog enriched in brain, mRNA (cDNA clone IMAGE:3892637), partial cds. [BCI
Homo sapiens TCR gamma alternate reading frame protein (TARP), nuclear gene encoding mitochor
Homo sapiens zinc finger protein 670 (ZNF670), transcript variant 1, mRNA [NM_033213]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 55 (C1orf55), mRNA [NM_152608]
Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 13 homolog (S. cerevisiae) (ALG13), transcript variant

Homo sapiens actin binding LIM protein family, member 3 (ABLIM3), mRNA [NM_014945]
Homo sapiens transmembrane protein 86A (TMEM86A), mRNA [NM_153347]
Homo sapiens gamma-glutamyltransferase 1 (GGT1), transcript variant 1, mRNA [NM_005265]
Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_0
chimerin (chimaerin) 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:1944] [ENST00000461824]
Homo sapiens neuron navigator 2 (NAV2), transcript variant 1, mRNA [NM_182964]
Homo sapiens ERI1 exoribonuclease family member 3 (ERI3), mRNA [NM_024066]
Homo sapiens G-2 and S-phase expressed 1 (GTSE1), mRNA [NM_016426]
Homo sapiens neudesin neurotrophic factor (NENF), transcript variant 1, mRNA [NM_013349]
Homo sapiens HEAT repeat containing 3 (HEATR3), mRNA [NM_182922]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 169 (CCDC169), transcript variant 7, mRNA [NM_00119
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000495), lincRNA [TCONS_00002202]
Q9SI74_ARATH (Q9SI74) F23N19.12, partial (5%) [THC2651711]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014097), lincRNA [TCONS_00029300]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antitrypsin, antitrypsin), member 13 (A
Homo sapiens son of sevenless homolog 1 (Drosophila) (SOS1), mRNA [NM_005633]
Homo sapiens solute carrier family 3 (cystine, dibasic and neutral amino acid transporters, activator
PREDICTED: Homo sapiens ran-specific GTPase-activating protein-like (LOC727803), miscRNA [XR_1
Homo sapiens solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 9 (SLC12A9), mRN
Homo sapiens Kv channel interacting protein 3, calsenilin (KCNIP3), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens zinc finger protein 354B (ZNF354B), mRNA [NM_058230]
Homo sapiens histone cluster 1, H2ai (HIST1H2AI), mRNA [NM_003509]
Homo sapiens POM121 membrane glycoprotein (POM121), mRNA [NM_172020]
Homo sapiens golgin A6 family-like 10 (GOLGA6L10), mRNA [NM_001164465]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S5 (MRPS5), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens solute carrier family 32 (GABA vesicular transporter), member 1 (SLC32A1), mRNA [N
Homo sapiens poly (ADP-ribose) glycohydrolase (PARG), mRNA [NM_003631]
Homo sapiens family with sequence similarity 178, member B (FAM178B), transcript variant B, mRN
Homo sapiens PWP1 homolog (S. cerevisiae) (PWP1), mRNA [NM_007062]
ALU7_HUMAN (P39194) Alu subfamily SQ sequence contamination warning entry, partial (22%) [TH
Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]
Homo sapiens heparan sulfate proteoglycan 2 (HSPG2), mRNA [NM_005529]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 50 (C15orf50), non-coding RNA [NR_026764]
Homo sapiens uncharacterized LOC100130691 (LOC100130691), non-coding RNA [NR_026966]
Homo sapiens La ribonucleoprotein domain family, member 1B (LARP1B), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens general transcription factor IIH, polypeptide 2D (GTF2H2D), mRNA [NM_001042490]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006814), lincRNA [TCONS_00014724]
Homo sapiens DKFZp434H1419 (PKI55), non-coding RNA [NR_037701]
Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 4 (RPS6KA4), transcript variant 1, m
Homo sapiens exosome component 2 (EXOSC2), mRNA [NM_014285]
Homo sapiens centrosomal protein 250kDa (CEP250), mRNA [NM_007186]
Homo sapiens folylpolyglutamate synthase (FPGS), nuclear gene encoding mitochondrial protein, tr
Homo sapiens sialophorin (SPN), transcript variant 1, mRNA [NM_001030288]
601854749F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4074517 5', mRNA sequence [BF246]

Homo sapiens ankyrin repeat domain 26 (ANKRD26), mRNA [NM_014915]
Homo sapiens collagen, type VI, alpha 5 (COL6A5), mRNA [NM_153264]
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 5 (MCM5), mRNA [NM_006739]
Homo sapiens uncharacterized LOC400958 (LOC400958), non-coding RNA [NR_036586]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004611), lincRNA [TCONS_I2_00008541]
Homo sapiens ribonuclease H2, subunit B (RNASEH2B), transcript variant 2, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 81 (C17orf81), transcript variant 2, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens kinesin family member C1 (KIFC1), mRNA [NM_002263]
Homo sapiens docking protein 4 (DOK4), mRNA [NM_018110]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H1 (H) (HNRNPH1), mRNA [NM_005520]
centriolin [Source:HGNC Symbol;Acc:1858] [ENST00000373851]
ie82d01.y5 Melton Normalized Human Islet 4 N4-HIS 1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5673265
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000473), lincRNA [TCONS_00000341]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 108 (C6orf108), transcript variant 2, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens cysteine and histidine-rich domain (CHORD) containing 1 (CHORDC1), transcript variant 2, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens topoisomerase (DNA) I, mitochondrial (TOP1MT), nuclear gene encoding mitochondrial isoform, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein-like 2 (nucleolar) (GNL2), mRNA [NM_013285]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009136), lincRNA [TCONS_I2_00017424]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1 (TRANK1), mRNA [NM_014915]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 7 family, member A1 (ALDH7A1), nuclear gene encoding mitochondrial isoform, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 104 (SNORD104), small nucleolar RNA [NR_004380]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 18 (SNORA18), small nucleolar RNA [NR_002959]
Homo sapiens growth differentiation factor 11 (GDF11), mRNA [NM_005811]
Homo sapiens espin (ESPN), mRNA [NM_031475]
Homo sapiens WD repeat domain 91 (WDR91), mRNA [NM_014149]
Homo sapiens enolase superfamily member 1 (ENOSF1), transcript variant 2, mRNA [NM_00112612]
Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA F (SNAR-F), small nuclear RNA [NR_004384]
Homo sapiens brain-derived neurotrophic factor (BDNF), transcript variant 1, mRNA [NM_170735]
HUMTNL12 ORF2 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (10%) [THC2577654]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14A (PPP1R14A), transcript variant 2, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens fatty acid binding protein 3, muscle and heart (mammary-derived growth inhibitor) (FABP3), mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 90A (CCDC90A), mRNA [NM_001031713]
Homo sapiens tyrosinase (oculocutaneous albinism IA) (TYR), mRNA [NM_000372]
Homo sapiens Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor (CD32) (FCGR2A), transcript variant 2, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens tubulin, beta 2A class IIa (TUBB2A), mRNA [NM_001069]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 13 (TBC1D13), mRNA [NM_018201]
Homo sapiens HIG1 hypoxia inducible domain family, member 1A (HIGD1A), transcript variant 1, mRNA [NM_001142279]

Homo sapiens family with sequence similarity 108, member A1 (FAM108A1), transcript variant 2, mRNA [NM_001142279]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002685), lincRNA [TCONS_00005531]
Homo sapiens proteolipid protein 2 (colonic epithelium-enriched) (PLP2), mRNA [NM_002668]
Homo sapiens RAB11 family interacting protein 1 (class I) (RAB11FIP1), transcript variant 3, mRNA [NM_001142279]
Homo sapiens trafficking protein particle complex 5 (TRAPPC5), transcript variant 1, mRNA [NM_170735]

Homo sapiens eyes shut homolog (Drosophila) (EYS), transcript variant 3, mRNA [NM_198283]
Homo sapiens forkhead box O4 (FOXO4), transcript variant 1, mRNA [NM_005938]
Homo sapiens nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2 (NR4A2), mRNA [NM_006186]
Homo sapiens uncharacterized LOC728084 (LOC728084), non-coding RNA [NR_038385]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009578), lincRNA [TCONS_00020140]
Homo sapiens zinc finger, imprinted 3 (ZIM3), mRNA [NM_052882]
Homo sapiens mannosidase, alpha, class 1A, member 1 (MAN1A1), mRNA [NM_005907]
Homo sapiens mitochondrial antiviral signaling protein (MAVS), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens Ctr9, Paf1/RNA polymerase II complex component, homolog (S. cerevisiae) (CTR9), m
Homo sapiens CD84 molecule (CD84), transcript variant 2, mRNA [NM_003874]
Homo sapiens KIAA1539 (KIAA1539), mRNA [NM_025182]
Homo sapiens akirin 1 (AKIRIN1), transcript variant 1, mRNA [NM_024595]
Homo sapiens RELT-like 1 (RELL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001085400]
Homo sapiens family with sequence similarity 113, member B (FAM113B), mRNA [NM_138371]
Homo sapiens galactose mutarotase (aldose 1-epimerase) (GALM), mRNA [NM_138801]
Homo sapiens membrane bound O-acyltransferase domain containing 2 (MBOAT2), mRNA [NM_13
Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kunitz type, 2 (SPINT2), transcript variant a, mRNA [NM_0
Homo sapiens heme oxygenase (decycling) 1 (HMOX1), mRNA [NM_002133]
Homo sapiens C9orf30-TMEFF1 readthrough (C9orf30-TMEFF1), mRNA [NM_001198812]
Homo sapiens HECT, C2 and WW domain containing E3 ubiquitin protein ligase 1 (HECW1), mRNA [I
Homo sapiens nuclear protein, transcriptional regulator, 1 (NUPR1), transcript variant 1, mRNA [NV
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012621), lincRNA [TCONS_I2_00024305]
Homo sapiens glucosamine-6-phosphate deaminase 2 (GNPDA2), mRNA [NM_138335]
Homo sapiens Helicobacter pylori responsive 1 (non-protein coding) (HPYR1), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens ring finger protein 14 (RNF14), transcript variant 1, mRNA [NM_004290]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 6 (RGS6), transcript variant 4, mRNA [NM_00120441
Homo sapiens vesicle-associated membrane protein 7 (VAMP7), transcript variant 1, mRNA [NM_0C
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 23 (CCL23), transcript variant CKbeta8-1, mRNA [NM_0
Homo sapiens HEAT repeat containing 5A (HEATR5A), mRNA [NM_015473]
Homo sapiens H3 histone, family 3B (H3.3B) (H3F3B), mRNA [NM_005324]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505490, transcript variant 1 (LOC100505490), miscF
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 54 (C15orf54), mRNA [NM_207445]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 65 (C2orf65), mRNA [NM_138804]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 2 (ASB2), transcript variant 2, mRNA [NM_0:
Homo sapiens forkhead box O3 (FOXO3), transcript variant 1, mRNA [NM_001455]
Homo sapiens deleted in primary ciliary dyskinesia homolog (mouse) (DPCD), mRNA [NM_015448]
Homo sapiens CAP-GLY domain containing linker protein 2 (CLIP2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens extended synaptotagmin-like protein 2 (ESYT2), mRNA [NM_020728]
Homo sapiens makorin ring finger protein 1 (MKRN1), transcript variant 2, mRNA [NM_001145125]
Homo sapiens LIM and senescent cell antigen-like domains 3-like (LIMS3L), transcript variant 2, non
Homo sapiens testis, prostate and placenta expressed (TEPP), transcript variant 1, mRNA [NM_199C
Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 4 (SCARNA4), guide RNA [NR_003005]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000266), lincRNA [TCONS_00001003]
Homo sapiens adenosine deaminase, tRNA-specific 2 (ADAT2), mRNA [NM_182503]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100508751 (LOC100508751), miscRNA [XR_112271]
Homo sapiens TAO kinase 3 (TAOK3), mRNA [NM_016281]
Homo sapiens phosphatidylinositol-specific phospholipase C, X domain containing 1 (PLCXD1), trans
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 50 homolog (*S. cerevisiae*) (TIMM50),
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 116-26 (SNORD116-26), small nucleolar RNA [NR_0033
Homo sapiens cathepsin B (CTSB), transcript variant 2, mRNA [NM_147780]
Homo sapiens plexin B3 (PLXNB3), transcript variant 2, mRNA [NM_001163257]
Homo sapiens testis-specific transcript, Y-linked 15 (non-protein coding) (TTY15), non-coding RNA
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 164 (C6orf164), non-coding RNA [NR_026784]
Homo sapiens uncharacterized LOC100527964 (LOC100527964), non-coding RNA [NR_037642]

Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin, pseudogene 3 (SIGLECP3), non-coding RNA [NR_0028
603384835F1 NIH_MGC_87 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5393649 5', mRNA sequence [BI858C
PREDICTED: Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 118 (C1orf118), miscRNA [XR_11047
Homo sapiens zinc finger protein 501 (ZNF501), mRNA [NM_145044]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010945), lincRNA [TCONS_00022642]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, C (PTPRC), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens CHK2 checkpoint homolog (*S. pombe*) (CHEK2), transcript variant 3, mRNA [NM_001C
Homo sapiens CTP synthase (CTPS), mRNA [NM_001905]
Homo sapiens WD repeat domain 73 (WDR73), mRNA [NM_032856]
Homo sapiens thioredoxin-related transmembrane protein 2 (TMX2), transcript variant 1, mRNA [NI
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000930), lincRNA [TCONS_00000585]
chromosome 9 open reading frame 147 [Source:HGNC Symbol;Acc:31438] [ENST00000460965]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 70 (C17orf70), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens stathmin 1 (STMN1), transcript variant 1, mRNA [NM_203401]
Homo sapiens microtubule-associated protein 4 (MAP4), transcript variant 4, mRNA [NM_00113436
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4 (MAP3K4), transcript variant 2, mRN
DA624747 KIDNE2 Homo sapiens cDNA clone KIDNE2004612 5', mRNA sequence [DA624747]
Homo sapiens RAB8B, member RAS oncogene family (RAB8B), mRNA [NM_016530]
Homo sapiens family with sequence similarity 185, member A (FAM185A), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens exportin 5 (XPO5), mRNA [NM_020750]
Homo sapiens ataxin 3 (ATXN3), transcript variant reference, mRNA [NM_004993]
Homo sapiens PH domain and leucine rich repeat protein phosphatase 1 (PHLPP1), mRNA [NM_194
Homo sapiens zinc finger protein 84 (ZNF84), transcript variant 1, mRNA [NM_003428]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha inhibiting activity polypeptide :
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100652736 (LOC100652736), mRNA [XM_00346
Homo sapiens ADAMTS-like 5 (ADAMTSL5), mRNA [NM_213604]
Homo sapiens thymosin beta 10 (TMSB10), mRNA [NM_021103]
Homo sapiens AI894139 pseudogene (LOC155060), non-coding RNA [NR_036573]
Homo sapiens family with sequence similarity 123B (FAM123B), mRNA [NM_152424]
Homo sapiens zinc finger protein 64 homolog (mouse) (ZFP64), transcript variant 1, mRNA [NM_018
Homo sapiens TEL2, telomere maintenance 2, homolog (*S. cerevisiae*) (TELO2), mRNA [NM_016111]
Homo sapiens retinoic acid induced 1 (RAI1), mRNA [NM_030665]
Homo sapiens dynein, cytoplasmic 2, heavy chain 1 (DYNC2H1), transcript variant 2, mRNA [NM_00

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008027), lincRNA [TCONS_I2_00015809]

Homo sapiens TSR1, 20S rRNA accumulation, homolog (*S. cerevisiae*) (TSR1), mRNA [NM_018128]
Homo sapiens scavenger receptor class B, member 2 (SCARB2), transcript variant 2, mRNA [NM_00:
Homo sapiens KIAA1324 (KIAA1324), mRNA [NM_020775]
Homo sapiens docking protein 3 (DOK3), transcript variant 1, mRNA [NM_024872]
Homo sapiens syntaphilin (SNPH), mRNA [NM_014723]

Homo sapiens cytochrome b-561 domain containing 1 (CYB561D1), transcript variant 5, mRNA [NM:
Homo sapiens uncharacterized LOC100505576 (LOC100505576), non-coding RNA [NR_038847]
Homo sapiens neuregulin 2 (NRG2), transcript variant 3, mRNA [NM_013982]
forkhead box A1 [Source:HGNC Symbol;Acc:5021] [ENST00000557418]
Homo sapiens inhibitor of DNA binding 2, dominant negative helix-loop-helix protein (ID2), mRNA [I
Homo sapiens interferon, alpha 10 (IFNA10), mRNA [NM_002171]
Homo sapiens myosin light chain, phosphorylatable, fast skeletal muscle (MYLPF), mRNA [NM_0132
Homo sapiens lamin A/C (LMNA), transcript variant 2, mRNA [NM_005572]
Homo sapiens solute carrier family 44, member 1 (SLC44A1), mRNA [NM_080546]
Homo sapiens zinc finger protein 33A (ZNF33A), transcript variant 1, mRNA [NM_006954]
Homo sapiens golgin A8 family, member A (GOLGA8A), transcript variant 1, mRNA [NM_181077]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_000864), lincRNA [TCONS_I2_00001143]
Homo sapiens adaptor-related protein complex 2, alpha 2 subunit (AP2A2), transcript variant 2, mR
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002323), lincRNA [TCONS_00004445]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4E (EIF4E), transcript variant 2, mRNA [NM_00
Homo sapiens tescalcin (TESC), transcript variant 1, mRNA [NM_017899]

1207289A reverse transcriptase related protein. {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=-1; cg=-1), partial (35
Homo sapiens ATPase, Ca⁺⁺ transporting, ubiquitous (ATP2A3), transcript variant 5, mRNA [NM_17:
Homo sapiens forkhead box M1 (FOXM1), transcript variant 1, mRNA [NM_202002]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 340 (LINC00340), non-coding RNA [NR_0154
Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 1 (WFDC1), mRNA [NM_021197]
Homo sapiens ATR interacting protein (ATRIP), transcript variant 2, mRNA [NM_032166]
Homo sapiens ecotropic viral integration site 5-like (EVI5L), transcript variant 2, mRNA [NM_145245
Homo sapiens ankyrin repeat domain 58 (ANKRD58), mRNA [NM_001105576]
Homo sapiens phosphoglucomutase 3 (PGM3), transcript variant 2, mRNA [NM_015599]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N pseudogene (LOC100129534), non-co
Homo sapiens Mdm2, transformed 3T3 cell double minute 2, p53 binding protein (mouse) binding p
Homo sapiens BEN domain containing 5 (BEND5), mRNA [NM_024603]
Homo sapiens hedgehog acyltransferase (HHAT), transcript variant 1, mRNA [NM_018194]
Homo sapiens zinc finger protein 511 (ZNF511), mRNA [NM_145806]
Homo sapiens RRN3 RNA polymerase I transcription factor homolog (*S. cerevisiae*) (RRN3), mRNA [N
Homo sapiens cingulin (CGN), mRNA [NM_020770]
Homo sapiens G-protein signaling modulator 2 (GPSM2), mRNA [NM_013296]
Homo sapiens histone deacetylase 7 (HDAC7), transcript variant 1, mRNA [NM_015401]

Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 43 (C4orf43), mRNA [NM_018352]
Homo sapiens tubulin, gamma complex associated protein 5 (TUBGCP5), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens cysteine-rich protein 3 (CRIP3), mRNA [NM_206922]
Homo sapiens transmembrane protein 106A (TMEM106A), mRNA [NM_145041]
Homo sapiens glioma tumor suppressor candidate region gene 2 (GLTSCR2), mRNA [NM_015710]
Homo sapiens distal-less homeobox 2 (DLX2), mRNA [NM_004405]
Homo sapiens non-SMC element 4 homolog A (*S. cerevisiae*) (NSMCE4A), transcript variant 1, mRNA/
ALU5_HUMAN (P39192) Alu subfamily SC sequence contamination warning entry, partial (12%) [TH
Homo sapiens zinc finger protein 18 (ZNF18), mRNA [NM_144680]
Homo sapiens hypothetical LOC54744, mRNA (cDNA clone IMAGE:40021976). [BC104430]
COBW domain containing 7 [Source:HGNC Symbol;Acc:31977] [ENST00000467192]
Homo sapiens family with sequence similarity 83, member H (FAM83H), mRNA [NM_198488]
Homo sapiens BAI1-associated protein 2 (BAIAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_017450]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, *Drosophila*); transl
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 19 (BTBD19), mRNA [NM_001136537]
EST91069 Synovial sarcoma Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence [AA378382]
Homo sapiens complement factor I (CFI), mRNA [NM_000204]
Homo sapiens protein kinase, cGMP-dependent, type I (PRKG1), transcript variant 2, mRNA [NM_0C
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 95 (C9orf95), transcript variant 1, mRNA [NM_01
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_000894), lincRNA [TCONS_I2_00001211]
Homo sapiens zinc finger protein 24 (ZNF24), mRNA [NM_006965]
Homo sapiens latexin (LXN), mRNA [NM_020169]
Homo sapiens ras homolog gene family, member Q (RHOQ), mRNA [NM_012249]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506338 (LOC100506338), miscRNA [XR_109990]
Homo sapiens transducin-like enhancer of split 4 (E(sp1) homolog, *Drosophila*) (TLE4), mRNA [NM_(
Homo sapiens phospholipase A2, group XIA (PLA2G12A), mRNA [NM_030821]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 222 (C6orf222), mRNA [NM_001010903]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506740 (LOC100506740), miscRNA [XR_108607]
Homo sapiens dermatan sulfate epimerase (DSE), transcript variant 1, mRNA [NM_013352]
Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 7 (KCNK7), transcript variant C, mRNA [NM.
Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 56 (LRRC56), mRNA [NM_198075]
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 40 (C22orf40), mRNA [NM_207327]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006153), lincRNA [TCONS_00013023]
Homo sapiens thymosin beta 4, Y-linked (TMSB4Y), mRNA [NM_004202]
Homo sapiens peroxisomal biogenesis factor 5 (PEX5), transcript variant 2, mRNA [NM_000319]
Homo sapiens structural maintenance of chromosomes 2 (SMC2), transcript variant 1, mRNA [NM_(
Homo sapiens aurora kinase A (AURKA), transcript variant 1, mRNA [NM_198433]

Homo sapiens NOP2 nucleolar protein homolog (yeast) (NOP2), transcript variant 2, mRNA [NM_00
Homo sapiens cerebral endothelial cell adhesion molecule (CERCAM), mRNA [NM_016174]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 65 (SNORD65), small nucleolar RNA [NR_003054]
Homo sapiens chloride intracellular channel 4 (CLIC4), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens p21 protein (Cdc42/Rac)-activated kinase 1 (PAK1), transcript variant 1, mRNA [NM_(

Homo sapiens kinesin family member 27 (KIF27), mRNA [NM_017576]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010077), lincRNA [TCONS_00020784]
Homo sapiens ribosomal protein L32 pseudogene 3 (RPL32P3), non-coding RNA [NR_003111]
Homo sapiens aldo-keto reductase family 7, member A2 (afatoxin aldehyde reductase) (AKR7A2), n
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 6 (ZDHHC6), mRNA [NM_022494]
Homo sapiens lactase-like (LCTL), mRNA [NM_207338]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 41 (C7orf41), mRNA [NM_152793]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 222 (LINC00222), non-coding RNA [NR_0333
Homo sapiens Parkinson disease 7 domain containing 1 (PDDC1), mRNA [NM_182612]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 37, member A3 (LRRC37A3), mRNA [NM_199340]
Homo sapiens tubulin, beta 8 class VIII (TUBB8), transcript variant 1, mRNA [NM_177987]
Homo sapiens membrane protein, palmitoylated 1, 55kDa (MPP1), transcript variant 3, mRNA [NM_
Homo sapiens chromatin modifying protein 1A (CHMP1A), transcript variant 2, mRNA [NM_002768]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 54 (SNORA54), small nucleolar RNA [NR_002982]
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 2B (KDM2B), transcript variant 1, mRNA [NM_032590]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, assembly factor 2 (NDUFAF:
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 9 (ARL9), mRNA [NM_206919]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 8 (PPP1R8), transcript variant 2, mRNA [NI
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 192 (C6orf192), mRNA [NM_052831]
Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, beta 4 subunit (CACNB4), transcript variant 1, n
Homo sapiens solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7 (SLC10A7)
Homo sapiens UDP glucuronosyltransferase 1 family, polypeptide A6 (UGT1A6), transcript variant 1,
Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 3 subunit (AP1S3), mRNA [NM_001039569
MAM domain containing glycosylphosphatidylinositol anchor 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:19267] [E
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 10 (SNORD10), small nucleolar RNA [NR_002604]
GAH6_HUMAN (Q8N8A4) HERV-H_22q11.2 provirus ancestral Gag polyprotein (Gag polyprotein), p:
Homo sapiens UDP-Gal:betaGal beta 1,3-galactosyltransferase polypeptide 6 (B3GALT6), mRNA [NM
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A5, pseudogene (ANKRD20A5P), non-codi
Homo sapiens basic leucine zipper and W2 domains 2 (BZW2), transcript variant 2, mRNA [NM_014
Homo sapiens taperin (TPRN), mRNA [NM_001128228]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007876), lincRNA [TCONS_I2_00015692]
Homo sapiens pituitary tumor-transforming 2 (PTTG2), mRNA [NM_006607]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4B (EIF4B), mRNA [NM_001417]
Homo sapiens S-phase kinase-associated protein 2 (p45) (SKP2), transcript variant 2, mRNA [NM_03
DB069106 TESTI4 Homo sapiens cDNA clone TESTI4011248 5', mRNA sequence [DB069106]
Homo sapiens UBX domain protein 11 (UBXN11), transcript variant 2, mRNA [NM_183008]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001341), lincRNA [TCONS_00003566]
full-length cDNA clone CSODF027YN23 of Fetal brain of Homo sapiens (human) [CR625773]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit B", alpha (PPP2R3A), transcript variant 1, i
Homo sapiens pyrroline-5-carboxylate reductase-like (PYCRL), mRNA [NM_023078]
Homo sapiens WD repeat domain 75 (WDR75), mRNA [NM_032168]
Homo sapiens vanin 1 (VNN1), mRNA [NM_004666]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 2A (SNORA2A), small nucleolar RNA [NR_002950]
Homo sapiens methyltransferase like 8 (METTL8), mRNA [NM_024770]

Homo sapiens myocardial infarction associated transcript (non-protein coding) (MIAT), transcript va
Homo sapiens uncharacterized LOC646762 (LOC646762), non-coding RNA [NR_024278]
Homo sapiens methyltransferase like 13 (METTL13), transcript variant 1, mRNA [NM_015935]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1, U (UBE2J1), mRNA [NM_016021]
potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:6296] [I
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003273), lincRNA [TCONS_00006678]
Homo sapiens family with sequence similarity 190, member B (FAM190B), mRNA [NM_018999]
Homo sapiens von Willebrand factor (VWF), mRNA [NM_000552]
Homo sapiens KIAA2018 (KIAA2018), mRNA [NM_001009899]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506154 (LOC100506154), miscRNA [XR_109806]
Homo sapiens very low density lipoprotein receptor (VLDLR), transcript variant 1, mRNA [NM_0033:
Homo sapiens membrane protein, palmitoylated 7 (MAGUK p55 subfamily member 7) (MPP7), mRN

Homo sapiens kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 11 (KBTBD11), mRNA [NM_014867]
Homo sapiens late endosomal/lysosomal adaptor, MAPK and MTOR activator 1 (LAMTOR1), mRNA
Homo sapiens MAGI family member, X-linked (MAGIX), transcript variant 2, mRNA [NM_001099680
K-EST0126482 S13KMS5s1 Homo sapiens cDNA clone S13KMS5s1-30-G12 5', mRNA sequence [CB1C
Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 2 subunit (AP1S2), mRNA [NM_003916]

Homo sapiens interleukin 17 receptor B (IL17RB), mRNA [NM_018725]
Homo sapiens growth factor independent 1B transcription repressor (GFI1B), transcript variant 1, m
Homo sapiens solute carrier family 26, member 11 (SLC26A11), transcript variant 2, mRNA [NM_17:
Homo sapiens peptidyl arginine deiminase, type II (PADI2), mRNA [NM_007365]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014850), lincRNA [TCONS_I2_00028837]
Homo sapiens deleted in lymphocytic leukemia, 7 (DLEU7), mRNA [NM_198989]
Homo sapiens microtubule-associated protein, RP/EB family, member 1 (MAPRE1), mRNA [NM_012
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012754), lincRNA [TCONS_00026411]
Homo sapiens FAT tumor suppressor homolog 3 (Drosophila) (FAT3), mRNA [NM_001008781]
Homo sapiens solute carrier family 8 (sodium/calcium exchanger), member 1 (SLC8A1), transcript v:
Homo sapiens UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 2 (B4GALT2), transi
Homo sapiens complement component 1, q subcomponent binding protein (C1QBP), nuclear gene e
Homo sapiens MON2 homolog (S. cerevisiae) (MON2), mRNA [NM_015026]
Homo sapiens GPRIN family member 3 (GPRIN3), mRNA [NM_198281]
Homo sapiens histone cluster 2, H2ab (HIST2H2AB), mRNA [NM_175065]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 84 (SNORD84), small nucleolar RNA [NR_003065]
Homo sapiens chromatin assembly factor 1, subunit A (p150) (CHAF1A), mRNA [NM_005483]
Homo sapiens kin of IRRE like 2 (Drosophila) (KIRREL2), transcript variant 3, mRNA [NM_199180]
Homo sapiens guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3 (GUCY1A3), transcript variant 3, mRNA [NM_00:
Homo sapiens Kruppel-like factor 5 (intestinal) (KLF5), mRNA [NM_001730]
Homo sapiens huntingtin interacting protein 1 related (HIP1R), mRNA [NM_003959]
Q8WY95_HUMAN (Q8WY95) PP1597, partial (84%) [THC2505558]
Homo sapiens eukaryotic elongation factor, selenocysteine-tRNA-specific (EEFSEC), mRNA [NM_021
Q29HP5_DROPS (Q29HP5) GA14742-PA (Fragment), partial (9%) [THC2614488]

Homo sapiens ureidopropionase, beta (UPB1), mRNA [NM_016327]
Homo sapiens thiamin pyrophosphokinase 1 (TPK1), transcript variant 1, mRNA [NM_022445]
Homo sapiens ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 2 (UHRF2), mRNA [NM_152896]
Homo sapiens N-acetyltransferase 14 (GCN5-related, putative) (NAT14), mRNA [NM_020378]
Homo sapiens protein S (alpha) (PROS1), mRNA [NM_000313]
Homo sapiens cDNA FLJ12026 fis, clone HEMBB1001816. [AK022088]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009723), lincRNA [TCONS_00020388]
stromal antigen 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:11355] [ENST00000394478]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14B (PPP1R14B), mRNA [NM_1:
Homo sapiens rogdi homolog (Drosophila) (ROGDI), mRNA [NM_024589]
Q21RF1_9BURK (Q21RF1) Biotin--acetyl-CoA-carboxylase ligase, partial (6%) [THC2728144]
Homo sapiens BMP and activin membrane-bound inhibitor homolog (Xenopus laevis) (BAMBI), mRN
Homo sapiens piggyBac transposable element derived 3 (PGBD3), mRNA [NM_170753]
Homo sapiens dynamin 1-like (DNM1L), transcript variant 1, mRNA [NM_012062]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506274 (LOC100506274), non-coding RNA [NR_038432]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 183 (GPR183), mRNA [NM_004951]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 116-6 (SNORD116-6), small nucleolar RNA [NR_003321]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 2 (I
MGC10nvl.1.1.1.1.H10.F.1 NIH_MGC_331 Homo sapiens cDNA clone MGC10nvl.1.1.1.1.H10, mRNA
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC389602 (LOC389602), miscRNA [XR_108709]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial thiamine pyrophosphate carrier), member 19
Homo sapiens nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding) (NASP), transcript variant 2, m
Q7WVU3_ACTPL (Q7WVU3) Collagen adhesin (Fragment), partial (5%) [THC2631248]
Homo sapiens cDNA FLJ90701 fis, clone PLACE1007081. [AK075182]
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 11A (zinc finger protein) (BCL11A), transcript variant 1, mRNA [
Homo sapiens Mdm1 nuclear protein homolog (mouse) (MDM1), transcript variant 1, mRNA [NM_C
Homo sapiens AHNAK nucleoprotein (AHNAK), transcript variant 2, mRNA [NM_024060]
PREDICTED: Homo sapiens putative tripartite motif-containing protein 64B-like (LOC642414), mRNA
Homo sapiens fused in sarcoma (FUS), transcript variant 1, mRNA [NM_004960]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506757 (LOC100506757), non-coding RNA [NR_038998]
Homo sapiens kinesin family member 6 (KIF6), mRNA [NM_145027]
Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA [NM_001100]
Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, kainate 5 (GRIK5), mRNA [NM_002088]
Homo sapiens PHD finger protein 17 (PHF17), transcript variant L, mRNA [NM_199320]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 204 (C6orf204), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1B (BAZ1B), mRNA [NM_032408]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001699), lincRNA [TCONS_00003027]
Homo sapiens gelsolin (GSN), transcript variant 2, mRNA [NM_198252]

Homo sapiens vasohibin 1 (VASH1), mRNA [NM_014909]
Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin 10 (SIGLEC10), transcript variant 1, mRNA [NM_03313
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010244), lincRNA [TCONS_00021437]
Homo sapiens H2A histone family, member B3 (H2AFB3), mRNA [NM_080720]
Homo sapiens zinc finger protein 695 (ZNF695), transcript variant 2, mRNA [NM_001204221]

Homo sapiens SUMO/sentrin specific peptidase family member 8 (SENPA8), transcript variant 2, mRNA [NM_001161201]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001548), lincRNA [TCONS_I2_00002973]
Homo sapiens N-6 adenine-specific DNA methyltransferase 1 (putative) (N6AMT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens uncharacterized LOC90784 (LOC90784), non-coding RNA [NR_026984]
Homo sapiens spindle and kinetochore associated complex subunit 3 (SKA3), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens mediator complex subunit 1 (MED1), mRNA [NM_004774]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 55 (SNORD55), small nucleolar RNA [NR_000015]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003853), lincRNA [TCONS_00008408]
Homo sapiens furry homolog (Drosophila) (FRY), mRNA [NM_023037]
Homo sapiens SH3 domain and tetratricopeptide repeats 2 (SH3TC2), mRNA [NM_024577]
Homo sapiens core 1 synthase, glycoprotein-N-acetylgalactosamine 3-beta-galactosyltransferase, 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17169] [ENST00000379331]
Homo sapiens uncharacterized LOC400955 (FLJ30838), non-coding RNA [NR_033873]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 13 (C5orf13), transcript variant 11, mRNA [NM_001161201]

Homo sapiens tubulin, gamma 1 (TUBG1), mRNA [NM_001070]
peroxiredoxin 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:17169] [ENST00000379331]
Homo sapiens apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3F (APOBEC3F), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens interferon regulatory factor 1 (IRF1), mRNA [NM_002198]
Homo sapiens solute carrier family 16, member 1 (monocarboxylic acid transporter 1) (SLC16A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens lysophosphatidylglycerol acyltransferase 1 (LPGAT1), mRNA [NM_014873]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC729732 (LOC729732), miscRNA [XR_132886]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 77 (C2orf77), mRNA [NM_001085447]
Homo sapiens transmembrane protein 5 (TMEM5), mRNA [NM_014254]
Homo sapiens lactotransferrin (LTF), transcript variant 1, mRNA [NM_002343]
Homo sapiens LSM14B, SCD6 homolog B (S. cerevisiae) (LSM14B), mRNA [NM_144703]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012628), lincRNA [TCONS_00026283]
Homo sapiens citron (rho-interacting, serine/threonine kinase 21) (CIT), transcript variant 2, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens deoxyuridine triphosphatase (DUT), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
mitotic spindle organizing protein 2A [Source:HGNC Symbol;Acc:33187] [ENST00000445782]
Homo sapiens uncharacterized LOC647946 (LOC647946), non-coding RNA [NR_024391]
Homo sapiens tectonic family member 1 (TCTN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001082538]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506200 (LOC100506200), miscRNA [XR_112759]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens poliovirus receptor (PVR), transcript variant 1, mRNA [NM_006505]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14B (PPP1R14B), mRNA [NM_001161201]

Homo sapiens melanoma associated antigen (mutated) 1 (MUM1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1 (WHSC1), transcript variant 7, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens adenylate kinase 2 (AK2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens ubiquinol-cytochrome c reductase core protein I (UQCRC1), mRNA [NM_003365]
Homo sapiens leucine-rich repeat containing G protein-coupled receptor 4 (LGR4), mRNA [NM_018113]
Homo sapiens histone cluster 1, H2ah (HIST1H2AH), mRNA [NM_080596]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005039), lincRNA [TCONS_I2_00009281]

Homo sapiens cytochrome b5 reductase 3 (CYB5R3), transcript variant 2, mRNA [NM_007326]
Homo sapiens golgin A5 (GOLGA5), mRNA [NM_005113]
Homo sapiens JNK1/MAPK8-associated membrane protein (JKAMP), transcript variant 1, mRNA [NM_005113]
Homo sapiens zinc finger protein 454 (ZNF454), transcript variant 2, mRNA [NM_182594]
Homo sapiens syntaxin 4 (STX4), mRNA [NM_004604]
Homo sapiens Shwachman-Bodian-Diamond syndrome pseudogene 1 (SBDSP1), transcript variant 3
Homo sapiens putative homeodomain transcription factor 2 (PHTF2), transcript variant 2, mRNA [NM_005113]
Homo sapiens radial spoke head 1 homolog (Chlamydomonas) (RSPH1), mRNA [NM_080860]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002593), lincRNA [TCONS_00005496]
Q5DDS3_SCHJA (Q5DDS3) SJCHGC09348 protein, partial (5%) [THC2741661]
Homo sapiens zinc finger protein 778 (ZNF778), transcript variant 1, mRNA [NM_001201407]
Homo sapiens anthrax toxin receptor 2 (ANTXR2), transcript variant 1, mRNA [NM_058172]
Homo sapiens nudE nuclear distribution gene E homolog (A. nidulans)-like 1 (NDEL1), transcript variant 1
Homo sapiens zer-1 homolog (C. elegans) (ZER1), mRNA [NM_006336]
Homo sapiens variable charge, X-linked 2 (VCX2), mRNA [NM_016378]
Homo sapiens midline 1 (Opitz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 6, mRNA [NM_001193278]
Homo sapiens septin 5 (SEPT5), transcript variant 2, mRNA [NM_001009939]
Homo sapiens LIMS3-LOC440895 readthrough (LIMS3-LOC440895), non-coding RNA [NR_027145]
Homo sapiens family with sequence similarity 200, member B (FAM200B), mRNA [NM_001145191]
Homo sapiens capping protein (actin filament), gelsolin-like (CAPG), mRNA [NM_001747]
Homo sapiens period homolog 1 (Drosophila) (PER1), mRNA [NM_002616]
Homo sapiens CD36 molecule (thrombospondin receptor) (CD36), transcript variant 2, mRNA [NM_001145191]
Homo sapiens dihydrouridine synthase 4-like (S. cerevisiae) (DUS4L), mRNA [NM_181581]

Homo sapiens uncharacterized LOC402483 (FLJ45340), non-coding RNA [NR_024368]
Homo sapiens CD320 molecule (CD320), transcript variant 1, mRNA [NM_016579]
Homo sapiens TAR DNA binding protein (TARDBP), mRNA [NM_007375]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 218 (C6orf218), non-coding RNA [NR_027793]
Homo sapiens component of oligomeric golgi complex 7 (COG7), mRNA [NM_153603]
Homo sapiens zinc finger protein 165 (ZNF165), mRNA [NM_003447]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 58 (C21orf58), mRNA [NM_058180]
Q5KV55_GEOKA (Q5KV55) Late competence protein, partial (10%) [THC2617332]
Homo sapiens WNK lysine deficient protein kinase 1 (WNK1), transcript variant 3, mRNA [NM_213616]
Homo sapiens zinc finger protein 146 (ZNF146), transcript variant 1, mRNA [NM_007145]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 149 (CCDC149), transcript variant 1, mRNA [NM_173466]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506373 (LOC100506373), miscRNA [XR_109398]
Homo sapiens solute carrier family 35, member F3 (SLC35F3), mRNA [NM_173508]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 1B (HSPA1B), mRNA [NM_005346]
Homo sapiens zinc finger, CCHC domain containing 18 (ZCCHC18), transcript variant 1, mRNA [NM_005113]
Homo sapiens WD repeat domain 62 (WDR62), transcript variant 2, mRNA [NM_173636]
Homo sapiens family with sequence similarity 195, member A pseudogene (LOC286467), non-coding RNA [NM_005113]
Homo sapiens growth arrest-specific 5 (non-protein coding) (GAS5), non-coding RNA [NR_002578]
BX115224 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998G073560, mRNA sequence [BX115224]
Homo sapiens BCL2-like 12 (proline rich) (BCL2L12), transcript variant 1, mRNA [NM_138639]

GB

Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA D (SNAR-D), small nuclear RNA [NR_024243]
D86966 Start codon is not identified similar to human ZFY protein. {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; i
Homo sapiens N-ethylmaleimide-sensitive factor (NSF), transcript variant 1, mRNA [NM_006178]
Homo sapiens carboxypeptidase, vitellogenic-like (CPVL), transcript variant 2, mRNA [NM_019029]
Homo sapiens teashirt zinc finger homeobox 1 (TSHZ1), mRNA [NM_005786]
AGENCOURT_10402498 NIH_MGC_82 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6617855 5', mRNA sequen
Homo sapiens budding uninhibited by benzimidazoles 1 homolog beta (yeast) (BUB1B), mRNA [NM_
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 46 (SNORA46), small nucleolar RNA [NR_002978]
Homo sapiens uncharacterized serine/threonine-protein kinase Sgk494 (SGK494), mRNA [NM_0011
Homo sapiens INO80 homolog (*S. cerevisiae*) (INO80), mRNA [NM_017553]
Homo sapiens sphingosine-1-phosphate receptor 2 (S1PR2), mRNA [NM_004230]
Homo sapiens polycystic kidney and hepatic disease 1 (autosomal recessive)-like 1 (PKHD1L1), mRN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004148), lincRNA [TCONS_00007893]
Homo sapiens Ras suppressor protein 1 (RSU1), transcript variant 1, mRNA [NM_012425]
Homo sapiens glycogen synthase 2 (liver) (GYS2), mRNA [NM_021957]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 57 (ANKRD57), mRNA [NM_023016]
chromosome 2 open reading frame 73 [Source:HGNC Symbol;Acc:26861] [ENST00000414747]
thioredoxin-related transmembrane protein 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:25237] [ENST0000024602]
Homo sapiens STARD3 N-terminal like (STARD3NL), mRNA [NM_032016]
Homo sapiens BCL2-related protein A1 (BCL2A1), transcript variant 1, mRNA [NM_004049]
Homo sapiens sorting nexin 3 (SNX3), transcript variant 1, mRNA [NM_003795]
Homo sapiens TCDD-inducible poly(ADP-ribose) polymerase (TIPARP), transcript variant 2, mRNA [N

Homo sapiens CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 4 (CMTM4), transcript variant

Homo sapiens fibrosin (FBR3), mRNA [NM_001105079]
DB297613 BRACE2 Homo sapiens cDNA clone BRACE2023991 3', mRNA sequence [DB297613]
Homo sapiens transmembrane channel-like 8 (TMC8), mRNA [NM_152468]
Homo sapiens transcription factor 4 (TCF4), transcript variant 2, mRNA [NM_003199]
Homo sapiens histone cluster 1, H4k (HIST1H4K), mRNA [NM_003541]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 32 (ARHGAP32), transcript variant 2, mRNA [NM_0147
Homo sapiens cell division cycle 37 homolog (*S. cerevisiae*)-like 1 (CDC37L1), mRNA [NM_017913]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 30 (C9orf30), transcript variant 1, mRNA [NM_08
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007231), lincRNA [TCONS_00015178]
Homo sapiens TRAF-type zinc finger domain containing 1 (TRAFD1), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens FK506 binding protein 14, 22 kDa (FKBP14), mRNA [NM_017946]
Homo sapiens spindle and kinetochore associated complex subunit 2 (SKA2), transcript variant 1, m

Homo sapiens chromobox homolog 1 (CBX1), transcript variant 1, mRNA [NM_006807]
Homo sapiens family with sequence similarity 111, member B (FAM111B), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens coiled-coil domain containing 41 (CCDC41), transcript variant 1, mRNA [NM_016122]
Homo sapiens mex-3 homolog B (*C. elegans*) (MEX3B), mRNA [NM_032246]
Homo sapiens zinc finger protein 180 (ZNF180), mRNA [NM_013256]

Homo sapiens PMS1 postmeiotic segregation increased 1 (*S. cerevisiae*) (PMS1), transcript variant 3
Homo sapiens sideroflexin 2 (SFXN2), mRNA [NM_178858]
Homo sapiens SCO cytochrome oxidase deficient homolog 2 (yeast) (SCO2), nuclear gene encoding
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 203 (C6orf203), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 (PIEZO2), mRNA [NM_02206
Homo sapiens coagulation factor VIII-associated 2 (F8A2), mRNA [NM_001007523]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 15 (SNORA15), small nucleolar RNA [NR_002957]
Homo sapiens uncharacterized LOC647979 (LOC647979), non-coding RNA [NR_027451]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132891 (LOC100132891), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 2 (B3GNT2), mRNA [N
Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), transcript variant 4, mRNA [NM_001159704]

Q29HP5_DROPS (Q29HP5) GA14742-PA (Fragment), partial (9%) [THC2614488]
Homo sapiens LIM domain kinase 1 (LIMK1), transcript variant 1, mRNA [NM_002314]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 49 (C17orf49), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens SEC22 vesicle trafficking protein homolog B (*S. cerevisiae*) (gene/pseudogene) (SEC22
Homo sapiens dynactin 2 (p50) (DCTN2), mRNA [NM_006400]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A (SNRPA), mRNA [NM_004596]
Homo sapiens threonyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative) (TARS2), nuclear gene encoding
Homo sapiens uncharacterized LOC100131289 (LOC100131289), non-coding RNA [NR_038929]
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.9 (dematin) (EPB49), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens pericentrin (PCNT), mRNA [NM_006031]
Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 14 (ZC3H14), transcript variant 1, mRNA [NM_0248
Homo sapiens FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog (FOS), mRNA [NM_005252]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001258), lincRNA [TCONS_00000761]
Homo sapiens retinoblastoma binding protein 6 (RBBP6), transcript variant 3, mRNA [NM_032626]
Homo sapiens reversion-inducing-cysteine-rich protein with kazal motifs (RECK), mRNA [NM_02111
Homo sapiens ankyrin repeat and sterile alpha motif domain containing 1A (ANKS1A), mRNA [NM_(
Homo sapiens transmembrane protein 167B (TMEM167B), mRNA [NM_020141]
Homo sapiens fidgetin-like 1 (FIGNL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001042762]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008559), lincRNA [TCONS_00018783]
Homo sapiens zinc finger protein 573 (ZNF573), transcript variant 1, mRNA [NM_152360]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506048, transcript variant 1 (LOC100506048), miscF
Homo sapiens Fc fragment of IgE, high affinity I, receptor for; alpha polypeptide (FCER1A), mRNA [N
Homo sapiens nuclear receptor subfamily 2, group F, member 6 (NR2F6), mRNA [NM_005234]
Homo sapiens pyrroline-5-carboxylate reductase-like (PYCRL), mRNA [NM_023078]
Homo sapiens cDNA FLJ42981 fis, clone BRTHA2007422. [AK124971]
Homo sapiens Y box binding protein 2 (YBX2), mRNA [NM_015982]
Homo sapiens ubiquitin protein ligase E3 component n-recogin 1 (UBR1), mRNA [NM_174916]
Homo sapiens polymerase (DNA directed), epsilon 2 (p59 subunit) (POLE2), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 347 (LINC00347), transcript variant 1, non-cc
Homo sapiens histone cluster 1, H4h (HIST1H4H), mRNA [NM_003543]
Homo sapiens glutathione S-transferase, C-terminal domain containing (GSTCD), transcript variant 2
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507468 (LOC100507468), miscRNA [XR_108828]

HESC3_86_C06.g1_A036 Human embryonic stem cells Homo sapiens cDNA clone IMAGE:7483766 5
Homo sapiens thymosin beta 15a (TMSB15A), mRNA [NM_021992]
Homo sapiens uncharacterized LOC339442 (LOC339442), non-coding RNA [NR_038928]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 15 (DNAJC15), mRNA [NM_013238]
Homo sapiens phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 3 (PPAPDC3), mRNA [NM_C
Homo sapiens N(alpha)-acetyltransferase 10, NatA catalytic subunit (NAA10), mRNA [NM_003491]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 24 (ZBTB24), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens WDFY family member 4 (WDFY4), mRNA [NM_020945]
Homo sapiens tripartite motif containing 66 (TRIM66), mRNA [NM_014818]
Homo sapiens histone cluster 1, H4i (HIST1H4I), mRNA [NM_003495]
FERM domain containing 4A [Source:HGNC Symbol;Acc:25491] [ENST00000342409]
Homo sapiens methyltransferase like 16 (METTL16), mRNA [NM_024086]
Homo sapiens zinc finger protein 813 (ZNF813), mRNA [NM_001004301]
Homo sapiens ets variant 5 (ETV5), mRNA [NM_004454]
Homo sapiens ST6 beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 2 (ST6GAL2), transcript variant 1, r
Homo sapiens membrane protein, palmitoylated 2 (MAGUK p55 subfamily member 2) (MPP2), mRN
wm38b12.x1 NCI_CGAP_Ut4 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2438207 3' similar to gb:X53505 40S
Homo sapiens elongation factor Tu GTP binding domain containing 1 (EFTUD1), transcript variant 1,
Homo sapiens protein phosphatase 5, catalytic subunit (PPP5C), transcript variant 1, mRNA [NM_0C
Homo sapiens S100 calcium binding protein A3 (S100A3), mRNA [NM_002960]
PREDICTED: Homo sapiens hCG1732469 (LOC729164), miscRNA [XR_109936]
Homo sapiens cDNA FLJ42349 fis, clone UTERU2004688. [AK124340]
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 3 (BCL3), mRNA [NM_005178]
Homo sapiens toll-like receptor 1 (TLR1), mRNA [NM_003263]
major histocompatibility complex, class I, A [Source:HGNC Symbol;Acc:4931] [ENST00000464610]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor 3 (ARF3), mRNA [NM_001659]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014003), lincRNA [TCONS_00029079]
DB078576 TESTI4 Homo sapiens cDNA clone TESTI4023474 5', mRNA sequence [DB078576]
Homo sapiens DCN1, defective in cullin neddylation 1, domain containing 3 (*S. cerevisiae*) (DCUN1D
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 7B (ZBTB7B), mRNA [NM_015872]
Homo sapiens phosphoribosyl transferase domain containing 1 (PRTFDC1), mRNA [NM_020200]
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA [NM_001402]
Homo sapiens myelin expression factor 2 (MYEF2), mRNA [NM_016132]
Homo sapiens signal transducer and activator of transcription 3 (acute-phase response factor) (STA
Homo sapiens uncharacterized LOC100129034 (LOC100129034), non-coding RNA [NR_027406]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009526), lincRNA [TCONS_00019734]

Homo sapiens uncharacterized LOC144481 (LOC144481), non-coding RNA [NR_038263]
Homo sapiens microsomal glutathione S-transferase 2 (MGST2), transcript variant 1, mRNA [NM_0C
Homo sapiens ribosomal protein L8 (RPL8), transcript variant 1, mRNA [NM_000973]

Homo sapiens guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3 (GUCY1A3), transcript variant 1, mRNA [NM_00
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008221), lincRNA [TCONS_I2_00014848]
Homo sapiens lipase, hormone-sensitive (LIPE), mRNA [NM_005357]

Homo sapiens proline-rich protein BstNI subfamily 1 (PRB1), transcript variant 3, mRNA [NM_19935]
Homo sapiens ATP citrate lyase (ACLY), transcript variant 1, mRNA [NM_001096]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 (HNRNPA1), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 2 (SCARNA2), guide RNA [NR_003023]
Homo sapiens PWP2 periodic tryptophan protein homolog (yeast) (PWP2), mRNA [NM_005049]
Homo sapiens serologically defined colon cancer antigen 3 (SDCCAG3), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens chromodomain helicase DNA binding protein 5 (CHD5), mRNA [NM_015557]
Homo sapiens nanos homolog 3 (Drosophila) (NANOS3), mRNA [NM_001098622]
BX111111 Soares_total_fetus_Nb2HF8_9w Homo sapiens cDNA clone IMAGp998C062578, mRNA se
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 169 (C14orf169), mRNA [NM_024644]
Homo sapiens F-box protein 31 (FBXO31), mRNA [NM_024735]
Homo sapiens uncharacterized LOC400680 (LOC400680), non-coding RNA [NR_037194]
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 8 (GEMIN8), transcript variant 3, mRNA [I
Homo sapiens hypothetical gene supported by BC030752, mRNA (cDNA clone IMAGE:4796358). [BC
Homo sapiens GREB1 protein, mRNA (cDNA clone IMAGE:6729261), partial cds. [BC071853]
Homo sapiens component of oligomeric golgi complex 6 (COG6), transcript variant 1, mRNA [NM_0:
Homo sapiens UbiA prenyltransferase domain containing 1 (UBIAD1), mRNA [NM_013319]
Homo sapiens heat shock 60kDa protein 1 (chaperonin) (HSPD1), nuclear gene encoding mitochond

Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DR beta 5 (HLA-DRB5), mRNA [NM_00212:
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008203), lincRNA [TCONS_I2_00014793]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002997), lincRNA [TCONS_00006381]
Homo sapiens histone cluster 1, H4I (HIST1H4L), mRNA [NM_003546]
Homo sapiens cirrhosis, autosomal recessive 1A (cirhin) (CIRH1A), mRNA [NM_032830]
Homo sapiens RAE1 RNA export 1 homolog (S. pombe) (RAE1), transcript variant 2, mRNA [NM_001

Homo sapiens selectin E (SELE), mRNA [NM_000450]
Homo sapiens solute carrier family 44, member 2 (SLC44A2), transcript variant 1, mRNA [NM_0204:
Homo sapiens zinc finger protein 792 (ZNF792), mRNA [NM_175872]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506459 (LOC100506459), miscRNA [XR_110492]
Homo sapiens ORAI calcium release-activated calcium modulator 2 (ORAI2), transcript variant 2, mF
Homo sapiens RALBP1 associated Eps domain containing 2 (REPS2), transcript variant 1, mRNA [NM
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004594), lincRNA [TCONS_I2_00008479]
Homo sapiens uncharacterized LOC643723 (LOC643723), non-coding RNA [NR_038845]
Homo sapiens NANOG neighbor homeobox (NANOGNB), mRNA [NM_001145465]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase domain 8 (ADAM8), transcript variant 1, mRNA [NM_00110:
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010754), lincRNA [TCONS_00022389]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002909), lincRNA [TCONS_00005651]
Homo sapiens suppression of tumorigenicity 5 (ST5), transcript variant 1, mRNA [NM_005418]
Homo sapiens mucolinin 1 (MCOLN1), mRNA [NM_020533]
Homo sapiens WAS/WASL interacting protein family, member 2 (WIPF2), mRNA [NM_133264]
Homo sapiens DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 (DDX11), transcript variant 1, mRN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015037), lincRNA [TCONS_I2_00029075]
Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_0

Homo sapiens complement factor H (CFH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript
Homo sapiens notchless homolog 1 (Drosophila) (NLE1), transcript variant 2, mRNA [NM_00101444
Homo sapiens DNA-damage inducible 1 homolog 2 (*S. cerevisiae*) (DDI2), mRNA [NM_032341]
Homo sapiens sushi, nidogen and EGF-like domains 1 (SNED1), mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens THO complex 1 (THOC1), mRNA [NM_005131]
Homo sapiens tetraspanin 32 (TSPAN32), mRNA [NM_139022]
Homo sapiens dermatan sulfate epimerase-like (DSEL), mRNA [NM_032160]
Homo sapiens NCK interacting protein with SH3 domain (NCKIPSD), transcript variant 2, mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 150 (C1orf150), mRNA [NM_145278]
Homo sapiens collagen, type XXIV, alpha 1 (COL24A1), mRNA [NM_152890]
Homo sapiens multiple EGF-like-domains 9 (MEGF9), mRNA [NM_001080497]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 30 (DNAJC30), mRNA [NM_032317]
Homo sapiens non-POU domain containing, octamer-binding (NONO), transcript variant 2, mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens LSM2 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*) (LSM2), mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 2 (CXCR2), transcript variant 1, mRNA [NM_001557]
Homo sapiens vang-like 1 (van gogh, *Drosophila*) (VANGL1), transcript variant 1, mRNA [NM_138951]
Homo sapiens nudE nuclear distribution gene E homolog 1 (*A. nidulans*) (NDE1), transcript variant 2
Homo sapiens CLK4-associating serine/arginine rich protein (CLASRP), mRNA [NM_007056]
Homo sapiens uncharacterized LOC339674 (BK250D10.8), non-coding RNA [NR_024355]
Homo sapiens uncharacterized LOC100130992 (LOC100130992), non-coding RNA [NR_038921]
Homo sapiens plasminogen activator, urokinase (PLAU), transcript variant 2, mRNA [NM_00114503]
Homo sapiens AF4/FMR2 family, member 1 (AFF1), transcript variant 2, mRNA [NM_005935]
Homo sapiens carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 11 (CHST11), transcript variant 1, mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens sphingosine-1-phosphate lyase 1 (SGPL1), mRNA [NM_003901]
Homo sapiens leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2 (LRRFIP2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 77 (GPR77), mRNA [NM_018485]
Homo sapiens transmembrane protein 191B (TMEM191B), mRNA [NM_001242313]
Homo sapiens cytoplasmic FMR1 interacting protein 1 (CYFIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens absent in melanoma 1 (AIM1), mRNA [NM_001624]

Homo sapiens serum amyloid A-like 1 (SAAL1), mRNA [NM_138421]
Homo sapiens transmembrane protein 25 (TMEM25), transcript variant 1, mRNA [NM_032780]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 4 (TTC4), mRNA [NM_004623]
Homo sapiens nucleophosmin/nucleoplasmin 3 (NPM3), mRNA [NM_006993]
Homo sapiens nuclear distribution gene C homolog (*A. nidulans*) (NUDC), mRNA [NM_006600]
Homo sapiens E2F transcription factor 1 (E2F1), mRNA [NM_005225]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010979), lincRNA [TCONS_00023086]
Homo sapiens adhesion molecule, interacts with CXADR antigen 1 (AMICA1), transcript variant 2, mRNA [NM_001080437]
Homo sapiens glycoporphin C (Gerbich blood group) (GYPC), transcript variant 1, mRNA [NM_002101]
chromosome 2 open reading frame 43 [Source:HGNC Symbol;Acc:26145] [ENST00000381090]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004135), lincRNA [TCONS_00009151]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008666), lincRNA [TCONS_00017891]
Homo sapiens cancer susceptibility candidate 5 (CASC5), transcript variant 1, mRNA [NM_170589]

Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 6A (MS4A6A), transcript varia
Homo sapiens nucleosome assembly protein 1-like 3 (NAP1L3), mRNA [NM_004538]
RST1600 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG182723]
Homo sapiens WAS protein family, member 1 (WASF1), transcript variant 1, mRNA [NM_003931]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 192 (C6orf192), mRNA [NM_052831]
Homo sapiens cytochrome b-561 (CYB561), transcript variant 2, mRNA [NM_001017916]
Homo sapiens uncharacterized LOC641518 (LOC641518), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 50 (C7orf50), transcript variant 1, mRNA [NM_03
Homo sapiens centriolin (CNTRL), mRNA [NM_007018]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008413), lincRNA [TCONS_00018138]
Homo sapiens TNF receptor-associated factor 2 (TRAF2), mRNA [NM_021138]
Homo sapiens tripartite motif containing 32 (TRIM32), transcript variant 1, mRNA [NM_012210]
Homo sapiens zinc finger protein 682 (ZNF682), transcript variant 1, mRNA [NM_033196]
Homo sapiens uncharacterized LOC100128252 (LOC100128252), transcript variant 2, non-coding RN
Homo sapiens transmembrane protein 219 (TMEM219), transcript variant 2, mRNA [NM_194280]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506674 (LOC100506674), miscRNA [XR_108577]
Homo sapiens integrin, alpha 9 (ITGA9), mRNA [NM_002207]
Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 2 (CHCHD2), nuclear gene encodi
Homo sapiens protein kinase, AMP-activated, gamma 3 non-catalytic subunit (PRKAG3), mRNA [NM
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 226 (C6orf226), mRNA [NM_001008739]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 16kDa, V0 subunit c (ATP6V0C), transcript variant
Homo sapiens tubulin, gamma complex associated protein 4 (TUBGCP4), mRNA [NM_014444]
Homo sapiens reticulon 1 (RTN1), transcript variant 1, mRNA [NM_021136]
Homo sapiens golgin A7 (GOLGA7), transcript variant 2, mRNA [NM_001002296]
Homo sapiens interleukin 1 receptor antagonist (IL1RN), transcript variant 4, mRNA [NM_173843]

Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 2 (P2RX2), transcript variant 4, mR
Homo sapiens Bartter syndrome, infantile, with sensorineural deafness (Barttin) (BSND), mRNA [NM
PREDICTED: Homo sapiens ras-related protein Rap-1b-like (LOC100506390), miscRNA [XR_132557]
Homo sapiens sideroflexin 4 (SFXN4), mRNA [NM_213649]
Homo sapiens RNA, U1 small nuclear 5 (RNU1-5), small nuclear RNA [NR_004400]
Homo sapiens structural maintenance of chromosomes 2 (SMC2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-As) box polypeptide 19B (DDX19B), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens coiled-coil domain containing 9 (CCDC9), mRNA [NM_015603]
Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 2B (MFSD2B), mRNA [NM_00108047
Homo sapiens xin actin-binding repeat containing 2 (XIRP2), transcript variant 1, mRNA [NM_15238
Homo sapiens metallothionein 3 (MT3), mRNA [NM_005954]
Homo sapiens KIAA0087 (KIAA0087), non-coding RNA [NR_022006]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 190 (C1orf190), mRNA [NM_001013615]
Homo sapiens adenylate cyclase 9 (ADCY9), mRNA [NM_001116]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit B¹, beta (PPP2R5B), mRNA [NM_006244]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015451), lincRNA [TCONS_I2_00030147]
Homo sapiens SERPINE1 mRNA binding protein 1 (SERBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001018
Homo sapiens olfactory receptor, family 5, subfamily H, member 2 (OR5H2), mRNA [NM_00100548:

Homo sapiens kinesin family member 14 (KIF14), mRNA [NM_014875]
Homo sapiens centromere protein N (CENPN), transcript variant 2, mRNA [NM_001100624]
Homo sapiens tsukushi small leucine rich proteoglycan homolog (*Xenopus laevis*) (TSKU), mRNA [NM_001100624]
Homo sapiens Rh-associated glycoprotein (RHAG), mRNA [NM_000324]
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:E7EQP2] [ENST00000326780]
Homo sapiens IQ motif and Sec7 domain 3, mRNA (cDNA clone IMAGE:4940063), complete cds. [BC041100]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001607), lincRNA [TCONS_00003808]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130027 (LOC100130027), miscRNA [XR_110587]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 19 (RGS19), transcript variant 1, mRNA [NM_005873]
Homo sapiens transmembrane protein 51 (TMEM51), transcript variant 1, mRNA [NM_001136216]
Homo sapiens interleukin 21 receptor (IL21R), transcript variant 2, mRNA [NM_181078]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 3 (MAP2K3), transcript variant B, mRNA [NM_001136216]
Homo sapiens TNFAIP3 interacting protein 3 (TNIP3), transcript variant 1, mRNA [NM_024873]
Homo sapiens hect domain and RLD 5 (HERC5), mRNA [NM_016323]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507347 (LOC100507347), miscRNA [XR_109013]
Homo sapiens transmembrane protein 64 (TMEM64), transcript variant 1, mRNA [NM_001008495]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 77 (CCDC77), transcript variant 1, mRNA [NM_032358]
PREDICTED: Homo sapiens golgin subfamily A member 8-like protein 2-like (LOC100652910), mRNA [NM_001136216]
Homo sapiens N(alpha)-acetyltransferase 25, NatB auxiliary subunit (NAA25), mRNA [NM_024953]
Homo sapiens sorting nexin 22 (SNX22), mRNA [NM_024798]
Homo sapiens protein inhibitor of activated STAT, 2 (PIAS2), transcript variant beta, mRNA [NM_001136216]
Homo sapiens ECSIT homolog (*Drosophila*) (ECSIT), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001136216]
Q566Q1_HUMAN (Q566Q1) LAMA3 protein (Fragment), partial (4%) [THC2776855]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 5 (non-protein coding) (SNHG5), non-coding RNA [NR_001136216]
Homo sapiens high mobility group box 3 (HMGB3), mRNA [NM_005342]
immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker) [Source:HGNC Symbol;Acc:5856] [ENST00000326780]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 33 (SNORA33), small nucleolar RNA [NR_002436]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase-like 1 (CDC2-related kinase) (CDKL1), mRNA [NM_004196]
Homo sapiens interleukin 23 receptor (IL23R), mRNA [NM_144701]
Homo sapiens basic leucine zipper transcription factor, ATF-like 3 (BATF3), mRNA [NM_018664]
Homo sapiens Fc fragment of IgG, low affinity IIc, receptor for (CD32) (gene/pseudogene) (FCGR2C), mRNA [NM_001136216]
Homo sapiens RNA binding motif protein 28 (RBM28), transcript variant 1, mRNA [NM_018077]
Homo sapiens imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding) (IPW), non-coding RNA [NR_001136216]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 37, member A2 (LRRC37A2), mRNA [NM_001006607]
Homo sapiens ankyrin repeat and GTPase domain Arf GTPase activating protein 11 (AGAP11), mRNA [NM_001136216]
Homo sapiens poly(A) binding protein, cytoplasmic 5 (PABPC5), mRNA [NM_080832]
Homo sapiens CD28 molecule (CD28), transcript variant 1, mRNA [NM_006139]
Homo sapiens cysteine-serine-rich nuclear protein 1 (CSRNP1), mRNA [NM_033027]
Homo sapiens complement component 1, r subcomponent (C1R), mRNA [NM_001733]
Homo sapiens prenylcysteine oxidase 1 (PCYOX1), mRNA [NM_016297]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010014), lincRNA [TCONS_I2_00019997]
Homo sapiens uncharacterized locus LOC441204 (LOC441204), non-coding RNA [NR_015364]
Homo sapiens glyoxalase domain containing 4 (GLOD4), mRNA [NM_016080]

Homo sapiens Shwachman-Bodian-Diamond syndrome (SBDS), mRNA [NM_016038]
Homo sapiens exosome component 9 (EXOSC9), transcript variant 2, mRNA [NM_005033]
DA781732 OCBBF2 Homo sapiens cDNA clone OCBBF2017344 5', mRNA sequence [DA781732]
Homo sapiens diazepam binding inhibitor (GABA receptor modulator, acyl-CoA binding protein) (DB
Homo sapiens coiled-coil domain containing 167 (CCDC167), mRNA [NM_138493]
Homo sapiens SAR1 homolog A (*S. cerevisiae*) (SAR1A), transcript variant 2, mRNA [NM_020150]
Homo sapiens suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein) (ST13
Homo sapiens olfactory receptor, family 5, subfamily M, member 9 (OR5M9), mRNA [NM_0010047
Homo sapiens histone cluster 2, H2ac (HIST2H2AC), mRNA [NM_003517]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 39A (DDX39A), transcript variant 1, mRNA [
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 17 (SNORD17), small nucleolar RNA [NR_003045]
Homo sapiens H2A histone family, member X (H2AFX), mRNA [NM_002105]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2W (putative) (UBE2W), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 323 (LINC00323), non-coding RNA [NR_0241
Homo sapiens UBX domain protein 8 (UBXN8), mRNA [NM_005671]
Homo sapiens craniofacial development protein 1 (CFDP1), mRNA [NM_006324]
Homo sapiens SET domain containing 1A (SETD1A), mRNA [NM_014712]
Homo sapiens c-abl oncogene 1, non-receptor tyrosine kinase (ABL1), transcript variant a, mRNA [N
Homo sapiens Cas scaffolding protein family member 4 (CASS4), transcript variant 4, mRNA [NM_0C
Homo sapiens HLA complex group 18 (non-protein coding) (HCG18), non-coding RNA [NR_024052]
Homo sapiens tubby like protein 3 (TULP3), transcript variant 1, mRNA [NM_003324]
Homo sapiens Ran GTPase activating protein 1 (RANGAP1), mRNA [NM_002883]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010922), lincRNA [TCONS_00023050]
Homo sapiens RIO kinase 3 (yeast) (RIOK3), mRNA [NM_003831]
Homo sapiens complement component 1, q subcomponent-like 3 (C1QL3), mRNA [NM_001010908]
Homo sapiens ribosomal protein L13 (RPL13), transcript variant 2, mRNA [NM_033251]
Homo sapiens SRY (sex determining region Y)-box 13 (SOX13), mRNA [NM_005686]
Homo sapiens imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding) (IPW), non-coding RNA [NR
Homo sapiens glycerophosphodiester phosphodiesterase 1 (GDE1), mRNA [NM_016641]
Homo sapiens melanoma antigen family B, 4 (MAGEB4), mRNA [NM_002367]
Homo sapiens APAF1 interacting protein (APIP), mRNA [NM_015957]
Homo sapiens transmembrane protein 194B (TMEM194B), mRNA [NM_001142645]
Homo sapiens LSM7 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*) (LSM7), mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100287063 (LOC100287063), mRNA [XM_0031:
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003849), lincRNA [TCONS_00009003]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507312, transcript variant 1 (LOC100507312), miscF
Homo sapiens 5-oxoprolinase (ATP-hydrolysing) (OPLAH), mRNA [NM_017570]
Homo sapiens RAB18, member RAS oncogene family (RAB18), mRNA [NM_021252]
Homo sapiens solute carrier family 22, member 23 (SLC22A23), transcript variant 1, mRNA [NM_01:
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 56 (C21orf56), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens nucleoporin 54kDa (NUP54), mRNA [NM_017426]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 15 (C21orf15), non-coding RNA [NR_026755]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 6 (MAPK6), mRNA [NM_002748]
Homo sapiens uncharacterized LOC389791 (LOC389791), non-coding RNA [NR_024425]

Homo sapiens dual specificity phosphatase 10 (DUSP10), transcript variant 1, mRNA [NM_007207]
Homo sapiens dynein, axonemal, heavy chain 14 (DNAH14), transcript variant 1, mRNA [NM_00137]
Homo sapiens acyl-CoA synthetase medium-chain family member 1 (ACSM1), mRNA [NM_052956]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 1 (CCL1), mRNA [NM_002981]
Homo sapiens transcription factor B1, mitochondrial (TFB1M), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens cyclin B2 (CCNB2), mRNA [NM_004701]
Homo sapiens endoplasmic reticulum protein 29 (ERP29), transcript variant 1, mRNA [NM_006817]
Homo sapiens asp (abnormal spindle) homolog, microcephaly associated (Drosophila) (ASPM), trans
Homo sapiens nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin) (NPM1), transcript variant
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 38A (SNORD38A), small nucleolar RNA [NR_001456]
Homo sapiens suppressor of variegation 3-9 homolog 1 (Drosophila) (SUV39H1), mRNA [NM_00317]
Homo sapiens ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 6 (ST8SIA6), mRNA [NM_
Homo sapiens TM2 domain containing 2 (TM2D2), transcript variant 2, mRNA [NM_031940]
Homo sapiens protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type II, beta (PRKAR2B), mRNA [NM_0C
Homo sapiens zinc and ring finger 1 (ZNRF1), mRNA [NM_032268]
Homo sapiens ring finger protein 170 (RNF170), transcript variant 2, mRNA [NM_030954]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide H (22.9kD) (POLR3H), transcript vari

Homo sapiens KIAA0513 (KIAA0513), mRNA [NM_014732]
Homo sapiens uncharacterized LOC388796 (LOC388796), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_
Homo sapiens keratin 15 (KRT15), mRNA [NM_002275]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 8 (SNORA8), small nucleolar RNA [NR_002920]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 56 (C8orf56), non-coding RNA [NR_027071]
Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 4 (delta) (CCT4), mRNA [NM_006430]
AGENCOURT_8353926 NIH_MGC_113 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6278437 5', mRNA sequen
Homo sapiens olfactory receptor, family 5, subfamily L, member 2 (OR5L2), mRNA [NM_001004739]
Homo sapiens WD repeat domain 54 (WDR54), mRNA [NM_032118]
Homo sapiens DAZ associated protein 2 (DAZAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_014764]
Homo sapiens RAP2B, member of RAS oncogene family (RAP2B), mRNA [NM_002886]
Homo sapiens solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, taurine), member 6 (SLC6A6), t
Homo sapiens cDNA FLJ36543 fis, clone TRACH2006194. [AK093862]
Homo sapiens transmembrane protein 225-like (LOC100289187), transcript variant 1, mRNA [NM_C
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 3 (PTPN3), transcript variant 3, mRN
Homo sapiens tetraspanin 32 (TSPAN32), mRNA [NM_139022]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 45 (C14orf45), mRNA [NM_025057]
Homo sapiens myosin IXA (MYO9A), mRNA [NM_006901]
stress-associated endoplasmic reticulum protein family member 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:20607
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 7 (non-protein coding) (SNHG7), transcript variant 2, r
Homo sapiens casein kinase 2, alpha 1 polypeptide (CSNK2A1), transcript variant 1, mRNA [NM_177
Homo sapiens CD79b molecule, immunoglobulin-associated beta (CD79B), transcript variant 3, mRN
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family B (evectins) member 1 (PLEKHB1), tra
Homo sapiens tRNA-yW synthesizing protein 1 homolog B (S. cerevisiae) (TYW1B), transcript variant
Q420P7_DESHA (Q420P7) DoxD-like protein, partial (14%) [THC2637283]

Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 13 (SCARNA13), guide RNA [NR_003002]
Homo sapiens nicalin (NCLN), mRNA [NM_020170]
Homo sapiens apolipoprotein A-I (APOA1), mRNA [NM_000039]
Homo sapiens prune homolog (Drosophila) (PRUNE), mRNA [NM_021222]
Homo sapiens vesicle-associated membrane protein 5 (myobrevin) (VAMP5), mRNA [NM_006634]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003772), lincRNA [TCONS_00008928]
Homo sapiens glycoprotein Ib (platelet), beta polypeptide (GP1BB), mRNA [NM_000407]
Homo sapiens GATA zinc finger domain containing 2A (GATAD2A), mRNA [NM_017660]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015037), lincRNA [TCONS_I2_00029078]
Homo sapiens transmembrane and coiled-coil domain family 3 (TMCC3), mRNA [NM_020698]
Homo sapiens protein phosphatase 3, regulatory subunit B, alpha (PPP3R1), mRNA [NM_000945]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp667E0512 (from clone DKFZp667E0512). [AL713660]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002236), lincRNA [TCONS_00004357]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012025), lincRNA [TCONS_00024744]
Homo sapiens fibrosin (FBRS), mRNA [NM_001105079]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012105), lincRNA [TCONS_00025302]
RST16194 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG196962]
Homo sapiens spermatogenesis associated 20 (SPATA20), mRNA [NM_022827]
Homo sapiens tripartite motif containing 6 (TRIM6), transcript variant 1, mRNA [NM_001003818]
Homo sapiens family with sequence similarity 115, member A (FAM115A), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens MIRLET7B host gene (non-protein coding) (MIRLET7BHG), non-coding RNA [NR_0270
Q9BW34_HUMAN (Q9BW34) EEF1D protein (Fragment), partial (28%) [THC2578919]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily V, member 1 (TRPV1), transcript
Homo sapiens MYB binding protein (P160) 1a (MYBBP1A), transcript variant 2, mRNA [NM_014520]
Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 3 (IGSF3), transcript variant 2, mRNA [NM_00
Homo sapiens clone DNA93013 RVLA1944 (UNQ1944) mRNA, complete cds. [AY358202]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 51 (SNORA51), small nucleolar RNA [NR_002981]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6176570, partial cds. [BC052334]
Homo sapiens neurofilament, heavy polypeptide (NEFH), mRNA [NM_021076]
Homo sapiens Sec61 alpha 2 subunit (*S. cerevisiae*) (SEC61A2), transcript variant 3, mRNA [NM_001
Homo sapiens AXL receptor tyrosine kinase (AXL), transcript variant 1, mRNA [NM_021913]

Homo sapiens LIM and cysteine-rich domains 1 (LMCD1), mRNA [NM_014583]
Homo sapiens familial acute myelogenous leukemia related factor (LOC100131234), non-coding RNA
Homo sapiens uncharacterized LOC100506123 (LOC100506123), non-coding RNA [NR_040097]
Homo sapiens ribosomal protein L5 (RPL5), mRNA [NM_000969]
Homo sapiens high mobility group AT-hook 1 (HMGA1), transcript variant 3, mRNA [NM_145901]
Homo sapiens MAFF interacting protein (MAFIP), mRNA [NM_001190825]
Homo sapiens placental growth factor (PGF), transcript variant 1, mRNA [NM_002632]
Homo sapiens MDS1 and EVI1 complex locus (MECOM), transcript variant 2, mRNA [NM_005241]
Homo sapiens clone pp7683 unknown mRNA. [AF289593]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009382), lincRNA [TCONS_00019584]
Homo sapiens F-box and WD repeat domain containing 8 (FBXW8), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens torsin family 3, member A (TOR3A), mRNA [NM_022371]

Homo sapiens KIAA0564 (KIAA0564), transcript variant 2, mRNA [NM_001009814]

Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A' (SNRPA1), mRNA [NM_003090]

Homo sapiens pseudouridylate synthase 1 (PUS1), transcript variant 1, mRNA [NM_025215]

Homo sapiens COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 7B (Arabidopsis) (COPS7B), m

Homo sapiens high mobility group nucleosomal binding domain 3 (HMGN3), transcript variant 2, m

Homo sapiens OMA1 homolog, zinc metallopeptidase (*S. cerevisiae*) (OMA1), mRNA [NM_145243]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015561), lincRNA [TCONS_I2_00030251]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013314), lincRNA [TCONS_I2_00025728]

Homo sapiens uncharacterized LOC100505702 (LOC100505702), transcript variant 1, non-coding RN

Homo sapiens synovial sarcoma, X breakpoint 2 interacting protein (SSX2IP), transcript variant 1, m

Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin, pseudogene 3 (SIGLECP3), non-coding RNA [NR_0028

Homo sapiens interferon stimulated exonuclease gene 20kDa (ISG20), mRNA [NM_002201]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_003911), lincRNA [TCONS_00008452]

Homo sapiens EH domain binding protein 1 (EHBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_015252]

Homo sapiens tropomyosin 4 (TPM4), transcript variant 2, mRNA [NM_003290]

Homo sapiens ST7 antisense RNA 1 (non-protein coding) (ST7-AS1), antisense RNA [NR_002330]

Homo sapiens family with sequence similarity 65, member C (FAM65C), mRNA [NM_080829]

Homo sapiens solute carrier family 22, member 23 (SLC22A23), transcript variant 1, mRNA [NM_01

T cell receptor beta variable 7-3 [Source:HGNC Symbol;Acc:12237] [ENST00000390361]

Homo sapiens uncharacterized LOC644242 (LOC644242), non-coding RNA [NR_036540]

Homo sapiens guanylate binding protein 3 (GBP3), mRNA [NM_018284]

Homo sapiens matrix metallopeptidase 24 (membrane-inserted) (MMP24), mRNA [NM_006690]

Homo sapiens pre-B-cell leukemia homeobox 1 (PBX1), transcript variant 1, mRNA [NM_002585]

Homo sapiens microtubule associated serine/threonine kinase family member 4 (MAST4), transcrip

Homo sapiens olfactory receptor, family 10, subfamily A, member 7 (OR10A7), mRNA [NM_001005:

Homo sapiens uncharacterized LOC283070 (LOC283070), non-coding RNA [NR_027322]

Homo sapiens capping protein (actin filament) muscle Z-line, alpha 2 (CAPZA2), mRNA [NM_006136]

Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10-like (ARHGEF10L), transcript varian

Homo sapiens ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 (rho family, small GTP binding protein Rac

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007949), lincRNA [TCONS_00017150]

Homo sapiens microtubule-associated protein, RP/EB family, member 2 (MAPRE2), transcript variar

Homo sapiens iron/zinc purple acid phosphatase-like protein (PAPL), mRNA [NM_001004318]

Homo sapiens solute carrier family 45, member 4 (SLC45A4), mRNA [NM_001080431]

Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript vari

Homo sapiens uncharacterized LOC728537 (LOC728537), non-coding RNA [NR_038386]

Homo sapiens uncharacterized LOC440584 (FLJ32224), non-coding RNA [NR_033967]

Homo sapiens tripartite motif containing 44 (TRIM44), mRNA [NM_017583]

Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) assembly chaperone 1 (PSMG1), transcript varian

Homo sapiens cysteine-rich, angiogenic inducer, 61 (CYR61), mRNA [NM_001554]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 50B (SNORD50B), small nucleolar RNA [NR_003044]
Homo sapiens uncharacterized LOC401431 (LOC401431), non-coding RNA [NR_027040]
Homo sapiens laminin, gamma 3 (LAMC3), mRNA [NM_006059]
Homo sapiens SPG20 opposite strand (SPG20OS), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_045180]
Homo sapiens HBS1-like (*S. cerevisiae*) (HBS1L), transcript variant 1, mRNA [NM_006620]
Homo sapiens glypican 3 (GPC3), transcript variant 1, mRNA [NM_001164617]
Homo sapiens Crm, cramped-like (*Drosophila*) (CRAMP1L), mRNA [NM_020825]

Homo sapiens centrosomal protein 164kDa (CEP164), mRNA [NM_014956]

Homo sapiens MAM domain containing glycosylphosphatidylinositol anchor 1 (MDGA1), mRNA [NM_001164617]
Homo sapiens inosine triphosphatase (nucleoside triphosphate pyrophosphatase) (ITPA), transcript B
BJ997522 Human Wilms tumor cDNA Homo sapiens cDNA clone WKID-00154 5', mRNA sequence [B
Homo sapiens cell division cycle associated 7 (CDCA7), transcript variant 1, mRNA [NM_031942]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 11 (SNORD11), small nucleolar RNA [NR_003031]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001496), lincRNA [TCONS_00003709]
Homo sapiens RAS guanyl releasing protein 3 (calcium and DAG-regulated) (RASGRP3), transcript va
Lymphocyte antigen 6 complex, locus G6ELymphocyte antigen 6 complex, locus G6E, isoform CRA_ε
Homo sapiens supervillin (SVIL), transcript variant 2, mRNA [NM_021738]
Homo sapiens collagen, type XVII, alpha 1 (COL17A1), mRNA [NM_000494]
Homo sapiens OTU domain containing 5 (OTUD5), transcript variant 1, mRNA [NM_017602]
Homo sapiens neutrophil cytosolic factor 1 (NCF1), mRNA [NM_000265]
Homo sapiens reticulon 4 (RTN4), transcript variant 1, mRNA [NM_020532]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507657 (LOC100507657), miscRNA [XR_109755]
Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase II gamma (CAMK2G), transcript varian
Homo sapiens proline-serine-threonine phosphatase interacting protein 1 (PSTPIP1), mRNA [NM_00
Homo sapiens family with sequence similarity 65, member B (FAM65B), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens glyoxalase domain containing 5 (GLOD5), mRNA [NM_001080489]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 3 (EIF4G3), transcript variant 3, mRN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003555), lincRNA [TCONS_00008798]
Homo sapiens intersectin 1 (SH3 domain protein) (ITSN1), transcript variant 2, mRNA [NM_0010011
Homo sapiens interferon regulatory factor 8 (IRF8), mRNA [NM_002163]
BX108284 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998H242621, mRNA sequence [BX1
Homo sapiens MyoD family inhibitor domain containing (MDFIC), transcript variant 1, mRNA [NM_1
Homo sapiens epsin 1 (EPN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001130071]
Homo sapiens solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 5 pseu
Homo sapiens cDNA FLJ42128 fis, clone TESTI2013382. [AK124122]
Homo sapiens uncharacterized LOC100130691 (LOC100130691), non-coding RNA [NR_026966]
Homo sapiens osteoglycin (OGN), transcript variant 1, mRNA [NM_033014]
Homo sapiens topoisomerase (DNA) III beta (TOP3B), mRNA [NM_003935]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004706), lincRNA [TCONS_I2_00008703]
Homo sapiens leucine zipper and CTNNBIP1 domain containing (LZIC), mRNA [NM_032368]
Homo sapiens cyclin A1 (CCNA1), transcript variant 1, mRNA [NM_003914]

Sequence 240 from Patent WO0220754. [AX721280]
DB127798 THYMU2 Homo sapiens cDNA clone THYMU2037822 5', mRNA sequence [DB127798]
Homo sapiens zinc finger protein 438 (ZNF438), transcript variant 2, mRNA [NM_182755]
Homo sapiens MIR143 host gene (non-protein coding) (MIR143HG), non-coding RNA [NR_027180]
Homo sapiens rabaptin, RAB GTPase binding effector protein 1 (RABEP1), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens spectrin, beta, non-erythrocytic 5 (SPTBN5), mRNA [NM_016642]
zu08e10.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:731274 5', mRNA sequence [AA42
Homo sapiens neuropilin (NRP) and tolloid (TLL)-like 1 (NETO1), transcript variant 1, mRNA [NM_13
Homo sapiens centrosomal protein 55kDa (CEP55), transcript variant 1, mRNA [NM_018131]
Homo sapiens Sel1 repeat containing 1 (SELRC1), mRNA [NM_023077]
BT007174 kinesin family member 1B {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (5%) [THC26982
Homo sapiens ATPase, aminophospholipid transporter, class I, type 8B, member 3 (ATP8B3), transcr
Homo sapiens uncharacterized LOC91450 (LOC91450), non-coding RNA [NR_026998]
Homo sapiens RAN binding protein 10 (RANBP10), mRNA [NM_020850]
Homo sapiens family with sequence similarity 195, member A (FAM195A), mRNA [NM_138418]
Homo sapiens calmodulin 3 (phosphorylase kinase, delta) (CALM3), mRNA [NM_005184]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130219 (LOC100130219), miscRNA [XR_109115]
Homo sapiens cAMP responsive element binding protein 3-like 4 (CREB3L4), mRNA [NM_130898]
Homo sapiens signal peptide peptidase-like 2B (SPPL2B), transcript variant 2, mRNA [NM_152988]
Homo sapiens basic leucine zipper nuclear factor 1 (BLZF1), mRNA [NM_003666]
Homo sapiens CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 1 (CDC42EP1), mRNA [NM_152243]
Homo sapiens uridine-cytidine kinase 1 (UCK1), transcript variant 1, mRNA [NM_031432]
Homo sapiens signal-regulatory protein alpha (SIRPA), transcript variant 1, mRNA [NM_001040022]
Homo sapiens plexin A4 (PLXNA4), transcript variant 1, mRNA [NM_020911]
Homo sapiens family with sequence similarity 107, member B (FAM107B), mRNA [NM_031453]
Homo sapiens fibrillarin-like 1 (FBLL1), non-coding RNA [NR_024356]
Homo sapiens uncharacterized LOC440944 (LOC440944), non-coding RNA [NR_027007]
Homo sapiens HIG1 hypoxia inducible domain family, member 1A (HIGD1A), transcript variant 3, m
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004767), lincRNA [TCONS_00010294]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003601), lincRNA [TCONS_00008153]
Homo sapiens proline rich 19 (PRR19), mRNA [NM_199285]
Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 8 (SLC2A8), mRNA [N
Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 21 (CEACAM21), transcript
Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 8 (HAUS8), transcript variant 1, mRNA [NM_0334
Homo sapiens transmembrane protein 167B (TMEM167B), mRNA [NM_020141]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 45 (C5orf45), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens leukotriene A4 hydrolase (LTA4H), mRNA [NM_000895]
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 gamma (EEF1G), mRNA [NM_001404]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A2/B1 (HNRNPA2B1), transcript variant A2
Homo sapiens KCNE1-like (KCNE1L), mRNA [NM_012282]
Homo sapiens gamma-glutamylcyclotransferase (GGCT), transcript variant 1, mRNA [NM_024051]
Homo sapiens cysteinyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative) (CARS2), nuclear gene encodin
Q5VUR7_HUMAN (Q5VUR7) Ankyrin repeat domain 20A, partial (14%) [THC2716686]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 101 (C17orf101), transcript variant 1, mRNA [NI

Homo sapiens pirin (iron-binding nuclear protein) (PIR), transcript variant 1, mRNA [NM_003662]
Homo sapiens nestin (NES), mRNA [NM_006617]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 5B (ARL5B), mRNA [NM_178815]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_006833), lincRNA [TCONS_00014749]
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:E7EWK6] [ENST00000378337]
Homo sapiens zinc finger protein 493 (ZNF493), transcript variant 3, mRNA [NM_001076678]
Homo sapiens uncharacterized LOC348761 (LOC348761), non-coding RNA [NR_033879]
Homo sapiens cytochrome P450, family 2, subfamily F, polypeptide 1 (CYP2F1), mRNA [NM_000774]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-21 (SNORD114-21), small nucleolar RNA [NR_0032]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009630), lincRNA [TCONS_00020286]
Homo sapiens transmembrane protein 65 (TMEM65), mRNA [NM_194291]
Homo sapiens secernin 3 (SCRN3), transcript variant 1, mRNA [NM_024583]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 59A (SNORD59A), small nuclear RNA [NR_002737]
Homo sapiens imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding) (IPW), non-coding RNA [NR_]
Homo sapiens src kinase associated phosphoprotein 2 (SKAP2), mRNA [NM_003930]
Homo sapiens solute carrier family 15 (oligopeptide transporter), member 1 (SLC15A1), mRNA [NM_]
Homo sapiens centromere protein V pseudogene (LOC441495), non-coding RNA [NR_033773]

Homo sapiens FLT3-interacting zinc finger 1 (FIZ1), mRNA [NM_032836]
Homo sapiens transmembrane protein 43 (TMEM43), mRNA [NM_024334]
Homo sapiens ribosomal protein S5 (RPS5), mRNA [NM_001009]
Homo sapiens PDZ domain containing 8 (PDZD8), mRNA [NM_173791]
Homo sapiens signal transducer and activator of transcription 5A (STAT5A), mRNA [NM_003152]
Homo sapiens smg-5 homolog, nonsense mediated mRNA decay factor (C. elegans) (SMG5), mRNA [NR_]
Homo sapiens butyrophilin, subfamily 2, member A3, pseudogene (BTN2A3P), non-coding RNA [NR_]
Homo sapiens family with sequence similarity 136, member A (FAM136A), mRNA [NM_032822]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class L (PIGL), mRNA [NM_004278]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013728), lincRNA [TCONS_I2_00026389]
Homo sapiens cell division cycle associated 3 (CDCA3), mRNA [NM_031299]
Homo sapiens GPN-loop GTPase 1 (GPN1), transcript variant 1, mRNA [NM_007266]
Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor interacting protein-like 1 (ITPR1L1), transcript v
Homo sapiens lymphocyte-specific protein 1 (LSP1), transcript variant 3, mRNA [NM_001013254]
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 6 (BTBD6), mRNA [NM_033271]
Homo sapiens selenoprotein T (SELT), mRNA [NM_016275]
Homo sapiens collagen, type IX, alpha 3 (COL9A3), mRNA [NM_001853]

Homo sapiens glycoprotein Ib (platelet), beta polypeptide (GP1BB), mRNA [NM_000407]
Homo sapiens dermatan sulfate epimerase-like (DSEL), mRNA [NM_032160]
Homo sapiens synaptopodin 2 (SYNPO2), transcript variant 1, mRNA [NM_133477]
Homo sapiens thyrotropin-releasing hormone (TRH), mRNA [NM_007117]
Homo sapiens FIP1 like 1 (S. cerevisiae) (FIP1L1), transcript variant 1, mRNA [NM_030917]
Homo sapiens discoidin, CUB and LCCL domain containing 1 (DCBLD1), mRNA [NM_173674]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012847), lincRNA [TCONS_00026523]

FYVE, RhoGEF and PH domain containing 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:19125] [ENST00000395742]
Homo sapiens N-acyl ethanolamine acid amidase (NAAA), transcript variant 2, mRNA [NM_0010424]
Homo sapiens adenosine A3 receptor (ADORA3), transcript variant 1, mRNA [NM_020683]
Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor) (TFPI), t
Homo sapiens endothelial PAS domain protein 1 (EPAS1), mRNA [NM_001430]
Homo sapiens syntaxin 7 (STX7), mRNA [NM_003569]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002650), lincRNA [TCONS_00006023]
D80009 Start codon is not identified {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (12%) [THC2480]
Homo sapiens dual adaptor of phosphotyrosine and 3-phosphoinositides (DAPP1), mRNA [NM_014:
Homo sapiens blocked early in transport 1 homolog (*S. cerevisiae*) (BET1), mRNA [NM_005868]
Homo sapiens glutathione S-transferase mu 3 (brain) (GSTM3), transcript variant 1, mRNA [NM_00C
Homo sapiens aspartic peptidase, retroviral-like 1 (ASPRV1), mRNA [NM_152792]
Homo sapiens cDNA FLJ27410 fis, clone WMC04875. [AK130920]
Homo sapiens neurofibromin 1 (NF1), transcript variant 1, mRNA [NM_001042492]
homeobox containing 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:26137] [ENST00000397358]
Homo sapiens golgin A8 family, member B pseudogene (LOC653061), non-coding RNA [NR_038843]
Homo sapiens cDNA FLJ42833 fis, clone BRCAN2018935. [AK124823]
Homo sapiens cDNA FLJ45698 fis, clone FEBRA2017811. [AK127601]
Homo sapiens zinc finger protein 25 (ZNF25), mRNA [NM_145011]
Homo sapiens sorting nexin family member 27 (SNX27), mRNA [NM_030918]
Homo sapiens LSM1 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*) (LSM1), transcript va
Homo sapiens annexin A2 pseudogene 1 (ANXA2P1), non-coding RNA [NR_001562]
Homo sapiens CAP, adenylate cyclase-associated protein 1 (yeast) (CAP1), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens guanylate binding protein 4 (GBP4), mRNA [NM_052941]
Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 3, alpha-1,3- mannosyltransferase homolog (*S. cerevi*
Homo sapiens angiomin like 1 (AMOTL1), mRNA [NM_130847]
Homo sapiens plexin A4 (PLXNA4), transcript variant 3, mRNA [NM_001105543]
Homo sapiens mediator complex subunit 12-like (MED12L), mRNA [NM_053002]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012515), lincRNA [TCONS_00025695]
Homo sapiens transcription factor binding to IGHM enhancer 3 (TFE3), mRNA [NM_006521]
Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 7 (MS4A7), transcript variant
Homo sapiens integrin, beta 7 (ITGB7), mRNA [NM_000889]
Homo sapiens pyrroline-5-carboxylate reductase family, member 2 (PYCR2), mRNA [NM_013328]
Q9NRV3_HUMAN (Q9NRV3) TNF intracellular domain-interacting protein (CK2-interacting protein-1
AGENCOURT_7570869 NIH_MGC_68 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6058254 5', mRNA sequenc
D-dopachrome tautomerase [Source:HGNC Symbol;Acc:2732] [ENST00000444947]
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1-like 2 (EPB41L2), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens R3H domain and coiled-coil containing 1 (R3HCC1), mRNA [NM_001136108]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004346), lincRNA [TCONS_00009926]
Homo sapiens phosphoserine phosphatase (PSPH), mRNA [NM_004577]
Homo sapiens REX4, RNA exonuclease 4 homolog (*S. cerevisiae*) (REXO4), mRNA [NM_020385]
Homo sapiens peter pan homolog (*Drosophila*) (PPAN), mRNA [NM_020230]
Homo sapiens nemo-like kinase (NLK), mRNA [NM_016231]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014063), lincRNA [TCONS_00029279]

Homo sapiens leucine rich repeat containing 2 (LRRC2), mRNA [NM_024512]
Homo sapiens ribosome binding factor A (putative) (RBFA), nuclear gene encoding mitochondrial pr
Homo sapiens transmembrane protein 52 (TMEM52), mRNA [NM_178545]
Homo sapiens necdin homolog (mouse) (NDN), mRNA [NM_002487]
Homo sapiens exosome component 3 (EXOSC3), transcript variant 1, mRNA [NM_016042]
UI-E-EJ0-ahi-o-18-0-UI.r2 UI-E-EJ0 Homo sapiens cDNA clone UI-E-EJ0-ahi-o-18-0-UI 5', mRNA seque
Homo sapiens cDNA FLJ11783 fis, clone HEMBA1006005. [AK021845]
Homo sapiens isovaleryl-CoA dehydrogenase (IVD), nuclear gene encoding mitochondrial protein, tr
Homo sapiens chloride channel 2 (CLCN2), transcript variant 1, mRNA [NM_004366]
Homo sapiens adducin 2 (beta) (ADD2), transcript variant 4, mRNA [NM_017488]
Homo sapiens uncharacterized LOC348751 (FONG), non-coding RNA [NR_034096]
Homo sapiens AIG2-like domain 1 (A2LD1), transcript variant 2, mRNA [NM_001195087]
Homo sapiens dystonin (DST), transcript variant 1e, mRNA [NM_001723]
Homo sapiens four and a half LIM domains 2 (FHL2), transcript variant 5, mRNA [NM_001039492]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100510007 (LOC100510007), miscRNA [XR_110765]
Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor, mRNA (cDNA clone IMAGE:4849569), with
Homo sapiens PRKC, apoptosis, WT1, regulator (PAWR), mRNA [NM_002583]
ALU6_HUMAN (P39193) Alu subfamily SP sequence contamination warning entry, partial (29%) [TH
ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, Y-linked [Source:HGNC Symbol;Acc:12638] |
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 70 (C1orf70), mRNA [NM_001114748]
Homo sapiens TAO kinase 1 (TAOK1), transcript variant 1, mRNA [NM_020791]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase-like 1 (CDC2-related kinase) (CDKL1), mRNA [NM_004196]
Homo sapiens t-complex 11 (mouse)-like 2 (TCP11L2), mRNA [NM_152772]
Homo sapiens melanoma antigen family B, 6 (MAGEB6), mRNA [NM_173523]
Homo sapiens integrator complex subunit 9 (INTS9), transcript variant 1, mRNA [NM_018250]
Homo sapiens macrophage migration inhibitory factor (glycosylation-inhibiting factor) (MIF), mRNA
Homo sapiens nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding) (NASP), transcript variant 2, m
Homo sapiens taste receptor, type 2, member 9 (TAS2R9), mRNA [NM_023917]
Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 2 (HAUS2), transcript variant 1, mRNA [NM_0180
Homo sapiens chromatin assembly factor 1, subunit A (p150) (CHAF1A), mRNA [NM_005483]
Homo sapiens cyclin F (CCNF), mRNA [NM_001761]
Homo sapiens enhancer of mRNA decapping 4 (EDC4), mRNA [NM_014329]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family A member 7 (PLEKHA7), mRNA [NM_
Homo sapiens solute carrier family 35, member E1 (SLC35E1), mRNA [NM_024881]
Homo sapiens olfactory receptor, family 5, subfamily J, member 2 (OR5J2), mRNA [NM_001005492]
PREDICTED: Homo sapiens cytokine receptor CRL2 (LOC100287290), mRNA [XM_002342405]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007557), lincRNA [TCONS_00016151]
Homo sapiens CDC42 binding protein kinase beta (DMPK-like) (CDC42BPB), mRNA [NM_006035]
TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, B, 63kDa [Source:HGNC Symb
Homo sapiens vestigial like 4 (Drosophila) (VGLL4), transcript variant 2, mRNA [NM_014667]
Homo sapiens WD repeat domain 44 (WDR44), transcript variant 1, mRNA [NM_019045]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S28 (MRPS28), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens post-GPI attachment to proteins 1 (PGAP1), mRNA [NM_024989]

Homo sapiens MAM domain containing 4 (MAMDC4), mRNA [NM_206920]
Homo sapiens zinc finger protein 232 (ZNF232), mRNA [NM_014519]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 1 (SLC25A5), mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens endoplasmic reticulum protein 27 (ERP27), mRNA [NM_152321]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 84 (C2orf84), mRNA [NM_001040710]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013670), lincRNA [TCONS_00028327]
Homo sapiens toll-like receptor 7 (TLR7), mRNA [NM_016562]
Homo sapiens myomesin 1, 185kDa (MYOM1), transcript variant 1, mRNA [NM_003803]
Homo sapiens proteinase 3 (PRTN3), mRNA [NM_002777]
Homo sapiens ATG4 autophagy related 4 homolog A (S. cerevisiae) (ATG4A), transcript variant 1, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 10 (SRSF10), transcript variant 6, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens ribosome binding protein 1 homolog 180kDa (dog) (RRBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens zinc finger protein 717 (ZNF717), mRNA [NM_001128223]
Homo sapiens WW domain binding protein 2 (WBP2), mRNA [NM_012478]
Homo sapiens solute carrier family 5 (sodium/myo-inositol cotransporter), member 3 (SLC5A3), mRNA [NM_001005074]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507419 (LOC100507419), miscRNA [XR_132604]
Homo sapiens PBX/knotted 1 homeobox 1 (PKNOX1), mRNA [NM_004571]
Homo sapiens myosin IG (MYO1G), mRNA [NM_033054]
Homo sapiens zinc finger protein 626 (ZNF626), transcript variant 2, mRNA [NM_145297]
Homo sapiens RAB6B, member RAS oncogene family (RAB6B), mRNA [NM_016577]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-10 (SNORD114-10), small nucleolar RNA [NR_003203]
Homo sapiens defensin, alpha 3, neutrophil-specific (DEFA3), mRNA [NM_005217]
Homo sapiens family with sequence similarity 92, member B (FAM92B), mRNA [NM_198491]
Homo sapiens pyruvate dehydrogenase phosphatase regulatory subunit (PDPR), mRNA [NM_01799]
Homo sapiens CHK1 checkpoint homolog (S. pombe) (CHEK1), transcript variant 2, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens hairy/enhancer-of-split related with YRPW motif-like (HEYL), mRNA [NM_014571]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015201), lincRNA [TCONS_I2_00029313]
Homo sapiens STEAP family member 4 (STEAP4), transcript variant 2, mRNA [NM_001205315]
Homo sapiens tripartite motif containing 46 (TRIM46), mRNA [NM_025058]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1 (HLA-DQB1), transcript variant 2, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506548 (LOC100506548), non-coding RNA [NR_037665]
Homo sapiens gamma-aminobutyric acid (GABA) B receptor, 1 (GABBR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) containing 2 (KDELC2), mRNA [NM_153705]
Homo sapiens prickle homolog 2 (Drosophila) (PRICKLE2), mRNA [NM_198859]
Homo sapiens cell growth regulator with EF-hand domain 1 (CGREF1), transcript variant 4, mRNA [NM_001005074]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005020), lincRNA [TCONS_I2_00009251]
Homo sapiens sideroflexin 5 (SFXN5), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_145297]
Homo sapiens peroxisomal biogenesis factor 3 (PEX3), mRNA [NM_003630]
Homo sapiens phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1B (PPAPDC1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens cDNA FLJ40480 fis, clone TESTI2043313. [AK097799]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group D2 (FANCD2), transcript variant 2, mRNA [NM_001005074]
Homo sapiens POU class 5 homeobox 1 (POU5F1), transcript variant 1, mRNA [NM_002701]
Homo sapiens achalasia, adrenocortical insufficiency, alacrimia (AAAS), transcript variant 1, mRNA [NM_001005074]

Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp547J222 (from clone DKFZp547J222). [AL512720]
DB570154 RIKEN full-length enriched human cDNA library, hypothalamus Homo sapiens cDNA clone
AGENCOURT_10373542 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6622929 5', mRNA sequen
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 21 (KCTD21), mRNA [NM_001
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3 (HNRNPA3), mRNA [NM_194247]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013350), lincRNA [TCONS_00027368]
Homo sapiens killer cell lectin-like receptor subfamily B, member 1 (KLRB1), mRNA [NM_002258]
Homo sapiens leucine-rich repeats and transmembrane domains 1 (LRTM1), mRNA [NM_020678]
Homo sapiens armadillo repeat containing 3 (ARMC3), mRNA [NM_173081]
Homo sapiens hairy and enhancer of split 4 (Drosophila) (HES4), transcript variant 2, mRNA [NM_02
extended synaptotagmin-like protein 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:24295] [ENST00000460133]
Homo sapiens syntaxin 2 (STX2), transcript variant 1, mRNA [NM_001980]
Homo sapiens family with sequence similarity 185, member A (FAM185A), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens zinc finger protein 839 pseudogene (LOC389906), non-coding RNA [NR_034031]
Homo sapiens centrosomal protein 68kDa (CEP68), mRNA [NM_015147]
Homo sapiens defects in morphology 1 homolog (S. cerevisiae) (DEM1), mRNA [NM_022774]

Homo sapiens SET binding protein 1 (SETBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_015559]
BX094246 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998N201862, mRNA sequence [BX0
Homo sapiens adenosylhomocysteinase-like 2 (AHCYL2), transcript variant 1, mRNA [NM_015328]
Homo sapiens myeloproliferative leukemia virus oncogene (MPL), mRNA [NM_005373]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 4A (SAMD4A), transcript variant 1, mRNA [NM_0
Homo sapiens selectin P ligand (SELPLG), transcript variant 2, mRNA [NM_003006]
Homo sapiens kinesin family member 21B (KIF21B), transcript variant 2, mRNA [NM_017596]

Homo sapiens mucin 1, cell surface associated (MUC1), transcript variant 7, mRNA [NM_001044392]
Homo sapiens transmembrane protein 41B (TMEM41B), transcript variant 2, mRNA [NM_00116503]
Homo sapiens interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1B (IFIT1B), mRNA [NM_00

DB335107 SYNOV4 Homo sapiens cDNA clone SYNOV4009599 3', mRNA sequence [DB335107]
Homo sapiens TNF receptor-associated factor 5 (TRAF5), transcript variant 1, mRNA [NM_004619]
Homo sapiens kelch-like 23 (Drosophila) (KLHL23), mRNA [NM_144711]
DIS3 mitotic control homolog (S. cerevisiae)-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:28648] [ENST0000040

Homo sapiens uncharacterized locus MGC21881 (MGC21881), non-coding RNA [NR_015363]
Homo sapiens aldehyde oxidase 2 pseudogene (AOX2P), non-coding RNA [NR_001557]
Homo sapiens advanced glycosylation end product-specific receptor (AGER), transcript variant 8, ml
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507153 (LOC100507153), miscRNA [XR_110384]
Homo sapiens yippee-like 5 (Drosophila) (YPEL5), transcript variant 1, mRNA [NM_001127401]
PREDICTED: Homo sapiens kinesin-like protein family member 6-like (LOC100130097), mRNA [XM_0
Homo sapiens thyroid hormone receptor interactor 11 (TRIP11), mRNA [NM_004239]
Homo sapiens DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 like 2 (DDX11L2), transcript varian

BROAD Institute lincRNA (XLOC_013900), lincRNA [TCONS_00028827]

Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 18 (TNFRSF18), transcript variant 1, mRNA [NM_001173517]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005739), lincRNA [TCONS_00012742]
Homo sapiens family with sequence similarity 73, member B (FAM73B), mRNA [NM_032809]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 16 (C9orf16), mRNA [NM_024112]
Homo sapiens LYR motif containing 1 (LYRM1), transcript variant 1, mRNA [NM_020424]
Homo sapiens PDZ and LIM domain 1 (PDLIM1), mRNA [NM_020992]
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 14 (HSD17B14), mRNA [NM_016246]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S6 (MRPS6), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens SID1 transmembrane family, member 1 (SIDT1), mRNA [NM_017699]
Homo sapiens glutaminyl-tRNA synthetase (QARS), mRNA [NM_005051]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 18A (ANKRD18A), mRNA [NM_147195]
Homo sapiens cDNA FLJ42222 fis, clone THYMU2039411. [AK124216]

Homo sapiens MAP7 domain containing 3 (MAP7D3), transcript variant 3, mRNA [NM_001173517]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003734), lincRNA [TCONS_00008904]
Homo sapiens spermatogenesis associated 13 (SPATA13), transcript variant 1, mRNA [NM_0011662]
Homo sapiens myosin regulatory light chain interacting protein (MYLIP), mRNA [NM_013262]
ALU5_HUMAN (P39192) Alu subfamily SC sequence contamination warning entry, partial (9%) [THC
Homo sapiens coiled-coil domain containing 101 (CCDC101), mRNA [NM_138414]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2C binding protein (UBE2CBP), mRNA [NM_198920]
Q2M2B7_HUMAN (Q2M2B7) Sestrin 1, partial (68%) [THC2527965]
Homo sapiens zinc finger protein 816 (ZNF816), transcript variant 1, mRNA [NM_001031665]
Homo sapiens phospholipase A2, group IVA (cytosolic, calcium-dependent) (PLA2G4A), mRNA [NM_001173517]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401264 (FLJ37798), miscRNA [XR_108662]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002603), lincRNA [TCONS_I2_00004945]
Homo sapiens MAP6 domain containing 1 (MAP6D1), mRNA [NM_024871]
Homo sapiens interleukin 18 receptor accessory protein (IL18RAP), mRNA [NM_003853]
Homo sapiens lymphocyte-specific protein 1 pseudogene (LOC645166), transcript variant 2, non-coding RNA
Homo sapiens CDKN1A interacting zinc finger protein 1 (CIZ1), transcript variant 2, mRNA [NM_001173517]
Homo sapiens arylformamidase (AFMID), transcript variant 1, mRNA [NM_001145526]
C1D nuclear receptor corepressor pseudogene 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:31661] [ENST00000412
Homo sapiens LIMS3-LOC440895 readthrough (LIMS3-LOC440895), non-coding RNA [NR_027145]
Homo sapiens killer cell lectin-like receptor subfamily G, member 2 (KLRG2), mRNA [NM_198508]
Homo sapiens growth arrest-specific 2 like 3 (GAS2L3), mRNA [NM_174942]
Q8WXS3_HUMAN (Q8WXS3) BAALC 1-5-6-8, partial (10%) [THC2670949]

Homo sapiens v-kit Hardy-Zuckerman 4 feline sarcoma viral oncogene homolog (KIT), transcript variant 1, mRNA [NM_001173517]
Homo sapiens methyltransferase like 21A (METTL21A), transcript variant 2, mRNA [NM_001127395]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003052), lincRNA [TCONS_00007119]
Homo sapiens acetyl-CoA carboxylase beta (ACACB), mRNA [NM_001093]
Homo sapiens TAF4b RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 105kDa
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 4 (FAM73B), mRNA [NM_032809]
Homo sapiens dynamin 3 (DNM3), transcript variant 2, mRNA [NM_001136127]
Homo sapiens uncharacterized LOC285768 (LOC285768), non-coding RNA [NR_027115]

Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 26 (C15orf26), mRNA [NM_173528]
Homo sapiens calmodulin regulated spectrin-associated protein 1 (CAMSAP1), mRNA [NM_015447]
Homo sapiens Kell blood group, metallo-endopeptidase (KEL), mRNA [NM_000420]
Homo sapiens myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-related) (MCL1), nuclear gene encoding mitc
Homo sapiens regulatory associated protein of MTOR, complex 1 (RPTOR), transcript variant 1, mRN
FABPE_HUMAN (Q01469) Fatty acid-binding protein, epidermal (E-FABP) (Psoriasis-associated fatty
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 66 (C17orf66), mRNA [NM_152781]
Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 6 (non-specific cross reacti
Homo sapiens transmembrane and tetratricopeptide repeat containing 4 (TMTC4), transcript varian
Homo sapiens uncharacterized LOC283683 (LOC283683), non-coding RNA [NR_040057]
Homo sapiens CREB regulated transcription coactivator 1 (CRTC1), transcript variant 3, mRNA [NM_
Homo sapiens kelch-like 6 (Drosophila) (KLHL6), mRNA [NM_130446]
Homo sapiens receptor (chemosensory) transporter protein 1 (RTP1), mRNA [NM_153708]
Homo sapiens SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2 (SRGAP2), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens WDFY family member 4 (WDFY4), mRNA [NM_020945]
Homo sapiens solute carrier family 35 (UDP-galactose transporter), member A2 (SLC35A2), transcrip
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010018), lincRNA [TCONS_00020720]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 114 (CCDC114), transcript variant 2, mRNA [NM_14457
Homo sapiens nuclear factor I/B (NFIB), transcript variant 3, mRNA [NM_005596]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 99 (CCDC99), mRNA [NM_017785]
Homo sapiens poly(A) binding protein interacting protein 2B (PAIP2B), mRNA [NM_020459]
Homo sapiens HECT, C2 and WW domain containing E3 ubiquitin protein ligase 2 (HECW2), mRNA [I
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 48 (C12orf48), mRNA [NM_017915]
Homo sapiens zinc finger protein 443 (ZNF443), mRNA [NM_005815]
NM_105511 ATP binding {Arabidopsis thaliana} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (4%) [THC2716204]
Homo sapiens prostaglandin I2 (prostacyclin) synthase (PTGIS), mRNA [NM_000961]
Homo sapiens tRNA isopentenyltransferase 1 (TRIT1), mRNA [NM_017646]
Homo sapiens KIAA0146 (KIAA0146), mRNA [NM_001080394]
Homo sapiens PAS domain containing serine/threonine kinase (PASK), transcript variant 2, mRNA [N
Homo sapiens family with sequence similarity 200, member B (FAM200B), mRNA [NM_001145191]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008615), lincRNA [TCONS_00018335]
Homo sapiens uncharacterized LOC100129827 (LOC100129827), non-coding RNA [NR_034094]
Homo sapiens lipoyl(octanoyl) transferase 2 (putative) (LIPT2), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript vari
Homo sapiens integrin, alpha 4 (antigen CD49D, alpha 4 subunit of VLA-4 receptor) (ITGA4), mRNA [I
Homo sapiens nucleolar complex associated 2 homolog (S. cerevisiae) (NOC2L), mRNA [NM_015658]
Homo sapiens lipoic acid synthetase (LIAS), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript
Homo sapiens tyrosine kinase, non-receptor, 1 (TNK1), transcript variant 1, mRNA [NM_001251902]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004257), lincRNA [TCONS_00009845]
IQ motif containing D [Source:HGNC Symbol;Acc:25168] [ENST00000392574]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012150), lincRNA [TCONS_I2_00023029]
Homo sapiens solute carrier family 38, member 7 (SLC38A7), mRNA [NM_018231]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 8 (ZDHHC8), transcript variant 2, mRNA [NM_0133

Homo sapiens COBW domain containing 5 (CBWD5), mRNA [NM_001024916]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004277), lincRNA [TCONS_00009863]
Homo sapiens myosin ID (MYO1D), mRNA [NM_015194]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 9 (SNORD9), small nucleolar RNA [NR_003029]
Homo sapiens IMP (inosine 5'-monophosphate) dehydrogenase 2 (IMPDH2), mRNA [NM_000884]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC644794 (LOC644794), miscRNA [XR_133450]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 89 (C17orf89), mRNA [NM_001086521]
Homo sapiens histone cluster 1, H1c (HIST1H1C), mRNA [NM_005319]
Homo sapiens zinc finger protein 780B (ZNF780B), mRNA [NM_001005851]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC283887 (LOC283887), miscRNA [XR_132607]
Homo sapiens lemur tyrosine kinase 3 (LMTK3), mRNA [NM_001080434]
Homo sapiens nucleoporin 85kDa (NUP85), mRNA [NM_024844]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009884), lincRNA [TCONS_I2_00018853]
Homo sapiens cancer/testis antigen family 45, member A1 (CT45A1), mRNA [NM_001017417]
Homo sapiens glycosyltransferase 25 domain containing 1 (GLT25D1), mRNA [NM_024656]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 163 (C6orf163), mRNA [NM_001010868]
Homo sapiens WD repeat domain 6 (WDR6), mRNA [NM_018031]
Homo sapiens methyltransferase like 16 (METTL16), mRNA [NM_024086]
Homo sapiens myotrophin (MTPN), mRNA [NM_145808]
Rho GTPase activating protein 21 [Source:HGNC Symbol;Acc:23725] [ENST00000535396]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal accessory protein 1 (ATP6AP1), mRNA [NM_0011
Homo sapiens early growth response 1 (EGR1), mRNA [NM_001964]
Homo sapiens non-SMC condensin I complex, subunit D2 (NCAPD2), mRNA [NM_014865]
BX101379 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998O054519, mRNA sequence |
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 43 (SNORD43), small nuclear RNA [NR_002439]
Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 22 (IGSF22), mRNA [NM_173588]
Homo sapiens globoside alpha-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GBGT1), mRNA [NM_0219
Homo sapiens CSE1 chromosome segregation 1-like (yeast) (CSE1L), mRNA [NM_001316]
Homo sapiens PAK1 interacting protein 1 (PAK1IP1), mRNA [NM_017906]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 42 (C5orf42), mRNA [NM_023073]
Homo sapiens hippocampus abundant transcript-like 1 (HIATL1), mRNA [NM_032558]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 50 (GPR50), mRNA [NM_004224]
Homo sapiens DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 (DDX11), transcript variant 3, mRNA
Homo sapiens FSHD region gene 1 pseudogene (LOC100132352), non-coding RNA [NR_034006]
Homo sapiens cytohesin 1 interacting protein (CYTIP), mRNA [NM_004288]
Homo sapiens anoctamin 2 (ANO2), mRNA [NM_020373]
Homo sapiens leukocyte receptor tyrosine kinase (LTK), transcript variant 1, mRNA [NM_002344]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A5, pseudogene (ANKRD20A5P), non-codi
Homo sapiens polymerase (RNA) I polypeptide B, 128kDa (POLR1B), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens SWAP switching B-cell complex 70kDa subunit (SWAP70), mRNA [NM_015055]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 61 (CCDC61), mRNA [NM_001080402]
Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 6A (zeta 1) (CCT6A), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens tripartite motif containing 65 (TRIM65), mRNA [NM_173547]
wn53g02.x1 NCI_CGAP_Lu19 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2449202 3', mRNA sequence [AI924

Homo sapiens Rho GTPase activating protein 33 (ARHGAP33), transcript variant 1, mRNA [NM_052955]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide G (32kD)-like (POLR3GL), mRNA [NM_001161]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005613), lincRNA [TCONS_00011455]
Homo sapiens NCK adaptor protein 2 (NCK2), transcript variant 3, mRNA [NM_001004722]
Homo sapiens family with sequence similarity 108, member B1 (FAM108B1), transcript variant 2, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens glutathione S-transferase theta 1 (GSTT1), mRNA [NM_000853]

cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 opposite strand [Source:HGNC Symbol;Acc:CF155_HUMAN (Q9H8W2) Protein C6orf155, partial (62%) [THC2677844]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100289388 (LOC100289388), miscRNA [XR_110894]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 14 (CCDC14), mRNA [NM_022757]
Homo sapiens cDNA FLJ31684 fis, clone NT2RI2005358. [AK056246]
Homo sapiens phosphatidylserine synthase 2 (PTDSS2), mRNA [NM_030783]
Homo sapiens neuroblastoma breakpoint family, member 3 (NBPF3), mRNA [NM_032264]
Homo sapiens cancer/testis antigen family 47, member A11 (CT47A11), mRNA [NM_173571]
Homo sapiens Meis homeobox 1 (MEIS1), mRNA [NM_002398]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 25 (ARHGAP25), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens ArfGAP with RhoGAP domain, ankyrin repeat and PH domain 3 (ARAP3), mRNA [NM_001161]
Homo sapiens phosphatidylinositol-specific phospholipase C, X domain containing 3 (PLCXD3), mRNA [NM_001161]
Homo sapiens Fc fragment of IgA, receptor for (FCAR), transcript variant 1, mRNA [NM_002000]
Homo sapiens cannabinoid receptor 2 (macrophage) (CNR2), mRNA [NM_001841]
Homo sapiens GDP dissociation inhibitor 2 (GDI2), transcript variant 1, mRNA [NM_001494]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 13 (APO-1/CD95 (Fas)-associated phosphatase 2) [Source:HGNC Symbol;Acc:9465] [ENST00000489404]
Homo sapiens uncharacterized LOC731275 (LOC731275), non-coding RNA [NR_029401]
Homo sapiens deoxyribonuclease II, lysosomal (DNASE2), mRNA [NM_001375]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 16 (ZBTB16), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens CD274 molecule (CD274), mRNA [NM_014143]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010415), lincRNA [TCONS_I2_00020244]
Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 6 (IFI6), transcript variant 3, mRNA [NM_022873]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013194), lincRNA [TCONS_00027153]
EST23723 human nasopharynx Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [CD707196]
Homo sapiens tenascin XB (TNXB), transcript variant XB, mRNA [NM_019105]
Homo sapiens mitochondrial translational release factor 1-like (MTRF1L), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 6 (RGS6), transcript variant 10, mRNA [NM_0012044]
Homo sapiens UDP-glucose pyrophosphorylase 2 (UGP2), transcript variant 1, mRNA [NM_006759]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 4 (CDK4), mRNA [NM_000075]
Q15694_HUMAN (Q15694) Protein immuno-reactive with anti-PTH polyclonal antibodies (Fragment of PTHrP) [PM100000000]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 202 (LINC00202), non-coding RNA [NR_026700]
Homo sapiens angiopoietin-like 7 (ANGPTL7), mRNA [NM_021146]

Homo sapiens choline dehydrogenase (CHDH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001161]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004701), lincRNA [TCONS_00010241]
Homo sapiens lipocalin 15 (LCN15), mRNA [NM_203347]

Homo sapiens diacylglycerol kinase, iota (DGKI), mRNA [NM_004717]
Homo sapiens myeloma overexpressed (in a subset of t(11;14) positive multiple myelomas) (MYEON)
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 12 (SNORA12), small nucleolar RNA [NR_002954]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505875 (LOC100505875), non-coding RNA [NR_038342]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 3 (MLL3), mRNA [NM_170606]
Homo sapiens POC1 centriolar protein homolog A (Chlamydomonas) (POC1A), transcript variant 1, r
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100129516 (LOC100129516), mRNA [XM_0031:
Homo sapiens RAB26, member RAS oncogene family (RAB26), mRNA [NM_014353]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_000354), lincRNA [TCONS_I2_00002129]
Homo sapiens aquaporin 10 (AQP10), mRNA [NM_080429]
Homo sapiens Rh blood group, D antigen (RHD), transcript variant 1, mRNA [NM_016124]
Homo sapiens BMP2 inducible kinase (BMP2K), transcript variant 2, mRNA [NM_017593]
Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_0
Homo sapiens zinc finger protein 138 (ZNF138), transcript variant 1, mRNA [NM_006524]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC388780 (LOC388780), miscRNA [XR_109642]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652913 (LOC100652913), miscRNA [XR_132564]
StAR-related lipid transfer (START) domain containing 13 [Source:HGNC Symbol;Acc:19164] [ENST0
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506948 (LOC100506948), miscRNA [XR_110299]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 125 (C6orf125), mRNA [NM_032340]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 10A (TBC1D10A), transcript variant 2, mRNA [NM_031:

Homo sapiens phospholipase C, beta 4 (PLCB4), transcript variant 2, mRNA [NM_182797]
Homo sapiens IKAROS family zinc finger 2 (Helios) (IKZF2), transcript variant 2, mRNA [NM_0010795
PREDICTED: Homo sapiens e3 ubiquitin-protein ligase HERC2-like (LOC100652752), miscRNA [XR_13
Homo sapiens G protein-coupled receptor 155 (GPR155), transcript variant 9, mRNA [NM_0010330
Homo sapiens fucosidase, alpha-L- 1, tissue (FUCA1), mRNA [NM_000147]
Homo sapiens uncharacterized LOC149837 (LOC149837), non-coding RNA [NR_015406]
Homo sapiens secretory blood group 1 (SEC1), non-coding RNA [NR_004401]
Homo sapiens kaptin (actin binding protein) (KPTN), mRNA [NM_007059]
Homo sapiens ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 1 (ABTB1), transcript variant 1, mRN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012421), lincRNA [TCONS_00025592]
Q817G6_BACCR (Q817G6) Integral membrane protein, partial (8%) [THC2646314]
Homo sapiens nuclear factor I/A (NFIA), transcript variant 2, mRNA [NM_005595]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008720), lincRNA [TCONS_00018425]

Homo sapiens cDNA FLJ31707 fis, clone NT2RI2006257. [AK056269]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003400), lincRNA [TCONS_I2_00006290]

Homo sapiens selectin P ligand (SELPLG), transcript variant 1, mRNA [NM_001206609]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 pseudogene 2 (HERC2P2), non-coding RNA [NR_002824]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 114 (C1orf114), mRNA [NM_021179]
Q6P3E1_RAT (Q6P3E1) Rps16 protein (Fragment), complete [THC2507957]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010297), lincRNA [TCONS_00021528]

Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_01
Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 17 (FBXL17), mRNA [NM_001163315]
Homo sapiens kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 2 (KBTBD2), mRNA [NM_015483]
Homo sapiens TIMP metalloproteinase inhibitor 1 (TIMP1), mRNA [NM_003254]
Homo sapiens elastin microfibril interfacer 1 (EMILIN1), mRNA [NM_007046]
Homo sapiens nestin (NES), mRNA [NM_006617]
Homo sapiens Holliday junction recognition protein (HJURP), mRNA [NM_018410]
Homo sapiens tubulin tyrosine ligase (TTL), mRNA [NM_153712]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008995), lincRNA [TCONS_00018070]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, E (PTPRE), transcript variant 1, mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009869), lincRNA [TCONS_00021206]
Homo sapiens zinc finger protein 91 homolog (mouse) (ZFP91), transcript variant 1, mRNA [NM_053
AK220401 mKIAA1543 protein {Mus musculus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (3%) [THC2764081]
centromere protein M [Source:HGNC Symbol;Acc:18352] [ENST00000402420]
Homo sapiens SEC24 family, member A (S. cerevisiae) (SEC24A), transcript variant 1, mRNA [NM_02
Homo sapiens X-linked Kx blood group (McLeod syndrome) (XK), mRNA [NM_021083]
major histocompatibility complex, class I, B [Source:HGNC Symbol;Acc:4932] [ENST00000466304]
Homo sapiens tandem C2 domains, nuclear (TC2N), transcript variant 1, mRNA [NM_152332]
Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 4 (TTLL4), mRNA [NM_014640]
Homo sapiens alpha-actinin-like mRNA, partial sequence. [DQ272581]
Homo sapiens nuclear receptor coactivator 3 (NCOA3), transcript variant 1, mRNA [NM_181659]
Homo sapiens transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 (TPTE2), trar
Homo sapiens KIAA1671 (KIAA1671), mRNA [NM_001145206]
Homo sapiens coenzyme Q3 homolog, methyltransferase (S. cerevisiae) (COQ3), mRNA [NM_01742
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 14 (MAPK14), transcript variant 3, mRNA [NM_139
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 46 (C4orf46), mRNA [NM_001008393]

Homo sapiens pterin-4 alpha-carbinolamine dehydratase/dimerization cofactor of hepatocyte nucle
Homo sapiens excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation grou
Homo sapiens uncharacterized LOC100505648 (LOC100505648), non-coding RNA [NR_040058]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 97 (C6orf97), mRNA [NM_025059]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 6 (granulocyte chemotactic protein 2) (CXCL6), mRNA

Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4A1 (EIF4A1), transcript variant 1, mRNA [NM_
ik35e10.y5 HR85 islet Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5783130 5' similar to SW:TCPZ_HUMAN P4
Homo sapiens ras homolog gene family, member C (RHOC), transcript variant 1, mRNA [NM_17574
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004861), lincRNA [TCONS_00009689]
Homo sapiens oxidized low density lipoprotein (lectin-like) receptor 1 (OLR1), transcript variant 1, n
Homo sapiens RNA binding motif protein 15B (RBM15B), mRNA [NM_013286]
Homo sapiens elaC homolog 2 (E. coli) (ELAC2), transcript variant 1, mRNA [NM_018127]
Homo sapiens protease, serine, 23 (PRSS23), mRNA [NM_007173]
Homo sapiens Alstrom syndrome 1 (ALMS1), mRNA [NM_015120]
Homo sapiens histone deacetylase 11 (HDAC11), transcript variant 1, mRNA [NM_024827]
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 26 (C3orf26), transcript variant 1, mRNA [NM_03

Homo sapiens BRCA1-associated ATM activator 1 (BRAT1), mRNA [NM_152743]
Homo sapiens zinc finger protein 642 (ZNF642), mRNA [NM_198494]
Homo sapiens GLI pathogenesis-related 1 like 2 (GLIPR1L2), mRNA [NM_152436]
Homo sapiens acyl-CoA thioesterase 4 pseudogene (LOC644189), non-coding RNA [NR_033748]
Homo sapiens H3 histone, family 3A (H3F3A), mRNA [NM_002107]
Homo sapiens thioredoxin domain containing 2 (spermatzoa) (TXNDC2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211]
Homo sapiens transporter 1, ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP) (TAP1), mRNA [NM_001161211]
Homo sapiens recombination activating gene 1 (RAG1), mRNA [NM_000448]
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex, subunit C, integral membrane protein, 15kDa (SDH3), mRNA [NM_001161211]
Homo sapiens cDNA FLJ33684 fis, clone BRAWH2002630, highly similar to Human hepatocellular carcinoma ribonuclease T2 [Source:HGNC Symbol;Acc:21686] [ENST00000358165]
Homo sapiens dynein, axonemal, heavy chain 17 (DNAH17), mRNA [NM_173628]
Homo sapiens diacylglycerol kinase, delta 130kDa (DGKD), transcript variant 2, mRNA [NM_152879]
Homo sapiens carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 12 (CHST12), transcript variant 3, mRNA [NM_152879]
Homo sapiens family with sequence similarity 63, member B (FAM63B), transcript variant 1, mRNA [NM_152879]
Homo sapiens ubiquitin carboxyl-terminal esterase L3 (ubiquitin thiolesterase) (UCHL3), mRNA [NM_152879]
Homo sapiens spermine synthase (SMS), mRNA [NM_004595]
Homo sapiens ring finger protein 208, mRNA (cDNA clone MGC:21544 IMAGE:4151712), complete cDNA [NM_001161211]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 167 (C14orf167), transcript variant 1, non-coding RNA [NM_001161211]
Homo sapiens aftiphilin (AFTPH), transcript variant 1, mRNA [NM_203437]
Homo sapiens tensin 3 (TNS3), mRNA [NM_022748]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007789), lincRNA [TCONS_00016423]
Homo sapiens tropomyosin 3 (TPM3), transcript variant 3, mRNA [NM_001043352]
Homo sapiens SH3-binding domain protein 5-like (SH3BP5L), mRNA [NM_030645]
Q86TS6_HUMAN (Q86TS6) Full-length cDNA 5-PRIME end of clone CS0CAP004YO05 of Thymus of Human [NM_001161211]
Homo sapiens Indian hedgehog (IHH), mRNA [NM_002181]
Homo sapiens polymerase (DNA-directed), delta interacting protein 3 (POLDIP3), transcript variant 1, mRNA [NM_001161211]
Homo sapiens milk fat globule-EGF factor 8 protein (MFGE8), transcript variant 1, mRNA [NM_005911]
Homo sapiens POM121 and ZP3 fusion (POMZP3), transcript variant 2, mRNA [NM_152992]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006839), lincRNA [TCONS_00014755]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010341), lincRNA [TCONS_00021749]
Homo sapiens phosphatidylinositol transfer protein, cytoplasmic 1 (PITPNC1), transcript variant 2, mRNA [NM_001161211]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010908), lincRNA [TCONS_00023036]
MACRO domain containing 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:16126] [ENST00000462552]
Homo sapiens tRNA-histidine guanylyltransferase 1-like (S. cerevisiae) (THG1L), mRNA [NM_017872]
Homo sapiens growth arrest-specific 6 (GAS6), transcript variant 1, mRNA [NM_000820]
Homo sapiens DAZ interacting protein 3, zinc finger (DZIP3), mRNA [NM_014648]
Homo sapiens splicing factor 3b, subunit 3, 130kDa (SF3B3), mRNA [NM_012426]
Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein-like (MALL), mRNA [NM_005434]
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon 1 (EEF1E1), transcript variant 2, mRNA [NM_001161211]
Homo sapiens zinc finger protein 331 (ZNF331), transcript variant 1, mRNA [NM_018555]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652805 (LOC100652805), miscRNA [XR_132684]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507242 (LOC100507242), miscRNA [XR_110250]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 49 (SNORA49), small nucleolar RNA [NR_002979]
Homo sapiens golgin A8 family, member E (GOLGA8E), non-coding RNA [NR_033350]
Homo sapiens methylcrotonoyl-CoA carboxylase 2 (beta) (MCCC2), nuclear gene encoding mitochondrion
Homo sapiens uncharacterized LOC100505687 (LOC100505687), transcript variant 1, non-coding RNA

Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog F (avian) (MAFF), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens cDNA FLJ43972 fis, clone TESTI4017961. [AK125960]
Homo sapiens pogo transposable element with ZNF domain (POGZ), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens vasoactive intestinal peptide receptor 2 (VIPR2), mRNA [NM_003382]
Homo sapiens migration and invasion inhibitory protein (MIIP), mRNA [NM_021933]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506930 (LOC100506930), transcript variant 2, non-coding RNA
Homo sapiens nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, zeta (NF- κ B1-3), mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 2 (EIF4G2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens Kruppel-like factor 7 (ubiquitous) (KLF7), mRNA [NM_003709]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC729732 (LOC729732), miscRNA [XR_133475]
Homo sapiens heat shock 105kDa/110kDa protein 1 (HSPH1), mRNA [NM_006644]
Homo sapiens ribosomal protein L22 (RPL22), mRNA [NM_000983]
mitogen-activated protein kinase kinase kinase 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:6860] [ENST000003753]
Homo sapiens V-set and immunoglobulin domain containing 4 (VSIG4), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens ubiquitously transcribed tetratricopeptide repeat gene, Y-linked (UTY), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens isopentenyl-diphosphate delta isomerase 1 (IDI1), mRNA [NM_004508]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013031), lincRNA [TCONS_I2_00024809]
Homo sapiens HIG1 hypoxia inducible domain family, member 1A (HIGD1A), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 9 (SAMD9), transcript variant 1, mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens family with sequence similarity 83, member F (FAM83F), mRNA [NM_138435]
Homo sapiens RAB, member of RAS oncogene family-like 2B, mRNA (cDNA clone IMAGE:3902486), mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens catenin, beta like 1 (CTNBL1), mRNA [NM_030877]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit M (EIF3M), mRNA [NM_006360]

Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 22 (SCARNA22), guide RNA [NR_003004]
Homo sapiens villin-like (VILL), mRNA [NM_015873]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012162), lincRNA [TCONS_00025888]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505824 (LOC100505824), miscRNA [XR_110827]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013786), lincRNA [TCONS_00028434]
Homo sapiens tumor suppressor candidate 5 (TUSC5), mRNA [NM_172367]
Homo sapiens serine incorporator 3 (SERINC3), transcript variant 2, mRNA [NM_198941]
Homo sapiens ELK3, ETS-domain protein (SRF accessory protein 2) (ELK3), mRNA [NM_005230]
Homo sapiens hydrogen voltage-gated channel 1 (HVCN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001040]
chromosome 1 open reading frame 194 [Source:HGNC Symbol;Acc:32331] [ENST00000369942]
Homo sapiens solute carrier family 11 (proton-coupled divalent metal ion transporters), member 1 (SLC11A1), mRNA [NM_001161201]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 5 (C12orf5), mRNA [NM_020375]
Homo sapiens zinc finger protein 512 (ZNF512), mRNA [NM_032434]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009136), lincRNA [TCONS_I2_00017422]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014694), lincRNA [TCONS_I2_00028603]
Homo sapiens obscurin-like 1 (OBSL1), transcript variant 3, mRNA [NM_001173408]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002024), lincRNA [TCONS_00004183]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132077 (LOC100132077), non-coding RNA [NR_033937]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 2-like (LOC100133:
Homo sapiens receptor accessory protein 2 (REEP2), mRNA [NM_016606]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002726), lincRNA [TCONS_00006124]
Homo sapiens helicase (DNA) B (HELB), mRNA [NM_033647]
Homo sapiens twinfilin, actin-binding protein, homolog 1 (Drosophila) (TWF1), transcript variant 2, l
Homo sapiens bone morphogenetic protein 6 (BMP6), mRNA [NM_001718]
Homo sapiens carboxypeptidase A3 (mast cell) (CPA3), mRNA [NM_001870]
MUSEFTU elongation factor Tu {Mus musculus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (38%) [THC2546906]
BC044925 TLK2 protein {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (27%) [THC2567760]
Homo sapiens plexin domain containing 2 (PLXDC2), mRNA [NM_032812]
Homo sapiens mitofusin 2 (MFN2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant
Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 2 (XRCC2), mRN
Homo sapiens phosphatase, orphan 1 (PHOSPHO1), transcript variant 1, mRNA [NM_001143804]
Homo sapiens nucleoporin 62kDa (NUP62), transcript variant 1, mRNA [NM_153719]
Homo sapiens KIAA1539 (KIAA1539), mRNA [NM_025182]
Homo sapiens zinc finger protein 444 (ZNF444), mRNA [NM_018337]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507042, transcript variant 2 (LOC100507042), miscF
Homo sapiens cysteine-rich protein 3 (CRIP3), mRNA [NM_206922]
Homo sapiens upregulator of cell proliferation (URGCP), nuclear gene encoding mitochondrial prote
ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, epsilon subunit [Source:HGNC Symbol;Ac
Homo sapiens alcohol dehydrogenase 5 (class III), chi polypeptide (ADH5), mRNA [NM_000671]
Homo sapiens papillary renal cell carcinoma (translocation-associated) (PRCC), mRNA [NM_005973]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000236), lincRNA [TCONS_00000219]
Homo sapiens WDFY family member 4 (WDFY4), mRNA [NM_020945]
Homo sapiens Leber congenital amaurosis 5 (LCA5), transcript variant 1, mRNA [NM_181714]
Homo sapiens transmembrane emp24 protein transport domain containing 8 (TMED8), mRNA [NM_
family with sequence similarity 53, member C [Source:HGNC Symbol;Acc:1336] [ENST00000506710]
Homo sapiens adenomatous polyposis coli down-regulated 1 (APCDD1), mRNA [NM_153000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007348), lincRNA [TCONS_00016575]
chromosome 12 open reading frame 28 [Source:HGNC Symbol;Acc:26316] [ENST00000299350]
Homo sapiens non-metastatic cells 7, protein expressed in (nucleoside-diphosphate kinase) (NME7)
Homo sapiens aspartoacylase (aminocyclase) 3 (ACY3), mRNA [NM_080658]
Homo sapiens glucuronidase, beta pseudogene 5 (GUSBP5), non-coding RNA [NR_003675]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase G (cyclophilin G) (PPIG), mRNA [NM_004792]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 34 (SNORA34), small nucleolar RNA [NR_002968]
Homo sapiens pyrroline-5-carboxylate reductase 1 (PYCR1), transcript variant 2, mRNA [NM_15382:
Homo sapiens solute carrier family 19 (folate transporter), member 1 (SLC19A1), transcript variant :
BX350880 Homo sapiens NEUROBLASTOMA COT 25-NORMALIZED Homo sapiens cDNA clone CS0DC
Homo sapiens zinc fingers and homeoboxes 3 (ZHX3), mRNA [NM_015035]
Homo sapiens cytochrome P450, family 4, subfamily F, polypeptide 3 (CYP4F3), transcript variant 1,

Homo sapiens NOP56 ribonucleoprotein homolog (yeast) (NOP56), transcript variant 1, mRNA [NM_001244038]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507047 (LOC100507047), miscRNA [XR_109234]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009911), lincRNA [TCONS_00021223]

Homo sapiens zinc finger protein 726 (ZNF726), mRNA [NM_001244038]
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 91 (C10orf91), mRNA [NM_173541]
Homo sapiens uncharacterized LOC648691 (LOC648691), non-coding RNA [NR_027426]
Homo sapiens SET domain containing 4 (SETD4), transcript variant 2, mRNA [NM_001007259]
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 125 (C10orf125), transcript variant 2, mRNA [NM_001007259]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003166), lincRNA [TCONS_00005789]
Homo sapiens splicing factor 3a, subunit 3, 60kDa (SF3A3), mRNA [NM_006802]
Homo sapiens ring finger protein 150 (RNF150), mRNA [NM_020724]
Homo sapiens zinc finger protein 300 (ZNF300), transcript variant 2, mRNA [NM_052860]
Homo sapiens transcription factor 15 (basic helix-loop-helix) (TCF15), mRNA [NM_004609]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100130503 (LOC100130503), mRNA [XM_001700000]
Homo sapiens adenosine deaminase (ADA), mRNA [NM_000022]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132356 (LOC100132356), non-coding RNA [NR_034127]
Homo sapiens ribosomal protein S23 (RPS23), mRNA [NM_001025]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 18 family, member A1 (ALDH18A1), nuclear gene encoding
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003285), lincRNA [TCONS_00005848]

Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 1 (HAUS1), transcript variant 1, mRNA [NM_138400]
Homo sapiens breast cancer 1, early onset (BRCA1), transcript variant 2, mRNA [NM_007300]
DBF4 homolog B (S. cerevisiae) [Source:HGNC Symbol;Acc:17883] [ENST00000439818]
Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide H (POLR2H), mRNA [NM_006232]
BC016138 CXorf17 protein {Homo sapiens} (exp=0; wgp=1; cg=0), partial (14%) [THC2641422]
Homo sapiens catenin, beta interacting protein 1 (CTNNBIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_020724]
Homo sapiens thromboxane A2 receptor (TBXA2R), transcript variant b, mRNA [NM_201636]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015700), lincRNA [TCONS_I2_00030798]
Homo sapiens urotensin 2 (UTS2), transcript variant 1, mRNA [NM_021995]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002125), lincRNA [TCONS_00003303]
Homo sapiens tropomodulin 3 (ubiquitous) (TMOD3), mRNA [NM_014547]
Homo sapiens voltage-dependent anion channel 3 (VDAC3), transcript variant 1, mRNA [NM_00566]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1 (ALDH3B1), transcript variant 1, mRNA [NM_001007259]
Homo sapiens glycerol-3-phosphate dehydrogenase 2 (mitochondrial) (GPD2), nuclear gene encoding
Homo sapiens family with sequence similarity 113, member B (FAM113B), mRNA [NM_138371]
Homo sapiens striatin, calmodulin binding protein 4 (STRN4), transcript variant 2, mRNA [NM_001007259]
Homo sapiens FXYD domain containing ion transport regulator 2 (FXYD2), transcript variant a, mRNA [NM_001007259]
Homo sapiens 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase homolog (Arabidopsis)(non-functional)
Homo sapiens junctional adhesion molecule 3 (JAM3), transcript variant 1, mRNA [NM_032801]
Homo sapiens cDNA FLJ35409 fis, clone SKNSH2009435. [AK092728]
Homo sapiens SERTA domain containing 3 (SERTAD3), transcript variant 2, mRNA [NM_203344]
Homo sapiens FGFR1 oncogene partner 2 (FGFR1OP2), transcript variant 1, mRNA [NM_015633]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001035), lincRNA [TCONS_00002485]

DA190327 BRAMY3 Homo sapiens cDNA clone BRAMY3012695 5', mRNA sequence [DA190327]
Homo sapiens neighbor of BRCA1 gene 2 (non-protein coding) (NBR2), non-coding RNA [NR_003108]
Homo sapiens PQ loop repeat containing 1 (PQLC1), transcript variant 1, mRNA [NM_025078]
Homo sapiens uncharacterized LOC440900 (LOC440900), non-coding RNA [NR_034128]
Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 3 (IGSF3), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005413), lincRNA [TCONS_00011912]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 95 (C16orf95), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]

Homo sapiens thymidine kinase 1, soluble (TK1), mRNA [NM_003258]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002033), lincRNA [TCONS_I2_00004216]
Homo sapiens interferon induced transmembrane protein 3 (IFITM3), mRNA [NM_021034]
Homo sapiens myosin VC (MYO5C), mRNA [NM_018728]
Homo sapiens sulfotransferase family, cytosolic, 1C, member 3 (SULT1C3), mRNA [NM_001008743]
tripeptidyl peptidase II [Source:HGNC Symbol;Acc:12016] [ENST00000490010]
Homo sapiens nardilysin (N-arginine dibasic convertase) (NRD1), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 62A (SNORD62A), small nucleolar RNA [NR_002914]
Homo sapiens selenium binding protein 1 (SELENBP1), mRNA [NM_003944]
Homo sapiens transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507642 (LOC100507642), miscRNA [XR_108720]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 74 (C17orf74), mRNA [NM_175734]
chromosome 4 open reading frame 21 [Source:HGNC Symbol;Acc:25654] [ENST00000264370]
Homo sapiens imprinted in Prader-Willi syndrome (non-protein coding) (IPW), non-coding RNA [NR_001000000]
Homo sapiens late cornified envelope 1A (LCE1A), mRNA [NM_178348]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506035 (LOC100506035), non-coding RNA [NR_038826]

Homo sapiens AT hook containing transcription factor 1 (AHCTF1), mRNA [NM_015446]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 27 (C20orf27), mRNA [NM_001039140]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507630 (LOC100507630), miscRNA [XR_132706]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002471), lincRNA [TCONS_00004561]
Homo sapiens tectonin beta-propeller repeat containing 2 (TECPR2), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens neutrophil cytosolic factor 4, 40kDa (NCF4), transcript variant 1, mRNA [NM_000631]
PREDICTED: Homo sapiens maFF-interacting protein-like (LOC100653193), mRNA [XM_003403833]
Homo sapiens nuclear factor I/X (CCAAT-binding transcription factor) (NFIX), mRNA [NM_002501]
Homo sapiens family with sequence similarity 66, member E (FAM66E), non-coding RNA [NR_02742]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507316, transcript variant 2 (LOC100507316), miscRNA [XR_108720]
Q8N7V6_HUMAN (Q8N7V6) CDNA FLJ40292 fis, partial (10%) [THC2564839]
Homo sapiens cell division cycle associated 2 (CDCA2), mRNA [NM_152562]
Homo sapiens phosphoribosylglycinamide formyltransferase, phosphoribosylglycinamide synthetase
Homo sapiens protocadherin alpha 5 (PCDHA5), transcript variant 2, mRNA [NM_031501]
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 21 (NUDT21), mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 44 (C7orf44), mRNA [NM_018224]
Homo sapiens F-box protein 44 (FBXO44), transcript variant 4, mRNA [NM_001014765]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC729732 (LOC729732), miscRNA [XR_132886]
Homo sapiens NDC80 homolog, kinetochore complex component (*S. cerevisiae*) (NDC80), mRNA [NM_001000000]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_010635), lincRNA [TCONS_00022036]
Homo sapiens IQ motif containing GTPase activating protein 2 (IQGAP2), mRNA [NM_006633]
Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphor
Homo sapiens neurobeachin-like 2 (NBEAL2), mRNA [NM_015175]
Homo sapiens PDZ and LIM domain 7 (enigma) (PDLIM7), transcript variant 1, mRNA [NM_005451]
Homo sapiens ADP-ribosylarginine hydrolase (ADPRH), mRNA [NM_001125]
Homo sapiens SAM domain, SH3 domain and nuclear localization signals 1 (SAMS1), mRNA [NM_0
Homo sapiens interaction protein for cytohesin exchange factors 1 (IPCEF1), transcript variant 1, mF
Homo sapiens cytidine monophospho-N-acetylneuraminic acid hydroxylase, pseudogene (CMAHP),
Homo sapiens TruB pseudouridine (psi) synthase homolog 2 (E. coli) (TRUB2), mRNA [NM_015679]
Homo sapiens NUF2, NDC80 kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae) (NUF2), tran
Homo sapiens uncharacterized LOC285972 (LOC285972), non-coding RNA [NR_034033]
Homo sapiens claudin 4 (CLDN4), mRNA [NM_001305]
Homo sapiens D-dopachrome tautomerase-like (DDTL), mRNA [NM_001084393]
Homo sapiens DEP domain containing 5 (DEPDC5), transcript variant 2, mRNA [NM_001007188]
Homo sapiens EMI domain containing 1 (EMID1), mRNA [NM_133455]
Homo sapiens tetraspanin 3 (TSPAN3), transcript variant 1, mRNA [NM_005724]
Homo sapiens polymerase (DNA-directed), epsilon 4 (p12 subunit) (POLE4), mRNA [NM_019896]
Homo sapiens HtrA serine peptidase 3 (HTRA3), mRNA [NM_053044]
Homo sapiens parvin, gamma (PARVG), transcript variant 4, non-coding RNA [NR_024426]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 3 (non-protein coding) (SNHG3), transcript variant 1, r
Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase I (CAMK1), mRNA [NM_003656]
Homo sapiens leucine-rich repeats and calponin homology (CH) domain containing 4 (LRCH4), mRN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002033), lincRNA [TCONS_I2_00003643]
Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 12 (ZSCAN12), transcript variant 2, non-codi
Homo sapiens cDNA FLJ45515 fis, clone BRTHA2022914. [AK127423]
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 26 (C4orf26), transcript variant 2, mRNA [NM_17
Homo sapiens WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pse
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006101), lincRNA [TCONS_I2_00011289]
Homo sapiens WD repeat domain 59 (WDR59), mRNA [NM_030581]
Homo sapiens EPB41L4A antisense RNA 1 (non-protein coding) (EPB41L4A-AS1), non-coding RNA [N
Homo sapiens zinc finger protein 287 (ZNF287), mRNA [NM_020653]
Homo sapiens tubulin, delta 1 (TUBD1), transcript variant 1, mRNA [NM_016261]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 3 (ABCF3), mRNA [NM_018358]
Homo sapiens UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 1 (B4GALT1), mRN
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 2 (HSPA2), mRNA [NM_021979]
Homo sapiens cell division cycle 7 homolog (S. cerevisiae) (CDC7), transcript variant 1, mRNA [NM_
K-EST0169216 L10ChoCK0 Homo sapiens cDNA clone L10ChoCK0-27-D04 5', mRNA sequence [CB12
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L37 (MRPL37), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens coiled-coil domain containing 165 (CCDC165), mRNA [NM_015210]
Homo sapiens MSTP152 (MST152) mRNA, complete cds. [AF190155]
Homo sapiens dpy-19-like 3 (C. elegans) (DPY19L3), transcript variant 1, mRNA [NM_207325]
Homo sapiens lin-9 homolog (C. elegans) (LIN9), mRNA [NM_173083]
Homo sapiens solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 5 (SLC4A5), trans

Homo sapiens MCM3AP antisense RNA 1 (non-protein coding) (MCM3AP-AS1), antisense RNA [NR_000000]

Homo sapiens lipase maturation factor 2 (LMF2), mRNA [NM_033200]

Homo sapiens uncharacterized protein MGC12916 (MGC12916), non-coding RNA [NR_026880]

Homo sapiens small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kDa (SNAPC1), mRNA [NM_000000]

Homo sapiens ribosomal protein L17 (RPL17), transcript variant 1, mRNA [NM_000985]

Q3PLJ1_NITHA (Q3PLJ1) Heat shock protein Hsp20, partial (9%) [THC2607315]

Homo sapiens far upstream element (FUSE) binding protein 1 (FUBP1), mRNA [NM_003902]

zinc finger protein 511 [Source:HGNC Symbol;Acc:28445] [ENST00000359035]

Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 28 (TTC28), mRNA [NM_001145418]

Homo sapiens neuroblastoma breakpoint family, member 10 (NBPF10), mRNA [NM_001039703]

Homo sapiens spermine synthase (SMS), mRNA [NM_004595]

Homo sapiens spindle and kinetochore associated complex subunit 1 (SKA1), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]

Homo sapiens glutaryl-CoA dehydrogenase (GCDH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_000000]

Homo sapiens prostaglandin E synthase 3 (cytosolic) (PTGES3), mRNA [NM_006601]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 100 (SNORD100), small nucleolar RNA [NR_002435]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008370), lincRNA [TCONS_00018102]

Homo sapiens mutS homolog 3 (E. coli) (MSH3), mRNA [NM_002439]

Homo sapiens glutaminase (GLS), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_014900]

Homo sapiens inositol monophosphatase domain containing 1 (IMPAD1), mRNA [NM_017813]

Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 82 (C10orf82), mRNA [NM_144661]

Homo sapiens death associated protein-like 1 (DAPL1), mRNA [NM_001017920]

Homo sapiens solute carrier family 39 (metal ion transporter), member 11 (SLC39A11), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]

Homo sapiens chloride intracellular channel 4 (CLIC4), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_000000]

Homo sapiens uncharacterized LOC400238 (LOC400238), non-coding RNA [NR_033986]

Homo sapiens methyltransferase like 15 (METTL15), transcript variant 2, mRNA [NM_152636]

Homo sapiens keratin 73 (KRT73), mRNA [NM_175068]

iduronate 2-sulfatase [Source:HGNC Symbol;Acc:5389] [ENST00000428056]

Homo sapiens 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 1 (lysophosphatidic acid acyltransferase 1) (LIPASE1), mRNA [NM_000000]

Homo sapiens collagen, type IV, alpha 3 (Goodpasture antigen) binding protein (COL4A3BP), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_011096), lincRNA [TCONS_00022824]

Homo sapiens vacuolar protein sorting 37 homolog B (S. cerevisiae) (VPS37B), mRNA [NM_024667]

Homo sapiens phosphorylase kinase, beta (PHKB), transcript variant 2, mRNA [NM_001031835]

Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 12 (MAPK12), mRNA [NM_002969]

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 9 (ABCB9), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]

Homo sapiens trophinin (TRO), transcript variant 3, mRNA [NM_016157]

Homo sapiens activating signal cointegrator 1 complex subunit 3 (ASCC3), transcript variant 2, mRNA [NM_000000]

Homo sapiens heat shock 105kDa/110kDa protein 1 (HSPH1), mRNA [NM_006644]

PREDICTED: Homo sapiens 60S ribosomal protein L23a-like (LOC100287195), miscRNA [XR_132905]

Homo sapiens inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase gamma (IKBKGG), mRNA [NM_000000]

Homo sapiens signal peptide peptidase-like 3 (SPPL3), mRNA [NM_139015]

Homo sapiens cDNA FLJ45776 fis, clone NETRP2004090. [AK127678]

Q4T080_TETNG (Q4T080) Chromosome undetermined SCAF11300, whole genome shotgun sequence, mRNA [NM_000000]

Homo sapiens ribosomal protein L5 (RPL5), mRNA [NM_000969]

Homo sapiens cyclin Pas1/PHO80 domain containing 1 (CNPPD1), mRNA [NM_015680]
interleukin 4 receptor [Source:HGNC Symbol;Acc:6015] [ENST00000380922]
synapse defective 1, Rho GTPase, homolog 2 (C. elegans) [Source:HGNC Symbol;Acc:25841] [ENST00000380922]
Homo sapiens dystroglycan 1 (dystrophin-associated glycoprotein 1) (DAG1), transcript variant 2, mRNA [NM_015680]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505601 (LOC100505601), miscRNA [XR_109024]
Homo sapiens glucosidase, alpha; neutral C (GANC), mRNA [NM_198141]
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 11 (PARP11), mRNA [NM_020367]

Homo sapiens piggyBac transposable element derived 4 (PGBD4), mRNA [NM_152595]
Homo sapiens mannosidase, alpha, class 1C, member 1 (MAN1C1), mRNA [NM_020379]
Homo sapiens transcription elongation factor A (SII)-like 7 (TCEAL7), mRNA [NM_152278]
LAGE3_HUMAN (Q14657) L antigen family member 3 (ITBA2 protein) (ESO-3 protein), partial (10%)
Homo sapiens N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase-like 1 (NAALADL1), mRNA [NM_005468]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 338 (LINC00338), non-coding RNA [NR_027000]
Homo sapiens clathrin interactor 1 (CLINT1), transcript variant 2, mRNA [NM_014666]
Homo sapiens CDC42 binding protein kinase alpha (DMPK-like) (CDC42BPA), transcript variant B, mRNA [NM_015680]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 4 (DUSP4), transcript variant 1, mRNA [NM_001394]
Homo sapiens protease, serine, 36 (PRSS36), mRNA [NM_173502]
Homo sapiens uncharacterized LOC100130691 (LOC100130691), non-coding RNA [NR_026966]
Homo sapiens solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, y+L system), member 6 (SLC7A6), mRNA [NM_015680]
Homo sapiens DSN1, MIND kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae) (DSN1), transcript variant 1, mRNA [NM_015680]
Homo sapiens methylcrotonoyl-CoA carboxylase 1 (alpha) (MCCC1), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens zinc finger protein 33A (ZNF33A), transcript variant 1, mRNA [NM_006954]
Homo sapiens calpain 1, (mu/I) large subunit (CAPN1), transcript variant 2, mRNA [NM_005186]
Homo sapiens Src homology 2 domain containing E (SHE), mRNA [NM_001010846]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586B0319 (from clone DKFZp586B0319) [AL050097]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010588), lincRNA [TCONS_00021986]
Homo sapiens uncharacterized locus LOC678655 (LOC678655), non-coding RNA [NR_015382]
Homo sapiens complement component 3a receptor 1 (C3AR1), mRNA [NM_004054]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506377 (LOC100506377), miscRNA [XR_108458]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor guanine nucleotide-exchange factor 1 (brefeldin A-inhibited)
Homo sapiens calsequestrin 1 (fast-twitch, skeletal muscle) (CASQ1), nuclear gene encoding mitochondria
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015950), lincRNA [TCONS_I2_00030943]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 32 (ANKRD32), mRNA [NM_032290]
Homo sapiens kelch-like 3 (Drosophila) (KLHL3), mRNA [NM_017415]
PREDICTED: Homo sapiens protease, serine, 43 (PRSS43), mRNA [XM_002342351]
Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member D (CLEC4D), mRNA [NM_080387]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L21 (MRPL21), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens transcription factor B2, mitochondrial (TFB2M), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens cleavage and polyadenylation specific factor 7, 59kDa (CPSF7), transcript variant 1, mRNA [NM_015680]
Homo sapiens fascin homolog 1, actin-bundling protein (Strongylocentrotus purpuratus) (FSCN1), mRNA [NM_015680]
Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1, methenyltetrahydrofolate
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 5, 15kDa (NADH-coenzyme Q reductase)
Homo sapiens transmembrane protein 191A (TMEM191A), non-coding RNA [NR_026815]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001771), lincRNA [TCONS_I2_00003294]
PREDICTED: Homo sapiens UDP-GalNAc:beta-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1-like (LOC100:
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5201079. [BC028204]
Homo sapiens ring finger protein 208 (RNF208), mRNA [NM_031297]
Homo sapiens ethanolamine kinase 1 (ETNK1), transcript variant 2, mRNA [NM_001039481]

Homo sapiens synaptosomal-associated protein, 25kDa (SNAP25), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens ankyrin repeat domain 7 (ANKRD7), mRNA [NM_019644]
Homo sapiens solute carrier family 5 (sodium-dependent vitamin transporter), member 6 (SLC5A6),
Homo sapiens ELOVL fatty acid elongase 6 (ELOVL6), transcript variant 1, mRNA [NM_024090]
Homo sapiens nucleoporin 62kDa (NUP62), transcript variant 2, mRNA [NM_016553]
Homo sapiens microtubule-associated protein tau (MAPT), transcript variant 6, mRNA [NM_001123]
Homo sapiens tripartite motif containing 63 (TRIM63), mRNA [NM_032588]
Homo sapiens metastasis suppressor 1 (MTSS1), mRNA [NM_014751]
Homo sapiens mRNA for Drebrin-like protein variant protein. [AB209486]
Homo sapiens TRAF3 interacting protein 3 (TRAF3IP3), mRNA [NM_025228]
Homo sapiens ras homolog gene family, member Q (RHOQ), mRNA [NM_012249]
Homo sapiens forkhead box P1 (FOXP1), transcript variant 3, mRNA [NM_001244808]
Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALA'
Homo sapiens olfactory receptor, family 2, subfamily T, member 12 (OR2T12), mRNA [NM_0010046
603051348F1 NIH_MGC_116 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5191547 5', mRNA sequence [BI765
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010083), lincRNA [TCONS_I2_00020054]
Homo sapiens von Willebrand factor A domain containing 5A (VWA5A), transcript variant 2, mRNA [
Homo sapiens FGFR1 oncogene partner (FGFR1OP), transcript variant 1, mRNA [NM_007045]
Homo sapiens carbohydrate (N-acetylgalactosamine 4-O) sulfotransferase 14 (CHST14), mRNA [NM_
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 1B (KDM1B), mRNA [NM_153042]
Homo sapiens protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1G (PPM1G), mRNA [NM_177983]
Homo sapiens caspase 10, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP10), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 29 (C19orf29), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens fibroblast growth factor 7 pseudogene (KGFLP1), non-coding RNA [NR_003674]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3463076. [BC012881]
Homo sapiens Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1 (WHSC1), transcript variant 1, mRNA [NM_13
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:E5RH32] [ENST00000523862]
DA654953 MESAN2 Homo sapiens cDNA clone MESAN2010254 5', mRNA sequence [DA654953]
Homo sapiens lipolysis stimulated lipoprotein receptor (LSR), transcript variant 2, mRNA [NM_2058
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2A, 65kDa (EIF2A), mRNA [NM_032025]
Homo sapiens poly(A) binding protein, cytoplasmic 1-like (PABPC1L), mRNA [NM_001124756]
Homo sapiens N-acetylneuraminic acid synthase (NANS), mRNA [NM_018946]
Homo sapiens proline and serine rich 1 (PROSER1), transcript variant 1, mRNA [NM_025138]

Homo sapiens Ewing sarcoma breakpoint region 1 (EWSR1), transcript variant 5, mRNA [NM_00116
Homo sapiens plasmalemma vesicle associated protein (PLVAP), mRNA [NM_031310]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase domain 10 (ADAM10), mRNA [NM_001110]
Homo sapiens neurofascin (NFASC), transcript variant 1, mRNA [NM_001005388]

Homo sapiens adhesion molecule with Ig-like domain 2 (AMIGO2), transcript variant 2, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens AT rich interactive domain 1B (SWI1-like) (ARID1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens kinesin family member 2C (KIF2C), mRNA [NM_006845]

Homo sapiens ankyrin repeat and FYVE domain containing 1 (ANKFY1), transcript variant 2, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens syndecan 1 (SDC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 21 (ZSCAN21), mRNA [NM_145914]

Homo sapiens programmed cell death 7 (PDCD7), mRNA [NM_005707]

Homo sapiens RAD54 homolog B (S. cerevisiae) (RAD54B), transcript variant 1, mRNA [NM_012415]

Homo sapiens melanoma antigen family D, 2 (MAGED2), transcript variant 3, mRNA [NM_201222]

Homo sapiens cDNA FLJ30558 fis, clone BRAWH2004044. [AK055120]

17000600026802 GRN_PREHEP Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [CN388809]

chromosome 1 open reading frame 132 [Source:HGNC Symbol;Acc:32018] [ENST00000415882]

Homo sapiens phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, beta (PIP5K1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,6-N-acetyl-glucosaminyltransferase (MGA1), mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 20 homolog (yeast)-like (TOMM20L), mRNA [NM_001006946]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100131283, transcript variant 2 (LOC100131283), miscFeature [NM_001006946]

Homo sapiens glycerol kinase 3 pseudogene (GK3P), non-coding RNA [NR_026575]

Homo sapiens peroxisome proliferator-activated receptor gamma (PPARG), transcript variant 3, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens uncharacterized locus LOC441204 (LOC441204), non-coding RNA [NR_015364]

Homo sapiens FSHD region gene 1 pseudogene (LOC283788), non-coding RNA [NR_027436]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_l2_007928), lincRNA [TCONS_l2_00014464]

Homo sapiens opioid growth factor receptor-like 1 (OGFRL1), mRNA [NM_024576]

Homo sapiens paraneoplastic antigen MA1 (PNMA1), mRNA [NM_006029]

Homo sapiens dystrotelin (DVTN), mRNA [NM_001093730]

Homo sapiens phosphofructokinase, liver (PFKL), transcript variant 2, mRNA [NM_002626]

Homo sapiens transformer 2 beta homolog (Drosophila) (TRA2B), transcript variant 2, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens ORAI calcium release-activated calcium modulator 3 (ORAI3), mRNA [NM_152288]

Homo sapiens proline-rich transmembrane protein 3 (PRRT3), mRNA [NM_207351]

Homo sapiens lymphocyte antigen 86 (LY86), mRNA [NM_004271]

Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 226 (C6orf226), mRNA [NM_001008739]

Homo sapiens hepatocyte growth factor (hepatopoietin A; scatter factor) (HGF), transcript variant 5, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens crystallin, zeta (quinone reductase) (CRYZ), transcript variant 1, mRNA [NM_0011300]

Homo sapiens transmembrane protein 237 (TMEM237), transcript variant 1, mRNA [NM_00104438]

Homo sapiens non-SMC condensin II complex, subunit G2 (NCAPG2), mRNA [NM_017760]

Homo sapiens biogenesis of lysosomal organelles complex-1, subunit 1 (BLOC1S1), transcript variant 1, mRNA [NM_001006946]

Homo sapiens PRKR interacting protein 1 (IL11 inducible) (PRKRIP1), mRNA [NM_024653]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L11 (MRPL11), nuclear gene encoding mitochondria [NM_001006946]

Homo sapiens MORN repeat containing 4, mRNA (cDNA clone IMAGE:4690584), complete cds. [BC020428]

Q4KVU0_9GOBI (Q4KVU0) NADH dehydrogenase subunit 1, partial (5%) [THC2611835]

Homo sapiens poly(A) binding protein interacting protein 2 (PAIP2), transcript variant 1, mRNA [NM_001006946]

Q3AUE7_CHLCH (Q3AUE7) Glucosamine-fructose-6-phosphate aminotransferase, isomerising, partial [NM_001006946]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_003836), lincRNA [TCONS_00008384]
Homo sapiens StAR-related lipid transfer (START) domain containing 8 (STARD8), transcript variant 1, mRNA [NM_0152721]
Homo sapiens docking protein 6 (DOK6), mRNA [NM_152721]
Homo sapiens nucleophosmin/nucleoplasmin 2 (NPM2), mRNA [NM_182795]
Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 7 pseudogene 1 (SLC9A9P1), non-coding RNA [ENST00000281616]
Homo sapiens phosphatidylinositol 4-kinase, catalytic, alpha pseudogene 2 (PI4KAP2), non-coding RNA [ENST00000281616]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier, brain), member 14 (SLC25A14), nuclear gene encoding mitochondria, mRNA [NM_0152721]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 112 (C1orf112), mRNA [NM_018186]
Homo sapiens chloride channel 5 (CLCN5), transcript variant 1, mRNA [NM_001127899]
Homo sapiens mannosidase, alpha, class 2B, member 2 (MAN2B2), mRNA [NM_015274]
Homo sapiens RAP1 GTPase activating protein 2 (RAP1GAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 8 (C18orf8), mRNA [NM_013326]
Homo sapiens blocked early in transport 1 homolog (*S. cerevisiae*)-like (BET1L), transcript variant 2, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 97 (GPR97), mRNA [NM_170776]
Homo sapiens phosphatidylinositol transfer protein, membrane-associated 2 (PITPNM2), mRNA [NM_015274]
Homo sapiens fibronectin type III domain containing 4 (FNDC4), mRNA [NM_022823]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S24 (MRPS24), nuclear gene encoding mitochondria, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens syntaxin 11 (STX11), mRNA [NM_003764]
Homo sapiens Tax1 (human T-cell leukemia virus type I) binding protein 3 (TAX1BP3), transcript variant 1, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member A (FAM86A), transcript variant 1, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens homeobox containing 1 (HMBOX1), transcript variant 1, mRNA [NM_024567]
Homo sapiens cathepsin W (CTSW), mRNA [NM_001335]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006680), lincRNA [TCONS_00014570]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 14 (ADAMTS14), transcript variant 1, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, subunit C homolog (bacterial) (GATC), transcript variant 1, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens phospholipase A2, group VI (cytosolic, calcium-independent) (PLA2G6), transcript variant 1, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens centromere protein N (CENPN), transcript variant 3, mRNA [NM_018455]
Homo sapiens family with sequence similarity 117, member B [Source:HGNC Symbol;Acc:14440] [ENST00000481616]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 48 (C6orf48), transcript variant 2, mRNA [NM_001127899]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DP beta 1 (HLA-DPB1), mRNA [NM_002122]
Homo sapiens solute carrier family 35, member E2 (SLC35E2), transcript variant 1, mRNA [NM_182823]
Homo sapiens IL1RA_MACFA (Q866R8) Interleukin-1 receptor antagonist protein precursor (IL-1ra) (IRAP) (IL1 inh), mRNA [NM_015274]
Homo sapiens sodium channel, voltage-gated, type II, alpha subunit (SCN2A), transcript variant 1, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens glycophorin A (MNS blood group) (GYPA), mRNA [NM_002099]
non-protein coding RNA 337 [Source:HGNC Symbol;Acc:28620] [ENST00000429480]
Homo sapiens uncharacterized LOC284454 (LOC284454), non-coding RNA [NR_036515]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002206), lincRNA [TCONS_00004332]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507278 (LOC100507278), miscRNA [XR_133505]
Homo sapiens paired immunoglobulin-like type 2 receptor alpha (PILRA), transcript variant 3, mRNA [NM_015274]
Homo sapiens gasdermin A (GSDMA), mRNA [NM_178171]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007062), lincRNA [TCONS_00014981]
Homo sapiens zinc finger protein 2 (ZNF2), transcript variant 1, mRNA [NM_021088]
Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 27-like 1 (IFI27L1), transcript variant 2, mRNA [NM_015274]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010271), lincRNA [TCONS_00021009]

Homo sapiens Ras protein-specific guanine nucleotide-releasing factor 2 (RASGRF2), mRNA [NM_000000000]

Homo sapiens abl-interactor 2 (ABI2), mRNA [NM_005759]

Homo sapiens ubiquitin interaction motif containing 1 (UIMC1), transcript variant 2, mRNA [NM_000000000]

WD repeat domain 33 [Source:HGNC Symbol;Acc:25651] [ENST00000408998]

Homo sapiens E1A binding protein p400 (EP400), mRNA [NM_015409]

Homo sapiens family with sequence similarity 185, member A (FAM185A), transcript variant 1, mRNA [NM_000000000]

Homo sapiens microtubule-associated protein 7 (MAP7), transcript variant 4, mRNA [NM_003980]

Homo sapiens zinc finger protein 625 (ZNF625), transcript variant 1, mRNA [NM_145233]

Homo sapiens Janus kinase and microtubule interacting protein 3 (JAKMIP3), mRNA [NM_00110552]

transformer 2 beta homolog (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:10781] [ENST00000342294]

Homo sapiens lymphoblastic leukemia derived sequence 1 (LYL1), mRNA [NM_005583]

Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 26 (ZBTB26), mRNA [NM_020924]

EMP3_HUMAN (P54852) Epithelial membrane protein 3 (EMP-3) (YMP protein) (Hematopoietic neuropilin-1 binding protein)

Homo sapiens troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), transcript variant 1, mRNA [NM_003283]

Homo sapiens RNA binding motif protein 14 (RBM14), transcript variant 1, mRNA [NM_006328]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008263), lincRNA [TCONS_00017107]

Homo sapiens WSC domain containing 2 (WSCD2), mRNA [NM_014653]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 3B-1 (SNORD3B-1), small nucleolar RNA [NR_003271]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_010996), lincRNA [TCONS_00023094]

Homo sapiens keratin associated protein 4-11 (KRTAP4-11), mRNA [NM_033059]

Homo sapiens mitochondrial carrier triple repeat 1 (MCART1), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_000000000]

Homo sapiens monoamine oxidase B (MAOB), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_000000000]

Homo sapiens arrestin domain containing 3 (ARRDC3), mRNA [NM_020801]

Homo sapiens LYR motif containing 4 (LYRM4), transcript variant 1, mRNA [NM_020408]

Homo sapiens zinc finger protein 91 pseudogene (LOC441666), non-coding RNA [NR_024380]

iduronate 2-sulfatase [Source:HGNC Symbol;Acc:5389] [ENST00000428056]

Homo sapiens histone deacetylase 2 (HDAC2), transcript variant 1, mRNA [NM_001527]

Homo sapiens collagen, type XV, alpha 1 (COL15A1), mRNA [NM_001855]

Homo sapiens zinc finger, MYM-type 1 (ZMYM1), mRNA [NM_024772]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506691 (LOC100506691), miscRNA [XR_109143]

Homo sapiens THO complex 3 (THOC3), mRNA [NM_032361]

Homo sapiens RAB GTPase activating protein 1-like (RABGAP1L), transcript variant 4, mRNA [NM_000000000]

Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 24 (C12orf24), mRNA [NM_013300]

neurobeachin-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:20681] [ENST00000460355]

Homo sapiens MAX dimerization protein 3 (MXD3), transcript variant 1, mRNA [NM_031300]

Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 33 (C14orf33), non-coding RNA [NR_027123]

Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 3 (HSD17B3), mRNA [NM_000197]

Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 5 (PSMB5), transcript variant 1, mRNA [NM_000000000]

Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:B7WNX9] [ENST00000400839]

Homo sapiens dishevelled, dsh homolog 1 (Drosophila) (DVL1), mRNA [NM_004421]

Homo sapiens MAP-kinase activating death domain (MADD), transcript variant 4, mRNA [NM_003600]

Homo sapiens zinc finger, MYND-type containing 11 (ZMYND11), transcript variant 2, mRNA [NM_000000000]

Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 20 (KCTD20), mRNA [NM_173000]

Homo sapiens platelet-activating factor acetylhydrolase 2, 40kDa (PAFAH2), mRNA [NM_000437]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507675, transcript variant 1 (LOC100507675), miscF
Homo sapiens urocortin 2 (UCN2), mRNA [NM_033199]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 200 (LINC00200), non-coding RNA [NR_0153
Homo sapiens CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 1 (CMTM1), transcript variant
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 229 (C1orf229), mRNA [NM_207401]
Homo sapiens mutS homolog 6 (E. coli) (MSH6), mRNA [NM_000179]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC730184 (LOC730184), miscRNA [XR_109942]
Homo sapiens zinc finger, GATA-like protein 1 (ZGLP1), mRNA [NM_001103167]
Homo sapiens zinc finger, AN1-type domain 2A (ZFAND2A), mRNA [NM_182491]
Homo sapiens structural maintenance of chromosomes 4 (SMC4), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens low density lipoprotein receptor-related protein 1 (LRP1), mRNA [NM_002332]
Lymphocyte antigen 6 complex, locus G6ELymphocyte antigen 6 complex, locus G6E, isoform CRA_ε
Homo sapiens GINS complex subunit 3 (Psf3 homolog) (GINS3), transcript variant 2, mRNA [NM_02:
Homo sapiens cell division cycle 25 homolog A (S. pombe) (CDC25A), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens nuclear receptor subfamily 4, group A, member 3 (NR4A3), transcript variant 3, mRN.
Homo sapiens death-associated protein kinase 2 (DAPK2), mRNA [NM_014326]
phosphodiesterase 1C, calmodulin-dependent 70kDa [Source:HGNC Symbol;Acc:8776] [ENST00000:
Homo sapiens crystallin, gamma D (CRYGD), mRNA [NM_006891]
BX110533 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998D185541, mRNA sequence [BX1105
Homo sapiens histone cluster 1, H1a (HIST1H1A), mRNA [NM_005325]
Homo sapiens family with sequence similarity 129, member B (FAM129B), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens POU class 2 homeobox 1 (POU2F1), transcript variant 1, mRNA [NM_002697]
Homo sapiens KIAA1826 (KIAA1826), mRNA [NM_032424]
Homo sapiens angiomin like 1 (AMOTL1), mRNA [NM_130847]
Homo sapiens jumonji domain containing 1C (JMJD1C), transcript variant 1, mRNA [NM_032776]
Homo sapiens starch binding domain 1 (STBD1), mRNA [NM_003943]
Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript vari
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 40 (C9orf40), mRNA [NM_017998]
Homo sapiens immunoglobulin-like and fibronectin type III domain containing 1 (IGFN1), mRNA [NM
Homo sapiens iron-sulfur cluster assembly 1 homolog (S. cerevisiae) (ISCA1), mRNA [NM_030940]
Homo sapiens microphthalmia-associated transcription factor (MITF), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens toll-like receptor adaptor molecule 1 (TICAM1), mRNA [NM_182919]
602139317F1 NIH_MGC_46 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4298021 5', mRNA sequence [BF683C
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005465), lincRNA [TCONS_I2_00010135]
Homo sapiens neuralized homolog 2 (Drosophila) (NEURL2), mRNA [NM_080749]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 68 (CCDC68), transcript variant 1, mRNA [NM_025214]
Homo sapiens cytokine-like 1 (CYTL1), mRNA [NM_018659]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), m
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003825), lincRNA [TCONS_00008969]
Homo sapiens fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated) (FABP5), mRNA [NM_001444]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 39 (C5orf39), mRNA [NM_001014279]
Homo sapiens yippee-like 1 (Drosophila) (YPEL1), mRNA [NM_013313]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 103 (C9orf103), transcript variant 1, mRNA [NM_

Homo sapiens chromodomain helicase DNA binding protein 7 (CHD7), mRNA [NM_017780]
Homo sapiens family with sequence similarity 161, member A (FAM161A), transcript variant 2, mRNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011752), lincRNA [TCONS_00024435]
Homo sapiens SRY (sex determining region Y)-box 13 (SOX13), mRNA [NM_005686]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 5 (RGS5), transcript variant 1, mRNA [NM_003617]
Homo sapiens calpain 13 (CAPN13), mRNA [NM_144575]
Homo sapiens uncharacterized locus MGC21881 (MGC21881), non-coding RNA [NR_015363]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000041), lincRNA [TCONS_00001934]
Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 8, alpha-1,3-glucosyltransferase homolog (S. cerevisiae)
Homo sapiens poly(A) binding protein, cytoplasmic 3 (PABPC3), mRNA [NM_030979]
Homo sapiens microtubule-associated protein, RP/EB family, member 3 (MAPRE3), mRNA [NM_012
1509333A NEM sensitive fusion protein. {Cricetulus griseus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (25%) [TI
Homo sapiens uncharacterized LOC100130197 (LOC100130197), transcript variant 1, non-coding RNA

Homo sapiens ras homolog gene family, member H (RHOH), mRNA [NM_004310]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002793), lincRNA [TCONS_00006196]
Homo sapiens sterol carrier protein 2 (SCP2), transcript variant 1, mRNA [NM_002979]
Homo sapiens signal peptide peptidase-like 3 (SPPL3), mRNA [NM_139015]
Homo sapiens protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor alpha (PKIA), transcript variant 1
Homo sapiens RAS-like, family 11, member A (RASL11A), mRNA [NM_206827]
Homo sapiens sex comb on midleg homolog 1 (Drosophila) (SCMH1), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens apolipoprotein L, 6 (APOL6), mRNA [NM_030641]
Homo sapiens matrix metalloproteinase 19 (MMP19), transcript variant 1, mRNA [NM_002429]
Homo sapiens pyruvate kinase, liver and RBC (PKLR), nuclear gene encoding mitochondrial protein, 1
Homo sapiens four jointed box 1 (Drosophila) (FJX1), mRNA [NM_014344]
Homo sapiens 2,4-dienoyl CoA reductase 2, peroxisomal (DECR2), mRNA [NM_020664]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006322), lincRNA [TCONS_I2_00011858]
Homo sapiens general transcription factor Ili pseudogene (LOC100288069), non-coding RNA [NR_03
Pentatricopeptide repeat domain 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:24717] [ENST00000487043]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009474), lincRNA [TCONS_00020083]
Homo sapiens tetraspanin 10 (TSPAN10), mRNA [NM_031945]
RST30769 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG211210]
Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 3, mRNA [NM_001018004]
Homo sapiens retinoic acid induced 2 (RAI2), transcript variant 2, mRNA [NM_021785]
Homo sapiens zinc finger protein 169 (ZNF169), mRNA [NM_194320]
Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8-like 3 (TNFAIP8L3), mRNA [NM_20738
Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase-like 1 (RPS6KL1), mRNA [NM_031464]
Homo sapiens SH3 and cysteine rich domain (STAC), mRNA [NM_003149]
Homo sapiens actin binding LIM protein 1 (ABLIM1), transcript variant 3, mRNA [NM_001003408]
Homo sapiens sPLA/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 2 (SPSB2), transcript variat
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A2 (ANKRD20A2), mRNA [NM_001012421]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 3B (TBC1D3B), mRNA [NM_001001417]
Homo sapiens 5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase (MTR), mRNA [NM_0002
Homo sapiens jerky homolog (mouse) (JRK), transcript variant 1, mRNA [NM_003724]

Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 30 (C5orf30), mRNA [NM_033211]

Homo sapiens fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 1 (FAHD1), nuclear gene encoding

Homo sapiens hypothetical LOC388796, mRNA (cDNA clone IMAGE:4155833), with apparent retained intron

Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 84 (C11orf84), mRNA [NM_138471]

Homo sapiens toll-like receptor 10 (TLR10), transcript variant 1, mRNA [NM_030956]

Homo sapiens dyskeratosis congenita 1, dyskerin (DKC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001363]

synaptopodin 2-like [Source:HGNC Symbol;Acc:23532] [ENST00000394810]

Homo sapiens cDNA FLJ26171 fis, clone ADG03656. [AK129682]

Homo sapiens transmembrane BAX inhibitor motif containing 6 (TMBIM6), transcript variant 1, mRNA [NM_001132464]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401357 (LOC401357), miscRNA [XR_132464]

Homo sapiens cannabinoid receptor interacting protein 1 (CNRIP1), transcript variant CRIP1a, mRNA [NM_001132464]

Homo sapiens UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase 1-like 1 (UAP1L1), mRNA [NM_207309]

full-length cDNA clone CSODL009YE09 of B cells (Ramos cell line) Cot 25-normalized of Homo sapiens

Homo sapiens SAP30 binding protein (SAP30BP), mRNA [NM_013260]

Homo sapiens glycoprotein A33 (transmembrane) (GPA33), mRNA [NM_005814]

Homo sapiens general transcription factor Ili pseudogene (LOC100288069), non-coding RNA [NR_001132464]

Homo sapiens protein kinase N2 (PKN2), mRNA [NM_006256]

Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 2 (RPS6KA2), transcript variant 1, mRNA [NM_001132464]

Homo sapiens olfactory receptor, family 2, subfamily B, member 11 (OR2B11), mRNA [NM_001004422]

Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8 (TNFAIP8), transcript variant 1, mRNA [NM_001132464]

Homo sapiens MIR22 host gene (non-protein coding) (MIR22HG), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001132464]

Homo sapiens plexin A1 (PLXNA1), mRNA [NM_032242]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100507508 (LOC100507508), mRNA [XM_003113246]

Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALAT1), non-coding RNA [NR_001132464]

Homo sapiens Rho GTPase activating protein 23 (ARHGAP23), mRNA [NM_001199417]

Homo sapiens inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase beta (IKKB), transcript variant 1, mRNA [NM_001132464]

Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]

Homo sapiens ribonucleoprotein, PTB-binding 1 (RAVER1), mRNA [NM_133452]

Homo sapiens LSM14B, SCD6 homolog B (S. cerevisiae) (LSM14B), mRNA [NM_144703]

heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 3B1 [Source:HGNC Symbol;Acc:5198] [ENST000002001696]

SARS-Cov infected lung tissue Homo sapiens cDNA clone db0_001696 5', mRNA sequence [db0_001696]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC284561 (LOC284561), miscRNA [XR_112106]

Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 2, beta (CAMKK2), transcript variant 1, mRNA [NM_001132464]

Homo sapiens junctophilin 1 (JPH1), mRNA [NM_020647]

Homo sapiens cDNA FLJ31639 fis, clone NT2RI2003655, weakly similar to ZINC FINGER PROTEIN 195

Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 13 (DHRS13), mRNA [NM_144683]

Homo sapiens inner centromere protein antigens 135/155kDa (INCENP), transcript variant 1, mRNA [NM_001132464]

Homo sapiens cDNA FLJ41456 fis, clone BRSTN2012320. [AK123450]

Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_001132464]

Homo sapiens macrophage expressed 1 (MPEG1), mRNA [NM_001039396]

Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 1 (Xenopus laevis) (DACT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001132464]

Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6, 17kDa (NDUFB6), nuclear gene encoding

Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 74 (C1orf74), mRNA [NM_152485]

Homo sapiens cDNA FLJ39605 fis, clone SKNSH2005981, weakly similar to RAS-RELATED C3 BOTULIN

Homo sapiens 5'-nucleotidase domain containing 2 (NT5DC2), transcript variant 2, mRNA [NM_022912]
Homo sapiens zinc finger protein 718 (ZNF718), mRNA [NM_001039127]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015037), lincRNA [TCONS_I2_00029068]
Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), alpha-like 1 (CTNNAL1), mRNA [NM_003798]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007783), lincRNA [TCONS_I2_00015610]
Homo sapiens TRK-fused gene (TFG), transcript variant 1, mRNA [NM_006070]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, A (HLA-A), transcript variant 1, mRNA [NM_001005070]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507002 (LOC100507002), miscRNA [XR_109421]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013298), lincRNA [TCONS_00027298]
Homo sapiens interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1 (IFIT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001005070]
Homo sapiens serrate RNA effector molecule homolog (Arabidopsis) (SRRT), transcript variant 1, mRNA [NM_001005070]
Homo sapiens apolipoprotein L, 1 (APOL1), transcript variant 2, mRNA [NM_145343]
Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), transcript variant 1, mRNA [NM_004867]
Homo sapiens histone cluster 2, H2be (HIST2H2BE), mRNA [NM_003528]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 37B pseudogene 1 (LRRC37BP1), non-coding RNA [NR_001005070]

Homo sapiens mRNA for MOP-1, complete cds. [AB014771]

Homo sapiens MFNG O-fucosylpeptide 3-beta-N-acetylglucosaminyltransferase (MFNG), transcript variant 1, mRNA [NM_001005070]
Homo sapiens uncharacterized LOC728431 (LOC728431), non-coding RNA [NR_038842]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006994), lincRNA [TCONS_I2_00013005]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004602), lincRNA [TCONS_I2_00008528]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 53 (SNORD53), small nucleolar RNA [NR_002741]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 23 (CCDC23), mRNA [NM_199342]
Homo sapiens defensin, beta 121 (DEFB121), transcript variant 2, mRNA [NM_001171832]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015295), lincRNA [TCONS_I2_00029480]
Homo sapiens PTPRF interacting protein, binding protein 2 (liprin beta 2) (PPFIBP2), mRNA [NM_001005070]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006124), lincRNA [TCONS_00014152]
Homo sapiens zinc finger protein 461 (ZNF461), mRNA [NM_153257]
Homo sapiens mannose-P-dolichol utilization defect 1 (MPDU1), transcript variant 1, mRNA [NM_001005070]
Homo sapiens suppressor of G2 allele of SKP1 (S. cerevisiae) pseudogene 3 (SUGT1P3), non-coding RNA [NR_001005070]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100293962 (LOC100293962), miscRNA [XR_110349]
Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 2, 36kDa (IGFBP2), mRNA [NM_000597]
Homo sapiens G protein-coupled estrogen receptor 1 (GPER), transcript variant 3, mRNA [NM_001005070]
Homo sapiens adaptor-related protein complex 4, mu 1 subunit (AP4M1), mRNA [NM_004722]
Homo sapiens lin-28 homolog B (C. elegans) (LIN28B), mRNA [NM_001004317]

Homo sapiens WD repeat domain 11 (WDR11), mRNA [NM_018117]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2E 3 (UBE2E3), transcript variant 1, mRNA [NM_006312]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 88 (C21orf88), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_001005070]
Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog A (avian) (MAFA), mRNA [NM_001005070]
Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 27 (IFI27), transcript variant 2, mRNA [NM_005532]
Homo sapiens DNM1 pseudogene 46 (DNM1P46), non-coding RNA [NR_003260]
Homo sapiens RAD51 homolog D (S. cerevisiae) (RAD51D), transcript variant 4, mRNA [NM_133629]

Homo sapiens zinc finger protein 486 (ZNF486), mRNA [NM_052852]
Homo sapiens H1 histone family, member 0 (H1F0), mRNA [NM_005318]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 35 (C1orf35), mRNA [NM_024319]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3 (HNRNPA3), mRNA [NM_194247]

Homo sapiens protein arginine methyltransferase 2 (PRMT2), transcript variant 1, mRNA [NM_2069]
Homo sapiens xyloside xylosyltransferase 1 (XXYLT1), mRNA [NM_152531]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 1 (ASB1), mRNA [NM_001040445]
Homo sapiens family with sequence similarity 98, member B (FAM98B), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens clone FLB4442 PRO1158 mRNA, complete cds. [AF113687]
Homo sapiens prenylcysteine oxidase 1 like (PCYOX1L), mRNA [NM_024028]
Homo sapiens mesoderm posterior 1 homolog (mouse) (MESP1), mRNA [NM_018670]
Homo sapiens required for meiotic nuclear division 5 homolog A (*S. cerevisiae*) (RMND5A), mRNA [N
Homo sapiens solute carrier family 35, member D2 (SLC35D2), mRNA [NM_007001]
Homo sapiens SEC16 homolog A (*S. cerevisiae*) (SEC16A), mRNA [NM_014866]
Homo sapiens phosphohistidine phosphatase 1 (PHPT1), transcript variant 3, mRNA [NM_014172]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013873), lincRNA [TCONS_I2_00026655]
Homo sapiens nuclear mitotic apparatus protein 1 (NUMA1), mRNA [NM_006185]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 6 (DCAF6), transcript variant 2, mRNA [NM_001017]
Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 7 (P2RX7), transcript variant 1, mR
Homo sapiens polo-like kinase 1 (PLK1), mRNA [NM_005030]
Homo sapiens 5-aminoimidazole-4-carboxamide ribonucleotide formyltransferase/IMP cyclohydroly
Homo sapiens uncharacterized LOC731275 (LOC731275), non-coding RNA [NR_029401]
Homo sapiens CTP synthase (CTPS), mRNA [NM_001905]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 96 (C1orf96), mRNA [NM_145257]
Homo sapiens carbonic anhydrase VA, mitochondrial (CA5A), nuclear gene encoding mitochondrial
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical FLJ38723 (FLJ38723), miscRNA [XR_132593]

Homo sapiens family with sequence similarity 86, member A pseudogene (FLJ10661), transcript vari
Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL4I1), transcript variant 2, mRNA [NM_172374]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008359), lincRNA [TCONS_00018093]
Homo sapiens uncharacterized LOC92249 (LOC92249), non-coding RNA [NR_015353]
Homo sapiens receptor tyrosine kinase-like orphan receptor 1 (ROR1), transcript variant 1, mRNA [N
Q5U4N1_XENLA (Q5U4N1) LOC495462 protein, partial (16%) [THC2745185]
Homo sapiens methyl-CpG binding domain protein 2 (MBD2), transcript variant 2, mRNA [NM_0158
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006485), lincRNA [TCONS_00013855]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S9 (MRPS9), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens uncharacterized LOC389634 (LOC389634), non-coding RNA [NR_024420]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 137 (CCDC137), mRNA [NM_199287]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase type IVA, member 3 (PTP4A3), transcript variant 1, mR
Homo sapiens shroom family member 1 (SHROOM1), transcript variant 2, mRNA [NM_133456]
Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 5 (HAUS5), mRNA [NM_015302]
Homo sapiens R-spondin 3 (RSPO3), mRNA [NM_032784]
Homo sapiens high mobility group nucleosome binding domain 1 (HMGN1), mRNA [NM_004965]

Homo sapiens SERTA domain containing 1 (SERTAD1), mRNA [NM_013376]
Homo sapiens E74-like factor 1 (ets domain transcription factor) (ELF1), transcript variant 2, mRNA [NM_001003242]
Homo sapiens profilin 1 pseudogene 2 (PFN1P2), non-coding RNA [NR_003242]
Homo sapiens CD63 molecule (CD63), transcript variant 2, mRNA [NM_001040034]
Homo sapiens integrin, alpha 2b (platelet glycoprotein IIb of IIb/IIIa complex, antigen CD41) (ITGA2B), mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens GATA binding protein 1 (globin transcription factor 1) (GATA1), mRNA [NM_002049]
Homo sapiens AT rich interactive domain 1A (SWI-like) (ARID1A), transcript variant 1, mRNA [NM_001002049]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505634 (LOC100505634), miscRNA [XR_109905]
Homo sapiens Sec23 homolog B (*S. cerevisiae*) (SEC23B), transcript variant 2, mRNA [NM_032985]
Homo sapiens egl nine homolog 1 (*C. elegans*) (EGLN1), mRNA [NM_022051]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 8 (MAP3K8), transcript variant 1, mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 2 (GEMIN2), transcript variant gamma, mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens hect (homologous to the E6-AP (UBE3A) carboxyl terminus) domain and RCC1 (CHC1), mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens uncharacterized LOC728190 (LOC728190), non-coding RNA [NR_024397]
Homo sapiens, Similar to LOC223018, clone IMAGE:4732541, mRNA. [BC029410]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 4 (TRPM4), transcript variant 1, mRNA [NM_001002049]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506528 (LOC100506528), miscRNA [XR_110494]
Homo sapiens PIH1 domain containing 1 (PIH1D1), mRNA [NM_017916]
Homo sapiens myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate (MARCKS), mRNA [NM_002356]
Homo sapiens MHC class I polypeptide-related sequence B (MICB), mRNA [NM_005931]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000765), lincRNA [TCONS_00000495]
Homo sapiens G elongation factor, mitochondrial 2 (GFM2), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001002049]
Homo sapiens myelin protein zero-like 1 (MPZL1), transcript variant 2, mRNA [NM_024569]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505633 (LOC100505633), non-coding RNA [NR_038849]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 34 (CCDC34), transcript variant 2, mRNA [NM_080654]
Homo sapiens chondroitin polymerizing factor (CHPF), transcript variant 1, mRNA [NM_024536]
Homo sapiens zinc finger protein 655 pseudogene (LOC100131257), non-coding RNA [NR_034022]
Homo sapiens BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 1 (BACH1), transcript variant 1, mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens pentatricopeptide repeat domain 1 (PTCD1), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001002049]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 47 (C12orf47), non-coding RNA [NR_015404]
Homo sapiens SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 3 (SRGAP3), transcript variant 1, mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens kynurenine 3-monooxygenase (kynurenine 3-hydroxylase) (KMO), mRNA [NM_00367]
Homo sapiens uncharacterized LOC157273 (LOC157273), non-coding RNA [NR_040039]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001866), lincRNA [TCONS_00005020]
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 4 (NUDT4), transcript variant 1, mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens interleukin 1 receptor accessory protein (IL1RAP), transcript variant 2, mRNA [NM_001002049]
Homo sapiens ANKRD62P1-PARP4P3 readthrough (non-protein coding) (ANKRD62P1-PARP4P3), non-coding RNA [NM_001002049]
Homo sapiens uncharacterized LOC100294145 (LOC100294145), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_040039]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505613 (LOC100505613), miscRNA [XR_108915]
Homo sapiens leucyl-tRNA synthetase (LARS), mRNA [NM_020117]
Homo sapiens plexin A3 (PLXNA3), mRNA [NM_017514]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 25 (LRRC25), mRNA [NM_145256]
Homo sapiens clock homolog (mouse) (CLOCK), mRNA [NM_004898]

Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 1 (ANAPC1), mRNA [NM_022662]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013681), lincRNA [TCONS_00028330]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006025), lincRNA [TCONS_I2_00011143]
Homo sapiens NIN1/RPN12 binding protein 1 homolog (*S. cerevisiae*) (NOB1), mRNA [NM_014062]
Homo sapiens autism susceptibility candidate 2 (AUTS2), transcript variant 3, mRNA [NM_00112723]
Homo sapiens sparco/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), t
Homo sapiens proliferating cell nuclear antigen (PCNA), transcript variant 1, mRNA [NM_002592]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 74 (C11orf74), mRNA [NM_138787]
Homo sapiens TTK protein kinase (TTK), transcript variant 1, mRNA [NM_003318]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC399886 (FLJ41423), miscRNA [XR_109047]
Homo sapiens transmembrane emp24 protein transport domain containing 5 (TMED5), transcript va
Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 10b (TNFRSF10B), transcript var
Homo sapiens copine II (CPNE2), mRNA [NM_152727]
Homo sapiens brain expressed X-linked 2 (BEX2), transcript variant 1, mRNA [NM_001168399]
Homo sapiens oxysterol binding protein-like 5 (OSBPL5), transcript variant 1, mRNA [NM_020896]
Homo sapiens protein phosphatase 6, regulatory subunit 1 (PPP6R1), mRNA [NM_014931]
Homo sapiens calpastatin (CAST), transcript variant 6, mRNA [NM_001042440]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 32 (ARHGAP32), transcript variant 2, mRNA [NM_0147
Homo sapiens Werner syndrome, RecQ helicase-like (WRN), mRNA [NM_000553]
nae18g06.x1 NCI_CGAP_Ov18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3435827 3' similar to contains Alu
Homo sapiens RAN binding protein 9 (RANBP9), mRNA [NM_005493]
Homo sapiens family with sequence similarity 21, member C (FAM21C), transcript variant 3, mRNA |
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 6 (KCNA6), mRN
Homo sapiens ribosomal protein L37 (RPL37), mRNA [NM_000997]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011413), lincRNA [TCONS_I2_00022094]
Homo sapiens acyl-CoA oxidase-like (ACOXL), mRNA [NM_001142807]
Homo sapiens cysteine and histidine-rich domain (CHORD) containing 1 (CHORDC1), transcript varia
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 28 (DDX28), nuclear gene encoding mitochc
Homo sapiens VAMP (vesicle-associated membrane protein)-associated protein B and C (VAPB), tra
Homo sapiens polyamine oxidase (exo-N4-amino) (PAOX), transcript variant 1, mRNA [NM_152911]
Homo sapiens Ts translation elongation factor, mitochondrial (TSFM), nuclear gene encoding mitocl
Homo sapiens MACRO domain containing 1 (MACROD1), mRNA [NM_014067]
Homo sapiens mRNA for FLJ00086 protein, partial cds. [AK024487]
Homo sapiens CDC14 cell division cycle 14 homolog C (*S. cerevisiae*) (CDC14C), non-coding RNA [NR
Homo sapiens PTK2 protein tyrosine kinase 2 (PTK2), transcript variant 1, mRNA [NM_153831]
Homo sapiens SHC (Src homology 2 domain containing) transforming protein 1 (SHC1), transcript va
Homo sapiens Kv channel interacting protein 2 (KCNIP2), transcript variant 7, mRNA [NM_173197]
Homo sapiens nuclear receptor 2C2-associated protein (NR2C2AP), mRNA [NM_176880]
Homo sapiens MYC induced nuclear antigen (MINA), transcript variant 3, mRNA [NM_032778]
ankyrin repeat domain 20 family, member A11, pseudogene [Source:HGNC Symbol;Acc:42024] [ENS
Homo sapiens fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated) (FABP5), mRNA [NM_001444]
Homo sapiens zinc finger protein 761 (ZNF761), mRNA [NM_001008401]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, O (PTPRO), transcript variant 1, mRNA [
Homo sapiens prominin 2 (PROM2), transcript variant 1, mRNA [NM_001165978]

Homo sapiens heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 3A1 (HS3ST3A1), mRNA [NM_001001208]
Homo sapiens cDNA FLJ12078 fis, clone HEMBB1002457. [AK022140]
PREDICTED: Homo sapiens 60S ribosomal protein L12-like (LOC648771), miscRNA [XR_133285]
Homo sapiens tau tubulin kinase 2 (TTBK2), mRNA [NM_173500]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012036), lincRNA [TCONS_00024751]
Homo sapiens myotubularin related protein 10 (MTMR10), mRNA [NM_017762]
Homo sapiens proline-rich nuclear receptor coactivator 1 (PNRC1), mRNA [NM_006813]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (without TM domain), member 1 (LILRA6), mRNA [NM_016339]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004611), lincRNA [TCONS_I2_00009426]
Uncharacterized protein cDNA FLJ46600 fis, clone THYMU3047144 [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:CA623572]
Homo sapiens FK506 binding protein 11, 19 kDa (FKBP11), transcript variant 1, mRNA [NM_016594]
Homo sapiens phosphatidylethanolamine-binding protein 4 (PEBP4), mRNA [NM_144962]
Homo sapiens cDNA FLJ45052 fis, clone BRAWH3022542. [AK126997]
Q96G65_HUMAN (Q96G65) Mitochondrial intermediate peptidase, partial (12%) [THC2611459]
Homo sapiens class II, major histocompatibility complex, transactivator (CIITA), mRNA [NM_000246]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001114), lincRNA [TCONS_00000694]
Homo sapiens sprouty homolog 2 (Drosophila) (SPRY2), mRNA [NM_005842]
Homo sapiens leucine-rich repeats and death domain containing 1 (LRRD1), mRNA [NM_001161528]
Homo sapiens transporter 2, ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP) (TAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161528]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013581), lincRNA [TCONS_00027960]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_009485), lincRNA [TCONS_00020094]
Homo sapiens suppressor of variegation 4-20 homolog 1 (Drosophila) (SUV420H1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161528]
Homo sapiens apolipoprotein L, 2 (APOL2), transcript variant beta, mRNA [NM_145637]
Homo sapiens excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 1 (ERCC1), mRNA [NM_001161528]
Homo sapiens RAB2B, member RAS oncogene family (RAB2B), transcript variant 1, mRNA [NM_032142]
zinc finger protein 584 [Source:HGNC Symbol;Acc:27318] [ENST00000322834]
Homo sapiens amidohydrolase domain containing 2 (AMDHD2), transcript variant 1, mRNA [NM_016339]
cullin 9 [Source:HGNC Symbol;Acc:15982] [ENST00000451399]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 27 (LRRC27), transcript variant 4, mRNA [NM_0011437]
Homo sapiens phosphodiesterase 6G, cGMP-specific, rod, gamma (PDE6G), transcript variant 1, mRNA [NM_0011437]

Homo sapiens zinc finger protein 701 (ZNF701), transcript variant 1, mRNA [NM_001172655]
Homo sapiens CD177 molecule (CD177), mRNA [NM_020406]
Homo sapiens cDNA FLJ26926 fis, clone RCT05265. [AK130436]
Homo sapiens GTPase, IMAP family member 1 (GIMAP1), mRNA [NM_130759]
Homo sapiens poliovirus receptor-related 2 (herpesvirus entry mediator B) (PVRL2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161528]
Homo sapiens ribosomal protein L21 (RPL21), mRNA [NM_000982]
Homo sapiens mRNA for chromosome 8 open reading frame 9 (c8ORF9). [AJ291676]

Homo sapiens CBP80/20-dependent translation initiation factor (CTIF), transcript variant 1, mRNA [NM_001161528]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014694), lincRNA [TCONS_I2_00028607]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 58 (CCDC58), mRNA [NM_001017928]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011578), lincRNA [TCONS_00023783]

Homo sapiens urothelial cancer associated 1 (non-protein coding) (UCA1), non-coding RNA [NR_015
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 6, mRNA (cDNA clone IMAGE:7262516). [BC0696
Homo sapiens coiled-coil domain containing 99 (CCDC99), mRNA [NM_017785]
Homo sapiens ribosomal protein L39-like (RPL39L), mRNA [NM_052969]
Homo sapiens calmodulin binding transcription activator 1 (CAMTA1), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens similar to hCG1993567, mRNA (cDNA clone MGC:13162 IMAGE:3010103), complete (c
Homo sapiens adenosylmethionine decarboxylase 1 (AMD1), transcript variant 1, mRNA [NM_0016:
Homo sapiens SET nuclear oncogene (SET), transcript variant 2, mRNA [NM_003011]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 3 (C2orf3), transcript variant 1, mRNA [NM_0032
Homo sapiens fumarate hydratase (FH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_1
Homo sapiens ephrin-B2 (EFNB2), mRNA [NM_004093]
Homo sapiens HEG homolog 1 (zebrafish) (HEG1), mRNA [NM_020733]
Homo sapiens EBNA1 binding protein 2 (EBNA1BP2), transcript variant 2, mRNA [NM_006824]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506855 (LOC100506855), miscRNA [XR_108336]
Homo sapiens brain-enriched guanylate kinase-associated homolog (rat) (BEGAIN), transcript varian
Homo sapiens uncharacterized LOC348751 (FONG), non-coding RNA [NR_034096]
Homo sapiens thrombospondin, type I, domain containing 7A (THSD7A), mRNA [NM_015204]
Homo sapiens erythroblast membrane-associated protein (Scianna blood group) (ERMAP), transcrip
Homo sapiens cDNA FLJ35225 fis, clone PROST2001116. [AK092544]
Homo sapiens dehydrolipoyl diphosphate synthase (DHDDS), transcript variant 3, mRNA [NM_00:
Homo sapiens HEAT repeat containing 8 (HEATR8), transcript variant 1, mRNA [NM_001039464]
Homo sapiens THAP domain containing 7 (THAP7), transcript variant 1, mRNA [NM_030573]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007783), lincRNA [TCONS_I2_00014271]

Homo sapiens HECT, UBA and WWE domain containing 1 (HUWE1), mRNA [NM_031407]
Homo sapiens adenylosuccinate lyase (ADSL), transcript variant 1, mRNA [NM_000026]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507645 (LOC100507645), miscRNA [XR_132900]
Q306F7_HUMAN (Q306F7) Down syndrome encephalopathy related protein 1, partial (15%) [THC24
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 200 (C1orf200), non-coding RNA [NR_027045]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; ornithine transporter) member 15 (SLC
Homo sapiens zinc finger protein 254 (ZNF254), mRNA [NM_203282]
Homo sapiens formin-like 3 (FMNL3), transcript variant 1, mRNA [NM_175736]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 19 (DUSP19), transcript variant 1, mRNA [NM_080876]

Homo sapiens cystathionine-beta-synthase (CBS), transcript variant 1, mRNA [NM_000071]
Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 6A (MS4A6A), transcript varia
Homo sapiens calpain 2, (m/II) large subunit (CAPN2), transcript variant 1, mRNA [NM_001748]
Homo sapiens bromodomain and PHD finger containing, 3 (BRPF3), mRNA [NM_015695]
Homo sapiens SPRY domain containing 7 (SPRYD7), transcript variant 1, mRNA [NM_020456]
Homo sapiens zinc finger, CCHC domain containing 24 (ZCCHC24), mRNA [NM_153367]
Homo sapiens smoothelin (SMTN), transcript variant 2, mRNA [NM_134269]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 33B (ANKRD33B), mRNA [NM_001164440]
Homo sapiens glutathione S-transferase alpha 4 (GSTA4), mRNA [NM_001512]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 89 (C17orf89), mRNA [NM_001086521]

Homo sapiens synaptotagmin-like 4 (SYTL4), transcript variant 1, mRNA [NM_080737]
Homo sapiens cDNA FLJ37602 fis, clone BRCOC2009380. [AK094921]
Homo sapiens A kinase (PRKA) anchor protein 1 (AKAP1), nuclear gene encoding mitochondrial prot
Homo sapiens uncharacterized LOC100133311 (LOC100133311), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens UPF0638 protein B (LOC375190), mRNA [NM_001145710]
Homo sapiens NFS1 nitrogen fixation 1 homolog (*S. cerevisiae*) (NFS1), nuclear gene encoding mitoc
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 12 (USP12), mRNA [NM_182488]
Homo sapiens presequence translocase-associated motor 16 homolog (*S. cerevisiae*) (PAM16), nucl
Homo sapiens divergent-paired related homeobox pseudogene 4 (DPRXP4), non-coding RNA [NR_01
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 76 (C12orf76), mRNA [NM_207435]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 18 (TTC18), mRNA [NM_145170]

Homo sapiens phospholipase A2-activating protein (PLAA), mRNA [NM_001031689]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 39C (TTC39C), transcript variant 2, mRNA [NM_1531
Homo sapiens piwi-like 4 (*Drosophila*) (PIWIL4), mRNA [NM_152431]
Homo sapiens clone pp6337 unknown mRNA. [AF289562]
phosphoribosyl transferase domain containing 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:23333] [ENST00000376
Homo sapiens TBC1 domain family, member 16 (TBC1D16), mRNA [NM_019020]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006220), lincRNA [TCONS_00013068]
Homo sapiens matrix metalloproteinase 23B (MMP23B), mRNA [NM_006983]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group M (FANCM), mRNA [NM_020937]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506643 (LOC100506643), miscRNA [XR_109456]
Homo sapiens dihydropyrimidinase (DPYS), mRNA [NM_001385]
Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 7 (ANAPC7), transcript variant 1, mRNA [NM_C
Homo sapiens phosphoinositide kinase, FYVE finger containing (PIKFYVE), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 58 (C16orf58), mRNA [NM_022744]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 110 (C17orf110), mRNA [NM_001162997]
Homo sapiens uncharacterized LOC441172 (FLJ46906), non-coding RNA [NR_033896]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003992), lincRNA [TCONS_I2_00007206]

Homo sapiens uncharacterized LOC647979 (LOC647979), non-coding RNA [NR_027451]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013873), lincRNA [TCONS_I2_00026656]
Homo sapiens HLA complex P5 (non-protein coding) (HCP5), non-coding RNA [NR_040662]
Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 8 (theta) (CCT8), mRNA [NM_006585]
Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, alpha 5 (CHRNA5), mRNA [NM_000745]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, *Drosophila*); transl
Homo sapiens uncharacterized LOC257396 (LOC257396), non-coding RNA [NR_034107]
Homo sapiens feline leukemia virus subgroup C cellular receptor 1 (FLVCR1), mRNA [NM_014053]
Homo sapiens schlafen family member 11 (SLFN11), transcript variant 1, mRNA [NM_001104587]

Homo sapiens zinc finger protein 778 (ZNF778), transcript variant 1, mRNA [NM_001201407]

Homo sapiens adrenocortical dysplasia homolog (mouse) (ACD), transcript variant 1, mRNA [NM_00
leucine rich repeat containing 7 [Source:HGNC Symbol;Acc:18531] [ENST00000370958]

Homo sapiens thyroid hormone receptor interactor 13 (TRIP13), transcript variant 1, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4E [Source:HGNC Symbol;Acc:14284] [ENST00000268117]

Homo sapiens glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier) (GCSH), nuclear gene encoding protein H [Source:HGNC Symbol;Acc:14284] [ENST00000268117]

Homo sapiens family with sequence similarity 24, member B (FAM24B), transcript variant 1, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens CDK5 regulatory subunit associated protein 1 (CDK5RAP1), transcript variant 2, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens chromosome X open reading frame 21 (CXorf21), mRNA [NM_025159]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1 (HLA-DPA1), transcript variant 1, mRNA [NM_001162844]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_012507), lincRNA [TCONS_00025234]

Homo sapiens HLA complex group 18 (non-protein coding) (HCG18), non-coding RNA [NR_024052]

Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, class 3 (PIK3C3), mRNA [NM_002647]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009968), lincRNA [TCONS_I2_00018962]

Homo sapiens PHD finger protein 20-like 1 (PHF20L1), transcript variant 1, mRNA [NM_016018]

Homo sapiens transmembrane protein 164 (TMEM164), transcript variant 2, mRNA [NM_032227]

Homo sapiens glycerol-3-phosphate dehydrogenase 2 (mitochondrial) (GPD2), nuclear gene encoding protein GPD2 [Source:HGNC Symbol;Acc:14284] [ENST00000268117]

Homo sapiens glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier) pseudogene (LOC641746), rDNA [LOC641746]

Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 3 gamma, 58kDa (EIF2B3), transcript variant 1, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 71B (SNORA71B), small nucleolar RNA [NR_002910]

Homo sapiens nephrosis 2, idiopathic, steroid-resistant (podocin) (NPHS2), mRNA [NM_014625]

Homo sapiens fibrillarin (FBL), mRNA [NM_001436]

Homo sapiens immunoglobulin lambda-like polypeptide 1 (IGLL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens endothelin converting enzyme 2 (ECE2), transcript variant 3, mRNA [NM_032331]

Homo sapiens serine hydroxymethyltransferase 1 (soluble) (SHMT1), nuclear gene encoding mitochondrial protein SHMT1 [Source:HGNC Symbol;Acc:14284] [ENST00000268117]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_013923), lincRNA [TCONS_00029212]

Homo sapiens ring finger protein 213 (RNF213), transcript variant 1, mRNA [NM_020914]

Homo sapiens KIAA1598 (KIAA1598), transcript variant 1, mRNA [NM_001127211]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 103 (CCDC103), mRNA [NM_213607]

Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 39A (TTC39A), transcript variant 2, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens guanylate kinase 1 (GUK1), transcript variant 5, mRNA [NM_001242840]

Homo sapiens DNA (cytosine-5-)-methyltransferase 3 beta (DNMT3B), transcript variant 6, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 91 pseudogene (OR7E91P), non-coding RNA [NR_024052]

Homo sapiens thyroglobulin (TG), mRNA [NM_003235]

Homo sapiens Fc receptor-like B (FCRLB), mRNA [NM_001002901]

Homo sapiens immunoglobulin lambda-like polypeptide 1 (IGLL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L52 (MRPL52), nuclear gene encoding mitochondrial protein MRPL52 [Source:HGNC Symbol;Acc:14284] [ENST00000268117]

Q2TKP3_9DIPS (Q2TKP3) CYCLOIDEA-like (Fragment), partial (13%) [THC2779256]

Homo sapiens MMS19 nucleotide excision repair homolog (*S. cerevisiae*) (MMS19), mRNA [NM_020914]

Homo sapiens PMS1 postmeiotic segregation increased 1 (*S. cerevisiae*) (PMS1), transcript variant 1 [NM_020914]

Homo sapiens myosin XIX (MYO19), transcript variant 3, mRNA [NM_001033580]

Homo sapiens troponin T type 2 (cardiac) (TNNT2), transcript variant 1, mRNA [NM_000364]

Homo sapiens patched 1 (PTCH1), transcript variant 1a, mRNA [NM_001083602]

Homo sapiens solute carrier family 35, member F2 (SLC35F2), mRNA [NM_017515]

Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), mRNA [NM_001162844]

Homo sapiens hepatoma-derived growth factor (HDGF), transcript variant 1, mRNA [NM_004494]

integrin, beta 2 (complement component 3 receptor 3 and 4 subunit) [Source:HGNC Symbol;Acc:61.
Homo sapiens JNK1/MAPK8-associated membrane protein (JKAMP), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 8, 19kDa (NDUFB8), nuclear
Homo sapiens HLA complex group 26 (non-protein coding) (HCG26), non-coding RNA [NR_002812]

Homo sapiens makorin ring finger protein 7, pseudogene (MKRN7P), non-coding RNA [NR_026640]
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 5A (KDM5A), mRNA [NM_001042603]
Homo sapiens WD repeat domain 43 (WDR43), mRNA [NM_015131]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506454 (LOC100506454), miscRNA [XR_109700]
Homo sapiens DNMT1 pseudogene 46 (DNMT1P46), non-coding RNA [NR_003260]
Homo sapiens Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 5 (RASSF5), transcript variant :
Rho GTPase activating protein 21 [Source:HGNC Symbol;Acc:23725] [ENST00000376410]
Homo sapiens histone cluster 1, H4a (HIST1H4A), mRNA [NM_003538]
Homo sapiens KIAA0355 (KIAA0355), mRNA [NM_014686]
Homo sapiens cDNA FLJ46084 fis, clone TESTI2006543. [AK127969]
Homo sapiens PHD finger protein 8 (PHF8), transcript variant 2, mRNA [NM_015107]
Homo sapiens v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian) (MYB), transcript variant 2, mR
Homo sapiens nucleolar complex associated 3 homolog (*S. cerevisiae*) (NOC3L), mRNA [NM_022451
AB093677 ribosomal protein L19 {*Macaca fascicularis*} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (57%) [THC255
Homo sapiens general transcription factor IIIC, polypeptide 5, 63kDa (GTF3C5), transcript variant 2,
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000363), lincRNA [TCONS_00002142]

Homo sapiens extra spindle pole bodies homolog 1 (*S. cerevisiae*) (ESPL1), mRNA [NM_012291]
zt79d07.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:728557 5', mRNA sequence [AA39'
dihydrolipoamide branched chain transacylase E2 [Source:HGNC Symbol;Acc:2698] [ENST00000370
Homo sapiens profilin 1 (PFN1), mRNA [NM_005022]
Homo sapiens Williams-Beuren syndrome chromosome region 16 (WBSCR16), mRNA [NM_030798]
Homo sapiens meteorin, glial cell differentiation regulator (METRN), mRNA [NM_024042]
Homo sapiens uncharacterized LOC387723 (LOC387723), non-coding RNA [NR_034125]
Homo sapiens S100 calcium binding protein B (S100B), mRNA [NM_006272]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 103 (C20orf103), transcript variant 1, mRNA [NI
Homo sapiens UPF2 regulator of nonsense transcripts homolog (yeast) (UPF2), transcript variant 1, i
Homo sapiens zinc finger protein 37A (ZNF37A), transcript variant 1, mRNA [NM_001007094]
Homo sapiens solute carrier family 22, member 15 (SLC22A15), mRNA [NM_018420]
Homo sapiens retinoid X receptor, beta (RXRB), mRNA [NM_021976]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507314 (LOC100507314), miscRNA [XR_108541]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 116-27 (SNORD116-27), small nucleolar RNA [NR_0033
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC728485 (LOC728485), miscRNA [XR_109511]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 8 (non-protein coding) (SNHG8), transcript variant 1, r
Homo sapiens SET domain containing 6 (SETD6), transcript variant 1, mRNA [NM_001160305]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 2 (C15orf2), mRNA [NM_018958]
Homo sapiens tRNA phosphotransferase 1 (TRPT1), transcript variant 3, mRNA [NM_001160389]
Homo sapiens cDNA FLJ39824 fis, clone SPLEN2011981. [AK097143]

Homo sapiens nuclear receptor subfamily 0, group B, member 1 (NROB1), mRNA [NM_000475]
Homo sapiens slingshot homolog 1 (Drosophila) (SSH1), transcript variant 1, mRNA [NM_018984]
Homo sapiens vacuole membrane protein 1 (VMP1), mRNA [NM_030938]
Homo sapiens nitrogen permease regulator-like 3 (*S. cerevisiae*) (NPRL3), transcript variant 2, mRNA [NM_015909]
Homo sapiens neuroblastoma amplified sequence (NBAS), mRNA [NM_015909]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L16 (MRPL16), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 30 (DNAJC30), mRNA [NM_032317]
Homo sapiens transcobalamin I (vitamin B12 binding protein, R binder family) (TCN1), mRNA [NM_001037537]
Homo sapiens lymphotoxin beta (TNF superfamily, member 3) (LTB), transcript variant 1, mRNA [NM_001037537]
Homo sapiens phytanoyl-CoA 2-hydroxylase (PHYH), transcript variant 2, mRNA [NM_001037537]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 87 (C17orf87), mRNA [NM_207103]
Homo sapiens family with sequence similarity 83, member A (FAM83A), transcript variant 1, mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 2 (PPIL2), transcript variant 2, mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens nitric oxide synthase 1 (neuronal) adaptor protein (NOS1AP), transcript variant 1, mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_001184997]
Homo sapiens RRN3 RNA polymerase I transcription factor homolog (*S. cerevisiae*) (RRN3), mRNA [NM_001184997]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein FLJ33996 (FLJ33996), miscRNA [XR_110352]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005664), lincRNA [TCONS_00012134]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 12 (NDUFA12), nuclear gene
Homo sapiens ring finger protein 32 (RNF32), transcript variant 2, mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 1 (SERPINE1), mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 15 (Gq class) (GNA15), mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 1 (biliary glycoprotein) (CEACAM6), mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens fibronectin type III and SPRY domain containing 1-like (FSD1L), transcript variant 2, mRNA [NM_001184997]
Homo sapiens microtubule-associated protein 2 (MAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_002374]
Homo sapiens reticulocalbin 1, EF-hand calcium binding domain (RCN1), mRNA [NM_002901]
Homo sapiens glia maturation factor, beta (GMFB), mRNA [NM_004124]
Homo sapiens consortin, connexin sorting protein (CNST), transcript variant 2, mRNA [NM_0011394]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004924), lincRNA [TCONS_00010403]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2T (putative) (UBE2T), mRNA [NM_014176]
Homo sapiens Fraser syndrome 1 (FRAS1), transcript variant 1, mRNA [NM_025074]
Homo sapiens KIAA1407 (KIAA1407), mRNA [NM_020817]
Q90X21_CHICK (Q90X21) Olig2 (Fragment), partial (17%) [THC2661101]
Homo sapiens nucleolar protein family 6 (RNA-associated) (NOL6), transcript variant alpha, mRNA [NM_001184997]
GTPase activating Rap/RanGAP domain-like 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:25425] [ENST00000485331]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006399), lincRNA [TCONS_I2_00011955]

furry homolog (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:20367] [ENST00000436046]
Homo sapiens transmembrane protein 91 (TMEM91), transcript variant 5, mRNA [NM_001098824]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L45 (MRPL45), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens ovarian epithelial carcinoma-related protein mRNA, complete cds. [AF370457]
Homo sapiens collagen, type XI, alpha 2 (COL11A2), transcript variant 4, mRNA [NM_001163771]
Homo sapiens RNA terminal phosphate cyclase-like 1 (RCL1), mRNA [NM_005772]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 8 interacting protein 1 (MAPK8IP1), mRNA [NM_001184997]

Homo sapiens RANBP2-like and GRIP domain containing 6 (RGP6), transcript variant 2, mRNA [NM_001023076]
Homo sapiens unkempt homolog (Drosophila)-like (UNKL), transcript variant 3, mRNA [NM_023076]
Homo sapiens nuclear RNA export factor 3 (NXF3), mRNA [NM_022052]
Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000543]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 50, mRNA (cDNA clone IMAGE:5295006). [BC043123]
Homo sapiens solute carrier family 24 (sodium/potassium/calcium exchanger), member 4 (SLC24A4), mRNA [NM_001023076]
Homo sapiens adducin 2 (beta) (ADD2), transcript variant 1, mRNA [NM_001617]
Homo sapiens deltex homolog 2 (Drosophila) (DTX2), transcript variant 2, mRNA [NM_001102594]
Homo sapiens thymosin beta 15B (TMSB15B), mRNA [NM_194324]
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 46 (C4orf46), mRNA [NM_001008393]
Homo sapiens dpy-19-like 2 pseudogene 2 (C. elegans) (DPY19L2P2), transcript variant 2, non-coding RNA [NM_001023076]
Homo sapiens La ribonucleoprotein domain family, member 1 (LARP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001023076]
Homo sapiens misshapen-like kinase 1 (MINK1), transcript variant 3, mRNA [NM_153827]
Homo sapiens WD repeat domain 1 (WDR1), transcript variant 1, mRNA [NM_017491]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006789), lincRNA [TCONS_I2_00012635]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor 1 (ARF1), transcript variant 1, mRNA [NM_001024227]
Homo sapiens kelch-like 18 (Drosophila) (KLHL18), mRNA [NM_025010]
Homo sapiens zinc finger protein 202 (ZNF202), mRNA [NM_003455]
Homo sapiens cytosolic thiouridylase subunit 1 homolog (S. pombe) (CTU1), mRNA [NM_145232]
Homo sapiens glutamyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative) (EARS2), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001023076]
Homo sapiens neuroblastoma breakpoint family, member 14 (NBPF14), mRNA [NM_015383]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L9 (MRPL9), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001023076]
Homo sapiens ribosomal protein L22-like 1 (RPL22L1), mRNA [NM_001099645]
Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) [NM_001023076]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L12 (MRPL12), nuclear gene encoding mitochondria [NM_001023076]
Homo sapiens mitochondrial intermediate peptidase (MIPEP), nuclear gene encoding mitochondria [NM_001023076]
Homo sapiens glycosyltransferase 25 domain containing 2 (GLT25D2), mRNA [NM_015101]
Homo sapiens multiple C2 domains, transmembrane 1 (MCTP1), transcript variant L, mRNA [NM_001023076]
Homo sapiens uncharacterized LOC728431 (LOC728431), non-coding RNA [NR_038842]
Homo sapiens adrenergic, alpha-1A-, receptor (ADRA1A), transcript variant 4, mRNA [NM_033304]
Homo sapiens hyaluronoglucosaminidase 2 (HYAL2), transcript variant 2, mRNA [NM_033158]
Homo sapiens ARP5 actin-related protein 5 homolog (yeast) (ACTR5), mRNA [NM_024855]
Homo sapiens WEE1 homolog (S. pombe) (WEE1), transcript variant 1, mRNA [NM_003390]
Homo sapiens CD164 sialomucin-like 2 (CD164L2), mRNA [NM_207397]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat and ankyrin repeat containing 1 (TRANK1), mRNA [NM_014444]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S35 (MRPS35), nuclear gene encoding mitochondria [NM_001023076]
Homo sapiens uncharacterized LOC283335 (LOC283335), non-coding RNA [NR_033854]
Homo sapiens beta-2-microglobulin (B2M), mRNA [NM_004048]
Homo sapiens Fc fragment of IgG, high affinity I_b, receptor (CD64) (FCGR1B), transcript variant 3, mRNA [NM_001023076]
Homo sapiens leucine zipper-EF-hand containing transmembrane protein 1 (LETM1), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001023076]
Homo sapiens highly accelerated region 1A (non-protein coding) (HAR1A), non-coding RNA [NR_001023076]
BX095488 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998G104414, mRNA sequence [BX095488]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100132116 (LOC100132116), miscRNA [XR_110433]

Homo sapiens carnitine O-acetyltransferase (CRAT), nuclear gene encoding mitochondrial protein, t

Homo sapiens loss of heterozygosity, 12, chromosomal region 2 (LOH12CR2), non-coding RNA [NR_

Homo sapiens SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2 pseudogene 2 (SRGAP2P2), non-coding R

Homo sapiens solute carrier family 25, member 36 (SLC25A36), transcript variant 1, mRNA [NM_00:

Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 59 (C21orf59), transcript variant 1, mRNA [NM_

Homo sapiens RAP2C, member of RAS oncogene family (RAP2C), mRNA [NM_021183]

Homo sapiens NEDD4 binding protein 2-like 2 (N4BP2L2), transcript variant 1, mRNA [NM_033111]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 116-4 (SNORD116-4), small nucleolar RNA [NR_003319

Homo sapiens Kv channel interacting protein 4 (KCNIP4), transcript variant 5, mRNA [NM_00103500

Homo sapiens acyl-CoA dehydrogenase family, member 9 (ACAD9), nuclear gene encoding mitoch

Homo sapiens endothelin converting enzyme-like 1, pseudogene 2 (ECEL1P2), non-coding RNA [NR_

Homo sapiens LYR motif containing 5 (LYRM5), mRNA [NM_001001660]

Homo sapiens histocompatibility (minor) HA-1 (HMHA1), mRNA [NM_012292]

Homo sapiens aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-

Homo sapiens proline rich 7 (synaptic) (PRR7), transcript variant 1, mRNA [NM_030567]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506499 (LOC100506499), miscRNA [XR_110290]

Homo sapiens telomerase reverse transcriptase (TERT), transcript variant 1, mRNA [NM_198253]

Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 82 (C11orf82), mRNA [NM_145018]

Homo sapiens asparagine synthetase (glutamine-hydrolyzing) (ASNS), transcript variant 2, mRNA [N

Homo sapiens programmed cell death 5 (PDCD5), mRNA [NM_004708]

Homo sapiens glycine-N-acyltransferase-like 1 (GLYATL1), transcript variant 1, mRNA [NM_080661]

Homo sapiens pro-melanin-concentrating hormone (PMCH), mRNA [NM_002674]

Homo sapiens 5',3'-nucleotidase, mitochondrial (NT5M), nuclear gene encoding mitochondrial prot

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC642691 (FLJ37786), miscRNA [XR_108343]

PREDICTED: Homo sapiens FLJ00317 protein (LOC390660), miscRNA [XR_109177]

Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 17 (KCNK17), transcript variant 1, mRNA [N

Homo sapiens glutamate receptor, metabotropic 5 pseudogene (LOC440040), non-coding RNA [NR_

Homo sapiens SET domain containing 6 (SETD6), transcript variant 2, mRNA [NM_024860]

Homo sapiens protease, serine, 3 (PRSS3), transcript variant 2, mRNA [NM_002771]

PREDICTED: Homo sapiens IGY565 (LOC100130428), miscRNA [XR_110533]

Homo sapiens fem-1 homolog a (C. elegans) (FEM1A), mRNA [NM_018708]

Homo sapiens ribosomal protein S3 (RPS3), mRNA [NM_001005]

Homo sapiens uncharacterized locus MGC21881 (MGC21881), non-coding RNA [NR_015363]

Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10-like (ARHGEF10L), transcript varian

Homo sapiens OMA1 homolog, zinc metallopeptidase (S. cerevisiae) (OMA1), mRNA [NM_145243]

Homo sapiens histone cluster 1, H2am (HIST1H2AM), mRNA [NM_003514]

Homo sapiens histone cluster 1, H4f (HIST1H4F), mRNA [NM_003540]

cell growth regulator with EF-hand domain 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:16962] [ENST00000440612

Homo sapiens testis expressed 101 (TEX101), transcript variant 1, mRNA [NM_031451]

Homo sapiens serine/threonine kinase 3 (STK3), mRNA [NM_006281]

Homo sapiens solute carrier organic anion transporter family, member 4C1 (SLCO4C1), mRNA [NM_

Homo sapiens solute carrier family 6, member 17 (SLC6A17), mRNA [NM_001010898]

Homo sapiens SRSF protein kinase 1 (SRPK1), transcript variant 1, mRNA [NM_003137]
Homo sapiens E1A binding protein p300 (EP300), mRNA [NM_001429]
Homo sapiens breakpoint cluster region (BCR), transcript variant 1, mRNA [NM_004327]

Homo sapiens phosphorylase, glycogen; brain (PYGB), mRNA [NM_002862]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L48 (MRPL48), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 14 (CDK14), mRNA [NM_012395]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013277), lincRNA [TCONS_I2_00027046]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002730), lincRNA [TCONS_00006915]
Homo sapiens muscle-related coiled-coil protein (MURC), mRNA [NM_001018116]
Homo sapiens interferon regulatory factor 9 (IRF9), mRNA [NM_006084]
Homo sapiens transmembrane protein 206 (TMEM206), transcript variant 2, mRNA [NM_018252]
Homo sapiens PR domain containing 1, with ZNF domain (PRDM1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens coenzyme Q2 homolog, prenyltransferase (yeast) (COQ2), nuclear gene encoding mit
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002729), lincRNA [TCONS_I2_00005385]
Homo sapiens radixin (RDX), mRNA [NM_002906]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 3 (ARL3), mRNA [NM_004311]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S27 (MRPS27), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens procollagen C-endopeptidase enhancer 2 (PCOLCE2), mRNA [NM_013363]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001667), lincRNA [TCONS_00003868]
Homo sapiens protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1A (PPM1A), transcript variant 2, mRN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006882), lincRNA [TCONS_00014807]
FCGR1_HUMAN (P12314) High affinity immunoglobulin gamma Fc receptor I precursor (Fc-gamma I
Homo sapiens microtubule associated serine/threonine kinase 2 (MAST2), mRNA [NM_015112]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 2 (ZDHHC2), mRNA [NM_016353]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015562), lincRNA [TCONS_I2_00030260]
Homo sapiens phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, phosphoribosylaminoimidazole succinoc
Homo sapiens complement component (3b/4b) receptor 1 (Knops blood group) (CR1), transcript va
Homo sapiens EF-hand domain family, member B (EFHB), mRNA [NM_144715]
Homo sapiens mitochondrial calcium uniporter (MCU), nuclear gene encoding mitochondrial protei
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001081), lincRNA [TCONS_00001714]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507539 (LOC100507539), miscRNA [XR_110467]

Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like (HNRPDL), transcript variant 2, mRN
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401286 (LOC401286), miscRNA [XR_110199]
Homo sapiens non-SMC condensin I complex, subunit D2 (NCAPD2), mRNA [NM_014865]
methyltransferase like 15 [Source:HGNC Symbol;Acc:26606] [ENST00000437814]
Homo sapiens pseudouridylate synthase-like 1 (PUSL1), mRNA [NM_153339]
Homo sapiens tripartite motif containing 28 (TRIM28), mRNA [NM_005762]
Homo sapiens ring finger protein 220 (RNF220), mRNA [NM_018150]
Homo sapiens ribonuclease H2, subunit A (RNASEH2A), mRNA [NM_006397]
coenzyme Q3 homolog, methyltransferase (*S. cerevisiae*) [Source:HGNC Symbol;Acc:18175] [ENST0
Homo sapiens uncharacterized LOC255654 (LOC255654), non-coding RNA [NR_040002]
Homo sapiens CD68 molecule (CD68), transcript variant 1, mRNA [NM_001251]

Homo sapiens CD300a molecule (CD300A), mRNA [NM_007261]
Homo sapiens Fc fragment of IgG, high affinity lb, receptor (CD64) (FCGR1B), transcript variant 3, mRNA [NM_016594]
Homo sapiens FK506 binding protein 11, 19 kDa (FKBP11), transcript variant 1, mRNA [NM_016594]
Homo sapiens ets variant 6 (ETV6), mRNA [NM_001987]
Homo sapiens cDNA FLJ35464 fis, clone SMINT2005402. [AK092783]
Homo sapiens calmin (calponin-like, transmembrane) (CLMN), mRNA [NM_024734]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin 5 (SIGLEC5), mRNA [NM_003830]
PREDICTED: Homo sapiens density-regulated protein-like (LOC100652897), miscRNA [XR_132765]
602076178F1 NIH_MGC_62 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4243362 5', mRNA sequence [BF5705]
Homo sapiens importin 4 (IPO4), mRNA [NM_024658]
Homo sapiens kelch domain containing 8A (KLHDC8A), mRNA [NM_018203]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100506447 (LOC100506447), mRNA [XM_003111]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006188), lincRNA [TCONS_00014179]
Homo sapiens solute carrier family 9, subfamily B (cation proton antiporter 2), member 2 (SLC9B2), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens N-acetylglucosamine-1-phosphate transferase, alpha and beta subunits (GNPTAB), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens BCL2-like 14 (apoptosis facilitator) (BCL2L14), transcript variant 1, mRNA [NM_138721]
Homo sapiens peroxiredoxin 1 (PRDX1), transcript variant 1, mRNA [NM_002574]
Homo sapiens solute carrier family 30 (zinc transporter), member 1 (SLC30A1), mRNA [NM_021194]
Homo sapiens multiple coagulation factor deficiency 2 (MCFD2), transcript variant 1, mRNA [NM_138721]
Homo sapiens glycophorin B (MNS blood group) (GYPB), mRNA [NM_002100]
Homo sapiens myelin protein zero (MPZ), mRNA [NM_000530]
Homo sapiens down-regulator of transcription 1, TBP-binding (negative cofactor 2) (DR1), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens aquaporin 3 (Gill blood group) (AQP3), mRNA [NM_004925]
Homo sapiens uncharacterized LOC441172 (FLJ46906), non-coding RNA [NR_033896]
Homo sapiens serrate RNA effector molecule homolog (Arabidopsis) (SRRT), transcript variant 5, mRNA [NM_001163]
BY994446 full-length enriched Human Mast Cell cDNA library Homo sapiens cDNA clone MCN0796 5'
Homo sapiens germ cell associated 2 (haspin) (GSG2), mRNA [NM_031965]
Homo sapiens dynein heavy chain domain 1 (DNHD1), transcript variant 1, mRNA [NM_144666]
Homo sapiens WD repeat domain 5 pseudogene (LOC401127), non-coding RNA [NR_026854]
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2 (EEF1B2), transcript variant 1, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens acyl-CoA thioesterase 9 (ACOT9), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens tuftelin 1 (TUFT1), transcript variant 1, mRNA [NM_020127]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015879), lincRNA [TCONS_I2_00030891]
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 58 (C10orf58), transcript variant 1, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens nephronophthisis 3 (adolescent) (NPHP3), mRNA [NM_153240]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506649 (LOC100506649), non-coding RNA [NR_038924]
Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), beta 1, 88kDa (CTNNB1), transcript variant 3, mRNA [NM_001163]
PT1.3_03_G05.r tumor1 Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [AI525606]
Homo sapiens tospeak (LOC100616530), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_038201]
Homo sapiens histone cluster 2, H4b (HIST2H4B), mRNA [NM_001034077]
Homo sapiens Pvt1 oncogene (non-protein coding) (PVT1), non-coding RNA [NR_003367]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 46 (ZBTB46), mRNA [NM_025224]
Homo sapiens SET domain and mariner transposase fusion gene (SETMAR), transcript variant 1, mRNA [NM_001163]

Homo sapiens ring finger protein 213 (RNF213), transcript variant 1, mRNA [NM_020914]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011150), lincRNA [TCONS_00022896]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008642), lincRNA [TCONS_00018357]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (15%) [THC:
Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 2 (ZSCAN2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens archain 1 (ARCN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001655]
Homo sapiens akirin 2 (AKIRIN2), mRNA [NM_018064]
Homo sapiens proline-serine-threonine phosphatase interacting protein 2 (PSTPIP2), mRNA [NM_0:
Homo sapiens myosin IE (MYO1E), mRNA [NM_004998]
Homo sapiens discs, large (Drosophila) homolog-associated protein 1 (DLGAP1), transcript variant 1
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506126 (LOC100506126), miscRNA [XR_110461]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131094 (LOC100131094), mRNA [NM_001242901]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) assembly chaperone 4 (PSMG4), transcript varian
Homo sapiens ZW10 interactor (ZWINT), transcript variant 2, mRNA [NM_032997]
Homo sapiens zinc finger protein 273 (ZNF273), transcript variant 1, mRNA [NM_021148]
Q3SDF2_PARTE (Q3SDF2) EPI21 protein, partial (5%) [THC2694828]
Homo sapiens dedicator of cytokinesis 2 (DOCK2), mRNA [NM_004946]
Homo sapiens cytochrome P450, family 4, subfamily V, polypeptide 2 (CYP4V2), mRNA [NM_20735:
Homo sapiens zinc finger protein 36, C3H type-like 2 (ZFP36L2), mRNA [NM_006887]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 8 (with GRAM domain) (TBC1D8), mRNA [NM_001102:

Homo sapiens vasodilator-stimulated phosphoprotein (VASP), mRNA [NM_003370]
Homo sapiens NHL repeat containing 2 (NHLRC2), mRNA [NM_198514]
N-deacetylase/N-sulfotransferase (heparan glucosaminyl) 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:7682] [ENST:
Homo sapiens G protein-coupled receptor associated sorting protein 2 (GPRASP2), transcript varian
Homo sapiens ATPase, class II, type 9A (ATP9A), mRNA [NM_006045]
Homo sapiens calmodulin binding transcription activator 1 (CAMTA1), transcript variant 3, mRNA [N
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 16B (PPP1R16B), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-17 (SNORD114-17), small nucleolar RNA [NR_0032
Homo sapiens phosphoribosylformylglycinamide synthase (PFAS), mRNA [NM_012393]
Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 3 regulator 2 (SLC9A3)
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 44 homolog (yeast) (TIMM44), nuclear
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011535), lincRNA [TCONS_00024175]
Homo sapiens cDNA FLJ44124 fis, clone THYMU2005321. [AK126112]
Homo sapiens nucleoporin 160kDa (NUP160), mRNA [NM_015231]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase domain containing 1 (PTPDC1), transcript variant 2, mR
Homo sapiens peptidase (mitochondrial processing) alpha (PMPCA), nuclear gene encoding mitoch
Homo sapiens mesoderm induction early response 1, family member 3 (MIER3), mRNA [NM_15262
Homo sapiens RRS1 ribosome biogenesis regulator homolog (S. cerevisiae) (RRS1), mRNA [NM_015:
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 33 (C8orf33), mRNA [NM_023080]
Homo sapiens family with sequence similarity 91, member A1 (FAM91A1), mRNA [NM_144963]
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated) (FABP5), mRNA [NM_001444]
Homo sapiens agmatine ureohydrolase (agmatinase) (AGMAT), mRNA [NM_024758]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein MGC27345 (MGC27345), miscRNA [XR_108807]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011902), lincRNA [TCONS_I2_00022725]
Homo sapiens O-sialoglycoprotein endopeptidase-like 1 (OSGEPL1), mRNA [NM_022353]
Homo sapiens family with sequence similarity 174, member B (FAM174B), mRNA [NM_207446]
Homo sapiens cDNA FLJ39676 fis, clone SMINT2009832. [AK096995]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507599 (LOC100507599), miscRNA [XR_109753]
Homo sapiens cold inducible RNA binding protein (CIRBP), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_001000]
Homo sapiens ring finger protein 213 (RNF213), transcript variant 2, mRNA [NM_020954]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006223), lincRNA [TCONS_00013572]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 10 (KCTD10), mRNA [NM_031250]

nbj08c11.y1 Human optic nerve. Unnormalized (nbj) Homo sapiens cDNA clone nbj08c11 5', mRNA
Homo sapiens spermatogenesis associated, serine-rich 2-like (SPATS2L), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens dual specificity phosphatase 28 (DUSP28), mRNA [NM_001033575]
Homo sapiens ring finger protein 122 (RNF122), mRNA [NM_024787]
Homo sapiens adenosylmethionine decarboxylase 1 (AMD1), transcript variant 1, mRNA [NM_001600]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 85 (C8orf85), mRNA [NM_001025357]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005526), lincRNA [TCONS_00011405]
Homo sapiens cDNA FLJ42271 fis, clone TKIDN2015788. [AK124265]
Q46HA9_PROMT (Q46HA9) Uncharacterized conserved membrane protein, partial (7%) [THC26070]
Homo sapiens LSM domain containing 1 (LSMD1), mRNA [NM_032356]
Homo sapiens tospeak (LOC100616530), transcript variant 6, non-coding RNA [NR_038206]
Homo sapiens chitinase 1 (chitotriosidase) (CHIT1), mRNA [NM_003465]
Homo sapiens cadherin 26 (CDH26), transcript variant b, mRNA [NM_021810]

602326332F1 NIH_MGC_91 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4428126 5', mRNA sequence [BG036]
Homo sapiens paired box 9 (PAX9), mRNA [NM_006194]
Homo sapiens cleavage and polyadenylation specific factor 3, 73kDa (CPSF3), mRNA [NM_016207]
Homo sapiens ribonucleotide reductase M1 (RRM1), mRNA [NM_001033]
Homo sapiens cDNA FLJ45167 fis, clone BRAWH3044676. [AK127110]
RST29330 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG209803]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507351 (LOC100507351), non-coding RNA [NR_040050]
Homo sapiens erbb2 interacting protein (ERBB2IP), transcript variant 2, mRNA [NM_018695]
Homo sapiens RecQ protein-like 5 (RECQL5), transcript variant 1, mRNA [NM_004259]
Homo sapiens charged multivesicular body protein 6 (CHMP6), mRNA [NM_024591]
Homo sapiens uncharacterized LOC399821 (FLJ37035), non-coding RNA [NR_033847]
Homo sapiens family with sequence similarity 108, member B1 (FAM108B1), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens processing of precursor 1, ribonuclease P/MRP subunit (S. cerevisiae) (POP1), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001000]
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 18 (C18orf18), non-coding RNA [NR_026849]
Homo sapiens nucleotide binding protein-like (NUBPL), transcript variant 1, mRNA [NM_025152]
Homo sapiens ribosomal protein S2 pseudogene 32 (RPS2P32), non-coding RNA [NR_026676]
Homo sapiens origin recognition complex, subunit 2 (ORC2), transcript variant 1, mRNA [NM_00619]
Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 11 (SRSF11), transcript variant 2, mRNA [NM_001000]
Homo sapiens acyl-CoA binding domain containing 7 (ACBD7), mRNA [NM_001039844]

Homo sapiens olfactomedin-like 2A (OLFML2A), mRNA [NM_182487]
Homo sapiens selenocysteine lyase (SCLY), mRNA [NM_016510]
histone cluster 1, H2ag [Source:HGNC Symbol;Acc:4737] [ENST00000359193]
Homo sapiens family with sequence similarity 207, member A (FAM207A), mRNA [NM_058190]
Homo sapiens cDNA FLJ14761 fis, clone NT2RP3003302. [AK027667]
603180829F1 NIH_MGC_121 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5245134 5', mRNA sequence [BI914
AL557700 Homo sapiens T CELLS (JURKAT CELL LINE) Homo sapiens cDNA clone CS0DH007YI06 5-PR
Homo sapiens methyltransferase like 9 (METTL9), transcript variant 1, mRNA [NM_016025]
tetratricopeptide repeat domain 9C [Source:HGNC Symbol;Acc:28432] [ENST00000294161]
Homo sapiens phosphoglycerate dehydrogenase (PHGDH), mRNA [NM_006623]

Homo sapiens nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 4 (NFATC4), tr
D4, zinc and double PHD fingers, family 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:17427] [ENST00000366353]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3453690, partial cds. [BC000817]
Homo sapiens family with sequence similarity 120C (FAM120C), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens solute carrier family 16, member 9 (monocarboxylic acid transporter 9) (SLC16A9), m
Homo sapiens BTG family, member 2 (BTG2), mRNA [NM_006763]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 27, X-linked (USP27X), mRNA [NM_001145073]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012794), lincRNA [TCONS_00026462]
Homo sapiens solute carrier family 35, member E1 (SLC35E1), mRNA [NM_024881]
Homo sapiens acetyl-CoA acetyltransferase 1 (ACAT1), nuclear gene encoding mitochondrial protei
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member B2 (FAM86B2), mRNA [NM_001137610]
Homo sapiens cAMP responsive element binding protein 3-like 4 (CREB3L4), mRNA [NM_130898]
Homo sapiens uncharacterized LOC400512 (FLJ21408), non-coding RNA [NR_037184]
myosin phosphatase Rho interacting protein [Source:HGNC Symbol;Acc:30321] [ENST00000395807]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100287803, transcript variant 1 (LOC100287803), miscF
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001966), lincRNA [TCONS_00004118]
Homo sapiens family with sequence similarity 65, member A (FAM65A), transcript variant 1, mRNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006037), lincRNA [TCONS_I2_00011637]
Homo sapiens chibby homolog 1 (Drosophila) (CBY1), transcript variant 2, mRNA [NM_001002880]
Homo sapiens phospholipase A2, group XV (PLA2G15), mRNA [NM_012320]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100288798 (LOC100288798), miscRNA [XR_110375]
Homo sapiens transmembrane and coiled-coil domains 6 (TMCO6), mRNA [NM_018502]
Homo sapiens dual oxidase 2 (DUOX2), mRNA [NM_014080]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007868), lincRNA [TCONS_00016491]
Homo sapiens TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 3 (TAB3), mRNA [NM_152787]

Homo sapiens archaelysin family metallopeptidase 2 (AMZ2), transcript variant 1, mRNA [NM_0166
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6, 17kDa (NDUFB6), nuclear
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015039), lincRNA [TCONS_I2_00029085]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2D (EIF2D), transcript variant 1, mRNA [NM_0
Homo sapiens fibroblast growth factor 7 pseudogene (KGFLP1), non-coding RNA [NR_003674]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506847 (LOC100506847), miscRNA [XR_111729]
Homo sapiens tet methylcytosine dioxygenase 1 (TET1), mRNA [NM_030625]

Homo sapiens solute carrier family 26 (sulfate transporter), member 1 (SLC26A1), transcript variant
Homo sapiens ClpB caseinolytic peptidase B homolog (E. coli) (CLPB), mRNA [NM_030813]
Homo sapiens cDNA FLJ35516 fis, clone SPLEN2000695. [AK092835]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, class 2, beta polypeptide (PIK3C2B), mRNA [NM_002646]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit F (EIF3F), mRNA [NM_003754]
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex assembly factor 1 (SDHAF1), nuclear gene encodir
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A2 (ANKRD20A2), mRNA [NM_001012421
leukocyte receptor tyrosine kinase [Source:HGNC Symbol;Acc:6721] [ENST00000360087]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004032), lincRNA [TCONS_00007807]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-3 (SNORD114-3), small nucleolar RNA [NR_003195]
Homo sapiens transmembrane protein 170B (TMEM170B), mRNA [NM_001100829]
Homo sapiens pyrimidinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 6 (P2RY6), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens acidic (leucine-rich) nuclear phosphoprotein 32 family, member B (ANP32B), mRNA [I
Homo sapiens processing of precursor 7, ribonuclease P/MRP subunit (S. cerevisiae) (POP7), mRNA
Homo sapiens zinc finger protein 843 (ZNF843), mRNA [NM_001136509]
MCF.2 cell line derived transforming sequence-like [Source:HGNC Symbol;Acc:14576] [ENST0000003
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003792), lincRNA [TCONS_I2_00006932]
Homo sapiens bridging integrator 1 (BIN1), transcript variant 4, mRNA [NM_139346]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505912 (LOC100505912), non-coding RNA [NR_037877]
Homo sapiens excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation grou
Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 1 (NRIP1), mRNA [NM_003489]
Homo sapiens U2AF homology motif (UHM) kinase 1 (UHMK1), transcript variant 1, mRNA [NM_175
Homo sapiens host cell factor C2 (HCFC2), mRNA [NM_013320]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 100 (C9orf100), mRNA [NM_032818]
Homo sapiens wntless-type MMTV integration site family, member 3 (WNT3), mRNA [NM_030753]
Homo sapiens LATS, large tumor suppressor, homolog 1 (Drosophila) (LATS1), mRNA [NM_004690]
Homo sapiens calmegin (CLGN), transcript variant 1, mRNA [NM_004362]
Homo sapiens cDNA FLJ42334 fis, clone TUTER2000916. [AK124325]
Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit Va (COX5A), nuclear gene encoding mitochondrial prot
Homo sapiens ribonuclease P/MRP 40kDa subunit (RPP40), mRNA [NM_006638]
Homo sapiens uncharacterized LOC642924 (LOC642924), non-coding RNA [NR_033858]
Homo sapiens uncharacterized LOC728875 (LOC728875), non-coding RNA [NR_024584]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 51 (C17orf51), mRNA [NM_001113434]
Homo sapiens zinc finger protein 280B (ZNF280B), mRNA [NM_080764]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014389), lincRNA [TCONS_00029706]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family A member 6 (PLEKHA6), mRNA [NM_
Homo sapiens general transcription factor IIH, polypeptide 1, 62kDa (GTF2H1), transcript variant 1,
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507948, transcript variant 1 (LOC100507948), miscF
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 47 (C9orf47), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens ATG3 autophagy related 3 homolog (S. cerevisiae) (ATG3), mRNA [NM_022488]
Homo sapiens EH domain binding protein 1 (EHBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_015252]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 3, X-linked (DDX3X), transcript variant 1, mF
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100509105 (LOC100509105), miscRNA [XR_113070]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007449), lincRNA [TCONS_I2_00013845]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004847), lincRNA [TCONS_00009677]
Homo sapiens CXXC finger protein 1 (CXXC1), transcript variant 2, mRNA [NM_014593]
Homo sapiens GRAM domain containing 4 (GRAMD4), mRNA [NM_015124]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor GTPase activating protein 2 (ARFGAP2), transcript variant 1, r
Homo sapiens GTPase, IMAP family member 2 (GIMAP2), mRNA [NM_015660]
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 7 (GEMIN7), transcript variant 1, mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008203), lincRNA [TCONS_I2_00014795]
Homo sapiens neuropilin (NRP) and tolloid (TLL)-like 2 (NETO2), transcript variant 1, mRNA [NM_01.

Homo sapiens FYVE, RhoGEF and PH domain containing 4 (FGD4), mRNA [NM_139241]

Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.9 (dematin) (EPB49), transcript variant 1, mRNA
DB026495 TESTI2 Homo sapiens cDNA clone TESTI2008712 5', mRNA sequence [DB026495]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132273 (LOC100132273), non-coding RNA [NR_034118]
Homo sapiens apolipoprotein L, 4 (APOL4), transcript variant a, mRNA [NM_030643]
Homo sapiens patatin-like phospholipase domain containing 4 (PNPLA4), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens HLA complex group 18 (non-protein coding) (HCG18), non-coding RNA [NR_024052]
Homo sapiens zinc finger protein 498 (ZNF498), mRNA [NM_145115]

Homo sapiens sema domain, transmembrane domain (TM), and cytoplasmic domain, (semaphorin)
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006446), lincRNA [TCONS_00013173]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens kelch-like 25 (Drosophila) (KLHL25), mRNA [NM_022480]
Homo sapiens centrosomal protein 152kDa (CEP152), transcript variant 2, mRNA [NM_014985]
Homo sapiens MYLK antisense RNA 1 (non-protein coding) (MYLK-AS1), non-coding RNA [NR_03826]
Homo sapiens integrin, alpha 4 (antigen CD49D, alpha 4 subunit of VLA-4 receptor) (ITGA4), mRNA [
Homo sapiens homer homolog 2 (Drosophila) (HOMER2), transcript variant 2, mRNA [NM_199330]
Homo sapiens ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 2 (UHRF2), mRNA [NM_152896]
Homo sapiens 5'-3' exoribonuclease 2 (XRN2), mRNA [NM_012255]
Homo sapiens tumor protein D52-like 2 (TPD52L2), transcript variant 1, mRNA [NM_199360]
Homo sapiens zinc finger protein 205 (ZNF205), transcript variant 1, mRNA [NM_003456]
Homo sapiens centromere protein F, 350/400kDa (mitosin) (CENPF), mRNA [NM_016343]
Homo sapiens peptidyl-tRNA hydrolase 2 (PTRH2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, ml
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 13, pseudogene (ABCC13), i
Homo sapiens nucleoporin 88kDa (NUP88), mRNA [NM_002532]
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 9 (PARP9), transcript variant 1, mRNA

Homo sapiens dickkopf-like 1 (DKKL1), transcript variant 1, mRNA [NM_014419]
Homo sapiens uncharacterized LOC150381 (LOC150381), non-coding RNA [NR_027034]
Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 1 (TTLL1), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens zinc finger protein 62 homolog (mouse) (ZFP62), transcript variant 1, mRNA [NM_152
Homo sapiens 5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase reductase (MTRR), transc
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5302913. [BC039426]

Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 9, Y-linked (USP9Y), mRNA [NM_004654]
Homo sapiens ubiquitin-like modifier activating enzyme 7 (UBA7), mRNA [NM_003335]
Homo sapiens BRICK1, SCAR/WAVE actin-nucleating complex subunit (BRK1), mRNA [NM_018462]
Homo sapiens sorting nexin 13 (SNX13), mRNA [NM_015132]
Homo sapiens uncharacterized LOC100240734 (LOC100240734), non-coding RNA [NR_026657]
Homo sapiens coenzyme Q10 homolog A (S. cerevisiae) (COQ10A), nuclear gene encoding mitochondrion
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 196 (C20orf196), mRNA [NM_152504]

Homo sapiens histone cluster 3, H2bb (HIST3H2BB), mRNA [NM_175055]
Homo sapiens transmembrane protein with EGF-like and two follistatin-like domains 2 (TMEFF2), mRNA [NM_013446]
Homo sapiens makorin ring finger protein 1 (MKRN1), transcript variant 1, mRNA [NM_013446]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13b (TNFSF13B), transcript variant 1, mRNA [NM_013446]
Homo sapiens ST6 (alpha-N-acetylneuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1,3)-N-acetylgalactosaminide alpha-2-mannosyltransferase 6 (ST6GALNAc6), nuclear gene encoding mitochondrion
Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 5 pseudogene (LOC100506720)
Homo sapiens zinc finger protein 248 (ZNF248), mRNA [NM_021045]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 6 (CCDC6), mRNA [NM_005436]
Homo sapiens cell division cycle associated 8 (CDCA8), mRNA [NM_018101]
Homo sapiens zinc finger protein 234 (ZNF234), transcript variant 1, mRNA [NM_006630]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506720 (LOC100506720), miscRNA [XR_109078]
Homo sapiens SEC14-like 2 (S. cerevisiae) (SEC14L2), transcript variant 2, mRNA [NM_033382]
Homo sapiens Tu translation elongation factor, mitochondrial (TUFM), nuclear gene encoding mitochondrion
Homo sapiens aspartate beta-hydroxylase domain containing 1 (ASPHD1), mRNA [NM_181718]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003289), lincRNA [TCONS_00005849]
Homo sapiens male-specific lethal 1 homolog (Drosophila) (MSL1), mRNA [NM_001012241]
Homo sapiens paternally expressed 3 (PEG3), transcript variant 1, mRNA [NM_006210]
Homo sapiens RNA, 5.8S ribosomal 1 (RN5-8S1), ribosomal RNA [NR_003285]
Homo sapiens ArfGAP with SH3 domain, ankyrin repeat and PH domain 1 (ASAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_014603]
Homo sapiens cerebellar degeneration-related protein 2-like (CDR2L), mRNA [NM_014603]
Homo sapiens mastermind-like 3 (Drosophila) (MAML3), mRNA [NM_018717]
Homo sapiens plexin D1 (PLXND1), mRNA [NM_015103]
Homo sapiens myomesin (M-protein) 2, 165kDa (MYOM2), mRNA [NM_003970]
Homo sapiens sortilin-related VPS10 domain containing receptor 2 (SORCS2), mRNA [NM_020777]
Homo sapiens NFkB activating protein pseudogene 1 (NKAPP1), non-coding RNA [NR_027131]
Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 4 (SLC9A4), mRNA [NM_015721]
Homo sapiens BMP2 inducible kinase (BMP2K), transcript variant 1, mRNA [NM_198892]
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 4 (GEMIN4), mRNA [NM_015721]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 6 (ABCB6), nuclear gene encoding mitochondrion
Homo sapiens phosphatidylethanolamine binding protein 1 (PEBP1), mRNA [NM_002567]
Homo sapiens vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2) (VAMP2), mRNA [NM_014603]

Homo sapiens magnesium transporter 1 (MAGT1), mRNA [NM_032121]
Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), transcript variant 1, mRNA [NM_006013]
Homo sapiens bystin-like (BYSL), mRNA [NM_004053]
Homo sapiens PC4 and SFRS1 interacting protein 1 (PSIP1), transcript variant 2, mRNA [NM_033222]

Homo sapiens N-acetyltransferase 10 (GCN5-related) (NAT10), transcript variant 1, mRNA [NM_024
Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor-like 2 (CCRL2), transcript variant 1, mRNA [NM_0039
Homo sapiens calcium binding protein 39 (CAB39), transcript variant 2, mRNA [NM_001130849]
Homo sapiens piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 (PIEZO2), mRNA [NM_022061
Homo sapiens zinc finger protein 362 (ZNF362), mRNA [NM_152493]

Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 16A (LRRC16A), transcript variant 1, mRNA [NM_01764
Homo sapiens sorting nexin 29 (SNX29), mRNA [NM_032167]
Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 40 homolog (yeast) (TOMM40), nuclea
Homo sapiens cDNA FLJ11710 fis, clone HEMBA1005149. [AK021772]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100129268, transcript variant 2 (LOC100129268), miscF
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 50 (C2orf50), mRNA [NM_182500]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130856 (LOC100130856), miscRNA [XR_109559]
Homo sapiens protein arginine methyltransferase 1 (PRMT1), transcript variant 1, mRNA [NM_0015
Homo sapiens angiomin 1 (AMOT), transcript variant 2, mRNA [NM_133265]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507739 (LOC100507739), miscRNA [XR_132660]
Homo sapiens cholinergic receptor, muscarinic 3 (CHRM3), mRNA [NM_000740]
Homo sapiens zinc finger protein 133 (ZNF133), transcript variant 1, mRNA [NM_003434]
Homo sapiens myosin IA (MYO1A), mRNA [NM_005379]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010372), lincRNA [TCONS_00021544]
Homo sapiens spermatogenesis associated, serine-rich 2 (SPATS2), mRNA [NM_023071]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007020), lincRNA [TCONS_00014948]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 12 (NDUFA12), nuclear gene
Homo sapiens uridine-cytidine kinase 2 (UCK2), mRNA [NM_012474]
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member A pseudogene (FLJ10661), transcript vari
Homo sapiens Abelson helper integration site 1 (AHI1), transcript variant 2, mRNA [NM_017651]
DA767045 NTONG2 Homo sapiens cDNA clone NTONG2008452 5', mRNA sequence [DA767045]
Homo sapiens KIAA1462 (KIAA1462), mRNA [NM_020848]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2 (KCNH2), tra
DB226000 TRACH3 Homo sapiens cDNA clone TRACH3018100 5', mRNA sequence [DB226000]
Homo sapiens bromodomain and WD repeat domain containing 1 (BRWD1), transcript variant 2, m
Homo sapiens MOB kinase activator 1A (MOB1A), mRNA [NM_018221]
Homo sapiens COX11 cytochrome c oxidase assembly homolog (yeast) (COX11), nuclear gene encoc

Homo sapiens annexin A8-like 2 (ANXA8L2), mRNA [NM_001630]
Homo sapiens PHD finger protein 20-like 1 (PHF20L1), transcript variant 3, mRNA [NM_198513]
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:A6NF06] [ENST00000335083]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 63 (C21orf63), mRNA [NM_058187]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; ornithine transporter) member 15 (SL
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family A (phosphoinositide binding specific)
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505882 (LOC100505882), miscRNA [XR_110336]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 8 (DUSP8), mRNA [NM_004420]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 74A (SNORA74A), small nucleolar RNA [NR_002915]

Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 17 (KCNK17), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens mucosa associated lymphoid tissue lymphoma translocation gene 1 (MALT1), transcr
Homo sapiens meiotic nuclear divisions 1 homolog (*S. cerevisiae*) (MND1), mRNA [NM_032117]
Homo sapiens fibronectin type III domain containing 1 (FNDC1), mRNA [NM_032532]
qo29c11.x1 NCI_CGAP_Lu5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1909940 3' similar to WP:F25H2.8 CEI
Homo sapiens NOP2/Sun domain family, member 5 (NSUN5), transcript variant 1, mRNA [NM_1489
Homo sapiens microtubule-associated protein tau (MAPT), transcript variant 1, mRNA [NM_016835
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3 (MAP4K3), mRNA [NM_0036
Homo sapiens leukemia inhibitory factor (cholinergic differentiation factor) (LIF), mRNA [NM_00230

Homo sapiens WD repeat domain 36 (WDR36), mRNA [NM_139281]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 13 (DCAF13), mRNA [NM_015420]
PREDICTED: Homo sapiens zinc finger protein 100-like (LOC400682), mRNA [XM_003118492]
Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like (MTHFD1L), nt
Homo sapiens death inducer-obliterator 1 (DIDO1), transcript variant 4, mRNA [NM_033081]
Homo sapiens suppressor of Ty 16 homolog (*S. cerevisiae*) (SUPT16H), mRNA [NM_007192]
Homo sapiens calbindin 2 (CALB2), transcript variant CALB2, mRNA [NM_001740]
Homo sapiens mastermind-like 2 (*Drosophila*) (MAML2), mRNA [NM_032427]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014018), lincRNA [TCONS_00028879]
Homo sapiens uncharacterized LOC80054 (LOC80054), non-coding RNA [NR_026887]
Homo sapiens zinc finger protein 709 (ZNF709), mRNA [NM_152601]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens TRAF family member-associated NFKB activator (TANK), transcript variant 2, mRNA [I
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010908), lincRNA [TCONS_00023036]
chemokine (C-C motif) ligand 4-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:10631] [ENST00000378350]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009762), lincRNA [TCONS_00020432]
Homo sapiens schlafen family member 13 (SLFN13), mRNA [NM_144682]
Homo sapiens cathepsin L1 pseudogene 2 (CTSL1P2), non-coding RNA [NR_033407]
DB451323 RIKEN full-length enriched human cDNA library, testis Homo sapiens cDNA clone H01305
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002433), lincRNA [TCONS_I2_00004711]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011130), lincRNA [TCONS_00022876]
Homo sapiens cAMP responsive element binding protein 3-like 1 (CREB3L1), mRNA [NM_052854]
Homo sapiens KIAA0125 (KIAA0125), non-coding RNA [NR_026800]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha activating activity polypeptide
Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase (PPAT), mRNA [NM_002703]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005133), lincRNA [TCONS_00011650]
Homo sapiens DNM1 pseudogene 46 (DNM1P46), non-coding RNA [NR_003260]
Homo sapiens B9 protein domain 1 (B9D1), transcript variant 2, mRNA [NM_015681]
Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 7 (PCSK7), mRNA [NM_004716]

chromosome 1 open reading frame 191 [Source:HGNC Symbol;Acc:32328] [ENST00000361350]
Homo sapiens ring finger protein 19B (RNF19B), transcript variant 1, mRNA [NM_153341]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 4 (SNORA4), small nucleolar RNA [NR_002588]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008203), lincRNA [TCONS_I2_00015922]

Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 13 (MAPK13), mRNA [NM_002754]
Homo sapiens uncharacterized LOC731275 (LOC731275), non-coding RNA [NR_029401]

Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E (SNRPE), mRNA [NM_003094]
Homo sapiens adenosylhomocysteinase (AHCY), transcript variant 1, mRNA [NM_000687]
Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase-like (OASL), transcript variant 1, mRNA [NM_003733]
Q9VKG5_DROME (Q9VKG5) CG14930-PA (AT28291p), partial (5%) [THC2679405]
Homo sapiens glycine-N-acyltransferase-like 1 (GLYATL1), transcript variant 2, mRNA [NM_0012204]
Homo sapiens chymase 1, mast cell (CMA1), mRNA [NM_001836]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide G (32kD) (POLR3G), mRNA [NM_006852]
Homo sapiens killin, p53-regulated DNA replication inhibitor (KLLN), mRNA [NM_001126049]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 47 (C6orf47), mRNA [NM_021184]
Homo sapiens tousled-like kinase 2 (TLK2), transcript variant A, mRNA [NM_006852]
Homo sapiens tRNA splicing endonuclease 2 homolog (*S. cerevisiae*) (TSEN2), transcript variant 1, mRNA [NM_001601822073F1 NIH_MGC_75 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4042266 5', mRNA sequence [BF105601822073F1 NIH_MGC_75]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 182 (C1orf182), mRNA [NM_144627]
full-length cDNA clone CS0DB006YB20 of Neuroblastoma Cot 10-normalized of Homo sapiens (human) (CS0DB006YB20)
Homo sapiens hypothetical protein LOC257396, mRNA (cDNA clone IMAGE:5298658). [BC041894]
Homo sapiens centromere protein E, 312kDa (CENPE), mRNA [NM_001813]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class U (PIGU), mRNA [NM_080476]
Homo sapiens PRP31 pre-mRNA processing factor 31 homolog (*S. cerevisiae*) (PRPF31), mRNA [NM_001601822073F1 NIH_MGC_75]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012965), lincRNA [TCONS_00026898]
Homo sapiens H2A histone family, member J (H2AFJ), transcript variant 1, mRNA [NM_177925]
Homo sapiens MOCO sulphurase C-terminal domain containing 1 (MOSC1), nuclear gene encoding rRNA (MOSC1)
Homo sapiens syndecan binding protein (syntenin) (SDCBP), transcript variant 1, mRNA [NM_00562]
Homo sapiens uncharacterized LOC440896 (LOC440896), non-coding RNA [NR_015361]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, A (PTPRA), transcript variant 1, mRNA [NM_001601822073F1 NIH_MGC_75]
Homo sapiens dynactin 4 (p62) (DCTN4), transcript variant 2, mRNA [NM_016221]
Homo sapiens hydroxypyruvate isomerase (putative) (HYI), transcript variant 1, mRNA [NM_031207]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 23 (LRRC23), transcript variant 2, mRNA [NM_006992]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 2 (DNAJB2), transcript variant 2, mRNA [NM_001601822073F1 NIH_MGC_75]
Homo sapiens ISG15 ubiquitin-like modifier (ISG15), mRNA [NM_005101]
Homo sapiens CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 3 (CDC42EP3), mRNA [NM_006449]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 25 (C6orf25), transcript variant 1, mRNA [NM_021184]
Homo sapiens zinc finger protein 395 (ZNF395), mRNA [NM_018660]
Homo sapiens golgin A3 (GOLGA3), transcript variant 2, mRNA [NM_001172557]
Homo sapiens GATA binding protein 2 (GATA2), transcript variant 1, mRNA [NM_001145661]
Homo sapiens alpha thalassemia/mental retardation syndrome X-linked (ATRX), transcript variant 1
Homo sapiens BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 3-like (BNIP3L), mRNA [NM_004331]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006812), lincRNA [TCONS_I2_00012688]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 10 (DDX10), mRNA [NM_004398]
Homo sapiens solute carrier family 7 (amino acid transporter light chain, L system), member 8 (SLC7A8)
Homo sapiens MAX gene associated (MGA), transcript variant 1, mRNA [NM_001164273]
Homo sapiens osteopetrosis associated transmembrane protein 1 (OSTM1), mRNA [NM_014028]

Homo sapiens uncharacterized protein FLJ35946 (FLJ35946), non-coding RNA [NR_033932]
Homo sapiens uncharacterized LOC151484 (LOC151484), non-coding RNA [NR_038238]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 20 (USP20), transcript variant 2, mRNA [NM_001008563]
Homo sapiens potassium channel regulator (KCNRG), transcript variant 2, mRNA [NM_199464]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial oxodicarboxylate carrier), member 21 (SLC25A21), mRNA [NM_017623]
Homo sapiens natural cytotoxicity triggering receptor 3 (NCR3), transcript variant 1, mRNA [NM_141414]
Homo sapiens family with sequence similarity 134, member A (FAM134A), mRNA [NM_024293]
Homo sapiens LFNG O-fucosylpeptide 3-beta-N-acetylglucosaminyltransferase (LFNG), transcript variant 1, mRNA [NM_001008563]
Homo sapiens uncharacterized LOC115110 (LOC115110), non-coding RNA [NR_026927]
Homo sapiens KN motif and ankyrin repeat domains 2 (KANK2), transcript variant 1, mRNA [NM_011414]
Homo sapiens GNAS complex locus (GNAS), transcript variant 7, mRNA [NM_001077489]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006751), lincRNA [TCONS_00014659]
Homo sapiens zinc finger protein 542 (ZNF542), transcript variant 4, non-coding RNA [NR_003127]
Homo sapiens ribosomal protein L39 (RPL39), mRNA [NM_001000]
Homo sapiens uncharacterized LOC151174 (LOC151174), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001000]
Homo sapiens secretory carrier membrane protein 2 (SCAMP2), mRNA [NM_005697]
Homo sapiens tripartite motif containing 5 (TRIM5), transcript variant gamma, mRNA [NM_033092]
Homo sapiens nuclear receptor subfamily 6, group A, member 1 (NR6A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001000]

Homo sapiens kinesin family member 20A (KIF20A), mRNA [NM_005733]
Homo sapiens WW domain containing E3 ubiquitin protein ligase 1 (WWP1), mRNA [NM_007013]
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 8 (PARP8), transcript variant 2, mRNA [NM_001000]
Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 5, mRNA [NM_000366]
Homo sapiens hematological and neurological expressed 1-like (HN1L), mRNA [NM_144570]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004870), lincRNA [TCONS_I2_00009006]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 81 (C19orf81), mRNA [NM_001195076]
Homo sapiens aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-hydroxy)cholesterol oxidoreductase) (AKR1C1), mRNA [NM_001000]
Homo sapiens FAM18B2-CDRT4 readthrough (FAM18B2-CDRT4), transcript variant 1, mRNA [NM_001000]
PEX5_MOUSE (O09012) Peroxisomal targeting signal 1 receptor (Peroxisome receptor 1) (Peroxisome receptor 1), mRNA [NM_001000]

Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 55 (C5orf55), mRNA [NM_138464]
Homo sapiens methylthioadenosine phosphorylase (MTAP), mRNA [NM_002451]
Homo sapiens SRR1 domain containing (SRRD), mRNA [NM_001013694]
Homo sapiens septin 9 (SEPT9), transcript variant 3, mRNA [NM_006640]
Homo sapiens programmed cell death 11 (PDCD11), mRNA [NM_014976]
Homo sapiens nuclear undecaprenyl pyrophosphate synthase 1 homolog (*S. cerevisiae*) (NUS1), mRNA [NM_001000]
Homo sapiens tryptophanyl-tRNA synthetase (WARS), transcript variant 1, mRNA [NM_004184]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003473), lincRNA [TCONS_00007492]
BX088900 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998G183515 ; IMAGE:1392041, mRNA [NM_001000]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein) alpha 12 (GNA12), mRNA [NM_00735]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 51 (C17orf51), mRNA [NM_001113434]
Homo sapiens chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (CSGALNACT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001000]
17000424187223 GRN_EB Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [CN263935]

Homo sapiens ABI family, member 3 (ABI3), transcript variant 1, mRNA [NM_016428]

Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 13 (isopeptidase T-3) (USP13), mRNA [NM_003940]

Homo sapiens primase, DNA, polypeptide 1 (49kDa) (PRIM1), mRNA [NM_000946]

Homo sapiens exosome component 5 (EXOSC5), mRNA [NM_020158]

Homo sapiens IQ motif and Sec7 domain 3 (IQSEC3), transcript variant 2, mRNA [NM_015232]

S100 calcium binding protein B [Source:HGNC Symbol;Acc:10500] [ENST00000397648]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_000048), lincRNA [TCONS_00000152]

Homo sapiens zinc finger protein 585A (ZNF585A), transcript variant 1, mRNA [NM_152655]

Homo sapiens UTP6, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast) (UTP6), mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens protein O-fucosyltransferase 2 (POFUT2), transcript variant 3, mRNA [NM_133635]

Homo sapiens stathmin-like 3 (STMN3), mRNA [NM_015894]

Homo sapiens uncharacterized LOC100506190 (LOC100506190), non-coding RNA [NR_038955]

Homo sapiens astrotactin 2 (ASTN2), transcript variant 4, mRNA [NM_198188]

Homo sapiens kinesin heavy chain member 2A (KIF2A), transcript variant 3, mRNA [NM_001243952]

Homo sapiens neurotensin receptor 1 (high affinity) (NTSR1), mRNA [NM_002531]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC440337 (LOC440337), miscRNA [XR_111632]

Homo sapiens apoptosis inhibitor (FKSG2) mRNA, complete cds. [AF300871]

ALU7_HUMAN (P39194) Alu subfamily SQ sequence contamination warning entry, partial (23%) [TH000001]

Homo sapiens SH3 domain containing, Ysc84-like 1 (*S. cerevisiae*) (SH3YL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004244), lincRNA [TCONS_00010594]

Homo sapiens mastermind-like 3 (*Drosophila*) (MAML3), mRNA [NM_018717]

Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 9, alpha-1,2-mannosyltransferase homolog (*S. cerevisiae*) (NAGL), non-protein coding RNA 118 [Source:HGNC Symbol;Acc:24155] [ENST00000425189]

Homo sapiens phosphatidylinositol 4-kinase type 2 beta (PI4K2B), mRNA [NM_018323]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 126 (CCDC126), mRNA [NM_138771]

Homo sapiens zinc finger, ZZ-type with EF-hand domain 1 (ZZEF1), mRNA [NM_015113]

Homo sapiens neuralized homolog (*Drosophila*) (NEURL), mRNA [NM_004210]

Homo sapiens GTPase, IMAP family member 6 (GIMAP6), transcript variant 1, mRNA [NM_024711]

Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase (UDP-Gal4ase)

Homo sapiens uncharacterized LOC100294145 (LOC100294145), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_038955]

Homo sapiens zinc finger protein 749 (ZNF749), mRNA [NM_001023561]

Homo sapiens prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 1 (PDSS1), mRNA [NM_014317]

Homo sapiens CD276 molecule (CD276), transcript variant 1, mRNA [NM_001024736]

603079729F1 NIH_MGC_119 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5171431 5', mRNA sequence [BI829100]

Homo sapiens actin, beta (ACTB), mRNA [NM_001101]

Homo sapiens zinc finger protein 226 (ZNF226), transcript variant 3, mRNA [NM_001032374]

Homo sapiens RNA binding motif protein, X-linked (RBMX), transcript variant 1, mRNA [NM_002139]

Homo sapiens guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3 (GUCY1A3), transcript variant 6, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 43 (C1orf43), transcript variant 2, mRNA [NM_133635]

Homo sapiens ATPase, class I, type 8B, member 2 (ATP8B2), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens tubulin, gamma 2 (TUBG2), mRNA [NM_016437]

Homo sapiens myelin protein zero-like 1 (MPZL1), transcript variant 1, mRNA [NM_003953]

Homo sapiens L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase (L2HGDH), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens zinc finger, AN1-type domain 2B (ZFAND2B), mRNA [NM_138802]
T cell receptor alpha constant [Source:HGNC Symbol;Acc:12029] [ENST00000478163]
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 32 (C22orf32), mRNA [NM_033318]
Homo sapiens nucleoporin 210kDa (NUP210), mRNA [NM_024923]
Homo sapiens LYR motif containing 4 (LYRM4), transcript variant 2, mRNA [NM_001164840]
Homo sapiens SH3-domain GRB2-like 1 (SH3GL1), transcript variant 1, mRNA [NM_003025]
DA798455 OCBBF3 Homo sapiens cDNA clone OCBBF3001853 5', mRNA sequence [DA798455]
full-length cDNA clone CS0DI015YM13 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR
Homo sapiens non-SMC element 1 homolog (*S. cerevisiae*) (NSMCE1), mRNA [NM_145080]
Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, alpha 6 (CHRNA6), transcript variant 1, mRNA [NM_00
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC643977 (FLJ32255), miscRNA [XR_108575]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008746), lincRNA [TCONS_00018449]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 1B (DENND1B), transcript variant 4, mRNA [NM_00
Homo sapiens cDNA FLJ45030 fis, clone BRAWH3018369. [AK126977]

Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 4 (DCAF4), transcript variant 1, mRNA [NM_015604]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, C-associated protein (PTPRCAP), mRNA
Homo sapiens cDNA FLJ41282 fis, clone BRAMY2037823. [AK123276]

Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 37 (C8orf37), mRNA [NM_177965]
Homo sapiens PDZ and LIM domain 2 (mystique) (PDLIM2), transcript variant 3, mRNA [NM_198042]
Homo sapiens growth arrest and DNA-damage-inducible, alpha (GADD45A), transcript variant 1, mR
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4A1 (EIF4A1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens NOP2/Sun domain family, member 4 (NSUN4), mRNA [NM_199044]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 101 pseudogene (LOC388242), non-coding RNA [NR_00
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 1A (DENND1A), transcript variant 2, mRNA [NM_02.
Homo sapiens uncharacterized LOC729013 (LOC729013), non-coding RNA [NR_034137]
Homo sapiens strawberry notch homolog 1 (*Drosophila*) (SBNO1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens RNA binding protein S1, serine-rich domain (RNPS1), transcript variant 1, mRNA [NM.
Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA [NM_007104]
Homo sapiens N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase-like 2 (NAALADL2), mRNA [NM_207015]
Homo sapiens cDNA FLJ10195 fis, clone HEMBA1004771. [AK001057]
Homo sapiens cDNA FLJ30702 fis, clone FCBBF2001001. [AK055264]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131564 (LOC100131564), non-coding RNA [NR_034089]
general transcription factor Ili [Source:HGNC Symbol;Acc:4659] [ENST00000473333]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2C, 1 (EIF2C1), mRNA [NM_012199]
T cell receptor alpha variable 22 [Source:HGNC Symbol;Acc:12119] [ENST00000390450]
Homo sapiens similar to phosphatidylinositol transfer protein, cytoplasmic 1, mRNA (cDNA clone IM
Homo sapiens G1 to S phase transition 1 (GSPT1), transcript variant 1, mRNA [NM_002094]
Homo sapiens insulin-like growth factor 2 receptor (IGF2R), mRNA [NM_000876]
Homo sapiens AHNAK nucleoprotein (AHNAK), transcript variant 1, mRNA [NM_001620]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L50 (MRPL50), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens myosin, heavy chain 9, non-muscle (MYH9), mRNA [NM_002473]

Homo sapiens SYF2 homolog, RNA splicing factor (*S. cerevisiae*) (SYF2), transcript variant 1, mRNA [I
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506235, transcript variant 2 (LOC100506235), miscF
Homo sapiens myotubularin related protein 10 (MTMR10), mRNA [NM_017762]
Homo sapiens deleted in primary ciliary dyskinesia homolog (mouse) (DPCD), mRNA [NM_015448]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010863), lincRNA [TCONS_I2_00020791]
Homo sapiens RNA binding motif, single stranded interacting protein 1 (RBMS1), transcript variant 1
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 45C (SNORD45C), small nucleolar RNA [NR_003042]
chromosome 1 open reading frame 61 [Source:HGNC Symbol;Acc:30780] [ENST00000497824]
Homo sapiens vanin 2 (VNN2), transcript variant 1, mRNA [NM_004665]
Homo sapiens ANP32A intronic transcript 1 (non-protein coding) (ANP32A-IT1), non-coding RNA [NF
Homo sapiens tetraspanin 6 (TSPAN6), mRNA [NM_003270]
lipin 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:13345] [ENST00000449576]
Homo sapiens sestrin 1 (SESN1), transcript variant 1, mRNA [NM_014454]
Homo sapiens cache domain containing 1 (CACHD1), mRNA [NM_020925]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 8 (HSPA8), transcript variant 2, mRNA [NM_153201]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506694, transcript variant 6 (LOC100506694), miscF

Homo sapiens C3 and PZP-like, alpha-2-macroglobulin domain containing 8 (CPAMD8), mRNA [NM_
chromosome 20 open reading frame 112 [Source:HGNC Symbol;Acc:16106] [ENST00000485364]
Homo sapiens vacuolar protein sorting 35 homolog (*S. cerevisiae*) (VPS35), mRNA [NM_018206]
Homo sapiens taspase, threonine aspartase, 1 (TASP1), mRNA [NM_017714]
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens cDNA FLJ38336 fis, clone FCBBF3026678. [AK095655]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 133 (GPR133), mRNA [NM_198827]
Homo sapiens RAB1A, member RAS oncogene family (RAB1A), transcript variant 1, mRNA [NM_004
Homo sapiens ilvB (bacterial acetolactate synthase)-like (ILVBL), mRNA [NM_006844]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011816), lincRNA [TCONS_00024498]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC440993 (LOC440993), miscRNA [XR_110395]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506965 (LOC100506965), miscRNA [XR_110300]
Homo sapiens T-cell activation RhoGTPase activating protein (TAGAP), transcript variant 3, mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000939), lincRNA [TCONS_00000587]
Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_0
Homo sapiens retinitis pigmentosa GTPase regulator (RPGR), transcript variant C, mRNA [NM_0010:
Homo sapiens coiled-coil domain containing 138 (CCDC138), mRNA [NM_144978]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006892), lincRNA [TCONS_00014814]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp781A1422 (from clone DKFZp781A1422). [CR627448]
Homo sapiens NSA2 ribosome biogenesis homolog (*S. cerevisiae*) (NSA2), mRNA [NM_014886]
inducible T-cell co-stimulator ligand [Source:HGNC Symbol;Acc:17087] [ENST00000407780]
Homo sapiens prohibitin (PHB), mRNA [NM_002634]
Homo sapiens GTP binding protein 4 (GTPBP4), mRNA [NM_012341]
Homo sapiens cDNA FLJ44616 fis, clone BRACE2012936. [AK126579]
Homo sapiens gametocyte specific factor 1 (GTSF1), mRNA [NM_144594]
Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short
Homo sapiens ribosomal protein L37 (RPL37), mRNA [NM_000997]

Homo sapiens cell division cycle 25 homolog C (S. pombe) (CDC25C), transcript variant 1, mRNA [NM_001130089]
Homo sapiens lysyl-tRNA synthetase (KARS), transcript variant 1, mRNA [NM_001130089]
Homo sapiens spermidine synthase (SRM), mRNA [NM_003132]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 5 (KCNQ5), transcript variant 1, mRNA [NM_001130089]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002499), lincRNA [TCONS_00004596]
Homo sapiens cysteine and histidine-rich domain (CHORD) containing 1 (CHORDC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001130089]
Meis homeobox 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:7000] [ENST00000402908]
Homo sapiens PTK2B protein tyrosine kinase 2 beta (PTK2B), transcript variant 1, mRNA [NM_173171]
TCBAP1E11446 Pediatric pre-B cell acute lymphoblastic leukemia Baylor-HGSC project=TCBA Homo sapiens
Homo sapiens zinc finger, CCHC domain containing 17 (ZCCHC17), mRNA [NM_016505]
Homo sapiens F-box protein 48 (FBXO48), mRNA [NM_001024680]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007857), lincRNA [TCONS_00016479]
Homo sapiens glycogenin 2 (GYG2), transcript variant 4, mRNA [NM_001184703]
Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog B (avian) (MAFB), mRNA [NM_001130089]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-11 (SNORD114-11), small nucleolar RNA [NR_003267]
Homo sapiens gamma-glutamyltransferase 3 pseudogene (GGT3P), non-coding RNA [NR_003267]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507171, transcript variant 2 (LOC100507171), miscF
Homo sapiens solute carrier family 38, member 2 (SLC38A2), mRNA [NM_018976]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2A (melanoma, p16, inhibits CDK4) (CDKN2A), transcript variant 1, mRNA [NM_001130089]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 34 (CCDC34), transcript variant 1, mRNA [NM_030771]

Homo sapiens serologically defined colon cancer antigen 8 (SDCCAG8), mRNA [NM_006642]
Homo sapiens zinc finger protein 587 (ZNF587), transcript variant 1, mRNA [NM_032828]
Homo sapiens solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 4 (SLC10A4)

CR742085 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp971J1575 ; IMAGE:1738313 5', mRNA [NM_001130089]
Homo sapiens importin 11 (IPO11), transcript variant 2, mRNA [NM_016338]
galactose-1-phosphate uridylyltransferase [Source:HGNC Symbol;Acc:4135] [ENST00000555214]
Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 14 (SLC39A14), transcript variant 1, mRNA [NM_001130089]
Homo sapiens frataxin (FXN), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA [NM_001130089]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 4A (SNORD4A), small nucleolar RNA [NR_000010]
Homo sapiens formiminotransferase cyclodeaminase (FTCD), transcript variant A, mRNA [NM_206911]
aquarius homolog (mouse) [Source:HGNC Symbol;Acc:29513] [ENST00000156471]
Homo sapiens v-ral simian leukemia viral oncogene homolog B (ras related; GTP binding protein) (R. 603206582F1 NIH_MGC_97 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5272268 5', mRNA sequence [BI4612]
Homo sapiens NFAT activating protein with ITAM motif 1 (NFAM1), mRNA [NM_145912]
Homo sapiens protein inhibitor of activated STAT, 4 (PIAS4), mRNA [NM_015897]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506660 (LOC100506660), non-coding RNA [NR_038927]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 13 (GNG13), mRNA [NM_016505]
MARVEL domain containing 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:26401] [ENST00000454295]
Homo sapiens protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1J (PPM1J), mRNA [NM_005167]
Homo sapiens transmembrane protein 218 (TMEM218), mRNA [NM_001080546]

Homo sapiens DNA (cytosine-5-)-methyltransferase 3 alpha (DNMT3A), transcript variant 1, mRNA [NM_014285]
Homo sapiens exosome component 2 (EXOSC2), mRNA [NM_014285]
Homo sapiens SH3-domain GRB2-like 3 (SH3GL3), transcript variant 1, mRNA [NM_003027]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 51 (C17orf51), mRNA [NM_001113434]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014048), lincRNA [TCONS_I2_00027517]
Homo sapiens cation channel, sperm associated 3 (CATSPER3), mRNA [NM_178019]
Homo sapiens nuclear factor I/B (NFIB), transcript variant 3, mRNA [NM_005596]
Homo sapiens nucleosome assembly protein 1-like 4 (NAP1L4), mRNA [NM_005969]
Homo sapiens LIM homeobox transcription factor 1, beta (LMX1B), transcript variant 1, mRNA [NM_007121]
Homo sapiens nuclear receptor subfamily 1, group H, member 2 (NR1H2), mRNA [NM_007121]
Q1W9F5_9CHON (Q1W9F5) NADH dehydrogenase subunit 2, partial (5%) [THC2601170]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007243), lincRNA [TCONS_00015185]
Homo sapiens calcium binding protein P22 pseudogene (LOC729603), non-coding RNA [NR_003288]
Homo sapiens uncharacterized LOC731275 (LOC731275), non-coding RNA [NR_029401]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 123 (C1orf123), mRNA [NM_017887]
Homo sapiens kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 4 (KBTBD4), transcript variant 2, mRNA [NM_017887]
Homo sapiens ATPase, Cu⁺⁺ transporting, beta polypeptide (ATP7B), transcript variant 1, mRNA [NM_017887]
Homo sapiens serrate RNA effector molecule homolog (Arabidopsis) (SRRT), transcript variant 4, mRNA [NM_017887]
Homo sapiens cyclin G1 (CCNG1), transcript variant 1, mRNA [NM_004060]
Homo sapiens CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 4 (CDC42EP4), mRNA [NM_012121]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier: glutamate), member 22 (SLC25A22), mRNA [NM_012121]
Homo sapiens uncharacterized LOC100190939 (LOC100190939), non-coding RNA [NR_024458]
Homo sapiens RCC1 domain containing 1 (RCCD1), transcript variant 1, mRNA [NM_033544]
Homo sapiens protein interacting with cyclin A1 (PROCA1), mRNA [NM_152465]
Homo sapiens zinc finger protein 114 (ZNF114), mRNA [NM_153608]
Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 14 (SLC39A14), transcript variant 1, mRNA [NM_153608]
PM2-HT0338-051199-001-c04 HT0338 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [AW382724]
Homo sapiens crystallin, beta B2 pseudogene 1 (CRYBB2P1), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_024458]
Homo sapiens SURP and G patch domain containing 1 (SUGP1), mRNA [NM_172231]
Homo sapiens zinc finger protein 713 (ZNF713), mRNA [NM_182633]

Homo sapiens TBP-like 1 (TBPL1), mRNA [NM_004865]
Homo sapiens sperm antigen with calponin homology and coiled-coil domains 1 (SPECC1), transcript variant 1, mRNA [NM_004865]
Homo sapiens cDNA FLJ45950 fis, clone PLACE7008136. [AK127847]
Homo sapiens rhomboid 5 homolog 2 (Drosophila) (RHBDF2), transcript variant 1, mRNA [NM_024504]
Homo sapiens small proline-rich protein 1A (SPRR1A), transcript variant 2, mRNA [NM_005987]
Homo sapiens adenylate kinase 1 (AK1), mRNA [NM_000476]
pancreatic progenitor cell differentiation and proliferation factor homolog (zebrafish) [Source:HGNC:10000]
Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 8 (SLC39A8), transcript variant 1, mRNA [NM_005987]
Homo sapiens peroxisomal proliferator-activated receptor A interacting complex 285 (PRIC285), transcript variant 1, mRNA [NM_005987]
Homo sapiens carbohydrate (N-acetylglucosamine-6-O) sulfotransferase 2 (CHST2), mRNA [NM_004865]
Homo sapiens RAB GTPase activating protein 1 (RABGAP1), mRNA [NM_012197]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131564 (LOC100131564), non-coding RNA [NR_034089]
Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 2 (TNFAIP2), mRNA [NM_006291]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 22 (CCDC22), mRNA [NM_014008]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014122), lincRNA [TCONS_00029182]
Homo sapiens RING1 and YY1 binding protein (RYBP), mRNA [NM_012234]

nq71a04.s1 NCI_CGAP_Pr22 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1157742 3' similar to SW:R13A_HUN
Homo sapiens neurofilament, heavy polypeptide (NEFH), mRNA [NM_021076]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 31 (TTC31), transcript variant 1, mRNA [NM_022492]
Homo sapiens solute carrier family 41, member 1 (SLC41A1), mRNA [NM_173854]
Homo sapiens thioredoxin-related transmembrane protein 2 (TMX2), transcript variant 1, mRNA [NM_022492]
Homo sapiens carboxypeptidase D (CPD), transcript variant 1, mRNA [NM_001304]
Homo sapiens myosin, light chain 12B, regulatory (MYL12B), transcript variant 2, mRNA [NM_03354]
Homo sapiens cathepsin K (CTSK), mRNA [NM_000396]
Homo sapiens transmembrane 7 superfamily member 3 (TM7SF3), mRNA [NM_016551]
Homo sapiens uncharacterized LOC100130899 (LOC100130899), non-coding RNA [NR_039988]
Homo sapiens uncharacterized LOC650669 (FLJ41484), non-coding RNA [NR_044995]
Homo sapiens uncharacterized LOC100128714 (LOC100128714), non-coding RNA [NR_040082]
Homo sapiens family with sequence similarity 26, member D (FAM26D), mRNA [NM_153036]
Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_00354]
Homo sapiens structural maintenance of chromosomes flexible hinge domain containing 1 (SMCHD1), mRNA [NM_00354]
Homo sapiens alkylglycerone phosphate synthase (AGPS), mRNA [NM_003659]
Homo sapiens smoothelin-like 1 (SMTNL1), mRNA [NM_001105565]
Homo sapiens synaptotagmin binding, cytoplasmic RNA interacting protein (SYNCRIP), transcript variant 1, mRNA [NM_00354]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 69 (CCDC69), mRNA [NM_015621]
RL23_PONPY (Q5REU2) 60S ribosomal protein L23, partial (98%) [THC2524192]
Homo sapiens enoyl CoA hydratase domain containing 2 (ECHDC2), transcript variant 2, mRNA [NM_00354]
Homo sapiens POZ (BTB) and AT hook containing zinc finger 1 (PATZ1), transcript variant 4, mRNA [NM_00354]
Homo sapiens HECT domain containing 2 (HECTD2), transcript variant 1, mRNA [NM_182765]
HD domain containing 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:21078] [ENST00000318787]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 1 (SLC25A5), mRNA [NM_00354]
Homo sapiens protein kinase C, zeta [Source:HGNC Symbol;Acc:9412] [ENST00000479566]
Homo sapiens myelin basic protein (MBP), transcript variant 7, mRNA [NM_001025101]
Homo sapiens mediator complex subunit 18 (MED18), transcript variant 1, mRNA [NM_017638]
Homo sapiens REST corepressor 2 (RCOR2), mRNA [NM_173587]
Homo sapiens lipoprotein, Lp(a)-like 2, pseudogene (LPAL2), transcript variant 2, non-coding RNA [NM_00354]
Homo sapiens family with sequence similarity 133, member A (FAM133A), transcript variant 2, mRNA [NM_00354]
Homo sapiens MAGI2 antisense RNA 3 (non-protein coding) (MAGI2-AS3), transcript variant 2, non-coding RNA [NM_00354]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012991), lincRNA [TCONS_00026930]

Homo sapiens neighbor of BRCA1 gene 1 (NBR1), transcript variant 2, mRNA [NM_031858]
Homo sapiens KIAA1109 (KIAA1109), mRNA [NM_015312]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001649), lincRNA [TCONS_00003843]
Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase-like (HPDL), mRNA [NM_032756]
Homo sapiens paraneoplastic antigen like 6C (PNMA6C), mRNA [NM_001170944]
Homo sapiens myocyte enhancer factor 2C (MEF2C), transcript variant 1, mRNA [NM_002397]

AGENCOURT_6484174 NIH_MGC_72 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5538196 5', mRNA sequenc
Homo sapiens MCF.2 cell line derived transforming sequence-like (MCF2L), transcript variant 2, mR
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002369), lincRNA [TCONS_00004479]
Homo sapiens KH domain containing, RNA binding, signal transduction associated 3 (KHDRBS3), mR

Homo sapiens leucine rich repeat containing 8 family, member C (LRRC8C), mRNA [NM_032270]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4E (EIF4E), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 176 (LINC00176), transcript variant 1, non-cc
Homo sapiens somatostatin receptor 2 (SSTR2), mRNA [NM_001050]
Homo sapiens runt-related transcription factor 1 (RUNX1), transcript variant 3, mRNA [NM_001122]
Homo sapiens dynein, axonemal, intermediate chain 2 (DNAI2), transcript variant 1, mRNA [NM_02
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009181), lincRNA [TCONS_00019099]
Homo sapiens exonuclease 1 (EXO1), transcript variant 3, mRNA [NM_003686]
Homo sapiens cDNA FLJ34440 fis, clone HLUNG2001214. [AK091759]
Homo sapiens cysteine-rich secretory protein LCCL domain containing 1 (CRISPLD1), mRNA [NM_03
Homo sapiens coagulation factor III (thromboplastin, tissue factor) (F3), transcript variant 1, mRNA |
Homo sapiens SH3 domain binding glutamic acid-rich protein (SH3BGR), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens septin 8 (SEPT8), transcript variant 1, mRNA [NM_001098811]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 21A (TTC21A), transcript variant 2, mRNA [NM_145'

Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfam
Homo sapiens RasGEF domain family, member 1A (RASGEF1A), mRNA [NM_145313]
Homo sapiens myocardial infarction associated transcript (non-protein coding) (MIAT), transcript va
Homo sapiens polymerase (RNA) I polypeptide E, 53kDa (POLR1E), mRNA [NM_022490]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 39 (ANKRD39), mRNA [NM_016466]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; dicarboxylate transporter), member 1
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008765), lincRNA [TCONS_00017944]
RST22008 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG202645]
mannosidase, alpha, class 1B, member 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:6823] [ENST00000536349]
Homo sapiens CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), zeta (CEBPZ), mRNA [NM_005760]
Homo sapiens ring finger protein 18-like (LOC399939), mRNA [NM_001206627]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505937 (LOC100505937), miscRNA [XR_108550]
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex, subunit D, integral membrane protein (SDHD), nu
Homo sapiens cDNA FLJ44789 fis, clone BRACE3038760. [AK126743]
Q2IJZ0_ANADE (Q2IJZ0) Translation initiation factor 2, partial (15%) [THC2618600]

Homo sapiens inhibitor of DNA binding 3, dominant negative helix-loop-helix protein (ID3), mRNA [I
Homo sapiens transcriptional regulating factor 1 (TRERF1), mRNA [NM_033502]
Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate synthetase-associated protein 2 (PRPSAP2), transcrip
Homo sapiens solute carrier family 47, member 1 (SLC47A1), mRNA [NM_018242]
Homo sapiens ATP/GTP binding protein-like 2 (AGBL2), mRNA [NM_024783]
Homo sapiens MCF.2 cell line derived transforming sequence-like (MCF2L), transcript variant 2, mR
Homo sapiens uncharacterized LOC646626 (LOC646626), non-coding RNA [NR_045484]

Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 38 (C4orf38), non-coding RNA [NR_024008]
Homo sapiens hyaluronoglucosaminidase 4 (HYAL4), mRNA [NM_012269]
Homo sapiens zinc finger protein 462 (ZNF462), mRNA [NM_021224]
Homo sapiens cytidine monophospho-N-acetylneuraminic acid hydroxylase, pseudogene (CMAHP), BROAD Institute lincRNA (XLOC_001532), lincRNA [TCONS_00002935]
Homo sapiens histone cluster 2, H3d (HIST2H3D), mRNA [NM_001123375]
Homo sapiens CAP-GLY domain containing linker protein 2 (CLIP2), transcript variant 1, mRNA [NM_001123375]
chromosome 17 open reading frame 54 [Source:HGNC Symbol;Acc:26863] [ENST00000321800]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011803), lincRNA [TCONS_I2_00022568]
Homo sapiens R3H domain containing 1 (R3HDM1), mRNA [NM_015361]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 91 (C9orf91), mRNA [NM_153045]
Homo sapiens zinc finger protein 37B, pseudogene (ZNF37BP), non-coding RNA [NR_026777]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013368), lincRNA [TCONS_00027384]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100507445 (LOC100507445), mRNA [XM_003104]
Homo sapiens PIH1 domain containing 2 (PIH1D2), transcript variant 1, mRNA [NM_138789]
Homo sapiens shisa homolog 5 (*Xenopus laevis*) (SHISA5), mRNA [NM_016479]
Homo sapiens sorbitol dehydrogenase (SORD), transcript variant 1, mRNA [NM_003104]
Homo sapiens cDNA FLJ39790 fis, clone SPLEN2003204. [AK097109]
Homo sapiens zinc finger protein 594 (ZNF594), mRNA [NM_032530]
Homo sapiens POTE ankyrin domain family, member F (POTEF), mRNA [NM_001099771]
Homo sapiens patched 1 (PTCH1), transcript variant 1a, mRNA [NM_001083602]
GB
Homo sapiens thyroid hormone receptor interactor 10 (TRIP10), mRNA [NM_004240]
Homo sapiens disrupted in renal carcinoma 2 (DIRC2), mRNA [NM_032839]
Homo sapiens FERM domain containing 6 (FRMD6), transcript variant 1, mRNA [NM_001042481]
Homo sapiens mitochondrial trans-2-enoyl-CoA reductase (MECR), nuclear gene encoding mitochondrially encoded trans-2-enoyl-CoA reductase
Homo sapiens cyclin A2 (CCNA2), mRNA [NM_001237]

Homo sapiens family with sequence similarity 135, member A (FAM135A), transcript variant 2, mRNA [NM_001123375]
thioredoxin domain containing 8 (spermatzoa) [Source:HGNC Symbol;Acc:31454] [ENST000003745]
Homo sapiens EF-hand calcium binding domain 3 (EFCAB3), transcript variant 1, mRNA [NM_001123375]
Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group F (FANCF), mRNA [NM_022725]
Homo sapiens PDZ and LIM domain 5 (PDLIM5), transcript variant 5, mRNA [NM_001011516]
Homo sapiens maternally expressed 3 (non-protein coding) (MEG3), transcript variant 1, non-coding RNA [NM_001123375]
Homo sapiens CD300c molecule (CD300C), mRNA [NM_006678]
Homo sapiens interferon (alpha, beta and omega) receptor 2 (IFNAR2), transcript variant 1, mRNA [NM_001123375]
Homo sapiens serine/threonine kinase 40 (STK40), mRNA [NM_032017]
Homo sapiens transmembrane protein 67 (TMEM67), transcript variant 1, mRNA [NM_153704]
Homo sapiens transmembrane protein 85 (TMEM85), mRNA [NM_016454]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 85B (CCDC85B), mRNA [NM_006848]
Homo sapiens ArfGAP with FG repeats 1 (AGFG1), transcript variant 1, mRNA [NM_001135187]
Homo sapiens coatamer protein complex, subunit zeta 2 (COPZ2), mRNA [NM_016429]
Homo sapiens transformer 2 beta homolog (*Drosophila*) (TRA2B), transcript variant 1, mRNA [NM_001123375]
Homo sapiens apolipoprotein L domain containing 1 (APOLD1), transcript variant 1, mRNA [NM_001123375]

Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 91 (C21orf91), transcript variant 2, mRNA [NM_001172646]
Homo sapiens phospholipase C, beta 4 (PLCB4), transcript variant 3, mRNA [NM_001172646]
Homo sapiens opiate receptor-like 1 (OPRL1), transcript variant 1, mRNA [NM_182647]
Homo sapiens cDNA FLJ46249 fis, clone TESTI4021377. [AK128128]
Synthetic construct Homo sapiens gateway clone IMAGE:100018551 3' read RAB35 mRNA. [CU6775]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001206), lincRNA [TCONS_I2_00001638]
Homo sapiens chemokine (C motif) receptor 1 (XCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_005283]

family with sequence similarity 160, member B1 [Source:HGNC Symbol;Acc:29320] [ENST00000369:
Homo sapiens integrin, alpha D (ITGAD), mRNA [NM_005353]
Homo sapiens TIMELESS interacting protein (TIPIN), mRNA [NM_017858]
Homo sapiens drebrin-like (DBNL), transcript variant 1, mRNA [NM_014063]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008276), lincRNA [TCONS_00017607]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014057), lincRNA [TCONS_00029275]
Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit Va (COX5A), nuclear gene encoding mitochondrial prot
Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_01
Homo sapiens phosphatidylinositol transfer protein, membrane-associated 1 (PITPNM1), transcript
Homo sapiens asparaginyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (putative) (NARS2), nuclear gene encod
Homo sapiens non-specific cytotoxic cell receptor protein 1 homolog (zebrafish) (NCCRP1), mRNA [I

Homo sapiens limb region 1 homolog (mouse) (LMBR1), mRNA [NM_022458]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A9, pseudogene (ANKRD20A9P), non-codi
Homo sapiens multiple endocrine neoplasia I (MEN1), transcript variant e1E, mRNA [NM_130803]
Homo sapiens zinc finger protein 420 (ZNF420), mRNA [NM_144689]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006817), lincRNA [TCONS_00014729]
Homo sapiens cysteinyl leukotriene receptor 2 (CYSLTR2), mRNA [NM_020377]
Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus E (LY6E), transcript variant 1, mRNA [NM_0023
Homo sapiens uncharacterized LOC100192386 (FLJ16779), non-coding RNA [NR_024389]
Homo sapiens somatostatin receptor 2 (SSTR2), mRNA [NM_001050]
SH3 domain and tetratricopeptide repeats 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:29427] [ENST00000513604]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010029), lincRNA [TCONS_I2_00019040]
Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 9 (LGALS9), transcript variant 1, mRNA [NM_0095
Homo sapiens exonuclease 3'-5' domain containing 3, mRNA (cDNA clone IMAGE:6023681), comple
Homo sapiens RNA methyltransferase like 1 (RNMTL1), mRNA [NM_018146]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens deoxyhypusine hydroxylase/monooxygenase (DOHH), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens UPF2 regulator of nonsense transcripts homolog (yeast) (UPF2), transcript variant 1, I
Homo sapiens nth endonuclease III-like 1 (E. coli) (NTHL1), mRNA [NM_002528]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 14 (PSMD14), mRNA [N
Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA [NM_001010]
Homo sapiens desmocollin 2 (DSC2), transcript variant Dsc2a, mRNA [NM_024422]
Homo sapiens zinc finger protein 777 (ZNF777), mRNA [NM_015694]
Homo sapiens keratin 79 (KRT79), mRNA [NM_175834]
Homo sapiens pleckstrin and Sec7 domain containing (PSD), mRNA [NM_002779]

Homo sapiens transmembrane protein 87B (TMEM87B), mRNA [NM_032824]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 49 (C11orf49), transcript variant 4, mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens cDNA FLJ39051 fis, clone NT2RP7011452. [AK096370]
Homo sapiens phosphatase and actin regulator 3 (PHACTR3), transcript variant 1, mRNA [NM_080618]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 1 (CDK1), transcript variant 1, mRNA [NM_001786]
Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic tail (SCTD) (SEMA7), mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens keratin 7 (KRT7), mRNA [NM_005556]
Homo sapiens solute carrier family 31 (copper transporters), member 1 (SLC31A1), mRNA [NM_001161452]
Q410D9_KINRA (Q410D9) MscS Mechanosensitive ion channel, partial (3%) [THC2608383]
PREDICTED: Homo sapiens protein SET-like (LOC389217), mRNA [XM_001717714]
Homo sapiens uncharacterized LOC93429 (DKFZp434J0226), non-coding RNA [NR_027003]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004831), lincRNA [TCONS_00010344]
Homo sapiens dynamin 1-like (DNM1L), transcript variant 1, mRNA [NM_012062]
Homo sapiens cytosolic thiouridylase subunit 2 homolog (S. pombe) (CTU2), transcript variant 2, mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 2 binding protein (ARL2BP), mRNA [NM_012106]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class H (PIGH), mRNA [NM_004569]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005672), lincRNA [TCONS_I2_00010577]
Homo sapiens RuvB-like 2 (E. coli) (RUVBL2), mRNA [NM_006666]
Homo sapiens synaptic vesicle glycoprotein 2A (SV2A), mRNA [NM_014849]
Homo sapiens ribosomal protein L35 (RPL35), mRNA [NM_007209]
Homo sapiens caspase 8, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP8), transcript variant E, mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 23 (C15orf23), transcript variant 2, mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131289 (LOC100131289), non-coding RNA [NR_038929]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC400099 (LOC400099), miscRNA [XR_110132]
Homo sapiens MORC family CW-type zinc finger 1 (MORC1), mRNA [NM_014429]
Homo sapiens late cornified envelope 3E (LCE3E), mRNA [NM_178435]
Homo sapiens tektin 5 (TEKT5), mRNA [NM_144674]
Homo sapiens v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 3 (protein kinase B, gamma) (AKT3), mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens polymerase (DNA directed), mu (POLM), mRNA [NM_013284]
Homo sapiens junctophilin 3 (JPH3), mRNA [NM_020655]
Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 22 homolog (yeast) (TOMM22), nuclear DNA-encodes, mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 4 (DCAF4), transcript variant 2, mRNA [NM_181340]
Homo sapiens family with sequence similarity 108, member A1 (FAM108A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens mannosyl (alpha-1,6-)-glycoprotein beta-1,6-N-acetyl-glucosaminyltransferase (MGA1), mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens uncharacterized LOC115110 (LOC115110), non-coding RNA [NR_026927]
Homo sapiens hypothetical protein MGC10955, mRNA (cDNA clone IMAGE:3632495). [BC004960]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000564), lincRNA [TCONS_00001275]
Homo sapiens nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding) (NEAT1), non-coding RNA [NM_001161452]
Homo sapiens DDHD domain containing 1 (DDHD1), transcript variant 1, mRNA [NM_030637]
Homo sapiens zinc finger protein 408 (ZNF408), transcript variant 1, mRNA [NM_024741]
BX103103 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998D244014, mRNA sequence [NM_001161452]
Homo sapiens transmembrane emp24 protein transport domain containing 9 (TMED9), mRNA [NM_001161452]
Homo sapiens tospeak (LOC100616530), transcript variant 8, non-coding RNA [NR_038208]

Homo sapiens RAB27B, member RAS oncogene family (RAB27B), mRNA [NM_004163]
Homo sapiens DNAJC27 antisense RNA 1 (non-protein coding) (DNAJC27-AS1), non-coding RNA [NR_001100]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 7 (C9orf7), transcript variant 3, mRNA [NM_001211]
Homo sapiens paired-like homeodomain 3 (PITX3), mRNA [NM_005029]
Homo sapiens GDP-mannose pyrophosphorylase B (GMPPB), transcript variant 2, mRNA [NM_021911]
Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic tail (SEMA4), mRNA [NM_001211]
Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 6 (CARD6), mRNA [NM_032587]
Homo sapiens popeye domain containing 2 (POPDC2), mRNA [NM_022135]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000166), lincRNA [TCONS_00002016]
immunoglobulin heavy variable 3/OR16-8 (non-functional) [Source:HGNC Symbol;Acc:5643] [ENST00000263938]
GB
Q7PZA6_ANOGA (Q7PZA6) ENSANGP00000008809 (Fragment), partial (18%) [THC2679052]
Homo sapiens zinc finger protein 282 (ZNF282), mRNA [NM_003575]
Homo sapiens tektin 4 (TEKT4), mRNA [NM_144705]
BX118352 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998L221795, mRNA sequence [BX118352]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, catalytic, alpha polypeptide (PIK3CA), mRNA [NM_006211]
Q6IMH8_MOUSE (Q6IMH8) ADAM4b, partial (10%) [THC2634785]
Homo sapiens uncharacterized LOC644714 (LOC644714), non-coding RNA [NR_033947]
Homo sapiens spermatogenesis associated 6 (SPATA6), mRNA [NM_019073]
Homo sapiens deleted in liver cancer 1 (DLC1), transcript variant 1, mRNA [NM_182643]
Homo sapiens tripartite motif containing 53, pseudogene (TRIM53P), non-coding RNA [NR_028346]
phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:28174] [ENST00000263938]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011281), lincRNA [TCONS_I2_00021998]
Homo sapiens muscleblind-like 2 (Drosophila) (MBNL2), transcript variant 3, mRNA [NM_207304]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 97 (C17orf97), mRNA [NM_001013672]
Homo sapiens LIM domain containing preferred translocation partner in lipoma (LPP), transcript variant 1, mRNA [NM_001211]
Homo sapiens RCD1 required for cell differentiation1 homolog (S. pombe) (RQCD1), mRNA [NM_001211]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 4 (DNAJB4), mRNA [NM_007034]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, catalytic, delta polypeptide (PIK3CD), mRNA [NM_005026]
Homo sapiens cDNA FLJ42370 fis, clone UTERU2030280. [AK124361]

Homo sapiens cDNA FLJ46385 fis, clone THYMU2038199. [AK128250]
GB

Homo sapiens golgin A7 family, member B (GOLGA7B), mRNA [NM_001010917]
Homo sapiens ribosomal protein, large, P0 (RPLP0), transcript variant 2, mRNA [NM_053275]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit A (EIF3A), mRNA [NM_003750]

Homo sapiens family with sequence similarity 82, member A1 (FAM82A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001211]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 37, member A3 (LRRC37A3), mRNA [NM_199340]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506433 (LOC100506433), non-coding RNA [NR_039996]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4734409. [BC029479]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505624 (LOC100505624), non-coding RNA [NR_038427]
Homo sapiens NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 4 (NEK4), transcript variant 1, mRNA [NM_001211]
Homo sapiens cDNA FLJ38248 fis, clone FCBBF2007556. [AK095567]

Homo sapiens centrosomal protein 57kDa (CEP57), transcript variant 1, mRNA [NM_014679]
Homo sapiens family with sequence similarity 122C (FAM122C), transcript variant 4, mRNA [NM_00116619]
Homo sapiens placenta-specific 8 (PLAC8), transcript variant 2, mRNA [NM_016619]
WDR5_HUMAN (P61964) WD-repeat protein 5 (BMP2-induced 3-kb gene protein), partial (16%) [TH00116619]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class N (PIGN), transcript variant 1, mRNA [NM_00116619]
DB053889 TESTI2 Homo sapiens cDNA clone TESTI2044585 5', mRNA sequence [DB053889]
tuberous sclerosis 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:12362] [ENST00000403810]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide G (32kD) (POLR3G), mRNA [NM_00116619]
Homo sapiens zinc finger protein 775 (ZNF775), mRNA [NM_173680]
Homo sapiens uncharacterized LOC100240735 (LOC100240735), non-coding RNA [NR_026658]
Homo sapiens protein arginine methyltransferase 5 (PRMT5), transcript variant 2, mRNA [NM_00116619]
Homo sapiens replication factor C (activator 1) 3, 38kDa (RFC3), transcript variant 2, mRNA [NM_18116619]
Homo sapiens acetyl-CoA acetyltransferase 1 (ACAT1), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens activating transcription factor 3 (ATF3), transcript variant 1, mRNA [NM_001674]
Homo sapiens glucosaminyl (N-acetyl) transferase 4, core 2 (GCNT4), mRNA [NM_016591]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652837, transcript variant 2 (LOC100652837), miscF
Homo sapiens CAP-GLY domain containing linker protein 3 (CLIP3), transcript variant 2, mRNA [NM_00116619]
Homo sapiens proline rich 25 (PRR25), mRNA [NM_001013638]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 470 (LINC00470), transcript variant 1, non-coding RNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008698), lincRNA [TCONS_00018414]
dynamins 1-like [Source:HGNC Symbol;Acc:2973] [ENST00000547640]
PREDICTED: Homo sapiens XAGE-4 protein (XAGE-4), miscRNA [XR_113307]
Homo sapiens oxysterol binding protein 2 (OSBP2), transcript variant 1, mRNA [NM_030758]
Homo sapiens adenylate kinase 4 (AK4), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1
Homo sapiens microtubule-associated protein 4 (MAP4), transcript variant 1, mRNA [NM_002375]
Homo sapiens excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 1
Homo sapiens aminolevulinic acid synthase 2 (ALAS2), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens adenosine deaminase, tRNA-specific 1 (ADAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_01216619]
Homo sapiens FXD domain containing ion transport regulator 5 (FXD5), transcript variant 1, mRNA [NM_00116619]
Homo sapiens solute carrier family 4, anion exchanger, member 2 (erythrocyte membrane protein 1)
Homo sapiens uncharacterized LOC400657 (LOC400657), non-coding RNA [NR_024484]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005711), lincRNA [TCONS_00012163]
MUSEFTU elongation factor Tu {Mus musculus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (38%) [THC2546906]
Homo sapiens isochorismatase domain containing 2 (ISOC2), nuclear gene encoding mitochondrial protein
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013282), lincRNA [TCONS_00027272]
Homo sapiens phosphodiesterase 1B, calmodulin-dependent (PDE1B), transcript variant 1, mRNA [NM_00116619]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003714), lincRNA [TCONS_00008273]
eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:3298] [ENST00000374374]
Homo sapiens arginine vasopressin-induced 1 (AVPI1), mRNA [NM_021732]
Homo sapiens NHP2 ribonucleoprotein homolog (yeast) (NHP2), transcript variant 1, mRNA [NM_00116619]
Homo sapiens myotubularin related protein 3 (MTMR3), transcript variant 3, mRNA [NM_021090]
tRNA nucleotidyl transferase, CCA-adding, 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17341] [ENST00000339437]
Homo sapiens iron-sulfur cluster assembly 1 homolog (S. cerevisiae) (ISCA1), mRNA [NM_030940]
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 7 (ARHGEF7), transcript variant 2, mRNA [NM_00116619]

Homo sapiens BRI3 binding protein (BRI3BP), mRNA [NM_080626]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 20 (CDK20), transcript variant 3, mRNA [NM_001039803]
Homo sapiens Rac GTPase activating protein 1 (RACGAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_013277]
ALU6_HUMAN (P39193) Alu subfamily SP sequence contamination warning entry, partial (13%) [TH
Homo sapiens SP140 nuclear body protein (SP140), transcript variant 1, mRNA [NM_007237]
Homo sapiens ermin, ERM-like protein (ERMN), transcript variant 2, mRNA [NM_020711]
Homo sapiens sperm associated antigen 17 (SPAG17), mRNA [NM_206996]
Homo sapiens G protein-coupled receptor kinase interacting ArfGAP 2 (GIT2), transcript variant 4, n

Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 33 (C14orf33), non-coding RNA [NR_027123]
Homo sapiens G patch domain containing 3 (GPATCH3), mRNA [NM_022078]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506190 (LOC100506190), non-coding RNA [NR_038955]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (11%) [THC
Homo sapiens trinucleotide repeat containing 18 (TNRC18), mRNA [NM_001080495]
Homo sapiens spectrin, beta, erythrocytic (SPTB), transcript variant 2, mRNA [NM_000347]
Homo sapiens 3-oxoacid CoA transferase 1 (OXCT1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, i
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008289), lincRNA [TCONS_I2_00014935]
microtubule-associated protein 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:6839] [ENST00000392193]

Homo sapiens angiopoietin 2 (ANGPT2), transcript variant 1, mRNA [NM_001147]
Homo sapiens peroxiredoxin 2 (PRDX2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript va
Homo sapiens PHD finger protein 6 (PHF6), transcript variant 3, mRNA [NM_032335]
BX104130 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998G054451, mRNA sequence [BX1
Homo sapiens regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 1A (RPRD1A), mRNA [NM_01817
Homo sapiens uncharacterized LOC389634 (LOC389634), non-coding RNA [NR_024420]
Homo sapiens protease, serine, 2 (trypsin 2) (PRSS2), mRNA [NM_002770]

Homo sapiens syntaxin binding protein 6 (amisyn) (STXBP6), mRNA [NM_014178]
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 9 (BTBD9), transcript variant 3, mRNA [NM_152733]
Homo sapiens TRIM39-RPP21 readthrough (TRIM39-RPP21), mRNA [NM_001199119]
Homo sapiens corepressor interacting with RBPJ, 1 (CIR1), mRNA [NM_004882]
Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript vari
Homo sapiens keratin associated protein 1-3 (KRTAP1-3), mRNA [NM_030966]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 13B (PPP1R13B), mRNA [NM_015316]
Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 8 (B3GNT8), mRNA [N
Homo sapiens jub, ajuba homolog (Xenopus laevis) (JUB), transcript variant 1, mRNA [NM_032876]
Homo sapiens serine racemase (SRR), mRNA [NM_021947]
Homo sapiens TROVE domain family, member 2 (TROVE2), transcript variant 1, mRNA [NM_001042]
Homo sapiens histone cluster 2, H2be (HIST2H2BE), mRNA [NM_003528]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013001), lincRNA [TCONS_I2_00025392]
Homo sapiens sorbitol dehydrogenase (SORD), transcript variant 1, mRNA [NM_003104]
Homo sapiens period homolog 2 (Drosophila) (PER2), mRNA [NM_022817]
Homo sapiens complement component 1, q subcomponent, C chain (C1QC), transcript variant 2, mF
Homo sapiens metallothionein 1E (MT1E), mRNA [NM_175617]

Homo sapiens ADP-ribosylation-like factor 6 interacting protein 4 (ARL6IP4), transcript variant 3, mRNA [NM_005664]
Homo sapiens makorin ring finger protein 3 (MKRN3), mRNA [NM_005664]
Homo sapiens cytochrome P450, family 2, subfamily R, polypeptide 1 (CYP2R1), mRNA [NM_024514]
AF068483 chaperonin Cct6 {*Oryctolagus cuniculus*} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (20%) [THC25692]
Homo sapiens zinc finger protein 618 (ZNF618), mRNA [NM_133374]
Homo sapiens v-myc myelocytomatosis viral related oncogene, neuroblastoma derived (avian) (MYC)
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 135 (C1orf135), mRNA [NM_024037]
Homo sapiens suppressor of variegation 4-20 homolog 1 (*Drosophila*) (SUV420H1), transcript variant
Homo sapiens apolipoprotein C-II (APOC2), mRNA [NM_000483]
Homo sapiens phospholipase C-like 1 (PLCL1), mRNA [NM_006226]
Homo sapiens N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, gamma (NAPG), mRNA [NM_000483]
Homo sapiens golgin A2 pseudogene 5 (GOLGA2P5), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_036600]
Homo sapiens thromboxane A2 receptor (TBXA2R), transcript variant a, mRNA [NM_001060]

Homo sapiens nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 1 (NFATC1), transcript variant 1, mRNA [NM_000195]
Homo sapiens Hermansky-Pudlak syndrome 1 (HPS1), transcript variant 1, mRNA [NM_000195]
Homo sapiens KIAA0226-like (KIAA0226L), mRNA [NM_025113]
Homo sapiens PTC7 protein phosphatase homolog (*S. cerevisiae*) (PTC7), mRNA [NM_139283]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012165), lincRNA [TCONS_00025345]
Homo sapiens LSM5 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*) (LSM5), transcript variant 1, mRNA [NM_001126]
Homo sapiens adenylosuccinate synthase (ADSS), mRNA [NM_001126]
Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus G6E (pseudogene) (LY6G6E), transcript variant 1, mRNA [NM_001004304]
Homo sapiens zinc finger protein 740 (ZNF740), mRNA [NM_001004304]
Homo sapiens albumin (ALB), mRNA [NM_000477]
Homo sapiens enoyl CoA hydratase 1, peroxisomal (ECH1), mRNA [NM_001398]
Homo sapiens zinc finger protein 791 (ZNF791), mRNA [NM_153358]
Homo sapiens, mRNA (cDNA clone IMAGE:4713722). [BC030809]
Homo sapiens polo-like kinase 1 (PLK1), mRNA [NM_005030]
Homo sapiens apolipoprotein A-I binding protein (APOA1BP), mRNA [NM_144772]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L40 (MRPL40), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 3 (EIF4G3), transcript variant 3, mRNA [NM_001004304]
S-phase cyclin A-associated protein in the ER [Source:HGNC Symbol;Acc:13081] [ENST00000303521]
Homo sapiens family with sequence similarity 57, member A (FAM57A), mRNA [NM_024792]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC399900 (LOC399900), miscRNA [XR_111182]
Homo sapiens zinc finger protein 222 (ZNF222), transcript variant 2, mRNA [NM_013360]
Homo sapiens histone deacetylase 5 (HDAC5), transcript variant 3, mRNA [NM_001015053]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-29 (SNORD114-29), small nucleolar RNA [NR_003200]

Homo sapiens MAP/microtubule affinity-regulating kinase 2 (MARK2), transcript variant 3, mRNA [NM_001004304]
Homo sapiens bladder cancer associated protein (BLCAP), transcript variant 2, mRNA [NM_0011678]
Homo sapiens basic leucine zipper nuclear factor 1 (BLZF1), mRNA [NM_003666]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014192), lincRNA [TCONS_00029548]
Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 3, mRNA [NM_001025199]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 144 (C20orf144), mRNA [NM_080825]

Homo sapiens phospholipase C, beta 1 (phosphoinositide-specific) (PLCB1), transcript variant 2, mRNA [NM_0011726]

Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1A, X-linked (EIF1AX), mRNA [NM_001412]

Homo sapiens tripartite motif containing 27 (TRIM27), mRNA [NM_006510]

Homo sapiens uncharacterized LOC389634 (LOC389634), non-coding RNA [NR_024420]

Homo sapiens cDNA FLJ27420 fis, clone WMC07143. [AK130930]

Homo sapiens CUGBP, Elav-like family member 1 (CELF1), transcript variant 5, mRNA [NM_0011726]

Homo sapiens shisa homolog 7 (Xenopus laevis) (SHISA7), mRNA [NM_001145176]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 152 (CCDC152), mRNA [NM_001134848]

Homo sapiens G protein-coupled receptor 18 (GPR18), transcript variant 1, mRNA [NM_005292]

Homo sapiens glutamate-cysteine ligase, catalytic subunit (GCLC), transcript variant 1, mRNA [NM_0011726]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001374), lincRNA [TCONS_00003590]

Homo sapiens nuclear receptor binding protein 2 (NRBP2), mRNA [NM_178564]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_011535), lincRNA [TCONS_00024174]

Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 32 (C12orf32), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_024388]

Homo sapiens keratin associated protein 3-3 (KRTAP3-3), mRNA [NM_033185]

Q96G65_HUMAN (Q96G65) Mitochondrial intermediate peptidase, partial (12%) [THC2633320]

Homo sapiens histocompatibility (minor) 13 (HM13), transcript variant 2, mRNA [NM_178580]

Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 86 (C9orf86), transcript variant 4, mRNA [NM_0011726]

Homo sapiens phosphate cytidylyltransferase 2, ethanolamine (PCYT2), transcript variant 2, mRNA [NM_0011726]

glycerol kinase [Source:HGNC Symbol;Acc:4289] [ENST00000378941]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505792 (LOC100505792), miscRNA [XR_109307]

Homo sapiens uncharacterized LOC152217 (LOC152217), non-coding RNA [NR_024388]

Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 5 (DNAJC5), mRNA [NM_025219]

Homo sapiens calsyntenin 3 (CLSTN3), mRNA [NM_014718]

Homo sapiens RAS protein activator like 1 (GAP1 like) (RASAL1), transcript variant 2, mRNA [NM_0011726]

Homo sapiens chondroitin sulfate proteoglycan 4 pseudogene (LOC440300), non-coding RNA [NR_024388]

Homo sapiens OTU domain containing 4 (OTUD4), transcript variant 2, mRNA [NM_017493]

Homo sapiens exocyst complex component 3 (EXOC3), mRNA [NM_007277]

Homo sapiens TP53 regulated inhibitor of apoptosis 1 (TRIAP1), mRNA [NM_016399]

Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 10 (CARD10), mRNA [NM_014550]

Homo sapiens serine/threonine-protein phosphatase 5-like (LOC100506012), mRNA [NM_00120528]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_012467), lincRNA [TCONS_00025631]

Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 12 (TTC12), mRNA [NM_017868]

Homo sapiens Fc receptor-like 6 (FCRL6), mRNA [NM_001004310]

Homo sapiens zinc finger protein (LOC100293516), mRNA [NM_001204818]

Homo sapiens nucleolar protein family 6 (RNA-associated) (NOL6), transcript variant alpha, mRNA [NM_0011726]

Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 5 (IGFBP5), mRNA [NM_000599]

Q96G65_HUMAN (Q96G65) Mitochondrial intermediate peptidase, partial (12%) [THC2633320]

Homo sapiens family with sequence similarity 20, member A (FAM20A), transcript variant 1, mRNA [NM_0011726]

Homo sapiens utrophin (UTRN), mRNA [NM_007124]

ribosomal protein S21 [Source:HGNC Symbol;Acc:10409] [ENST00000370562]

Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus G5C (LY6G5C), mRNA [NM_025262]

Homo sapiens ubiquitin-fold modifier conjugating enzyme 1 (UFC1), mRNA [NM_016406]
Homo sapiens bladder cancer associated protein (BLCAP), transcript variant 1, mRNA [NM_006698]
Homo sapiens uncharacterized LOC646329 (LOC646329), non-coding RNA [NR_034120]
Homo sapiens interleukin 10 (IL10), mRNA [NM_000572]
Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), alpha-like 1 (CTNNAL1), mRNA [NM_003798]
Homo sapiens ATPase, Cu⁺⁺ transporting, alpha polypeptide (ATP7A), mRNA [NM_000052]
Homo sapiens phosphofurin acidic cluster sorting protein 1 (PACS1), mRNA [NM_018026]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 58 (C7orf58), transcript variant 1, mRNA [NM_02
Homo sapiens megalencephalic leukoencephalopathy with subcortical cysts 1 (MLC1), transcript var
Homo sapiens cystinosin, lysosomal cystine transporter (CTNS), transcript variant 2, mRNA [NM_00
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011971), lincRNA [TCONS_00024691]
Homo sapiens KIAA2013 (KIAA2013), mRNA [NM_138346]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010891), lincRNA [TCONS_00022575]
Homo sapiens ubiquitin C (UBC), mRNA [NM_021009]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007464), lincRNA [TCONS_00015717]

DA853107 PLACE7 Homo sapiens cDNA clone PLACE7003223 5', mRNA sequence [DA853107]
Homo sapiens ATG13 autophagy related 13 homolog (S. cerevisiae) (ATG13), transcript variant 2, m
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (16%) [THC
Homo sapiens zinc finger protein 174 (ZNF174), transcript variant 2, mRNA [NM_001032292]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family M (with RUN domain) member 1 (PLE
Homo sapiens protein disulfide isomerase family A, member 5 (PDIA5), transcript variant 1, mRNA [
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 4C (ARL4C), mRNA [NM_005737]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2N (UBE2N), mRNA [NM_003348]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131564 (LOC100131564), non-coding RNA [NR_034089]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012023), lincRNA [TCONS_I2_00023728]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 57 (C17orf57), transcript variant B, mRNA [NM_
Homo sapiens cDNA FLJ35175 fis, clone PLACE6013400. [AK092494]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 76 (C2orf76), mRNA [NM_001017927]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 223 (C6orf223), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens family with sequence similarity 3, member A (FAM3A), transcript variant 4, mRNA [N

Homo sapiens uncharacterized LOC388152 (LOC388152), non-coding RNA [NR_027001]
Homo sapiens heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 1 (HSP90AB1), mRNA [NM
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006491), lincRNA [TCONS_00014334]
Homo sapiens RAB interacting factor (RABIF), mRNA [NM_002871]
Homo sapiens carbonyl reductase 1 (CBR1), mRNA [NM_001757]
Homo sapiens arginine vasopressin (AVP), mRNA [NM_000490]
AGENCOURT_8965623 NIH_MGC_142 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6452174 5', mRNA sequen
Homo sapiens anthrax toxin receptor 2 (ANTXR2), transcript variant 1, mRNA [NM_058172]
Homo sapiens guanosine monophosphate reductase (GMPR), mRNA [NM_006877]
Homo sapiens BTG3 associated nuclear protein (BANP), transcript variant 3, mRNA [NM_001173539]
Homo sapiens etoposide induced 2.4 mRNA (EI24), transcript variant 1, mRNA [NM_004879]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal 38kDa, V0 subunit d2 (ATP6V0D2), mRNA [NM_1

Homo sapiens zinc finger protein 627 (ZNF627), mRNA [NM_145295]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506090 (LOC100506090), miscRNA [XR_110202]
603066169F1 NIH_MGC_118 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5215217 5', mRNA sequence [BI908
Homo sapiens cadherin, EGF LAG seven-pass G-type receptor 2 (flamingo homolog, Drosophila) (CEI
Homo sapiens ribonucleoprotein, PTB-binding 1 (RAVER1), mRNA [NM_133452]
Homo sapiens cytochrome P450, family 2, subfamily B, polypeptide 6 (CYP2B6), mRNA [NM_000767]
Homo sapiens transmembrane protein 185B (TMEM185B), mRNA [NM_024121]
Homo sapiens kinesin family member 25 (KIF25), transcript variant 1, mRNA [NM_030615]
Homo sapiens UTP18, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast) (UTP18), mRNA
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 15 (CDK15), mRNA [NM_139158]
Homo sapiens zinc finger family member 767 (ZNF767), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_0:
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, C (PTPRC), transcript variant 4, mRNA [I
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013985), lincRNA [TCONS_00028861]
Homo sapiens fatty acyl CoA reductase 1 (FAR1), mRNA [NM_032228]
Homo sapiens URB2 ribosome biogenesis 2 homolog (S. cerevisiae) (URB2), mRNA [NM_014777]
Homo sapiens LTV1 homolog (S. cerevisiae) (LTV1), mRNA [NM_032860]
Homo sapiens enhancer of rudimentary homolog (Drosophila) (ERH), mRNA [NM_004450]
Homo sapiens ceroid-lipofuscinosis, neuronal 6, late infantile, variant (CLN6), mRNA [NM_017882]
Q53F32_HUMAN (Q53F32) Corticotropin releasing hormone binding protein variant (Fragment), pa
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 36A (SNORD36A), small nucleolar RNA [NR_002448]
leucine zipper protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:14985] [ENST00000314174]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012626), lincRNA [TCONS_00026599]
Homo sapiens ubiquitin-like modifier activating enzyme 1 (UBA1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1 like 5 (EPB41L5), transcript variant 3, mRNA
Homo sapiens tripartite motif containing 66 (TRIM66), mRNA [NM_014818]
Homo sapiens solute carrier family 43, member 2 (SLC43A2), mRNA [NM_152346]
Homo sapiens EPM2A (laforin) interacting protein 1 (EPM2AIP1), mRNA [NM_014805]
Homo sapiens neuroblastoma breakpoint family, member 11 (NBPF11), mRNA [NM_183372]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class T (PIGT), transcript variant 1, n
stonin 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17003] [ENST00000484110]
Homo sapiens V-set and immunoglobulin domain containing 2 (VSIG2), mRNA [NM_014312]
Homo sapiens cDNA FLJ33065 fis, clone TRACH2000081. [AK057627]
Homo sapiens small EDRK-rich factor 1A (telomeric) (SERF1A), transcript variant 2, mRNA [NM_022:
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012622), lincRNA [TCONS_00026596]
Homo sapiens olfactory receptor, family 4, subfamily C, member 6 (OR4C6), mRNA [NM_001004704
Homo sapiens uncharacterized LOC338799 (LOC338799), non-coding RNA [NR_002809]
Homo sapiens integrin beta 1 binding protein 1 (ITGB1BP1), transcript variant 1, mRNA [NM_00476:
Homo sapiens uncharacterized protein DKFZp761E198 (DKFZp761E198), mRNA [NM_138368]

MIECCOMP Equus caballus mitochondrial DNA complete sequence, partial (3%) [THC2539563]

Homo sapiens golgin A2 pseudogene 5 (GOLGA2P5), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_0242
Homo sapiens methyltransferase like 19 (METTL19), transcript variant 2, mRNA [NM_152544]
Homo sapiens integrin, beta 4 (ITGB4), transcript variant 1, mRNA [NM_000213]

Homo sapiens folliculin (FLCN), transcript variant 1, mRNA [NM_144997]
Homo sapiens src kinase associated phosphoprotein 1 (SKAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_00:
Homo sapiens prostate tumor overexpressed 1 (PTOV1), mRNA [NM_017432]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 27 (PPP1R27), mRNA [NM_001007533]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 2 interacting protein (CINP), transcript variant 2, mRNA [NM
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 25 (C9orf25), transcript variant 2, mRNA [NM_00
Homo sapiens SHC SH2-domain binding protein 1 (SHCBP1), mRNA [NM_024745]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 4B (SAMD4B), mRNA [NM_018028]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015938), lincRNA [TCONS_I2_00030929]
Homo sapiens MAFF interacting protein (MAFIP), mRNA [NM_001190825]
Homo sapiens ribosomal protein L9 (RPL9), transcript variant 2, mRNA [NM_001024921]
polymerase (RNA) I polypeptide C, 30kDa [Source:HGNC Symbol;Acc:20194] [ENST00000512472]
PREDICTED: Homo sapiens peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A-like (LOC100288602), mRNA [XM_0
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 27, X-linked (USP27X), mRNA [NM_001145073]
Homo sapiens MOB kinase activator 1B (MOB1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001244766]
Homo sapiens zinc finger protein 729 (ZNF729), mRNA [NM_001242680]

Homo sapiens surfactant associated 1, pseudogene (SFTA1P), non-coding RNA [NR_027082]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 487 (LINC00487), non-coding RNA [NR_0383
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 5A2 (EIF5A2), mRNA [NM_020390]
Homo sapiens inositol polyphosphate-4-phosphatase, type I, 107kDa (INPP4A), transcript variant a,
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015491), lincRNA [TCONS_I2_00030182]
AF238866 LNR42 {Mus musculus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (63%) [THC2580099]
Homo sapiens interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 2 (IFIT2), mRNA [NM_0015
Homo sapiens zinc finger protein, multitype 1 (ZFPM1), mRNA [NM_153813]
Homo sapiens defensin, beta 124 (DEFB124), mRNA [NM_001037500]
Homo sapiens cytochrome c, somatic (CYCS), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 15 (NUDT15), mRNA [NM.
Q8E8P5_SHEON (Q8E8P5) Polysaccharide deacetylase family protein, partial (5%) [THC2637826]
Homo sapiens poly(rC) binding protein 2 (PCBP2), transcript variant 2, mRNA [NM_031989]
Homo sapiens centrosomal protein 250kDa (CEP250), mRNA [NM_007186]
Homo sapiens citrate lyase beta like (CLYBL), mRNA [NM_206808]
Homo sapiens pancreatic progenitor cell differentiation and proliferation factor homolog (zebrafish
Homo sapiens aftiphilin (AFTPH), transcript variant 1, mRNA [NM_203437]
Homo sapiens MKI67 (FHA domain) interacting nucleolar phosphoprotein (MKI67IP), mRNA [NM_0:
Homo sapiens coiled-coil domain containing 18 (CCDC18), mRNA [NM_206886]
Homo sapiens carbonic anhydrase XIII (CA13), mRNA [NM_198584]
Homo sapiens apoptosis enhancing nuclease (AEN), mRNA [NM_022767]
Homo sapiens transmembrane protein, adipocyte associated 1 (TPRA1), transcript variant 3, mRNA
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); transl
Homo sapiens tubby like protein 4 (TULP4), transcript variant 1, mRNA [NM_020245]
Homo sapiens interleukin 10 receptor, alpha (IL10RA), transcript variant 1, mRNA [NM_001558]
Homo sapiens regulator of chromosome condensation 2 (RCC2), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); transl

Homo sapiens hyaluronan and proteoglycan link protein 2 (HAPLN2), mRNA [NM_021817]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 265 (LINC00265), non-coding RNA [NR_0269]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507501 (LOC100507501), non-coding RNA [NR_039999]
cysteine/histidine-rich 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17806] [ENST00000528663]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005462), lincRNA [TCONS_00011369]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein D1 polypeptide 16kDa (SNRPD1), mRNA [NM_00693]
Homo sapiens CGI-39 protein mRNA, complete cds. [AF132973]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005774), lincRNA [TCONS_00012216]
Homo sapiens peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 beta (PPARGC1B), t
Homo sapiens Na⁺/K⁺ transporting ATPase interacting 2 (NKAIN2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens utrophin (UTRN), mRNA [NM_007124]

Q93YZ4_ARATH (Q93YZ4) At2g46910/F14M4.26, partial (3%) [THC2672256]
Homo sapiens pogo transposable element with KRAB domain (POGK), mRNA [NM_017542]
Homo sapiens carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 13 (CHST13), mRNA [NM_152889]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001265), lincRNA [TCONS_00000118]
Homo sapiens collagen, type VI, alpha 4 pseudogene 2 (COL6A4P2), non-coding RNA [NR_027898]
602939790F1 NIH_MGC_12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5102926 5', mRNA sequence [BI2245]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 2 (TRPM2), transc
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 7A (BCL7A), transcript variant 1, mRNA [NM_020993]
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 35 (C10orf35), mRNA [NM_145306]
Homo sapiens family with sequence similarity 133, member B (FAM133B), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens nuclear factor related to kappaB binding protein (NFRKB), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens zinc finger protein 780B (ZNF780B), mRNA [NM_001005851]
Homo sapiens mitochondrial translational initiation factor 2 (MTIF2), nuclear gene encoding mitoch
HS850H21 {Homo sapiens} (exp=0; wgp=1; cg=0), partial (95%) [THC2500577]
Homo sapiens BCS1-like (S. cerevisiae) (BCS1L), transcript variant 1, mRNA [NM_004328]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase-activated protein kinase 5 (MAPKAPK5), transcript
Homo sapiens glycerol kinase (GK), transcript variant 4, mRNA [NM_001205019]
Homo sapiens ArfGAP with dual PH domains 1 (ADAP1), mRNA [NM_006869]
Homo sapiens FtsJ homolog 1 (E. coli) (FTSJ1), transcript variant 3, mRNA [NM_177439]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 51 (C12orf51), mRNA [NM_001109662]
Homo sapiens hypoxia inducible factor 1, alpha subunit (basic helix-loop-helix transcription factor) (
Homo sapiens transglutaminase 6 (TGM6), mRNA [NM_198994]
Homo sapiens v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 2 (avian) (ETS2), mRNA [NM_005:

Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 14 homolog (S. cerevisiae) (ALG14), mRNA [NM_1449

Homo sapiens tripartite motif containing 68 (TRIM68), mRNA [NM_018073]
Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 16 (ANAPC16), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 3 (ARHGEF3), transcript variant 3, mRN
Homo sapiens annexin A6 (ANXA6), transcript variant 1, mRNA [NM_001155]
PREDICTED: Homo sapiens hepatocellular carcinoma-associated antigen HCA25a (LOC100506634), r

Homo sapiens keratin associated protein 19-2 (KRTAP19-2), mRNA [NM_181608]
Homo sapiens MSTP132 (MST132) mRNA, complete cds. [AF176922]
Homo sapiens cAMP-regulated phosphoprotein, 19kDa (ARPP19), mRNA [NM_006628]
Homo sapiens RAB2B, member RAS oncogene family (RAB2B), transcript variant 1, mRNA [NM_032142]
Homo sapiens sperm associated antigen 9 (SPAG9), transcript variant 1, mRNA [NM_001130528]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 99 (C17orf99), mRNA [NM_001163075]

Homo sapiens von Willebrand factor A domain containing 5A (VWA5A), transcript variant 2, mRNA [NM_001163075]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001851), lincRNA [TCONS_I2_00004096]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002461), lincRNA [TCONS_00005314]
Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase 2, 69/71kDa (OAS2), transcript variant 3, mRNA [NM_001163075]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 39B (TTC39B), transcript variant 1, mRNA [NM_152142]
GB

Homo sapiens THAP domain containing 4 (THAP4), transcript variant 1, mRNA [NM_015963]
Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 4 (HAUS4), transcript variant 2, mRNA [NM_017842]
Homo sapiens hypermethylated in cancer 2 (HIC2), mRNA [NM_015094]
Homo sapiens cDNA FLJ45604 fis, clone BRTHA3021786. [AK127511]

PREDICTED: Homo sapiens DNAJC3 antisense RNA 1 (non-protein coding) (DNAJC3-AS1), miscRNA [NM_001163075]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 14 (PTPN14), mRNA [NM_005401]
Homo sapiens adenylate cyclase 4 (ADCY4), transcript variant 2, mRNA [NM_139247]
anoctamin 7-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:32248] [ENST00000475369]
Homo sapiens MHC class I polypeptide-related sequence A (MICA), transcript variant 1 (allele MICA*01), mRNA [NM_001163075]
Homo sapiens dimethylarginine dimethylaminohydrolase 1 (DDAH1), transcript variant 1, mRNA [NM_001163075]

Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 6-like (CNOT6L), mRNA [NM_144571]
Homo sapiens isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) alpha (IDH3A), nuclear gene encoding mitochondrially encoded protein, mRNA [NM_001163075]
Homo sapiens NECAP endocytosis associated 1 (NECAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_015509]
Homo sapiens family with sequence similarity 115, member A (FAM115A), transcript variant 1, mRNA [NM_001163075]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008489), lincRNA [TCONS_00018208]
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 10 homolog (yeast) (TIMM10), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001163075]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015938), lincRNA [TCONS_I2_00030929]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A5, pseudogene (ANKRD20A5P), non-coding RNA, transcript variant 1, mRNA [NM_001163075]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 2C (DENND2C), mRNA [NM_198459]
Homo sapiens hyaluronan binding protein 4 (HABP4), mRNA [NM_014282]
Homo sapiens destrin (actin depolymerizing factor) (DSTN), transcript variant 2, mRNA [NM_001011]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide B (POLR3B), transcript variant 1, mRNA [NM_001163075]
Homo sapiens RAB7B, member RAS oncogene family (RAB7B), transcript variant 1, mRNA [NM_177442]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507645 (LOC100507645), miscRNA [XR_132900]
Homo sapiens interleukin 18 receptor 1 (IL18R1), mRNA [NM_003855]
Homo sapiens transmembrane protein 143 (TMEM143), mRNA [NM_018273]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 7A (TTC7A), mRNA [NM_020458]
Homo sapiens 5'-nucleotidase, ecto (CD73) (NT5E), transcript variant 1, mRNA [NM_002526]
Homo sapiens phosphatidylglycerophosphate synthase 1 (PGS1), mRNA [NM_024419]

Homo sapiens karyopherin alpha 2 (RAG cohort 1, importin alpha 1) (KPNA2), mRNA [NM_002266]
Homo sapiens SUMO1/sentrin specific peptidase 1 (SENP1), mRNA [NM_014554]
Homo sapiens CD79a molecule, immunoglobulin-associated alpha (CD79A), transcript variant 1, mRNA [NM_001099412]
Homo sapiens tropomyosin 2 (beta) (TPM2), transcript variant 2, mRNA [NM_213674]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A0 (HNRNPA0), mRNA [NM_006805]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003156), lincRNA [TCONS_I2_00005906]
Homo sapiens protein phosphatase 1, catalytic subunit, gamma isozyme (PPP1CC), transcript variant 1, mRNA [NM_001076680]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 108 (C17orf108), mRNA [NM_001076680]
Homo sapiens fucosyltransferase 1 (galactoside 2-alpha-L-fucosyltransferase, H blood group) (FUT1), mRNA [NM_001105520]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 100 (C17orf100), mRNA [NM_001105520]

Homo sapiens AT rich interactive domain 4A (RBP1-like) (ARID4A), transcript variant 1, mRNA [NM_001099412]
Homo sapiens uncharacterized LOC728558 (LOC728558), non-coding RNA [NR_038444]
Homo sapiens K(lysine) acetyltransferase 6A (KAT6A), transcript variant 1, mRNA [NM_001099412]
Homo sapiens budding uninhibited by benzimidazoles 1 homolog (yeast) (BUB1), mRNA [NM_004333]
Homo sapiens cleavage stimulation factor, 3' pre-RNA, subunit 3, 77kDa (CSTF3), transcript variant 1, mRNA [NM_001099412]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000707), lincRNA [TCONS_00000470]
Homo sapiens NEDD4 binding protein 2-like 1 (N4BP2L1), transcript variant 1, mRNA [NM_052818]
Homo sapiens zinc finger, GATA-like protein 1 (ZGLP1), mRNA [NM_001103167]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506125, transcript variant 1 (LOC100506125), miscRNA [XR_110532]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128242 (LOC100128242), miscRNA [XR_110532]
Homo sapiens proliferation-inducing protein 9 mRNA, complete cds. [AY239294]
Homo sapiens ribosomal protein L3 (RPL3), transcript variant 1, mRNA [NM_000967]
Homo sapiens arylformamidase (AFMID), transcript variant 3, non-coding RNA [NR_027083]
Homo sapiens uncharacterized LOC728875 (LOC728875), non-coding RNA [NR_024584]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100509635 (LOC100509635), miscRNA [XR_111050]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 1 (USP1), transcript variant 1, mRNA [NM_003368]
Homo sapiens adaptor-related protein complex 2, alpha 2 subunit (AP2A2), transcript variant 1, mRNA [NM_001099412]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase-like A domain containing 1 (PTPLAD1), mRNA [NM_016100]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_009345), lincRNA [TCONS_00019550]
Homo sapiens ANKHD1-EIF4EBP3 readthrough (ANKHD1-EIF4EBP3), mRNA [NM_020690]
Homo sapiens vitamin K epoxide reductase complex, subunit 1 (VKORC1), transcript variant 2, mRNA [NM_001099412]
Homo sapiens hyaluronoglucosaminidase 3 (HYAL3), transcript variant 1, mRNA [NM_003549]
ik13g02.y1 HR85 islet Homo sapiens cDNA clone IMAGE: 5780930 5', mRNA sequence [BQ271425]
full-length cDNA clone CS0DI014YE21 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR511000]
Homo sapiens carboxylesterase 1 (CES1), transcript variant 3, mRNA [NM_001266]
Homo sapiens zinc finger protein 738 (ZNF738), non-coding RNA [NR_027130]
Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member M (CLEC4M), transcript variant 2, mRNA [NM_001099412]
Homo sapiens emopamil binding protein-like (EBPL), mRNA [NM_032565]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 120 (CCDC120), transcript variant 3, mRNA [NM_033621]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit B', gamma [Source:HGNC Symbol;Acc:9311] [ENST00000280000]

Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2-like (MTHFD2L), mRNA [NM_138444]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 124 (CCDC124), transcript variant 1, mRNA [NM_138444]
Homo sapiens zinc finger protein 385A (ZNF385A), transcript variant 3, mRNA [NM_015481]
Homo sapiens PHD finger protein 10 (PHF10), transcript variant 1, mRNA [NM_018288]
Homo sapiens UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 6 (B4GALT6), mRNA [NM_0011665]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide D, 44kDa (POLR3D), mRNA [NM_0011665]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 59 (C15orf59), mRNA [NM_001039614]
Homo sapiens SP140 nuclear body protein-like (SP140L), mRNA [NM_138402]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L30 (MRPL30), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens ankyrin repeat domain 36B pseudogene 2 (ANKRD36BP2), non-coding RNA [NR_015481]
Homo sapiens golgin A8 family, member A pseudogene (LOC653075), non-coding RNA [NR_033933]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat, ankyrin repeat and coiled-coil containing 2 (TANC2), mRNA [NM_0011665]
WASH and IL9R antisense RNA 1 (non-protein coding) [Source:HGNC Symbol;Acc:38513] [ENST00000283933]
RNA terminal phosphate cyclase-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17687] [ENST00000381732]
Homo sapiens v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 1 (AKT1), transcript variant 1, mRNA [NM_0011665]
Homo sapiens family with sequence similarity 21, member C (FAM21C), transcript variant 2, mRNA [NM_0011665]
Homo sapiens claudin 7 (CLDN7), transcript variant 1, mRNA [NM_001307]
Homo sapiens pre-B-cell leukemia homeobox 2 (PBX2), mRNA [NM_002586]
Homo sapiens zinc finger protein 768 (ZNF768), mRNA [NM_024671]
09F_J17.2 Novel Promoters 5' RACE-PCR Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [EL584821]
LYSG_COREF (Q8RQM5) Lysine export transcriptional regulatory protein lysG, partial (7%) [THC2504]
602720851F1 NIH_MGC_97 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4837645 5', mRNA sequence [BG772]
Homo sapiens protein phosphatase methylesterase 1 (PPME1), mRNA [NM_016147]
Homo sapiens HEAT repeat containing 2 (HEATR2), mRNA [NM_017802]
CR997556 RZPD no.9016 Homo sapiens cDNA clone RZPDp901612412 5', mRNA sequence [CR99755]
Homo sapiens archaelysin family metallopeptidase 2 pseudogene 1 (AMZ2P1), non-coding RNA [NR_015481]
Homo sapiens mannosidase, endo-alpha (MANEA), mRNA [NM_024641]
Homo sapiens FTX transcript, XIST regulator (non-protein coding) (FTX), non-coding RNA [NR_02837]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002563), lincRNA [TCONS_00006777]
Homo sapiens WD repeat domain 12 (WDR12), mRNA [NM_018256]
Homo sapiens cytochrome c oxidase assembly factor-like (PET117), mRNA [NM_001164811]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507280 (LOC100507280), miscRNA [XR_110418]
Homo sapiens cDNA FLJ10577 fis, clone NT2RP2003367. [AK001439]
PREDICTED: Homo sapiens family with sequence similarity 85, member A (FAM85A), miscRNA [XR_110418]
Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, N-methyl D-aspartate 2A (GRIN2A), transcript variant 1, mRNA [NM_0011665]
Homo sapiens CD1a molecule (CD1A), mRNA [NM_001763]
Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide J4, pseudogene (POLR2J4), non-coding RNA [NR_015481]
Homo sapiens alpha hemoglobin stabilizing protein (AHSP), mRNA [NM_016633]
Homo sapiens aralkylamine N-acetyltransferase (AANAT), transcript variant 1, mRNA [NM_0011665]
Homo sapiens stromal antigen 2 (STAG2), transcript variant 3, mRNA [NM_001042751]
Homo sapiens ADP-dependent glucokinase (ADPGK), transcript variant 1, mRNA [NM_031284]
Homo sapiens ACN9 homolog (S. cerevisiae) (ACN9), mRNA [NM_020186]
Homo sapiens pleiomorphic adenoma gene-like 2 (PLAGL2), mRNA [NM_002657]
Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_015481]

Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 228 (C6orf228), mRNA [NM_001135575]
Homo sapiens GRIK1 antisense RNA 1 (non-protein coding) (GRIK1-AS1), non-coding RNA [NR_0270
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007350), lincRNA [TCONS_00015669]
Homo sapiens TRIO and F-actin binding protein (TRIOBP), transcript variant 6, mRNA [NM_0010391.
Homo sapiens autophagy/beclin-1 regulator 1 (AMBRA1), mRNA [NM_017749]
Homo sapiens COPG2 imprinted transcript 1 (non-protein coding) (COPG2IT1), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens MAGI2 antisense RNA 3 (non-protein coding) (MAGI2-AS3), transcript variant 4, non-

Homo sapiens capping protein (actin filament) muscle Z-line, alpha 2 (CAPZA2), mRNA [NM_006136
Homo sapiens disabled homolog 1 (Drosophila) (DAB1), mRNA [NM_021080]
Homo sapiens zinc finger protein 36, C3H type-like 1 (ZFP36L1), transcript variant 1, mRNA [NM_00_
Homo sapiens Sin3A-associated protein, 30kDa (SAP30), mRNA [NM_003864]
Homo sapiens integrin, beta 8 (ITGB8), mRNA [NM_002214]
Homo sapiens synaptotagmin-like 1 (SYTL1), transcript variant 2, mRNA [NM_032872]
Homo sapiens cDNA FLJ45443 fis, clone BRSSN2012157. [AK128779]
Homo sapiens calpain 3, (p94) (CAPN3), transcript variant 1, mRNA [NM_000070]
Homo sapiens interleukin 1 receptor antagonist (IL1RN), transcript variant 4, mRNA [NM_173843]

Homo sapiens uncharacterized LOC285972 (LOC285972), non-coding RNA [NR_034033]
Homo sapiens nucleosome assembly protein 1-like 5 (NAP1L5), mRNA [NM_153757]
Homo sapiens transmembrane emp24 protein transport domain containing 1 (TMED1), mRNA [NM_
Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
basic leucine zipper nuclear factor 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:1065] [ENST00000367808]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S26 (MRPS26), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 47 (DDX47), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens transcobalamin II (TCN2), transcript variant 1, mRNA [NM_000355]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506518 (LOC100506518), miscRNA [XR_109072]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 1 (CDK1), transcript variant 4, mRNA [NM_001170406]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4816083, partial cds. [BC036435]
Homo sapiens fragile X mental retardation 1 neighbor (FMR1NB), mRNA [NM_152578]
Homo sapiens non-metastatic cells 2, protein (NM23B) expressed in (NME2), transcript variant 1, m

Homo sapiens amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family A, member 2 (APBA2), transcript
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 5 (MCM5), mRNA [NM_006739]
Homo sapiens solute carrier family 1 (glutamate/neutral amino acid transporter), member 4 (SLC1A
Homo sapiens uncharacterized LOC386597 (LOC386597), non-coding RNA [NR_033997]
Homo sapiens neural precursor cell expressed, developmentally down-regulated 4-like (NEDD4L), tr
Homo sapiens unc-119 homolog B (C. elegans) (UNC119B), mRNA [NM_001080533]
Homo sapiens lamin A/C (LMNA), transcript variant 1, mRNA [NM_170707]
Homo sapiens nucleosome assembly protein 1-like 2 (NAP1L2), mRNA [NM_021963]
Homo sapiens COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 3 (Arabidopsis) (COPS3), tran
Homo sapiens SPC24, NDC80 kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae) (SPC24), mF
Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfam
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2 (KCNH2), tra

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008370), lincRNA [TCONS_00018105]
Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 26 (PPP1R26), mRNA [NM_014811]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015397), lincRNA [TCONS_I2_00030085]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002033), lincRNA [TCONS_I2_00003640]
Q8SQ10_MACNE (Q8SQ10) Pancreatic ribonuclease, partial (11%) [THC2665784]
Homo sapiens late cornified envelope 1D (LCE1D), mRNA [NM_178352]
Homo sapiens signaling lymphocytic activation molecule family member 1 (SLAMF1), mRNA [NM_0
Homo sapiens uncharacterized LOC284365 (MGC45922), non-coding RNA [NR_038359]
ribosomal protein S4, X-linked [Source:HGNC Symbol;Acc:10424] [ENST00000373626]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 6 (non-protein coding) (SNHG6), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens zinc finger protein 529 (ZNF529), transcript variant 2, mRNA [NM_020951]
RL25_PHOPR (Q6LRY1) 50S ribosomal protein L25, partial (21%) [THC2672667]
Homo sapiens family with sequence similarity 71, member D (FAM71D), mRNA [NM_173526]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 69 (C17orf69), transcript variant 2, non-coding f

Homo sapiens ankyrin repeat domain 12 (ANKRD12), transcript variant 3, mRNA [NM_001204056]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 3 (MAP2K3), transcript variant B, mRNA [NM
Homo sapiens RAB39B, member RAS oncogene family (RAB39B), mRNA [NM_171998]
Homo sapiens bromodomain containing 9 (BRD9), transcript variant 1, mRNA [NM_023924]
PREDICTED: Homo sapiens family with sequence similarity 27, member E3 (FAM27E3), mRNA [XM_
Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 21 (CEACAM21), transcript
Homo sapiens NFkB inhibitor interacting Ras-like 2 (NKIRAS2), transcript variant 3, mRNA [NM_001:
Homo sapiens CRYM antisense RNA 1 (non-protein coding) (CRYM-AS1), non-coding RNA [NR_0266:
Homo sapiens alpha tubulin acetyltransferase 1 (ATAT1), transcript variant 2, mRNA [NM_024909]
Homo sapiens 3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase (HIBCH), nuclear gene encoding mitochondrial pr
Homo sapiens thioredoxin domain containing 5 (endoplasmic reticulum) (TXNDC5), transcript variar
Homo sapiens patatin-like phospholipase domain containing 8 (PNPLA8), mRNA [NM_015723]
Homo sapiens cell death-inducing DFFA-like effector c (CIDEc), transcript variant 3, mRNA [NM_022
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 9 pseudogene (MGC39372),
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 38B (retrotransposed) (SNORA38B), small nucleolar
Homo sapiens oral-facial-digital syndrome 1 (OFD1), mRNA [NM_003611]
Homo sapiens rhophilin, Rho GTPase binding protein 2 (RHPN2), mRNA [NM_033103]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DR beta 3 (HLA-DRB3), mRNA [NM_02255:
Homo sapiens osteoclast associated, immunoglobulin-like receptor (OSCAR), transcript variant 1, m
Homo sapiens beta-site APP-cleaving enzyme 1 (BACE1), transcript variant a, mRNA [NM_012104]
Homo sapiens taste receptor, type 2, member 4 (TAS2R4), mRNA [NM_016944]
Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 15 (KCNK15), mRNA [NM_022358]
603063632F1 NIH_MGC_118 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5213023 5', mRNA sequence [BI911
Q8N545_HUMAN (Q8N545) ZNF616 protein, partial (87%) [THC2737662]
RST35951 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG216262]
Homo sapiens ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 1 (ST8SIA1), mRNA [NM_
Homo sapiens RNA binding motif protein 23 (RBM23), transcript variant 1, mRNA [NM_001077351]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting prote

Homo sapiens replication protein A2, 32kDa (RPA2), mRNA [NM_002946]
ubiquitin specific peptidase 45 [Source:HGNC Symbol;Acc:20080] [ENST00000369232]
Homo sapiens schlafen family member 5 (SLFN5), mRNA [NM_144975]
Homo sapiens high mobility group box 3 (HMGB3), mRNA [NM_005342]
Homo sapiens solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 7 (SLC12A7), mRNA [NM_016112]
Homo sapiens taste receptor, type 2, member 31 (TAS2R31), mRNA [NM_176885]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506874 (LOC100506874), transcript variant 1, non-coding RNA [NM_001163231]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC441072 (FLJ31104), miscRNA [XR_108600]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008299), lincRNA [TCONS_00017642]
601853956F1 NIH_MGC_57 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4074085 5', mRNA sequence [BF246123]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013429), lincRNA [TCONS_00027440]
Homo sapiens solute carrier family 35 (UDP-N-acetylglucosamine (UDP-GlcNAc) transporter), member 1 (SLC35A1), mRNA [NM_016112]
UI-H-ED1-axv-n-20-0-UI.s1 NCI_CGAP_ED1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5834323 3', mRNA sequence [AF040123]
Homo sapiens proteoglycan 2, bone marrow (natural killer cell activator, eosinophil granule major basic protein) (PG2), mRNA [NM_016112]
Homo sapiens protocadherin 9, mRNA (cDNA clone MGC:167030 IMAGE:8860363), complete cds. [AF040123]
Homo sapiens toll-like receptor 8 (TLR8), mRNA [NM_138636]

Homo sapiens histone cluster 1, H4c (HIST1H4C), mRNA [NM_003542]
Homo sapiens transmembrane protein 135 (TMEM135), transcript variant 1, mRNA [NM_022918]
Homo sapiens Morf4 family associated protein 1 (MRFAP1), mRNA [NM_033296]
Homo sapiens neuronal cell adhesion molecule (NRCAM), transcript variant 1, mRNA [NM_0010371]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 3, 30kDa (NADH-coenzyme Q reductase) (ND3), mRNA [NM_016112]
Homo sapiens cytokine receptor-like factor 2 (CRLF2), transcript variant 2, mRNA [NM_001012288]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S31 (MRPS31), nuclear gene encoding mitochondria ribosomal protein S31 [NM_016112]
Homo sapiens PCI domain containing 2 (PCID2), transcript variant 1, mRNA [NM_001127202]
Homo sapiens nuclear fragile X mental retardation protein interacting protein 1 (NUFIP1), mRNA [NM_016112]
Homo sapiens ring finger and CCCH-type domains 2 (RC3H2), transcript variant 2, mRNA [NM_018812]
Homo sapiens pyruvate dehydrogenase (lipoamide) alpha 1 (PDHA1), nuclear gene encoding mitochondrial pyruvate dehydrogenase (lipoamide) alpha 1 [NM_016112]
dedicator of cytokinesis 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:19191] [ENST00000382331]
Homo sapiens oleoyl-ACP hydrolase (OLAH), transcript variant 2, mRNA [NM_001039702]
Homo sapiens glomulin, FKBP associated protein (GLMN), mRNA [NM_053274]
Homo sapiens outer dense fiber of sperm tails 3B (ODF3B), mRNA [NM_001014440]
Homo sapiens ArfGAP with coiled-coil, ankyrin repeat and PH domains 3 (ACAP3), mRNA [NM_030612]
Homo sapiens suppressor of var1, 3-like 1 (S. cerevisiae) (SUPV3L1), mRNA [NM_003171]
Homo sapiens zinc finger protein 862 (ZNF862), mRNA [NM_001099220]
Homo sapiens serine incorporator 5 (SERINC5), transcript variant 2, mRNA [NM_178276]
Homo sapiens uncharacterized LOC100133991 (LOC100133991), non-coding RNA [NR_024435]
Homo sapiens family with sequence similarity 46, member A (FAM46A), mRNA [NM_017633]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 29 (C20orf29), transcript variant 2, mRNA [NM_016112]
Homo sapiens oncostatin M (OSM), mRNA [NM_020530]
Homo sapiens leucine-rich repeat LGI family, member 4 (LGI4), mRNA [NM_139284]
Homo sapiens CaM kinase-like vesicle-associated (CAMKV), mRNA [NM_024046]
Homo sapiens hemogen (HEMGN), transcript variant 1, mRNA [NM_018437]

Homo sapiens TRAF3IP2 antisense RNA 1 (non-protein coding) (TRAF3IP2-AS1), transcript variant 3, mRNA [NM_001171211]

Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase 1, 40/46kDa (OAS1), transcript variant 2, mRNA [NM_001171211]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007914), lincRNA [TCONS_00017121]

Homo sapiens EH-domain containing 2 (EHD2), mRNA [NM_014601]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_014300), lincRNA [TCONS_00029446]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003666), lincRNA [TCONS_I2_00006771]

Homo sapiens von Willebrand factor A domain containing 1 (VWA1), transcript variant 1, mRNA [NM_001171211]

Homo sapiens retinoblastoma binding protein 8 (RBBP8), transcript variant 1, mRNA [NM_002894]

Homo sapiens Down syndrome critical region gene 3 (DSCR3), mRNA [NM_006052]

Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 4 (FHL4), mRNA [NM_001171211]

Homo sapiens tripartite motif containing 71 (TRIM71), mRNA [NM_001039111]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_011136), lincRNA [TCONS_00022882]

Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 39 (C4orf39), mRNA [NM_153027]

Homo sapiens kelch domain containing 1 (KLHDC1), mRNA [NM_172193]

Homo sapiens MOB kinase activator 3B (MOB3B), mRNA [NM_024761]

Homo sapiens importin 7 (IPO7), mRNA [NM_006391]

Homo sapiens zinc finger protein 813 (ZNF813), mRNA [NM_001004301]

Homo sapiens cDNA FLJ33508 fis, clone BRAMY2005094. [AK090827]

Homo sapiens prostaglandin reductase 1 (PTGR1), transcript variant 2, mRNA [NM_012212]

Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]

Homo sapiens family with sequence similarity 177, member B (FAM177B), mRNA [NM_207468]

Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 11 (PTPN11), mRNA [NM_002834]

Homo sapiens sorting nexin 3 (SNX3), transcript variant 1, mRNA [NM_003795]

Homo sapiens solute carrier family 35, member G1 (SLC35G1), transcript variant 2, mRNA [NM_153027]

Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 30 (C20orf30), transcript variant 2, mRNA [NM_001171211]

Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434F142 (from clone DKFZp434F142). [AL136837]

Q53HV1_HUMAN (Q53HV1) Ribosomal protein S4, X-linked X isoform variant (Fragment), partial (58-100 aa), mRNA [NM_001171211]

Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 9 (DNAJC9), mRNA [NM_015190]

Homo sapiens arginine-glutamic acid dipeptide (RE) repeats pseudogene 3 (REREP3), non-coding RNA [NM_001171211]

Homo sapiens zygote arrest 1-like (ZAR1L), mRNA [NM_001136571]

Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 9-like (BCL9L), mRNA [NM_182557]

Homo sapiens eyes absent homolog 3 (Drosophila) (EYA3), mRNA [NM_001990]

ankyrin repeat domain 42 [Source:HGNC Symbol;Acc:26752] [ENST00000393389]

Homo sapiens zinc finger, CCHC domain containing 11 (ZCCHC11), transcript variant 1, mRNA [NM_001171211]

Homo sapiens uncharacterized LOC440288 (LOC440288), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001171211]

Homo sapiens PR domain containing 12 (PRDM12), mRNA [NM_021619]

Homo sapiens protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1H (PPM1H), mRNA [NM_020700]

Homo sapiens uncharacterized LOC100130231 (LOC100130231), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_001171211]

Homo sapiens holocarboxylase synthetase (biotin-(propionyl-CoA-carboxylase (ATP-hydrolysing)) like 1 (HCC1), mRNA [NM_001171211]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100129223 (LOC100129223), miscRNA [XR_111243]

Homo sapiens transmembrane protein 223 (TMEM223), mRNA [NM_001080501]

Homo sapiens protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1B (PPM1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001171211]

Homo sapiens interleukin 16 (IL16), transcript variant 3, mRNA [NM_001172128]

Homo sapiens lactate dehydrogenase A-like 6A (LDHAL6A), transcript variant 1, mRNA [NM_144972]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 1 (TRPC1), transcri

Homo sapiens mago-nashi homolog, proliferation-associated (Drosophila) (MAGOH), mRNA [NM_000000]
Homo sapiens RNA (guanine-7-) methyltransferase (RNMT), mRNA [NM_003799]

Homo sapiens cDNA FLJ45328 fis, clone BRHIP3007172. [AK127261]

Homo sapiens CDP-diacylglycerol--inositol 3-phosphatidyltransferase (CDIPT), mRNA [NM_006319]

Homo sapiens frizzled family receptor 5 (FZD5), mRNA [NM_003468]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007112), lincRNA [TCONS_I2_00013207]

Homo sapiens ras homolog gene family, member Q (RHOQ), mRNA [NM_012249]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506299 (LOC100506299), miscRNA [XR_108388]

Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp781N1049 (from clone DKFZp781N1049). [CR627384]

Homo sapiens aminolevulinate dehydratase (ALAD), mRNA [NM_000031]

Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase II delta (CAMK2D), transcript variant 3

Homo sapiens oxysterol binding protein-like 6 (OSBPL6), transcript variant 1, mRNA [NM_032523]

Homo sapiens ataxia telangiectasia mutated (ATM), mRNA [NM_000051]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004222), lincRNA [TCONS_I2_00007785]

Homo sapiens t-complex 11 (mouse)-like 1 (TCP11L1), transcript variant 1, mRNA [NM_018393]

Homo sapiens H2A histone family, member Z (H2AFZ), mRNA [NM_002106]

Homo sapiens ribonuclease P/MRP 30kDa subunit (RPP30), transcript variant 1, mRNA [NM_001104]

Homo sapiens cDNA FLJ44826 fis, clone BRACE3046762. [AK126778]

Homo sapiens glycerol-3-phosphate acyltransferase 2, mitochondrial (GPAT2), nuclear gene encoding

Homo sapiens complement component 1, r subcomponent-like (C1RL), mRNA [NM_016546]

Homo sapiens three prime repair exonuclease 2 (TREX2), mRNA [NM_080701]

Homo sapiens ribosomal protein L13a (RPL13A), mRNA [NM_012423]

Homo sapiens zinc finger, matrin-type 5 (ZMAT5), transcript variant 1, mRNA [NM_019103]

Homo sapiens cDNA FLJ43953 fis, clone TESTI4015477. [AK125941]

Homo sapiens solute carrier family 25, member 43 (SLC25A43), nuclear gene encoding mitochondri

Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 6 (SRSF6), transcript variant 2, non-coding RNA [N

Homo sapiens processing of precursor 5, ribonuclease P/MRP subunit (*S. cerevisiae*) (POP5), transcr

BROAD Institute lincRNA (XLOC_010622), lincRNA [TCONS_00021656]

Homo sapiens oxidation resistance 1 (OXR1), transcript variant 4, mRNA [NM_001198533]

Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 15 (ARL15), mRNA [NM_019087]

Homo sapiens survival of motor neuron 1, telomeric (SMN1), transcript variant d, mRNA [NM_0003

Homo sapiens pellino homolog 3 (*Drosophila*) (PELI3), transcript variant 1, mRNA [NM_145065]

Homo sapiens apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3A (APOBEC3A), tr

BROAD Institute lincRNA (XLOC_005893), lincRNA [TCONS_00012341]

Homo sapiens TBC1 domain family, member 8B (with GRAM domain) (TBC1D8B), transcript variant

Homo sapiens ribosomal RNA processing 15 homolog (*S. cerevisiae*) (RRP15), mRNA [NM_016052]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100287437 (LOC100287437), mRNA [XM_00234

Homo sapiens NFkB inhibitor interacting Ras-like 1 (NKIRAS1), mRNA [NM_020345]

Homo sapiens PSMC3 interacting protein (PSMC3IP), transcript variant 1, mRNA [NM_013290]

Homo sapiens voltage-dependent anion channel 1 (VDAC1), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens zinc finger protein 525 (ZNF525), non-coding RNA [NR_003699]
Homo sapiens mRNA for KIAA1084 protein, partial cds. [AB029007]
Homo sapiens SCL/TAL1 interrupting locus (STIL), transcript variant 1, mRNA [NM_001048166]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 47 (LRRC47), mRNA [NM_020710]
PHD finger protein 20-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:24280] [ENST00000361997]
Uncharacterized protein cDNA FLJ27422 fis, clone WMC08087 [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q6ZNB
PREDICTED: Homo sapiens monofunctional C1-tetrahydrofolate synthase, mitochondrial-like (LOC10
Homo sapiens cDNA FLJ10816 fis, clone NT2RP4000997, highly similar to DNA-DIRECTED RNA POLY
zinc finger protein 160 [Source:HGNC Symbol;Acc:12948] [ENST00000355147]
Homo sapiens MORN repeat containing 2 (MORN2), mRNA [NM_001145450]
Homo sapiens olfactory receptor, family 13, subfamily J, member 1 (OR13J1), mRNA [NM_00100448
PREDICTED: Homo sapiens zinc finger protein 726-like (LOC100509175), miscRNA [XR_133170]
Homo sapiens zinc finger protein 267 (ZNF267), transcript variant 498723, mRNA [NM_003414]
Homo sapiens glucose-fructose oxidoreductase domain containing 1 (GFOD1), transcript variant 4, r
Homo sapiens transportin 1 (TNPO1), transcript variant 1, mRNA [NM_002270]
Homo sapiens kielin/chordin-like protein (KCP), transcript variant 1, mRNA [NM_001135914]

Homo sapiens TRAF-interacting protein with forkhead-associated domain, family member B (TIFAB)
Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_01
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506119, transcript variant 1 (LOC100506119), miscF

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008370), lincRNA [TCONS_00018105]
Homo sapiens tropomyosin 2 (beta) (TPM2), transcript variant 2, mRNA [NM_213674]
Homo sapiens regulator of G protein signaling 9 binding protein (RGS9BP), mRNA [NM_207391]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 17 (CDK17), transcript variant 2, mRNA [NM_001170464]
Homo sapiens adrenomedullin 2 (ADM2), mRNA [NM_024866]
Homo sapiens ribosomal protein L34 (RPL34), transcript variant 2, mRNA [NM_033625]
Homo sapiens ribosomal protein L3 (RPL3), transcript variant 1, mRNA [NM_000967]
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 8 (HSD17B8), mRNA [NM_014234]
Homo sapiens leucine rich repeat and coiled-coil domain containing 1 (LRRCC1), mRNA [NM_03340:
Homo sapiens family with sequence similarity 48, member A (FAM48A), transcript variant 2, mRNA
serine hydroxymethyltransferase 1 (soluble) [Source:HGNC Symbol;Acc:10850] [ENST00000329968]
Homo sapiens cDNA FLJ37005 fis, clone BRACE2009122. [AK094324]
Homo sapiens PITPNM family member 3 (PITPNM3), transcript variant 1, mRNA [NM_031220]
Homo sapiens zinc finger protein 569 (ZNF569), mRNA [NM_152484]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010855), lincRNA [TCONS_00022531]
Homo sapiens cell growth regulator with EF-hand domain 1 (CGREF1), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens, clone IMAGE:4399587, mRNA. [BC015320]
Homo sapiens carboxyl ester lipase (bile salt-stimulated lipase) (CEL), mRNA [NM_001807]
PREDICTED: Homo sapiens cytokine receptor CRL2 (LOC100287290), mRNA [XM_002342405]
Homo sapiens zinc finger protein 345 (ZNF345), transcript variant 1, mRNA [NM_003419]
Homo sapiens prolyl 4-hydroxylase, beta polypeptide (P4HB), mRNA [NM_000918]

Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 8 (TNFRSF8), transcript variant :
Homo sapiens synaptogyrin 3 (SYNGR3), mRNA [NM_004209]
Homo sapiens cancer susceptibility candidate 5 (CASC5), transcript variant 1, mRNA [NM_170589]
Homo sapiens RMI2, RecQ mediated genome instability 2, homolog (*S. cerevisiae*) (RMI2), mRNA [N
Homo sapiens SUMO1/sentrin/SMT3 specific peptidase 3 (SENP3), mRNA [NM_015670]
Homo sapiens septin 7 pseudogene 2 (SEPT7P2), non-coding RNA [NR_024271]
Homo sapiens core 1 synthase, glycoprotein-N-acetylgalactosamine 3-beta-galactosyltransferase, 1
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003263), lincRNA [TCONS_00006667]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008299), lincRNA [TCONS_00017641]
Homo sapiens zinc finger protein 691 (ZNF691), transcript variant 2, mRNA [NM_015911]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 12 (SAMD12), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens histone cluster 1, H2ae (HIST1H2AE), mRNA [NM_021052]
Homo sapiens cDNA FLJ44976 fis, clone BRAWH3001833. [AK128758]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 11 (ANKRD11), mRNA [NM_013275]

Homo sapiens tumor protein p53 (TP53), transcript variant 1, mRNA [NM_000546]
Homo sapiens family with sequence similarity 102, member B (FAM102B), mRNA [NM_001010883]
Homo sapiens transmembrane protein 95 (TMEM95), mRNA [NM_198154]
Homo sapiens mesoderm induction early response 1, family member 3 (MIER3), mRNA [NM_15262
Homo sapiens STE20-related kinase adaptor alpha (STRADA), transcript variant 5, mRNA [NM_0011
Homo sapiens caprin family member 2 (CAPRIN2), transcript variant 1, mRNA [NM_001002259]
Homo sapiens DCP1 decapping enzyme homolog B (*S. cerevisiae*) (DCP1B), mRNA [NM_152640]
PTK2 protein tyrosine kinase 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:9611] [ENST00000342207]
Homo sapiens cyclin D2 (CCND2), mRNA [NM_001759]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, *Drosophila*); transl
Homo sapiens WAS protein family homolog 5 pseudogene (WASH5P), non-coding RNA [NR_033266
Homo sapiens cytoplasmic polyadenylation element binding protein 2 (CPEB2), transcript variant B,
Homo sapiens laminin, beta 2 pseudogene 1 (LAMB2P1), non-coding RNA [NR_004405]
Homo sapiens sirtuin 2 (SIRT2), transcript variant 3, mRNA [NM_001193286]
Homo sapiens fasciculation and elongation protein zeta 2 (zygin II) (FEZ2), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens Ras-related GTP binding B (RRAGB), transcript variant RAGBI, mRNA [NM_016656]
Homo sapiens nuclear receptor coactivator 4 (NCOA4), transcript variant 2, mRNA [NM_001145261
Homo sapiens TP73 antisense RNA 1 (non-protein coding) (TP73-AS1), transcript variant 1, non-codi
Homo sapiens necdin-like 2 (NDNL2), mRNA [NM_138704]
EST9644 human nasopharynx Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [CD693121]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 7 (DCAF7), mRNA [NM_005828]
Homo sapiens SEC22 vesicle trafficking protein homolog C (*S. cerevisiae*) (SEC22C), transcript varian
T cell receptor beta variable 7-7 [Source:HGNC Symbol;Acc:12241] [ENST00000390377]
Homo sapiens metastasis suppressor 1-like (MTSS1L), mRNA [NM_138383]
Homo sapiens adenosine monophosphate deaminase 2 (AMPD2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens tetratricopeptide repeat, ankyrin repeat and coiled-coil containing 1 (TANC1), transcr
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002995), lincRNA [TCONS_00006375]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001192), lincRNA [TCONS_I2_00001619]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F112 (from clone DKFZp564F112) [AL049987]

Homo sapiens proteoglycan 3 pseudogene (SLED1), non-coding RNA [NR_003542]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005621), lincRNA [TCONS_00012091]
Homo sapiens glycosylphosphatidylinositol anchor attachment protein 1 homolog (yeast) (GPAA1),
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 58 (C17orf58), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens complement component 5 (C5), mRNA [NM_001735]
Homo sapiens DAZ interacting protein 1-like (DZIP1L), transcript variant 1, mRNA [NM_173543]
Homo sapiens GRIP and coiled-coil domain containing 2 (GCC2), transcript variant 1, mRNA [NM_18
Homo sapiens pantothenate kinase 3 (PANK3), mRNA [NM_024594]
Homo sapiens SON DNA binding protein (SON), transcript variant b, mRNA [NM_032195]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 26 (C20orf26), transcript variant 1, mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506965 (LOC100506965), miscRNA [XR_110300]
Homo sapiens ribosomal protein L7 (RPL7), mRNA [NM_000971]
Homo sapiens fibroblast growth factor 2 (basic) (FGF2), mRNA [NM_002006]
Homo sapiens pseudouridylate synthase 3 (PUS3), mRNA [NM_031307]
Homo sapiens metallophosphoesterase 1 (MPPE1), transcript variant 1, mRNA [NM_023075]
PREDICTED: Homo sapiens hect domain and RLD 2 pseudogene 7 (HERC2P7), miscRNA [XR_133065]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens dynein, axonemal, heavy chain 14 (DNAH14), transcript variant 3, mRNA [NM_14498
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013694), lincRNA [TCONS_00028345]
AGENCOURT_10396508 NIH_MGC_141 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6605580 5', mRNA seque
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006486), lincRNA [TCONS_00013856]
Homo sapiens LSM11, U7 small nuclear RNA associated (LSM11), mRNA [NM_173491]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010508), lincRNA [TCONS_I2_00020322]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 7 (ASB7), transcript variant 1, mRNA [NM_0:
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 6 (MCM6), mRNA [NM_005915]
Homo sapiens KIAA0090 (KIAA0090), mRNA [NM_015047]
Homo sapiens uncharacterized LOC401149 (FLJ14186), non-coding RNA [NR_037596]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 102A (CCDC102A), mRNA [NM_033212]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 9 (ASB9), transcript variant 1, mRNA [NM_0:
Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 4 (ZBED4), mRNA [NM_014838]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (9%) [THC2:
Homo sapiens ribonucleoprotein, PTB-binding 2 (RAVER2), mRNA [NM_018211]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit A, alpha (PPP2R1A), transcript variant 1, r
Homo sapiens cDNA FLJ77710 complete cds. [AK289844]
Homo sapiens ATPase, Cu⁺⁺ transporting, alpha polypeptide (ATP7A), mRNA [NM_000052]
ras homolog gene family, member A [Source:HGNC Symbol;Acc:667] [ENST00000265538]
Homo sapiens family with sequence similarity 118, member A (FAM118A), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 4 (RASSF4), mRNA [NM_0320:
Homo sapiens CASK interacting protein 1 (CASKIN1), mRNA [NM_020764]

Homo sapiens E2F transcription factor 3 (E2F3), transcript variant 1, mRNA [NM_001949]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 112 (C20orf112), mRNA [NM_080616]
Homo sapiens tryptase alpha/beta 1 (TPSAB1), mRNA [NM_003294]

Homo sapiens SEC22 vesicle trafficking protein homolog C (*S. cerevisiae*) (SEC22C), transcript variant BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008759), lincRNA [TCONS_I2_00016848]

Homo sapiens metal-regulatory transcription factor 1 (MTF1), mRNA [NM_005955]

Homo sapiens FK506 binding protein 10, 65 kDa (FKBP10), mRNA [NM_021939]

Homo sapiens uncharacterized LOC100302650 (LOC100302650), non-coding RNA [NR_028308]

Homo sapiens uncharacterized LOC255167 (LOC255167), non-coding RNA [NR_024424]

CD37 molecule [Source:HGNC Symbol;Acc:1666] [ENST00000391859]

Homo sapiens polyamine-modulated factor 1 (PMF1), transcript variant 2, mRNA [NM_007221]

Homo sapiens Wilms tumor 1 (WT1), transcript variant D, mRNA [NM_024426]

Homo sapiens uncharacterized LOC100129269 (LOC100129269), non-coding RNA [NR_034126]

Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A5, mRNA (cDNA clone MGC:26718 IMAGI

Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1 (HLA-DPA1), transcript variant : BROAD Institute lincRNA (XLOC_009565), lincRNA [TCONS_00019174]

Homo sapiens non-metastatic cells 1, protein (NM23A) expressed in (NME1), transcript variant 1, m

Homo sapiens 3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase (HAAO), mRNA [NM_012205]

Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 16 (ZDHHC16), transcript variant 5, mRNA [NM_19

Homo sapiens cripto, FRL-1, cryptic family 1 (CFC1), mRNA [NM_032545]

Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 3 (MARCH3), mRNA [NM_178450]

Homo sapiens RAB8A, member RAS oncogene family (RAB8A), mRNA [NM_005370]

Homo sapiens low density lipoprotein receptor adaptor protein 1 (LDLRAP1), mRNA [NM_015627]

Homo sapiens fibrosin-like 1 (FBRSL1), mRNA [NM_001142641]

Homo sapiens RAB GTPase activating protein 1-like (RABGAP1L), transcript variant 1, mRNA [NM_0:

Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 13 (KCNJ13), transcript v

Homo sapiens cornichon homolog (*Drosophila*) (CNIH), mRNA [NM_005776]

PREDICTED: Homo sapiens putative uncharacterized protein C12orf63-like (LOC100653304), mRNA

Homo sapiens alveolar soft part sarcoma chromosome region, candidate 1 (ASPSR1), transcript vai

Homo sapiens uncharacterized LOC100131366 (LOC100131366), non-coding RNA [NR_033938]

PREDICTED: Homo sapiens syntenin-1-like (LOC100129960), miscRNA [XR_132551]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DO beta (HLA-DOB), mRNA [NM_002120]

Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein) alpha 12 (GNA12), mRNA [NM_00735

Homo sapiens potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M beta member :

Homo sapiens methyl-CpG binding domain protein 5 (MBD5), mRNA [NM_018328]

Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, beta 3 (CHRN3), mRNA [NM_000749]

Homo sapiens terminal uridylyl transferase 1, U6 snRNA-specific (TUT1), mRNA [NM_022830]

Homo sapiens IGF-like family member 2 (IGFL2), transcript variant 1, mRNA [NM_001002915]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100127885 (LOC100127885), mRNA [XM_0017:

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S21 (MRPS21), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens peroxisomal biogenesis factor 11 gamma (PEX11G), mRNA [NM_080662]

Q4P255_USTMA (Q4P255) Predicted protein, partial (7%) [THC2763765]

chromosome 2 open reading frame 48 [Source:HGNC Symbol;Acc:26322] [ENST00000381786]

Homo sapiens protein O-linked mannose beta1,2-N-acetylglucosaminyltransferase (POMGNT1), tra

Homo sapiens mannose receptor, C type 2 (MRC2), mRNA [NM_006039]
Homo sapiens cDNA FLJ38779 fis, clone LIVER1000126. [AK096098]
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 2 (MCM2), mRNA [NM_004526]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 2, 49kDa (NADH-coenzyme Q reductase 2), mRNA [NM_001078173]
Homo sapiens nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding) (NEAT1), non-coding RNA [NM_001078173]
Homo sapiens family with sequence similarity 127, member C (FAM127C), mRNA [NM_001078173]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100509213 (LOC100509213), miscRNA [XR_112040]
eukaryotic translation initiation factor 3, subunit A [Source:HGNC Symbol;Acc:3271] [ENST0000046746]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013696), lincRNA [TCONS_I2_00027263]
ALU7_HUMAN (P39194) Alu subfamily SQ sequence contamination warning entry, partial (23%) [TH0000046746]
Homo sapiens Treacher Collins-Franceschetti syndrome 1 (TCOF1), transcript variant 3, mRNA [NM_001078173]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antitrypsin, antitrypsin), member 6 (SERPINA6), mRNA [NM_001078173]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:5241] [ENST00000527983]

Homo sapiens polymerase (DNA directed), alpha 2 (70kD subunit) (POLA2), mRNA [NM_002689]
Homo sapiens amidohydrolase domain containing 2 (AMDHD2), transcript variant 2, mRNA [NM_001078173]
Homo sapiens SUMO1 pseudogene 3 (SUMO1P3), non-coding RNA [NR_002190]
Homo sapiens FYVE, RhoGEF and PH domain containing 4 (FGD4), mRNA [NM_139241]
Homo sapiens angiopoietin 1 (ANGPT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001146]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 14 (PTPN14), mRNA [NM_005401]
Homo sapiens activin A receptor, type IIB (ACVR2B), mRNA [NM_001106]
Homo sapiens Sp8 transcription factor (SP8), transcript variant 2, mRNA [NM_198956]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 58 (C5orf58), mRNA [NM_001102609]
Homo sapiens hypothetical protein LOC644450, mRNA (cDNA clone IMAGE:4606942), partial cds. [E00000415957]
SEC14-like 3 (S. cerevisiae) [Source:HGNC Symbol;Acc:18655] [ENST00000415957]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC727721 (LOC727721), miscRNA [XR_109875]
Homo sapiens N-6 adenine-specific DNA methyltransferase 2 (putative) (N6AMT2), mRNA [NM_174000]

Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 69 (C19orf69), mRNA [NM_001130514]
Homo sapiens myxovirus (influenza virus) resistance 2 (mouse) (MX2), mRNA [NM_002463]

Homo sapiens bromodomain containing 3 (BRD3), mRNA [NM_007371]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000379), lincRNA [TCONS_00000294]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 41 (LRRC41), mRNA [NM_006369]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 96 (CCDC96), mRNA [NM_153376]
Homo sapiens early B-cell factor 1 (EBF1), mRNA [NM_024007]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 53 (C9orf53), non-coding RNA [NR_024274]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506190 (LOC100506190), non-coding RNA [NR_038955]
Homo sapiens family with sequence similarity 168, member B (FAM168B), mRNA [NM_001009993]
Homo sapiens protein phosphatase 4, regulatory subunit 1-like [Source:HGNC Symbol;Acc:15755] [ENST0000024446]
Homo sapiens kinesin family member 9 (KIF9), transcript variant 1, mRNA [NM_022342]
Homo sapiens integrin, alpha X (complement component 3 receptor 4 subunit) (ITGAX), mRNA [NM_001078173]
Homo sapiens tektin 4 pseudogene (LOC100233156), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_037000]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1 (ABCA1), mRNA [NM_005502]

protein kinase, cGMP-dependent, type I [Source:HGNC Symbol;Acc:9414] [ENST00000373976]
Homo sapiens synergin, gamma (SYNRG), transcript variant 7, mRNA [NM_001163547]
Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 6 (CHCHD6), mRNA [NM_032343]
Homo sapiens hypothetical protein LOC338620, mRNA (cDNA clone IMAGE:6023208), partial cds. [E
Homo sapiens polymerase (DNA directed), delta 2, regulatory subunit 50kDa (POLD2), transcript var
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 36 (C7orf36), mRNA [NM_020192]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011515), lincRNA [TCONS_00024148]
Homo sapiens FSHD region gene 1 family, member B (FRG1B), non-coding RNA [NR_003579]
Homo sapiens AP2 associated kinase 1 (AAK1), mRNA [NM_014911]
Homo sapiens G patch domain containing 2 (GPATCH2), mRNA [NM_018040]
Homo sapiens uncharacterized LOC285758 (LOC285758), non-coding RNA [NR_038863]
Homo sapiens brain expressed, X-linked 4 (BEX4), transcript variant 2, mRNA [NM_001080425]
Homo sapiens Obg-like ATPase 1 (OLA1), transcript variant 1, mRNA [NM_013341]
Homo sapiens ubiquinol-cytochrome c reductase, complex III subunit X (UQCR10), nuclear gene enc
Homo sapiens SH3KBP1 binding protein 1 (SHKBP1), mRNA [NM_138392]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 5 (CXCR5), transcript variant 2, mRNA [NM_032966]
Q3BCG3_9ARAC (Q3BCG3) Tubuliform spidroin (Fragment), partial (5%) [THC2721785]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 21 (PPP1R21), transcript variant 2, mRNA [NM_001080425]
Q5T1D1_HUMAN (Q5T1D1) OTTHUMP00000017090 (Fragment), partial (88%) [THC2528599]
Homo sapiens cathepsin Z (CTSZ), mRNA [NM_001336]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 60-like (DDX60L), mRNA [NM_001012967]
Homo sapiens tripartite motif containing 14 (TRIM14), transcript variant 1, mRNA [NM_014788]
Homo sapiens ceramide synthase 6 (CERS6), mRNA [NM_203463]

Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 7 (P2RX7), transcript variant 1, mRNA [NM_001080425]
Homo sapiens par-6 partitioning defective 6 homolog beta (C. elegans) (PARD6B), mRNA [NM_032515]
Homo sapiens YdjC homolog (bacterial) (YDJC), mRNA [NM_001017964]
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 6 (GEMIN6), mRNA [NM_024775]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2D N-terminal like (pseudogene) (UBE2DNL), non-coding RNA [NR_001080425]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008371), lincRNA [TCONS_00017778]
Homo sapiens phosphorylase kinase, gamma 2 (testis) (PHKG2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080425]
Homo sapiens interleukin 13 receptor, alpha 1 (IL13RA1), mRNA [NM_001560]
EST375352 MAGE resequences, MAGH Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [AW963279]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 2 (PSMB2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080425]
Homo sapiens MIS12, MIND kinetochore complex component, homolog (S. pombe) (MIS12), mRNA [NM_001080425]
Homo sapiens cytochrome b5 reductase 3 (CYB5R3), transcript variant 2, mRNA [NM_007326]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 25 (DNAJC25), transcript variant 1, mRNA [NM_001080425]
Homo sapiens uncharacterized LOC401232 (DKFZP686I15217), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001080425]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 2 (UBE2Q2P2), non-coding RNA [NR_001080425]
Homo sapiens MAF1 homolog (S. cerevisiae) (MAF1), mRNA [NM_032272]
Homo sapiens gasdermin B (GSDMB), transcript variant 3, mRNA [NM_001165958]
Homo sapiens vacuolar protein sorting 28 homolog (S. cerevisiae) (VPS28), transcript variant 2, mRNA [NM_001080425]
Homo sapiens hypothetical protein LOC283387, mRNA (cDNA clone IMAGE:4821676). [BC032840]
transcription elongation factor A (SII) N-terminal and central domain containing [Source:HGNC Symbol]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506936, transcript variant 1 (LOC100506936), miscF
Homo sapiens zinc finger protein 213 (ZNF213), transcript variant 1, mRNA [NM_004220]
Homo sapiens frequently rearranged in advanced T-cell lymphomas (FRAT1), mRNA [NM_005479]
Homo sapiens WD repeat domain 65 (WDR65), transcript variant 5, mRNA [NM_001195831]
Homo sapiens NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 6 (NEK6), transcript variant 2, mRNA [NM_001195831]
Homo sapiens cell division cycle 123 homolog (*S. cerevisiae*) (CDC123), mRNA [NM_006023]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 88 (C16orf88), mRNA [NM_001012991]

Homo sapiens sigma non-opioid intracellular receptor 1 (SIGMAR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001195831]
PREDICTED: Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4E (MS4A4E), mRNA [NM_001195831]
Homo sapiens KIAA0564 (KIAA0564), transcript variant 2, mRNA [NM_001009814]

Homo sapiens transmembrane protein 8C (TMEM8C), mRNA [NM_001080483]
Homo sapiens uncharacterized LOC541471 (LOC541471), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001195831]
Homo sapiens myocyte enhancer factor 2D (MEF2D), mRNA [NM_005920]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013040), lincRNA [TCONS_I2_00025422]
Homo sapiens F-box protein 4 (FBXO4), transcript variant 1, mRNA [NM_012176]
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 13 homolog (yeast) (TIMM13), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001195831]
Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 2 (LGALS2), mRNA [NM_006498]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 32 (SNORA32), small nucleolar RNA [NR_003032]

Homo sapiens uncharacterized LOC100130557 (LOC100130557), non-coding RNA [NR_024567]
Homo sapiens guanidinoacetate N-methyltransferase (GAMT), transcript variant 2, mRNA [NM_138138]
Homo sapiens FK506 binding protein 7 (FKBP7), transcript variant 1, mRNA [NM_181342]
Homo sapiens transmembrane protein 38B (TMEM38B), mRNA [NM_018112]
Homo sapiens BTAF1 RNA polymerase II, B-TFIID transcription factor-associated, 170kDa (Mot1 homolog) (BTAF1), mRNA [NM_001195831]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 173 (C9orf173), mRNA [NM_001004353]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 5 (ARHGAP5), transcript variant 1, mRNA [NM_001030353]
Homo sapiens hydroxy-delta-5-steroid dehydrogenase, 3 beta- and steroid delta-isomerase 7 (HSD3B7), mRNA [NM_001195831]
Homo sapiens interleukin 1 receptor-like 1 (IL1RL1), transcript variant 1, mRNA [NM_016232]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007043), lincRNA [TCONS_00014557]
full-length cDNA clone CS0DC007YI01 of Neuroblastoma Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [AF074630]
Homo sapiens zinc finger, SWIM-type containing 6 (ZSWIM6), mRNA [NM_020928]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 39 (LRRC39), mRNA [NM_144620]
Homo sapiens dedicator of cytokinesis 5 (DOCK5), mRNA [NM_024940]
Homo sapiens glucosidase, alpha; neutral AB (GANAB), transcript variant 3, mRNA [NM_198335]
Homo sapiens N(alpha)-acetyltransferase 10, NatA catalytic subunit (NAA10), mRNA [NM_003491]
Homo sapiens acyl-CoA dehydrogenase family, member 9 (ACAD9), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001195831]
Q4S509_TETNG (Q4S509) Chromosome 6 SCAF14737, whole genome shotgun sequence, partial (8%) [AF074630]
Homo sapiens zinc finger protein 256 (ZNF256), mRNA [NM_005773]
Homo sapiens cDNA FLJ90149 fis, clone HEMBB1001978. [AK074630]
Homo sapiens zinc finger protein 790 (ZNF790), mRNA [NM_206894]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005804), lincRNA [TCONS_I2_00010813]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 88 (GPR88), mRNA [NM_022049]

BX102253 Soares fetal liver spleen 1NFLS Homo sapiens cDNA clone IMAGp998I07110, mRNA sequence
Homo sapiens metallothionein 1H (MT1H), mRNA [NM_005951]
Homo sapiens caspase 10, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP10), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 4 (HSD17B4), transcript variant 2, mRNA [N
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 9, 39kDa (NDUFA9), nuclear
Homo sapiens BEN domain containing 3 (BEND3), mRNA [NM_001080450]
Homo sapiens S-phase cyclin A-associated protein in the ER (SCAPER), transcript variant 1, mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002176), lincRNA [TCONS_I2_00003853]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 11 (CCDC11), mRNA [NM_145020]
Homo sapiens zinc finger protein 318 (ZNF318), mRNA [NM_014345]

Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 17 (USP17), mRNA [NM_001105662]
Homo sapiens acyl-CoA synthetase long-chain family member 4 (ACSL4), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens Berardinelli-Seip congenital lipodystrophy 2 (seipin) (BSCL2), transcript variant 2, mR
Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, γ^+ system), member 3 pseud
Homo sapiens GAR1 ribonucleoprotein homolog (yeast) (GAR1), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase type IVA, member 3 (PTP4A3), transcript variant 1, mR

Homo sapiens cDNA FLJ37894 fis, clone BRTHA2004639. [AK095213]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 16A (LRRC16A), transcript variant 2, mRNA [NM_00117
tudor domain containing 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:20612] [ENST00000484389]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005541), lincRNA [TCONS_00012017]
Homo sapiens transforming growth factor, beta receptor 1 (TGFB1), transcript variant 1, mRNA [N
olfactory receptor, family 6, subfamily J, member 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:14707] [ENST000005
Homo sapiens hect domain and RLD 2 pseudogene 4 (HERC2P4), non-coding RNA [NR_002827]
Homo sapiens 2',3'-cyclic nucleotide 3' phosphodiesterase (CNP), mRNA [NM_033133]
602270779F1 NIH_MGC_84 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4358995 5', mRNA sequence [BF971:
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128340 (LOC100128340), miscRNA [XR_133415]
Homo sapiens matrix extracellular phosphoglycoprotein (MEPE), transcript variant 2, mRNA [NM_0:
Homo sapiens insulin-like 3 (Leydig cell) (INSL3), mRNA [NM_005543]
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; peroxisomal membrane protein, 34kD
Homo sapiens zinc finger, NFX1-type containing 1 (ZNF1), mRNA [NM_021035]
Homo sapiens methyltransferase like 21A (METTL21A), transcript variant 2, mRNA [NM_001127395
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 58 (C15orf58), mRNA [NM_001013657]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100289528 (LOC100289528), mRNA [XM_0023:
Homo sapiens dystrobrevin, alpha (DTNA), transcript variant 9, mRNA [NM_001128175]
Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 40 homolog (yeast) (TOMM40), nucle:
Homo sapiens 5'-nucleotidase, cytosolic II (NT5C2), transcript variant 1, mRNA [NM_012229]
Homo sapiens neuronal PAS domain protein 1 (NPAS1), mRNA [NM_002517]
Homo sapiens centrosomal protein 192kDa (CEP192), mRNA [NM_032142]
Homo sapiens calcium binding protein 39-like (CAB39L), transcript variant 1, mRNA [NM_030925]
Homo sapiens leptin receptor overlapping transcript-like 1 (LEPROTL1), transcript variant 2, mRNA [
Homo sapiens SYS1 Golgi-localized integral membrane protein homolog (S. cerevisiae) (SYS1), transi

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505661 (LOC100505661), miscRNA [XR_110599]
Homo sapiens GINS complex subunit 4 (Sld5 homolog) (GINS4), mRNA [NM_032336]
Homo sapiens armadillo repeat containing 9 (ARMC9), mRNA [NM_025139]
Homo sapiens copine VIII (CPNE8), mRNA [NM_153634]
Homo sapiens roundabout, axon guidance receptor, homolog 1 (Drosophila) (ROBO1), transcript variant 1
601652062F1 NIH_MGC_82 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3935391 5', mRNA sequence [BE972]
Homo sapiens serine carboxypeptidase 1 (SCPEP1), mRNA [NM_021626]

Homo sapiens TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, A, 48kDa (TAF1), mRNA [NM_001512]
Homo sapiens glutathione S-transferase alpha 4 (GSTA4), mRNA [NM_001512]
Homo sapiens bestrophin 2 (BEST2), mRNA [NM_017682]
Homo sapiens notch 1 (NOTCH1), mRNA [NM_017617]
Homo sapiens tripeptidyl peptidase I (TPP1), mRNA [NM_000391]
Homo sapiens leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2 (LRRFIP2), transcript variant 2, mRNA [NM_006871]
Homo sapiens receptor-interacting serine-threonine kinase 3 (RIPK3), mRNA [NM_006871]
Homo sapiens hydroxyacyl-CoA dehydrogenase/3-ketoacyl-CoA thiolase/enoyl-CoA hydratase (trifunctional)
HSU37230 ribosomal protein L23a {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (46%) [THC259173]
Homo sapiens solute carrier family 30 (zinc transporter), member 9 (SLC30A9), mRNA [NM_006345]
Homo sapiens actin, alpha 2, smooth muscle, aorta (ACTA2), transcript variant 2, mRNA [NM_001611]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 39 (C19orf39), mRNA [NM_175871]
Homo sapiens tubulin folding cofactor E-like (TBCEL), transcript variant 1, mRNA [NM_152715]
Homo sapiens cDNA FLJ45109 fis, clone BRAWH3034097. [AK127052]
Q6UXP8_HUMAN (Q6UXP8) NGNL6975, partial (46%) [THC2509833]
Homo sapiens janus kinase and microtubule interacting protein 2 (JAKMIP2), mRNA [NM_014790]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506157 (LOC100506157), miscRNA [XR_110279]
Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 11A (ZC3H11A), mRNA [NM_014827]
Homo sapiens phospholipase D family, member 4 (PLD4), mRNA [NM_138790]
single immunoglobulin and toll-interleukin 1 receptor (TIR) domain [Source:HGNC Symbol;Acc:3057]
Homo sapiens N-acylaminoacyl-peptide hydrolase (APEH), mRNA [NM_001640]
Homo sapiens ubiquitously-expressed transcript (UXT), transcript variant 2, mRNA [NM_004182]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011803), lincRNA [TCONS_00024895]
Homo sapiens amyloid beta (A4) precursor protein (APP), transcript variant 10, mRNA [NM_001204]
Homo sapiens BMP2 inducible kinase (BMP2K), transcript variant 2, mRNA [NM_017593]
Homo sapiens SIN3 homolog B, transcription regulator (yeast) (SIN3B), mRNA [NM_015260]
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 14 (C3orf14), mRNA [NM_020685]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 24 (C5orf24), transcript variant 1, mRNA [NM_001512]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002033), lincRNA [TCONS_I2_00003644]
Homo sapiens breast carcinoma amplified sequence 2 (BCAS2), mRNA [NM_005872]
Homo sapiens myosin phosphatase Rho interacting protein (MPRIP), transcript variant 1, mRNA [NM_001512]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 173 (LINC00173), transcript variant 1, non-coding
Homo sapiens multiple endocrine neoplasia I (MEN1), transcript variant e1E, mRNA [NM_130803]
Homo sapiens RAB38, member RAS oncogene family (RAB38), mRNA [NM_022337]
Homo sapiens solute carrier family 5 (sodium/glucose cotransporter), member 11 (SLC5A11), mRNA [NM_001512]

Homo sapiens lncRNA_BC009800 (1/2-SBSRNA4), non-coding RNA [NR_039978]
Homo sapiens clone FP18376 unknown mRNA. [AY129018]
BC042500 zinc finger protein 678 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (33%) [THC251670]
Homo sapiens caspase 3, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP3), transcript variant alpha, mRNA [NM_001080200]

Homo sapiens proliferation-associated 2G4, 38kDa (PA2G4), mRNA [NM_006191]
Homo sapiens neuron navigator 1 (NAV1), transcript variant 1, mRNA [NM_020443]
ubiquitin associated protein 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:14185] [ENST00000379225]
Homo sapiens importin 5 (IPO5), mRNA [NM_002271]
Homo sapiens HLA complex group 18 (non-protein coding) (HCG18), non-coding RNA [NR_024052]
Homo sapiens calcitonin-related polypeptide alpha (CALCA), transcript variant 2, mRNA [NM_001030]
Homo sapiens MKI67 (FHA domain) interacting nucleolar phosphoprotein (MKI67IP), mRNA [NM_001080200]
Homo sapiens fibroblast growth factor receptor substrate 3 (FRS3), mRNA [NM_006653]
Homo sapiens pyrophosphatase (inorganic) 1 (PPA1), mRNA [NM_021129]
Homo sapiens KN motif and ankyrin repeat domains 1 (KANK1), transcript variant 2, mRNA [NM_151200]

Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 18 (C3orf18), transcript variant 1, mRNA [NM_011990]
Homo sapiens uncharacterized LOC100134259 (LOC100134259), non-coding RNA [NR_024452]
Homo sapiens E2F transcription factor 6 (E2F6), mRNA [NM_198256]
RS10_HUMAN (P46783) 40S ribosomal protein S10, partial (86%) [THC2526015]
Homo sapiens SWT1 RNA endoribonuclease homolog (*S. cerevisiae*) (SWT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080200]
Homo sapiens iron-sulfur cluster assembly 1 homolog (*S. cerevisiae*) (ISCA1), mRNA [NM_030940]
Homo sapiens DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 38 (DHX38), mRNA [NM_014003]
Homo sapiens phosphoprotein associated with glycosphingolipid microdomains 1 (PAG1), mRNA [NM_001080200]
zinc finger CCCH-type containing 11A [Source:HGNC Symbol;Acc:29093] [ENST00000495527]
Homo sapiens thrombospondin 4 (THBS4), mRNA [NM_003248]
Homo sapiens WD repeat domain 44 (WDR44), transcript variant 1, mRNA [NM_019045]
Homo sapiens amphiregulin (AREG), mRNA [NM_001657]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014484), lincRNA [TCONS_00030000]
Homo sapiens colony stimulating factor 2 receptor, alpha, low-affinity (granulocyte-macrophage) (CSF2RA), mRNA [NM_001080200]

Homo sapiens zinc finger protein 271 (ZNF271), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_024565]
Homo sapiens cDNA FLJ35472 fis, clone SMINT2007062. [AK092791]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001310), lincRNA [TCONS_I2_00001781]
Homo sapiens phosphodiesterase 6D, cGMP-specific, rod, delta (PDE6D), mRNA [NM_002601]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L22 (MRPL22), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens required for meiotic nuclear division 1 homolog (*S. cerevisiae*) (RMND1), mRNA [NM_001080200]
Homo sapiens alpha-1-B glycoprotein (A1BG), mRNA [NM_130786]
NHS-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:33737] [ENST00000373677]

Homo sapiens granulysin (GNLY), transcript variant NKG5, mRNA [NM_006433]
Homo sapiens structural maintenance of chromosomes 4 (SMC4), transcript variant 1, mRNA [NM_001080200]
Homo sapiens transmembrane protein 18 (TMEM18), mRNA [NM_152834]
Homo sapiens NECAP endocytosis associated 1 (NECAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_015509]

Homo sapiens GRB2-associated binding protein 3 (GAB3), transcript variant 2, mRNA [NM_080612]
Homo sapiens cadherin-related family member 1 (CDHR1), transcript variant 1, mRNA [NM_033100]
Homo sapiens PROP paired-like homeobox 1 (PROP1), mRNA [NM_006261]
Homo sapiens family with sequence similarity 45, member A (FAM45A), mRNA [NM_207009]
Homo sapiens cDNA FLJ39840 fis, clone SPLEN2014199. [AK097159]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005574), lincRNA [TCONS_00012040]
Homo sapiens fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 1 (FAHD1), nuclear gene encoding
Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 5 (TTLL5), mRNA [NM_015072]
Homo sapiens actin pseudogene (LOC148709), non-coding RNA [NR_002929]
Homo sapiens WW and C2 domain containing 2 (WWC2), mRNA [NM_024949]
Homo sapiens regulatory factor X, 5 (influences HLA class II expression) (RFX5), transcript variant 1,
Homo sapiens remodeling and spacing factor 1 (RSF1), mRNA [NM_016578]
Homo sapiens pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase domain 1 (PYROXD1), mRNA [NM_024
Homo sapiens zinc finger protein 285 (ZNF285), mRNA [NM_152354]
Homo sapiens membrane protein, palmitoylated 5 (MAGUK p55 subfamily member 5) (MPP5), mRNA
Homo sapiens jumonji domain containing 7 (JMJD7), mRNA [NM_001114632]
Homo sapiens uncharacterized LOC645644 (FLJ42627), non-coding RNA [NR_024492]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506922 (LOC100506922), miscRNA [XR_109888]
Homo sapiens frataxin (FXN), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens transducin (beta)-like 3 (TBL3), mRNA [NM_006453]
Homo sapiens interleukin 18 receptor 1 (IL18R1), mRNA [NM_003855]
Homo sapiens kinesin family member 20B (KIF20B), mRNA [NM_016195]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 74 (SNORD74), small nucleolar RNA [NR_002579]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015722), lincRNA [TCONS_I2_00030483]
Homo sapiens ring finger protein 126 (RNF126), mRNA [NM_194460]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506051 (LOC100506051), miscRNA [XR_110482]

Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:E5RGS3] [ENST00000519738]
Homo sapiens zinc fingers and homeoboxes 3 (ZHX3), mRNA [NM_015035]
Homo sapiens OAF homolog (Drosophila) (OAF), mRNA [NM_178507]
Homo sapiens primase, DNA, polypeptide 2 (58kDa) (PRIM2), mRNA [NM_000947]
Q41718_ZEADI (Q41718) Orf1 protein, partial (7%) [THC2509965]
Homo sapiens exosome component 7 (EXOSC7), transcript variant 1, mRNA [NM_015004]
bromodomain containing 7 [Source:HGNC Symbol;Acc:14310] [ENST00000401491]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 13B (ARL13B), transcript variant 1, mRNA [NM_182896]
Homo sapiens stromal antigen 3-like 2 (STAG3L2), non-coding RNA [NR_040584]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 4 (PPIL4), mRNA [NM_139126]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); transcribed

Homo sapiens cDNA FLJ43642 fis, clone STOMA2004925. [AK125630]
Homo sapiens transmembrane protein 126A (TMEM126A), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens acyl-CoA synthetase bubblegum family member 1 (ACSBG1), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal V0 subunit a1 (ATP6V0A1), transcript variant 3, mRNA

Homo sapiens RAB9B, member RAS oncogene family pseudogene 1 (RAB9BP1), non-coding RNA [NF
Homo sapiens FSHD region gene 1 pseudogene (LOC642236), non-coding RNA [NR_033907]
Homo sapiens G protein-coupled receptor associated sorting protein 1 (GPRASP1), transcript varian
Homo sapiens calcium activated nucleotidase 1 (CANT1), transcript variant 1, mRNA [NM_138793]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012679), lincRNA [TCONS_00026332]
Homo sapiens family with sequence similarity 158, member A (FAM158A), mRNA [NM_016049]
Homo sapiens makorin ring finger protein 1 pseudogene (LOC441455), non-coding RNA [NR_02679;

603077125F1 NIH_MGC_119 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5168910 5', mRNA sequence [BI826
RST34569 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG214914]
DIP2 disco-interacting protein 2 homolog C (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:29150] [ENST00
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 470 (LINC00470), transcript variant 1, non-cc
Homo sapiens putative homeodomain transcription factor 1 (PHTF1), mRNA [NM_006608]
Homo sapiens SEH1-like (*S. cerevisiae*) (SEH1L), transcript variant 1, mRNA [NM_001013437]
Homo sapiens synaptogyrin 3 (SYNGR3), mRNA [NM_004209]
MAGI family member, X-linked [Source:HGNC Symbol;Acc:30006] [ENST00000376339]
Homo sapiens TruB pseudouridine (psi) synthase homolog 1 (*E. coli*) (TRUB1), mRNA [NM_139169]
Homo sapiens ephrin-A4 (EFNA4), transcript variant 3, mRNA [NM_182690]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131733 (LOC100131733), non-coding RNA [NR_038996]
Homo sapiens nuclear casein kinase and cyclin-dependent kinase substrate 1 (NUCKS1), mRNA [NM
Homo sapiens solute carrier family 37 (glucose-6-phosphate transporter), member 4 (SLC37A4), tra

Homo sapiens uncharacterized LOC284408 (LOC284408), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_
Homo sapiens OTU domain containing 7A pseudogene (LOC100288637), transcript variant 1, non-cc
Homo sapiens chloride channel CLIC-like 1 (CLCC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001048210]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008542), lincRNA [TCONS_00018262]
Homo sapiens calmodulin-lysine N-methyltransferase (CAMKMT), mRNA [NM_024766]
Homo sapiens interleukin-1 receptor-associated kinase 3 (IRAK3), transcript variant 1, mRNA [NM_C
Homo sapiens zinc finger protein 64 homolog (mouse) (ZFP64), transcript variant 4, mRNA [NM_199
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008371), lincRNA [TCONS_00018110]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507398 (LOC100507398), miscRNA [XR_110124]
Homo sapiens Bcl2 modifying factor (BMF), transcript variant 1, mRNA [NM_001003940]
Homo sapiens EF-hand calcium binding domain 4A (EFCAB4A), mRNA [NM_173584]
Homo sapiens cystathionase (cystathionine gamma-lyase) (CTH), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens NOTCH-regulated ankyrin repeat protein (NRARP), mRNA [NM_001004354]
Homo sapiens progestin and adipoQ receptor family member IV (PAQR4), mRNA [NM_152341]
Homo sapiens transportin 3 (TNPO3), transcript variant 1, mRNA [NM_012470]
Homo sapiens gamma-glutamyltransferase 8 pseudogene (GGT8P), non-coding RNA [NR_003503]
Homo sapiens N-deacetylase/N-sulfotransferase (heparan glucosaminyl) 2, mRNA (cDNA clone IMA
Homo sapiens serine/threonine kinase 38 (STK38), mRNA [NM_007271]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009723), lincRNA [TCONS_00020392]
Homo sapiens tuberous sclerosis 1 (TSC1), transcript variant 1, mRNA [NM_000368]
Homo sapiens stromal cell-derived factor 2-like 1 (SDF2L1), mRNA [NM_022044]

Homo sapiens guanylate binding protein 2, interferon-inducible (GBP2), mRNA [NM_004120]
Homo sapiens lysosomal protein transmembrane 4 beta (LAPTM4B), mRNA [NM_018407]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686N0244 (from clone DKFZp686N0244). [BX649145]
Homo sapiens chromobox homolog 1 (CBX1), transcript variant 1, mRNA [NM_006807]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1A, X-linked (EIF1AX), mRNA [NM_001412]
Homo sapiens integrator complex subunit 4 (INTS4), mRNA [NM_033547]
mitochondrial ribosomal protein L38 [Source:HGNC Symbol;Acc:14033] [ENST00000464758]
Homo sapiens zinc finger protein 259 (ZNF259), mRNA [NM_003904]
Homo sapiens abhydrolase domain containing 11 (ABHD11), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens SON DNA binding protein (SON), transcript variant b, mRNA [NM_032195]
Homo sapiens RAD17 homolog (*S. pombe*) (RAD17), transcript variant 8, mRNA [NM_002873]
Homo sapiens congenital dyserythropoietic anemia, type I (CDAN1), mRNA [NM_138477]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 48 (C12orf48), mRNA [NM_017915]
Homo sapiens tRNA methyltransferase 12 homolog (*S. cerevisiae*) (TRMT12), mRNA [NM_017956]
Homo sapiens envoplakin (EVPL), mRNA [NM_001988]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506469 (LOC100506469), non-coding RNA [NR_038396]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 (DHRS4), mRNA [NM_021004]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 8A (ZBTB8A), mRNA [NM_001040441]
Homo sapiens aminoacylase 1 (ACY1), transcript variant 1, mRNA [NM_000666]
Homo sapiens growth factor, augments liver regeneration (GFER), mRNA [NM_005262]
Homo sapiens ataxia telangiectasia and Rad3 related (ATR), mRNA [NM_001184]
RST30466 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG210915]
Homo sapiens solute carrier family 12 (sodium/potassium/chloride transporters), member 2 (SLC12
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-8 (SNORD114-8), small nucleolar RNA [NR_003200]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012847), lincRNA [TCONS_I2_00024571]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 43 (CCDC43), transcript variant 1, mRNA [NM_144609]
Homo sapiens homer homolog 1 (*Drosophila*) (HOMER1), mRNA [NM_004272]
Homo sapiens claudin domain containing 1 (CLDN1), transcript variant 6, mRNA [NM_001040199]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001529), lincRNA [TCONS_I2_00002951]
Homo sapiens kinesin family member 15 (KIF15), mRNA [NM_020242]
Homo sapiens ring finger protein 213 (RNF213), transcript variant 1, mRNA [NM_020914]
Homo sapiens polymerase (RNA) I polypeptide C, 30kDa (POLR1C), mRNA [NM_203290]
Homo sapiens ciliary rootlet coiled-coil, rootletin (CROCC), mRNA [NM_014675]
Homo sapiens TPTE pseudogene (psiTPTE22), non-coding RNA [NR_001591]
Homo sapiens lon peptidase 1, mitochondrial (LONP1), nuclear gene encoding mitochondrial protei
Homo sapiens otoancorin, mRNA (cDNA clone IMAGE:5298475), with apparent retained intron. [BC
Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 2 (CNOT2), transcript variant 2, mRNA [NM
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008441), lincRNA [TCONS_00017809]
Homo sapiens family with sequence similarity 82, member B (FAM82B), mRNA [NM_016033]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009562), lincRNA [TCONS_00019126]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010636), lincRNA [TCONS_I2_00020484]
Homo sapiens PRP38 pre-mRNA processing factor 38 (yeast) domain containing B (PRPF38B), transc
Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 10 (P2RY10), transcript variant 1, mRNA
AL525197 Homo sapiens NEUROBLASTOMA COT 25-NORMALIZED Homo sapiens cDNA clone CS0DC

BROAD Institute lincRNA (XLOC_005877), lincRNA [TCONS_00012332]
Homo sapiens C2 calcium-dependent domain containing 4C (C2CD4C), mRNA [NM_001136263]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 pseudogene 7 (HERC2P7), non-coding RNA [NR_036470]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506023 (LOC100506023), non-coding RNA [NR_037845]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 28 (TTC28), mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 124 (C1orf124), transcript variant 2, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 10 (TNFSF10), transcript variant 1, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens uncharacterized LOC100133669 (LOC100133669), non-coding RNA [NR_026913]
Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALAT1), non-coding RNA [NR_026913]
Homo sapiens ligand dependent nuclear receptor corepressor (LCOR), transcript variant 1, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens oligonucleotide/oligosaccharide-binding fold containing 2A (OBFC2A), transcript variant 1, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 2 pseudogene 1, mRNA (cDNA clone IMAGE:2967248), partial cds. [BC029672]
PREDICTED: Homo sapiens hCG1815504 (LOC440132), miscRNA [XR_132736]
Homo sapiens StAR-related lipid transfer (START) domain containing 4 (STARD4), mRNA [NM_139166]
Homo sapiens STON1-GTF2A1L readthrough (STON1-GTF2A1L), transcript variant 2, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens SCY1-like 2 (*S. cerevisiae*) (SCYL2), mRNA [NM_017988]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, H (PTPRH), transcript variant 1, mRNA [NM_001145418]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014010), lincRNA [TCONS_00029084]
Homo sapiens RCAN family member 3 (RCAN3), transcript variant 1, mRNA [NM_013441]
Homo sapiens leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1 (LRRFIP1), transcript variant 3, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens non imprinted in Prader-Willi/Angelman syndrome 2 (NIPA2), transcript variant 5, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens MGC44478 (FDPSL2A), non-coding RNA [NR_003262]
Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 6-like (CNOT6L), mRNA [NM_144571]
Homo sapiens hypothetical protein MGC2848, mRNA (cDNA clone IMAGE:2967248), partial cds. [BC029672]
Homo sapiens electron-transferring-flavoprotein dehydrogenase (ETFDH), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens IMP1 inner mitochondrial membrane peptidase-like (*S. cerevisiae*) (IMMP1L), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 7 (HAUS7), mRNA [NM_017518]
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7 (HSD17B7), mRNA [NM_016371]
Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide J2 (POLR2J2), mRNA [NM_032959]
Homo sapiens exportin 7 (XPO7), mRNA [NM_015024]
Homo sapiens SECIS binding protein 2-like (SECISBP2L), transcript variant 2, mRNA [NM_014701]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 195 (C20orf195), mRNA [NM_024059]
Homo sapiens zinc finger protein 425 (ZNF425), mRNA [NM_001001661]
Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 1 (SLC2A1), mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic tail (Sema4), mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 88C (CCDC88C), mRNA [NM_001080414]
Homo sapiens replication factor C (activator 1) 4, 37kDa (RFC4), transcript variant 1, mRNA [NM_001145418]
Homo sapiens importin 9 (IPO9), mRNA [NM_018085]
HSC18A052 normalized infant brain cDNA Homo sapiens cDNA clone c-18a05 3', mRNA sequence [Z18A052]
Homo sapiens leucine carboxyl methyltransferase 1 pseudogene (LOC554206), non-coding RNA [NR_036470]
Homo sapiens translational activator of mitochondrially encoded cytochrome c oxidase I (TACO1), non-coding RNA [NR_036470]
Homo sapiens signal transducer and activator of transcription 6, interleukin-4 induced (STAT6), transcript variant 1, mRNA [NM_001145418]

Homo sapiens embigin (EMB), mRNA [NM_198449]
Homo sapiens uncharacterized LOC157381 (LOC157381), non-coding RNA [NR_027321]
Homo sapiens hypermethylated in cancer 2 (HIC2), mRNA [NM_015094]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 33 (ARHGAP33), transcript variant 2, mRNA [NM_0011
Homo sapiens FSHD region gene 1 pseudogene (LOC100132352), non-coding RNA [NR_034006]
Homo sapiens butyrophilin, subfamily 3, member A1 (BTN3A1), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 2 (EDEM2), transcript variant 1, m
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 49 (C14orf49), mRNA [NM_152592]
Homo sapiens inhibitor of DNA binding 1, dominant negative helix-loop-helix protein (ID1), transcrip
Homo sapiens ribosomal protein L19 pseudogene 12 (RPL19P12), non-coding RNA [NR_026660]
Homo sapiens family with sequence similarity 96, member A (FAM96A), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens HOX transcript antisense RNA (non-protein coding) (HOTAIR), antisense RNA [NR_00
Homo sapiens LATS, large tumor suppressor, homolog 2 (Drosophila) (LATS2), mRNA [NM_014572]

Homo sapiens family with sequence similarity 178, member A (FAM178A), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens DBF4 homolog (*S. cerevisiae*) (DBF4), mRNA [NM_006716]
Homo sapiens enoyl-CoA, hydratase/3-hydroxyacyl CoA dehydrogenase (EHHADH), transcript variar
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family N member 1 (PLEKHN1), transcript va
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002890), lincRNA [TCONS_00006285]
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 55 (C18orf55), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens Tctex1 domain containing 4 (TCTEX1D4), mRNA [NM_001013632]
Homo sapiens QKI, KH domain containing, RNA binding (QKI), transcript variant 1, mRNA [NM_0067
Homo sapiens transmembrane protein 69 (TMEM69), mRNA [NM_016486]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013783), lincRNA [TCONS_I2_00026509]
Homo sapiens jumonji domain containing 8 (JMJD8), mRNA [NM_001005920]
Homo sapiens transmembrane protein 85 (TMEM85), mRNA [NM_016454]
Homo sapiens AP2 associated kinase 1 (AAK1), mRNA [NM_014911]
Homo sapiens mitochondrial translational release factor 1-like (MTRF1L), nuclear gene encoding mi
Homo sapiens zinc finger, HIT-type containing 3 (ZNHIT3), mRNA [NM_004773]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012551), lincRNA [TCONS_00025730]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 4A (ARL4A), transcript variant 1, mRNA [NM_005738]
Homo sapiens histidyl-tRNA synthetase (HARS), mRNA [NM_002109]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 1 (UBE2Q2P1), non
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 7 (BTBD7), transcript variant 1, mRNA [NM_001002860
Homo sapiens TPX2, microtubule-associated, homolog (*Xenopus laevis*) (TPX2), mRNA [NM_012112
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003463), lincRNA [TCONS_00008000]
Homo sapiens canopy 2 homolog (zebrafish) (CNPY2), transcript variant 1, mRNA [NM_014255]
Homo sapiens zinc finger, MYM-type 4 (ZMYM4), mRNA [NM_005095]
Homo sapiens somatostatin receptor 3 (SSTR3), mRNA [NM_001051]
Homo sapiens DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 11 like 2 (DDX11L2), transcript varian
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DQ beta 2 (HLA-DQB2), mRNA [NM_00119
Homo sapiens periplakin (PPL), mRNA [NM_002705]
Homo sapiens chitinase domain containing 1 (CHID1), transcript variant 3, mRNA [NM_023947]
Homo sapiens adenylate cyclase 10 (soluble) pseudogene (LOC221442), non-coding RNA [NR_02693

Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 8 (DCAF8), transcript variant 1, mRNA [NM_015726]
cathepsin L1 [Source:HGNC Symbol;Acc:2537] [ENST00000342020]
CD72 molecule [Source:HGNC Symbol;Acc:1696] [ENST00000378430]
Homo sapiens transmembrane protein 154 (TMEM154), mRNA [NM_152680]
Homo sapiens jumonji, AT rich interactive domain 2 (JARID2), mRNA [NM_004973]
Homo sapiens EGF containing fibulin-like extracellular matrix protein 1 (EFEMP1), transcript variant
Homo sapiens EF-hand domain (C-terminal) containing 2 (EFHC2), mRNA [NM_025184]
Homo sapiens alkaline ceramidase 3 (ACER3), mRNA [NM_018367]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006948), lincRNA [TCONS_00014880]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004594), lincRNA [TCONS_I2_00009409]
Homo sapiens uncharacterized LOC654433 (LOC654433), non-coding RNA [NR_015377]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014110), lincRNA [TCONS_00029312]
Homo sapiens H1 histone family, member N, testis-specific (H1FNT), mRNA [NM_181788]
Homo sapiens regulatory factor X, 2 (influences HLA class II expression) (RFX2), transcript variant 1,
Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, N-methyl-D-aspartate 3B (GRIN3B), mRNA [NM_1381

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004669), lincRNA [TCONS_00010852]
Homo sapiens dynein, axonemal, intermediate chain 1 (DNAI1), mRNA [NM_012144]
Homo sapiens TPTE pseudogene (psiTPTE22), non-coding RNA [NR_001591]

Homo sapiens zinc finger protein 473 (ZNF473), transcript variant 1, mRNA [NM_015428]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007544), lincRNA [TCONS_00015744]
Homo sapiens 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase (HIBADH), mRNA [NM_152740]
Homo sapiens lymphocyte transmembrane adaptor 1 (LAX1), transcript variant 1, mRNA [NM_0177
Homo sapiens leucine rich repeat containing 40 (LRRC40), mRNA [NM_017768]
Homo sapiens cysteine conjugate-beta lyase, cytoplasmic (CCBL1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 18 (FBXL18), mRNA [NM_024963]
Homo sapiens mediator complex subunit 16 (MED16), mRNA [NM_005481]
AGENCOURT_7553575 NIH_MGC_92 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6046273 5', mRNA sequenc
Homo sapiens cDNA FLJ42199 fis, clone THYMU2034374, highly similar to Homo sapiens cyclin D-ty
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 40 (C8orf40), transcript variant 3, mRNA [NM_13
Homo sapiens leucine rich repeat containing 3C (LRRC3C), mRNA [NM_001195545]
Homo sapiens family with sequence similarity 164, member A (FAM164A), mRNA [NM_016010]
Homo sapiens ATPase, Na⁺/K⁺ transporting, beta 1 polypeptide (ATP1B1), mRNA [NM_001677]
Homo sapiens ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 (rho family, small GTP binding protein Rac
Homo sapiens uncharacterized LOC283547 (LOC283547), non-coding RNA [NR_039982]
Homo sapiens solute carrier family 16, member 3 (monocarboxylic acid transporter 4) (SLC16A3), tr
Homo sapiens cDNA FLJ44475 fis, clone UTERU2031521. [AK126439]
Homo sapiens SET nuclear oncogene (SET), transcript variant 2, mRNA [NM_003011]
RABX5_HUMAN (Q9UJ41) Rab5 GDP/GTP exchange factor (Rabaptin 5-associated exchange factor fi
Homo sapiens zinc finger protein 57 (ZNF57), mRNA [NM_173480]
Homo sapiens solute carrier family 38, member 5 (SLC38A5), mRNA [NM_033518]
Homo sapiens ELK4, ETS-domain protein (SRF accessory protein 1) (ELK4), transcript variant b, mRN.
Homo sapiens LETM1 domain containing 1 (LETMD1), nuclear gene encoding mitochondrial protein,

Homo sapiens family with sequence similarity 13, member A (FAM13A), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family M, member 3 (PLEKHM3), mRNA [NM_014657]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 1 (KCTD1), transcript variant 2, mRNA [NM_014657]
Homo sapiens zinc finger protein pseudogene (LOC728743), non-coding RNA [NR_027237]
anoctamin 7 [Source:HGNC Symbol;Acc:31677] [ENST00000402430]
Homo sapiens Tel2 interacting protein 1 homolog (S. pombe) (TTI1), mRNA [NM_014657]
Homo sapiens armadillo repeat containing 1 (ARMC1), mRNA [NM_018120]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting V0 subunit e2 (ATP6V0E2), transcript variant 1, mRNA [NM_018120]
Homo sapiens intraflagellar transport 81 homolog (Chlamydomonas) (IFT81), transcript variant 2, mRNA [NM_018120]
Homo sapiens required for meiotic nuclear division 5 homolog A (S. cerevisiae) (RMND5A), mRNA [NM_018120]
Homo sapiens phospholipase B1 (PLB1), transcript variant 1, mRNA [NM_153021]
Homo sapiens lysocardiolipin acyltransferase 1 (LCLAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_182551]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 78 (C17orf78), mRNA [NM_173625]
Homo sapiens uncharacterized LOC100134317 (LOC100134317), non-coding RNA [NR_029389]
Homo sapiens angel homolog 1 (Drosophila) (ANGEL1), mRNA [NM_015305]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
BX104472 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone IMAGp998M22693, mRNA sequence [BX104472]
Homo sapiens BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3 (BRCC3), transcript variant 1, mRNA [NM_004667]
Homo sapiens ferrochelatase (FECH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_004667]
Homo sapiens cell division cycle 25 homolog B (S. pombe) (CDC25B), transcript variant 1, mRNA [NM_004667]
Homo sapiens dCTP pyrophosphatase 1 (DCTPP1), mRNA [NM_024096]
Homo sapiens TAR (HIV-1) RNA binding protein 2 (TARBP2), transcript variant 1, mRNA [NM_134322]
Homo sapiens histone cluster 1, H2a1 (HIST1H2AL), mRNA [NM_003511]
Homo sapiens amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family B, member 1 (Fe65) (APBB1), transcript variant 1, mRNA [NM_003511]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 2 (ABCC2), mRNA [NM_000000]
Homo sapiens nucleolar and spindle associated protein 1 (NUSAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]
Homo sapiens synaptonemal complex central element protein 2 (SYCE2), mRNA [NM_001105578]
Homo sapiens platelet-activating factor acetylhydrolase 1b, catalytic subunit 3 (29kDa) (PAFAH1B3), mRNA [NM_001105578]
Homo sapiens globoside alpha-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (GBGT1), mRNA [NM_021900]
Homo sapiens sel-1 suppressor of lin-12-like (C. elegans) (SEL1L), transcript variant 1, mRNA [NM_001039775]
Homo sapiens absent in melanoma 1-like (AIM1L), mRNA [NM_001039775]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506233 (LOC100506233), non-coding RNA [NR_038903]
Homo sapiens copper chaperone for superoxide dismutase (CCS), mRNA [NM_005125]
Homo sapiens armadillo repeat containing 10 (ARMC10), transcript variant A, mRNA [NM_031905]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 4A (SAMD4A), transcript variant 1, mRNA [NM_031905]
K-EST0153390 L5HLK1 Homo sapiens cDNA clone L5HLK1-3-D02 5', mRNA sequence [CB111670]
Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 1 (NRIP1), mRNA [NM_003489]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens metallothionein-like 5, testis-specific (tesmin) (MTL5), transcript variant 1, mRNA [NM_004667]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 3 (KCNH3), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens adaptor-related protein complex 3, mu 2 subunit (AP3M2), transcript variant 2, mRNA [NM_004667]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 51 (CCDC51), mRNA [NM_024661]
AF292100 RP42 protein {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (34%) [THC2670542]

polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide H [Source:HGNC Symbol;Acc:9195] [ENST00000412
Homo sapiens LSM14A, SCD6 homolog A (*S. cerevisiae*) (LSM14A), transcript variant 2, mRNA [NM_

Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, catalytic, gamma polypeptide (PIK3CG), mRNA [NM_0026
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008276), lincRNA [TCONS_00017607]

Homo sapiens ATP/GTP binding protein 1 (AGTPBP1), mRNA [NM_015239]

Homo sapiens transmembrane protein 11 (TMEM11), transcript variant 1, mRNA [NM_003876]

Homo sapiens TMEM9 domain family, member B (TMEM9B), mRNA [NM_020644]

Homo sapiens interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 3 (IFIT3), transcript variant

Homo sapiens solute carrier family 50 (sugar transporter), member 1 (SLC50A1), transcript variant 1

Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 196 (C20orf196), mRNA [NM_152504]

Homo sapiens cDNA FLJ35996 fis, clone TESTI2014988. [AK093315]

Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, beta 1 subunit (AP1B1), transcript variant 1, mRN

Homo sapiens SET domain containing 1B (SETD1B), mRNA [NM_015048]

PREDICTED: Homo sapiens oligosaccharyltransferase complex subunit OSTC-like (LOC646567), mRN.

Homo sapiens MORC2 antisense RNA 1 (non-protein coding) (MORC2-AS1), non-coding RNA [NR_02

Homo sapiens ependymin related protein 1 (zebrafish) (EPDR1), transcript variant 1, mRNA [NM_01

Homo sapiens modulator of apoptosis 1 (MOAP1), mRNA [NM_022151]

Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DR beta 1 (HLA-DRB1), transcript variant 1.

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008047), lincRNA [TCONS_00017230]

Homo sapiens microphthalmia-associated transcription factor (MITF), transcript variant 1, mRNA [N

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S14 (MRPS14), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens thrombospondin, type I, domain containing 1 (THSD1), transcript variant 1, mRNA [N

Homo sapiens lipocalin 8 (LCN8), mRNA [NM_178469]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001300), lincRNA [TCONS_00002784]

Homo sapiens transmembrane protein 120B (TMEM120B), mRNA [NM_001080825]

Homo sapiens ribosomal protein L28 (RPL28), transcript variant 1, mRNA [NM_001136134]

Homo sapiens family with sequence similarity 108, member C1 (FAM108C1), mRNA [NM_021214]

Homo sapiens SH3-domain GRB2-like endophilin B2 (SH3GLB2), mRNA [NM_020145]

Homo sapiens golgin A8 family, member I, pseudogene (GOLGA8IP), non-coding RNA [NR_024074]

Homo sapiens UPF2 regulator of nonsense transcripts homolog (yeast) (UPF2), transcript variant 1, l

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001225), lincRNA [TCONS_00000742]

Homo sapiens phosphorylase kinase, alpha 1 (muscle) (PHKA1), transcript variant 1, mRNA [NM_00:

Homo sapiens nicotinamide nucleotide adenyltransferase 3 (NMNAT3), transcript variant 1, mRNA/

Homo sapiens palmitoyl-protein thioesterase 2 (PPT2), transcript variant 1, mRNA [NM_005155]

Homo sapiens MT-RNR2-like 8 (MTRNR2L8), mRNA [NM_001190702]

Homo sapiens cytochrome b-561 domain containing 2 (CYB561D2), mRNA [NM_007022]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009312), lincRNA [TCONS_I2_00017629]

Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 44 (C2orf44), transcript variant 1, mRNA [NM_02

Homo sapiens proline-rich coiled-coil 2C (PRRC2C), mRNA [NM_015172]

Homo sapiens intelectin 1 (galactofuranose binding) (ITLN1), mRNA [NM_017625]
Homo sapiens Vps20-associated 1 homolog (S. cerevisiae) (VTA1), mRNA [NM_016485]
Homo sapiens elongation factor 1 homolog (S. cerevisiae) (ELOF1), mRNA [NM_032377]
Homo sapiens TRAF3IP2 antisense RNA 1 (non-protein coding) (TRAF3IP2-AS1), transcript variant 1,
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1 like 4A (EPB41L4A), mRNA [NM_022140]
Homo sapiens degenerative spermatocyte homolog 2, lipid desaturase (Drosophila) (DEGS2), mRNA
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 6 (ARL6), transcript variant 1, mRNA [NM_032146]
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 95 (C10orf95), mRNA [NM_024886]
Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (ENPP2), transcript variant 1,
Homo sapiens D-dopachrome tautomerase-like (LOC391322), mRNA [NM_001144931]
Homo sapiens phospholipase D family, member 6 (PLD6), mRNA [NM_178836]
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:E7EQU4] [ENST00000399576]
Homo sapiens peptidyl-tRNA hydrolase 1 homolog (S. cerevisiae) (PTRH1), mRNA [NM_001002913]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein 48kDa (U11/U12) (SNRNP48), mRNA [NM_152551]
Homo sapiens cleft lip and palate associated transmembrane protein 1 (CLPTM1), transcript variant
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase interacting protein 1 (PIK3IP1), transcript variant 1, mRNA

601823216F1 NIH_MGC_77 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4043354 5', mRNA sequence [BF106:
Homo sapiens arachidonate 12-lipoxygenase pseudogene 2 (ALOX12P2), non-coding RNA [NR_0027
Homo sapiens glutathione peroxidase 1 (GPX1), transcript variant 2, mRNA [NM_201397]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 186 (C1orf186), mRNA [NM_001007544]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007605), lincRNA [TCONS_00016213]
Homo sapiens XRCC6 binding protein 1 (XRCC6BP1), mRNA [NM_033276]
Homo sapiens neuritin 1 (NRN1), mRNA [NM_016588]
Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, alpha 2/delta subunit 4 (CACNA2D4), mRNA [NI
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506797, transcript variant 3 (LOC100506797), miscF
Homo sapiens metallothionein 1F (MT1F), mRNA [NM_005949]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 54 (DDX54), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens deoxythymidylate kinase (thymidylate kinase) (DTYMK), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens sterile alpha motif and leucine zipper containing kinase AZK (ZAK), transcript variant :
methyltransferase like 20 [Source:HGNC Symbol;Acc:28739] [ENST00000357721]
Homo sapiens 5'-nucleotidase, cytosolic II (NT5C2), transcript variant 1, mRNA [NM_012229]
Homo sapiens mediator complex subunit 23 (MED23), transcript variant 2, mRNA [NM_015979]
Homo sapiens ribosomal protein S7 pseudogene 5 (RPS7P5), non-coding RNA [NR_036695]
PREDICTED: Homo sapiens SOS1 intronic transcript 1 (non-protein coding) (SOS1-IT1), miscRNA [XR_
Homo sapiens coagulation factor VIII-associated 1 (F8A1), mRNA [NM_012151]
Homo sapiens neuropeptide W (NPW), mRNA [NM_001099456]
Homo sapiens centromere protein K (CENPK), mRNA [NM_022145]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4A1 (EIF4A1), transcript variant 1, mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001189), lincRNA [TCONS_00001800]
Homo sapiens lamin B2 (LMNB2), mRNA [NM_032737]
Homo sapiens ankyrin repeat and LEM domain containing 1 (ANKLE1), mRNA [NM_152363]
Homo sapiens uncharacterized LOC285540 (LOC285540), non-coding RNA [NR_037934]
Homo sapiens cell adhesion molecule 2 (CADM2), transcript variant 1, mRNA [NM_001167674]

Homo sapiens ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial Fo complex, subunit C1 (subunit 9) (ATBROAD Institute lincRNA (XLOC_010422), lincRNA [TCONS_00021821]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S18A (MRPS18A), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens tetraspanin 16 (TSPAN16), mRNA [NM_012466]
Homo sapiens MIR155 host gene (non-protein coding) (MIR155HG), non-coding RNA [NR_001458]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 22 (DUSP22), mRNA [NM_020185]
Homo sapiens transmembrane protein 169 (TMEM169), transcript variant 3, mRNA [NM_138390]

Homo sapiens hippocampus abundant transcript-like 1 (HIATL1), mRNA [NM_032558]
Homo sapiens kinesin family member 1B (KIF1B), transcript variant 2, mRNA [NM_183416]
Q206M2_9ARAC (Q206M2) Major ampullate spidroin 1 (Fragment), partial (4%) [THC2628121]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3 (HNRNPA3), mRNA [NM_194247]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009445), lincRNA [TCONS_00019642]
Homo sapiens NEDD4 binding protein 2 (N4BP2), mRNA [NM_018177]

Homo sapiens enabled homolog (Drosophila) (ENAH), transcript variant 1, mRNA [NM_001008493]
radial spoke head 9 homolog (Chlamydomonas) [Source:HGNC Symbol;Acc:21057] [ENST000003721]
Homo sapiens cDNA FLJ46249 fis, clone TESTI4021377. [AK128128]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 1B (p27, Kip1) (CDKN1B), mRNA [NM_004064]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DR beta 4 (HLA-DRB4), mRNA [NM_021983]
Homo sapiens apolipoprotein C-I (APOC1), mRNA [NM_001645]
Homo sapiens fatty acid desaturase 3 (FADS3), mRNA [NM_021727]
Homo sapiens lysophosphatidylcholine acyltransferase 4 (LPCAT4), mRNA [NM_153613]
Homo sapiens methyltransferase like 15 (METTL15), transcript variant 2, mRNA [NM_152636]
Homo sapiens transcription factor EB (TFEB), transcript variant 1, mRNA [NM_007162]
Homo sapiens olfactory receptor, family 13, subfamily A, member 1 (OR13A1), mRNA [NM_001004]
Homo sapiens gap junction protein, gamma 2, 47kDa (GJC2), mRNA [NM_020435]

Homo sapiens thyroid hormone receptor, alpha (THRA), transcript variant 2, mRNA [NM_003250]
Homo sapiens cDNA FLJ41926 fis, clone PERIC2003834. [AK123920]
Homo sapiens surfactant protein 6 (SURF6), mRNA [NM_006753]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 239 (LINC00239), non-coding RNA [NR_0267]
Homo sapiens mediator complex subunit 27 (MED27), mRNA [NM_004269]
ATP synthase mitochondrial F1 complex assembly factor 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:18803] [ENST000003721]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001118), lincRNA [TCONS_I2_00001532]
RST8624 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG189579]
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:E7ET45] [ENST00000552745]
Homo sapiens mRNA, chromosome 1 specific transcript KIAA0509. [AB007978]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009344), lincRNA [TCONS_00019549]

Homo sapiens A kinase (PRKA) anchor protein 11 (AKAP11), mRNA [NM_016248]
Homo sapiens hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (HADH), nuclear gene encoding mitochondrial protein
fucosyltransferase 10 (alpha (1,3) fucosyltransferase) [Source:HGNC Symbol;Acc:19234] [ENST000003721]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide H (22.9kD) (POLR3H), transcript variant 1

Homo sapiens TSIX transcript, XIST antisense RNA (non-protein coding) (TSIX), antisense RNA [NR_000001]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens xeroderma pigmentosum, complementation group C (XPC), transcript variant 1, mRNA [NM_000001]
Homo sapiens phosphofructokinase, muscle (PFKM), transcript variant 4, mRNA [NM_000289]
AGENCOURT_10400114 NIH_MGC_82 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6616301 5', mRNA sequence [NR_000001]
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 12 (PARP12), mRNA [NM_022750]
Homo sapiens neuronal growth regulator 1 (NEGR1), mRNA [NM_173808]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003548), lincRNA [TCONS_00008796]

Homo sapiens Scm-like with four mbt domains 1 (SFMBT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001005]
Homo sapiens platelet-activating factor acetylhydrolase 2, 40kDa (PAFAH2), mRNA [NM_000437]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015894), lincRNA [TCONS_I2_00030903]
Homo sapiens uncharacterized protein FLJ23867 (FLJ23867), non-coding RNA [NR_026900]
Homo sapiens calcium activated nucleotidase 1 (CANT1), transcript variant 1, mRNA [NM_138793]
Homo sapiens neurobeachin (NBEA), transcript variant 1, mRNA [NM_015678]
Homo sapiens choline dehydrogenase (CHDH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_000001]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505485 (LOC100505485), miscRNA [XR_109021]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 6 (C19orf6), transcript variant 1, mRNA [NM_000001]
Homo sapiens sterile alpha motif and leucine zipper containing kinase AZK (ZAK), transcript variant 1, mRNA [NM_000001]
Homo sapiens D-dopachrome tautomerase (DDT), transcript variant 1, mRNA [NM_001355]
Homo sapiens uncharacterized LOC202781 (LOC202781), non-coding RNA [NR_028090]
Homo sapiens RIB43A domain with coiled-coils 2 (RIBC2), mRNA [NM_015653]
Homo sapiens uncharacterized LOC100294145 (LOC100294145), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_026900]
Homo sapiens phosphodiesterase 6B, cGMP-specific, rod, beta (PDE6B), transcript variant 1, mRNA [NM_000001]
Homo sapiens caveolin 1, caveolae protein, 22kDa (CAV1), transcript variant 1, mRNA [NM_001753]
Homo sapiens hyaluronoglucosaminidase 4 (HYAL4), mRNA [NM_012269]
Homo sapiens transmembrane protein 151B (TMEM151B), mRNA [NM_001137560]
Homo sapiens zinc finger protein 559 (ZNF559), transcript variant 2, mRNA [NM_032497]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010367), lincRNA [TCONS_00021771]
Homo sapiens actin, gamma 2, smooth muscle, enteric (ACTG2), transcript variant 1, mRNA [NM_000001]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 442 (LINC00442), non-coding RNA [NR_026800]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505794, transcript variant 1 (LOC100505794), miscRNA [NR_026800]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015033), lincRNA [TCONS_I2_00029054]
Homo sapiens SUMO1 activating enzyme subunit 1 (SAE1), transcript variant 1, mRNA [NM_005500]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 147 (C6orf147), non-coding RNA [NR_027005]
Homo sapiens Sjogren syndrome antigen B (autoantigen La) (SSB), mRNA [NM_003142]
Homo sapiens UPF0632 protein A (LOC388630), mRNA [NM_001194986]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013116), lincRNA [TCONS_I2_00024911]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 277 (LINC00277), non-coding RNA [NR_026900]
Homo sapiens nicotinamide phosphoribosyltransferase (NAMPT), mRNA [NM_005746]
Homo sapiens retinoblastoma-like 2 (p130) (RBL2), mRNA [NM_005611]
Homo sapiens olfactomedin-like 2B (OLFML2B), mRNA [NM_015441]
Homo sapiens TEA domain family member 4 (TEAD4), transcript variant 1, mRNA [NM_003213]
Homo sapiens CD164 molecule, sialomucin (CD164), transcript variant 1, mRNA [NM_006016]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001265), lincRNA [TCONS_00001882]
Homo sapiens cysteine and glycine-rich protein 2 (CSRP2), mRNA [NM_001321]
Homo sapiens lysyl oxidase-like 1 (LOXL1), mRNA [NM_005576]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 21 (C11orf21), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens C17orf76 antisense RNA 1 (non-protein coding) (C17orf76-AS1), transcript variant 6, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens ADAMTS-like 2 (ADAMTSL2), transcript variant 1, mRNA [NM_014694]
Homo sapiens zinc finger protein, X-linked (ZFX), transcript variant 1, mRNA [NM_003410]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012079), lincRNA [TCONS_00025273]
Homo sapiens transmembrane protein 173 (TMEM173), nuclear gene encoding mitochondrial protein SH3 domain and tetratricopeptide repeats 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:26009] [ENST00000382516]
Homo sapiens relaxin 2 (RLN2), transcript variant 2, mRNA [NM_005059]

Homo sapiens transducin-like enhancer of split 1 (E(sp1) homolog, Drosophila) (TLE1), mRNA [NM_001161]
RAB GTPase activating protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:17155] [ENST00000402311]
Homo sapiens outer dense fiber of sperm tails 2 (ODF2), transcript variant 6, mRNA [NM_153437]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008195), lincRNA [TCONS_I2_00014773]
Homo sapiens transmembrane protein 53 (TMEM53), mRNA [NM_024587]
Homo sapiens zinc finger protein 684 (ZNF684), mRNA [NM_152373]
Homo sapiens transmembrane protein 204 (TMEM204), mRNA [NM_024600]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC643977 (FLJ32255), miscRNA [XR_108575]
Homo sapiens magnesium transporter 1 (MAGT1), mRNA [NM_032121]
Homo sapiens core-binding factor, beta subunit (CBFB), transcript variant 2, mRNA [NM_001755]
Homo sapiens parvin, beta (PARVB), transcript variant 1, mRNA [NM_001003828]
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex, subunit D, integral membrane protein (SDHD), nuclear gene

Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit VIb polypeptide 2 (testis) (COX6B2), mRNA [NM_144600]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005087), lincRNA [TCONS_00011090]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005880), lincRNA [TCONS_I2_00010948]
Homo sapiens transcription elongation factor A (SII), 2 (TCEA2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens M-phase phosphoprotein 6 (MPHOSPH6), mRNA [NM_005792]
Homo sapiens maternally expressed 3 (non-protein coding) (MEG3), transcript variant 3, non-coding RNA [NM_001161]
Homo sapiens tribbles homolog 3 (Drosophila) (TRIB3), mRNA [NM_021158]
Homo sapiens interferon-induced protein 44-like (IFI44L), mRNA [NM_006820]
Homo sapiens single-stranded DNA binding protein 1 (SSBP1), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens patatin-like phospholipase domain containing 1 (PNPLA1), transcript variant 3, mRNA [NM_001161]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401068 (LOC401068), miscRNA [XR_110024]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (15%) [THC:001161]
Homo sapiens solute carrier family 26, member 8 (SLC26A8), transcript variant 1, mRNA [NM_052900]
Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1 (NLRP1), transcript variant 5, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 7B (Arabidopsis) (COPS7B), mRNA [NM_001161]
Homo sapiens PH domain and leucine rich repeat protein phosphatase 2 (PHLPP2), mRNA [NM_015000]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 5 (trithorax homolog, Drosophila) (MLL5), mRNA [NM_001161]
Homo sapiens thymopoietin (TMPO), transcript variant 1, mRNA [NM_003276]
Homo sapiens MORC family CW-type zinc finger 2 (MORC2), mRNA [NM_014941]

Homo sapiens v-kit Hardy-Zuckerman 4 feline sarcoma viral oncogene homolog (KIT), transcript variant 1, mRNA [NM_005994]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, beta member 2 (KCNAB2), mRNA [NM_001199]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC728769 (LOC728769), miscRNA [XR_108586]
Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 7 (SRSF7), transcript variant 2, mRNA [NM_001199]
Homo sapiens glycine cleavage system protein H (aminomethyl carrier) pseudogene (LOC729080), rDNA [LOC729080]
Homo sapiens T-box 2 (TBX2), mRNA [NM_005994]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 22B (TBC1D22B), mRNA [NM_017772]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006609), lincRNA [TCONS_I2_00012321]
Homo sapiens putative CHST11/IgH oncoprotein (CHST11/IgH fusion) mRNA, complete cds. [AY5332]
Homo sapiens transcription factor-like 5 (basic helix-loop-helix) (TCFL5), mRNA [NM_006602]
Homo sapiens solute carrier family 33 (acetyl-CoA transporter), member 1 (SLC33A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]

Homo sapiens GIPC PDZ domain containing family, member 3 (GIPC3), mRNA [NM_133261]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 7, 20kDa (NADH-coenzyme Q reductase) (ND7), mRNA [NM_001199]
Homo sapiens protein kinase, AMP-activated, beta 1 non-catalytic subunit (PRKAB1), mRNA [NM_001199]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 85 (GPR85), transcript variant 1, mRNA [NM_001146265]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013779), lincRNA [TCONS_00028427]
Homo sapiens benzodiazepine receptor (peripheral) associated protein 1 (BZRAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]
Homo sapiens lipin 3 (LPIN3), mRNA [NM_022896]
Homo sapiens FtsJ methyltransferase domain containing 1 (FTSJD1), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]
Homo sapiens polypyrimidine tract binding protein 1 (PTBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_002896]
Homo sapiens emopamil binding protein (sterol isomerase) (EBP), mRNA [NM_006579]
Homo sapiens TAF9B RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 31kDa (TAF9B), mRNA [NM_001199]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010720), lincRNA [TCONS_00022114]
Homo sapiens cDNA FLJ35685 fis, clone SPLEN2019257. [AK093004]
Homo sapiens patatin-like phospholipase domain containing 7 (PNPLA7), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_005586), lincRNA [TCONS_00012054]

Homo sapiens uncharacterized LOC100505894 (LOC100505894), transcript variant 1, non-coding RNA [LOC100505894]
Homo sapiens family with sequence similarity 208, member B (FAM208B), mRNA [NM_017782]
Homo sapiens colony stimulating factor 1 receptor (CSF1R), mRNA [NM_005211]
Homo sapiens prospero homeobox 2 (PROX2), transcript variant 1, mRNA [NM_001243007]
Homo sapiens cyclin L1 (CCNL1), mRNA [NM_020307]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 7 (KCTD7), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]
Homo sapiens Rho/Rac guanine nucleotide exchange factor (GEF) 18 (ARHGEF18), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]
Homo sapiens RAD51 homolog (*S. cerevisiae*) (RAD51), transcript variant 1, mRNA [NM_002875]
Homo sapiens peptide YY, 2 (seminalplasmin) (PYY2), non-coding RNA [NR_003064]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit H (EIF3H), mRNA [NM_003756]
AGENCOURT_14301157 NIH_MGC_180 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:30388511 5', mRNA sequence [AGENCOURT_14301157]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004844), lincRNA [TCONS_I2_00008931]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 18 (USP18), mRNA [NM_017414]
Homo sapiens actin, beta-like 2 (ACTBL2), mRNA [NM_001017992]
Homo sapiens COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 8 (*Arabidopsis*) (COPS8), transcript variant 1, mRNA [NM_001199]

Homo sapiens kinesin family member 3C (KIF3C), mRNA [NM_002254]
Homo sapiens IMP3, U3 small nucleolar ribonucleoprotein, homolog (yeast) (IMP3), mRNA [NM_010100]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 33 (C14orf33), non-coding RNA [NR_027123]
Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase 2, 69/71kDa (OAS2), transcript variant 2, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens uncharacterized LOC284365 (MGC45922), non-coding RNA [NR_038359]
Homo sapiens v-myc myelocytomatosis viral oncogene homolog 1, lung carcinoma derived (avian) (v-myc), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens WD repeat domain 92 (WDR92), mRNA [NM_138458]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 62 (C17orf62), transcript variant 4, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens retinol dehydrogenase 14 (all-trans/9-cis/11-cis) (RDH14), mRNA [NM_020905]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1) (CDKN1A), transcript variant 2, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens NCK interacting protein with SH3 domain (NCKIPSD), transcript variant 2, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens sirtuin 3 (SIRT3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001163]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506219 (LOC100506219), miscRNA [XR_110573]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC728485 (LOC728485), miscRNA [XR_109511]
Homo sapiens ralA binding protein 1 (RALBP1), mRNA [NM_006788]
Homo sapiens ELK4, ETS-domain protein (SRF accessory protein 1) (ELK4), transcript variant a, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens elongation factor Tu GTP binding domain containing 1 (EFTUD1), transcript variant 1, mRNA [NM_001163]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100653236 (LOC100653236), miscRNA [XR_133430]
Homo sapiens clone HQ0628 PRO0628 mRNA, complete cds. [AF090938]
Homo sapiens uncharacterized LOC728323 (LOC728323), non-coding RNA [NR_024437]
Homo sapiens putative uncharacterized protein FLJ22184 (FLJ22184), mRNA [NM_001190467]
family with sequence similarity 204, member A [Source:HGNC Symbol;Acc:25794] [ENST000004697]
Homo sapiens secretion regulating guanine nucleotide exchange factor (SERGEF), mRNA [NM_012100]
Homo sapiens NIF3 NGG1 interacting factor 3-like 1 (S. pombe) (NIF3L1), transcript variant 4, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens integrator complex subunit 10 (INTS10), mRNA [NM_018142]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100287623 (LOC100287623), miscRNA [XR_108927]
Homo sapiens acetylserotonin O-methyltransferase (ASMT), transcript variant 2, mRNA [NM_004040]
cell division cycle associated 5 [Source:HGNC Symbol;Acc:14626] [ENST00000404147]
Homo sapiens chromosome X open reading frame 49B (CXorf49B), mRNA [NM_001145139]
Homo sapiens tudor domain containing 9 (TDRD9), mRNA [NM_153046]
Homo sapiens dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase (DDOST), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens olfactory receptor, family 5, subfamily B, member 2 (OR5B2), mRNA [NM_001005566]
Homo sapiens transmembrane protein 216 (TMEM216), transcript variant 2, mRNA [NM_00117399]
Homo sapiens cerebellar degeneration-related protein 2, 62kDa (CDR2), mRNA [NM_001802]
UI-HF-ESO-awa-h-10-0-UI.r1 NIH_MGC_213 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:30558033 5', mRNA s
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007374), lincRNA [TCONS_00016583]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family M (with RUN domain) member 1 (PLEKHA7), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens olfactory receptor, family 7, subfamily D, member 2 (OR7D2), mRNA [NM_175883]
Homo sapiens prothymosin, alpha (PTMA), transcript variant 2, mRNA [NM_002823]
tight junction protein 2 (zona occludens 2) [Source:HGNC Symbol;Acc:11828] [ENST00000377259]
ubiquitin specific peptidase 47 [Source:HGNC Symbol;Acc:20076] [ENST00000525257]
Homo sapiens AU RNA binding protein/enoyl-CoA hydratase (AUH), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens nucleoporin 62kDa C-terminal like (NUP62CL), transcript variant 1, mRNA [NM_017600]
Homo sapiens dedicator of cytokinesis 7 (DOCK7), mRNA [NM_033407]

Homo sapiens THAP domain containing 5 (THAP5), transcript variant 2, mRNA [NM_182529]
Homo sapiens kinesin family member 24 (KIF24), mRNA [NM_194313]
Homo sapiens nidogen 2 (osteonidogen) (NID2), mRNA [NM_007361]
Homo sapiens sex comb on midleg-like 1 (Drosophila) (SCML1), transcript variant 1, mRNA [NM_00:
Homo sapiens gon-4-like (C. elegans) (GON4L), transcript variant 2, mRNA [NM_032292]
Homo sapiens keratin associated protein 2-4 (KRTAP2-4), mRNA [NM_033184]
Homo sapiens N(alpha)-acetyltransferase 35, NatC auxiliary subunit (NAA35), mRNA [NM_024635]

Homo sapiens TBK1 binding protein 1 (TBKBP1), mRNA [NM_014726]
Homo sapiens arginyl-tRNA synthetase (RARS), mRNA [NM_002887]
Homo sapiens SEC24 family, member A (S. cerevisiae) (SEC24A), transcript variant 2, mRNA [NM_00
Homo sapiens retinitis pigmentosa 9 pseudogene (RP9P), non-coding RNA [NR_003500]
COEA1_HUMAN (Q05707) Collagen alpha-1(XIV) chain precursor (Undulin), partial (27%) [THC2511C
Homo sapiens transcription elongation factor A (SII), 1 (TCEA1), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens sorting nexin 24 (SNX24), mRNA [NM_014035]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015160), lincRNA [TCONS_I2_00029272]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505648 (LOC100505648), non-coding RNA [NR_040058]

Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_01
Homo sapiens melanoma inhibitory activity family, member 3 (MIA3), mRNA [NM_198551]
Homo sapiens cytidine monophospho-N-acetylneuraminic acid hydroxylase, pseudogene (CMAHP),
Homo sapiens increased sodium tolerance 1 homolog (yeast) (IST1), mRNA [NM_014761]
Homo sapiens phospholipase A2, group XVI (PLA2G16), transcript variant 1, mRNA [NM_007069]
Homo sapiens tweety homolog 2 (Drosophila) (TTYH2), transcript variant 1, mRNA [NM_032646]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505687 (LOC100505687), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens mediator of DNA-damage checkpoint 1 (MDC1), mRNA [NM_014641]
Homo sapiens UTP14, U3 small nucleolar ribonucleoprotein, homolog A (yeast) (UTP14A), transcript
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5267335. [BC066989]
Homo sapiens branched chain amino-acid transaminase 1, cytosolic (BCAT1), transcript variant 1, m
Homo sapiens DDRGK domain containing 1 (DDRGK1), mRNA [NM_023935]
Homo sapiens tryptophan hydroxylase 2 (TPH2), mRNA [NM_173353]
Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 2A (MFSD2A), transcript variant 1, m
Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 1, mRNA [NM_001018111]
Homo sapiens NOP16 nucleolar protein homolog (yeast) (NOP16), mRNA [NM_016391]
Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 14 (MS4A14), transcript varia
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC730236 (LOC730236), mRNA [XM_001133153]
Q8SQ10_MACNE (Q8SQ10) Pancreatic ribonuclease, partial (11%) [THC2665784]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); transl
Q80V08_MOUSE (Q80V08) Rpl17 protein (Fragment), partial (94%) [THC2554858]
Q71RG2_HUMAN (Q71RG2) FP2860, partial (16%) [THC2583368]
Homo sapiens G protein pathway suppressor 1 (GPS1), transcript variant 1, mRNA [NM_212492]
Homo sapiens excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation grou
Homo sapiens amino adipate-semialdehyde dehydrogenase (AASDH), mRNA [NM_181806]
Homo sapiens solute carrier family 3 (activators of dibasic and neutral amino acid transport), memb

Homo sapiens empty spiracles homeobox 1 (EMX1), mRNA [NM_004097]
Homo sapiens family with sequence similarity 200, member B (FAM200B), mRNA [NM_001145191]
Homo sapiens suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein) (ST13)
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 3 (DENND3), mRNA [NM_014957]
Homo sapiens FCH domain only 2 (FCHO2), transcript variant 1, mRNA [NM_138782]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 6 (LIL6)
Homo sapiens TPTE pseudogene (psiTPTE22), non-coding RNA [NR_001591]
Homo sapiens protein kinase, cAMP-dependent, catalytic, beta (PRKACB), transcript variant 2, mRNA [NM_019054]
Homo sapiens family with sequence similarity 35, member A (FAM35A), mRNA [NM_019054]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 22 (USP22), mRNA [NM_015276]
Homo sapiens E74-like factor 2 (ets domain transcription factor) (ELF2), transcript variant 1, mRNA [NM_018999]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 5 (KCTD5), mRNA [NM_018999]
Q3W9K3_9ACTO (Q3W9K3) Acyl transferase domain:Phosphopantetheine-binding domain, partial (PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506774 (LOC100506774), miscRNA [XR_109771]
Homo sapiens maltase-glucoamylase (alpha-glucosidase) pseudogene (LOC100124692), non-coding
Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 10 (SLC2A10), mRNA [NM_018999]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505678 (LOC100505678), non-coding RNA [NR_040093]
Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:16629] [ENST0000039530]
Homo sapiens leucine-rich repeat, immunoglobulin-like and transmembrane domains 2 (LRIT2), mRNA [NM_018999]
Homo sapiens matrix-remodelling associated 7 (MXRA7), transcript variant 2, mRNA [NM_00100855]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008272), lincRNA [TCONS_00017602]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505616, transcript variant 2 (LOC100505616), miscRNA [XR_109771]
UI-H-BW1-anr-f-12-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub7 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3083302 3', mRNA sequence [AF122222]
Homo sapiens cDNA FLJ45363 fis, clone BRHIP3015854. [AK127296]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein D3 polypeptide 18kDa (SNRPD3), mRNA [NM_004177]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 4 (ABCC4), transcript variant 1, mRNA [NM_004177]
DKFZp779O0656_r1 779 (synonym: hncc1) Homo sapiens cDNA clone DKFZp779O0656 5', mRNA sequence [AF122222]
immunoglobulin heavy variable 4-59 [Source:HGNC Symbol;Acc:5654] [ENST00000390629]
Homo sapiens nucleoporin 98kDa (NUP98), transcript variant 3, mRNA [NM_005387]

Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 4 (SLC9A4), mRNA [NM_004177]
Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like (MTHFD1L), nuclear mRNA [NM_004177]
Homo sapiens isoleucyl-tRNA synthetase (IARS), transcript variant long, mRNA [NM_013417]
Homo sapiens synovial sarcoma translocation gene on chromosome 18-like 2 (SS18L2), mRNA [NM_013417]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009029), lincRNA [TCONS_I2_00017004]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1 (ABCA1), mRNA [NM_005502]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide C (62kD) (POLR3C), mRNA [NM_006006]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 49 (ZBTB49), mRNA [NM_145291]
Homo sapiens pituitary tumor-transforming 1 (PTTG1), mRNA [NM_004219]
Homo sapiens DNA polymerase epsilon catalytic subunit isoform a (POLE1) mRNA, partial cds. [AF122222]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 5A-like 1 (EIF5AL1), mRNA [NM_001099692]
Homo sapiens zinc finger protein 574 (ZNF574), mRNA [NM_022752]
Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 8-like 1 (TNFAIP8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_022752]
Homo sapiens branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide (BCKDHB), nuclear gene [NM_022752]

Homo sapiens SLIT and NTRK-like family, member 4 (SLITRK4), transcript variant 2, mRNA [NM_173173]
Homo sapiens WD repeat and HMG-box DNA binding protein 1 (WDHD1), transcript variant 1, mRNA [NM_017211]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 33 [Source:HGNC Symbol;Acc:1273] [ENST00000493883]
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 42 (C4orf42), non-coding RNA [NR_033339]
Homo sapiens macrophage expressed 1 (MPEG1), mRNA [NM_001039396]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 50 (C19orf50), transcript variant 2, mRNA [NM_017211]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 6 (non-protein coding) (SNHG6), non-coding RNA [NR_017211]
PREDICTED: Homo sapiens ankyrin repeat domain-containing protein 20B-like (LOC644339), miscRNA [NM_017211]
exocyst complex component 6B [Source:HGNC Symbol;Acc:17085] [ENST00000290144]
Homo sapiens AHA1, activator of heat shock 90kDa protein ATPase homolog 1 (yeast) (AHSA1), mRNA [NM_017211]
Homo sapiens desmin (DES), mRNA [NM_001927]
Homo sapiens kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 4 (KBTBD4), transcript variant 2, mRNA [NM_017211]
Homo sapiens zinc finger protein 417 (ZNF417), mRNA [NM_152475]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 7 (TBC1D7), transcript variant 3, mRNA [NM_00114396]
Homo sapiens IWS1 homolog (S. cerevisiae) (IWS1), mRNA [NM_017969]

Homo sapiens solute carrier family 16, member 6 (monocarboxylic acid transporter 7) (SLC16A6), transcript variant 1, mRNA [NM_017211]
Homo sapiens PQ loop repeat containing 3 (PQLC3), mRNA [NM_152391]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007985), lincRNA [TCONS_00017174]
Homo sapiens uncharacterized LOC114796 (KIAA1908), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_017211]
Homo sapiens tankyrase 1 binding protein 1, 182kDa (TNKS1BP1), mRNA [NM_033396]
Homo sapiens ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 3 (EDEM3), mRNA [NM_025191]
Homo sapiens dynactin 5 (p25) (DCTN5), transcript variant 1, mRNA [NM_032486]
Homo sapiens KIAA1875 (KIAA1875), non-coding RNA [NR_024207]
Homo sapiens hairy/enhancer-of-split related with YRPW motif 2 (HEY2), mRNA [NM_012259]
Homo sapiens pyrophosphatase (inorganic) 1 (PPA1), mRNA [NM_021129]
Homo sapiens transmembrane protein 117 (TMEM117), mRNA [NM_032256]
Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 5 (ST3GAL5), transcript variant 1, mRNA [NM_017211]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 94 (SNORD94), small nucleolar RNA [NR_004378]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 13 family, member D (ANKRD13D), transcript variant 1, mRNA [NM_017211]
Homo sapiens phosphatase and actin regulator 2 (PHACTR2), transcript variant 3, mRNA [NM_014711]
Homo sapiens NAD(P) dependent steroid dehydrogenase-like (NSDHL), transcript variant 2, mRNA [NM_017211]
Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 4 (ST3GAL4), mRNA [NM_006278]
Homo sapiens regulatory factor X, 8 (RFX8), mRNA [NM_001145664]
AGENCOURT_6611325 NIH_MGC_106 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5485440 5', mRNA sequence [NM_017211]
Homo sapiens ARV1 homolog (S. cerevisiae) (ARV1), mRNA [NM_022786]
Homo sapiens non-SMC condensin II complex, subunit D3 (NCAPD3), mRNA [NM_015261]
Homo sapiens microtubule-associated protein 4 (MAP4), transcript variant 1, mRNA [NM_002375]
Homo sapiens bolA homolog 3 (E. coli) (BOLA3), transcript variant 1, mRNA [NM_212552]
Homo sapiens forkhead box K2 (FOXP2), mRNA [NM_004514]
Homo sapiens KN motif and ankyrin repeat domains 3, mRNA (cDNA clone MGC:71789 IMAGE:3033) [NM_017211]
Homo sapiens BCL2-like 11 (apoptosis facilitator) (BCL2L11), transcript variant 9, mRNA [NM_207000]
Homo sapiens interferon regulatory factor 2 binding protein 1 (IRF2BP1), mRNA [NM_015649]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507226 (LOC100507226), miscRNA [XR_110249]
Homo sapiens MLF1 interacting protein (MLF1IP), mRNA [NM_024629]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013808), lincRNA [TCONS_I2_00027342]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010996), lincRNA [TCONS_00022710]
Homo sapiens phosphate cytidylyltransferase 1, choline, beta (PCYT1B), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 140 (C9orf140), mRNA [NM_178448]
Homo sapiens apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3D (APOBEC3D), m
Homo sapiens nuclear receptor coactivator 5 (NCOA5), mRNA [NM_020967]
Homo sapiens centrosomal protein 170kDa (CEP170), transcript variant alpha, mRNA [NM_014812]
DA057126 BRACE2 Homo sapiens cDNA clone BRACE2003559 5', mRNA sequence [DA057126]
Homo sapiens uncharacterized protein MGC16121 (MGC16121), non-coding RNA [NR_024607]
Homo sapiens complement component 8, gamma polypeptide (C8G), mRNA [NM_000606]
Homo sapiens TRM5 tRNA methyltransferase 5 homolog (*S. cerevisiae*) (TRMT5), mRNA [NM_02081]
Homo sapiens napsin A aspartic peptidase (NAPSA), mRNA [NM_004851]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010489), lincRNA [TCONS_I2_00019667]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652751 (LOC100652751), miscRNA [XR_132792]
Homo sapiens K(lysine) acetyltransferase 6B (KAT6B), mRNA [NM_012330]
Homo sapiens aspartyl aminopeptidase (DNPEP), mRNA [NM_012100]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 95 (C11orf95), mRNA [NM_001144936]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 9 pseudogene 1 (ASB9P1), non-coding RNA [
PREDICTED: Homo sapiens superoxide dismutase [Cu-Zn]-like (LOC100652974), miscRNA [XR_13261]
Homo sapiens oxysterol binding protein-like 8 (OSBPL8), transcript variant 1, mRNA [NM_020841]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, beta member 2 (KCNAB2
Homo sapiens inner membrane protein, mitochondrial (IMMT), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens peptidylprolyl cis/trans isomerase, NIMA-interacting 1 pseudogene 1 (PIN1P1), non-c
Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 8 (MARCH8), transcript variant 6, mRNA [N
Homo sapiens hyaluronan synthase 1 (HAS1), mRNA [NM_001523]
Homo sapiens myotubularin related protein 2 (MTMR2), transcript variant 2, mRNA [NM_201278]
Homo sapiens COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 5 (*Arabidopsis*) (COPS5), mRN
Homo sapiens flavin containing monooxygenase 4 (FMO4), mRNA [NM_002022]
Homo sapiens beta-1,3-N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (globoside blood group) (B3GALNT1), t
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 162 (C14orf162), non-coding RNA [NR_024630]
Homo sapiens FYVE, RhoGEF and PH domain containing 6 (FGD6), mRNA [NM_018351]
RST36952 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG217250]
Homo sapiens chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 2 (CSGALNACT2), mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001195), lincRNA [TCONS_00001810]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686C06106 (from clone DKFZp686C06106). [BX640903]
Homo sapiens non-SMC element 1 homolog (*S. cerevisiae*) (NSMCE1), mRNA [NM_145080]
Homo sapiens septin 1 (SEPT1), mRNA [NM_052838]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505549 (LOC100505549), mRNA [NM_001242804]

Homo sapiens WD repeat domain 13 (WDR13), transcript variant 1, mRNA [NM_017883]
Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 8 (P2RY8), mRNA [NM_178129]
Homo sapiens FUN14 domain containing 2 (FUNDC2), mRNA [NM_023934]

Homo sapiens oligodendrocyte transcription factor 3 (OLIG3), mRNA [NM_175747]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506681 (LOC100506681), miscRNA [XR_108680]
IF2_STRAW (Q82K53) Translation initiation factor IF-2, partial (3%) [THC2656695]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 113-9 (SNORD113-9), small nucleolar RNA [NR_003237]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686H1983 (from clone DKFZp686H1983). [BX538347]
Homo sapiens short chain dehydrogenase/reductase family 42E, member 1 (SDR42E1), mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens ataxin 7-like 3B (ATXN7L3B), mRNA [NM_001136262]
DA306449 BRHIP2 Homo sapiens cDNA clone BRHIP2023010 5', mRNA sequence [DA306449]
Homo sapiens centrosomal protein 128kDa (CEP128), mRNA [NM_152446]

Homo sapiens family with sequence similarity 177, member A1 (FAM177A1), transcript variant 2, mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens small glutamine-rich tetratricopeptide repeat (TPR)-containing, alpha (SGTA), mRNA [NM_001136262]
Hepatoma-derived growth factor-related protein 2 [Source:UniProtKB/Swiss-Prot;Acc:Q7Z4V5] [ENSC00000282221]
Homo sapiens SH3 domain and tetratricopeptide repeats 1 (SH3TC1), mRNA [NM_018986]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide F (SNRPF), mRNA [NM_003095]
Homo sapiens adaptor-related protein complex 1 associated regulatory protein (AP1AR), transcript variant 1, mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 9 pseudogene 1 (NUDT9P), mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 28 (LINC00028), non-coding RNA [NR_02435]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507018 (LOC100507018), miscRNA [XR_108884]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 60 (DDX60), mRNA [NM_017631]

Homo sapiens enhancer of polycomb homolog 1 (Drosophila) (EPC1), mRNA [NM_025209]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006026), lincRNA [TCONS_I2_00011144]

Homo sapiens queuine tRNA-ribosyltransferase domain containing 1 (QTRTD1), mRNA [NM_024638]
Homo sapiens clusterin associated protein 1 (CLUAP1), transcript variant 2, mRNA [NM_024793]
Homo sapiens intraflagellar transport 46 homolog (Chlamydomonas) (IFT46), transcript variant 1, mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens metastasis associated in colon cancer 1 (MACC1), mRNA [NM_182762]
Homo sapiens secretory carrier membrane protein 5 (SCAMP5), transcript variant 3, mRNA [NM_131073]
Homo sapiens TEK tyrosine kinase, endothelial (TEK), mRNA [NM_000459]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 69 (C9orf69), mRNA [NM_152833]
Homo sapiens PET112 homolog (yeast) (PET112), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens LOC645967 mRNA for hypothetical LOC645967, complete cds, clone: HP09087-RBdSC [AF09087]
Homo sapiens phenylalanyl-tRNA synthetase, alpha subunit (FARSA), mRNA [NM_004461]
Homo sapiens small nuclear RNA activating complex, polypeptide 5, 19kDa (SNAPC5), mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens zinc finger protein 467 (ZNF467), mRNA [NM_207336]

Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens RWD domain containing 1 (RWDD1), transcript variant 2, mRNA [NM_016104]
Homo sapiens damage-specific DNA binding protein 1, 127kDa (DDB1), mRNA [NM_001923]
Homo sapiens membrane protein, palmitoylated 6 (MAGUK p55 subfamily member 6) (MPP6), mRNA [NM_001136262]
Homo sapiens histone acetyltransferase 1 (HAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_003642]
Homo sapiens nuclear transcription factor Y, beta (NFYB), mRNA [NM_006166]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 19 (ARHGAP19), transcript variant 1, mRNA [NM_032953]

Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 4 (CNOT4), transcript variant 4, mRNA [NM

Homo sapiens kynurenine 3-monooxygenase (kynurenine 3-hydroxylase) (KMO), mRNA [NM_00367
prickle homolog 3 (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:6645] [ENST00000376310]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100132909 (LOC100132909), miscRNA [XR_108345]

Homo sapiens reticulon 4 receptor-like 2 (RTN4RL2), mRNA [NM_178570]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003065), lincRNA [TCONS_I2_00005785]

Homo sapiens RAB12, member RAS oncogene family (RAB12), mRNA [NM_001025300]

Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 88 (C1orf88), mRNA [NM_181643]

Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase 2, 69/71kDa (OAS2), transcript variant 1, mRNA [NM_

Homo sapiens neurexin 2 (NRXN2), transcript variant alpha-2, mRNA [NM_138732]

Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4E nuclear import factor 1 (EIF4ENIF1), transcr
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007102), lincRNA [TCONS_00015025]

Homo sapiens tryptophanyl tRNA synthetase 2, mitochondrial (WARS2), nuclear gene encoding mitr

Homo sapiens bone morphogenetic protein 8b (BMP8B), mRNA [NM_001720]

Homo sapiens integrator complex subunit 4 (INTS4), mRNA [NM_033547]

Homo sapiens WAS/WASL interacting protein family, member 1 (WIPF1), transcript variant 2, mRNA

Homo sapiens prostate transmembrane protein, androgen induced 1 (PMEPA1), transcript variant 1

Homo sapiens signal sequence receptor, beta (translocon-associated protein beta) (SSR2), mRNA [N

Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 58 (C3orf58), transcript variant 1, mRNA [NM_17

Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 7 (ARHGEF7), transcript variant 1, mRf

Homo sapiens CLP1, cleavage and polyadenylation factor I subunit, homolog (S. cerevisiae) (CLP1), t

Homo sapiens cDNA FLJ42565 fis, clone BRACE3007472. [AK124556]

Homo sapiens gamma-glutamyltransferase 5 (GGT5), transcript variant 1, mRNA [NM_001099781]

Homo sapiens dystrophia myotonia-protein kinase (DMPK), transcript variant 2, mRNA [NM_00440

Homo sapiens osteoclast stimulating factor 1 (OSTF1), mRNA [NM_012383]

Homo sapiens solute carrier family 41, member 3 (SLC41A3), transcript variant 2, mRNA [NM_0178:

BROAD Institute lincRNA (XLOC_012051), lincRNA [TCONS_00024776]

Homo sapiens synaptogyrin 4 (SYNGR4), mRNA [NM_012451]

Homo sapiens uncharacterized LOC100128071 (LOC100128071), mRNA [NM_001167676]

chromatin target of PRMT1 [Source:HGNC Symbol;Acc:24511] [ENST00000368686]

Homo sapiens protein-kinase, interferon-inducible double stranded RNA dependent inhibitor, repre

Homo sapiens tubulin, beta class I (TUBB), mRNA [NM_178014]

Homo sapiens zinc finger protein 394 (ZNF394), mRNA [NM_032164]

hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 7 [Source:HGNC Symbol;Acc:5215] [ENST00000367915]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004053), lincRNA [TCONS_00008556]

Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 5 (NUDT5), mRNA [NM_0

Homo sapiens FSHD region gene 1 (FRG1), mRNA [NM_004477]

O44341_HALRU (O44341) Lustrin A, partial (7%) [THC2762882]

Homo sapiens KH homology domain containing 1 (KHDC1), transcript variant 2, mRNA [NM_030568

Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 6 homolog (mouse) (HSD17B6), mRNA [NM

Homo sapiens enoyl CoA hydratase, short chain, 1, mitochondrial (ECHS1), nuclear gene encoding n

Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 6, member B (BCL6B), mRNA [NM_181844]

PREDICTED: Homo sapiens high mobility group protein HMG-I/HMG-Y-like (LOC100130009), mRNA
Homo sapiens tight junction protein 1 (zona occludens 1) (TJP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001001196]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 7 (ADAMTS7), mRNA [NM_001001196]
Homo sapiens poly(rC) binding protein 1 (PCBP1), mRNA [NM_006196]
full-length cDNA clone CS0DI028YD16 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR511001]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) inhibitor subunit 1 (PI31) (PSMF1), transcript variant 1, mRNA [NM_001001196]
synaptotagmin-like 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:15588] [ENST00000372981]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (19%) [THC2652934]
Homo sapiens methylmalonic aciduria (cobalamin deficiency) cblB type (MMAB), nuclear gene encoding protein, partial (75%) [THC2652934]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 6 (HSP70B') (HSPA6), mRNA [NM_002155]
Homo sapiens V-set and transmembrane domain containing 4 (VSTM4), transcript variant 1, mRNA [NM_001001196]
Homo sapiens G2/M-phase specific E3 ubiquitin protein ligase (G2E3), mRNA [NM_017769]
Homo sapiens olfactory receptor, family 5, subfamily C, member 1 (OR5C1), mRNA [NM_001001196]
Homo sapiens COBW domain containing 5 (CBWD5), mRNA [NM_001024916]
Homo sapiens mitofusin 2 (MFN2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001001196]
PREDICTED: Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 112 (C10orf112), mRNA [XM_003441]
Homo sapiens myosin binding protein H (MYBPH), mRNA [NM_004997]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 6 (PTPN6), transcript variant 1, mRNA [NM_001001196]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507558 (LOC100507558), miscRNA [XR_108786]
Homo sapiens tubulin folding cofactor A (TBCA), mRNA [NM_004607]
Homo sapiens KIAA1984 (KIAA1984), mRNA [NM_001039374]
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 39 (C22orf39), transcript variant 1, mRNA [NM_001001196]
Q6NTE2_HUMAN (Q6NTE2) FTHL17 protein (Fragment), partial (75%) [THC2652934]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 38 (C1orf38), transcript variant 2, mRNA [NM_001001196]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 87 (C11orf87), mRNA [NM_207645]
Homo sapiens methyl CpG binding protein 2 (Rett syndrome) (MECP2), transcript variant 2, mRNA [NM_001001196]
Homo sapiens zinc finger protein 30 (ZNF30), transcript variant 3, mRNA [NM_194325]
DIS3 mitotic control homolog (S. cerevisiae)-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:28648] [ENST00000272981]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 197 (C20orf197), mRNA [NM_173644]
Homo sapiens butyrophilin, subfamily 2, member A1 (BTN2A1), transcript variant 4, mRNA [NM_001001196]
Homo sapiens notch 2 N-terminal like (NOTCH2NL), mRNA [NM_203458]
Homo sapiens FK506 binding protein 2, 13kDa (FKBP2), transcript variant 1, mRNA [NM_004470]
Homo sapiens MOB kinase activator 1B (MOB1B), transcript variant 3, mRNA [NM_001244767]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005365), lincRNA [TCONS_00011871]
Homo sapiens zinc finger protein 184 (ZNF184), mRNA [NM_007149]
Homo sapiens zinc finger, ZZ-type containing 3 (ZZZ3), mRNA [NM_015534]
Homo sapiens bone marrow stromal cell antigen 2 (BST2), mRNA [NM_004335]
Homo sapiens LIM homeobox 3 (LHX3), transcript variant 2, mRNA [NM_014564]
Homo sapiens DEXH (Asp-Glu-X-His) box polypeptide 58 (DHX58), mRNA [NM_024119]
Homo sapiens utrophin (UTRN), mRNA [NM_007124]
Homo sapiens endo/exonuclease (5'-3'), endonuclease G-like (EXOG), nuclear gene encoding mitochondrial protein, partial (75%) [THC2652934]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S15 (MRPS15), nuclear gene encoding mitochondria protein, partial (75%) [THC2652934]
sirtuin 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:14931] [ENST00000529937]
Homo sapiens centlein, centrosomal protein (CNTLN), transcript variant 1, mRNA [NM_017738]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013751), lincRNA [TCONS_I2_00026433]
Homo sapiens protocadherin beta 13 (PCDHB13), mRNA [NM_018933]
Homo sapiens ERI1 exoribonuclease family member 2 (ERI2), transcript variant 2, mRNA [NM_08061]
Homo sapiens ferredoxin 1-like (FDX1L), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001161]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006671), lincRNA [TCONS_I2_00012430]
Homo sapiens olfactory receptor, family 10, subfamily H, member 1 (OR10H1), mRNA [NM_013940]
AB208889 BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 2 variant {Homo sapiens
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 72 (C9orf72), transcript variant 2, mRNA [NM_144952]
Human effector cell protease receptor-1 (EPR-1) mRNA, partial cds. [L26245]
Homo sapiens signal transducer and activator of transcription 4 (STAT4), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 1 inhibitor (PCSK1N), mRNA [NM_013271]
Homo sapiens transmembrane protein 184C (TMEM184C), mRNA [NM_018241]
Q86WU1_HUMAN (Q86WU1) LOC440248 protein, partial (32%) [THC2569926]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1 (ALDH3B1), transcript variant 3, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens MHC class I polypeptide-related sequence A (MICA), transcript variant 1 (allele MICA) [NM_001161]
Homo sapiens zinc finger protein 493 (ZNF493), transcript variant 2, mRNA [NM_145326]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506368 (LOC100506368), non-coding RNA [NR_038905]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 34 (C12orf34), mRNA [NM_032829]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012176), lincRNA [TCONS_00025167]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010191), lincRNA [TCONS_00021404]
Homo sapiens hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1-like (HSD11B1L), transcript variant b, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens tyrosyl-tRNA synthetase (YARS), mRNA [NM_003680]
Homo sapiens HD domain containing 2 (HDCC2), mRNA [NM_016063]
Homo sapiens uncharacterized LOC100192420 (FLJ41941), non-coding RNA [NR_024417]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 2 (DUSP2), mRNA [NM_004418]
Homo sapiens ATPase type 13A2 (ATP13A2), transcript variant 1, mRNA [NM_022089]
Homo sapiens cDNA FLJ44253 fis, clone TKIDN2009092. [AK126241]
Homo sapiens aarF domain containing kinase 2 (ADCK2), mRNA [NM_052853]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 50 (ANKRD50), transcript variant 2, mRNA [NM_001167882]
Q2N092_9STRA (Q2N092) Elicitin-like protein RAM5, partial (22%) [THC2751543]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003799), lincRNA [TCONS_00008353]
Homo sapiens neurolysin (metallopeptidase M3 family) (NLN), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 12 (ARHGEF12), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens zinc finger E-box binding homeobox 2 (ZEB2), transcript variant 1, mRNA [NM_01479]
Homo sapiens glucosamine (N-acetyl)-6-sulfatase (GNS), mRNA [NM_002076]
Homo sapiens cadherin 22, type 2 (CDH22), mRNA [NM_021248]
BX092781 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998N094163 ; IMAGE:1641032, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens zinc finger protein 283 (ZNF283), mRNA [NM_181845]
Homo sapiens ribonuclease H2, subunit C (RNASEH2C), mRNA [NM_032193]
Homo sapiens prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 2 (PDSS2), mRNA [NM_020381]
regulatory factor X, 3 (influences HLA class II expression) [Source:HGNC Symbol;Acc:9984] [ENST00000278127]

Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 12B (PPP1R12B), transcript variant 6, mRNA [NM_001242704]
Homo sapiens coronin, actin binding protein, 2A (CORO2A), transcript variant 1, mRNA [NM_003388]
Homo sapiens Down syndrome critical region gene 3 (DSCR3), mRNA [NM_006052]
Homo sapiens zinc finger protein 385C (ZNF385C), mRNA [NM_001242704]
Homo sapiens acyl-CoA thioesterase 4 (ACOT4), mRNA [NM_152331]
Homo sapiens nuclear receptor coactivator 2 (NCOA2), mRNA [NM_006540]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 1-like (GNB1L), mRNA [NM_001242704]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L24 (MRPL24), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens hypothetical protein LOC158257, mRNA (cDNA clone IMAGE:4829324). [BC045813]
Homo sapiens casein kinase 1, alpha 1 (CSNK1A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001025105]
Homo sapiens melanoma inhibitory activity (MIA), transcript variant 1, mRNA [NM_006533]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008008), lincRNA [TCONS_I2_00014563]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506982 (LOC100506982), miscRNA [XR_111219]
Homo sapiens zinc finger protein 70 (ZNF70), mRNA [NM_021916]
Homo sapiens guanylate binding protein family, member 6 (GBP6), mRNA [NM_198460]
Homo sapiens tectorin alpha (TECTA), mRNA [NM_005422]
Homo sapiens HBS1-like (*S. cerevisiae*) (HBS1L), transcript variant 3, mRNA [NM_001145207]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 3A (PPP1R3A), mRNA [NM_002711]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009613), lincRNA [TCONS_I2_00019753]
Q3SGJ5_THIDA (Q3SGJ5) Septum formation inhibitor MinC, partial (5%) [THC2622951]

Homo sapiens zinc finger protein 765 (ZNF765), mRNA [NM_001040185]
Homo sapiens polymerase (RNA) I polypeptide C, 30kDa (POLR1C), mRNA [NM_203290]
Homo sapiens ribophorin II (RPN2), transcript variant 1, mRNA [NM_002951]
Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 10 [Source:HGNC Symbol;Acc:14103] [ENST0000038]
Homo sapiens Ras and Rab interactor 1 (RIN1), mRNA [NM_004292]
Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 1 subunit (AP1S1), mRNA [NM_001283]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009146), lincRNA [TCONS_00019313]
coiled-coil domain containing 126 [Source:HGNC Symbol;Acc:22398] [ENST00000472407]
Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 6 (SLC2A6), transcript variant 1, mRNA [NM_001242704]
Homo sapiens golgin A6 family-like 6 (GOLGA6L6), mRNA [NM_001145004]
Homo sapiens basic transcription factor 3 pseudogene 11 (BTF3P11), non-coding RNA [NR_026983]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009167), lincRNA [TCONS_00019322]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009498), lincRNA [TCONS_00019700]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000678), lincRNA [TCONS_00000075]
Homo sapiens endothelial cell-specific chemotaxis regulator (ECSCR), mRNA [NM_001077693]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 27 (ARHGAP27), transcript variant 3, mRNA [NM_174938]
Homo sapiens zinc finger protein 667 (ZNF667), transcript variant 1, mRNA [NM_022103]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1, alpha/beta subcomplex, 1, 8kDa (NDUFAB1), non-coding RNA [NR_026983]
Homo sapiens prefoldin subunit 2 (PFDN2), mRNA [NM_012394]
Homo sapiens FXFD domain containing ion transport regulator 3 (FXFD3), transcript variant 3, mRNA [NM_001242704]

Homo sapiens UBX domain protein 7 (UBXN7), mRNA [NM_015562]
Homo sapiens POM121 membrane glycoprotein-like 4 pseudogene (POM121L4P), non-coding RNA [NR_026983]

Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3 (SLC25A

Homo sapiens zinc finger protein 547 (ZNF547), mRNA [NM_173631]

Homo sapiens UBA domain containing 2 (UBAC2), transcript variant 2, mRNA [NM_177967]

Homo sapiens alkaline ceramidase 2 (ACER2), mRNA [NM_001010887]

Homo sapiens galanin receptor 3 (GALR3), mRNA [NM_003614]

Homo sapiens phosphoglycerate mutase 1 (brain) (PGAM1), mRNA [NM_002629]

Homo sapiens homeobox containing 1 (HMBOX1), transcript variant 1, mRNA [NM_024567]

Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 11 (SRSF11), transcript variant 1, mRNA [NM_004

Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 154 (C6orf154), mRNA [NM_001012974]

Homo sapiens signal-regulatory protein delta (SIRPD), mRNA [NM_178460]

Homo sapiens family with sequence similarity 127, member B (FAM127B), transcript variant 1, mRN

Homo sapiens Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 6 (RAPGEF6), transcript variant 2, mRN

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007499), lincRNA [TCONS_00016111]

Homo sapiens G protein-coupled receptor 114 (GPR114), mRNA [NM_153837]

Homo sapiens paternally expressed transcript PAR-SN (PAR-SN), non-coding RNA [NR_022011]

Q25IK4_MACFA (Q25IK4) Brain cDNA, clone: QfIA-18945, partial (98%) [THC2634132]

fatty acid desaturase 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:3575] [ENST00000517839]

Homo sapiens meiosis-specific nuclear structural 1 (MNS1), mRNA [NM_018365]

Uncharacterized protein cDNA FLJ27068 fis, clone SPL01475 [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q6ZNV

Homo sapiens splicing factor 3b, subunit 4, 49kDa (SF3B4), mRNA [NM_005850]

ATPase, class V, type 10B [Source:HGNC Symbol;Acc:13543] [ENST00000326831]

Homo sapiens CD53 molecule (CD53), transcript variant 1, mRNA [NM_001040033]

Homo sapiens ubiquitin protein ligase E3C (UBE3C), mRNA [NM_014671]

Homo sapiens single-strand-selective monofunctional uracil-DNA glycosylase 1 (SMUG1), transcript

Homo sapiens FSHD region gene 1 pseudogene (LOC283788), non-coding RNA [NR_027436]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505585 (LOC100505585), miscRNA [XR_109536]

Homo sapiens STEAP family member 3, metalloredutase (STEAP3), transcript variant 1, mRNA [NM

Homo sapiens zinc finger protein 736 (ZNF736), mRNA [NM_001170905]

Homo sapiens cDNA FLJ46574 fis, clone THYMU3041736. [AK128431]

Homo sapiens TTC28 antisense RNA 1 (non-protein coding) (TTC28-AS1), transcript variant 2, non-c

Homo sapiens topoisomerase (DNA) I (TOP1), mRNA [NM_003286]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L17 (MRPL17), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens sorting and assembly machinery component 50 homolog (S. cerevisiae) (SAMM50), n

Homo sapiens zinc finger protein 792 (ZNF792), mRNA [NM_175872]

Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 3 (ST3GAL3), transcript variant 2, mR

Homo sapiens uncharacterized LOC100132273 (LOC100132273), non-coding RNA [NR_034118]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC285286 (LOC285286), miscRNA [XR_109995]

Homo sapiens SVOP-like (SVOPL), transcript variant 2, mRNA [NM_174959]

Homo sapiens cDNA FLJ46872 fis, clone UTERU3013167. [AK128705]

Homo sapiens SMAD specific E3 ubiquitin protein ligase 1 (SMURF1), transcript variant 1, mRNA [NM

BROAD Institute lincRNA (XLOC_013835), lincRNA [TCONS_00028462]

Homo sapiens cDNA FLJ11480 fis, clone HEMBA1001791. [AK021542]

Homo sapiens zinc finger, ZZ-type containing 3 (ZZZ3), mRNA [NM_015534]
Homo sapiens ubiquinol-cytochrome c reductase complex chaperone (UQCC), nuclear gene encoding
Homo sapiens retinoic acid receptor, beta (RARβ), transcript variant 1, mRNA [NM_000965]
Homo sapiens RMI1, RecQ mediated genome instability 1, homolog (*S. cerevisiae*) (RMI1), mRNA [N
Homo sapiens cytohesin 1 (CYTH1), transcript variant 1, mRNA [NM_004762]
Homo sapiens DCN1, defective in cullin neddylation 1, domain containing 5 (*S. cerevisiae*) (DCUN1D
Homo sapiens PH domain and leucine rich repeat protein phosphatase 2 (PHLPP2), mRNA [NM_015
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:40081045. [BC126993]
Homo sapiens folylpolyglutamate synthase (FPGS), nuclear gene encoding mitochondrial protein, tr
Homo sapiens uncharacterized LOC645644 (FLJ42627), non-coding RNA [NR_024492]
inner membrane protein, mitochondrial [Source:HGNC Symbol;Acc:6047] [ENST00000474969]
tripartite motif containing 11 [Source:HGNC Symbol;Acc:16281] [ENST00000366699]
Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 8 (CHCHD8), mRNA [NM_016565
Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
Homo sapiens canopy 4 homolog (zebrafish) (CNPY4), mRNA [NM_152755]
Homo sapiens uncharacterized LOC340544 (LOC340544), non-coding RNA [NR_038978]
Homo sapiens cDNA FLJ35225 fis, clone PROST2001116. [AK092544]
Q86SS8_HUMAN (Q86SS8) Dual specificity phosphatase 8 (DUSP8 protein), partial (4%) [THC26107C
Homo sapiens golgin A6 family-like 6 (GOLGA6L6), mRNA [NM_001145004]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009514), lincRNA [TCONS_00019717]
Homo sapiens vitrin (VIT), transcript variant 1, mRNA [NM_053276]
Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), transcript variant 1, mRNA [NM_00215
Homo sapiens SP100 nuclear antigen (SP100), transcript variant 1, mRNA [NM_001080391]
histone cluster 1, H2ai [Source:HGNC Symbol;Acc:4725] [ENST00000358739]
Q33DX6_9HYME (Q33DX6) Ecdysone receptor B isoform (Fragment), partial (16%) [THC2691143]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761D2121 (from clone DKFZp761D2121). [AL834121]
Homo sapiens DTW domain containing 2 (DTWD2), mRNA [NM_173666]
Homo sapiens netrin G2 (NTNG2), mRNA [NM_032536]
Homo sapiens Ras-like without CAAX 2 (RIT2), mRNA [NM_002930]
Homo sapiens transcription factor binding to IGHM enhancer 3 (TFE3), mRNA [NM_006521]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 31 (DDX31), transcript variant 2, mRNA [NM
T cell receptor gamma variable 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:12288] [ENST00000390346]
Homo sapiens U2 small nuclear RNA auxiliary factor 1-like 4 (U2AF1L4), transcript variant 2, mRNA [
Homo sapiens uncharacterized LOC100507091 (LOC100507091), non-coding RNA [NR_038290]
Homo sapiens phosphomannomutase 2 (PMM2), mRNA [NM_000303]
Homo sapiens cyclin K (CCNK), mRNA [NM_001099402]
Homo sapiens URB1 ribosome biogenesis 1 homolog (*S. cerevisiae*) (URB1), mRNA [NM_014825]
Homo sapiens solute carrier family 35, member C2 (SLC35C2), transcript variant 1, mRNA [NM_173:
Homo sapiens dynein, axonemal, heavy chain 11 (DNAH11), mRNA [NM_003777]
Homo sapiens staphylococcal nuclease and tudor domain containing 1 (SND1), mRNA [NM_014390]
Homo sapiens AFG3 ATPase family gene 3-like 1 (*S. cerevisiae*), pseudogene (AFG3L1P), transcript v:

tripartite motif containing 16 [Source:HGNC Symbol;Acc:17241] [ENST00000494759]
Homo sapiens adaptor-related protein complex 4, sigma 1 subunit (AP4S1), transcript variant 1, mRNA [NM_001109997]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006699), lincRNA [TCONS_00014594]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000052), lincRNA [TCONS_00000839]
Homo sapiens family with sequence similarity 46, member A (FAM46A), mRNA [NM_017633]
Homo sapiens zinc finger, SWIM-type containing 7 (ZSWIM7), transcript variant 1, mRNA [NM_001109997]
Homo sapiens family with sequence similarity 160, member A1 (FAM160A1), mRNA [NM_001109997]
Homo sapiens glucose-fructose oxidoreductase domain containing 2 (GFOD2), transcript variant 1, mRNA [NM_001109997]
PREDICTED: Homo sapiens destrin-like (LOC729454), mRNA [XM_001130287]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004945), lincRNA [TCONS_00011012]
Homo sapiens hypothetical LOC439951, mRNA (cDNA clone MGC:33041 IMAGE:4838780), complete cds [NM_001109997]
Homo sapiens ureidopropionase, beta (UPB1), mRNA [NM_016327]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_010485), lincRNA [TCONS_00021887]
Homo sapiens acid phosphatase 6, lysophosphatidic (ACP6), mRNA [NM_016361]
Homo sapiens nuclear protein, ataxia-telangiectasia locus (NPAT), mRNA [NM_002519]
Homo sapiens troponin I type 2 (skeletal, fast) (TNNI2), transcript variant 1, mRNA [NM_003282]
Homo sapiens branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide (BCKDHB), nuclear gene [NM_001109997]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 128 (C14orf128), non-coding RNA [NR_027263]
Homo sapiens centrosomal protein 85kDa (CEP85), mRNA [NM_022778]
Homo sapiens family with sequence similarity 114, member A2 (FAM114A2), mRNA [NM_018691]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507492 (LOC100507492), miscRNA [XR_109121]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 10 (ABCB10), nuclear gene [NM_001109997]
Homo sapiens exoribonuclease 1 (ERI1), mRNA [NM_153332]
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 54 (C3orf54), mRNA [NM_203370]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 15 (DCAF15), mRNA [NM_138353]
Homo sapiens tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase 2 (TNKS2), mRNA [NM_001109997]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011661), lincRNA [TCONS_00024343]
Homo sapiens phosphatase and actin regulator 4 (PHACTR4), transcript variant 1, mRNA [NM_001109997]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 51 (C17orf51), mRNA [NM_001113434]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4E family member 3 (EIF4E3), transcript variant 1, mRNA [NM_001109997]
Homo sapiens catechol-O-methyltransferase (COMT), transcript variant 1, mRNA [NM_000754]
Homo sapiens zinc finger, MIZ-type containing 2 (ZMIZ2), transcript variant 1, mRNA [NM_031449]

Homo sapiens iron-sulfur cluster assembly 2 homolog (S. cerevisiae) (ISCA2), mRNA [NM_194279]
Homo sapiens metallo-beta-lactamase domain containing 2 (MBLAC2), mRNA [NM_203406]
Homo sapiens CD33 molecule (CD33), transcript variant 1, mRNA [NM_001772]
Homo sapiens human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 1 (HIVEP1), mRNA [NM_001109997]
Homo sapiens Fc receptor-like B (FCRLB), mRNA [NM_001002901]

Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 4 (P2RX4), mRNA [NM_002560]
Homo sapiens polyamine oxidase (exo-N4-amino) (PAOX), transcript variant 4, mRNA [NM_207127]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein D1 polypeptide 16kDa (SNRPD1), mRNA [NM_00693]
Homo sapiens cytochrome b5 type A (microsomal) (CYB5A), transcript variant 3, mRNA [NM_00119]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100129129 (LOC100129129), miscRNA [XR_113108]
Homo sapiens optic atrophy 3 (autosomal recessive, with chorea and spastic paraplegia) (OPA3), nu
Homo sapiens TATA box binding protein (TBP), transcript variant 1, mRNA [NM_003194]
Homo sapiens u3 small nucleolar ribonucleoprotein protein MPP10-like (LOC643802), mRNA [NM_
keratin 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:6446] [ENST00000551318]
Homo sapiens ribosomal protein S3A (RPS3A), mRNA [NM_001006]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 107 (CCDC107), transcript variant A, mRNA [NM_17492
Homo sapiens NSA2 ribosome biogenesis homolog (*S. cerevisiae*) (NSA2), mRNA [NM_014886]
Homo sapiens phospholipase D2 (PLD2), transcript variant 1, mRNA [NM_002663]

TCAAP1Q12860 Pediatric acute myelogenous leukemia cell (FAB M1) Baylor-HGSC project=TCAA Ho
Homo sapiens lymphotoxin beta receptor (TNFR superfamily, member 3) (LTBR), mRNA [NM_00234
Homo sapiens family with sequence similarity 86, member C2, pseudogene (FAM86C2P), non-codin
Homo sapiens PHD finger protein 8 (PHF8), transcript variant 4, mRNA [NM_001184898]
Homo sapiens nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding) (NEAT1), non-coding
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), mer
Homo sapiens IKAROS family zinc finger 3 (Aiolos) (IKZF3), transcript variant 1, mRNA [NM_012481]
Homo sapiens transmembrane protein 145 (TMEM145), mRNA [NM_173633]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011507), lincRNA [TCONS_00023702]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 9 (mortalin) (HSPA9), nuclear gene encoding mitochondrial
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 38 (C15orf38), mRNA [NM_182616]
Homo sapiens heat shock protein 90Be (HSP90Be) mRNA, complete cds. [AY956766]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 2 (EIF2AK2), transcript variant 3

Homo sapiens uncharacterized LOC100287314 (LOC100287314), non-coding RNA [NR_040245]
Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 18 (ZC3H18), mRNA [NM_144604]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_014159), lincRNA [TCONS_00029518]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein-like 1 (GNL1), mRNA [NM_005275]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 51 (C17orf51), mRNA [NM_001113434]
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 1A (DYRK1A), transcrip
Homo sapiens tectonic family member 3 (TCTN3), transcript variant 1, mRNA [NM_015631]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5312439. [BC066361]
Homo sapiens zinc finger protein 814 (ZNF814), mRNA [NM_001144989]
Homo sapiens chloride channel CLIC-like 1 (CLCC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001048210]
UI-E-DW0-agm-i-20-0-UI.r1 UI-E-DW0 Homo sapiens cDNA clone UI-E-DW0-agm-i-20-0-UI 5', mRNA
Homo sapiens ATP5S-like (ATP5SL), transcript variant 4, mRNA [NM_018035]
Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 9B (IGSF9B), mRNA [NM_014987]
Homo sapiens septin 8 (SEPT8), transcript variant 2, mRNA [NM_015146]

Homo sapiens zinc finger protein 414 (ZNF414), transcript variant 2, mRNA [NM_032370]
Homo sapiens uncharacterized LOC84989 (LOC84989), non-coding RNA [NR_027182]

Homo sapiens SH3 domain containing ring finger 1 (SH3RF1), mRNA [NM_020870]
Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 4 (CNOT4), transcript variant 2, mRNA [NM_001005026]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, catalytic, delta polypeptide (PIK3CD), mRNA [NM_005026]
Homo sapiens hairy and enhancer of split 5 (Drosophila) (HES5), mRNA [NM_001010926]

Homo sapiens, clone IMAGE:5480271, mRNA. [BC041650]

Homo sapiens TLC domain containing 1 (TLCD1), transcript variant 1, mRNA [NM_138463]
Homo sapiens ribosomal protein L13a pseudogene 3 (RPL13AP3), non-coding RNA [NR_004844]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 3 (MLL3), mRNA [NM_170606]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 like 1 (DHRS4L1), mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 7 (SRSF7), transcript variant 1, mRNA [NM_001030]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 47 (USP47), mRNA [NM_017944]
Homo sapiens BMX non-receptor tyrosine kinase (BMX), transcript variant 2, mRNA [NM_001721]
Homo sapiens presenilin associated, rhomboid-like (PARL), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens SCY1-like 2 (*S. cerevisiae*) (SCYL2), mRNA [NM_017988]
Homo sapiens cytoskeleton associated protein 2-like (CKAP2L), mRNA [NM_152515]

Homo sapiens zinc finger, RAN-binding domain containing 2 (ZRANB2), transcript variant 2, mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) containing 1 (KDEL1), mRNA [NM_024089]
Homo sapiens uncharacterized LOC284889 (LOC284889), non-coding RNA [NR_038911]
Homo sapiens CTF8, chromosome transmission fidelity factor 8 homolog (*S. cerevisiae*) (CTF8), transcript variant 1, mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens angiomin 2 (AMOTL2), mRNA [NM_016201]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 201 (C20orf201), mRNA [NM_001007125]
Homo sapiens origin recognition complex, subunit 4 (ORC4), transcript variant 2, mRNA [NM_002550]
Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 3 (CEACAM3), mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens atlastin GTPase 3 (ATL3), mRNA [NM_015459]
Homo sapiens solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 2 (SLC27A2), transcript variant 1, mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens uncharacterized LOC643770 (LOC643770), non-coding RNA [NR_038383]
Homo sapiens gamma-aminobutyric acid (GABA) receptor, rho 2 (GABRR2), mRNA [NM_002043]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family H (with MyTH4 domain) member 3 (PHLH3), mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens cDNA FLJ27256 fis, clone SYN09689. [AK130766]
Homo sapiens USP6 N-terminal like (USP6NL), transcript variant 1, mRNA [NM_014688]
Homo sapiens transmembrane protein 109 (TMEM109), mRNA [NM_024092]
Synthetic construct Homo sapiens gateway clone IMAGE:100019426 3' read TUBB mRNA. [CU67648]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005826), lincRNA [TCONS_I2_00011572]
Homo sapiens polyribonucleotide nucleotidyltransferase 1 (PNPT1), mRNA [NM_033109]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006200), lincRNA [TCONS_00014191]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 73 (C16orf73), transcript variant 2, mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens ATG4 autophagy related 4 homolog B (*S. cerevisiae*) (ATG4B), transcript variant 2, mRNA [NM_001001030]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100134391 (LOC100134391), miscRNA [XR_109425]
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 19 (C18orf19), transcript variant 1, mRNA [NM_001001030]
Homo sapiens aarF domain containing kinase 1 (ADCK1), transcript variant 1, mRNA [NM_020421]
Homo sapiens proliferating cell nuclear antigen (PCNA), transcript variant 1, mRNA [NM_002592]

Homo sapiens NYN domain and retroviral integrase containing (NYNRIN), mRNA [NM_025081]
Homo sapiens pyrophosphatase (inorganic) 2 (PPA2), nuclear gene encoding mitochondrial protein,
Homo sapiens dickkopf homolog 1 (Xenopus laevis) (DKK1), mRNA [NM_012242]
Homo sapiens syntaxin 7 (STX7), mRNA [NM_003569]

Homo sapiens nuclear receptor coactivator 7 (NCOA7), transcript variant 1, mRNA [NM_181782]
AL568675 Homo sapiens PLACENTA Homo sapiens cDNA clone CS0DE004YG14 3-PRIME, mRNA seq
Homo sapiens myosin, heavy chain 14, non-muscle (MYH14), transcript variant 1, mRNA [NM_0010
Q8IZQ1_HUMAN (Q8IZQ1) ALFY, complete [THC2496390]
Homo sapiens BCL2-associated athanogene 3 (BAG3), mRNA [NM_004281]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2 (HNRNPA1L2), transcript variant :
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013896), lincRNA [TCONS_00028825]
Homo sapiens cDNA: FLJ21498 fis, clone COL05627. [AK025151]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100130539 (LOC100130539), mRNA [XM_0017:
Homo sapiens leucine rich repeat protein 1 (LRR1), transcript variant 3, mRNA [NM_203467]
BX100223 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998O063517, mRNA sequence [BX1

ankyrin repeat domain 42 [Source:HGNC Symbol;Acc:26752] [ENST00000393389]
Homo sapiens COX11 cytochrome c oxidase assembly homolog (yeast) (COX11), nuclear gene encoc
Homo sapiens RNA, U4atac small nuclear (U12-dependent splicing) (RNU4ATAC), small nuclear RNA
PREDICTED: Homo sapiens UPF0687 protein C20orf27-like (LOC647086), miscRNA [XR_132608]
Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 1, mRNA [NM_006895]
Homo sapiens isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+) beta (IDH3B), nuclear gene encoding mitochondri
Homo sapiens synaptosomal-associated protein, 23kDa (SNAP23), transcript variant 1, mRNA [NM_1
Homo sapiens breast cancer metastasis suppressor 1 (BRMS1), transcript variant 2, mRNA [NM_001
Homo sapiens interferon regulatory factor 7 (IRF7), transcript variant d, mRNA [NM_004031]
Homo sapiens AHNAK nucleoprotein 2 (AHNAK2), mRNA [NM_138420]
Homo sapiens ribosomal protein L15 (RPL15), mRNA [NM_002948]
non-protein coding RNA 230B [Source:HGNC Symbol;Acc:37737] [ENST00000458667]
Homo sapiens tetraspanin 11 (TSPAN11), mRNA [NM_001080509]
Homo sapiens kelch-like ECH-associated protein 1 (KEAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_203500]
Homo sapiens pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 1 (PDXDC1), mRNA [NM_015
Homo sapiens CNKSR family member 3 (CNKSR3), mRNA [NM_173515]
Homo sapiens ribosomal protein L4 (RPL4), mRNA [NM_000968]
Homo sapiens cDNA FLJ25388 fis, clone TST02351. [AK058117]
Homo sapiens neurobeachin-like 1 (NBEAL1), mRNA [NM_001114132]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 76 (C17orf76), transcript variant 2, mRNA [NM_1
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 14 (PARP14), mRNA [NM_017554]
Homo sapiens CTP synthase II (CTPS2), transcript variant 3, mRNA [NM_001144002]
Q5T1D1_HUMAN (Q5T1D1) OTTHUMP00000017090 (Fragment), partial (95%) [THC2532982]
Homo sapiens chromobox homolog 1 (CBX1), transcript variant 1, mRNA [NM_006807]
Homo sapiens ribosomal protein L22 (RPL22), mRNA [NM_000983]
phosphodiesterase 4D interacting protein [Source:HGNC Symbol;Acc:15580] [ENST00000479369]

Homo sapiens, clone IMAGE:4186245, mRNA. [BC026731]

Homo sapiens neuroblastoma breakpoint family, member 6 (NBPF6), transcript variant 1, mRNA [NM_001146421]

Homo sapiens glutathione S-transferase mu 1 (GSTM1), transcript variant 2, mRNA [NM_001146421]

Homo sapiens nucleobindin 1 (NUCB1), mRNA [NM_006184]

Homo sapiens SH3-domain GRB2-like 1 pseudogene 2 (SH3GL1P2), non-coding RNA [NR_033420]

aa43c10.r1 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:823698 5', mRNA sequence [AA433420]

Homo sapiens retinol saturase (all-trans-retinol 13,14-reductase) (RETSAT), mRNA [NM_017750]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007753), lincRNA [TCONS_00016378]

Homo sapiens ribosomal protein S10 (RPS10), transcript variant 2, mRNA [NM_001014]

Homo sapiens EPH receptor A4 (EPHA4), mRNA [NM_004438]

Homo sapiens transcription elongation factor A (SII)-like 1 (TCEAL1), transcript variant 3, mRNA [NM_001146421]

Homo sapiens fermitin family member 2 (FERMT2), transcript variant 2, mRNA [NM_001134999]

Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class V (PIGV), transcript variant 2, r

Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 12 pseudogene 1 (ZSCAN12P1), non-coding f

Homo sapiens uncharacterized LOC344595 (LOC344595), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001146421]

Homo sapiens RELT-like 2 (RELL2), transcript variant 1, mRNA [NM_173828]

Homo sapiens transmembrane channel-like 4 (TMC4), transcript variant 2, mRNA [NM_144686]

Homo sapiens neurensin 2 (NRSN2), mRNA [NM_024958]

Homo sapiens ribosomal RNA processing 1 homolog (*S. cerevisiae*) (RRP1), mRNA [NM_003683]

Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686D03167 (from clone DKFZp686D03167). [CR936824]

Q96GC5_HUMAN (Q96GC5) Mitochondrial ribosomal protein L48, complete [THC2774178]

Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 3 (CDKN3), transcript variant 1, mRNA [NM_005191]

Homo sapiens complement component 2 (C2), transcript variant 3, mRNA [NM_001178063]

Homo sapiens Alport syndrome, mental retardation, midface hypoplasia and elliptocytosis chromos

ankyrin repeat domain 44 [Source:HGNC Symbol;Acc:25259] [ENST00000328737]

Homo sapiens aldo-keto reductase family 1, member B1 (aldose reductase) (AKR1B1), mRNA [NM_001146421]

Homo sapiens cDNA FLJ46360 fis, clone TESTI4049863. [AK128227]

Homo sapiens WD repeat domain 3 (WDR3), mRNA [NM_006784]

Homo sapiens uncoupling protein 2 (mitochondrial, proton carrier) (UCP2), nuclear gene encoding r

Homo sapiens chloride channel Ka (CLCNKA), transcript variant 1, mRNA [NM_004070]

Q52M62_HUMAN (Q52M62) LOC285908 protein, partial (24%) [THC2764236]

Homo sapiens RAD52 homolog (*S. cerevisiae*) (RAD52), mRNA [NM_134424]

Homo sapiens actin related protein 2/3 complex, subunit 5, 16kDa (ARPC5), mRNA [NM_005717]

DB080210 TESTI4 Homo sapiens cDNA clone TESTI4025661 5', mRNA sequence [DB080210]

Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 2 (HAUS2), transcript variant 1, mRNA [NM_018021]

Homo sapiens uncharacterized LOC646743 (LOC646743), non-coding RNA [NR_033930]

Homo sapiens methionyl aminopeptidase 2 (METAP2), mRNA [NM_006838]

ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (8%) [THC2764236]

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 2 (ABCF2), nuclear gene encodi

Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 5 (MAP2K5), transcript variant 2, mRNA [NM_001146421]

Homo sapiens ribosomal protein SA (RPSA), transcript variant 1, mRNA [NM_002295]

Homo sapiens PPAN-P2RY11 readthrough (PPAN-P2RY11), transcript variant 2, mRNA [NM_001198]

Homo sapiens Fanconi anemia, complementation group D2 (FANCD2), transcript variant 1, mRNA [NM_001146421]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L36 (MRPL36), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens zinc finger protein 786 (ZNF786), mRNA [NM_152411]
Homo sapiens cDNA FLJ46832 fis, clone UTERU2023941. [AK128866]
Homo sapiens clone DNA128322 RFVG5814 (UNQ5814) mRNA, complete cds. [AY358167]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014297), lincRNA [TCONS_00029345]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002440), lincRNA [TCONS_00004538]
Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, kainate 4 (GRIK4), mRNA [NM_014619]
Homo sapiens barrier to autointegration factor 1 (BANF1), transcript variant 1, mRNA [NM_003860]
Homo sapiens chromodomain helicase DNA binding protein 9 (CHD9), mRNA [NM_025134]
Homo sapiens T-box 19 (TBX19), mRNA [NM_005149]
Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, L type, alpha 1C subunit (CACNA1C), transcript
Homo sapiens methyltransferase like 2B (METTL2B), mRNA [NM_018396]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 88 (C21orf88), transcript variant 2, non-coding f
Homo sapiens hook homolog 3 (Drosophila) (HOOK3), mRNA [NM_032410]
Homo sapiens integral membrane protein 2C (ITM2C), transcript variant 1, mRNA [NM_030926]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 96 (C21orf96), non-coding RNA [NR_026812]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 1 (UBE2Q2P1), non
Homo sapiens acidic (leucine-rich) nuclear phosphoprotein 32 family, member A (ANP32A), mRNA [
Homo sapiens uncharacterized LOC728978 (LOC728978), non-coding RNA [NR_038453]
ribosomal protein L22 pseudogene 11 [Source:HGNC Symbol;Acc:35603] [ENST00000538228]
Homo sapiens ribosomal protein S18 (RPS18), mRNA [NM_022551]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R (HNRNPR), transcript variant 2, mRNA [N
Homo sapiens zinc finger protein pseudogene (LOC728743), non-coding RNA [NR_027237]
Homo sapiens PHD finger protein 15 (PHF15), mRNA [NM_015288]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002170), lincRNA [TCONS_00003323]
Homo sapiens talin 2 (TLN2), mRNA [NM_015059]
Homo sapiens G2/M-phase specific E3 ubiquitin protein ligase (G2E3), mRNA [NM_017769]
Homo sapiens vascular endothelial growth factor B (VEGFB), transcript variant VEGFB-186, mRNA [N
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011448), lincRNA [TCONS_00024099]
Homo sapiens acid phosphatase-like 2 (ACPL2), transcript variant 1, mRNA [NM_152282]
Homo sapiens interleukin 15 (IL15), transcript variant 2, mRNA [NM_172175]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 1 (ABCC1), transcript varian
Homo sapiens Rab9 effector protein with kelch motifs (RABEPK), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens musashi homolog 2 (Drosophila) (MSI2), transcript variant 2, mRNA [NM_170721]
Homo sapiens seven in absentia homolog 1 (Drosophila) (SIAH1), transcript variant 1, mRNA [NM_0
Homo sapiens RAN binding protein 2 (RANBP2), mRNA [NM_006267]
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 6 (NUDT6), transcript vari
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein 40kDa (U5) (SNRNP40), mRNA [NM_004814]
Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 17 (SCARNA17), guide RNA [NR_003003]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 95 (C11orf95), mRNA [NM_001144936]
romatin binding)|GO:0005515(protein binding)|GO:0005634(nucleus)|GO:0005694(chromosome)|
Homo sapiens zinc finger protein 318 (ZNF318), mRNA [NM_014345]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100289379 (LOC100289379), mRNA [XM_00234
Homo sapiens uncharacterized LOC91948 (LOC91948), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_02

Homo sapiens zinc finger protein 14 homolog (mouse) (ZFP14), mRNA [NM_020917]
Homo sapiens reticulocalbin 2, EF-hand calcium binding domain (RCN2), mRNA [NM_002902]
Homo sapiens cDNA FLJ44715 fis, clone BRACE3021430. [AK126671]
Homo sapiens unc-51-like kinase 2 (C. elegans) (ULK2), transcript variant 1, mRNA [NM_014683]
Q86U02_HUMAN (Q86U02) Full-length cDNA clone CS0DI010YI19 of Placenta of Homo sapiens (human)
Homo sapiens I(3)mbt-like 1 (Drosophila) (L3MBTL1), transcript variant II, mRNA [NM_032107]
Homo sapiens apolipoprotein O (APOO), transcript variant 1, mRNA [NM_024122]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 52 (C12orf52), mRNA [NM_032848]
Homo sapiens uncharacterized LOC100287314 (LOC100287314), non-coding RNA [NR_040245]
Homo sapiens scavenger receptor class F, member 2 (SCARF2), transcript variant 1, mRNA [NM_153]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 35 (C11orf35), mRNA [NM_173573]
Homo sapiens double homeobox 4 like 4 (DUX4L4), mRNA [NM_001177376]
Homo sapiens claudin 16 (CLDN16), mRNA [NM_006580]
Homo sapiens transforming growth factor, beta receptor III (TGFB3), transcript variant 1, mRNA [NM_001080450]
Homo sapiens differentially expressed in FDCP 8 homolog (mouse) (DEF8), transcript variant 2, mRNA [NM_006825]
Homo sapiens cytoskeleton-associated protein 4 (CKAP4), mRNA [NM_006825]
Homo sapiens spectrin, beta, erythrocytic (SPTB), transcript variant 1, mRNA [NM_001024858]
Homo sapiens myosin VI (MYO6), mRNA [NM_004999]
Homo sapiens BEN domain containing 3 (BEND3), mRNA [NM_001080450]
Homo sapiens leucine-rich repeat kinase 1 (LRRK1), mRNA [NM_024652]
Homo sapiens IGF-like family receptor 1 (IGFLR1), mRNA [NM_024660]
Homo sapiens tropomyosin 3 (TPM3), transcript variant 4, mRNA [NM_001043351]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001974), lincRNA [TCONS_00004131]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100132249 (LOC100132249), partial miscRNA [XR_1328]
Homo sapiens ARP1 actin-related protein 1 homolog B, centractin beta (yeast) (ACTR1B), mRNA [NM_001080450]
leucine-rich repeats and death domain containing 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:34300] [ENST00000303313]
Homo sapiens trafficking protein particle complex 1 (TRAPPC1), transcript variant 1, mRNA [NM_024660]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007880), lincRNA [TCONS_00016890]
Homo sapiens Sad1 and UNC84 domain containing 2 (SUN2), transcript variant 2, mRNA [NM_015332]
Homo sapiens ORM1-like 3 (S. cerevisiae) (ORMDL3), mRNA [NM_139280]
Homo sapiens cytoskeleton associated protein 2 (CKAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_018204]
Homo sapiens enolase-phosphatase 1 (ENOPH1), mRNA [NM_021204]
Homo sapiens hairy and enhancer of split 6 (Drosophila) (HES6), transcript variant 1, mRNA [NM_018204]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N (SNRPN), transcript variant 4, mRNA [NM_018204]
Homo sapiens zinc finger protein 641 (ZNF641), transcript variant 1, mRNA [NM_152320]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L14 (MRPL14), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens podocan-like 1 (PODNL1), transcript variant 1, mRNA [NM_024825]
Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 2, mRNA [NM_001024074]

Homo sapiens ubiquinol-cytochrome c reductase, Rieske iron-sulfur polypeptide 1 (UQCRC1), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens sorting nexin 9 (SNX9), mRNA [NM_016224]

Homo sapiens pyruvate dehydrogenase kinase, isozyme 2 (PDK2), nuclear gene encoding mitochondria
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003776), lincRNA [TCONS_00007680]

Homo sapiens v-raf murine sarcoma 3611 viral oncogene homolog pseudogene, mRNA (cDNA clone
Homo sapiens tetraspanin 4 (TSPAN4), transcript variant 1, mRNA [NM_001025237]
Homo sapiens DiGeorge syndrome critical region gene 14 (DGCR14), mRNA [NM_022719]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 5B (EIF5B), mRNA [NM_015904]
Homo sapiens pitrilysin metallopeptidase 1 (PITRM1), nuclear gene encoding mitochondrial protein

Homo sapiens zinc finger protein 618 (ZNF618), mRNA [NM_133374]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100132183 (FP6628), miscRNA [XR_108867]
Homo sapiens patatin-like phospholipase domain containing 2 (PNPLA2), mRNA [NM_020376]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L13 (MRPL13), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens stromal antigen 3-like 4 (STAG3L4), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_040585]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L32 (MRPL32), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens C-type lectin domain family 7, member A (CLEC7A), transcript variant 6, mRNA [NM_
Homo sapiens family with sequence similarity 18, member B1 (FAM18B1), mRNA [NM_016078]
Homo sapiens MIF4G domain containing (MIF4GD), transcript variant 2, mRNA [NM_020679]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 68 (C7orf68), transcript variant 1, mRNA [NM_01

Homo sapiens zinc finger protein 398 (ZNF398), transcript variant 2, mRNA [NM_020781]
Homo sapiens ectodermal-neural cortex 1 (with BTB-like domain) (ENC1), mRNA [NM_003633]
Homo sapiens INO80 complex subunit C (INO80C), transcript variant 2, mRNA [NM_194281]
Homo sapiens ATPase, Ca⁺⁺ transporting, plasma membrane 4 (ATP2B4), transcript variant 1, mRNA/
Homo sapiens ring finger protein 8 (RNF8), transcript variant 1, mRNA [NM_003958]

Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:C9JFK8] [ENST00000449914]
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 11 (SNORA11), small nucleolar RNA [NR_002953]
Homo sapiens family with sequence similarity 122B (FAM122B), transcript variant 2, mRNA [NM_00
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase C (cyclophilin C) (PPIC), mRNA [NM_000943]
Homo sapiens protease, serine, 8 (PRSS8), mRNA [NM_002773]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001788), lincRNA [TCONS_00003974]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506374 (LOC100506374), miscRNA [XR_109498]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007858), lincRNA [TCONS_00016872]
Homo sapiens MKL/myocardin-like 2 (MKL2), mRNA [NM_014048]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401357 (LOC401357), miscRNA [XR_132811]
Homo sapiens MANSC domain containing 1 (MANSC1), mRNA [NM_018050]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 20 (C5orf20), mRNA [NM_130848]
Homo sapiens Hermansky-Pudlak syndrome 4 (HPS4), transcript variant 1, mRNA [NM_022081]
Q87ES2_XYLFT (Q87ES2) Leucine aminopeptidase, partial (4%) [THC2726183]
Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 13 (KCNJ13), transcript v
Homo sapiens solute carrier family 15, member 4 (SLC15A4), mRNA [NM_145648]
DA381791 BRTHA2 Homo sapiens cDNA clone BRTHA2015483 5', mRNA sequence [DA381791]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 38 (TTC38), mRNA [NM_017931]
Homo sapiens nitric oxide associated 1 (NOA1), mRNA [NM_032313]
Homo sapiens ribosomal protein S27 (RPS27), mRNA [NM_001030]

Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALA)
Homo sapiens strawberry notch homolog 2 (Drosophila) (SBNO2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 3 (MAPK3), transcript variant 1, mRNA [NM_00274
Homo sapiens immature colon carcinoma transcript 1 (ICT1), mRNA [NM_001545]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 25 (GPR25), mRNA [NM_005298]

G protein-coupled receptor 17 [Source:HGNC Symbol;Acc:4471] [ENST00000339805]
Homo sapiens thymocyte selection-associated high mobility group box (TOX), mRNA [NM_014729]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2Q family member 2 pseudogene 1 (UBE2Q2P1), non
Homo sapiens purine-rich element binding protein B (PURB), mRNA [NM_033224]
zinc finger protein 880 [Source:HGNC Symbol;Acc:37249] [ENST00000344085]
Homo sapiens voltage-dependent anion channel 1 (VDAC1), nuclear gene encoding mitochondrial p
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005081), lincRNA [TCONS_00010554]
Homo sapiens WD repeat domain 76 (WDR76), transcript variant 1, mRNA [NM_024908]
Homo sapiens v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian)-like 1 (MYBL1), transcript varia
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015812), lincRNA [TCONS_I2_00030590]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008047), lincRNA [TCONS_I2_00015820]
Homo sapiens ribosomal protein S7 (RPS7), mRNA [NM_001011]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005691), lincRNA [TCONS_I2_00010600]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 66 (C19orf66), mRNA [NM_018381]
Homo sapiens ERO1-like beta (*S. cerevisiae*) (ERO1LB), mRNA [NM_019891]
ALU5_HUMAN (P39192) Alu subfamily SC sequence contamination warning entry, partial (4%) [THC
Homo sapiens toll interacting protein (TOLLIP), mRNA [NM_019009]
Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor-like 1 (F2RL1), mRNA [NM_005242]
Homo sapiens QKI, KH domain containing, RNA binding (QKI), transcript variant 1, mRNA [NM_0067
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505787 (LOC100505787), miscRNA [XR_108528]
Homo sapiens abhydrolase domain containing 14B (ABHD14B), transcript variant 1, mRNA [NM_032
Homo sapiens inositol-tetrakisphosphate 1-kinase (ITPK1), transcript variant 3, mRNA [NM_001142]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506930 (LOC100506930), transcript variant 2, non-coding RN
Homo sapiens cDNA FLJ59146 complete cds, moderately similar to Eukaryotic translation initiation f
Homo sapiens abhydrolase domain containing 13 (ABHD13), mRNA [NM_032859]
Homo sapiens Jun dimerization protein 2 (JDP2), transcript variant 1, mRNA [NM_130469]
Homo sapiens B double prime 1, subunit of RNA polymerase III transcription initiation factor IIIB (B
Homo sapiens cytochrome b5 type A (microsomal) (CYB5A), transcript variant 2, mRNA [NM_00191
lipocalin 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:27038] [ENST00000479767]
Homo sapiens cyclin G2 (CCNG2), mRNA [NM_004354]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 4 (PIK3R4), mRNA [NM_014602]
Homo sapiens keratin 8 (KRT8), mRNA [NM_002273]
Homo sapiens DNAJC27 antisense RNA 1 (non-protein coding) (DNAJC27-AS1), non-coding RNA [NR
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 45A (SNORD45A), small nuclear RNA [NR_002749]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 27 (VPS9 domain) (ANKRD27), mRNA [NM_032139]
Homo sapiens prostaglandin E synthase 2 (PTGES2), transcript variant 1, mRNA [NM_025072]

DB030232 TESTI2 Homo sapiens cDNA clone TESTI2013722 5', mRNA sequence [DB030232]

Homo sapiens family with sequence similarity 20, member C (FAM20C), mRNA [NM_020223]
family with sequence similarity 21, member C [Source:HGNC Symbol;Acc:23414] [ENST0000037435]
Homo sapiens C-type lectin domain family 12, member B (CLEC12B), transcript variant 2, mRNA [NM_018951]
Homo sapiens REX1, RNA exonuclease 1 homolog (*S. cerevisiae*)-like 1 (REXO1L1), mRNA [NM_1722]
Homo sapiens Fas (TNFRSF6) associated factor 1 (FAF1), mRNA [NM_007051]
immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) [Source:HGNC Symbol;Acc:5525] [ENST0000026325]
Homo sapiens YjeF N-terminal domain containing 3 (YJEFN3), nuclear gene encoding mitochondrial

Homo sapiens homeobox A10 (HOXA10), transcript variant 1, mRNA [NM_018951]
Homo sapiens fatty acyl CoA reductase 1 (FAR1), mRNA [NM_032228]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 5 (PLEKHG5)
Homo sapiens ankyrin repeat domain 13B (ANKRD13B), mRNA [NM_152345]
Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 9 (SCARNA9), guide RNA [NR_002569]
Homo sapiens FKSG58 (FKSG58) mRNA, complete cds. [AF336885]
Homo sapiens calmodulin regulated spectrin-associated protein family, member 2 (CAMSAP2), mRNA [NM_018418]
Homo sapiens spermatogenesis associated 7 (SPATA7), transcript variant 1, mRNA [NM_018418]

Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 65 (C3orf65), non-coding RNA [NR_027317]
Homo sapiens phosphatase and actin regulator 2 (PHACTR2), transcript variant 2, mRNA [NM_0011]
Homo sapiens raftlin, lipid raft linker 1 (RFTN1), mRNA [NM_015150]
GRP33_ARTSA (P13230) Glycine-rich protein GRP33, partial (8%) [THC2642603]
Homo sapiens phosphatidylinositol binding clathrin assembly protein (PICALM), transcript variant 1, mRNA [NM_01040202]
Homo sapiens progesterin and adipoQ receptor family member III (PAQR3), mRNA [NM_001040202]
Homo sapiens zinc finger protein 22 (KOX 15) (ZNF22), mRNA [NM_006963]
Homo sapiens NODAL modulator 1 (NOMO1), mRNA [NM_014287]
Homo sapiens RFT1 homolog (*S. cerevisiae*) (RFT1), mRNA [NM_052859]
Homo sapiens enoyl CoA hydratase domain containing 3 (ECHDC3), nuclear gene encoding mitochondrial
Homo sapiens ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 1 (ABTB1), transcript variant 1, mRNA [NM_018418]
Homo sapiens zinc finger, AN1-type domain 3 (ZFAND3), mRNA [NM_021943]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 11 (non-protein coding) (SNHG11), non-coding RNA [NR_027317]

Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 8 (SLC2A8), mRNA [NM_018418]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 86 (C1orf86), transcript variant 1, mRNA [NM_0011]
Homo sapiens uncharacterized LOC145837 (LOC145837), non-coding RNA [NR_026979]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013480), lincRNA [TCONS_I2_00026014]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 3 (C2orf3), transcript variant 3, mRNA [NM_0011]
Homo sapiens cDNA FLJ45587 fis, clone BRTHA3014105. [AK127494]

ERG28_MOUSE (Q9ERY9) Probable ergosterol biosynthetic protein 28, partial (16%) [THC2681099]
Homo sapiens nucleus accumbens associated 1, BEN and BTB (POZ) domain containing (NACC1), mRNA [NM_018418]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005936), lincRNA [TCONS_I2_00011032]
Homo sapiens tenascin XB (TNXB), transcript variant XB, mRNA [NM_019105]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000762), lincRNA [TCONS_00000493]
Homo sapiens serologically defined colon cancer antigen 8 (SDCCAG8), mRNA [NM_006642]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004529), lincRNA [TCONS_00009498]
Homo sapiens nuclear paraspeckle assembly transcript 1 (non-protein coding) (NEAT1), non-coding
Homo sapiens ribosomal protein S29 (RPS29), transcript variant 2, mRNA [NM_001030001]
Homo sapiens matrix metalloproteinase 15 (membrane-inserted) (MMP15), mRNA [NM_002428]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505666 (LOC100505666), transcript variant 1, non-coding RNA
Homo sapiens origin recognition complex, subunit 1 (ORC1), transcript variant 1, mRNA [NM_00415]
Homo sapiens uncharacterized LOC338817 (LOC338817), non-coding RNA [NR_033890]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652951 (LOC100652951), miscRNA [XR_132888]
Homo sapiens nucleoporin 35kDa (NUP35), mRNA [NM_138285]
Homo sapiens cannabinoid receptor interacting protein 1 (CNRIP1), transcript variant CRIP1b, mRNA
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 147 (C6orf147), non-coding RNA [NR_027005]
Homo sapiens uncharacterized LOC100289509 (LOC100289509), non-coding RNA [NR_045118]
Homo sapiens ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase L5 (UCHL5), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 2A (FAHD2A), mRNA [NM_016044]
Homo sapiens developmentally regulated GTP binding protein 1 (DRG1), mRNA [NM_004147]
Homo sapiens CD7 molecule (CD7), mRNA [NM_006137]
Homo sapiens programmed cell death 1 (PDCD1), mRNA [NM_005018]
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 3 (BTBD3), transcript variant 1, mRNA [NM_014962]

Homo sapiens dynein, axonemal, heavy chain 14 (DNAH14), transcript variant 2, mRNA [NM_00114]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily A, member 3 (DNAJA3), nuclear gene encoding mit
Homo sapiens WD repeat domain 73 (WDR73), mRNA [NM_032856]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 132 (C20orf132), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens CASK interacting protein 1 (CASKIN1), mRNA [NM_020764]
Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 12 (TNFSF12), transcript variant :
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L20 (MRPL20), nuclear gene encoding mitochondria
Q206M1_9ARAC (Q206M1) Major ampullate spidroin 2 (Fragment), partial (3%) [THC2756939]
Homo sapiens syntaxin 1A (brain) (STX1A), transcript variant 2, mRNA [NM_001165903]
Homo sapiens myocyte enhancer factor 2A (MEF2A), transcript variant 5, mRNA [NM_001171894]
Homo sapiens zinc finger protein 551 (ZNF551), mRNA [NM_138347]
Homo sapiens uncharacterized LOC399844 (FLJ45445), non-coding RNA [NR_028324]
Homo sapiens DEK oncogene (DEK), transcript variant 1, mRNA [NM_003472]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015964), lincRNA [TCONS_I2_00030952]
Homo sapiens unc-119 homolog B (C. elegans) (UNC119B), mRNA [NM_001080533]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L10 (MRPL10), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens Na⁺/K⁺ transporting ATPase interacting 3 (NKAIN3), mRNA [NM_173688]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC644277 (LOC644277), miscRNA [XR_110541]
Homo sapiens zinc finger protein 451 (ZNF451), transcript variant 2, mRNA [NM_015555]
Homo sapiens serine/threonine kinase 32B (STK32B), mRNA [NM_018401]
centriolin [Source:HGNC Symbol;Acc:1858] [ENST00000373847]
Homo sapiens leucine-rich PPR-motif containing (LRPPRC), mRNA [NM_133259]
Homo sapiens UBAC2 antisense RNA 1 (non-protein coding) (UBAC2-AS1), transcript variant 1, non-
PREDICTED: Homo sapiens putative uncharacterized protein FLJ44672-like (LOC100288292), miscRNA
Homo sapiens transcriptional regulating factor 1 (TRERF1), mRNA [NM_033502]

Homo sapiens methylthioribose-1-phosphate isomerase homolog (*S. cerevisiae*) (MRI1), transcript v
Homo sapiens mutL homolog 3 (*E. coli*) (MLH3), transcript variant 1, mRNA [NM_001040108]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 9-like (SAMD9L), mRNA [NM_152703]
Homo sapiens family with sequence similarity 22, member A (FAM22A), mRNA [NM_001099338]
Homo sapiens podoplanin (PDPN), transcript variant 2, mRNA [NM_198389]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 15 (TBC1D15), transcript variant 1, mRNA [NM_022771]
Homo sapiens telomerase RNA component (TERC), telomerase RNA [NR_001566]
BET3 like (*S. cerevisiae*) [Source:HGNC Symbol;Acc:21090] [ENST00000356128]
Homo sapiens CDK5 regulatory subunit associated protein 1-like 1 (CDKAL1), mRNA [NM_017774]
Homo sapiens bolA homolog 2B (*E. coli*) (BOLA2B), mRNA [NM_001039182]
Homo sapiens cullin-associated and neddylation-dissociated 2 (putative) (CAND2), transcript variant
Homo sapiens NTF2-like export factor 1 (NXT1), mRNA [NM_013248]
Homo sapiens spindlin 1 (SPIN1), mRNA [NM_006717]
Homo sapiens zinc finger protein 343 (ZNF343), mRNA [NM_024325]
Homo sapiens monoamine oxidase A (MAOA), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA
Homo sapiens inositol-trisphosphate 3-kinase A (ITPKA), mRNA [NM_002220]
Homo sapiens armadillo repeat containing, X-linked 6 (ARMCX6), transcript variant 3, mRNA [NM_0
Homo sapiens dishevelled, dsh homolog 1 (*Drosophila*) (DVL1), mRNA [NM_004421]
Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 19 (CEACAM19), transcript
Homo sapiens transmembrane protein 30A (TMEM30A), transcript variant 1, mRNA [NM_018247]
Homo sapiens transcription elongation factor A (SII)-like 2 (TCEAL2), mRNA [NM_080390]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4799398. [BC030111]
AGENCOURT_14534621 NIH_MGC_191 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:30418481 5', mRNA sequ
Homo sapiens retbindin (RTBDN), transcript variant 2, mRNA [NM_031429]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 48 (C6orf48), transcript variant 1, mRNA [NM_00

PREDICTED: Homo sapiens protein FAM27D1-like (LOC100131248), mRNA [XM_003120259]
Homo sapiens histone cluster 2, H2bf (HIST2H2BF), transcript variant 1, mRNA [NM_001024599]
Homo sapiens uridine monophosphate synthetase (UMPS), transcript variant 1, mRNA [NM_000373]
Homo sapiens uncharacterized LOC728323 (LOC728323), non-coding RNA [NR_024437]
Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 6 homolog (yeast) (TOMM6), nuclear g
Homo sapiens abhydrolase domain containing 11 (ABHD11), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 6 (Tre-2 oncogene) pseudogene (LOC220594), non-codin
Homo sapiens WD repeat domain 92 (WDR92), mRNA [NM_138458]
myelin protein zero-like 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:27279] [ENST00000278949]
Homo sapiens fumarylacetoacetate hydrolase domain containing 2A (FAHD2A), mRNA [NM_016044]
Homo sapiens AT rich interactive domain 5B (MRF1-like) (ARID5B), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens HOXA transcript antisense RNA, myeloid-specific 1 (non-protein coding) (HOTAIRM1)
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 51 (C11orf51), mRNA [NM_014042]
Homo sapiens ribosomal protein L23 (RPL23), mRNA [NM_000978]
Homo sapiens B9 protein domain 1 (B9D1), transcript variant 2, mRNA [NM_015681]
Homo sapiens interferon induced transmembrane protein 10 (IFITM10), mRNA [NM_001170820]
BC042500 zinc finger protein 678 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (33%) [THC2516708
Homo sapiens Vpr (HIV-1) binding protein (VPRBP), transcript variant 1, mRNA [NM_014703]

Homo sapiens transmembrane protein 53 (TMEM53), mRNA [NM_024587]
Homo sapiens androgen-induced 1 (AIG1), mRNA [NM_016108]
Homo sapiens TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, D, 41kDa (TAF1)
Homo sapiens B melanoma antigen family, member 4 (BAGE4), mRNA [NM_181704]
Homo sapiens methyltransferase like 15 (METTL15), transcript variant 1, mRNA [NM_001113528]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 87 (C17orf87), mRNA [NM_207103]
Homo sapiens TBCC domain containing 1 (TBCCD1), transcript variant 2, mRNA [NM_018138]
Homo sapiens TTC28 antisense RNA 1 (non-protein coding) (TTC28-AS1), transcript variant 2, non-coding RNA [NM_018138]
Homo sapiens interleukin 2 receptor, gamma (IL2RG), mRNA [NM_000206]
Homo sapiens cleavage stimulation factor, 3' pre-RNA, subunit 2, 64kDa (CSTF2), mRNA [NM_00132]
Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member C (GPCR5C), transcript variant 1, mRNA [NM_00132]
MOB1, Mps One Binder kinase activator-like 1B (yeast) [Source:HGNC Symbol;Acc:16015] [ENST00000258457]
Homo sapiens target of myb1 (chicken)-like 1 (TOM1L1), mRNA [NM_005486]
Homo sapiens RAS-like, family 10, member A (RASL10A), transcript variant 2, mRNA [NM_00100727]
chromosome 2 open reading frame 49 [Source:HGNC Symbol;Acc:28772] [ENST00000258457]
Homo sapiens proline-rich protein BstNI subfamily 3 (PRB3), mRNA [NM_006249]

Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide G (SNRPG), mRNA [NM_003096]
Q3T5P7_HORVD (Q3T5P7) HvCBF5, partial (10%) [THC2521292]
Homo sapiens chromosome 22 open reading frame 28 (C22orf28), mRNA [NM_014306]
Homo sapiens solute carrier family 22, member 15 (SLC22A15), mRNA [NM_018420]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 170 (C1orf170), non-coding RNA [NR_027693]
Homo sapiens KIAA1468 (KIAA1468), mRNA [NM_020854]
Homo sapiens solute carrier family 18 (vesicular monoamine), member 2 (SLC18A2), mRNA [NM_00111228]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006013), lincRNA [TCONS_I2_00011128]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 61 (LRRC61), transcript variant 1, mRNA [NM_0011429]
Homo sapiens mannosidase, beta A, lysosomal-like (MANBAL), transcript variant 1, mRNA [NM_020854]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L10 (MRPL10), nuclear gene encoding mitochondria

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004829), lincRNA [TCONS_00010341]
PREDICTED: Homo sapiens protein FRG1-like, transcript variant 1 (LOC100289097), mRNA [XM_00111228]
Homo sapiens endogenous Bornavirus-like nucleoprotein 2 pseudogene (LOC100506710), non-coding RNA [NR_027693]
zinc finger, CCHC domain containing 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:25817] [ENST00000375947]
Homo sapiens sex comb on midleg-like 2 (Drosophila) (SCML2), transcript variant 1, mRNA [NM_00111228]

Homo sapiens nitric oxide synthase 3 (endothelial cell) (NOS3), transcript variant 1, mRNA [NM_00111228]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase (cyclophilin)-like 1 (PPIL1), mRNA [NM_016059]
Homo sapiens uncharacterized LOC100289019 (LOC100289019), non-coding RNA [NR_033374]
Homo sapiens nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 9 (NUDT9), nuclear gene encoding zinc finger protein 730 [Source:HGNC Symbol;Acc:32470] [ENST00000327867]
Homo sapiens olfactory receptor, family 10, subfamily Z, member 1 (OR10Z1), mRNA [NM_0010044]
Homo sapiens tripartite motif containing 62 (TRIM62), mRNA [NM_018207]
Homo sapiens peroxisome proliferator-activated receptor delta (PPARD), transcript variant 1, mRNA [NM_00111228]

Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
Homo sapiens uncharacterized LOC285419 (LOC285419), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010636), lincRNA [TCONS_I2_00020480]
Homo sapiens CDK5 regulatory subunit associated protein 1 (CDK5RAP1), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens cDNA FLJ45753 fis, clone LYMPB2002478. [AK127655]

Homo sapiens activin A receptor, type I (ACVR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001105]
Homo sapiens BSD domain containing 1 (BSDC1), transcript variant 2, mRNA [NM_018045]
Homo sapiens organic solute carrier partner 1 (OSCP1), transcript variant 1, mRNA [NM_145047]
Homo sapiens uncharacterized protein BC001742 (LOC90834), non-coding RNA [NR_026993]
Homo sapiens solute carrier family 16, member 7 (monocarboxylic acid transporter 2) (SLC16A7), m
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 5 epsilon, 82kDa (EIF2B5), mRNA [
Homo sapiens HD domain containing 2 (HDCC2), mRNA [NM_016063]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012097), lincRNA [TCONS_00025825]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007254), lincRNA [TCONS_00015544]
Homo sapiens ermin, ERM-like protein (ERMN), transcript variant 2, mRNA [NM_020711]
Homo sapiens IKAROS family zinc finger 4 (Eos) (IKZF4), mRNA [NM_022465]
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1-like 1 (EPB41L1), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 55 (C8orf55), mRNA [NM_016647]
602861964F1 NIH_MGC_17 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5021414 5', mRNA sequence [BI1145
Homo sapiens AT-hook transcription factor (AKNA), mRNA [NM_030767]
Homo sapiens miR-17-92 cluster host gene (non-protein coding) (MIR17HG), non-coding RNA [NR_C
Homo sapiens cDNA FLJ46317 fis, clone TESTI4041832. [AK128830]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp547L112 (from clone DKFZp547L112). [AL512723]
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 6 (KCNA6), mRN
Homo sapiens uncharacterized LOC100652791 (LOC100652791), non-coding RNA [NR_045217]
Homo sapiens caveolin 2 (CAV2), transcript variant 1, mRNA [NM_001233]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131551 (LOC100131551), non-coding RNA [NR_024480]
Homo sapiens CDC28 protein kinase regulatory subunit 1B (CKS1B), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens testis-specific kinase 2 (TESK2), mRNA [NM_007170]
Homo sapiens protein kinase, AMP-activated, alpha 1 catalytic subunit (PRKAA1), transcript variant
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014288), lincRNA [TCONS_00029850]
junctophilin 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:14203] [ENST00000301008]
Homo sapiens formiminotransferase cyclodeaminase (FTCD), transcript variant A, mRNA [NM_2069
Homo sapiens pinin, desmosome associated protein (PNN), mRNA [NM_002687]
Homo sapiens tyrosyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (YARS2), nuclear gene encoding mitochond
Homo sapiens CD2 molecule (CD2), mRNA [NM_001767]
Homo sapiens family with sequence similarity 168, member B (FAM168B), mRNA [NM_001009993]
Homo sapiens TRAF3 interacting protein 3 (TRAF3IP3), mRNA [NM_025228]
Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 3 (CHCHD3), mRNA [NM_017812
Homo sapiens DDHD domain containing 2 (DDHD2), transcript variant 3, mRNA [NM_001164234]
Homo sapiens gephyrin (GPHN), transcript variant 1, mRNA [NM_020806]
Homo sapiens mitochondrial fission process 1 (MTFP1), nuclear gene encoding mitochondrial protei
Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase

Homo sapiens defective in sister chromatid cohesion 1 homolog (*S. cerevisiae*) (DSCC1), mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens prohibitin 2 (PHB2), transcript variant 2, mRNA [NM_007273]

Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA [NM_001402]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652947 (LOC100652947), miscRNA [XR_132887]

Homo sapiens mediator complex subunit 22 (MED22), transcript variant b, mRNA [NM_133640]

Homo sapiens splicing factor 3b, subunit 3, 130kDa (SF3B3), mRNA [NM_012426]

Homo sapiens transglutaminase 2 (C polypeptide, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM2), mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 14 (ZC3H14), transcript variant 1, mRNA [NM_024814]

Homo sapiens inositol(myo)-1(or 4)-monophosphatase 2 (IMPA2), mRNA [NM_014214]

Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 3 (PSMB3), mRNA [NM_002795]

Homo sapiens solute carrier family 38, member 1 (SLC38A1), transcript variant 1, mRNA [NM_030614]

Homo sapiens adenylate kinase 2 (AK2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 7 (ABCA7), mRNA [NM_019112]

Homo sapiens NudC domain containing 2 (NUDCD2), mRNA [NM_145266]

Homo sapiens ribosomal protein L18 (RPL18), mRNA [NM_000979]

Homo sapiens transmembrane protein 39A (TMEM39A), mRNA [NM_018266]

Homo sapiens tight junction protein 3 (zona occludens 3) (TJP3), mRNA [NM_014428]

Homo sapiens uncharacterized protein DKFZP434I0714 (DKFZP434I0714), non-coding RNA [NR_033001]

Homo sapiens exocyst complex component 6 (EXOC6), transcript variant 1, mRNA [NM_019053]

Homo sapiens cDNA FLJ43591 fis, clone SMINT2002743. [AK125579]

Homo sapiens cytoplasmic linker associated protein 1 (CLASP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008003), lincRNA [TCONS_00016991]

Homo sapiens PYD and CARD domain containing (PYCARD), transcript variant 1, mRNA [NM_013258]

ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (14%) [THC2]

Homo sapiens jagunal homolog 1 (*Drosophila*) (JAGN1), mRNA [NM_032492]

Homo sapiens scavenger receptor cysteine rich domain containing (5 domains) (SSC5D), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens Tctex1 domain containing 2 (TCTEX1D2), mRNA [NM_152773]

Homo sapiens high mobility group nucleosomal binding domain 2 (HMGN2), mRNA [NM_005517]

Homo sapiens CAS1 domain containing 1 (CASD1), mRNA [NM_022900]

Kruppel-like factor 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:2235] [ENST00000469435]

Homo sapiens uncharacterized LOC100127888 (LOC100127888), non-coding RNA [NR_024470]

Homo sapiens cyclin-dependent kinase 2 associated protein 1 (CDK2AP1), mRNA [NM_004642]

Homo sapiens eosinophil peroxidase (EPX), mRNA [NM_000502]

Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2R 2 (UBE2R2), mRNA [NM_017811]

Homo sapiens kinesin family member 1B (KIF1B), transcript variant 1, mRNA [NM_015074]

Homo sapiens zinc finger protein 157 (ZNF157), mRNA [NM_003446]

Homo sapiens EF-hand calcium binding domain 5 (EFCAB5), transcript variant 2, mRNA [NM_001144]

Homo sapiens cDNA FLJ35432 fis, clone SMINT2002311. [AK092751]

Homo sapiens translin-associated factor X (TSNAX), mRNA [NM_005999]

Homo sapiens threonine synthase-like 1 (*S. cerevisiae*) (THNSL1), mRNA [NM_024838]

Homo sapiens mastermind-like 3 (*Drosophila*) (MAML3), mRNA [NM_018717]

Homo sapiens suppressor of variegation 3-9 homolog 2 (Drosophila) (SUV39H2), transcript variant 3
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 106 (C6orf106), transcript variant 1, mRNA [NM_001003330]
Homo sapiens thioredoxin reductase 1 (TXNRD1), transcript variant 1, mRNA [NM_000333]
Homo sapiens hemoglobin, mu (HBM), mRNA [NM_001003938]
Homo sapiens polyamine oxidase (exo-N4-amino) (PAOX), transcript variant 5, mRNA [NM_207128]
Homo sapiens E2F transcription factor 3 (E2F3), transcript variant 1, mRNA [NM_001949]
Homo sapiens MUS81 endonuclease homolog (*S. cerevisiae*) (MUS81), mRNA [NM_025128]
Homo sapiens uncharacterized LOC100526771 (LOC100526771), non-coding RNA [NR_038318]

Homo sapiens serum response factor binding protein 1 (SRFBP1), mRNA [NM_152546]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 3 (ABCA3), mRNA [NM_001089]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505687 (LOC100505687), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_040084]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 11 (PTPN11), mRNA [NM_002834]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 1 (alpha) (PIK3R1), transcript variant 1
Homo sapiens glutathione S-transferase kappa 1 (GSTK1), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens cyclin N-terminal domain containing 1 (CNTD1), mRNA [NM_173478]
Homo sapiens cat eye syndrome chromosome region, candidate 1 (CECR1), transcript variant 2, mRNA [NM_001003328]
Homo sapiens uncharacterized LOC100133286 (LOC100133286), non-coding RNA [NR_040084]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 426 (LINC00426), non-coding RNA [NR_024426]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 78 (CCDC78), mRNA [NM_001031737]
Homo sapiens prenyl (decaprenyl) diphosphate synthase, subunit 2 (PDSS2), mRNA [NM_020381]
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 8 pseudogene 4 (GEMIN8P4), non-coding RNA [NR_040084]
Homo sapiens sel-1 suppressor of lin-12-like (*C. elegans*) (SEL1L), transcript variant 1, mRNA [NM_001003408]
Homo sapiens actin binding LIM protein 1 (ABLIM1), transcript variant 3, mRNA [NM_001003408]
PREDICTED: Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 67 (C19orf67), mRNA [XM_003403700]
Homo sapiens zinc finger protein 33A (ZNF33A), transcript variant 2, mRNA [NM_006974]
Homo sapiens phosphatase and tensin homolog (PTEN), mRNA [NM_000314]
Homo sapiens tripartite motif containing 34 (TRIM34), transcript variant 4, mRNA [NM_001003827]
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 12 (HSD17B12), mRNA [NM_016142]
Homo sapiens BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3 (BRCC3), transcript variant 1, mRNA [NM_001003827]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506252 (LOC100506252), miscRNA [XR_109392]
Q70WD9_HUMAN (Q70WD9) Maab3 protein (Fragment), partial (9%) [THC2535972]
Homo sapiens keratin associated protein 1-3 (KRTAP1-3), mRNA [NM_030966]
Homo sapiens KTI12 homolog, chromatin associated (*S. cerevisiae*) (KTI12), mRNA [NM_138417]
Homo sapiens KIAA1671 (KIAA1671), mRNA [NM_001145206]
transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:17918]
Homo sapiens microtubule-associated protein 1 light chain 3 beta (MAP1LC3B), mRNA [NM_022818]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family J member 1 (PLEKHJ1), mRNA [NM_001003328]
Homo sapiens COX4 neighbor (COX4NB), transcript variant 1, mRNA [NM_006067]
Homo sapiens nuclear undecaprenyl pyrophosphate synthase 1 homolog (*S. cerevisiae*) (NUS1), mRNA [NM_001003328]
Q5TBT5_HUMAN (Q5TBT5) OTTHUMP00000018489 (Fragment), partial (22%) [THC2787468]
Homo sapiens pentraxin 3, long (PTX3), mRNA [NM_002852]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 (HNRNPA1), transcript variant 2, mRNA [NM_001003328]
Homo sapiens frizzled-related protein (FRZB), mRNA [NM_001463]

Homo sapiens protein phosphatase 1, catalytic subunit, alpha isozyme (PPP1CA), transcript variant :
Homo sapiens peroxisomal biogenesis factor 7 (PEX7), mRNA [NM_000288]
diacylglycerol kinase, alpha 80kDa [Source:HGNC Symbol;Acc:2849] [ENST00000546995]
Homo sapiens cDNA FLJ16303 fis, clone PROST2019487. [AK131315]
Homo sapiens nucleolar protein 11 (NOL11), mRNA [NM_015462]
Homo sapiens centromere protein H (CENPH), mRNA [NM_022909]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 182 (GPR182), mRNA [NM_007264]
Homo sapiens family with sequence similarity 166, member A (FAM166A), mRNA [NM_001001710]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014172), lincRNA [TCONS_00029528]
Q2JG47_FRASC (Q2JG47) Methyltransferase type 11, partial (6%) [THC2566648]
Homo sapiens docking protein 7 (DOK7), transcript variant 1, mRNA [NM_173660]
Q8IVL5_HUMAN (Q8IVL5) Leprecan-like 1 protein, partial (3%) [THC2668129]

Homo sapiens MyoD family inhibitor (MDFI), mRNA [NM_005586]
mucin 3A, cell surface associated [Source:HGNC Symbol;Acc:7513] [ENST00000483366]
DB455945 RIKEN full-length enriched human cDNA library, testis Homo sapiens cDNA clone H01307
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012505), lincRNA [TCONS_00025232]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013684), lincRNA [TCONS_00028018]
Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, delta 2 (Grid2) interacting protein (GRID2IP), mRNA [
Homo sapiens Rieske (Fe-S) domain containing (RFESD), transcript variant 2, mRNA [NM_173362]
Homo sapiens heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class B member 2, pseudogene (HSP90AB
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401264 (FLJ37798), miscRNA [XR_108662]
Homo sapiens CCCTC-binding factor (zinc finger protein) (CTCF), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens lymphocyte antigen 96 (LY96), transcript variant 1, mRNA [NM_015364]
Homo sapiens H2B histone family, member X, pseudogene (H2BFXP), non-coding RNA [NR_003238]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507645, transcript variant 2 (LOC100507645), miscF
Homo sapiens uncharacterized LOC100507351 (LOC100507351), non-coding RNA [NR_040050]
Homo sapiens cytokine receptor-like factor 3 (CRLF3), mRNA [NM_015986]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 40 (C19orf40), mRNA [NM_152266]
Homo sapiens BRCA2 and CDKN1A interacting protein (BCCIP), transcript variant B, mRNA [NM_078
Homo sapiens transcription factor Dp-2 (E2F dimerization partner 2) (TFDP2), transcript variant 1, r
Homo sapiens inositol(myo)-1(or 4)-monophosphatase 2 (IMPA2), mRNA [NM_014214]
Homo sapiens DIS3 mitotic control homolog (S. cerevisiae)-like 2 (DIS3L2), mRNA [NM_152383]
Homo sapiens TAR DNA binding protein (TARDBP), mRNA [NM_007375]
Homo sapiens tudor and KH domain containing (TDRKH), transcript variant 3, mRNA [NM_006862]
Homo sapiens colony stimulating factor 2 receptor, beta, low-affinity (granulocyte-macrophage) (CS
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005811), lincRNA [TCONS_00012260]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 118 (C14orf118), transcript variant 2, mRNA [NI
Homo sapiens ribosomal protein S23 (RPS23), mRNA [NM_001025]
Homo sapiens protease, serine, 57 (PRSS57), mRNA [NM_214710]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 12 (CXCL12), transcript variant 3, mRNA [NM_001033
Homo sapiens CDC14 cell division cycle 14 homolog C (S. cerevisiae) (CDC14C), non-coding RNA [NR
Homo sapiens mucin 6, oligomeric mucus/gel-forming (MUC6), mRNA [NM_005961]
Homo sapiens lysozyme G-like 1 (LYG1), mRNA [NM_174898]

Homo sapiens mediator complex subunit 24 (MED24), transcript variant 1, mRNA [NM_014815]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 1 (C14orf1), mRNA [NM_007176]
Homo sapiens adenosine kinase (ADK), transcript variant 1, mRNA [NM_001123]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 4A (DENND4A), transcript variant 1, mRNA [NM_001123]
PREDICTED: Homo sapiens beta-gamma crystallin domain containing 3 (CRYBG3), mRNA [XM_003112]
Homo sapiens nucleolin (NCL), mRNA [NM_005381]
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 27 (C4orf27), mRNA [NM_017867]
Homo sapiens tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, theta p
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005957), lincRNA [TCONS_00013289]
Homo sapiens suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein) (ST13)
Homo sapiens trans-2,3-enoyl-CoA reductase (TECR), transcript variant 1, mRNA [NM_138501]
Homo sapiens cofilin 1 (non-muscle) (CFL1), mRNA [NM_005507]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004366), lincRNA [TCONS_00009945]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 105 (C17orf105), mRNA [NM_001136483]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012857), lincRNA [TCONS_00026722]
Homo sapiens interleukin 18 receptor accessory protein (IL18RAP), mRNA [NM_003853]
Homo sapiens MAD2 mitotic arrest deficient-like 1 (yeast) (MAD2L1), mRNA [NM_002358]
Homo sapiens cartilage acidic protein 1 (CRTAC1), transcript variant 1, mRNA [NM_018058]
Homo sapiens gastrin (GAST), mRNA [NM_000805]
Homo sapiens zinc finger protein 732 (ZNF732), mRNA [NM_001137608]
Homo sapiens chromosome X open reading frame 56 (CXorf56), transcript variant 1, mRNA [NM_001137608]
Homo sapiens chimerin (chimaerin) 2 (CHN2), transcript variant 2, mRNA [NM_004067]
Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like (MTHFD1L), nu
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) activator subunit 4 (PSME4), mRNA [NM_014614]
Homo sapiens torsin family 2, member A (TOR2A), transcript variant 3, mRNA [NM_001134430]
Homo sapiens praja ring finger 1 (PJA1), transcript variant 1, mRNA [NM_145119]
Homo sapiens zinc finger protein 800 (ZNF800), mRNA [NM_176814]
Homo sapiens basic helix-loop-helix family, member e23 (BHLHE23), mRNA [NM_080606]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007835), lincRNA [TCONS_I2_00015638]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009122), lincRNA [TCONS_00019294]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015529), lincRNA [TCONS_I2_00030216]
yb85d04.s1 Stratagene liver (#937224) Homo sapiens cDNA clone IMAGE:77959 3' similar to similar
Homo sapiens uncharacterized LOC100128593 (LOC100128593), non-coding RNA [NR_033913]
Homo sapiens proline-rich coiled-coil 2B (PRRC2B), mRNA [NM_013318]
Homo sapiens uncharacterized LOC113230 (LOC113230), non-coding RNA [NR_024282]
Homo sapiens interleukin 27 receptor, alpha (IL27RA), mRNA [NM_004843]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 49 (C7orf49), transcript variant 1, mRNA [NM_001137608]
Homo sapiens WAS protein family, member 1 (WASF1), transcript variant 1, mRNA [NM_003931]
Homo sapiens replication factor C (activator 1) 5, 36.5kDa (RFC5), transcript variant 2, mRNA [NM_001137608]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC285286 (LOC285286), miscRNA [XR_109995]
Homo sapiens branched chain keto acid dehydrogenase E1, beta polypeptide (BCKDHB), nuclear ger
Homo sapiens syntaxin 16 (STX16), transcript variant 1, mRNA [NM_001001433]
Homo sapiens ribosomal protein L7a (RPL7A), mRNA [NM_000972]
Homo sapiens calnexin (CANX), transcript variant 1, mRNA [NM_001746]

Homo sapiens uncharacterized LOC256880 (LOC256880), non-coding RNA [NR_002799]
Q2L9X0_CERAE (Q2L9X0) Laminin receptor 1, partial (81%) [THC2530888]
Homo sapiens forkhead box K1 (FO XK1), mRNA [NM_001037165]
Homo sapiens v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 1 (avian) (ETS1), transcript variant
Homo sapiens Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1-like 1 (WHSC1L1), transcript variant long, mR
Homo sapiens trinucleotide repeat containing 18 (TNRC18), mRNA [NM_001080495]
Homo sapiens pim-2 oncogene (PIM2), mRNA [NM_006875]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 159 (C1orf159), mRNA [NM_017891]
Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein (PDE4DIP), transcript variant 9, mRNA [NM
Homo sapiens membrane-bound transcription factor peptidase, site 2 (MBTPS2), mRNA [NM_0158
Homo sapiens fidgetin-like 2 (FIGNL2), mRNA [NM_001013690]
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens ribosomal protein L13 pseudogene 5 (RPL13P5), non-coding RNA [NR_002803]
Homo sapiens CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) small phosphatase

Homo sapiens hepatitis A virus cellular receptor 2 (HAVCR2), mRNA [NM_032782]
Homo sapiens acyl-CoA oxidase 3, pristanoyl (ACOX3), transcript variant 1, mRNA [NM_003501]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_009524), lincRNA [TCONS_00019731]
Homo sapiens striatin, calmodulin binding protein (STRN), mRNA [NM_003162]
Homo sapiens kinesin family member 23 (KIF23), transcript variant 1, mRNA [NM_138555]
Homo sapiens zinc finger protein 493 (ZNF493), transcript variant 3, mRNA [NM_001076678]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010931), lincRNA [TCONS_00022629]
Homo sapiens zinc finger protein 468 (ZNF468), transcript variant 1, mRNA [NM_199132]
Homo sapiens torsin A interacting protein 1 (TOR1AIP1), mRNA [NM_015602]
Homo sapiens family with sequence similarity 57, member B (FAM57B), mRNA [NM_031478]
Homo sapiens peptidase (mitochondrial processing) alpha (PMPCA), nuclear gene encoding mitoch
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506995 (LOC100506995), miscRNA [XR_108482]
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens polymerase (RNA) I polypeptide D, 16kDa (POLR1D), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens UNC homeobox (UNCX), mRNA [NM_001080461]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A9, pseudogene (ANKRD20A9P), non-codi
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S18B (MRPS18B), nuclear gene encoding mitochond
Homo sapiens uncharacterized LOC100506930 (LOC100506930), transcript variant 2, non-coding RN
Homo sapiens KIAA1430 (KIAA1430), mRNA [NM_020827]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DO alpha (HLA-DOA), mRNA [NM_002119]
Homo sapiens paxillin (PXN), transcript variant 1, mRNA [NM_002859]
potassium voltage-gated channel, Shal-related subfamily, member 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:623
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003386), lincRNA [TCONS_00007330]
Homo sapiens transmembrane protein 101 (TMEM101), mRNA [NM_032376]

Homo sapiens tripartite motif containing 27 (TRIM27), mRNA [NM_006510]
Homo sapiens transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-gluta

WW and C2 domain containing 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:24148] [ENST00000378925]

Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 10 (PARP10), mRNA [NM_032789]

Homo sapiens prostaglandin reductase 2 (PTGR2), transcript variant 1, mRNA [NM_152444]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_000480), lincRNA [TCONS_00000059]

Homo sapiens unc-93 homolog B1 (C. elegans) (UNC93B1), mRNA [NM_030930]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004677), lincRNA [TCONS_00010209]

pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) kinase [Source:HGNC Symbol;Acc:8819] [ENST00000476313]

Homo sapiens activating transcription factor 7 interacting protein (ATF7IP), mRNA [NM_018179]

Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase 2 (PARP2), transcript variant 1, mRNA [NM_005484]

Synthetic construct Homo sapiens gateway clone IMAGE:100021072 3' read RPS3A mRNA. [CU6881]

Homo sapiens dystrobrevin binding protein 1 (DTNBP1), transcript variant 2, mRNA [NM_183040]

Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 10 (C18orf10), mRNA [NM_015476]

Homo sapiens DNA-damage-inducible transcript 3 (DDIT3), transcript variant 5, mRNA [NM_004083]

Homo sapiens FUN14 domain containing 1 (FUNDC1), mRNA [NM_173794]

Homo sapiens ribosomal protein L14 (RPL14), transcript variant 1, mRNA [NM_001034996]

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 8 (ABCB8), nuclear gene enc

Homo sapiens echinoderm microtubule associated protein like 5 (EML5), mRNA [NM_183387]

Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, R (PTPRR), transcript variant 1, mRNA [I

HUMVWFAA von Willebrand factor {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (33%) [THC25100

Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 8 (IGSF8), transcript variant 1, mRNA [NM_05:

Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-As) box polypeptide 19A (DDX19A), mRNA [NM_018332]

Homo sapiens mucin 20, cell surface associated (MUC20), transcript variant S, mRNA [NM_0010985

17000600253033 GRN_PREHEP Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [CN294843]

Homo sapiens zinc finger protein 876, pseudogene (ZNF876P), non-coding RNA [NR_027481]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004415), lincRNA [TCONS_00009989]

Homo sapiens protein regulator of cytokinesis 1 (PRC1), transcript variant 1, mRNA [NM_003981]

Homo sapiens cell division cycle 20 homolog (S. cerevisiae) (CDC20), mRNA [NM_001255]

Homo sapiens dihydrouridine synthase 2-like, SMM1 homolog (S. cerevisiae) (DUS2L), mRNA [NM_(

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015418), lincRNA [TCONS_I2_00029647]

Homo sapiens PHD finger protein 20-like 1 (PHF20L1), transcript variant 3, mRNA [NM_198513]

Homo sapiens integrin, alpha E (antigen CD103, human mucosal lymphocyte antigen 1; alpha polyp

Homo sapiens uncharacterized LOC728012 (LOC728012), non-coding RNA [NR_038384]

Homo sapiens F-box protein 22 (FBXO22), transcript variant 2, mRNA [NM_012170]

Homo sapiens phospholipid scramblase 4 (PLSCR4), transcript variant 2, mRNA [NM_020353]

Homo sapiens tetraspanin 14 (TSPAN14), transcript variant 1, mRNA [NM_030927]

Homo sapiens laminin, alpha 4 (LAMA4), transcript variant 1, mRNA [NM_001105206]

Homo sapiens hect domain and RLD 6 (HERC6), transcript variant 2, mRNA [NM_001165136]

602317590F1 NIH_MGC_88 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4417870 5', mRNA sequence [BG116

Homo sapiens RasGEF domain family, member 1A (RASGEF1A), mRNA [NM_145313]

Homo sapiens NLR family member X1 (NLRX1), transcript variant 2, mRNA [NM_170722]

Homo sapiens leucine rich repeat containing 37B (LRRC37B), mRNA [NM_052888]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens uncharacterized LOC642852 (LOC642852), non-coding RNA [NR_026943]
Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), mRNA [NM_001145191]
Homo sapiens family with sequence similarity 200, member B (FAM200B), mRNA [NM_001145191]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 27 (C5orf27), non-coding RNA [NR_026936]
Homo sapiens bromodomain adjacent to zinc finger domain, 2A (BAZ2A), mRNA [NM_013449]
Homo sapiens Rab acceptor 1 (prenylated) (RABAC1), mRNA [NM_006423]
Homo sapiens myotubularin related protein 10 (MTMR10), mRNA [NM_017762]
Homo sapiens tryptase delta 1 (TPSD1), mRNA [NM_012217]
Homo sapiens peptidyl-tRNA hydrolase domain containing 1 (PTRHD1), mRNA [NM_001013663]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 68 (GPR68), transcript variant 2, mRNA [NM_003485]
Homo sapiens solute carrier family 30 (zinc transporter), member 6 (SLC30A6), transcript variant 2, PREDICTED: Homo sapiens apolipoproteins-like (LOC388210), mRNA [XM_001716361]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505634 (LOC100505634), miscRNA [XR_109905]
Homo sapiens CDKN2A interacting protein N-terminal like (CDKN2AIPNL), mRNA [NM_080656]
Homo sapiens flavin containing monooxygenase 5 (FMO5), transcript variant 2, mRNA [NM_001144]
Homo sapiens AT rich interactive domain 5A (MRF1-like) (ARID5A), mRNA [NM_212481]
Homo sapiens glutamine rich 2 (QRICH2), mRNA [NM_032134]
Q58MP6_9CAUD (Q58MP6) Dioxygenase, partial (8%) [THC2619587]
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 23 homolog (yeast) (TIMM23), nuclear DNA [NM_001243079]
Homo sapiens polo-like kinase 5 (PLK5), mRNA [NM_001243079]
Homo sapiens transmembrane protein 115 (TMEM115), mRNA [NM_007024]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652838 (LOC100652838), miscRNA [XR_132689]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC728054 (LOC728054), miscRNA [XR_132623]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit K (EIF3K), mRNA [NM_013234]
Homo sapiens uncharacterized protein LOC100287482 (LOC100287482), mRNA [NM_001195243]
Homo sapiens RAS-like, family 11, member B (RASL11B), mRNA [NM_023940]
Homo sapiens tenascin XB (TNXB), transcript variant XB-S, mRNA [NM_032470]
Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 16 (CXCL16), transcript variant 1, mRNA [NM_022059]
Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kazal type 14 (putative) (SPINK14), mRNA [NM_00100132]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000585), lincRNA [TCONS_00001304]
Homo sapiens disrupted in renal carcinoma 1 (DIRC1), mRNA [NM_052952]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 6 (DCAF6), transcript variant 1, mRNA [NM_018442]

early B-cell factor 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:19087] [ENST00000440978]
Homo sapiens eukaryotic translation termination factor 1 (ETF1), mRNA [NM_004730]
Homo sapiens early B-cell factor 3 (EBF3), mRNA [NM_001005463]
RC2-BT0841-021000-012-c08 BT0841 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BF742660]
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 33 (C4orf33), transcript variant 1, mRNA [NM_17174123]
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 63 (C18orf63), mRNA [NM_001174123]

Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:681] [ENST0000031607]
ribosomal protein L36a [Source:HGNC Symbol;Acc:10359] [ENST00000392994]

Homo sapiens ariadne homolog, ubiquitin-conjugating enzyme E2 binding protein, 1 (Drosophila) (A
Homo sapiens sterol regulatory element binding transcription factor 1 (SREBF1), transcript variant 1
Homo sapiens Ras suppressor protein 1 (RSU1), transcript variant 1, mRNA [NM_012425]
Homo sapiens homeobox A11 (HOXA11), mRNA [NM_005523]
Homo sapiens WD repeat containing, antisense to TP53 (WRAP53), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens pituitary tumor-transforming 1 interacting protein (PTTG1IP), mRNA [NM_004339]
Homo sapiens clusterin associated protein 1 (CLUAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_015041]
Homo sapiens methylmalonic aciduria (cobalamin deficiency) cblC type, with homocystinuria (MMA
Homo sapiens methyltransferase like 21A (METTL21A), transcript variant 1, mRNA [NM_145280]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 26 (PPP1R26), mRNA [NM_014811]
Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALA
Homo sapiens replication factor C (activator 1) 1, 145kDa (RFC1), transcript variant 1, mRNA [NM_0
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506312 (LOC100506312), miscRNA [XR_108794]
Homo sapiens cholinergic receptor, muscarinic 2 (CHRM2), transcript variant 1, mRNA [NM_001006

Homo sapiens atlastin GTPase 2 (ATL2), transcript variant 1, mRNA [NM_022374]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 74 (C2orf74), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens transmembrane protein 136 (TMEM136), transcript variant 2, mRNA [NM_174926]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 228 (C6orf228), mRNA [NM_001135575]
Homo sapiens chloride channel 5 (CLCN5), transcript variant 1, mRNA [NM_001127899]
Homo sapiens hypothetical protein LOC283868, mRNA (cDNA clone IMAGE:5089285), partial cds. [E

Homo sapiens uncharacterized LOC197187 (MGC23284), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_
HUMRPS7A ribosomal protein {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (65%) [THC2633659]
BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:24185] [ENST00000399026
Homo sapiens apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3G (APOBEC3G), n
Homo sapiens ribosomal protein S28 (RPS28), mRNA [NM_001031]
Homo sapiens sirtuin 5 (SIRT5), transcript variant 2, mRNA [NM_031244]
Homo sapiens fragile X mental retardation, autosomal homolog 1 (FXR1), transcript variant 3, mRNA/
Homo sapiens zinc finger protein 629 (ZNF629), mRNA [NM_001080417]
Homo sapiens carbohydrate sulfotransferase 10 (CHST10), mRNA [NM_004854]
Homo sapiens kinesin family member 11 (KIF11), mRNA [NM_004523]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000889), lincRNA [TCONS_00001546]

Homo sapiens arginine vasopressin-induced 1 (AVPI1), mRNA [NM_021732]
Homo sapiens uncharacterized protein LOC643669 (LOC643669), mRNA [NM_001243212]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 40 (C7orf40), non-coding RNA [NR_003697]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase domain 1, pseudogene (ADAM1), non-coding RNA [NR_0366

Homo sapiens septin 14 (SEPT14), mRNA [NM_207366]
Homo sapiens origin recognition complex, subunit 6 (ORC6), transcript variant 1, mRNA [NM_01432
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 74 (C11orf74), mRNA [NM_138787]
Homo sapiens ribosomal protein S15a (RPS15A), transcript variant 2, mRNA [NM_001019]
Homo sapiens apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3B (APOBEC3B), m

netrin G2 [Source:HGNC Symbol;Acc:14288] [ENST00000372179]
Homo sapiens family with sequence similarity 153, member B (FAM153B), mRNA [NM_001079529]
Homo sapiens quinone oxidoreductase-like protein 2 pseudogene (LOC730102), non-coding RNA [N
Homo sapiens apolipoprotein L, 6 (APOL6), mRNA [NM_030641]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase-like 4 (CDKL4), mRNA [NM_001009565]
Homo sapiens tyrosyl-DNA phosphodiesterase 1 (TDP1), transcript variant 1, mRNA [NM_018319]
folliculin [Source:HGNC Symbol;Acc:27310] [ENST00000389168]
Homo sapiens zinc finger with KRAB and SCAN domains 2 (ZKSCAN2), mRNA [NM_001012981]
InaD-like (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:28881] [ENST00000459752]
DB517619 RIKEN full-length enriched human cDNA library, testis Homo sapiens cDNA clone H01305
Homo sapiens signal recognition particle receptor, B subunit (SRPRB), mRNA [NM_021203]
Homo sapiens spindle assembly 6 homolog (C. elegans) (SASS6), mRNA [NM_194292]
Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 18 (PPP1R18), transcript variant 1, mRNA |
Homo sapiens membrane associated guanylate kinase, WW and PDZ domain containing 3 (MAGI3),
Homo sapiens reticulon 4 interacting protein 1 (RTN4IP1), nuclear gene encoding mitochondrial pro
Q6PFN6_BRARE (Q6PFN6) Cirbp protein, partial (18%) [THC2604998]
Homo sapiens THO complex 2 (THOC2), mRNA [NM_001081550]
zinc finger protein 550 [Source:HGNC Symbol;Acc:28643] [ENST00000447310]
Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 7 (CNOT7), transcript variant 1, mRNA [NM
HCG1980662Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q86VH3] [ENST00000446344
Homo sapiens excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation gro
Homo sapiens HOXB13 antisense RNA 1 (non-protein coding) (HOXB13-AS1), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 107 (C10orf107), mRNA [NM_173554]
Homo sapiens caudal type homeobox 1 (CDX1), mRNA [NM_001804]
Homo sapiens transducer of ERBB2, 2 pseudogene 1 (TOB2P1), non-coding RNA [NR_002936]
full-length cDNA clone CS0DD005YE10 of Neuroblastoma Cot 50-normalized of Homo sapiens (hum:

Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 61 (C16orf61), mRNA [NM_020188]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 141 (C20orf141), mRNA [NM_080739]
Homo sapiens zinc finger protein 75D (ZNF75D), transcript variant 1, mRNA [NM_007131]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 30A (ANKRD30A), mRNA [NM_052997]
Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens general transcription factor IIA, 1, 19/37kDa (GTF2A1), transcript variant 1, mRNA [N
Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003668), lincRNA [TCONS_00008877]
Homo sapiens CENPB DNA-binding domains containing 1 (CENPBD1), mRNA [NM_145039]
Homo sapiens suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein) (ST13
Homo sapiens F-box protein 5 (FBXO5), transcript variant 2, mRNA [NM_001142522]
Homo sapiens golgin B1 (GOLGB1), mRNA [NM_004487]
solute carrier family 38, member 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:13447] [ENST00000550173]
Homo sapiens fructosamine 3 kinase related protein (FN3KRP), mRNA [NM_024619]
Homo sapiens DiGeorge syndrome critical region gene 6-like (DGCR6L), mRNA [NM_033257]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014369), lincRNA [TCONS_00029904]
Homo sapiens N(alpha)-acetyltransferase 60, NatF catalytic subunit (NAA60), transcript variant 1, m

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015907), lincRNA [TCONS_I2_00030913]
Homo sapiens biorientation of chromosomes in cell division 1 (BOD1), transcript variant 1, mRNA [NM_000987]
Homo sapiens ribosomal protein L26 (RPL26), mRNA [NM_000987]
Homo sapiens GM2 ganglioside activator (GM2A), transcript variant 1, mRNA [NM_000405]
Homo sapiens laminin, beta 2 (laminin S) (LAMB2), mRNA [NM_002292]
Homo sapiens uncharacterized LOC400657 (LOC400657), non-coding RNA [NR_024484]
Homo sapiens fibroblast growth factor binding protein 2 (FGFBP2), mRNA [NM_031950]
Homo sapiens MYCN opposite strand/antisense RNA (non-protein coding) (MYCNOS), non-coding R
Homo sapiens glycogen synthase kinase 3 beta (GSK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_002093]
Homo sapiens palladin, cytoskeletal associated protein (PALLD), transcript variant 2, mRNA [NM_01
Homo sapiens high mobility group nucleosome binding domain 1 (HMGN1), mRNA [NM_004965]
Q3P3H9_9GAMM (Q3P3H9) 4-hydroxybenzoate polyprenyl transferase, proteobacterial, partial (5%
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001257), lincRNA [TCONS_00000760]
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 9 (BTBD9), transcript variant 1, mRNA [NM_052893]
Homo sapiens RNA (guanine-9-) methyltransferase domain containing 2 (RG9MTD2), transcript vari
Homo sapiens family with sequence similarity 196, member B (FAM196B), mRNA [NM_001129891]
Homo sapiens ankyrin repeat domain containing gene (LOC100287718), mRNA [NM_001162435]
Homo sapiens zinc finger protein 584 (ZNF584), mRNA [NM_173548]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004774), lincRNA [TCONS_00009634]
Homo sapiens Sjogren syndrome/scleroderma autoantigen 1 (SSSCA1), mRNA [NM_006396]
Q2DTM3_9CHLR (Q2DTM3) DNA repair protein RadC, partial (5%) [THC2659873]
Homo sapiens partner of NOB1 homolog (*S. cerevisiae*) (PNO1), mRNA [NM_020143]
Homo sapiens IQ motif and Sec7 domain 3 (IQSEC3), transcript variant 1, mRNA [NM_001170738]
Homo sapiens complement component 2 (C2), transcript variant 1, mRNA [NM_000063]
Homo sapiens KIAA1430 (KIAA1430), mRNA [NM_020827]
Homo sapiens glycosyltransferase 8 domain containing 1 (GLT8D1), transcript variant 3, mRNA [NM
Homo sapiens malate dehydrogenase 1, NAD (soluble) (MDH1), transcript variant 2, mRNA [NM_00
Homo sapiens sorbin and SH3 domain containing 3 (SORBS3), transcript variant 1, mRNA [NM_0057
Homo sapiens kelch domain containing 8B (KLHDC8B), mRNA [NM_173546]
Homo sapiens chimerin (chimaerin) 2 (CHN2), transcript variant 2, mRNA [NM_004067]
GB
Homo sapiens peptide YY, 2 (seminalplasmin) (PYY2), non-coding RNA [NR_003064]
Homo sapiens uncharacterized LOC145788 (FLJ27352), mRNA [NM_001198784]
Homo sapiens DENN/MADD domain containing 3 (DENND3), mRNA [NM_014957]
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 2 family (mitochondrial) (ALDH2), nuclear gene encoding m
Homo sapiens RAS p21 protein activator (GTPase activating protein) 1 (RASA1), transcript variant 1,
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652764 (LOC100652764), miscRNA [XR_132698]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_006188), lincRNA [TCONS_00014180]
Homo sapiens ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, alpha subunit 1, cardiac m
Homo sapiens ash2 (absent, small, or homeotic)-like (*Drosophila*) (ASH2L), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens uncharacterized LOC388152 (LOC388152), non-coding RNA [NR_027001]
Homo sapiens CD300 molecule-like family member b (CD300LB), mRNA [NM_174892]
Homo sapiens ribosomal protein L23a (RPL23A), mRNA [NM_000984]

Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, C (PTPRC), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens jerky homolog-like (mouse) (JRKL), mRNA [NM_003772]
signal peptide, CUB domain, EGF-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:13441] [ENST00000290460]
Homo sapiens ribosomal protein S29 (RPS29), transcript variant 1, mRNA [NM_001032]
Homo sapiens phosphodiesterase 1C, calmodulin-dependent 70kDa (PDE1C), transcript variant 4, m
Homo sapiens cell division cycle 27 homolog (*S. cerevisiae*) (CDC27), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens vascular endothelial growth factor A (VEGFA), transcript variant 6, mRNA [NM_00102
Homo sapiens cDNA FLJ40382 fis, clone TESTI2035775. [AK097701]
Homo sapiens exocyst complex component 2 (EXOC2), mRNA [NM_018303]
prefoldin subunit 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:4926] [ENST00000482292]
Homo sapiens zinc finger protein 823 (ZNF823), mRNA [NM_001080493]
Homo sapiens transcription termination factor, RNA polymerase II (TTF2), mRNA [NM_003594]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003457), lincRNA [TCONS_00007993]
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 22 (C3orf22), mRNA [NM_152533]
PREDICTED: Homo sapiens von Willebrand factor-like (LOC100289038), miscRNA [XR_132906]
Homo sapiens activin A receptor, type IIA (ACVR2A), mRNA [NM_001616]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 106 (C1orf106), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens RWD domain containing 1 (RWDD1), transcript variant 2, mRNA [NM_016104]
Homo sapiens glycerophosphodiester phosphodiesterase domain containing 5 (GDPD5), mRNA [NM
Homo sapiens transmembrane protein 126B (TMEM126B), transcript variant 1, mRNA [NM_018480
Homo sapiens LysM, putative peptidoglycan-binding, domain containing 1 (LYSMD1), transcript vari
Homo sapiens uncharacterized LOC100506844 (LOC100506844), non-coding RNA [NR_038269]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012298), lincRNA [TCONS_00025195]
Homo sapiens UDP-N-acteylglucosamine pyrophosphorylase 1 (UAP1), mRNA [NM_003115]
Homo sapiens retinol dehydrogenase 10 (all-trans) (RDH10), mRNA [NM_172037]
Homo sapiens family with sequence similarity 83, member D (FAM83D), mRNA [NM_030919]
Homo sapiens transmembrane emp24-like trafficking protein 10 (yeast) (TMED10), mRNA [NM_006
Homo sapiens snurportin 1 (SNUPN), transcript variant 1, mRNA [NM_005701]
Homo sapiens metallothionein 1L (gene/pseudogene) (MT1L), non-coding RNA [NR_001447]
Homo sapiens tetraspanin 12 (TSPAN12), mRNA [NM_012338]
Homo sapiens period homolog 3 (*Drosophila*) (PER3), mRNA [NM_016831]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505577 (LOC100505577), miscRNA [XR_109462]
Homo sapiens BCL2-associated athanogene 2 (BAG2), mRNA [NM_004282]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002702), lincRNA [TCONS_00006093]
Homo sapiens dihydrolipoamide S-succinyltransferase (E2 component of 2-oxo-glutarate complex) (
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp) (SDHA), nuclear gene
601504163F1 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3905870 5', mRNA sequence [BE613:
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100509156 (LOC100509156), mRNA [XM_0031:
Homo sapiens adaptor protein, phosphotyrosine interaction, PH domain and leucine zipper containi
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001747), lincRNA [TCONS_00004944]
Homo sapiens guanine monophosphate synthetase (GMPS), mRNA [NM_003875]
Homo sapiens Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 3 (RASSF3), transcript variant :
Homo sapiens BRCA1/BRCA2-containing complex, subunit 3 (BRCC3), transcript variant 2, mRNA [NI
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015612), lincRNA [TCONS_I2_00030743]

Homo sapiens uncharacterized LOC401106 (FLJ34208), non-coding RNA [NR_033929]
Homo sapiens upstream transcription factor 2, c-fos interacting (USF2), transcript variant 1, mRNA [NR_033929]
Homo sapiens intermediate filament family orphan 1 (IFFO1), transcript variant 7, non-coding RNA [NR_033929]
Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), transcript variant 1, mRNA [NM_006013]
Homo sapiens dead end homolog 1 (zebrafish) (DND1), mRNA [NM_194249]
Homo sapiens chemokine-like receptor 1 (CMKLR1), transcript variant 2, mRNA [NM_004072]
Homo sapiens B-cell translocation gene 1, anti-proliferative (BTG1), mRNA [NM_001731]
Homo sapiens kinase D-interacting substrate, 220kDa (KIDINS220), mRNA [NM_020738]
NLR family, CARD domain containing 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:29889] [ENST00000324659]

Homo sapiens ENO1 antisense RNA 1 (non-protein coding) (ENO1-AS1), non-coding RNA [NR_03835]
Homo sapiens suppressor of cancer cell invasion (SCAI), transcript variant 1, mRNA [NM_173690]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128979 (LOC100128979), miscRNA [XR_109205]
Homo sapiens hCG2028352-like (LOC729970), non-coding RNA [NR_033998]
Homo sapiens Ras and Rab interactor 2 (RIN2), transcript variant 2, mRNA [NM_018993]
Homo sapiens RNA binding motif protein, X-linked-like 1 (RBMXL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001731]
Homo sapiens CCHC-type zinc finger, nucleic acid binding protein (CNBP), transcript variant 3, mRNA [NM_001731]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L39 (MRPL39), nuclear gene encoding mitochondria
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010588), lincRNA [TCONS_00022267]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100507747 (LOC100507747), mRNA [XM_00311]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011676), lincRNA [TCONS_00024354]
Homo sapiens pancreatic polypeptide receptor 1 (PPYR1), mRNA [NM_005972]
HCG1981372, isoform CRA_cNovel proteinUncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q96908]
PREDICTED: Homo sapiens beta-gamma crystallin domain containing 3 (CRYBG3), mRNA [XM_00311]
DKFZp686E1139_r1 686 (synonym: hlcc3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp686E1139 5', mRNA seq [AF040000]
Homo sapiens trace amine associated receptor 5 (TAAR5), mRNA [NM_003967]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-13 (SNORD114-13), small nucleolar RNA [NR_0032]
Homo sapiens ring finger protein 5 (RNF5), mRNA [NM_006913]
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 delta pseudogene 3 (EEF1DP3), non-coding
Homo sapiens reticulon 3 (RTN3), transcript variant 4, mRNA [NM_201430]
Homo sapiens notch 2 (NOTCH2), transcript variant 1, mRNA [NM_024408]
Homo sapiens retinoblastoma binding protein 9 (RBBP9), mRNA [NM_006606]
Homo sapiens mRNA for FLJ00329 protein. [AK131099]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 16 (CCL16), mRNA [NM_004590]
Homo sapiens RAP1 GTPase activating protein 2 (RAP1GAP2), transcript variant 1, mRNA [NM_0150]
GB

NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:7749] [ENST0000037359]
Homo sapiens family with sequence similarity 59, member B (FAM59B), transcript variant 2, mRNA [NM_001731]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 118 (C20orf118), mRNA [NM_080628]
Homo sapiens zinc finger E-box binding homeobox 2 (ZEB2), transcript variant 1, mRNA [NM_01479]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004645), lincRNA [TCONS_00010182]
Homo sapiens D-tyrosyl-tRNA deacylase 1 homolog (*S. cerevisiae*) (DTD1), nuclear gene encoding m
Homo sapiens argininosuccinate synthase 1 (ASS1), transcript variant 1, mRNA [NM_000050]

Homo sapiens SMAD family member 6 (SMAD6), transcript variant 1, mRNA [NM_005585]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC646778 (LOC646778), miscRNA [XR_132648]
Homo sapiens alcohol dehydrogenase, iron containing, 1 (ADHFE1), nuclear gene encoding mitochondri
MUSLRNA loricrin {Mus musculus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (5%) [THC2669257]
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens methyltransferase like 12 (METTL12), nuclear gene encoding mitochondrial protein, r
Homo sapiens G protein-coupled receptor 56 (GPR56), transcript variant 3, mRNA [NM_201525]
Homo sapiens ciliary rootlet coiled-coil, rootletin (CROCC), mRNA [NM_014675]
Homo sapiens zinc finger protein 654 (ZNF654), mRNA [NM_018293]
Homo sapiens FAST kinase domains 2 (FASTKD2), transcript variant 3, mRNA [NM_014929]
Homo sapiens ribosomal protein L39 (RPL39), mRNA [NM_001000]
Homo sapiens telomeric repeat binding factor 2 (TERF2), mRNA [NM_005652]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009882), lincRNA [TCONS_I2_00018851]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2A, 65kDa (EIF2A), mRNA [NM_032025]
Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 4 (delta) (CCT4), mRNA [NM_006430]
Homo sapiens X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P) 3, putative (XPNPEP3), nuclear gene enc
Homo sapiens uncharacterized LOC400955 (FLJ30838), non-coding RNA [NR_033873]
Homo sapiens KIAA1841 (KIAA1841), transcript variant 2, mRNA [NM_032506]
Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1 (HLA-DQB1), transcript variant 3
Homo sapiens proline-rich protein BstNI subfamily 1 (PRB1), transcript variant 1, mRNA [NM_00503
Homo sapiens zinc finger protein 296 (ZNF296), mRNA [NM_145288]
Homo sapiens WT1 antisense RNA (non-protein coding) (WT1-AS), non-coding RNA [NR_023920]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC643783, transcript variant 2 (LOC643783), miscRNA [XR
Homo sapiens calcium and integrin binding family member 3 (CIB3), mRNA [NM_054113]
Homo sapiens chromodomain helicase DNA binding protein 1-like (CHD1L), mRNA [NM_004284]
Homo sapiens RNA (guanine-9-) methyltransferase domain containing 1 (RG9MTD1), nuclear gene e
Homo sapiens nucleobindin 2 (NUCB2), mRNA [NM_005013]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, assembly factor 4 (NDUFAF4
Homo sapiens cDNA FLJ41845 fis, clone NT2RI3003095. [AK123839]
Homo sapiens numb homolog (Drosophila)-like (NUMBL), mRNA [NM_004756]
Homo sapiens SH3-domain binding protein 2 (SH3BP2), transcript variant 4, mRNA [NM_001145855]
Homo sapiens DBF4 homolog (S. cerevisiae) (DBF4), mRNA [NM_006716]
Homo sapiens zinc finger protein 71 (ZNF71), mRNA [NM_021216]
PREDICTED: Homo sapiens RAB44, member RAS oncogene family (RAB44), mRNA [XM_003403441]
Homo sapiens transketolase-like 1 (TKTL1), transcript variant 1, mRNA [NM_012253]
Homo sapiens peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 beta (PPARGC1B), t
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3456494, partial cds. [BC010535]
Homo sapiens far upstream element (FUSE) binding protein 3 (FUBP3), mRNA [NM_003934]
Homo sapiens interleukin 18 receptor 1 (IL18R1), mRNA [NM_003855]
Homo sapiens uncharacterized LOC100128361 (LOC100128361), non-coding RNA [NR_036505]
Homo sapiens ankyrin repeat and zinc finger domain containing 1 (ANKZF1), transcript variant 1, mF

Homo sapiens alkaline phosphatase, placental-like 2 (ALPPL2), mRNA [NM_031313]
Homo sapiens cysteine-rich with EGF-like domains 2 (CRELD2), transcript variant 2, mRNA [NM_024

Homo sapiens ataxin 10 (ATXN10), transcript variant 1, mRNA [NM_013236]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 86 (CCDC86), mRNA [NM_024098]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 18C (SNORD18C), small nucleolar RNA [NR_002443]

Homo sapiens ribosomal protein L5 (RPL5), mRNA [NM_000969]

ZSWM1_HUMAN (Q9BR11) Zinc finger SWIM domain-containing protein 1, partial (79%) [THC25529]

UI-E-CK1-abt-e-09-0-UI.r1 UI-E-CK1 Homo sapiens cDNA clone UI-E-CK1-abt-e-09-0-UI 5', mRNA seq

BROAD Institute lincRNA (XLOC_013778), lincRNA [TCONS_00028426]

Homo sapiens flap structure-specific endonuclease 1 (FEN1), mRNA [NM_004111]

Homo sapiens cDNA FLJ37924 fis, clone CTONG2000218. [AK095243]

Homo sapiens neurotrophin receptor associated death domain, pseudogene (NRADDP), non-coding

Homo sapiens golgi-associated, gamma adaptin ear containing, ARF binding protein 3 (GGA3), trans

Homo sapiens dedicator of cytokinesis 1 (DOCK1), mRNA [NM_001380]

Homo sapiens N-methylpurine-DNA glycosylase (MPG), transcript variant 1, mRNA [NM_002434]

Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 11 (C12orf11), mRNA [NM_018164]

Homo sapiens ring finger protein 103 (RNF103), transcript variant 3, mRNA [NM_001198952]

Homo sapiens uncharacterized protein LOC100287482 (LOC100287482), mRNA [NM_001195243]

Homo sapiens aryl hydrocarbon receptor (AHR), mRNA [NM_001621]

Homo sapiens TRAF3 interacting protein 2 (TRAF3IP2), transcript variant 2, mRNA [NM_147686]

CN120_HUMAN (Q8NEJ9) Protein C14orf120, partial (21%) [THC2621067]

Homo sapiens cDNA FLJ37088 fis, clone BRACE2017124. [AK094407]

Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 3 (ITPR3), mRNA [NM_002224]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507475 (LOC100507475), miscRNA [XR_108426]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_013680), lincRNA [TCONS_00028329]

Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 3 (SAMD3), transcript variant 2, mRNA [NM_15

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L32 (MRPL32), nuclear gene encoding mitochondria

Q8SY72_DROME (Q8SY72) RH56317p (CG33169-PA, isoform A), partial (31%) [THC2693011]

Homo sapiens cDNA FLJ46292 fis, clone TESTI4033177, highly similar to Dual specificity protein pho:

Homo sapiens forkhead box A1 (FOXA1), mRNA [NM_004496]

Homo sapiens interleukin 9 receptor (IL9R), transcript variant 1, mRNA [NM_002186]

Homo sapiens ATPase, class V, type 10D (ATP10D), mRNA [NM_020453]

Homo sapiens solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 7 (SLC4A7), mRN.

Homo sapiens homeodomain interacting protein kinase 2 (HIPK2), transcript variant 2, mRNA [NM_

Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 1, mRNA [NM_001018005]

Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686I2072 (from clone DKFZp686I2072). [BX648511]

Homo sapiens IQ motif containing D (IQCD), mRNA [NM_138451]

Homo sapiens ZW10, kinetochore associated, homolog (Drosophila) (ZW10), mRNA [NM_004724]

Homo sapiens complement component 1, s subcomponent (C1S), transcript variant 2, mRNA [NM_ (

Homo sapiens integral membrane protein 2C (ITM2C), transcript variant 1, mRNA [NM_030926]

Homo sapiens ribosomal protein SA pseudogene 52 (RPSAP52), non-coding RNA [NR_026825]

Homo sapiens uncharacterized LOC100288432 (LOC100288432), non-coding RNA [NR_038974]

Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, gamma subunit 6 (CACNG6), transcript variant :

Q39AC8_BURS3 (Q39AC8) Cytochrome B561, partial (9%) [THC2753069]

Homo sapiens rhomboid, veinlet-like 1 (Drosophila) (RHBDL1), mRNA [NM_003961]

Homo sapiens olfactory receptor, family 52, subfamily K, member 2 (OR52K2), mRNA [NM_0010051
Homo sapiens transmembrane protein 79 (TMEM79), transcript variant 1, mRNA [NM_032323]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 15 (C5orf15), mRNA [NM_020199]
von Willebrand factor [Source:HGNC Symbol;Acc:12726] [ENST00000321023]
Homo sapiens nucleoporin 37kDa (NUP37), mRNA [NM_024057]
A kinase (PRKA) anchor protein 17A [Source:HGNC Symbol;Acc:18783] [ENST00000381261]
Homo sapiens decapping enzyme, scavenger (DCPS), mRNA [NM_014026]
Homo sapiens butyrophilin-like 9 (BTNL9), mRNA [NM_152547]
Homo sapiens laminin, beta 3 (LAMB3), transcript variant 2, mRNA [NM_001017402]
leucine zipper, putative tumor suppressor 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:29381] [ENST00000459989]
Homo sapiens SID1 transmembrane family, member 2 (SIDT2), mRNA [NM_001040455]
Homo sapiens KRR1, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast) (KRR1), mRNA [N
Homo sapiens tribbles homolog 2 (Drosophila) (TRIB2), transcript variant 1, mRNA [NM_021643]
Homo sapiens galactosamine (N-acetyl)-6-sulfate sulfatase (GALNS), mRNA [NM_000512]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009577), lincRNA [TCONS_00019778]
Homo sapiens clone FLC0578 PRO2852 mRNA, complete cds. [AF130079]
Homo sapiens cDNA FLJ33795 fis, clone CTONG1000097. [AK091114]
Homo sapiens arginyl aminopeptidase (aminopeptidase B)-like 1 (RNPEPL1), mRNA [NM_018226]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3831619. [BC022164]
Homo sapiens resistance to inhibitors of cholinesterase 8 homolog A (C. elegans) (RIC8A), mRNA [NI
Homo sapiens ring finger protein 217 (RNF217), mRNA [NM_152553]
Homo sapiens peroxisomal membrane protein 2, 22kDa (PXMP2), mRNA [NM_018663]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507259 (LOC100507259), miscRNA [XR_110417]
Homo sapiens transmembrane and coiled-coil domains 3 (TMCO3), mRNA [NM_017905]
DB514633 RIKEN full-length enriched human cDNA library, testis Homo sapiens cDNA clone H01304
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L23 (MRPL23), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 45B (SNORD45B), small nuclear RNA [NR_002748]
CCR4-NOT transcription complex, subunit 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:7879] [ENST00000358389]
Homo sapiens RNA binding motif protein, X-linked (RBMX), transcript variant 1, mRNA [NM_002139]
Homo sapiens schlafen-like 1 (SLFN1), transcript variant 1, mRNA [NM_144990]
Q3H080_9ACTO (Q3H080) 5,10-methylenetetrahydrofolate reductase , partial (5%) [THC2657771]
Homo sapiens ATG9 autophagy related 9 homolog A (S. cerevisiae) (ATG9A), transcript variant 1, m
Homo sapiens cell division cycle 37 homolog (S. cerevisiae) (CDC37), mRNA [NM_007065]
EST643 human nasopharynx Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [CD684123]
Homo sapiens RAN guanine nucleotide release factor (RANGRF), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens oocyte expressed protein homolog (dog) (OoEP), mRNA [NM_001080507]
Homo sapiens SET domain containing 3 (SETD3), transcript variant 2, mRNA [NM_199123]
Homo sapiens TEN1 telomerase capping complex subunit homolog (S. cerevisiae) (TEN1), mRNA [NI
Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:20793] [ENST00
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008020), lincRNA [TCONS_00017204]
Homo sapiens transferrin receptor (p90, CD71) (TFRC), transcript variant 1, mRNA [NM_003234]
Homo sapiens zinc finger protein 28 (ZNF28), transcript variant 1, mRNA [NM_006969]
Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1 (NLRP1), transcript variant 1, mRNA [NM_033
Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase 3, 100kDa (OAS3), mRNA [NM_006187]

protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member b [Source:HGNC Symbol;Acc:15766] [ENST0000034901]
Homo sapiens zinc finger protein 706 (ZNF706), transcript variant 1, mRNA [NM_001042510]
Homo sapiens ribosomal protein L26-like 1 (RPL26L1), mRNA [NM_016093]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009920), lincRNA [TCONS_00020239]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 1 (non-protein coding) (SNHG1), non-coding RNA [NR_016196]
Homo sapiens RNA binding motif protein 19 (RBM19), transcript variant 2, mRNA [NM_016196]
Homo sapiens ubiquitin domain containing 2 (UBTD2), mRNA [NM_152277]
Homo sapiens taurine upregulated 1 (non-protein coding) (TUG1), non-coding RNA [NR_002323]
Homo sapiens cDNA FLJ46453 fis, clone THYMU3019916. [AK128312]
activity-dependent neuroprotector homeobox [Source:HGNC Symbol;Acc:15766] [ENST0000034901]
Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA G1 (SNAR-G1), small nuclear RNA [NR_004383]
Homo sapiens RAB28, member RAS oncogene family (RAB28), transcript variant 1, mRNA [NM_001000969]
Homo sapiens ribosomal protein L5 (RPL5), mRNA [NM_000969]
Homo sapiens aminoacyl tRNA synthetase complex-interacting multifunctional protein 2 (AIMP2), non-coding RNA [NR_002323]
ADP-ribosylation factor 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:654] [ENST00000472621]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505763 (LOC100505763), miscRNA [XR_109604]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 23 (C9orf23), transcript variant 2, mRNA [NM_144667]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 146 (GPR146), mRNA [NM_138445]
Homo sapiens metallothionein 2A (MT2A), mRNA [NM_005953]
Homo sapiens lumican (LUM), mRNA [NM_002345]
Homo sapiens nurim (nuclear envelope membrane protein) (NRM), mRNA [NM_007243]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013108), lincRNA [TCONS_00027066]
Homo sapiens SUMO1/sentrin specific peptidase 7 (SEN7), transcript variant 1, mRNA [NM_02065]
Homo sapiens ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 2 (ABTB2), mRNA [NM_145804]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008683), lincRNA [TCONS_00018398]
alanine-glyoxylate aminotransferase 2-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:28249] [ENST00000476487]
Homo sapiens cDNA FLJ41803 fis, clone NHNPC2002749. [AK123797]
Homo sapiens fibroblast growth factor binding protein 3 (FGFBP3), mRNA [NM_152429]
Homo sapiens Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor (CD32) (FCGR2B), transcript variant 1, mRNA [NM_020750]
Homo sapiens exportin 5 (XPO5), mRNA [NM_020750]
Homo sapiens WD repeat domain 77 (WDR77), mRNA [NM_024102]
Homo sapiens transmembrane protein 99 (TMEM99), transcript variant 1, mRNA [NM_001195386]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), mRNA [NM_001195386]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007412), lincRNA [TCONS_00016018]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptides B and B1 (SNRPB), transcript variant 1, mRNA [NM_031899]
Homo sapiens golgi reassembly stacking protein 1, 65kDa (GORASP1), mRNA [NM_031899]
galactokinase 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:4118] [ENST00000375188]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 47 (C12orf47), non-coding RNA [NR_015404]
Homo sapiens dynamin binding protein (DNMBP), mRNA [NM_015221]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein 25kDa (U11/U12) (SNRNP25), mRNA [NM_024571]
Homo sapiens ribosomal protein L18a (RPL18A), mRNA [NM_000980]
Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 3 (ENPP3), mRNA [NM_005021]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_012621), lincRNA [TCONS_00026273]
Homo sapiens gem (nuclear organelle) associated protein 2 (GEMIN2), transcript variant alpha, mRNA
Homo sapiens cDNA, FLJ99546. [AK309505]
solute carrier family 35, member F5 [Source:HGNC Symbol;Acc:23617] [ENST00000498768]
Homo sapiens phosphorylated adaptor for RNA export (PHAX), mRNA [NM_032177]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 18 (KCTD18), mRNA [NM_152
Homo sapiens TBC1 domain family, member 3G (TBC1D3G), mRNA [NM_001040282]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005768), lincRNA [TCONS_00012214]
Homo sapiens uncharacterized LOC401149 (FLJ14186), non-coding RNA [NR_037596]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 21 (DDX21), mRNA [NM_004728]
Homo sapiens LY6/PLAUR domain containing 3 (LYPD3), mRNA [NM_014400]
Homo sapiens calpain 11 (CAPN11), mRNA [NM_007058]
Homo sapiens PHD finger protein 21B (PHF21B), transcript variant 1, mRNA [NM_138415]

Homo sapiens ribosomal protein S8 (RPS8), mRNA [NM_001012]
Homo sapiens vomeronasal 1 receptor 1 (VN1R1), mRNA [NM_020633]
Homo sapiens SEC14 and spectrin domains 1 (SESTD1), mRNA [NM_178123]
Homo sapiens ribosomal protein S15a (RPS15A), transcript variant 2, mRNA [NM_001019]
CD99 molecule [Source:HGNC Symbol;Acc:7082] [ENST00000381177]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007339), lincRNA [TCONS_00015664]
Homo sapiens biogenesis of lysosomal organelles complex-1, subunit 3 (BLOC1S3), mRNA [NM_212
Homo sapiens zinc finger, SWIM-type containing 6 (ZSWIM6), mRNA [NM_020928]
Homo sapiens transcription factor EB (TFEB), transcript variant 1, mRNA [NM_007162]
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 2 (BCL2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcri
Q8IYS5_HUMAN (Q8IYS5) OSCAR protein (Osteoclast associated receptor OSCAR-S1), partial (17%) [
Homo sapiens dispatched homolog 2 (Drosophila) (DISP2), mRNA [NM_033510]
Homo sapiens transmembrane protein 238 (TMEM238), mRNA [NM_001190764]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012053), lincRNA [TCONS_00025091]
Homo sapiens cDNA FLJ43903 fis, clone TESTI4010211. [AK125891]
S37431 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (70%) [THC2556858]
Homo sapiens 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 4 (lysophosphatidic acid acyltransferas
Homo sapiens uromodulin-like 1 (UMODL1), transcript variant 2, mRNA [NM_173568]
Homo sapiens MEF2 activating motif and SAP domain containing transcriptional regulator (MAMSTF
shugoshin-like 2 (S. pombe) [Source:HGNC Symbol;Acc:30812] [ENST00000409203]
Homo sapiens Ral GEF with PH domain and SH3 binding motif 1 (RALGPS1), transcript variant 1, mRI
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014192), lincRNA [TCONS_00029387]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011102), lincRNA [TCONS_00023147]
Homo sapiens MON1 homolog B (yeast) (MON1B), mRNA [NM_014940]
Homo sapiens microtubule-associated protein 4 (MAP4), transcript variant 3, mRNA [NM_030885]
Homo sapiens basic transcription factor 3-like 4 (BTF3L4), transcript variant 1, mRNA [NM_152265]
Homo sapiens proline rich 15 (PRR15), mRNA [NM_175887]
Homo sapiens neuromedin U receptor 1 (NMUR1), mRNA [NM_006056]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100506504 (LOC100506504), mRNA [XM_0031:
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009738), lincRNA [TCONS_00020412]

DA350472 BRSSN2 Homo sapiens cDNA clone BRSSN2013087 5', mRNA sequence [DA350472]
Homo sapiens Morf4 family associated protein 1 (MRFAP1), mRNA [NM_033296]
Homo sapiens RNA binding motif, single stranded interacting protein 1 (RBMS1), transcript variant 1
Homo sapiens ribosomal protein S10 (RPS10), transcript variant 2, mRNA [NM_001014]
RABX5_HUMAN (Q9UJ41) Rab5 GDP/GTP exchange factor (Rabaptin 5-associated exchange factor f
Homo sapiens RAD18 homolog (*S. cerevisiae*) (RAD18), mRNA [NM_020165]
Homo sapiens carbonic anhydrase XI (CA11), mRNA [NM_001217]
Homo sapiens gap junction protein, gamma 1, 45kDa (GJC1), transcript variant 1, mRNA [NM_00549
DENN/MADD domain containing 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:29134] [ENST00000520482]
Homo sapiens neuropilin 2 (NRP2), transcript variant 6, mRNA [NM_201264]
Homo sapiens MOCO sulphurase C-terminal domain containing 1 (MOSC1), nuclear gene encoding r
Homo sapiens phosphoserine aminotransferase 1 (PSAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_058179
PREDICTED: Homo sapiens non-protein coding RNA 83 (NCRNA00083), miscRNA [XR_108314]
Homo sapiens phosphate cytidyltransferase 1, choline, alpha (PCYT1A), mRNA [NM_005017]
Homo sapiens retinoic acid receptor, alpha (RARA), transcript variant 2, mRNA [NM_001024809]
Homo sapiens ribosomal protein SA (RPSA), transcript variant 1, mRNA [NM_002295]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 57 pseudogene (LOC389834), non-coding RNA [NR_027420]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507351 (LOC100507351), non-coding RNA [NR_040050]
Homo sapiens signal transducer and activator of transcription 1, 91kDa (STAT1), transcript variant b
Homo sapiens NADPH oxidase 3 (NOX3), mRNA [NM_015718]
Homo sapiens BRO1 domain and CAAX motif containing (BROX), mRNA [NM_144695]
Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide B, 140kDa (POLR2B), mRNA [NM_00
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100508383 (LOC100508383), mRNA [XM_0031:
Homo sapiens ATP synthase, H⁺ transporting, mitochondrial Fo complex, subunit C3 (subunit 9) (AT
Homo sapiens DICER1 antisense RNA (non-protein coding) (DICER1-AS), non-coding RNA [NR_01541
Homo sapiens phosphodiesterase 4A, cAMP-specific (PDE4A), transcript variant 1, mRNA [NM_0011
Homo sapiens mex-3 homolog D (*C. elegans*) (MEX3D), transcript variant 1, mRNA [NM_203304]
Homo sapiens SLAM family member 6 (SLAMF6), transcript variant 1, mRNA [NM_001184714]
Homo sapiens ring finger protein 167 (RNF167), mRNA [NM_015528]
Homo sapiens cDNA FLJ34378 fis, clone FEBRA2018051. [AK091697]
Homo sapiens GDP dissociation inhibitor 1 (GDI1), mRNA [NM_001493]
Homo sapiens KIAA1310 (KIAA1310), transcript variant 2, mRNA [NM_017991]
Homo sapiens olfactory receptor, family 13, subfamily G, member 1 (OR13G1), mRNA [NM_001005
Homo sapiens mediator complex subunit 21 (MED21), mRNA [NM_004264]
Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 5 (P2RX5), transcript variant 2, mR
Homo sapiens jumonji domain containing 5 (JMJD5), transcript variant 1, mRNA [NM_001145348]
Homo sapiens kyphoscoliosis peptidase (KY), mRNA [NM_178554]
Homo sapiens tubulin, alpha 1a (TUBA1A), mRNA [NM_006009]
Homo sapiens OTU domain containing 7B (OTUD7B), mRNA [NM_020205]
Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide F (POLR2F), mRNA [NM_021974]
Homo sapiens KH domain containing, RNA binding, signal transduction associated 1 (KHDRBS1), mR
Homo sapiens neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 3 (NTRK3), transcript variant 2, mRNA [N
Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member L2 (ALDH1L2), nuclear gene encoding mit
Homo sapiens thyroid hormone receptor, alpha (THRA), transcript variant 1, mRNA [NM_199334]

Homo sapiens claudin 10 (CLDN10), transcript variant a, mRNA [NM_182848]
Homo sapiens SURP and G patch domain containing 2 (SUGP2), transcript variant 1, mRNA [NM_001100000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000451), lincRNA [TCONS_00000328]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506844 (LOC100506844), non-coding RNA [NR_038269]
Homo sapiens ribosomal protein S10 pseudogene 7 (RPS10P7), non-coding RNA [NR_026667]
Homo sapiens uncharacterized LOC729082 (LOC729082), non-coding RNA [NR_026757]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (7%) [THC2690044]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001707), lincRNA [TCONS_00004918]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 6 (ABCC6), transcript variant 1, mRNA [NM_001100000]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 20 (ZDHHC20), mRNA [NM_153251]

Homo sapiens aminoacyl tRNA synthetase complex-interacting multifunctional protein 1 (AIMP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001100000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004842), lincRNA [TCONS_00010353]
Q5U635_HUMAN (Q5U635) SEMA6A protein, partial (10%) [THC2690044]
Homo sapiens tripartite motif containing 22 (TRIM22), transcript variant 1, mRNA [NM_006074]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 493 (LINC00493), non-coding RNA [NR_015492]
Homo sapiens heat shock 10kDa protein 1 (chaperonin 10) (HSPE1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001100000]
Homo sapiens PR domain containing 5 (PRDM5), mRNA [NM_018699]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 39 (C15orf39), mRNA [NM_015492]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506342 (LOC100506342), miscRNA [XR_113168]
Homo sapiens serine hydroxymethyltransferase 1 (soluble) (SHMT1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001100000]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 81 (C21orf81), non-coding RNA [NR_027270]
Homo sapiens HIRA interacting protein 3 (HIRIP3), transcript variant 1, mRNA [NM_003609]
Homo sapiens phosphoglycerate mutase family member 5 (PGAM5), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001100000]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1A, X-linked (EIF1AX), mRNA [NM_001412]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 71 (C8orf71), non-coding RNA [NR_026772]
Homo sapiens CTD nuclear envelope phosphatase 1 (CTDNEP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001100000]
Homo sapiens paired-like homeodomain 1 (PITX1), mRNA [NM_002653]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005769), lincRNA [TCONS_00012215]
Homo sapiens uncharacterized LOC197187 (MGC23284), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_038269]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010879), lincRNA [TCONS_00022559]
Homo sapiens ring finger protein 213 (RNF213), transcript variant 1, mRNA [NM_020914]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006319), lincRNA [TCONS_00014242]
Q2RH40_MOOTA (Q2RH40) Inner-membrane translocator, partial (5%) [THC2750096]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4801360. [BC030764]
Homo sapiens KIAA0090 (KIAA0090), mRNA [NM_015047]
Homo sapiens methylmalonic aciduria (cobalamin deficiency) cblA type (MMAA), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001100000]
Homo sapiens dihydrouridine synthase 1-like (S. cerevisiae) (DUS1L), mRNA [NM_022156]
Homo sapiens tubulin, beta 3 class III (TUBB3), transcript variant 1, mRNA [NM_006086]
Homo sapiens zinc finger protein 540 (ZNF540), transcript variant 2, mRNA [NM_152606]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 33 (USP33), transcript variant 3, mRNA [NM_201626]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase-like A domain containing 1 (PTPLAD1), mRNA [NM_015492]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit A, beta (PPP2R1B), transcript variant 2, mRNA [NM_001100000]
Homo sapiens family with sequence similarity 133, member B (FAM133B), transcript variant 2, mRNA [NM_001100000]

Homo sapiens ribosomal protein L6 (RPL6), transcript variant 1, mRNA [NM_001024662]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 30 (C20orf30), transcript variant 2, mRNA [NM_001024662]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 48 (C17orf48), mRNA [NM_020233]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506659 (LOC100506659), miscRNA [XR_110228]
Homo sapiens THO complex 5 (THOC5), transcript variant 1, mRNA [NM_001002878]
Homo sapiens alanyl-tRNA synthetase (AARS), mRNA [NM_001605]
low density lipoprotein receptor-related protein 11 [Source:HGNC Symbol;Acc:16936] [ENST00000300000]
Homo sapiens Rap guanine nucleotide exchange factor (GEF) 2 (RAPGEF2), mRNA [NM_014247]
Homo sapiens ATPase, H⁺ transporting, lysosomal accessory protein 1-like (ATP6AP1L), mRNA [NM_001024662]
Homo sapiens pyridoxal (pyridoxine, vitamin B6) phosphatase (PDXP), mRNA [NM_020315]
Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding) (MALA:Q73NU6_TREDE (Q73NU6) Conserved domain protein, partial (6%) [THC2628112]
Homo sapiens lipoma HMGIC fusion partner-like 4 (LHFPL4), mRNA [NM_198560]
Homo sapiens HERPUD family member 2 (HERPUD2), mRNA [NM_022373]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 4 (LILRA4)
Homo sapiens calmodulin-like 6 (CALML6), mRNA [NM_138705]
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 27 (C4orf27), mRNA [NM_017867]
Homo sapiens keratin 10 (KRT10), mRNA [NM_000421]
Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
Homo sapiens replication protein A3, 14kDa (RPA3), mRNA [NM_002947]
Homo sapiens MTERF domain containing 2 (MTERFD2), transcript variant 1, mRNA [NM_182501]
Homo sapiens creatine kinase, brain (CKB), mRNA [NM_001823]
Homo sapiens spleen tyrosine kinase (SYK), transcript variant 1, mRNA [NM_003177]
Homo sapiens nuclear transcription factor Y, gamma (NFYC), transcript variant 3, mRNA [NM_001144]
Homo sapiens chymotrypsinogen B2 (CTRB2), mRNA [NM_001025200]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100129203 (LOC100129203), miscRNA [XR_110904]
Homo sapiens lymphocyte antigen 9 (LY9), transcript variant 2, mRNA [NM_001033667]
tubulin tyrosine ligase-like family, member 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:34000] [ENST00000266182]
Homo sapiens ring finger protein (C3H2C3 type) 6 (RNF6), transcript variant 1, mRNA [NM_005977]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001873), lincRNA [TCONS_00004035]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 4 (LILRB4)
Homo sapiens tubulin, alpha 1c (TUBA1C), mRNA [NM_032704]
NP1L1_HUMAN (P55209) Nucleosome assembly protein 1-like 1 (NAP-1-related protein) (hNRP), partial
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 43 (C2orf43), mRNA [NM_021925]
SRY (sex determining region Y)-box 13 [Source:HGNC Symbol;Acc:11192] [ENST00000367203]
RST8688 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG189643]
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1-like 3 (EPB41L3), mRNA [NM_012307]
DKFZp434E1423_r1 434 (synonym: htes3) Homo sapiens cDNA clone DKFZp434E1423 5', mRNA sequence
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 107 (C20orf107), mRNA [NM_001013646]

Homo sapiens formin-like 1 (FMNL1), mRNA [NM_005892]
Homo sapiens peroxiredoxin 3 (PRDX3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1
SMCA5_HUMAN (O60264) SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin assembly
Homo sapiens oxidation resistance 1 (OXR1), transcript variant 1, mRNA [NM_018002]

Homo sapiens defensin, alpha 4, corticostatin (DEFA4), mRNA [NM_001925]
sorting nexin 29 [Source:HGNC Symbol;Acc:30542] [ENST00000323433]
Homo sapiens PDZ and LIM domain 7 (enigma) (PDLIM7), transcript variant 1, mRNA [NM_005451]
Homo sapiens BCL2-like 2 (BCL2L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004050]
Homo sapiens Cas-Br-M (murine) ecotropic retroviral transforming sequence (CBL), mRNA [NM_005451]
Homo sapiens serine/threonine kinase 33 (STK33), mRNA [NM_030906]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, ATPase, 3 (PSMC3), mRNA [NM_005451]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 162 (C6orf162), transcript variant 1, mRNA [NM_005451]

Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 31, mRNA (cDNA clone MGC:168625 IMAGE:907005)
Homo sapiens secretoglobin, family 3A, member 1 (SCGB3A1), mRNA [NM_052863]
Homo sapiens junctophilin 4 (JPH4), transcript variant 1, mRNA [NM_032452]
Homo sapiens v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog A (avian) (RELA), transcript variant 1, mRNA [NM_005451]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 11 (DHRS11), mRNA [NM_024308]
Homo sapiens apolipoprotein M (APOM), mRNA [NM_019101]
Homo sapiens ybeY metalloproteinase (putative) (YBEY), transcript variant 1, mRNA [NM_058181]
AGENCOURT_40982366 NIH_MGC_279 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:7777670 3', mRNA sequence
Homo sapiens membrane bound O-acyltransferase domain containing 1 (MBOAT1), mRNA [NM_005451]
immunoglobulin lambda variable 1-36 [Source:HGNC Symbol;Acc:5876] [ENST00000390301]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003007), lincRNA [TCONS_00007086]

Homo sapiens SEC24 family, member B (S. cerevisiae) (SEC24B), transcript variant 1, mRNA [NM_005451]
Homo sapiens CDC-like kinase 1 (CLK1), transcript variant 1, mRNA [NM_004071]

Homo sapiens keratinocyte proline-rich protein (KPRP), mRNA [NM_001025231]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000152), lincRNA [TCONS_00001989]
Homo sapiens homeodomain interacting protein kinase 3 (HIPK3), transcript variant 1, mRNA [NM_005451]

Homo sapiens histone cluster 3, H2a (HIST3H2A), mRNA [NM_033445]
Homo sapiens zinc finger protein 532 (ZNF532), mRNA [NM_018181]
Homo sapiens liver expressed antimicrobial peptide 2 (LEAP2), mRNA [NM_052971]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 9 (ZDHHC9), transcript variant 1, mRNA [NM_016000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002910), lincRNA [TCONS_I2_00005546]
Homo sapiens ribosomal protein L10-like (RPL10L), mRNA [NM_080746]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1 (UBE2V1), transcript variant 4, mRNA [NM_005451]

Homo sapiens uncharacterized LOC400955 (FLJ30838), non-coding RNA [NR_033873]
Homo sapiens Williams Beuren syndrome chromosome region 27 (WBSCR27), mRNA [NM_152559]
Homo sapiens coronin, actin binding protein, 2A (CORO2A), transcript variant 1, mRNA [NM_003388]
Q94CS5_ORYSA (Q94CS5) Heavy-metal-associated domain-containing protein-like, partial (6%) [THC000000]
Homo sapiens prohibitin (PHB), mRNA [NM_002634]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100133207 (LOC100133207), miscRNA [XR_110242]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100509100 (LOC100509100), miscRNA [XR_112375]
Homo sapiens sodium channel, nonvoltage-gated 1, delta (SCNN1D), transcript variant 1, mRNA [NM_005451]

Homo sapiens uncharacterized LOC100129196 (LOC100129196), non-coding RNA [NR_034182]
Homo sapiens methyl CpG binding protein 2 (Rett syndrome) (MECP2), transcript variant 2, mRNA [NR_034182]
Homo sapiens La ribonucleoprotein domain family, member 4B (LARP4B), mRNA [NM_015155]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506797, transcript variant 3 (LOC100506797), miscF
Homo sapiens ankyrin repeat domain 12 (ANKRD12), transcript variant 1, mRNA [NM_015208]
Homo sapiens Lyrm7 homolog (mouse) (LYRM7), mRNA [NM_181705]
Homo sapiens uncharacterized LOC399744 (LOC399744), non-coding RNA [NR_024497]
Homo sapiens myosin binding protein C, cardiac (MYBPC3), mRNA [NM_000256]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001776), lincRNA [TCONS_00003960]
Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin 1, sialoadhesin (SIGLEC1), mRNA [NM_023068]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004596), lincRNA [TCONS_I2_00008499]
Homo sapiens activating transcription factor 3 (ATF3), transcript variant 4, mRNA [NM_001040619]
Homo sapiens zinc finger protein 498 (ZNF498), mRNA [NM_145115]
Homo sapiens transferrin receptor 2 (TFR2), transcript variant 1, mRNA [NM_003227]
Homo sapiens inositol polyphosphate-5-phosphatase F (INPP5F), transcript variant 3, mRNA [NM_001040619]
interleukin 1 receptor-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:5998] [ENST00000393393]
Homo sapiens Zwilch, kinetochore associated, homolog (Drosophila) (ZWILCH), transcript variant 1, mRNA [NM_001040619]
Homo sapiens zinc finger protein 337 (ZNF337), mRNA [NM_015655]
ribosomal protein S6 [Source:HGNC Symbol;Acc:10429] [ENST00000380381]
Homo sapiens chromosome X open reading frame 69 (CXorf69), mRNA [NM_001163438]
Homo sapiens CSE1 chromosome segregation 1-like (yeast) (CSE1L), mRNA [NM_001316]
Homo sapiens collagen, type VI, alpha 4 pseudogene 2 (COL6A4P2), non-coding RNA [NR_027898]
Homo sapiens limb region 1 homolog (mouse) (LMBR1), mRNA [NM_022458]
Homo sapiens axin interactor, dorsalization associated (AIDA), mRNA [NM_022831]
Homo sapiens taste receptor, type 2, member 20 (TAS2R20), mRNA [NM_176889]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5217034. [BC041468]
Homo sapiens 5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase (MTR), mRNA [NM_000256]
CR992331 RZPD no.9016 Homo sapiens cDNA clone RZPDp9016A0141 5', mRNA sequence [CR992331]
Homo sapiens cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 2, mitochondrial (CMPK2), nuclear gene [NM_001040619]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010841), lincRNA [TCONS_00022517]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 4 (HSPA4), mRNA [NM_002154]
HCG1988162Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:A8MTT3] [ENST00000397064]
Homo sapiens histocompatibility (minor) 13 (HM13), transcript variant 1, mRNA [NM_030789]
Homo sapiens histone deacetylase 9 (HDAC9), transcript variant 3, mRNA [NM_014707]
Homo sapiens guanylate cyclase 1, soluble, alpha 3 (GUCY1A3), transcript variant 6, mRNA [NM_001040619]
full-length cDNA clone CS0DI053Y009 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR992331]
Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 7 (IGFBP7), mRNA [NM_001553]

Homo sapiens family with sequence similarity 123C (FAM123C), transcript variant 1, mRNA [NM_151153]
Homo sapiens chondroitin sulfate N-acetylgalactosaminyltransferase 2 (CSGALNACT2), mRNA [NM_001040619]
Homo sapiens cDNA FLJ45052 fis, clone BRAWH3022542. [AK126997]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 24 (CCL24), mRNA [NM_002991]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L19 (MRPL19), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L37 (MRPL37), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 5 (ARHGAP5), transcript variant 1, mRNA [NM_001030]
Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 1-like (ALG1L), transcript variant 2, mRNA [NM_001030]
Homo sapiens CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), delta (CEBPD), mRNA [NM_005195]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 like 2 (DHRS4L2), transcript variant 1
Homo sapiens CD55 molecule, decay accelerating factor for complement (Cromer blood group) (CD55)
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 7 (C16orf7), mRNA [NM_004913]
Homo sapiens CUE domain containing 1 (CUEDC1), mRNA [NM_017949]
AY063761 NOGO-interacting mitochondrial protein {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (cDNA)
Homo sapiens cDNA FLJ46875 fis, clone UTERU3014446. [AK128708]
Homo sapiens mago-nashi homolog B (Drosophila) (MAGOHB), mRNA [NM_018048]
Homo sapiens zinc finger protein 81 (ZNF81), mRNA [NM_007137]
Homo sapiens KN motif and ankyrin repeat domains 1 (KANK1), transcript variant 2, mRNA [NM_151100]
Homo sapiens ciliary rootlet coiled-coil, rootletin (CROCC), mRNA [NM_014675]
Homo sapiens NSFL1 (p97) cofactor (p47) (NSFL1C), transcript variant 1, mRNA [NM_016143]
Homo sapiens asialoglycoprotein receptor 2 (ASGR2), transcript variant H2', mRNA [NM_080912]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 21 (USP21), transcript variant 3, mRNA [NM_001014443]
Homo sapiens general transcription factor IIH, polypeptide 4, 52kDa (GTF2H4), mRNA [NM_001517]
histone cluster 1, H4c [Source:HGNC Symbol;Acc:4787] [ENST00000377803]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 1 (ASB1), mRNA [NM_001040445]
Homo sapiens proline rich 13 (PRR13), transcript variant 3, mRNA [NM_001005354]
Homo sapiens NK1 homeobox 2 (NKX1-2), mRNA [NM_001146340]
GB
Homo sapiens transmembrane protein 123 (TMEM123), mRNA [NM_052932]
Homo sapiens calcium binding protein 7 (CABP7), mRNA [NM_182527]
Homo sapiens RAB GTPase activating protein 1 (RABGAP1), mRNA [NM_012197]
Homo sapiens SH2 domain containing 2A (SH2D2A), transcript variant 2, mRNA [NM_003975]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005244), lincRNA [TCONS_00011775]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 43 (C1orf43), transcript variant 2, mRNA [NM_131070]
zinc finger, CCHC domain containing 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:25817] [ENST00000375948]
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.2 (EPB42), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin) (NPM1), transcript variant 1
Homo sapiens neurogenin 3 (NEUROG3), mRNA [NM_020999]
PREDICTED: Homo sapiens apolipoproteins-like (LOC388210), mRNA [XM_001716361]
Homo sapiens ribosomal L24 domain containing 1 (RSL24D1), mRNA [NM_016304]
Homo sapiens recombination signal binding protein for immunoglobulin kappa J region (RBPJ), transcript variant 1
Homo sapiens ficolin (collagen/fibrinogen domain containing lectin) 2 (hucolin) (FCN2), transcript variant 1
Homo sapiens cDNA FLJ46594 fis, clone THYMU3045692. [AK128451]
UI-E-EO1-ajc-o-07-0-UI.r1 UI-E-EO1 Homo sapiens cDNA clone UI-E-EO1-ajc-o-07-0-UI 5', mRNA sequence
Homo sapiens tRNA aspartic acid methyltransferase 1 (TRDMT1), mRNA [NM_004412]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004563), lincRNA [TCONS_I2_00008417]
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 10 (MCM10), transcript variant 1
Homo sapiens chromobox homolog 3 pseudogene 2 (CBX3P2), non-coding RNA [NR_033754]
Homo sapiens RAN, member RAS oncogene family (RAN), mRNA [NM_006325]

Homo sapiens solute carrier family 29 (nucleoside transporters), member 1 (SLC29A1), nuclear gene
Homo sapiens NudC domain containing 1 (NUDCD1), transcript variant 1, mRNA [NM_032869]
Homo sapiens uncharacterized locus MGC21881 (MGC21881), non-coding RNA [NR_015363]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001023), lincRNA [TCONS_00000640]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003498), lincRNA [TCONS_00008035]
Homo sapiens Bcl2 modifying factor (BMF), transcript variant 1, mRNA [NM_001003940]
Homo sapiens v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 2 (AKT2), transcript variant 1, mRNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005737), lincRNA [TCONS_00012737]
Homo sapiens arginase, liver (ARG1), transcript variant 1, mRNA [NM_001244438]
Homo sapiens uncharacterized LOC400043 (LOC400043), non-coding RNA [NR_026656]
Homo sapiens nitrilase family, member 2 (NIT2), mRNA [NM_020202]
Homo sapiens myosin phosphatase Rho interacting protein (MPRIP), transcript variant 2, mRNA [NM_001003940]
Q8BT90_MOUSE (Q8BT90) 10, 11 days embryo whole body cDNA, RIKEN full-length enriched library
Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:9883] [ENST00000263277]
Homo sapiens solute carrier family 12 (potassium/chloride transporters), member 4 (SLC12A4), tran
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005770), lincRNA [TCONS_00011521]
chromosome 19 open reading frame 26 [Source:HGNC Symbol;Acc:28617] [ENST00000382477]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506421 (LOC100506421), non-coding RNA [NR_037883]
Homo sapiens dynein, axonemal, assembly factor 2 (DNAAF2), transcript variant 1, mRNA [NM_018323]
Homo sapiens BAI1-associated protein 2 (BAIAP2), transcript variant 3, mRNA [NM_006340]
Homo sapiens meningioma expressed antigen 5 (hyaluronidase) (MGEA5), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens uncharacterized LOC100130238 (LOC100130238), non-coding RNA [NR_024563]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006009), lincRNA [TCONS_00013374]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010118), lincRNA [TCONS_I2_00019181]
Homo sapiens collagen, type XXIII, alpha 1 (COL23A1), mRNA [NM_173465]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008556), lincRNA [TCONS_00017855]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012902), lincRNA [TCONS_I2_00024643]
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 32 (C3orf32), mRNA [NM_015931]
Homo sapiens gliomedin (GLDN), mRNA [NM_181789]
Homo sapiens solute carrier family 41, member 3 (SLC41A3), transcript variant 2, mRNA [NM_017823]
Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 4 (CHCHD4), nuclear gene encodi
Homo sapiens carbohydrate (N-acetylglucosamine 6-O) sulfotransferase 6 (CHST6), mRNA [NM_021123]
Homo sapiens acyl-CoA dehydrogenase, short/branched chain (ACADSB), nuclear gene encoding mi
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2D 1 (UBE2D1), transcript variant 1, mRNA [NM_003323]
Homo sapiens amylase, alpha 1C (salivary) (AMY1C), mRNA [NM_001008219]
Homo sapiens activity-dependent neuroprotector homeobox (ADNP), transcript variant 1, mRNA [NM_001008219]
Homo sapiens meiosis inhibitor 1 (MEI1), mRNA [NM_152513]
Homo sapiens Meis homeobox 2 (MEIS2), transcript variant a, mRNA [NM_170677]
Q7LOR7_HUMAN (Q7LOR7) Ring finger protein 44, partial (38%) [THC2608358]
Homo sapiens mannosidase, endo-alpha (MANEA), mRNA [NM_024641]
Homo sapiens family with sequence similarity 69, member B (FAM69B), mRNA [NM_152421]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 158 (C1orf158), mRNA [NM_152290]
Homo sapiens epithelial cell transforming sequence 2 oncogene (ECT2), mRNA [NM_018098]

Homo sapiens TCF3 (E2A) fusion partner (in childhood Leukemia) (TFPT), mRNA [NM_013342]
Homo sapiens enoyl-CoA delta isomerase 1 (ECI1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, tr
Homo sapiens lipid phosphate phosphatase-related protein type 3 (LPPR3), mRNA [NM_024888]

Homo sapiens F-box protein 38 (FBXO38), transcript variant 2, mRNA [NM_205836]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2 alpha kinase 4 (EIF2AK4), mRNA [NM_00101
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 29 (C15orf29), mRNA [NM_024713]
Homo sapiens uncharacterized LOC100270804 (LOC100270804), non-coding RNA [NR_026885]
Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 2 (Fc fragment of IgE, high affi
Homo sapiens essential meiotic endonuclease 1 homolog 1 (S. pombe) (EME1), transcript variant 2,
Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 20 (ZSCAN20), mRNA [NM_145238]
MMFIBRLNA fibrillarlin {Mus musculus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (8%) [THC2638856]
Q5TF36_HUMAN (Q5TF36) REV3-like, catalytic subunit of DNA polymerase zeta (Yeast), partial (15%
Homo sapiens pituitary tumor-transforming 3, pseudogene (PTTG3P), non-coding RNA [NR_002734]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 23 (ANKRD23), mRNA [NM_144994]
mitogen-activated protein kinase 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:6881] [ENST00000374189]
Homo sapiens EF-hand calcium binding domain 7 (EFCAB7), mRNA [NM_032437]
Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxyge
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_000657), lincRNA [TCONS_I2_00000881]
Homo sapiens THAP domain containing, apoptosis associated protein 3 pseudogene (LOC10012913)

Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 2 (ZSCAN2), transcript variant 3, mRNA [NM_
Homo sapiens 2'-5'-oligoadenylate synthetase 3, 100kDa (OAS3), mRNA [NM_006187]
Homo sapiens cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 2, mitochondrial, mRNA (cDNA clone M
1203217A dehydrogenase, glyceraldehydophosphate. {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0) , partia
Homo sapiens cDNA, FLJ99805. [AK309764]
Homo sapiens solute carrier family 34 (sodium phosphate), member 3 (SLC34A3), transcript variant
Homo sapiens microspherule protein 1 (MCRS1), transcript variant 1, mRNA [NM_006337]
Homo sapiens apolipoprotein A-I binding protein (APOA1BP), mRNA [NM_144772]
Homo sapiens ribosomal protein SA (RPSA), transcript variant 1, mRNA [NM_002295]
TRAF3 interacting protein 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:30766] [ENST00000476050]
Homo sapiens dynamin 1 (DNM1), transcript variant 1, mRNA [NM_004408]
Homo sapiens fer (fps/fes related) tyrosine kinase (FER), mRNA [NM_005246]
Homo sapiens cytidine monophosphate (UMP-CMP) kinase 1, cytosolic (CMPK1), transcript variant :
Homo sapiens zinc finger, DBF-type containing 2 (ZDBF2), mRNA [NM_020923]
Homo sapiens epithelial membrane protein 2 (EMP2), mRNA [NM_001424]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505854 (LOC100505854), non-coding RNA [NR_038361]
Homo sapiens notch 2 (NOTCH2), transcript variant 2, mRNA [NM_001200001]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014294), lincRNA [TCONS_I2_00027902]
Homo sapiens t-complex 1 (TCP1), transcript variant 1, mRNA [NM_030752]
Homo sapiens ribosomal protein L32 pseudogene 3 (RPL32P3), non-coding RNA [NR_003111]
Homo sapiens WD repeat domain 61 (WDR61), mRNA [NM_025234]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) inhibitor subunit 1 (PI31) (PSMF1), transcript vari:

Homo sapiens cDNA FLJ40796 fis, clone TRACH2007754, highly similar to DXS8237E PROTEIN. [AK09
Homo sapiens cDNA FLJ45249 fis, clone BRHIP2006921. [AK127184]
Homo sapiens cyclin G2 (CCNG2), mRNA [NM_004354]
Homo sapiens zinc finger protein 737 (ZNF737), mRNA [NM_001159293]
UI-CF-EN1-adh-h-23-0-UI.s1 UI-CF-EN1 Homo sapiens cDNA clone UI-CF-EN1-adh-h-23-0-UI 3', mRN
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (9%) [THC2
Homo sapiens glutamate-ammonia ligase (GLUL), transcript variant 1, mRNA [NM_002065]
Homo sapiens ephrin-B1 (EFNB1), mRNA [NM_004429]
Homo sapiens protein-kinase, interferon-inducible double stranded RNA dependent inhibitor, repre
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505949 (LOC100505949), miscRNA [XR_108594]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011389), lincRNA [TCONS_00023566]
Homo sapiens clone HLS_IMAGE_234376 mRNA sequence. [DQ786249]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007408), lincRNA [TCONS_00015695]
Homo sapiens pleckstrin and Sec7 domain containing 4 (PSD4), mRNA [NM_012455]
Homo sapiens pellino homolog 2 (Drosophila) (PELI2), mRNA [NM_021255]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013765), lincRNA [TCONS_I2_00027302]

Homo sapiens target of EGR1, member 1 (nuclear) (TOE1), mRNA [NM_025077]

Homo sapiens regulating synaptic membrane exocytosis 3 (RIMS3), mRNA [NM_014747]
Homo sapiens zinc finger protein 644 (ZNF644), transcript variant 1, mRNA [NM_201269]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011429), lincRNA [TCONS_00023629]
cornichon homolog (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:19431] [ENST00000557659]
Homo sapiens formin-like 2 (FMNL2), mRNA [NM_052905]
Q5E949_BOVIN (Q5E949) HMT1 hnRNP methyltransferase-like 2 isoform 3, partial (85%) [THC25207
Homo sapiens neurochondrin (NCDN), transcript variant 3, mRNA [NM_014284]
Homo sapiens neuroguidin, EIF4E binding protein (NGDN), transcript variant 1, mRNA [NM_001042]
Homo sapiens lectin, mannose-binding 2 (LMAN2), mRNA [NM_006816]
tetratricopeptide repeat domain 39B [Source:HGNC Symbol;Acc:23704] [ENST00000463391]
Homo sapiens phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate-dependent Rac exchange factor 1 (PREX1), l
Homo sapiens myoferlin (MYOF), transcript variant 1, mRNA [NM_013451]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S34 (MRPS34), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens replication factor C (activator 1) 2, 40kDa (RFC2), transcript variant 1, mRNA [NM_18
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 10 (non-protein coding) (SNHG10), non-coding RNA [N
Homo sapiens zinc finger, AN1-type domain 5 (ZFAND5), transcript variant c, mRNA [NM_006007]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_000641), lincRNA [TCONS_I2_00000849]
glutaminase [Source:HGNC Symbol;Acc:4331] [ENST00000338435]
Homo sapiens pregnancy up-regulated non-ubiquitously expressed CaM kinase (PNCK), transcript v
Homo sapiens cDNA FLJ45620 fis, clone BRTHA3027638. [AK127527]
Homo sapiens ral guanine nucleotide dissociation stimulator-like 1 (RGL1), mRNA [NM_015149]
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 4 (ARHGEF4), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens secretagoin, EF-hand calcium binding protein (SCGN), mRNA [NM_006998]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015476), lincRNA [TCONS_I2_00030169]

Homo sapiens TSPY-like 4 (TSPYL4), mRNA [NM_021648]
Homo sapiens HEAT repeat containing 6 (HEATR6), mRNA [NM_022070]
Homo sapiens nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 2 (NFATC2), tr
DKFZp761J181_r1 761 (synonym: hamy2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp761J181 5', mRNA sequ
Homo sapiens UbiA prenyltransferase domain containing 1 (UBIAD1), mRNA [NM_013319]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 201 (C20orf201), mRNA [NM_001007125]
Homo sapiens distal-less homeobox 4 (DLX4), transcript variant 1, mRNA [NM_138281]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase-like 5 (CDKL5), transcript variant I, mRNA [NM_003159]
Homo sapiens peroxisomal biogenesis factor 2 (PEX2), transcript variant 3, mRNA [NM_001172086]
Homo sapiens unknown mRNA sequence. [AY010113]
Homo sapiens lipoma HMGIC fusion partner (LHFP), mRNA [NM_005780]
Homo sapiens transketolase (TKT), transcript variant 1, mRNA [NM_001064]
Homo sapiens spinster homolog 1 (Drosophila) (SPNS1), transcript variant 1, mRNA [NM_032038]
Homo sapiens cDNA FLJ35212 fis, clone PROST1000136. [AK092531]
Homo sapiens canopy 3 homolog (zebrafish) (CNPY3), mRNA [NM_006586]
Homo sapiens cyclin H (CCNH), transcript variant 1, mRNA [NM_001239]
Homo sapiens Sfi1 homolog, spindle assembly associated (yeast) (SFI1), transcript variant 1, mRNA [
Homo sapiens gamma-glutamyl hydrolase (conjugase, folylpolygammaglutamyl hydrolase) (GGH), r
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011399), lincRNA [TCONS_I2_00021455]
Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 3 (SAMD3), transcript variant 1, mRNA [NM_0C
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008203), lincRNA [TCONS_I2_00014799]
Homo sapiens signal recognition particle 19kDa (SRP19), transcript variant 1, mRNA [NM_003135]

Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon 1 (EEF1E1), transcript variant 1, mR
Homo sapiens dolichol kinase (DOLK), mRNA [NM_014908]
Homo sapiens sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 1 (SPOCK1), r
Homo sapiens protein arginine methyltransferase 3 (PRMT3), transcript variant 1, mRNA [NM_0057
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004644), lincRNA [TCONS_00010838]
Homo sapiens UBX domain protein 8 (UBXN8), mRNA [NM_005671]
Homo sapiens fibronectin type III and ankyrin repeat domains 1 (FANK1), mRNA [NM_145235]
Homo sapiens ubiquitin-like modifier activating enzyme 2 (UBA2), mRNA [NM_005499]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 27 (C20orf27), mRNA [NM_001039140]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011333), lincRNA [TCONS_00023488]

Homo sapiens myosin phosphatase Rho interacting protein (MPRIP), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens cDNA FLJ36869 fis, clone ASTRO2016819. [AK094188]
Homo sapiens zinc finger, AN1-type domain 5 (ZFAND5), transcript variant c, mRNA [NM_006007]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012462), lincRNA [TCONS_00025629]
Homo sapiens PHD finger protein 19 (PHF19), transcript variant 2, mRNA [NM_001009936]
Homo sapiens FGFR1 oncogene partner 2 (FGFR1OP2), transcript variant 1, mRNA [NM_015633]
Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member D (CLEC4D), mRNA [NM_080387]
ataxin 7-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:22210] [ENST00000388807]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100289627 (LOC100289627), miscRNA [XR_110080]
Homo sapiens cDNA FLJ42547 fis, clone BRACE3004880. [AK124538]

Homo sapiens PITH (C-terminal proteasome-interacting domain of thioredoxin-like) domain contain
Homo sapiens zinc finger protein 322 (ZNF322), transcript variant 1, mRNA [NM_001242797]
Homo sapiens chromosome alignment maintaining phosphoprotein 1 (CHAMP1), transcript variant
603075994F1 NIH_MGC_119 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5168014 5', mRNA sequence [BI826
Homo sapiens SAP domain containing ribonucleoprotein (SARNP), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens interferon regulatory factor 2 (IRF2), mRNA [NM_002199]
Homo sapiens ketohexokinase (fructokinase) (KHK), transcript variant a, mRNA [NM_000221]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006833), lincRNA [TCONS_00015293]
Homo sapiens dihydrofolate reductase (DHFR), mRNA [NM_000791]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A2/B1 (HNRNPA2B1), transcript variant A2
Homo sapiens apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3C (APOBEC3C), m
Homo sapiens geminin, DNA replication inhibitor (GMNN), transcript variant 1, mRNA [NM_015895]
Homo sapiens anti-Mullerian hormone receptor, type II (AMHR2), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens cDNA FLJ41115 fis, clone BRACE1000533. [AK123110]
Homo sapiens zinc finger with KRAB and SCAN domains 5 (ZKSCAN5), transcript variant 1, mRNA [NI
Q7D2C0_AGR5 (Q7D2C0) AGR_C_35p, partial (4%) [THC2498284]
DB340689 TESTI4 Homo sapiens cDNA clone TESTI4023425 3', mRNA sequence [DB340689]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505683 (LOC100505683), miscRNA [XR_109654]
Homo sapiens uncharacterized LOC25845 (PP7080), non-coding RNA [NR_024158]
Homo sapiens glycerol-3-phosphate acyltransferase, mitochondrial (GPAM), nuclear gene encoding
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 5 (trithorax homolog, Drosophila) (MLL
Homo sapiens 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 4 (lysophosphatidic acid acyltransferase
Homo sapiens retinol dehydrogenase 13 (all-trans/9-cis) (RDH13), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens CD109 molecule (CD109), transcript variant 1, mRNA [NM_133493]
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 71 (C3orf71), mRNA [NM_001123040]
Homo sapiens uncharacterized LOC387723 (LOC387723), non-coding RNA [NR_034125]
Homo sapiens cDNA FLJ46317 fis, clone TESTI4041832. [AK128830]
Homo sapiens spermatogenesis associated 5 (SPATA5), mRNA [NM_145207]
Homo sapiens ceroid-lipofuscinosis, neuronal 3 (CLN3), transcript variant 1, mRNA [NM_001042432]
Homo sapiens dysbindin (dystrobrevin binding protein 1) domain containing 2 (DBNDD2), transcript
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 42 (ZBTB42), mRNA [NM_001137601]
Homo sapiens angio-associated, migratory cell protein (AAMP), mRNA [NM_001087]
Homo sapiens ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 1 (EDEM1), mRNA [NM_014674]
coiled-coil and C2 domain containing 2B [Source:HGNC Symbol;Acc:31666] [ENST00000371198]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014835), lincRNA [TCONS_I2_00028817]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007013), lincRNA [TCONS_I2_00013034]
Homo sapiens uncharacterized LOC729678 (LOC729678), non-coding RNA [NR_027183]
Homo sapiens methionyl aminopeptidase 2 (METAP2), mRNA [NM_006838]
Homo sapiens EF-hand domain (C-terminal) containing 2 (EFHC2), mRNA [NM_025184]
Homo sapiens spinster homolog 3 (Drosophila) (SPNS3), mRNA [NM_182538]
Homo sapiens oxytocin receptor (OXTR), mRNA [NM_000916]
Homo sapiens CD8b molecule (CD8B), transcript variant 4, mRNA [NM_172102]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC646719 (LOC646719), miscRNA [XR_112726]
Homo sapiens protocadherin gamma subfamily A, 7 (PCDHGA7), transcript variant 2, mRNA [NM_03

Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 6 pseudogene (LOC729668), non-coding RNA [F

Homo sapiens zinc finger, MYND-type containing 12 (ZMYND12), transcript variant 1, mRNA [NM_0

Homo sapiens germ cell associated 1 (GSG1), transcript variant 3, mRNA [NM_001080554]

Homo sapiens tubulin, beta 4B class IVb (TUBB4B), mRNA [NM_006088]

Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 24 (C11orf24), mRNA [NM_022338]

Homo sapiens clone HLS_IMAGE_234376 mRNA sequence. [DQ786249]

Homo sapiens ubiquinol-cytochrome c reductase complex chaperone (UQCC), nuclear gene encodin

Homo sapiens spindlin family, member 3 (SPIN3), transcript variant 1, mRNA [NM_001010862]

Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 8 (SAMD8), transcript variant 2, mRNA [NM_14

BROAD Institute lincRNA (XLOC_010235), lincRNA [TCONS_00020966]

DB059001 TESTI2 Homo sapiens cDNA clone TESTI2051854 5', mRNA sequence [DB059001]

Homo sapiens KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 3 (KDEL3)

DKFZp761J181_r1 761 (synonym: hamy2) Homo sapiens cDNA clone DKFZp761J181 5', mRNA seque

Homo sapiens cDNA FLJ27292 fis, clone TMS02686. [AK130802]

Homo sapiens DNA (cytosine-5-)-methyltransferase 1 (DNMT1), transcript variant 1, mRNA [NM_00

Homo sapiens upstream transcription factor 2, c-fos interacting (USF2), transcript variant 1, mRNA [

RC3-HT0470-180900-113-h03 HT0470 Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [CV417146]

Homo sapiens cDNA FLJ37693 fis, clone BRHIP2014954. [AK095012]

Homo sapiens family with sequence similarity 60, member A (FAM60A), transcript variant 2, mRNA

Homo sapiens N-sulfoglucosamine sulfohydrolase (SGSH), mRNA [NM_000199]

Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase
bone marrow stromal cell antigen 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:1119] [ENST00000252593]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_003226), lincRNA [TCONS_00006620]

Homo sapiens androgen-induced 1 (AIG1), mRNA [NM_016108]

Homo sapiens archaelysin family metallopeptidase 2 pseudogene 1 (AMZ2P1), non-coding RNA [NR

Homo sapiens profilin 1 pseudogene 2 (PFN1P2), non-coding RNA [NR_003242]

RS10_HUMAN (P46783) 40S ribosomal protein S10, partial (80%) [THC2600290]

Q2E3E3_ACICE (Q2E3E3) Pyrrolo-quinoline quinone, partial (4%) [THC2644607]

Homo sapiens amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family B, member 2 (APBB2), transcript

Homo sapiens uncharacterized LOC151534 (LOC151534), non-coding RNA [NR_024606]

family with sequence similarity 183, member A [Source:HGNC Symbol;Acc:34347] [ENST000004093]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S11 (MRPS11), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens protocadherin gamma subfamily B, 4 (PCDHGB4), transcript variant 2, mRNA [NM_03

Homo sapiens peptidyl arginine deiminase, type II (PADI2), mRNA [NM_007365]

Homo sapiens NHP2 non-histone chromosome protein 2-like 1 (*S. cerevisiae*) (NHP2L1), transcript v

Homo sapiens carboxylesterase 1 (CES1), transcript variant 1, mRNA [NM_001025195]

Homo sapiens prokineticin 2 (PROK2), transcript variant 2, mRNA [NM_021935]

ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (20%) [THC:

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 6 (ABCC6), transcript varian

Homo sapiens nei endonuclease VIII-like 3 (*E. coli*) (NEIL3), mRNA [NM_018248]

Homo sapiens RAN binding protein 2 (RANBP2), mRNA [NM_006267]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506293 (LOC100506293), miscRNA [XR_110487]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507351 (LOC100507351), non-coding RNA [NR_040050]
Homo sapiens WD repeat domain 46 (WDR46), transcript variant 1, mRNA [NM_005452]
Homo sapiens regulator of G-protein signaling 5 (RGS5), transcript variant 1, mRNA [NM_003617]
Homo sapiens RCAN family member 3 (RCAN3), transcript variant 1, mRNA [NM_013441]
Homo sapiens uncharacterized LOC100289230 (LOC100289230), non-coding RNA [NR_036530]
Homo sapiens zinc finger protein 497 (ZNF497), mRNA [NM_198458]
Homo sapiens furry homolog (Drosophila) (FRY), mRNA [NM_023037]
Homo sapiens polycomb group ring finger 3 (PCGF3), mRNA [NM_006315]
Homo sapiens zinc finger protein 358 (ZNF358), mRNA [NM_018083]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100653017 (LOC100653017), miscRNA [XR_132899]
Homo sapiens CUGBP, Elav-like family member 6 (CELF6), transcript variant 2, mRNA [NM_0011726]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 7 (C16orf7), mRNA [NM_004913]
Homo sapiens matrix metalloproteinase 28 (MMP28), transcript variant 3, mRNA [NM_001032278]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000301), lincRNA [TCONS_00001034]
Homo sapiens osteoclast associated, immunoglobulin-like receptor (OSCAR), transcript variant 1, m
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 52 (C1orf52), transcript variant 1, mRNA [NM_19
Homo sapiens zinc finger protein 451 (ZNF451), transcript variant 1, mRNA [NM_001031623]
Homo sapiens UFM1-specific peptidase 2 (UFSP2), transcript variant 1, mRNA [NM_018359]
ALU8_HUMAN (P39195) Alu subfamily SX sequence contamination warning entry, partial (20%) [TH
Homo sapiens pyruvate dehydrogenase phosphatase catalytic subunit 1 (PDP1), nuclear gene encodi
Homo sapiens differentially expressed in FDCP 8 homolog (mouse) (DEF8), transcript variant 2, mRN

Homo sapiens phospholipase A2, group X (PLA2G10), mRNA [NM_003561]
Homo sapiens cDNA FLJ42179 fis, clone THYMU2030796. [AK124173]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 6 (l
Homo sapiens beta-carotene oxygenase 2 (BCO2), transcript variant 1, mRNA [NM_031938]
Homo sapiens GPN-loop GTPase 2 (GPN2), mRNA [NM_018066]
Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase 2, neutral membrane (neutral sphingomyelinase) (l
Homo sapiens ribosomal protein S10 (RPS10), transcript variant 2, mRNA [NM_001014]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007909), lincRNA [TCONS_00017112]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 57 (C11orf57), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens family with sequence similarity 54, member A (FAM54A), transcript variant 2, mRNA
HCG2045795 Novel protein Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q5T400] [ENST
Homo sapiens golgin B1 (GOLGB1), mRNA [NM_004487]
Homo sapiens fibronectin type III domain containing 3B (FNDC3B), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens ribosomal protein S28 (RPS28), mRNA [NM_001031]
Homo sapiens visual system homeobox 1 (VSX1), transcript variant 2, mRNA [NM_199425]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor 5 (CCR5), transcript variant A, mRNA [NM_000579]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily V, member 2 (TRPV2), mRNA [
Homo sapiens transmembrane 7 superfamily member 2 (TM7SF2), mRNA [NM_003273]
Homo sapiens makorin ring finger protein 1 (MKRN1), transcript variant 1, mRNA [NM_013446]

Homo sapiens synaptogyrin 1 (SYNGR1), transcript variant 1c, mRNA [NM_145738]
Homo sapiens serine/threonine kinase 24 (STK24), transcript variant 2, mRNA [NM_001032296]
Homo sapiens actin, gamma 2, smooth muscle, enteric pseudogene (LOC648740), non-coding RNA [NM_001032296]
Homo sapiens solute carrier family 48 (heme transporter), member 1 (SLC48A1), mRNA [NM_01784]
Q7M4L7_HUMAN (Q7M4L7) Galactosylceramide-like protein, GCP, partial (25%) [THC2719594]
Homo sapiens low density lipoprotein receptor class A domain containing 3 (LDLRAD3), mRNA [NM_001032296]
Homo sapiens replication protein A1, 70kDa (RPA1), mRNA [NM_002945]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007475), lincRNA [TCONS_00016656]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003052), lincRNA [TCONS_00007118]
Homo sapiens dedicator of cytokinesis 5 (DOCK5), mRNA [NM_024940]
Homo sapiens dipeptidyl-peptidase 3 (DPP3), transcript variant 2, mRNA [NM_130443]
Homo sapiens ring finger protein 145 (RNF145), transcript variant 2, mRNA [NM_144726]
Homo sapiens 2-oxoglutarate and iron-dependent oxygenase domain containing 2 (OGFOD2), mRNA [NM_001032296]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-2 (SNORD114-2), small nucleolar RNA [NR_003194]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2 (HNRNPA1L2), transcript variant 1 [NM_001032296]
Homo sapiens cDNA FLJ43534 fis, clone PLACE7001936. [AK125522]
Homo sapiens uncoupling protein 3 (mitochondrial, proton carrier) (UCP3), nuclear gene encoding rRNA [NM_001032296]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:30318308, partial cds. [BC070327]
Homo sapiens protein (peptidylprolyl cis/trans isomerase) NIMA-interacting, 4 (parvulin) (PIN4), nuclear gene [NM_001032296]
Homo sapiens ELL associated factor 2 (EAF2), mRNA [NM_018456]
Homo sapiens transmembrane 7 superfamily member 4 (TM7SF4), mRNA [NM_030788]
Homo sapiens cDNA FLJ25155 fis, clone CBR07976. [AK057884]
Homo sapiens regulator of chromosome condensation (RCC1) and BTB (POZ) domain containing protein [NM_001032296]
Homo sapiens ecotropic viral integration site 2B (EVI2B), mRNA [NM_006495]
Homo sapiens uncharacterized LOC440028 (LOC440028), non-coding RNA [NR_033972]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010829), lincRNA [TCONS_00022504]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 12A (HSPA12A), mRNA [NM_025015]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 57 pseudogene (LOC389834), non-coding RNA [NR_027420]
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 11 (ARHGEF11), transcript variant 2, nuclear gene [NM_001032296]
heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like [Source:HGNC Symbol;Acc:25127] [ENST000004491]
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 43 (C14orf43), transcript variant 1, mRNA [NM_001032296]
Homo sapiens chromatin accessibility complex 1 (CHRAC1), transcript variant 1, mRNA [NM_017444]

Homo sapiens tubulointerstitial nephritis antigen-like 1 (TINAGL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001032296]
Homo sapiens peroxisomal trans-2-enoyl-CoA reductase (PECR), mRNA [NM_018441]
Homo sapiens peptidase D (PEPD), transcript variant 1, mRNA [NM_000285]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 30 (ARHGAP30), transcript variant 2, mRNA [NM_1817]
Homo sapiens double homeobox 4 (DUX4), mRNA [NM_033178]
Homo sapiens dCMP deaminase (DCTD), transcript variant 1, mRNA [NM_001012732]
Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1-like 1 (PRPS1L1), mRNA [NM_175886]
Homo sapiens KIAA0415 (KIAA0415), mRNA [NM_014855]
Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kazal type 1 (SPINK1), mRNA [NM_003122]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:40113004. [BC128161]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014711), lincRNA [TCONS_I2_00028630]

Homo sapiens lysophospholipase II (LYPLA2), mRNA [NM_007260]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 6 (MAPK6), mRNA [NM_002748]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 111 (CCDC111), mRNA [NM_152683]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit I (EIF3I), mRNA [NM_003757]
Homo sapiens sphingosine-1-phosphate phosphatase 1 (SGPP1), mRNA [NM_030791]
DB097934 TESTI4 Homo sapiens cDNA clone TESTI4049315 5', mRNA sequence [DB097934]
Homo sapiens scavenger receptor class F, member 1 (SCARF1), transcript variant 5, mRNA [NM_145
Homo sapiens unc-5 homolog B (C. elegans) (UNC5B), transcript variant 1, mRNA [NM_170744]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 5 (C9orf5), mRNA [NM_032012]
Homo sapiens calcineurin-like phosphoesterase domain containing 1 (CPPED1), transcript variant 1,
Homo sapiens hypoxia up-regulated 1 (HYOU1), transcript variant 1, mRNA [NM_006389]
Homo sapiens glucosidase, alpha; acid (GAA), transcript variant 1, mRNA [NM_000152]
Homo sapiens ring finger protein 114 (RNF114), mRNA [NM_018683]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 144A (CCDC144A), mRNA [NM_014695]
Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family A member 5 (PLEKHA5), transcript va
Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A2 (ANKRD20A2), mRNA [NM_001012421
DB340689 TESTI4 Homo sapiens cDNA clone TESTI4023425 3', mRNA sequence [DB340689]
Homo sapiens UBA domain containing 1 (UBAC1), mRNA [NM_016172]
Homo sapiens haloacid dehalogenase-like hydrolase domain containing 3 (HDHD3), mRNA [NM_031
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3 pseudo
Homo sapiens asp (abnormal spindle) homolog, microcephaly associated (Drosophila) (ASPM), trans
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012374), lincRNA [TCONS_I2_00025079]
Homo sapiens forkhead box P4 (FOXP4), transcript variant 1, mRNA [NM_001012426]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506802, transcript variant 2 (LOC100506802), miscF
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-30 (SNORD114-30), small nucleolar RNA [NR_0032
Homo sapiens BCL2-associated transcription factor 1 (BCLAF1), transcript variant 1, mRNA [NM_014
Homo sapiens basic helix-loop-helix domain containing, class B, 9 (BHLHB9), transcript variant 2, mF

Homo sapiens UDP-glucose ceramide glucosyltransferase (UGCG), mRNA [NM_003358]
Homo sapiens leucine zipper protein 1 (LUZP1), transcript variant 1, mRNA [NM_033631]
Homo sapiens furry homolog (Drosophila) (FRY), mRNA [NM_023037]
Homo sapiens caveolin 2 (CAV2), transcript variant 1, mRNA [NM_001233]
Homo sapiens pyrophosphatase (inorganic) 1 (PPA1), mRNA [NM_021129]
Homo sapiens myelin protein zero-like 3 (MPZL3), mRNA [NM_198275]
Homo sapiens lactate dehydrogenase B (LDHB), transcript variant 2, mRNA [NM_001174097]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_011415), lincRNA [TCONS_I2_00021481]
Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class W (PIGW), mRNA [NM_178517
PREDICTED: Homo sapiens NS3BP (NS3BP), miscRNA [XR_109071]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002766), lincRNA [TCONS_00006158]
Homo sapiens mRNA for FLJ00369 protein. [AK090448]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 19 (USP19), transcript variant 4, mRNA [NM_006677]
Homo sapiens transglutaminase 2 (C polypeptide, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (
Homo sapiens UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 3 (B4GALT3), trans

Homo sapiens melanoma antigen family F, 1 (MAGEF1), mRNA [NM_022149]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 2 (EIF2AK2), transcript variant 1
Homo sapiens breast carcinoma amplified sequence 3 (BCAS3), transcript variant 2, mRNA [NM_017
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006329), lincRNA [TCONS_00014246]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 43 (C12orf43), mRNA [NM_022895]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015804), lincRNA [TCONS_I2_00030847]
Homo sapiens promyelocytic leukemia (PML), transcript variant 1, mRNA [NM_033238]
Homo sapiens microcephalin 1 (MCPH1), transcript variant 2, mRNA [NM_001172574]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100287063 (LOC100287063), mRNA [XM_00234
Homo sapiens AF4/FMR2 family, member 1 (AFF1), transcript variant 2, mRNA [NM_005935]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014602), lincRNA [TCONS_I2_00028340]
Homo sapiens phosphotriesterase related (PTER), transcript variant 1, mRNA [NM_001001484]
Uncharacterized protein [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:B5MD08] [ENST00000407600]
Homo sapiens topoisomerase (DNA) II alpha 170kDa (TOP2A), mRNA [NM_001067]

Homo sapiens uncharacterized LOC643770 (LOC643770), non-coding RNA [NR_038383]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (11%) [THC
Homo sapiens MTOR associated protein, LST8 homolog (S. cerevisiae) (MLST8), transcript variant 1,
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member A (F
Homo sapiens developmental pluripotency associated 4 (DPPA4), mRNA [NM_018189]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004854), lincRNA [TCONS_I2_00008964]
Homo sapiens golgi integral membrane protein 4 (GOLIM4), mRNA [NM_014498]
Homo sapiens Morf4 family associated protein 1-like 1 pseudogene (LOC93622), non-coding RNA [N
Homo sapiens golgi-associated PDZ and coiled-coil motif containing (GOPC), transcript variant 1, mF
Homo sapiens RAS protein activator like 2 (RASAL2), transcript variant 2, mRNA [NM_170692]
Homo sapiens ring finger protein 10 (RNF10), mRNA [NM_014868]
ELOVL fatty acid elongase 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:15829] [ENST00000394607]
Homo sapiens profilin 1 pseudogene 2 (PFN1P2), non-coding RNA [NR_003242]
Q6PFN6_BRARE (Q6PFN6) Cirbp protein, partial (18%) [THC2604998]
Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, kainate 3 (GRIK3), mRNA [NM_000831]
Homo sapiens retinoblastoma binding protein 5 (RBBP5), transcript variant 2, mRNA [NM_0011932

Homo sapiens FAD-dependent oxidoreductase domain containing 2 (FOXRED2), transcript variant 1,
Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1 (PRPS1), transcript variant 1, mRNA [NM
GB

Homo sapiens myocardial infarction associated transcript (non-protein coding) (MIAT), transcript va
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000667), lincRNA [TCONS_00001367]
Homo sapiens family with sequence similarity 131, member A (FAM131A), transcript variant 1, mRN
Homo sapiens ring finger protein 43 (RNF43), mRNA [NM_017763]
Homo sapiens myxovirus (influenza virus) resistance 1, interferon-inducible protein p78 (mouse) (M
Homo sapiens spermatogenesis associated 2 (SPATA2), transcript variant 1, mRNA [NM_006038]
Homo sapiens ribosomal protein S16 (RPS16), mRNA [NM_001020]
transforming growth factor, beta receptor II (70/80kDa) [Source:HGNC Symbol;Acc:11773] [ENST00
Homo sapiens membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 14 (MS4A14), transcript varia

Homo sapiens ARP3 actin-related protein 3 homolog B (yeast) pseudogene 5 (ACTR3BP5), non-coding RNA [NR_022551]
Homo sapiens ribosomal protein S18 (RPS18), mRNA [NM_022551]
Homo sapiens RNA, 28S ribosomal 1 (RN28S1), ribosomal RNA [NR_003287]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007896), lincRNA [TCONS_00016514]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 18 (C2orf18), mRNA [NM_017877]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 57 pseudogene (LOC389834), non-coding RNA [NR_027420]
Homo sapiens v-abl Abelson murine leukemia viral oncogene homolog 2 (ABL2), transcript variant e
Homo sapiens ankyrin repeat and LEM domain containing 2 (ANKLE2), mRNA [NM_015114]
Homo sapiens polymerase (DNA-directed), delta 3, accessory subunit (POLD3), mRNA [NM_006591]
Q6V5H5_9BRAS (Q6V5H5) Pollen coat oleosin-glycine rich protein, partial (13%) [THC2686826]
Homo sapiens EMG1 nucleolar protein homolog (*S. cerevisiae*) (EMG1), mRNA [NM_006331]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical MGC13053 (MGC13053), miscRNA [XR_110526]
Homo sapiens cDNA FLJ37706 fis, clone BRHIP2017542, moderately similar to *Mus musculus* mRNA
Homo sapiens chromodomain helicase DNA binding protein 4 (CHD4), mRNA [NM_001273]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 6 (MAP2K6), mRNA [NM_002758]
Homo sapiens nuclear autoantigenic sperm protein (histone-binding) (NASP), transcript variant 2, mRNA [NM_001141]
Homo sapiens multiple EGF-like-domains 8 (MEGF8), mRNA [NM_001410]
Homo sapiens solute carrier family 25, member 13 (citric) (SLC25A13), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_001141]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 30 (C7orf30), mRNA [NM_138446]
Homo sapiens SPLA/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 3 (SPSB3), mRNA [NM_001141]
Homo sapiens brain-specific angiogenesis inhibitor 2 (BAI2), mRNA [NM_001703]
Homo sapiens hairy and enhancer of split 6 (*Drosophila*) (HES6), transcript variant 1, mRNA [NM_001141]
Homo sapiens uncharacterized LOC550112 (LOC550112), non-coding RNA [NR_015439]
Homo sapiens tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase (TNKS), mRNA [NM_001141]
Homo sapiens COX10 homolog, cytochrome c oxidase assembly protein, heme A: farnesyltransferase [NM_001141]

Q5T1D1_HUMAN (Q5T1D1) OTTHUMP00000017090 (Fragment), partial (95%) [THC2513598]
Q96G65_HUMAN (Q96G65) Mitochondrial intermediate peptidase, partial (12%) [THC2611459]
centriolin [Source:HGNC Symbol;Acc:1858] [ENST00000373844]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit B', alpha (PPP2R5A), transcript variant 1, mRNA [NM_001141]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009829), lincRNA [TCONS_00020512]
Homo sapiens coagulation factor C homolog, cochlin (*Limulus polyphemus*) (COCH), transcript variant 1, mRNA [NM_001141]
Homo sapiens family with sequence similarity 105, member B (FAM105B), mRNA [NM_138348]

Q8NDX4_HUMAN (Q8NDX4) PREBP1 protein, complete [THC2471066]
Homo sapiens cDNA FLJ30384 fis, clone BRACE2008114. [AK054946]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007607), lincRNA [TCONS_00016214]

Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 1 (B3GNT1), mRNA [NM_001141]
Homo sapiens homolog of rat *pragm* of Rnd2 (SGK223), mRNA [NM_001080826]
Homo sapiens septin 14 (SEPT14), mRNA [NM_207366]
Homo sapiens UDP glucuronosyltransferase 2 family, polypeptide B7 (UGT2B7), mRNA [NM_001074]

Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 10 (ABCB10), nuclear gene e

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008251), lincRNA [TCONS_00017098]
Homo sapiens superkiller viralicidic activity 2-like 2 (*S. cerevisiae*) (SKIV2L2), mRNA [NM_015360]
Homo sapiens cytochrome c-1 (CYC1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens cDNA FLJ43006 fis, clone BRTHA2013707. [AK124996]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide K, 12.3 kDa (POLR3K), mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens CWC22 spliceosome-associated protein homolog (*S. cerevisiae*) (CWC22), mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens MIRLET7B host gene (non-protein coding) (MIRLET7BHG), non-coding RNA [NR_027000]
Homo sapiens KIAA1984 (KIAA1984), mRNA [NM_001039374]
Homo sapiens keratin 9 (KRT9), mRNA [NM_000226]
SH3 domain containing 21 [Source:HGNC Symbol;Acc:26236] [ENST00000480549]
Homo sapiens olfactory receptor, family 10, subfamily H, member 2 (OR10H2), mRNA [NM_013939]
Homo sapiens N(alpha)-acetyltransferase 30, NatC catalytic subunit (NAA30), mRNA [NM_001011700]
Homo sapiens TP53 regulating kinase (TP53RK), mRNA [NM_033550]
Homo sapiens ring finger protein 219 (RNF219), mRNA [NM_024546]
Homo sapiens MAK16 homolog (*S. cerevisiae*) (MAK16), mRNA [NM_032509]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001908), lincRNA [TCONS_00004060]
Homo sapiens tetra-peptide repeat homeobox 1 (TPRX1), mRNA [NM_198479]
Homo sapiens estrogen receptor binding site associated, antigen, 9 (EBAG9), transcript variant 1, mRNA [NM_016462]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 41 (ZBTB41), mRNA [NM_194314]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128909 (LOC100128909), miscRNA [XR_108975]
BX116740 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998A183814, mRNA sequence [AF040000]
Homo sapiens transmembrane protein 14C (TMEM14C), transcript variant 2, mRNA [NM_016462]
Homo sapiens stromal cell derived factor 4 (SDF4), transcript variant 2, mRNA [NM_016176]

Homo sapiens apoptosis antagonizing transcription factor (AATF), mRNA [NM_012138]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003134), lincRNA [TCONS_00005776]
Homo sapiens diacylglycerol O-acyltransferase 1 (DGAT1), mRNA [NM_012079]
Homo sapiens adenylosuccinate synthase like 1 (ADSSL1), transcript variant 1, mRNA [NM_199165]
ALU2_HUMAN (P39189) Alu subfamily SB sequence contamination warning entry, partial (15%) [TH000000]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 113-2 (SNORD113-2), small nucleolar RNA [NR_003230]
Homo sapiens sulfotransferase family 4A, member 1 (SULT4A1), mRNA [NM_014351]
Homo sapiens ATPase, Ca⁺⁺ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2 (ATP2A2), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens nipsnap homolog 3B (*C. elegans*) (NIPSNAP3B), mRNA [NM_018376]
Homo sapiens N-acyl phosphatidylethanolamine phospholipase D (NAPEPLD), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens CDC-like kinase 3 (CLK3), transcript variant 2, mRNA [NM_003992]
DENN/MADD domain containing 4C [Source:HGNC Symbol;Acc:26079] [ENST00000380424]
Homo sapiens uncharacterized LOC253573 (LOC253573), non-coding RNA [NR_033844]
Homo sapiens cullin 1 (CUL1), mRNA [NM_003592]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002580), lincRNA [TCONS_00005950]
Homo sapiens calcium binding protein 39-like (CAB39L), transcript variant 2, mRNA [NM_001079670]
Homo sapiens signal recognition particle 72kDa (SRP72), mRNA [NM_006947]
PREDICTED: Homo sapiens protein FAM27E3-like (LOC100132439), mRNA [XM_001719283]
Homo sapiens 8-oxoguanine DNA glycosylase (OGG1), nuclear gene encoding mitochondrial protein [AF040000]
Homo sapiens SP100 nuclear antigen (SP100), transcript variant 2, mRNA [NM_003113]

Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 10 (C11orf10), mRNA [NM_014206]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100508202 (LOC100508202), miscRNA [XR_112611]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000441), lincRNA [TCONS_00000324]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652950, transcript variant 2 (LOC100652950), miscF
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 28 (C2orf28), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens RPA interacting protein (RPAIN), transcript variant 5, mRNA [NM_001160266]
Homo sapiens cAMP responsive element binding protein 5 (CREB5), transcript variant 1, mRNA [NM
Homo sapiens cDNA FLJ40824 fis, clone TRACH2011113. [AK098143]
Homo sapiens beta-site APP-cleaving enzyme 2 (BACE2), transcript variant a, mRNA [NM_012105]
Homo sapiens Ts translation elongation factor, mitochondrial (TSFM), nuclear gene encoding mitoc
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652991 (LOC100652991), miscRNA [XR_132704]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507462 (LOC100507462), mRNA [NM_001242740]
AGENCOURT_10018270 NIH_MGC_142 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6495000 5', mRNA seque
Homo sapiens high mobility group box 3 pseudogene 1 (HMGB3P1), non-coding RNA [NR_002165]
Homo sapiens chemokine (C-C motif) receptor 7 (CCR7), mRNA [NM_001838]
Homo sapiens FAD1 flavin adenine dinucleotide synthetase homolog (*S. cerevisiae*) (FLAD1), transcr
Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 5 (CHCHD5), mRNA [NM_032309]
Homo sapiens synaptic vesicle glycoprotein 2A (SV2A), mRNA [NM_014849]
Q6VEP1_HUMAN (Q6VEP1) F379 retina specific protein, partial (39%) [THC2660571]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 15 (DUSP15), transcript variant 1, mRNA [NM_080611]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 111 (C1orf111), mRNA [NM_182581]
Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein (MAL), transcript variant a, mRNA [NM_002371]
inositol-trisphosphate 3-kinase B [Source:HGNC Symbol;Acc:6179] [ENST00000366784]
Homo sapiens ribosomal protein L11 (RPL11), transcript variant 1, mRNA [NM_000975]
Homo sapiens glycerophosphodiester phosphodiesterase domain containing 1 (GDPD1), transcript v
Homo sapiens metallothionein 1A (MT1A), mRNA [NM_005946]
Homo sapiens zinc finger protein 366 (ZNF366), mRNA [NM_152625]
Homo sapiens cDNA FLJ37785 fis, clone BRHIP2028330. [AK095104]
Homo sapiens programmed cell death 2-like (PDCD2L), mRNA [NM_032346]
Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), transcript variant 2, mRNA [NM_02274
Homo sapiens upstream binding transcription factor, RNA polymerase I (UBTF), transcript variant 2,
Homo sapiens potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 1 (KCNQ1), transcript
Homo sapiens ELAV (embryonic lethal, abnormal vision, *Drosophila*)-like 4 (Hu antigen D) (ELAVL4),
Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 1 (MARCH1), transcript variant 2, mRNA [N
family with sequence similarity 83, member G [Source:HGNC Symbol;Acc:32554] [ENST0000038899
Homo sapiens dopamine receptor D5 (DRD5), mRNA [NM_000798]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506301 (LOC100506301), miscRNA [XR_110050]
Homo sapiens pyrophosphatase (inorganic) 1 (PPA1), mRNA [NM_021129]
Homo sapiens interleukin 2 receptor, beta (IL2RB), mRNA [NM_000878]
Homo sapiens protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type I, alpha (tissue specific extinguishe
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003842), lincRNA [TCONS_00008392]
Homo sapiens endoplasmic reticulum-golgi intermediate compartment (ERGIC) 1 (ERGIC1), mRNA [I

BROAD Institute lincRNA (XLOC_000090), lincRNA [TCONS_00001956]

Homo sapiens lysosomal-associated membrane protein 1 (LAMP1), mRNA [NM_005561]

Homo sapiens zinc finger, FYVE domain containing 28 (ZFYVE28), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) (ALS2), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 1 (IGSF1), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]
GB

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L15 (MRPL15), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens PARK2 co-regulated-like (PACRGL), transcript variant 1, mRNA [NM_145048]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401357 (LOC401357), miscRNA [XR_132811]

Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 9 (C11orf9), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens centriolar coiled coil protein 110kDa (CCP110), transcript variant 2, mRNA [NM_014700]

Q9YJT2_HBV (Q9YJT2) X protein precursor, partial (10%) [THC2701769]

Homo sapiens RNA binding motif protein 34 (RBM34), transcript variant 2, mRNA [NM_001161533]

Homo sapiens COMM domain containing 6 (COMMD6), transcript variant 1, mRNA [NM_203497]

Homo sapiens LYR motif containing 4 (LYRM4), transcript variant 1, mRNA [NM_020408]

Homo sapiens synovial sarcoma translocation, chromosome 18 (SS18), transcript variant 1, mRNA [F05100]

Homo sapiens transmembrane protein 125 (TMEM125), mRNA [NM_144626]

Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 52kDa, polypeptide 1 (RPS6KC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens uncharacterized LOC100306951 (LOC100306951), non-coding RNA [NR_028514]

Homo sapiens potassium channel modulatory factor 1 (KCMF1), mRNA [NM_020122]

Homo sapiens leucine zipper transcription factor-like 1 (LZTFL1), mRNA [NM_020347]

Homo sapiens Fc fragment of IgG, high affinity Ib, receptor (CD64) (FCGR1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens neuromedin B (NMB), transcript variant 1, mRNA [NM_021077]

Homo sapiens natural killer cell group 7 sequence (NKG7), mRNA [NM_005601]

Homo sapiens peptidase M20 domain containing 2 (PM20D2), mRNA [NM_001010853]

Homo sapiens phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class S (PIGS), mRNA [NM_033198]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100287628, transcript variant 1 (LOC100287628), miscRNA [XR_132811]

Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide I, 14.5kDa (POLR2I), mRNA [NM_000001]

MON2 homolog (*S. cerevisiae*) [Source:HGNC Symbol;Acc:29177] [ENST00000549378]

CR745891 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp971N2059 ; IMAGE:1409837 5', mRNA [F05100]
zinc finger protein 36, C3H type-like 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:1107] [ENST00000408913]

Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001040153]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007033), lincRNA [TCONS_I2_00013077]

Homo sapiens uncharacterized LOC100507584 (LOC100507584), non-coding RNA [NR_038989]

Homo sapiens RAD51 associated protein 1 (RAD51AP1), transcript variant 2, mRNA [NM_006479]

Homo sapiens uridine-cytidine kinase 1-like 1 (UCKL1), transcript variant 1, mRNA [NM_017859]

Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin 8 (SIGLEC8), mRNA [NM_014442]

Homo sapiens endonuclease G (ENDOG), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001001001]

Homo sapiens cDNA FLJ46552 fis, clone THYMU3038759. [AK128409]

KN motif and ankyrin repeat domains 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:24796] [ENST00000381056]

transmembrane anterior posterior transformation 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:26887] [ENST00000
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 5 (ARHGAP5), transcript variant 1, mRNA [NM_001030
Homo sapiens glutamic-oxaloacetic transaminase 1, soluble (aspartate aminotransferase 1) (GOT1),
Homo sapiens zinc finger, HIT-type containing 6 (ZNHIT6), transcript variant 1, mRNA [NM_017953]
Homo sapiens transmembrane protein 203 (TMEM203), mRNA [NM_053045]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014504), lincRNA [TCONS_I2_00028188]
Homo sapiens STT3, subunit of the oligosaccharyltransferase complex, homolog A (S. cerevisiae) (ST
Homo sapiens zinc finger, MYND-type containing 15 (ZMYND15), transcript variant 2, mRNA [NM_0
Homo sapiens chloride channel, nucleotide-sensitive, 1A (CLNS1A), mRNA [NM_001293]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012007), lincRNA [TCONS_00025051]
Homo sapiens transmembrane protein 81 (TMEM81), mRNA [NM_203376]
Homo sapiens family with sequence similarity 150, member B (FAM150B), mRNA [NM_001002919]
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 46 (C11orf46), mRNA [NM_152316]
Homo sapiens RAD50 homolog (S. cerevisiae) (RAD50), mRNA [NM_005732]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004594), lincRNA [TCONS_I2_00008470]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004293), lincRNA [TCONS_00009352]
Homo sapiens zinc finger protein 91 pseudogene (LOC441666), non-coding RNA [NR_024380]
Homo sapiens flavin containing monooxygenase 5 (FMO5), transcript variant 1, mRNA [NM_001461
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011515), lincRNA [TCONS_00023714]
Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 80 (C16orf80), mRNA [NM_013242]
Homo sapiens oxysterol binding protein-like 1A (OSBPL1A), transcript variant 2, mRNA [NM_080597
Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 6 (BCL6), transcript variant 2, mRNA [NM_001130845]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009507), lincRNA [TCONS_00019712]
Homo sapiens retinoic acid induced 1 (RAI1), mRNA [NM_030665]
Homo sapiens von Willebrand factor (VWF), mRNA [NM_000552]
Homo sapiens LY6/PLAUR domain containing 6B (LYPD6B), mRNA [NM_177964]
Homo sapiens zinc finger protein 326 (ZNF326), transcript variant 3, mRNA [NM_182975]
Homo sapiens CDC28 protein kinase regulatory subunit 2 (CKS2), mRNA [NM_001827]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006152), lincRNA [TCONS_I2_00011380]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 173 (C9orf173), mRNA [NM_001004353]
Homo sapiens retinoblastoma binding protein 7 (RBBP7), transcript variant 2, mRNA [NM_002893]
Homo sapiens zinc finger protein 460 (ZNF460), mRNA [NM_006635]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 126 (SNORD126), small nucleolar RNA [NR_003693]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505994 (LOC100505994), miscRNA [XR_108596]
KIAA1530 [Source:HGNC Symbol;Acc:29304] [ENST00000296312]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 31 (USP31), mRNA [NM_020718]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100505657 (LOC100505657), mRNA [XM_0031:
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009457), lincRNA [TCONS_00019652]
Homo sapiens centrosome and spindle pole associated protein 1 (CSPP1), mRNA [NM_024790]
Homo sapiens solute carrier family 38, member 1 (SLC38A1), transcript variant 1, mRNA [NM_0306:
Homo sapiens oligophrenin 1 (OPHN1), mRNA [NM_002547]
Homo sapiens tryptase gamma 1 (TPSG1), mRNA [NM_012467]
Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 5B (WNT5B), transcript variant
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2S (UBE2S), mRNA [NM_014501]

Homo sapiens CREB regulated transcription coactivator 3 (CRTC3), transcript variant 1, mRNA [NM_001161233]
Homo sapiens protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type I, beta (PRKAR1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001161233]
Homo sapiens uncharacterized LOC100133123 (LOC100133123), non-coding RNA [NR_045260]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila) (MLL), transcript variant 1, mRNA [NM_001161233]
Homo sapiens runt-related transcription factor 1 (RUNX1), transcript variant 2, mRNA [NM_001001161]
Homo sapiens mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase [Source:HGNC Symbol;Acc:7462] [ENST00000361161]
Homo sapiens toll-like receptor 4 (TLR4), transcript variant 1, mRNA [NM_138554]
601301818F1 NIH_MGC_21 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3636412 5', mRNA sequence [BE407:3636412]
Homo sapiens basigin (Ok blood group) (BSG), transcript variant 1, mRNA [NM_001728]

Homo sapiens PHD finger protein 23 (PHF23), mRNA [NM_024297]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013267), lincRNA [TCONS_I2_00025628]
Homo sapiens CCR4-NOT transcription complex, subunit 7 (CNOT7), transcript variant 2, mRNA [NM_001161233]
Homo sapiens septin 10 (SEPT10), transcript variant 1, mRNA [NM_144710]
mitochondrially encoded NADH dehydrogenase 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:7462] [ENST00000361161]
Homo sapiens armadillo repeat containing 10 (ARMC10), transcript variant A, mRNA [NM_031905]

Homo sapiens ribosomal L1 domain containing 1 (RSL1D1), mRNA [NM_015659]
Homo sapiens uncharacterized LOC729614 (FLJ37453), non-coding RNA [NR_024279]
Homo sapiens ladybird homeobox 2 (LBX2), mRNA [NM_001009812]
Homo sapiens NOP2/Sun domain family, member 5 (NSUN5), transcript variant 1, mRNA [NM_1489]
Homo sapiens ATP/GTP binding protein-like 5 (AGBL5), transcript variant 3, mRNA [NM_001035507]
Homo sapiens 2-oxoglutarate and iron-dependent oxygenase domain containing 1 (OGFOD1), mRNA [NM_001161233]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005185), lincRNA [TCONS_00011706]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100287628, transcript variant 1 (LOC100287628), miscF [NM_001161233]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 144A (CCDC144A), mRNA [NM_014695]
Homo sapiens tachykinin receptor 2 (TACR2), mRNA [NM_001057]
Homo sapiens dolichyl-phosphate (UDP-N-acetylglucosamine) N-acetylglucosaminophosphotransferase 2 (UGT2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161233]
immunoglobulin kappa constant [Source:HGNC Symbol;Acc:5716] [ENST00000390237]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_006345), lincRNA [TCONS_00013683]
Homo sapiens Der1-like domain family, member 3 (DERL3), transcript variant 3, mRNA [NM_198440]
Homo sapiens calicin (CCIN), mRNA [NM_005893]
Homo sapiens ring finger protein 222 (RNF222), mRNA [NM_001146684]
Homo sapiens N-acetylglutamate synthase (NAGS), mRNA [NM_153006]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001954), lincRNA [TCONS_00003165]
Homo sapiens v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog (avian) (REL), mRNA [NM_002908]
Homo sapiens tubulin, alpha 3d (TUBA3D), mRNA [NM_080386]
Homo sapiens zinc finger, FYVE domain containing 28 (ZFYVE28), transcript variant 6, mRNA [NM_001161233]
Homo sapiens glutamic pyruvate transaminase (alanine aminotransferase) 2 (GPT2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161233]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 6 (KCTD6), transcript variant 1, mRNA [NM_001161233]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 9 (ZBTB9), mRNA [NM_152735]

Homo sapiens forkhead box N2 (FOXN2), mRNA [NM_002158]
Homo sapiens ArfGAP with RhoGAP domain, ankyrin repeat and PH domain 2 (ARAP2), mRNA [NM_001161]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010730), lincRNA [TCONS_00022120]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003758), lincRNA [TCONS_I2_00006892]
AGENCOURT_6494664 NIH_MGC_124 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5727402 5', mRNA sequen

Homo sapiens SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like (SH3BGRL), mRNA [NM_003022]
Homo sapiens mediator complex subunit 25 (MED25), mRNA [NM_030973]
Homo sapiens SET and MYND domain containing 4 (SMYD4), mRNA [NM_052928]
Homo sapiens alkaline phosphatase, placental (ALPP), mRNA [NM_001632]
Homo sapiens hematological and neurological expressed 1 (HN1), transcript variant 3, mRNA [NM_001161]
Q5T8U4_HUMAN (Q5T8U4) Ribosomal protein L7a, partial (94%) [THC2577892]
Q3W6C2_9ACTO (Q3W6C2) Acyl-CoA dehydrogenase, C-terminal, partial (7%) [THC2690543]
Homo sapiens hyaluronan-mediated motility receptor (RHAMM) (HMMR), transcript variant 2, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens far upstream element (FUSE) binding protein 3 (FUBP3), mRNA [NM_003934]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit E (EIF3E), mRNA [NM_001568]
Q8IWW8_HUMAN (Q8IWW8) Alcohol dehydrogenase 8, partial (26%) [THC2756126]
Homo sapiens tubulin, beta 2B class IIb (TUBB2B), mRNA [NM_178012]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 5 (TBC1D5), transcript variant 2, mRNA [NM_014744]
Homo sapiens adenosine deaminase-like (ADAL), transcript variant 1, mRNA [NM_001159280]
Homo sapiens downstream neighbor of SON (DONSON), mRNA [NM_017613]
Homo sapiens Fas apoptotic inhibitory molecule (FAIM), transcript variant 1, mRNA [NM_00103303]
Homo sapiens family with sequence similarity 118, member A (FAM118A), transcript variant 2, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens nuclear casein kinase and cyclin-dependent kinase substrate 1 (NUCKS1), mRNA [NM_001161]
Homo sapiens tubulin tyrosine ligase-like family, member 7 (TTLL7), mRNA [NM_024686]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100128869 (LOC100128869), mRNA [XM_001761]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein D2 polypeptide 16.5kDa (SNRPD2), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens dishevelled, dsh homolog 2 (Drosophila) (DVL2), mRNA [NM_004422]
chromosome 11 open reading frame 89 [Source:HGNC Symbol;Acc:35118] [ENST00000391480]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC401286 (LOC401286), miscRNA [XR_110199]
Homo sapiens torsin A interacting protein 2 (TOR1AIP2), transcript variant 2, mRNA [NM_145034]
Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 1-like 2 (ALG1L2), mRNA [NM_001136152]
Homo sapiens uncharacterized LOC100288911 (LOC100288911), non-coding RNA [NR_037631]
Homo sapiens cDNA FLJ42819 fis, clone BRCAN2015464. [AK124809]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506767 (LOC100506767), miscRNA [XR_110298]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505501, transcript variant 2 (LOC100505501), miscRNA [XR_110298]
Homo sapiens uncharacterized LOC283624 (LOC283624), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_037631]
Homo sapiens ectodysplasin A2 receptor (EDA2R), transcript variant 2, mRNA [NM_021783]
Homo sapiens cyclin B1 interacting protein 1, E3 ubiquitin protein ligase (CCNB1IP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 11 (non-protein coding) (SNHG11), non-coding RNA [NR_002746]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 47 (SNORD47), small nuclear RNA [NR_002746]
Homo sapiens metallothionein 1E (MT1E), mRNA [NM_175617]

Homo sapiens uncharacterized LOC283624 (LOC283624), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_037631]

Homo sapiens v-Ki-ras2 Kirsten rat sarcoma viral oncogene homolog (KRAS), transcript variant a, mRNA [NM_012161]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3936577, **** WARNING: chimeric clone ****. [BC071847]
Homo sapiens keratin associated protein 10-12 (KRTAP10-12), mRNA [NM_198699]
Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 4 (MARCH4), mRNA [NM_020814]
Homo sapiens transmembrane protein 205 (TMEM205), transcript variant 1, mRNA [NM_198536]
Homo sapiens kinesin family member 4A (KIF4A), mRNA [NM_012310]

RS10_HUMAN (P46783) 40S ribosomal protein S10, partial (98%) [THC2623999]
Homo sapiens kelch-like 26 (Drosophila) (KLHL26), mRNA [NM_018316]

Homo sapiens dual specificity phosphatase 12 (DUSP12), mRNA [NM_007240]
Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase 3, neutral membrane (neutral sphingomyelinase II) (SMase II) (SM3), mRNA [NM_001080]
Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA [NM_007104]
Homo sapiens carbonyl reductase 3 (CBR3), mRNA [NM_001236]

Homo sapiens RAD1 homolog (S. pombe) (RAD1), transcript variant 1, mRNA [NM_002853]
Homo sapiens protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1A (PPM1A), transcript variant 2, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens tripartite motif containing 37 (TRIM37), transcript variant 1, mRNA [NM_015294]
Homo sapiens microtubule associated monooxygenase, calponin and LIM domain containing 3 (MICAL3), mRNA [NM_001080]

602076150F1 NIH_MGC_62 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4243164 5', mRNA sequence [BF5705]
Homo sapiens antagonist of mitotic exit network 1 homolog (S. cerevisiae) (AMN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens ornithine aminotransferase (OAT), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens olfactory receptor, family 6, subfamily W, member 1 pseudogene (OR6W1P), non-coding RNA [NR_001080]
Homo sapiens zinc finger protein 81 (ZNF81), mRNA [NM_007137]
Homo sapiens PHD finger protein 20 (PHF20), mRNA [NM_016436]
Homo sapiens cDNA FLJ38722 fis, clone KIDNE2010084. [AK096041]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 4 (ARHGAP4), transcript variant 1, mRNA [NM_001164]
Homo sapiens keratin associated protein 19-5 (KRTAP19-5), mRNA [NM_181611]
Homo sapiens K(lysine) acetyltransferase 7 (KAT7), transcript variant 1, mRNA [NM_007067]

Homo sapiens cDNA FLJ42518 fis, clone BRACE3000697. [AK124509]
Homo sapiens CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) phosphatase, subunit 1 (CTDP1), mRNA [NM_001080]
Homo sapiens uncharacterized LOC378805 (FLJ43663), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_001080]
Homo sapiens sorting nexin 10 (SNX10), transcript variant 1, mRNA [NM_001199835]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_008586), lincRNA [TCONS_00018312]
Homo sapiens KIAA0101 (KIAA0101), transcript variant 1, mRNA [NM_014736]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 34 (USP34), mRNA [NM_014709]
Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member C (CLEC4C), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens MT-RNR2-like 2 (MTRNR2L2), mRNA [NM_001190470]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 58 (C8orf58), transcript variant 1, mRNA [NM_001080]
Homo sapiens asteroid homolog 1 (Drosophila) (ASTE1), mRNA [NM_014065]
Homo sapiens loss of heterozygosity, 12, chromosomal region 2 (LOH12CR2), non-coding RNA [NR_001080]

Homo sapiens acetyl-CoA acyltransferase 2 (ACAA2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_024812]

Homo sapiens minichromosome maintenance complex binding protein (MCMBP), mRNA [NM_024812]

Homo sapiens uncharacterized LOC202781 (LOC202781), non-coding RNA [NR_028090]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506622 (LOC100506622), miscRNA [XR_110105]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005100), lincRNA [TCONS_I2_00009565]

Homo sapiens transforming growth factor, alpha (TGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_003236]

Homo sapiens Q3X0R8_9ACTN (Q3X0R8) Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase, partial (4%) [THC2648]

Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 6 (ZBED6), mRNA [NM_001174108]

Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 47 (USP47), mRNA [NM_017944]

Homo sapiens indolethylamine N-methyltransferase (INMT), transcript variant 2, mRNA [NM_001195]

Homo sapiens solute carrier family 16, member 10 (aromatic amino acid transporter) (SLC16A10), mRNA [NM_001195]

Homo sapiens cDNA FLJ26174 fis, clone ADG03920. [AK129685]

Homo sapiens cDNA FLJ38645 fis, clone HHDP2005794. [AK095964]

Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E (SNRPE), mRNA [NM_003094]

Homo sapiens ribosomal protein SA (RPSA), transcript variant 1, mRNA [NM_002295]

TGFB-induced factor homeobox 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:11776] [ENST00000551557]

Homo sapiens uncharacterized LOC541471 (LOC541471), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_028090]

Homo sapiens mitochondrial translation optimization 1 homolog (S. cerevisiae) (MTO1), nuclear gene [NM_001195]

Homo sapiens B7 homolog 6 (B7H6), mRNA [NM_001202439]

Homo sapiens mRNA for Hypothetical protein FLJ37713 variant, clone: ah02419. [AK226145]

Homo sapiens uncharacterized LOC440900 (LOC440900), non-coding RNA [NR_034128]

Homo sapiens glutamate decarboxylase 1 (brain, 67kDa) (GAD1), transcript variant GAD25, mRNA [NM_001195]

Homo sapiens serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 2 (SPTLC2), mRNA [NM_004863]

Homo sapiens uncharacterized LOC100505483 (LOC100505483), non-coding RNA [NR_038926]

Homo sapiens glutamate decarboxylase 1 (brain, 67kDa) (GAD1), transcript variant GAD67, mRNA [NM_001195]

Homo sapiens far upstream element (FUSE) binding protein 1 (FUBP1), mRNA [NM_003902]

Homo sapiens iroquois homeobox 5 (IRX5), transcript variant 1, mRNA [NM_005853]

Homo sapiens family with sequence similarity 124B (FAM124B), transcript variant 2, mRNA [NM_001195]

Homo sapiens ribosomal protein S15a (RPS15A), transcript variant 2, mRNA [NM_001019]

Homo sapiens malignant T cell amplified sequence 1 (MCTS1), transcript variant 1, mRNA [NM_001195]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_012142), lincRNA [TCONS_00025864]

Homo sapiens calyntenin 3 (CLSTN3), mRNA [NM_014718]

Homo sapiens serine/arginine repetitive matrix 1 (SRRM1), mRNA [NM_005839]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507672 (LOC100507672), miscRNA [XR_108638]

Homo sapiens HEAT repeat containing 7A (HEATR7A), transcript variant 2, mRNA [NM_001099280]

Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 16 (CEACAM16), mRNA [NM_001195]

Homo sapiens C19orf29 antisense RNA 1 (non-protein coding) (C19orf29-AS1), non-coding RNA [NR_028090]

Homo sapiens AE binding protein 1 (AEBP1), mRNA [NM_001129]

is39c09.y1 HR85 islet Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6554705 5', mRNA sequence [CB178477]

Homo sapiens F-box and WD repeat domain containing 2 (FBXW2), mRNA [NM_012164]

Homo sapiens armadillo repeat containing 10 (ARMC10), transcript variant A, mRNA [NM_031905]

Homo sapiens ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA [NM_000992]

Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 7C (BCL7C), mRNA [NM_004765]

Homo sapiens nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor-like 1 (NF

Homo sapiens WD repeat domain 1 (WDR1), transcript variant 1, mRNA [NM_017491]
Homo sapiens tissue specific transplantation antigen P35B (TSTA3), mRNA [NM_003313]
Homo sapiens family with sequence similarity 188, member B (FAM188B), mRNA [NM_032222]
Homo sapiens transmembrane emp24 protein transport domain containing 5 (TMED5), transcript v:
Homo sapiens NK2 homeobox 5 (NKX2-5), transcript variant 2, mRNA [NM_001166175]
Homo sapiens transducin (beta)-like 1 X-linked receptor 1 (TBL1XR1), mRNA [NM_024665]
Homo sapiens general transcription factor IIIC, polypeptide 2, beta 110kDa (GTF3C2), transcript vari
Homo sapiens chromatin target of PRMT1 (CHTOP), transcript variant 1, mRNA [NM_015607]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 (DHRS4), mRNA [NM_021004]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007543), lincRNA [TCONS_I2_00015477]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015441), lincRNA [TCONS_I2_00030124]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 37 (C8orf37), mRNA [NM_177965]
Homo sapiens proline rich 5 like (PRR5L), transcript variant 2, mRNA [NM_024841]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100130800 (LOC100130800), mRNA [XM_0017:

PREDICTED: Homo sapiens double homeobox 4 like 9 (DUX4L9), miscRNA [XR_132460]
Homo sapiens solute carrier family 35, member E2B (SLC35E2B), mRNA [NM_001110781]
Homo sapiens cDNA FLJ42196 fis, clone THYMU2033816. [AK124190]
Homo sapiens dual specificity phosphatase 18 (DUSP18), mRNA [NM_152511]
Homo sapiens MT-RNR2-like 10 (MTRNR2L10), mRNA [NM_001190708]
Homo sapiens serine/arginine repetitive matrix 3 (SRRM3), mRNA [NM_001110199]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, mitochondrial 1 (PTPMT1), nuclear gene encoding mit
Homo sapiens CWC27 spliceosome-associated protein homolog (S. cerevisiae) (CWC27), mRNA [NM
Homo sapiens calpastatin (CAST), transcript variant 6, mRNA [NM_001042440]
Homo sapiens IMP4, U3 small nucleolar ribonucleoprotein, homolog (yeast) (IMP4), mRNA [NM_03:
Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein pseudogene (LOC100130000), non-coding
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007502), lincRNA [TCONS_00015732]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004822), lincRNA [TCONS_00010334]
Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 3 (MFSD3), mRNA [NM_138431]
Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 1, mRNA [NM_001976]
Homo sapiens centrosomal protein 44kDa (CEP44), transcript variant 2, mRNA [NM_001145314]
PREDICTED: Homo sapiens e3 ubiquitin-protein ligase HERC2-like (LOC100653259), miscRNA [XR_13
Homo sapiens matrix-remodelling associated 7 (MXRA7), transcript variant 2, mRNA [NM_0010085:
Homo sapiens La ribonucleoprotein domain family, member 4 (LARP4), transcript variant 2, mRNA [
Uncharacterized proteincDNA FLJ26718 fis, clone PNC03325 [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q6ZP1
Homo sapiens ribokinase (RBKS), mRNA [NM_022128]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506301 (LOC100506301), miscRNA [XR_110050]
Homo sapiens crystallin, zeta (quinone reductase) (CRYZ), transcript variant 1, mRNA [NM_0011300
Homo sapiens suppressor of cytokine signaling 6 (SOCS6), mRNA [NM_004232]
Homo sapiens transmembrane protein 63B (TMEM63B), mRNA [NM_018426]

Homo sapiens cDNA FLJ45884 fis, clone OCBBF3021166. [AK127783]
Homo sapiens stomatin (EPB72)-like 2 (STOML2), mRNA [NM_013442]
Homo sapiens leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1 (LRRFIP1), transcript variant 3, mRNA/

Homo sapiens cDNA FLJ13773 fis, clone PLACE4000323. [AK023835]
Homo sapiens nuclear transcription factor, X-box binding-like 1 (NFXL1), mRNA [NM_152995]
Homo sapiens pleckstrin and Sec7 domain containing 4 (PSD4), mRNA [NM_012455]
phosphatase and actin regulator 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:20990] [ENST00000379350]
Q86W16_HUMAN (Q86W16) MLL5 (Fragment), partial (14%) [THC2615674]
Homo sapiens family with sequence similarity 120B (FAM120B), mRNA [NM_032448]
Homo sapiens fibroblast growth factor 3 (FGF3), mRNA [NM_005247]
family with sequence similarity 65, member C [Source:HGNC Symbol;Acc:16168] [ENST0000046249]
Homo sapiens lactate dehydrogenase A (LDHA), transcript variant 1, mRNA [NM_005566]
Homo sapiens frizzled family receptor 3 (FZD3), transcript variant 1, mRNA [NM_017412]
Homo sapiens engulfment and cell motility 2 (ELMO2), transcript variant 2, mRNA [NM_182764]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507257 (LOC100507257), miscRNA [XR_111467]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_004557), lincRNA [TCONS_00009512]
Homo sapiens serine dehydratase (SDS), mRNA [NM_006843]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013153), lincRNA [TCONS_I2_00025505]
Homo sapiens trans-golgi network protein 2 (TGOLN2), transcript variant 1, mRNA [NM_006464]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 53 (C1orf53), mRNA [NM_001024594]
Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 63 (C21orf63), mRNA [NM_058187]
Homo sapiens deoxyribonuclease I-like 3 (DNASE1L3), mRNA [NM_004944]
Homo sapiens uncharacterized LOC100132077 (LOC100132077), non-coding RNA [NR_033937]
nuclear protein localization 4 homolog (S. cerevisiae) [Source:HGNC Symbol;Acc:18261] [ENST00000]
Homo sapiens GTPase, very large interferon inducible pseudogene 1 (GVINP1), non-coding RNA [NR
Homo sapiens apoptosis, caspase activation inhibitor (AVEN), mRNA [NM_020371]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 10 (ASB10), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3958634, partial cds. [BC019017]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001327), lincRNA [TCONS_00003554]
Homo sapiens transmembrane protein 31 (TMEM31), mRNA [NM_182541]
Homo sapiens vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2) (VAMP2), mRNA [NM_014:
Homo sapiens v-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog A (avian) (RELA), transcript varian
Homo sapiens phosphatidylinositol-specific phospholipase C, X domain containing 2 (PLCXD2), trans

Homo sapiens crystallin, alpha A (CRYAA), mRNA [NM_000394]
Homo sapiens transmembrane protein 108 (TMEM108), transcript variant 1, mRNA [NM_023943]
Homo sapiens TBC1 (tre-2/USP6, BUB2, cdc16) domain family, member 1, mRNA (cDNA clone IMAG
Homo sapiens translin (TSN), mRNA [NM_004622]
Homo sapiens ERGIC and golgi 3 (ERGIC3), transcript variant 2, mRNA [NM_015966]
Homo sapiens four and a half LIM domains 2 (FHL2), transcript variant 2, mRNA [NM_201555]
Homo sapiens E2F transcription factor 7 (E2F7), mRNA [NM_203394]
AGENCOURT_8883169 Lupski_sciatic_nerve Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6199956 5', mRNA st
Homo sapiens surfactant protein A2 (SFTPA2), mRNA [NM_001098668]
Homo sapiens cyclin T1 (CCNT1), mRNA [NM_001240]
Homo sapiens bromodomain PHD finger transcription factor (BPTF), transcript variant 1, mRNA [NV
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 6 interacting protein 1 (ARL6IP1), mRNA [NM_015161]

GO:0005761(mitochondrial ribosome)|GO:0005840(ribosome)|GO:0008150(biological_process)
sprouty homolog 1, antagonist of FGF signaling (Drosophila) [Source:HGNC Symbol;Acc:11269] [ENS
Homo sapiens phosphodiesterase 9A (PDE9A), transcript variant 1, mRNA [NM_002606]
Homo sapiens 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 4 (lysophosphatidic acid acyltransferase
Homo sapiens polybromo 1 (PBRM1), transcript variant 2, mRNA [NM_018313]
Homo sapiens polo-like kinase 3 (PLK3), mRNA [NM_004073]
Homo sapiens anaphase promoting complex subunit 2 (ANAPC2), mRNA [NM_013366]
Homo sapiens signaling lymphocytic activation molecule family member 1 (SLAMF1), mRNA [NM_0
Homo sapiens tigger transposable element derived 2 pseudogene (FLJ37201), non-coding RNA [NR_
Homo sapiens growth hormone inducible transmembrane protein (GHITM), mRNA [NM_014394]
Homo sapiens A kinase (PRKA) anchor protein (yotiao) 9 (AKAP9), transcript variant 2, mRNA [NM_C
Homo sapiens chromodomain helicase DNA binding protein 2 (CHD2), transcript variant 2, mRNA [N
Homo sapiens transmembrane protein 22 (TMEM22), transcript variant 1, mRNA [NM_025246]
Homo sapiens butyrophilin, subfamily 2, member A1 (BTN2A1), transcript variant 4, mRNA [NM_00
Homo sapiens myosin VIIA and Rab interacting protein (MYRIP), mRNA [NM_015460]
Homo sapiens zinc finger with UFM1-specific peptidase domain (ZUFSP), mRNA [NM_145062]
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 6A (KDM6A), mRNA [NM_021140]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 50 (CCDC50), transcript variant 2, mRNA [NM_178335]
Homo sapiens lysophosphatidic acid receptor 2 (LPAR2), mRNA [NM_004720]
Homo sapiens tonsoku-like, DNA repair protein (TONSL), mRNA [NM_013432]
Homo sapiens GULP, engulfment adaptor PTB domain containing 1 (GULP1), mRNA [NM_016315]
Uncharacterized protein cDNA FLJ40144 fis, clone TESTI2013012 [Source:UniProtKB/TrEMBL;Acc:Q8
Homo sapiens coenzyme Q6 homolog, monooxygenase (*S. cerevisiae*) (COQ6), nuclear gene encodin
Homo sapiens phosphodiesterase 4D, cAMP-specific (PDE4D), transcript variant 3, mRNA [NM_0011
DA880232 PROST2 Homo sapiens cDNA clone PROST2019563 5', mRNA sequence [DA880232]
Homo sapiens glutaredoxin 3 (GLRX3), transcript variant 2, mRNA [NM_006541]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004693), lincRNA [TCONS_00010227]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014050), lincRNA [TCONS_I2_00026968]
Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 20 (FBXL20), transcript variant 1, mRNA [NM_0
Homo sapiens uncharacterized LOC100133161 (LOC100133161), non-coding RNA [NR_028326]
Homo sapiens cDNA FLJ46336 fis, clone TESTI4046090. [AK128204]
Homo sapiens sortilin-related receptor, L (DLR class) A repeats containing (SORL1), mRNA [NM_0031
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 173 (LINC00173), transcript variant 1, non-cc
Homo sapiens serine carboxypeptidase 1 (SCPEP1), mRNA [NM_021626]
Homo sapiens chloride intracellular channel 5 (CLIC5), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens Mdm2 p53 binding protein homolog (mouse) (MDM2), transcript variant MDM2, mR
Homo sapiens E2F transcription factor 4, p107/p130-binding (E2F4), mRNA [NM_001950]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015561), lincRNA [TCONS_I2_00030252]
Homo sapiens adducin 1 (alpha) (ADD1), transcript variant 2, mRNA [NM_014189]
Homo sapiens lethal giant larvae homolog 2 (Drosophila) (LLGL2), transcript variant 3, mRNA [NM_C
Homo sapiens carnitine O-octanoyltransferase (CROT), transcript variant 2, mRNA [NM_021151]
Homo sapiens plasminogen activator, urokinase (PLAU), transcript variant 1, mRNA [NM_002658]
Homo sapiens KIAA1586 (KIAA1586), mRNA [NM_020931]

taste receptor, type 1, member 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:15661] [ENST00000339381]
Homo sapiens KIAA0040 (KIAA0040), transcript variant 1, mRNA [NM_001162893]
Homo sapiens XIAP associated factor 1 (XAF1), transcript variant 1, mRNA [NM_017523]
Homo sapiens intraflagellar transport 81 homolog (Chlamydomonas) (IFT81), transcript variant 1, m
Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 3 (WFDC3), mRNA [NM_080614]
Homo sapiens cadherin, EGF LAG seven-pass G-type receptor 1 (flamingo homolog, Drosophila) (CEI
Homo sapiens lamin B1 (LMNB1), transcript variant 1, mRNA [NM_005573]
Homo sapiens resistance to inhibitors of cholinesterase 8 homolog B (C. elegans) (RIC8B), mRNA [NI
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012383), lincRNA [TCONS_00025555]
Homo sapiens proliferation-inducing protein 9 mRNA, complete cds. [AY239294]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506075 (LOC100506075), miscRNA [XR_109706]
Homo sapiens chromobox homolog 4 (CBX4), mRNA [NM_003655]
Homo sapiens HIV-1 Tat specific factor 1 (HTATSF1), transcript variant 2, mRNA [NM_014500]
Homo sapiens small G protein signaling modulator 3 (SGSM3), mRNA [NM_015705]
cystinosin, lysosomal cystine transporter [Source:HGNC Symbol;Acc:2518] [ENST00000399306]
Homo sapiens solute carrier family 16, member 4 (monocarboxylic acid transporter 5) (SLC16A4), tr
Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier, Aralar), member 12 (SLC25A12), nucle
Homo sapiens phosphoenolpyruvate carboxykinase 2 (mitochondrial) (PCK2), nuclear gene encodin
Homo sapiens angiogenic factor with G patch and FHA domains 1 (AGGF1), mRNA [NM_018046]
fs10h06.y1 Human Lens cDNA (Normalized): fs Homo sapiens cDNA clone fs10h06 5', mRNA sequen
Q40VN4_KINRA (Q40VN4) Oxidoreductase, N-terminal:Oxidoreductase, C-terminal, partial (4%) [TH
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 33 (C3orf33), mRNA [NM_173657]
Homo sapiens nascent-polypeptide-associated complex alpha polypeptide pseudogene 1 (NACAP1),
Homo sapiens OCIA domain containing 2 (OCIAD2), transcript variant 1, mRNA [NM_001014446]

Homo sapiens placenta-specific 9 pseudogene (LOC389033), non-coding RNA [NR_026740]
PREDICTED: Homo sapiens putative golgin subfamily A member 6-like protein 6-like (LOC100134285
Q2VCE5_HUMAN (Q2VCE5) UCA1 protein, partial (98%) [THC2492330]

Homo sapiens calpain 10 (CAPN10), transcript variant 1, mRNA [NM_023083]
Homo sapiens Mediterranean fever (MEFV), transcript variant 1, mRNA [NM_000243]
Homo sapiens uncharacterized LOC283547 (LOC283547), non-coding RNA [NR_039982]
Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 11a, NFkB activator (TNFRSF11/
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005590), lincRNA [TCONS_00012060]
stress-associated endoplasmic reticulum protein family member 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:20607
Homo sapiens zinc finger CCCH-type, antiviral 1-like (ZC3HAV1L), mRNA [NM_080660]
Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2 (SLC19A2), mRNA [NM_00
Homo sapiens Rho/Rac guanine nucleotide exchange factor (GEF) 2 (ARHGEF2), transcript variant 3,
Homo sapiens discs, large homolog 1 (Drosophila) (DLG1), transcript variant 2, mRNA [NM_004087]
Homo sapiens tubulin, gamma 1 (TUBG1), mRNA [NM_001070]
Homo sapiens family with sequence similarity 150, member B (FAM150B), mRNA [NM_001002919]
Homo sapiens SH3 and multiple ankyrin repeat domains 3 (SHANK3), mRNA [NM_001080420]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131089 (LOC100131089), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens RNA, 28S ribosomal 1 (RN28S1), ribosomal RNA [NR_003287]

Homo sapiens hypothetical protein MGC20647, mRNA (cDNA clone IMAGE:3355596), partial cds. [B
Homo sapiens COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 7A (Arabidopsis) (COPS7A), tr
Homo sapiens dysferlin, limb girdle muscular dystrophy 2B (autosomal recessive) (DYSF), transcript
Homo sapiens ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA [NM_000992]
Homo sapiens uncharacterized LOC79100 (MGC4473), non-coding RNA [NR_024160]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002560), lincRNA [TCONS_00003524]
Homo sapiens protein kinase C, gamma (PRKCG), mRNA [NM_002739]

Homo sapiens ankyrin repeat and IBR domain containing 1 (ANKIB1), mRNA [NM_019004]
Homo sapiens SPC25, NDC80 kinetochore complex component, homolog (*S. cerevisiae*) (SPC25), mR
Homo sapiens kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 6 (KBTBD6), mRNA [NM_152903]
Homo sapiens aspartyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (DARS2), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), transcript var
Homo sapiens cytokine receptor-like factor 2 (CRLF2), transcript variant 2, mRNA [NM_001012288]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit L (EIF3L), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens zinc finger protein 547 (ZNF547), mRNA [NM_173631]
Homo sapiens leptin receptor (LEPR), transcript variant 3, mRNA [NM_001003679]
Homo sapiens uncharacterized LOC401149 (FLJ14186), non-coding RNA [NR_037596]
Homo sapiens cyclin Y-like 1 (CCNYL1), transcript variant 2, mRNA [NM_152523]
Homo sapiens uncharacterized LOC100216545 (LOC100216545), non-coding RNA [NR_024586]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014191), lincRNA [TCONS_I2_00027739]
Homo sapiens zinc finger protein 528 (ZNF528), mRNA [NM_032423]
Homo sapiens Kallmann syndrome 1 sequence (KAL1), mRNA [NM_000216]
mastermind-like 1 (*Drosophila*) [Source:HGNC Symbol;Acc:13632] [ENST00000503050]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004465), lincRNA [TCONS_00009457]
Homo sapiens NACC family member 2, BEN and BTB (POZ) domain containing (NACC2), mRNA [NM_
Homo sapiens chromosome 14 open reading frame 166B pseudogene (LOC400891), non-coding RN
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005160), lincRNA [TCONS_00012422]
Homo sapiens ubiquitin protein ligase E3 component n-recognin 7 (putative) (UBR7), transcript vari
Homo sapiens diablo, IAP-binding mitochondrial protein (DIABLO), nuclear gene encoding mitochon
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L3 (MRPL3), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens CDC-like kinase 1 (CLK1), transcript variant 2, mRNA [NM_001162407]
Homo sapiens coronin, actin binding protein, 1B (CORO1B), transcript variant 2, mRNA [NM_001018
Homo sapiens cDNA FLJ45949 fis, clone PLACE7007973. [AK127846]
Homo sapiens component of oligomeric golgi complex 8 (COG8), mRNA [NM_032382]
Homo sapiens KIAA1432 (KIAA1432), transcript variant 1, mRNA [NM_020829]
Homo sapiens KRIT1, ankyrin repeat containing (KRIT1), transcript variant 4, mRNA [NM_194455]
Homo sapiens programmed cell death 6 pseudogene (LOC728613), non-coding RNA [NR_003713]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013420), lincRNA [TCONS_I2_00025900]
Homo sapiens ethanolaminephosphotransferase 1 (CDP-ethanolamine-specific) (EPT1), mRNA [NM_
Homo sapiens mediator complex subunit 22 (MED22), transcript variant c, mRNA [NM_181491]
Homo sapiens scavenger receptor cysteine rich domain containing (5 domains) (SSC5D), transcript v
Homo sapiens nucleophosmin (nucleolar phosphoprotein B23, numatrin) (NPM1), transcript variant
Homo sapiens TAF5-like RNA polymerase II, p300/CBP-associated factor (PCAF)-associated factor, 6:

Homo sapiens cDNA FLJ37161 fis, clone BRACE2026725. [AK094480]

Homo sapiens SIVA1, apoptosis-inducing factor (SIVA1), transcript variant 1, mRNA [NM_006427]
Homo sapiens transcription elongation factor A (SII)-like 4 (TCEAL4), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens malonyl-CoA decarboxylase (MLYCD), nuclear gene encoding mitochondrial protein, isoform 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens HRAS-like suppressor family, member 5 (HRASLS5), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens notch 1 (NOTCH1), mRNA [NM_017617]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 83 (C8orf83), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
PREDICTED: Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 62 (C9orf62), miscRNA [XR_109856]
Homo sapiens tetraspanin 10 (TSPAN10), mRNA [NM_031945]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 7 (ZDHHC7), transcript variant 2, mRNA [NM_017617]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005933), lincRNA [TCONS_I2_00011027]
Homo sapiens karyopherin (importin) beta 1 (KPNB1), mRNA [NM_002265]
Homo sapiens protein arginine methyltransferase 5 (PRMT5), transcript variant 2, mRNA [NM_001001001]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012829), lincRNA [TCONS_00026503]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002000), lincRNA [TCONS_00003215]
Homo sapiens ADP-ribosylhydrolase like 1 (ADPRHL1), transcript variant 1, mRNA [NM_138430]
Homo sapiens ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 3 (AGAP3), transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens XIAP associated factor 1 (XAF1), transcript variant 1, mRNA [NM_017523]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 107 (C17orf107), mRNA [NM_001145536]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013116), lincRNA [TCONS_I2_00025470]
Homo sapiens karyopherin (importin) beta 1 (KPNB1), mRNA [NM_002265]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014645), lincRNA [TCONS_I2_00028401]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009575), lincRNA [TCONS_00019776]
Homo sapiens transgelin (TAGLN), transcript variant 1, mRNA [NM_001001522]
Putative PERP-like protein [Source:UniProtKB/Swiss-Prot;Acc:A6NN79] [ENST00000411845]
Homo sapiens ribosomal protein L13a (RPL13A), mRNA [NM_012423]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100508047 (LOC100508047), miscRNA [XR_111620]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007135), lincRNA [TCONS_I2_00013243]
Homo sapiens formyl peptide receptor 2 (FPR2), transcript variant 1, mRNA [NM_001462]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652804 (LOC100652804), miscRNA [XR_132586]
Homo sapiens uncharacterized LOC100288911 (LOC100288911), non-coding RNA [NR_037631]
Homo sapiens cytokine induced apoptosis inhibitor 1 (CIAPIN1), mRNA [NM_020313]
NM_105511 ATP binding {Arabidopsis thaliana} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (4%) [THC2649843]
PREDICTED: Homo sapiens UPF0607 protein ENSP00000381418-like (LOC729159), mRNA [XM_001001001]
Homo sapiens gamma-glutamyltransferase light chain 1 (GGTLC1), transcript variant A, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens ribosomal protein L21 (RPL21), mRNA [NM_000982]
Homo sapiens DMC1 dosage suppressor of mck1 homolog, meiosis-specific homologous recombination factor 1 (DMC1), mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens metallothionein 1X (MT1X), mRNA [NM_005952]
Homo sapiens uncharacterized LOC642361 (LOC642361), non-coding RNA [NR_029407]
Homo sapiens aminomethyltransferase (AMT), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_001001001]
Homo sapiens thioredoxin domain containing 16 (TXNDC16), transcript variant 1, mRNA [NM_020713]

Homo sapiens prostaglandin E receptor 3 (subtype EP3) (PTGER3), transcript variant 7, mRNA [NM_001001001]

T cell receptor beta variable 5-6 [Source:HGNC Symbol;Acc:12223] [ENST00000390375]
Human non-histone chromosomal protein HMG-17 mRNA, complete cds. [M12623]

Homo sapiens platelet-activating factor receptor (PTAFR), transcript variant 2, mRNA [NM_0011647]

Homo sapiens interleukin 1, beta (IL1B), mRNA [NM_000576]

Homo sapiens phorbol-12-myristate-13-acetate-induced protein 1 (PMAIP1), mRNA [NM_021127]

Homo sapiens phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 2 (PPAPDC2), mRNA [NM_2

Homo sapiens solute carrier family 25, member 37 (SLC25A37), nuclear gene encoding mitochondri

Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 13 (ASB13), transcript variant 1, mRNA [NM_0011647]
GB

Homo sapiens XK, Kell blood group complex subunit-related family, member 9 (XKR9), mRNA [NM_0011647]

Homo sapiens gamma-glutamyltransferase light chain 1 (GGTLC1), transcript variant A, mRNA [NM_0011647]

Homo sapiens cDNA FLJ45509 fis, clone BRTHA2020811. [AK127417]

Homo sapiens NIPA-like domain containing 3 (NIPAL3), mRNA [NM_020448]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S12 (MRPS12), nuclear gene encoding mitochondria

Homo sapiens tumor suppressing subtransferable candidate 1 (TSSC1), mRNA [NM_003310]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_012503), lincRNA [TCONS_00025688]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100130876 (LOC100130876), miscRNA [XR_109361]

Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 221 (LINC00221), non-coding RNA [NR_0274

Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 339 (LINC00339), transcript variant 1, non-cc

Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 105 (C10orf105), transcript variant 1, mRNA [NM_0011647]

Homo sapiens crystallin, alpha A (CRYAA), mRNA [NM_000394]

Homo sapiens alpha-methylacyl-CoA racemase (AMACR), nuclear gene encoding mitochondrial prot

Homo sapiens KIAA1279 (KIAA1279), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_015

Homo sapiens zinc finger with KRAB and SCAN domains 1 (ZKSCAN1), mRNA [NM_003439]

Homo sapiens FOS-like antigen 2 (FOSL2), mRNA [NM_005253]

Homo sapiens zinc finger CCCH-type, antiviral 1 (ZC3HAV1), transcript variant 2, mRNA [NM_024621]

Homo sapiens sperm autoantigenic protein 17 (SPA17), mRNA [NM_017425]

ALU5_HUMAN (P39192) Alu subfamily SC sequence contamination warning entry, partial (8%) [THC

Homo sapiens GNAS antisense RNA 1 (non-protein coding) (GNAS-AS1), antisense RNA [NR_002785]

Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A1 (ANKRD20A1), mRNA [NM_032250]

NODAL modulator 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:30060] [ENST00000287667]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC729424 (LOC729424), mRNA [XM_001714320]

chromosome 6 open reading frame 220 [Source:HGNC Symbol;Acc:21553] [ENST00000369123]

Homo sapiens RPA interacting protein (RPAIN), transcript variant 4, mRNA [NM_001160246]

Homo sapiens prostate stem cell antigen (PSCA), transcript variant 1, mRNA [NM_005672]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_002730), lincRNA [TCONS_00006917]

Homo sapiens UEV and lactate/malate dehydrogenase domains (UEVLD), transcript variant 1, mRNA

Homo sapiens solute carrier family 1 (neutral amino acid transporter), member 5 (SLC1A5), transcrip

Homo sapiens leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1 (LRRFIP1), transcript variant 1, mRNA

Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434E036 (from clone DKFZp434E036) [AL117431]

Homo sapiens centromere protein O (CENPO), transcript variant 2, mRNA [NM_001199803]

Homo sapiens ubiquitin carboxyl-terminal esterase L1 (ubiquitin thiolesterase) (UCHL1), mRNA [NM_001161]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014602), lincRNA [TCONS_I2_00028340]
Homo sapiens interferon induced with helicase C domain 1 (IFIH1), mRNA [NM_022168]
Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 2 (BTBD2), mRNA [NM_017797]
Homo sapiens EGF-like and EMI domain containing 1, pseudogene (EGFEM1P), non-coding RNA [NR_024511]
Homo sapiens histidine triad nucleotide binding protein 1 (HINT1), transcript variant 1, mRNA [NM_001161]
Homo sapiens origin recognition complex, subunit 3 (ORC3), transcript variant 1, mRNA [NM_18183]
Homo sapiens olfactory receptor, family 5, subfamily H, member 14 (OR5H14), mRNA [NM_001005]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014288), lincRNA [TCONS_00029633]
Homo sapiens zinc finger, MYND-type containing 19 (ZMYND19), mRNA [NM_138462]
Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kazal type 7 (putative) (SPINK7), mRNA [NM_032566]
Homo sapiens nephronophthisis 4 (NPHP4), mRNA [NM_015102]
Homo sapiens RNA binding motif protein 47 (RBM47), transcript variant 2, mRNA [NM_019027]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006336), lincRNA [TCONS_00014248]
pyrophosphatase (inorganic) 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:28883] [ENST00000505713]
Homo sapiens baculoviral IAP repeat containing 2 (BIRC2), mRNA [NM_001166]
Q8LKN9_PETHY (Q8LKN9) Nam-like protein 15 (Fragment), partial (6%) [THC2606605]
Homo sapiens zinc finger protein 1 homolog (mouse) (ZFP1), mRNA [NM_153688]
Homo sapiens oxidase (cytochrome c) assembly 1-like (OXA1L), nuclear gene encoding mitochondri: DKFZp781J1775_r1 781 (synonym: hlcc4) Homo sapiens cDNA clone DKFZp781J1775 5', mRNA sequ
Homo sapiens zinc finger protein 323 (ZNF323), transcript variant 1, mRNA [NM_030899]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 8, 19kDa (NDUFB8), nuclear ;
heat shock 10kDa protein 1 (chaperonin 10) [Source:HGNC Symbol;Acc:5269] [ENST00000463841]
Homo sapiens zinc finger protein 605 (ZNF605), transcript variant 1, mRNA [NM_183238]
Homo sapiens BRCA1 associated protein-1 (ubiquitin carboxy-terminal hydrolase) (BAP1), mRNA [N
Homo sapiens trypsin domain containing 1 (TYSND1), transcript variant 1, mRNA [NM_173555]
Homo sapiens malate dehydrogenase 2, NAD (mitochondrial) (MDH2), nuclear gene encoding mitoc
Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide D (POLR2D), mRNA [NM_004805]
Homo sapiens ATG13 autophagy related 13 homolog (S. cerevisiae) (ATG13), transcript variant 3, m
Homo sapiens glucocorticoid induced transcript 1 (GLCCI1), mRNA [NM_138426]
ALU6_HUMAN (P39193) Alu subfamily SP sequence contamination warning entry, partial (18%) [TH
Homo sapiens parathymosin (PTMS), mRNA [NM_002824]
Homo sapiens nucleotide binding protein 2 (NUBP2), mRNA [NM_012225]
Human Kox26 mRNA for zinc finger protein, partial. [X52357]
Homo sapiens 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 3 (PFKFB3), transcript variant
Homo sapiens nuclear transcription factor, X-box binding 1 (NFX1), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog G (avian) (MAFG), trans
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005273), lincRNA [TCONS_00011799]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 63 (C5orf63), transcript variant 1, mRNA [NM_00
Homo sapiens prominin 1 (PROM1), transcript variant 6, mRNA [NM_001145850]
Homo sapiens desert hedgehog (DHH), mRNA [NM_021044]

Homo sapiens polyglutamine binding protein 1 (PQBP1), transcript variant 7, mRNA [NM_144495]
PDS5, regulator of cohesion maintenance, homolog A (S. cerevisiae) [Source:HGNC Symbol;Acc:290]

Homo sapiens zinc finger protein 82 homolog (mouse) (ZFP82), mRNA [NM_133466]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100508120, transcript variant 1 (LOC100508120), miscF
Homo sapiens fascin homolog 2, actin-bundling protein, retinal (*Strongylocentrotus purpuratus*) (FS
Homo sapiens Ras association (RalGDS/AF-6) and pleckstrin homology domains 1 (RAPH1), transcrip
Homo sapiens mannosidase, endo-alpha-like (MANEAL), transcript variant 1, mRNA [NM_00103174
Homo sapiens immunity-related GTPase family, Q (IRGQ), mRNA [NM_001007561]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010411), lincRNA [TCONS_00021811]

Homo sapiens AHNAK nucleoprotein (AHNAK), transcript variant 1, mRNA [NM_001620]
Homo sapiens ribosomal protein L30 (RPL30), mRNA [NM_000989]
Homo sapiens NIF3 NGG1 interacting factor 3-like 1 (*S. pombe*) (NIF3L1), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 112 (C20orf112), mRNA [NM_080616]
Homo sapiens beta-site APP-cleaving enzyme 1 (BACE1), transcript variant a, mRNA [NM_012104]
tumor necrosis factor receptor superfamily, member 14 (herpesvirus entry mediator) [Source:HGNC
Homo sapiens THAP domain containing 11 (THAP11), mRNA [NM_020457]
Homo sapiens golgin A6 family-like 1 (GOLGA6L1), mRNA [NM_001001413]
Homo sapiens COMM domain containing 2 (COMMD2), mRNA [NM_016094]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011119), lincRNA [TCONS_00023171]
Homo sapiens transcription factor Dp family, member 3 (TFDP3), mRNA [NM_016521]
Homo sapiens desmoglein 2 (DSG2), mRNA [NM_001943]

PREDICTED: Homo sapiens UPF0450 protein C17orf58-like (LOC100294338), miscRNA [XR_132917]
Homo sapiens ribosomal protein L31 (RPL31), transcript variant 1, mRNA [NM_000993]
Q4SUI7_TETNG (Q4SUI7) Chromosome 16 SCAF13910, whole genome shotgun sequence. (Fragmen
DOT1-like, histone H3 methyltransferase (*S. cerevisiae*) [Source:HGNC Symbol;Acc:24948] [ENST000
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 61 (C15orf61), mRNA [NM_001143936]
Homo sapiens solute carrier family 4, sodium borate transporter, member 11 (SLC4A11), transcript
Homo sapiens cell division cycle associated 7-like (CDCA7L), transcript variant 1, mRNA [NM_018711
Homo sapiens protein prenyltransferase alpha subunit repeat containing 1 (PTAR1), mRNA [NM_00
Homo sapiens interferon-induced protein 44 (IFI44), mRNA [NM_006417]
Homo sapiens interferon (alpha, beta and omega) receptor 1 (IFNAR1), mRNA [NM_000629]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 47 (C12orf47), non-coding RNA [NR_015404]
Homo sapiens mex-3 homolog D (*C. elegans*) (MEX3D), transcript variant 2, mRNA [NM_001174118]
Homo sapiens oxidation resistance 1 (OXR1), transcript variant 1, mRNA [NM_018002]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), r
Homo sapiens, clone IMAGE:3543963, mRNA. [BC004968]
Homo sapiens zinc finger protein 367 (ZNF367), mRNA [NM_153695]
Homo sapiens hypoxanthine phosphoribosyltransferase 1 (HPRT1), mRNA [NM_000194]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC400499 (LOC400499), mRNA [XM_003118689]
Homo sapiens protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor gamma (PKIG), transcript varian
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 11 (Gq class) (GNA11), mRNA [I
Homo sapiens small nucleolar RNA, H/ACA box 56 (SNORA56), small nucleolar RNA [NR_002984]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L38 (MRPL38), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens CD177 molecule (CD177), mRNA [NM_020406]

EST375270 MAGE resequences, MAGH Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [AW963197]

Homo sapiens opsin 3 (OPN3), mRNA [NM_014322]

Homo sapiens metallothionein-like 5, testis-specific (tesmin) (MTL5), transcript variant 2, mRNA [NM_001003030]

Homo sapiens unc-93 homolog B1 (C. elegans) (UNC93B1), mRNA [NM_030930]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 115 (CCDC115), mRNA [NM_032357]

Homo sapiens quinoid dihydropteridine reductase (QDPR), mRNA [NM_000320]

Homo sapiens ribosomal protein S14 (RPS14), transcript variant 1, mRNA [NM_001025071]

Homo sapiens oligosaccharyltransferase complex subunit pseudogene 1 (OSTCP1), non-coding RNA

Homo sapiens membrane-associated ring finger (C3HC4) 7 (MARCH7), mRNA [NM_022826]

PREDICTED: Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor subfamily B member 3-like (LOC_Q304Z4_HUMAN (Q304Z4) Envelope polyprotein, partial (62%) [THC2619411]

Homo sapiens ankyrin repeat domain 20 family, member A2 (ANKRD20A2), mRNA [NM_001012421]

PREDICTED: Homo sapiens FLJ46020 protein (FLJ46020), miscRNA [XR_109667]

Homo sapiens propionyl CoA carboxylase, beta polypeptide (PCCB), nuclear gene encoding mitocho

Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 10 (MFSD10), transcript variant 1, m

Homo sapiens spinster homolog 2 (Drosophila) (SPNS2), mRNA [NM_001124758]

Homo sapiens phosphodiesterase 4D interacting protein (PDE4DIP), transcript variant 8, mRNA [NM_001003030]

Homo sapiens diacylglycerol kinase, beta 90kDa (DGKB), transcript variant 1, mRNA [NM_004080]

Homo sapiens transmembrane protein 222 (TMEM222), transcript variant 1, mRNA [NM_032125]

Homo sapiens angiotensin I converting enzyme (peptidyl-dipeptidase A) 1 (ACE), transcript variant 1

Homo sapiens coiled-coil domain containing 116 (CCDC116), mRNA [NM_152612]

Homo sapiens adaptor-related protein complex 4, mu 1 subunit (AP4M1), mRNA [NM_004722]

Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 2 (EEF2), mRNA [NM_001961]

Homo sapiens CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 5 (CDC42EP5), mRNA [NM_145057]

Q4B8L8_BURVI (Q4B8L8) Regulatory protein, MarR, partial (9%) [THC2606106]

Homo sapiens RAP2A, member of RAS oncogene family (RAP2A), mRNA [NM_021033]

Homo sapiens zinc finger, matrin-type 3 (ZMAT3), transcript variant 1, mRNA [NM_022470]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_009356), lincRNA [TCONS_00019562]

Homo sapiens LP8151 mRNA, complete cds. [AY203961]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_001645), lincRNA [TCONS_00002991]

Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 43 (ZBTB43), transcript variant 1, mRNA [NM_001003030]

Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 40 (C15orf40), transcript variant 4, mRNA [NM_001003030]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_011329), lincRNA [TCONS_00023483]

Homo sapiens asparagine-linked glycosylation 13 homolog (S. cerevisiae) (ALG13), transcript variant

Homo sapiens secernin 1 (SCRN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001145513]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC286149 (LOC286149), miscRNA [XR_132545]

Homo sapiens protein kinase C, zeta (PRKCZ), transcript variant 1, mRNA [NM_002744]

Homo sapiens doublecortin-like kinase 1 (DCLK1), transcript variant 1, mRNA [NM_004734]
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 4A (KDM4A), mRNA [NM_014663]
Homo sapiens DDB1 and CUL4 associated factor 12 (DCAF12), mRNA [NM_015397]
PREDICTED: Homo sapiens putative uncharacterized protein FLJ44672-like (LOC100288292), miscRNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011532), lincRNA [TCONS_00023741]
Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 10 (SRSF10), transcript variant 2, mRNA [NM_054001]
Homo sapiens ribosomal protein L24 (RPL24), mRNA [NM_000986]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 6 (DNAJC6), mRNA [NM_014787]
Homo sapiens PDLIM1 interacting kinase 1 like (PDIK1L), transcript variant 3, mRNA [NM_00124353]
Homo sapiens phosphatidylserine decarboxylase (PISD), mRNA [NM_014338]
Human MEN1 region clone epsilon/beta mRNA, 3' fragment. [AF001893]
Homo sapiens aarF domain containing kinase 4 (ADCK4), transcript variant 1, mRNA [NM_024876]
Homo sapiens docking protein 1-like protein mRNA, partial cds. [AF229166]
Homo sapiens poly(A) binding protein interacting protein 1 (PAIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001008489]
Q59GX9_HUMAN (Q59GX9) Ribosomal protein L5 variant (Fragment), partial (51%) [THC2523617]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100653323 (LOC100653323), mRNA [XM_003406000]
Homo sapiens defensin, beta 1 (DEFB1), mRNA [NM_005218]
Homo sapiens phosphatase, orphan 2 (PHOSPHO2), transcript variant 2, mRNA [NM_001008489]
Homo sapiens uncharacterized LOC158572 (LOC158572), non-coding RNA [NR_026742]
Homo sapiens solute carrier family 17 (sodium-dependent inorganic phosphate cotransporter), member 1 (SLC17A1), mRNA [NM_001008489]
Homo sapiens chromosome 17 open reading frame 69 (C17orf69), transcript variant 2, non-coding RNA [NR_026742]
Homo sapiens protein phosphatase 4, catalytic subunit (PPP4C), mRNA [NM_002720]
DHH_HUMAN (O43323) Desert hedgehog protein precursor (DHH) (HHG-3) [Contains: Desert hedgehog protein domain] [Source:HGNC Symbol;Acc:16812] [ENST00000366779]
Homo sapiens FLJ43860 protein (FLJ43860), mRNA [NM_207414]
Homo sapiens cDNA FLJ31945 fis, clone NT2RP7006980. [AK056507]
Homo sapiens DNA cross-link repair 1B (DCLRE1B), mRNA [NM_022836]
Homo sapiens transcription factor CP2 (TFCP2), transcript variant 1, mRNA [NM_005653]
Homo sapiens synuclein, beta (SNCB), transcript variant 1, mRNA [NM_001001502]
Homo sapiens RAN, member RAS oncogene family (RAN), mRNA [NM_006325]
Homo sapiens RNA binding motif protein 8A (RBM8A), mRNA [NM_005105]
Homo sapiens ubiquitin associated protein 2-like (UBAP2L), transcript variant 1, mRNA [NM_014847]
Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 8 homolog A (yeast) (TIMM8A), nuclear DNA [NM_001008489]
Homo sapiens HUS1 checkpoint homolog (S. pombe) (HUS1), transcript variant 1, mRNA [NM_004501]
Homo sapiens shroom family member 4 (SHROOM4), transcript variant 1, mRNA [NM_020717]
Homo sapiens nuclear undecaprenyl pyrophosphate synthase 1 homolog (S. cerevisiae) (NUS1), mRNA [NM_001008489]
Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 (UGAT1), mRNA [NM_001008489]
Homo sapiens leukocyte specific transcript 1 (LST1), transcript variant 1, mRNA [NM_007161]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506374 (LOC100506374), miscRNA [XR_109498]
Homo sapiens septin 7 pseudogene 2 (SEPT7P2), non-coding RNA [NR_024271]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 15 (USP15), transcript variant 2, mRNA [NM_006313]
Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2C (UBE2C), transcript variant 6, mRNA [NM_181803]

Homo sapiens KIAA0415 (KIAA0415), mRNA [NM_014855]
Homo sapiens killer cell lectin-like receptor subfamily F, member 1 (KLRF1), mRNA [NM_016523]
Homo sapiens zinc finger protein 500 (ZNF500), mRNA [NM_021646]
Homo sapiens death inducer-obliterator 1 (DIDO1), transcript variant 1, mRNA [NM_022105]
Homo sapiens ribosomal protein S7 (RPS7), mRNA [NM_001011]
Homo sapiens CDGSH iron sulfur domain 3 (CISD3), mRNA [NM_001136498]
plasminogen-like B1 [Source:HGNC Symbol;Acc:9072] [ENST00000409310]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100129195 (LOC100129195), miscRNA [XR_108694]
Homo sapiens interleukin 1 receptor, type I (IL1R1), mRNA [NM_000877]
Homo sapiens U2 small nuclear RNA auxiliary factor 1 (U2AF1), transcript variant c, mRNA [NM_001
Homo sapiens microtubule-actin crosslinking factor 1 (MACF1), transcript variant 1, mRNA [NM_01:
Homo sapiens PP565 mRNA, complete cds. [AF258587]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001432), lincRNA [TCONS_00004750]
Homo sapiens HIRA interacting protein 3 (HIRIP3), transcript variant 1, mRNA [NM_003609]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 34 (LRRC34), transcript variant 3, mRNA [NM_153353]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 33 (ZBTB33), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens crystallin, mu (CRYM), transcript variant 1, mRNA [NM_001888]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 58 (LRRC58), mRNA [NM_001099678]
Homo sapiens family with sequence similarity 135, member A (FAM135A), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens NOBOX oogenesis homeobox (NOBOX), mRNA [NM_001080413]
Homo sapiens fucosyltransferase 7 (alpha (1,3) fucosyltransferase) (FUT7), mRNA [NM_004479]
Homo sapiens ZNFX1 antisense RNA 1 (non-protein coding) (ZNFX1-AS1), transcript variant 2, non-c
Homo sapiens cyclin-dependent kinase 11B (CDK11B), transcript variant 3, mRNA [NM_033487]
Homo sapiens RAD54 homolog B (S. cerevisiae) (RAD54B), transcript variant 2, mRNA [NM_0012052
Homo sapiens oligonucleotide/oligosaccharide-binding fold containing 2B (OBFC2B), mRNA [NM_02
Homo sapiens ArfGAP with GTPase domain, ankyrin repeat and PH domain 2 (AGAP2), transcript va
Homo sapiens human immunodeficiency virus type I enhancer binding protein 3 (HIVEP3), transcrip
Homo sapiens tripartite motif containing 69 (TRIM69), transcript variant a, mRNA [NM_182985]
Homo sapiens ClpP caseinolytic peptidase, ATP-dependent, proteolytic subunit homolog (E. coli) (Cl
Q480H7_COLP3 (Q480H7) Deoxycytidine triphosphate deaminase , partial (5%) [THC2636056]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008149), lincRNA [TCONS_00017313]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506379, transcript variant 2 (LOC100506379), miscF
Homo sapiens ets variant 4 (ETV4), transcript variant 2, mRNA [NM_001079675]
Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 70 homolog A (S. cerevisiae) (TOMM7
Homo sapiens X-linked inhibitor of apoptosis (XIAP), transcript variant 1, mRNA [NM_001167]
Q9WVL8_MOUSE (Q9WVL8) Zinc finger type transcription factor MZF-3, partial (25%) [THC2540172
Homo sapiens SDA1 domain containing 1 (SDAD1), mRNA [NM_018115]
PREDICTED: Homo sapiens non-protein coding RNA 315 (NCRNA00315), miscRNA [XR_109683]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506262 (LOC100506262), miscRNA [XR_109925]
Homo sapiens aquarius homolog (mouse) (AQR), mRNA [NM_014691]
Homo sapiens integrin beta 1 binding protein 1 (ITGB1BP1), transcript variant 2, mRNA [NM_02233
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 6 (Tre-2 oncogene) (USP6), mRNA [NM_004505]
Homo sapiens solute carrier family 35, member C1 (SLC35C1), transcript variant 1, mRNA [NM_018:
Homo sapiens tumor protein p53 inducible protein 11 (TP53I11), mRNA [NM_001076787]

Homo sapiens tyrosine kinase 2 (TYK2), mRNA [NM_003331]
Homo sapiens cDNA, FLJ99683. [AK309642]
Homo sapiens apoptosis-inducing, TAF9-like domain 1 (APITD1), transcript variant A, mRNA [NM_19
Homo sapiens myeloid leukemia factor 2 (MLF2), transcript variant 1, mRNA [NM_005439]
Homo sapiens nucleoporin 98kDa (NUP98), transcript variant 1, mRNA [NM_016320]
Homo sapiens zinc finger protein 64 homolog (mouse) (ZFP64), transcript variant 1, mRNA [NM_018
Homo sapiens hepatoma derived growth factor-like 1 (HDGFL1), mRNA [NM_138574]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004530), lincRNA [TCONS_00010076]
Homo sapiens collagen, type XXVII, alpha 1 (COL27A1), mRNA [NM_032888]

Homo sapiens histone cluster 1, H2ac (HIST1H2AC), mRNA [NM_003512]
Homo sapiens cDNA FLJ59077 complete cds, highly similar to Golgin subfamily A member 6. [AK302
Homo sapiens Ras association (RalGDS/AF-6) domain family (N-terminal) member 7 (RASSF7), trans
Homo sapiens secretoglobin, family 1A, member 1 (uteroglobin) (SCGB1A1), mRNA [NM_003357]

Homo sapiens THAP domain containing, apoptosis associated protein 2 (THAP2), mRNA [NM_03143
Homo sapiens ras homolog gene family, member Q (RHOQ), mRNA [NM_012249]
Homo sapiens coronin 6 (CORO6), mRNA [NM_032854]
Homo sapiens cDNA FLJ14082 fis, clone HEMBB1002300. [AK024144]
Homo sapiens uncharacterized LOC100131138 (LOC100131138), non-coding RNA [NR_036513]
Homo sapiens testis-specific serine kinase substrate (TSKS), mRNA [NM_021733]
Homo sapiens radical S-adenosyl methionine domain containing 2 (RSAD2), mRNA [NM_080657]
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp) (SDHA), nuclear gene
Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 57 (C10orf57), mRNA [NM_025125]
Homo sapiens laccase (multicopper oxidoreductase) domain containing 1 (LACC1), transcript varian
Homo sapiens nuclear transcription factor Y, alpha (NFYA), transcript variant 1, mRNA [NM_002505
immunoglobulin lambda variable 6-57 [Source:HGNC Symbol;Acc:5927] [ENST00000390285]

Homo sapiens late cornified envelope 1E (LCE1E), mRNA [NM_178353]
Homo sapiens KCNQ1 downstream neighbor (non-protein coding) (KCNQ1DN), non-coding RNA [NR
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007181), lincRNA [TCONS_00015134]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000377), lincRNA [TCONS_00000293]
Homo sapiens golgin A1 (GOLGA1), mRNA [NM_002077]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506066 (LOC100506066), miscRNA [XR_109053]
Homo sapiens transmembrane protein 88B (TMEM88B), mRNA [NM_001146685]
Homo sapiens OTU domain containing 4 (OTUD4), transcript variant 3, mRNA [NM_001102653]
Homo sapiens peroxisomal biogenesis factor 14 (PEX14), mRNA [NM_004565]
Homo sapiens zinc finger protein 581 (ZNF581), mRNA [NM_016535]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 5 (DNAJB5), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens programmed cell death 2 pseudogene (LOC728739), non-coding RNA [NR_037629]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 117 (CCDC117), mRNA [NM_173510]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003221), lincRNA [TCONS_00007239]
Homo sapiens discs, large (Drosophila) homolog-associated protein 5 (DLGAP5), transcript variant 1
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical FLJ38723 (FLJ38723), miscRNA [XR_132593]

DA142060 BRALZ2 Homo sapiens cDNA clone BRALZ2017105 5', mRNA sequence [DA142060]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L39 (MRPL39), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens sulfite oxidase (SUOX), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript varia
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000053), lincRNA [TCONS_00000153]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase B (cyclophilin B) (PPIB), mRNA [NM_000942]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 7 (ADAMTS7), mRNA [N
zinc finger protein 329 [Source:HGNC Symbol;Acc:14209] [ENST00000500161]
Kazal-type serine peptidase inhibitor domain 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:25460] [ENST0000031366]
Homo sapiens uncharacterized LOC729506 (LOC729506), non-coding RNA [NR_039984]
Homo sapiens phospholysine phosphohistidine inorganic pyrophosphate phosphatase (LHPP), trans
Homo sapiens glucosidase, beta (bile acid) 2 (GBA2), mRNA [NM_020944]
ribosomal protein S14 [Source:HGNC Symbol;Acc:10387] [ENST00000401695]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005479), lincRNA [TCONS_00012608]
Homo sapiens olfactory receptor, family 2, subfamily T, member 27 (OR2T27), mRNA [NM_0010018
Homo sapiens regulatory factor X-associated ankyrin-containing protein (RFXANK), transcript varian
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_000727), lincRNA [TCONS_I2_00000968]
Homo sapiens BCL2-interacting killer (apoptosis-inducing) (BIK), mRNA [NM_001197]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100507904 (LOC100507904), mRNA [XM_0031:
Q9N083_MACFA (Q9N083) Unnamed portein product, partial (29%) [THC2524584]
dynein, axonemal, heavy chain 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:2948] [ENST00000082259]
Homo sapiens centrosomal protein 164kDa (CEP164), mRNA [NM_014956]
Homo sapiens Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1 (WHSC1), transcript variant 8, mRNA [NM_0C
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506476 (LOC100506476), miscRNA [XR_110221]
PREDICTED: Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 23 (C18orf23), miscRNA [XR_11177
Homo sapiens YLP motif containing 1 (YLPM1), mRNA [NM_019589]
Homo sapiens protein phosphatase 6, regulatory subunit 2 (PPP6R2), transcript variant 1, mRNA [NI
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012169), lincRNA [TCONS_00025349]
Homo sapiens vacuolar protein sorting 33 homolog B (yeast) (VPS33B), mRNA [NM_018668]
DKFZp781J1775_r1 781 (synonym: hlcc4) Homo sapiens cDNA clone DKFZp781J1775 5', mRNA sequ
Homo sapiens ribosomal protein S21 (RPS21), mRNA [NM_001024]
Homo sapiens calponin 2 (CNN2), transcript variant 1, mRNA [NM_004368]
Homo sapiens zinc finger protein 280C (ZNF280C), mRNA [NM_017666]
Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 13 (HSD17B13), transcript variant A, mRNA

Homo sapiens GTP cyclohydrolase 1 (GCH1), transcript variant 4, mRNA [NM_001024071]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 40 (C15orf40), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens uncharacterized LOC100499467 (LOC100499467), non-coding RNA [NR_036488]
Homo sapiens ribosomal protein L21 (RPL21), mRNA [NM_000982]
Homo sapiens transmembrane phosphoinositide 3-phosphatase and tensin homolog 2 pseudogene
zinc finger protein 451 [Source:HGNC Symbol;Acc:21091] [ENST00000370702]
Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 56 (C18orf56), mRNA [NM_001012716]
Homo sapiens small ILF3/NF90-associated RNA I (SNAR-I), small nuclear RNA [NR_024343]

Homo sapiens inositol polyphosphate-4-phosphatase, type II, 105kDa (INPP4B), transcript variant 1,
Homo sapiens solute carrier family 26 (sulfate transporter), member 2 (SLC26A2), mRNA [NM_0001
WAS/WASL interacting protein family, member 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:12736] [ENST00000410
UI-HF-BN0-akx-b-12-0-UI.r1 NIH_MGC_50 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3078502 5', mRNA seq
Homo sapiens deltex 3-like (Drosophila) (DTX3L), mRNA [NM_138287]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505501, transcript variant 1 (LOC100505501), miscF
Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 80 (C3orf80), mRNA [NM_001168214]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 28B (CCDC28B), mRNA [NM_024296]
Homo sapiens cDNA FLJ45684 fis, clone FCBBF3005160. [AK127589]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_010929), lincRNA [TCONS_00022627]
Q5FW56_MOUSE (Q5FW56) Gm687 protein (Fragment), partial (19%) [THC2712321]
arylsulfatase D [Source:HGNC Symbol;Acc:717] [ENST00000481340]
Homo sapiens golgin A8 family, member I, pseudogene (GOLGA8IP), non-coding RNA [NR_024074]
Homo sapiens family with sequence similarity 50, member B (FAM50B), mRNA [NM_012135]
immunity-related GTPase family, M [Source:HGNC Symbol;Acc:29597] [ENST00000520549]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007346), lincRNA [TCONS_00015974]
Homo sapiens actin binding LIM protein 1 (ABLIM1), transcript variant 3, mRNA [NM_001003408]
Homo sapiens CUB domain containing protein 1 (CDCP1), transcript variant 2, mRNA [NM_178181]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 203 (C20orf203), mRNA [NM_182584]
methyl-CpG binding domain protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:6916] [ENST00000398495]
Homo sapiens uncharacterized LOC100505738 (LOC100505738), non-coding RNA [NR_039989]
Homo sapiens ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA [NM_000992]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001591), lincRNA [TCONS_00003794]
Homo sapiens LSM6 homolog, U6 small nuclear RNA associated (S. cerevisiae) (LSM6), mRNA [NM_1
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013470), lincRNA [TCONS_00027906]
Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 2 (P2RY2), transcript variant 1, mRNA [NI
MTCSXX Ceratotherium simum complete mitochondrial DNA sequence, partial (5%) [THC2492281]
Homo sapiens calcyclin binding protein (CACYPB), transcript variant 1, mRNA [NM_014412]
Homo sapiens synaptopodin (SYNPO), transcript variant 3, mRNA [NM_001166208]
Homo sapiens zinc finger protein 394 (ZNF394), mRNA [NM_032164]
Homo sapiens interleukin 13 receptor, alpha 1 (IL13RA1), mRNA [NM_001560]
Homo sapiens heat-responsive protein 12 (HRSP12), mRNA [NM_005836]
Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase-like 1 (B3GNTL1), mR
Homo sapiens mRNA for FLJ00358 protein. [AK090438]
Homo sapiens zinc finger protein 879 (ZNF879), mRNA [NM_001136116]
Homo sapiens cyclin Y (CCNY), transcript variant 1, mRNA [NM_145012]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001760), lincRNA [TCONS_I2_00003281]
Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 5 (PIK3R5), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens uncharacterized LOC100272228 (LOC100272228), non-coding RNA [NR_027456]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 32 (ZBTB32), mRNA [NM_014383]
Homo sapiens RNA binding motif protein 47 (RBM47), transcript variant 2, mRNA [NM_019027]
Homo sapiens cyclin E2 (CCNE2), mRNA [NM_057749]
Homo sapiens ribosomal protein L29 pseudogene 2 (RPL29P2), non-coding RNA [NR_002778]

Homo sapiens C21orf91 overlapping transcript 1 (non-protein coding) (C21orf91-OT1), transcript va
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 42 (DDX42), transcript variant 1, mRNA [NM

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008692), lincRNA [TCONS_I2_00016814]

Homo sapiens SH3-domain kinase binding protein 1 (SH3KBP1), transcript variant 2, mRNA [NM_00

Homo sapiens uncharacterized LOC400123 (FLJ42392), non-coding RNA [NR_033877]

Homo sapiens chromosome 10 open reading frame 88 pseudogene (LOC399815), non-coding RNA [BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010854), lincRNA [TCONS_I2_00020780]

Homo sapiens proliferating cell nuclear antigen (PCNA), transcript variant 1, mRNA [NM_002592]

Homo sapiens GRIP1 associated protein 1 (GRIPAP1), transcript variant 2, mRNA [NM_207672]

Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 13 (non-protein coding) (SNHG13), non-coding RNA [N

mortality factor 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:15773] [ENST00000434007]

Homo sapiens heme binding protein 1 (HEBP1), mRNA [NM_015987]

Homo sapiens ribonuclease, RNase A family, 13 (non-active) (RNASE13), mRNA [NM_001012264]

Homo sapiens MAP7 domain containing 3 (MAP7D3), transcript variant 1, mRNA [NM_024597]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006574), lincRNA [TCONS_I2_00012260]

Homo sapiens N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, beta (NAPB), mRNA [NM_022

Homo sapiens cytochrome P450, family 4, subfamily F, polypeptide 12 (CYP4F12), mRNA [NM_0239

Homo sapiens metallothionein 1B (MT1B), mRNA [NM_005947]

Homo sapiens ribosomal protein S2 (RPS2), mRNA [NM_002952]

Homo sapiens TDP-glucose 4,6-dehydratase (TGDS), mRNA [NM_014305]

Homo sapiens olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 156 pseudogene (OR7E156P), non-

Homo sapiens neurensin 2 (NRSN2), mRNA [NM_024958]

Homo sapiens thioredoxin reductase 2 (TXNRD2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mR

Homo sapiens interleukin 6 receptor (IL6R), transcript variant 1, mRNA [NM_000565]

Homo sapiens synaptosomal-associated protein, 47kDa (SNAP47), mRNA [NM_053052]

Homo sapiens hect domain and RLD 2 pseudogene 7 (HERC2P7), non-coding RNA [NR_036470]

Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 8 (PARP8), transcript variant 3, mRNA

Homo sapiens glucose 6 phosphatase, catalytic, 3 (G6PC3), transcript variant 1, mRNA [NM_138387

BROAD Institute lincRNA (XLOC_003595), lincRNA [TCONS_00008143]

BX114012 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998G154108, mRNA sequence [BX1

Homo sapiens DEP domain containing 1B (DEPDC1B), transcript variant 1, mRNA [NM_018369]

sushi domain containing 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:25470] [ENST00000366877]

Homo sapiens ferredoxin 1-like (FDX1L), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_

Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_010831), lincRNA [TCONS_I2_00020759]

Homo sapiens KIAA1683 (KIAA1683), transcript variant 3, mRNA [NM_001145305]

Homo sapiens even-skipped homeobox 1 (EVX1), mRNA [NM_001989]

Homo sapiens islet cell autoantigen 1, 69kDa (ICA1), transcript variant 2, mRNA [NM_004968]

Homo sapiens TRM2 tRNA methyltransferase 2 homolog A (S. cerevisiae) (TRMT2A), transcript varia

Homo sapiens pleckstrin and Sec7 domain containing 3 (PSD3), transcript variant 1, mRNA [NM_015

Homo sapiens ER degradation enhancer, mannosidase alpha-like 3 (EDEM3), mRNA [NM_025191]
Homo sapiens zinc finger protein 777 (ZNF777), mRNA [NM_015694]
Homo sapiens jagged 2 (JAG2), transcript variant 1, mRNA [NM_002226]

Homo sapiens malate dehydrogenase 1, NAD (soluble) (MDH1), transcript variant 2, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 32 (C5orf32), mRNA [NM_032412]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505994 (LOC100505994), miscRNA [XR_108596]
Homo sapiens tigger transposable element derived 2 (TIGD2), mRNA [NM_145715]
Homo sapiens SRY (sex determining region Y)-box 12 (SOX12), mRNA [NM_006943]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006555), lincRNA [TCONS_00013221]
Homo sapiens forkhead box D2 (FOXD2), mRNA [NM_004474]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003239), lincRNA [TCONS_00006644]
Homo sapiens X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P) 3, putative (XPNPEP3), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 14 (TNFRSF14), mRNA [NM_001000000]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100134663 (LOC100134663), partial mRNA [XM_001000000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003721), lincRNA [TCONS_00008278]
Homo sapiens ribosomal protein L21 (RPL21), mRNA [NM_000982]
Homo sapiens ribosomal protein S3A (RPS3A), mRNA [NM_001006]
Homo sapiens 5'-nucleotidase domain containing 3 (NT5DC3), mRNA [NM_001031701]
Homo sapiens synaptonemal complex protein 2 (SYCP2), mRNA [NM_014258]
Homo sapiens transmembrane and tetratricopeptide repeat containing 1 (TMTC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 1 (NFATC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit VIIIc (COX8C), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001000000]
Homo sapiens polyhomeotic homolog 1 (Drosophila) (PHC1), mRNA [NM_004426]
Homo sapiens bestrophin 1 (BEST1), transcript variant 1, mRNA [NM_004183]
Homo sapiens SERPINE1 mRNA binding protein 1 (SERBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001010101]
Homo sapiens family with sequence similarity 24, member B (FAM24B), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006939), lincRNA [TCONS_I2_00012889]
Homo sapiens Bruton agammaglobulinemia tyrosine kinase (BTK), mRNA [NM_000061]
Homo sapiens cytokine induced apoptosis inhibitor 1 (CIAPIN1), mRNA [NM_020313]
Homo sapiens neuroplastin (NPTN), transcript variant b, mRNA [NM_012428]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004595), lincRNA [TCONS_00009536]
Homo sapiens dedicator of cytokinesis 2 (DOCK2), mRNA [NM_004946]
Homo sapiens family with sequence similarity 189, member B (FAM189B), transcript variant 1, mRNA [NM_001000000]
BX118352 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGp998L221795, mRNA sequence [BX118352]
amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family A, member 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:579] [ENST00000251111]
Homo sapiens ribosomal RNA processing 7 homolog B (S. cerevisiae) (RRP7B), non-coding RNA [NR_001000000]

Homo sapiens zinc finger protein 747 (ZNF747), mRNA [NM_023931]
PREDICTED: Homo sapiens UPF0687 protein C20orf27-like (LOC647086), miscRNA [XR_132608]
Homo sapiens LSM2 homolog, U6 small nuclear RNA associated (S. cerevisiae) (LSM2), mRNA [NM_001000000]
tubulin tyrosine ligase-like family, member 9 [Source:HGNC Symbol;Acc:16118] [ENST00000375922]

Homo sapiens general transcription factor IIIC, polypeptide 1, alpha 220kDa (GTF3C1), mRNA [NM_001000000]

Homo sapiens uncharacterized LOC148413 (LOC148413), non-coding RNA [NR_015434]
Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells-like 3 (TREM3), non-coding RNA [NR_015434]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 4A (ARL4A), transcript variant 1, mRNA [NM_005738]
Homo sapiens poly(A) polymerase alpha (PAPOLA), transcript variant 1, mRNA [NM_032632]
chromosome 6 open reading frame 100 [Source:HGNC Symbol;Acc:21195] [ENST00000377186]
Homo sapiens polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide F (POLR2F), mRNA [NM_021974]
Homo sapiens COMM domain containing 10 (COMMD10), mRNA [NM_016144]
Homo sapiens uncharacterized protein LOC728392 (LOC728392), mRNA [NM_001162371]
Homo sapiens amnionless homolog (mouse) (AMN), mRNA [NM_030943]
Homo sapiens dipeptidyl-peptidase 9 (DPP9), mRNA [NM_139159]
Homo sapiens alpha tubulin acetyltransferase 1 (ATAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_00103172]
RATAS1 amino acid starvation-induced protein {Rattus norvegicus} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (85%) [NM_00103172]

Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 10 (HSD17B10), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_00103172]
Homo sapiens mannose receptor, C type 1 (MRC1), mRNA [NM_002438]
Homo sapiens uncharacterized LOC730101 (LOC730101), transcript variant 1, non-coding RNA [NR_015434]
Homo sapiens ADP-ribosylhydrolase like 2 (ADPRHL2), nuclear gene encoding mitochondrial protein [NM_00103172]
Homo sapiens acyloxyacyl hydrolase (neutrophil) (AOAH), transcript variant 1, mRNA [NM_001637]
Homo sapiens oligonucleotide/oligosaccharide-binding fold containing 2A (OBFC2A), transcript variant 1, mRNA [NM_00103172]
Homo sapiens DEP domain containing 1 (DEPDC1), transcript variant 1, mRNA [NM_001114120]
OPAP_DROME (P23488) Male-specific opa-containing protein precursor (Protein dromsopa), partial [NM_00103172]
Homo sapiens zinc finger protein 790 (ZNF790), transcript variant 4, mRNA [NM_001242802]
Homo sapiens ribosomal protein L23a (RPL23A), mRNA [NM_000984]

GB

Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 like 1 (DHRS4L1), mRNA [NM_00103172]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013233), lincRNA [TCONS_I2_00025055]
Homo sapiens ARP3 actin-related protein 3 homolog C (yeast) (ACTR3C), transcript variant 1, mRNA [NM_00103172]
603071515F1 NIH_MGC_119 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5163818 5', mRNA sequence [BI520031]
Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily 1 member C (SMARCA4), transcript variant 1, mRNA [NM_00103172]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 18 (DDX18), mRNA [NM_006773]
Homo sapiens mast cell immunoglobulin-like receptor 1 (MILR1), mRNA [NM_001085423]
Homo sapiens uncharacterized FLJ36000 (FLJ36000), non-coding RNA [NR_027084]
Homo sapiens small nuclear RNA activating complex, polypeptide 5, 19kDa (SNAPC5), mRNA [NM_00103172]
Homo sapiens TBC1 domain family, member 9 (with GRAM domain) (TBC1D9), mRNA [NM_015130]
BC060845 I(3)mbt-like 3, isoform b {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (8%) [THC269118]
Homo sapiens synovial sarcoma, X breakpoint 2 (SSX2), transcript variant 2, mRNA [NM_175698]
Homo sapiens cDNA FLJ39676 fis, clone SMINT2009832. [AK096995]
Homo sapiens AHA1, activator of heat shock 90kDa protein ATPase homolog 2 (yeast), mRNA (cDNA clone MGC:104887 IMAGE:5163818 5'), mRNA sequence [BI520031]
Homo sapiens MMS22-like, DNA repair protein (MMS22L), mRNA [NM_198468]
Homo sapiens prostaglandin D2 receptor (DP) (PTGDR), mRNA [NM_000953]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 23 (ARHGAP23), mRNA [NM_001199417]
Q477R1_DECAR (Q477R1) Phospholipid/glycerol acyltransferase, partial (5%) [THC2607229]
Homo sapiens Rho-associated, coiled-coil containing protein kinase 1 (ROCK1), mRNA [NM_005406]
Homo sapiens acyl-CoA thioesterase 7 (ACOT7), transcript variant hBACHa, mRNA [NM_007274]

Homo sapiens tet methylcytosine dioxygenase 2 (TET2), transcript variant 1, mRNA [NM_00112720]
Homo sapiens coronin, actin binding protein, 1A pseudogene (LOC606724), non-coding RNA [NR_00112720]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC642477 (FLJ39632), miscRNA [XR_110291]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012072), lincRNA [TCONS_00025267]
Homo sapiens bone morphogenetic protein receptor, type IB (BMPRI1B), mRNA [NM_001203]
Homo sapiens leucine rich repeat containing 28 (LRRC28), mRNA [NM_144598]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001875), lincRNA [TCONS_I2_00003421]
Homo sapiens reticulocalbin 3, EF-hand calcium binding domain (RCN3), mRNA [NM_020650]
Homo sapiens translocase of outer mitochondrial membrane 20 homolog (yeast) (TOMM20), nucleoside diphosphate kinase domain
Homo sapiens ATPase, class I, type 8B, member 4 (ATP8B4), mRNA [NM_024837]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506384 (LOC100506384), non-coding RNA [NR_040513]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001196), lincRNA [TCONS_I2_00001622]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_001549), lincRNA [TCONS_I2_00002974]
Homo sapiens solute carrier family 38, member 6 (SLC38A6), transcript variant 1, mRNA [NM_00112720]
Homo sapiens armadillo repeat gene deleted in velocardiofacial syndrome (ARVCF), mRNA [NM_00112720]
Homo sapiens dpy-19-like 4 (C. elegans) (DPY19L4), mRNA [NM_181787]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507171, transcript variant 2 (LOC100507171), miscRNA [XR_110291]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 22 (C19orf22), mRNA [NM_138774]
Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 24 (DDX24), mRNA [NM_020414]
Homo sapiens ring finger protein 130 (RNF130), mRNA [NM_018434]
Homo sapiens zinc finger protein 10 (ZNF10), mRNA [NM_015394]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 7 (PSMB7), mRNA [NM_002795]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507213 (LOC100507213), miscRNA [XR_109008]
Homo sapiens ribosomal protein L17 (RPL17), transcript variant 1, mRNA [NM_000985]
Homo sapiens pantothenate kinase 4 (PANK4), mRNA [NM_018216]
Homo sapiens nucleolar protein 12 (NOL12), mRNA [NM_024313]
Homo sapiens transmembrane protein 9 (TMEM9), mRNA [NM_016456]
Homo sapiens primase, DNA, polypeptide 2 (58kDa) (PRIM2), mRNA [NM_000947]
Homo sapiens small nucleolar RNA host gene 11 (non-protein coding) (SNHG11), non-coding RNA [NR_00112720]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_009223), lincRNA [TCONS_00019400]
Homo sapiens olfactory receptor, family 2, subfamily L, member 13 (OR2L13), mRNA [NM_175911]
Homo sapiens alpha 1,4-galactosyltransferase (A4GALT), mRNA [NM_017436]
Homo sapiens chromosome 8 open reading frame 59 (C8orf59), transcript variant 1, mRNA [NM_00112720]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100506073 (LOC100506073), mRNA [XM_00312720]
Homo sapiens cerebral dopamine neurotrophic factor (CDNF), mRNA [NM_001029954]
Homo sapiens Ly1 antibody reactive homolog (mouse) (LYAR), transcript variant 1, mRNA [NM_017436]
Homo sapiens uncharacterized LOC399744 (LOC399744), non-coding RNA [NR_024497]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010847), lincRNA [TCONS_00022524]
Homo sapiens purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 5 (P2RX5), transcript variant 1, mRNA [NM_00112720]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase A (cyclophilin A) (PPIA), mRNA [NM_021130]
RST15238 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG196029]
Homo sapiens ubiquitin protein ligase E3 component n-recogin 2 (UBR2), transcript variant 1, mRNA [NM_00112720]
Homo sapiens olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 12 pseudogene (OR7E12P), non-coding RNA [NR_00112720]

Homo sapiens kelch domain containing 3 (KLHDC3), transcript variant 1, mRNA [NM_057161]
muscle, skeletal, receptor tyrosine kinase [Source:HGNC Symbol;Acc:7525] [ENST00000374440]
chromosome 2 open reading frame 63 [Source:HGNC Symbol;Acc:26453] [ENST00000403506]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4812691. [BC040189]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_004867), lincRNA [TCONS_I2_00008986]
Homo sapiens citrate synthase (CS), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_004]
Homo sapiens thymocyte nuclear protein 1 (THYN1), transcript variant 2, mRNA [NM_199297]
Homo sapiens vestigial like 3 (Drosophila) (VGLL3), mRNA [NM_016206]
Homo sapiens relaxin 1 (RLN1), mRNA [NM_006911]
Homo sapiens uncharacterized LOC401134 (LOC401134), non-coding RNA [NR_033976]
Homo sapiens olfactory receptor, family 7, subfamily E, member 24 (OR7E24), mRNA [NM_0010799]
Homo sapiens zinc finger, SWIM-type containing 6 (ZSWIM6), mRNA [NM_020928]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507253 (LOC100507253), miscRNA [XR_110118]
Homo sapiens Janus kinase 3 (JAK3), mRNA [NM_000215]
Homo sapiens I(3)mbt-like 1 (Drosophila) (L3MBTL1), transcript variant II, mRNA [NM_032107]

Homo sapiens glutamate-cysteine ligase, modifier subunit (GCLM), mRNA [NM_002061]
Homo sapiens dihydropyrimidinase-like 3 (DPYSL3), transcript variant 2, mRNA [NM_001387]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, mitochondrial 1 (PTPMT1), nuclear gene encoding mit
Homo sapiens A kinase (PRKA) anchor protein 7 (AKAP7), transcript variant gamma, mRNA [NM_01
Homo sapiens biorientation of chromosomes in cell division 1-like (BOD1L), mRNA [NM_148894]
Homo sapiens interferon regulatory factor 2 binding protein-like (IRF2BPL), mRNA [NM_024496]

Homo sapiens serine/arginine-rich splicing factor 2 (SRSF2), transcript variant 1, mRNA [NM_003014]

Homo sapiens corticotropin releasing hormone receptor 1 (CRHR1), transcript variant 1, mRNA [NM
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010364), lincRNA [TCONS_00021769]

Homo sapiens elongation factor Tu GTP binding domain containing 1 (EFTUD1), transcript variant 1,
Homo sapiens cat eye syndrome chromosome region, candidate 5 (CECR5), transcript variant 2, mR
Homo sapiens origin recognition complex, subunit 5 (ORC5), transcript variant 1, mRNA [NM_00255]

Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5200632, partial cds. [BC027847]

Homo sapiens leucine rich repeat containing 14 (LRRC14), mRNA [NM_014665]

Homo sapiens protein kinase C and casein kinase substrate in neurons 2 (PACSIN2), transcript variar

Homo sapiens MORN repeat containing 4 (MORN4), transcript variant 1, mRNA [NM_178832]

Homo sapiens ARP2 actin-related protein 2 homolog (yeast) (ACTR2), transcript variant 1, mRNA [NI

Homo sapiens ribosomal protein L23a (RPL23A), mRNA [NM_000984]

Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), transcript variant 1, mRNA [NM_006013]

Homo sapiens GLIS family zinc finger 2 (GLIS2), mRNA [NM_032575]

Homo sapiens nuclear respiratory factor 1 (NRF1), transcript variant 1, mRNA [NM_005011]

Homo sapiens transmembrane protein 120B (TMEM120B), mRNA [NM_001080825]

Homo sapiens TATA box binding protein (TBP)-associated factor, RNA polymerase I, B, 63kDa (TAF11

Homo sapiens CD163 molecule-like 1 (CD163L1), mRNA [NM_174941]
AB084276 prepro-Neuropeptide W polypeptide {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (11%
Homo sapiens KIAA0556 (KIAA0556), mRNA [NM_015202]
Homo sapiens ribosomal protein L21 (RPL21), mRNA [NM_000982]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008897), lincRNA [TCONS_00018571]
Homo sapiens signal-regulatory protein beta 1 (SIRPB1), transcript variant 3, mRNA [NM_00113584
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_008689), lincRNA [TCONS_I2_00016808]
Homo sapiens RNA pseudouridylate synthase domain containing 3 (RPU3D3), transcript variant 1, r
Homo sapiens transforming growth factor, beta-induced, 68kDa (TGFB1), mRNA [NM_000358]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005640), lincRNA [TCONS_00011467]
Homo sapiens cDNA FLJ90181 fis, clone MAMMA1000706. [AK074662]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 230A (LINC00230A), non-coding RNA [NR_00
Homo sapiens propionyl CoA carboxylase, alpha polypeptide (PCCA), nuclear gene encoding mitoch
Homo sapiens mastermind-like 1 (Drosophila) (MAML1), mRNA [NM_014757]
Homo sapiens ets variant 3 (ETV3), transcript variant 1, mRNA [NM_001145312]
Homo sapiens uncharacterized LOC283174 (LOC283174), non-coding RNA [NR_024344]
Homo sapiens uncharacterized LOC643623 (LOC643623), non-coding RNA [NR_038906]
Homo sapiens rabphilin 3A-like (without C2 domains) (RPH3AL), transcript variant 1, mRNA [NM_00

Homo sapiens deoxyhypusine synthase (DHPS), transcript variant 2, mRNA [NM_013406]
Homo sapiens Opa interacting protein 5 (OIP5), mRNA [NM_007280]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_009370), lincRNA [TCONS_00019571]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012895), lincRNA [TCONS_00026578]
Homo sapiens zinc finger protein 286B (ZNF286B), mRNA [NM_001145045]
Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 114-26 (SNORD114-26), small nucleolar RNA [NR_0032
Homo sapiens actin-like 6B (ACTL6B), mRNA [NM_016188]
Homo sapiens high mobility group nucleosome binding domain 5 (HMGN5), mRNA [NM_030763]
Homo sapiens polymerase (DNA-directed), epsilon 4 (p12 subunit) (POLE4), mRNA [NM_019896]
Homo sapiens alkB, alkylation repair homolog 1 (E. coli) (ALKBH1), mRNA [NM_006020]

Homo sapiens solute carrier family 10 (sodium/bile acid cotransporter family), member 7 (SLC10A7)
Homo sapiens odd-skipped related 1 (Drosophila) (OSR1), mRNA [NM_145260]
Homo sapiens transmembrane protein 194A (TMEM194A), transcript variant 2, mRNA [NM_015257]
Homo sapiens EDAR-associated death domain (EDARADD), transcript variant B, mRNA [NM_080738
Homo sapiens dihydropyrimidinase-like 4 (DPYSL4), mRNA [NM_006426]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002486), lincRNA [TCONS_00004576]
Homo sapiens splicing factor proline/glutamine-rich (SFPQ), mRNA [NM_005066]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2C, 4 (EIF2C4), mRNA [NM_017629]
Homo sapiens ribosomal protein L23a (RPL23A), mRNA [NM_000984]
Homo sapiens syndecan 3 (SDC3), mRNA [NM_014654]
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 177 (C20orf177), transcript variant 1, mRNA [NI
Homo sapiens FCH and double SH3 domains 1 (FCHSD1), mRNA [NM_033449]
Homo sapiens Smith-Magenis syndrome chromosome region, candidate 7 (SMCR7), nuclear gene er

Homo sapiens uncharacterized LOC100270804 (LOC100270804), non-coding RNA [NR_026885]
Homo sapiens tRNA methyltransferase 61 homolog A (*S. cerevisiae*) (TRMT61A), mRNA [NM_15230]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide E (80kD) (POLR3E), mRNA [NM_018]
Homo sapiens nonhomologous end-joining factor 1 (NHEJ1), mRNA [NM_024782]
Homo sapiens DNMT3 opposite strand/antisense RNA (non-protein coding) (DNMT3OS), non-coding R
602075775F1 NIH_MGC_62 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4242834 5', mRNA sequence [BF570;
Q8NDX4_HUMAN (Q8NDX4) PREBP1 protein, complete [THC2471066]
HUMRPL26X ribosomal protein L26 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (91%) [THC25505]
Homo sapiens omega-3 fatty acid receptor 1 (O3FAR1), transcript variant 1, mRNA [NM_181745]
DB229023 TRACH3 Homo sapiens cDNA clone TRACH3022015 5', mRNA sequence [DB229023]
Homo sapiens olfactory receptor, family 4, subfamily D, member 6 (OR4D6), mRNA [NM_00100470;
Homo sapiens TBC1 domain family, member 2B (TBC1D2B), transcript variant 2, mRNA [NM_01507;
Homo sapiens CD37 molecule (CD37), transcript variant 1, mRNA [NM_001774]
Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 2 (RARRES2), mRNA [NM_002;
Homo sapiens glutaredoxin 5 (GLRX5), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_0;
Homo sapiens nanos homolog 1 (*Drosophila*) (NANOS1), mRNA [NM_199461]
Homo sapiens cDNA FLJ26160 fis, clone ADG02164. [AK129671]
Homo sapiens SEH1-like (*S. cerevisiae*) (SEH1L), transcript variant 2, mRNA [NM_031216]
Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1 (elliptocytosis 1, RH-linked) (EPB41), transcr
Homo sapiens uncharacterized LOC646324 (LOC646324), non-coding RNA [NR_037195]
Homo sapiens lactation elevated 1 (LACE1), mRNA [NM_145315]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_l2_004537), lincRNA [TCONS_l2_00008270]
Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 1, alpha (CAMKK1), transcript v
Homo sapiens septin 14 (SEPT14), mRNA [NM_207366]
Homo sapiens programmed cell death 2 (PDCD2), transcript variant 1, mRNA [NM_002598]
Homo sapiens importin 13 (IPO13), mRNA [NM_014652]
Homo sapiens zinc finger, X-linked, duplicated B (ZXDB), mRNA [NM_007157]
Homo sapiens transcription factor 7-like 2 (T-cell specific, HMG-box) (TCF7L2), transcript variant 2, r
Homo sapiens RBAK-LOC389458 readthrough (RBAK-LOC389458), mRNA [NM_001204513]
Homo sapiens RAN guanine nucleotide release factor (RANGRF), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens cold inducible RNA binding protein (CIRBP), transcript variant 1, mRNA [NM_001280]
Homo sapiens signal recognition particle 9kDa (SRP9), transcript variant 2, mRNA [NM_003133]
Homo sapiens CUE domain containing 2 (CUEDC2), mRNA [NM_024040]
Homo sapiens sialic acid binding Ig-like lectin 9 (SIGLEC9), transcript variant 2, mRNA [NM_014441]
Homo sapiens ADP-ribosylation factor related protein 1 (ARFRP1), transcript variant 1, mRNA [NM_1
Homo sapiens hydroxysteroid dehydrogenase like 2 (HSDL2), transcript variant 1, mRNA [NM_03231
Homo sapiens EF-hand domain (C-terminal) containing 1 (EFHC1), transcript variant A, mRNA [NM_1
Homo sapiens Treacher Collins-Franceschetti syndrome 1 (TCOF1), transcript variant 3, mRNA [NM_1
Homo sapiens mutS homolog 2, colon cancer, nonpolyposis type 1 (*E. coli*) (MSH2), mRNA [NM_000
Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
Homo sapiens MT-RNR2-like 7 (MTRNR2L7), mRNA [NM_001190489]
Homo sapiens ash1 (absent, small, or homeotic)-like (*Drosophila*) (ASH1L), mRNA [NM_018489]
Homo sapiens coilin (COIL), mRNA [NM_004645]

Homo sapiens apoptosis enhancing nuclease (AEN), mRNA [NM_022767]
Homo sapiens DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 15 (DHX15), mRNA [NM_001358]
Homo sapiens major facilitator superfamily domain containing 6-like (MFSD6L), mRNA [NM_152599]
Homo sapiens axin interactor, dorsalization associated (AIDA), mRNA [NM_022831]
family with sequence similarity 118, member A [Source:HGNC Symbol;Acc:1313] [ENST0000040567]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009139), lincRNA [TCONS_I2_00017151]
Homo sapiens v-myc myelocytomatosis viral oncogene homolog (avian) (MYC), mRNA [NM_002467]
Homo sapiens tet methylcytosine dioxygenase 2 (TET2), transcript variant 1, mRNA [NM_00112720]
Homo sapiens synaptic vesicle glycoprotein 2B (SV2B), transcript variant 1, mRNA [NM_014848]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_006844), lincRNA [TCONS_00014759]
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 32 (USP32), mRNA [NM_032582]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001823), lincRNA [TCONS_00003998]
Homo sapiens cDNA FLJ42565 fis, clone BRACE3007472. [AK124556]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), q polypeptide (GNAQ), mRNA [NM_0
BX119021 Soares_NhHMPu_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998K034258, mRNA sequence [BX
Homo sapiens BBSome interacting protein 1 (BBIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001195304]
1008982 Human Fat Cell 5'-Stretch Plus cDNA Library Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence [CB2
Homo sapiens ribosome production factor 2 homolog (S. cerevisiae) (RPF2), mRNA [NM_032194]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 19 (ARHGAP19), transcript variant 1, mRNA [NM_0329
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 44 (C12orf44), transcript variant 1, mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002469), lincRNA [TCONS_I2_00004769]
Homo sapiens family with sequence similarity 208, member B (FAM208B), mRNA [NM_017782]
Q4C1A2_CROWT (Q4C1A2) Rhodanese-like, partial (8%) [THC2746386]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012618), lincRNA [TCONS_00026270]
Homo sapiens chromosome 2 open reading frame 55 (C2orf55), mRNA [NM_207362]
Homo sapiens vacuolar protein sorting 13 homolog C (S. cerevisiae) (VPS13C), transcript variant 2A,
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100293704 (LOC100293704), miscRNA [XR_109102]
Homo sapiens proline and serine rich 1 (PROSER1), transcript variant 1, mRNA [NM_025138]
Homo sapiens HSPC101 mRNA, partial cds. [AF161364]
Homo sapiens nucleoporin 43kDa (NUP43), transcript variant 1, mRNA [NM_198887]
Homo sapiens unc-119 homolog (C. elegans) (UNC119), transcript variant 1, mRNA [NM_005148]
Homo sapiens growth hormone secretagogue receptor (GHSR), transcript variant 1b, mRNA [NM_0
Homo sapiens programmed cell death 2 (PDCD2), transcript variant 1, mRNA [NM_002598]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506054 (LOC100506054), transcript variant 1, non-coding RN
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 24 (USP24), mRNA [NM_015306]

Homo sapiens thymidylate synthetase (TYMS), mRNA [NM_001071]

Homo sapiens galactokinase 1 (GALK1), mRNA [NM_000154]
Homo sapiens epithelial stromal interaction 1 (breast) (EPSTI1), transcript variant 2, mRNA [NM_03
Homo sapiens maternal embryonic leucine zipper kinase (MELK), mRNA [NM_014791]
Homo sapiens biotinidase (BTD), mRNA [NM_000060]
Homo sapiens methionine adenosyltransferase II, alpha (MAT2A), mRNA [NM_005911]
Homo sapiens mitochondrial ribosome recycling factor (MRRF), nuclear gene encoding mitochondri

Homo sapiens nucleoporin 107kDa (NUP107), mRNA [NM_020401]
Homo sapiens PAX interacting (with transcription-activation domain) protein 1 (PAXIP1), mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens tubulin folding cofactor E (TBCE), transcript variant 1, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 12 (SLC2A12), mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens uncharacterized LOC100506054 (LOC100506054), transcript variant 3, non-coding RNA [NM_001079515]
Homo sapiens MAGE-like 2 (MAGEL2), mRNA [NM_019066]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007224), lincRNA [TCONS_00015177]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100653149 (LOC100653149), miscRNA [XR_133276]
Homo sapiens F-box protein 3 (FBXO3), transcript variant 2, mRNA [NM_033406]
Homo sapiens Fc receptor-like A (FCRLA), transcript variant 2, mRNA [NM_032738]
Homo sapiens protein kinase N1 (PKN1), transcript variant 2, mRNA [NM_002741]
Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, L type, alpha 1C subunit (CACNA1C), transcript variant 1, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens Alport syndrome, mental retardation, midface hypoplasia and elliptocytosis chromosome 10q25.3 region (ALP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens RAB14, member RAS oncogene family (RAB14), mRNA [NM_016322]
Homo sapiens cyclin B1 (CCNB1), mRNA [NM_031966]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652927 (LOC100652927), miscRNA [XR_132642]
Homo sapiens transcription factor Dp-1 (TFDP1), transcript variant 1, mRNA [NM_007111]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 6 (TRPM6), transcript variant 1, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens Wilms tumor 1 associated protein (WTAP), transcript variant 1, mRNA [NM_004906]
ALU8_HUMAN (P39195) Alu subfamily SX sequence contamination warning entry, partial (8%) [THC_001079515]
Homo sapiens transmembrane protein 231 (TMEM231), transcript variant 3, mRNA [NM_00107741]
Homo sapiens minichromosome maintenance complex component 9 (MCM9), transcript variant 1, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens retinoblastoma binding protein 4 (RBBP4), transcript variant 1, mRNA [NM_005610]

Homo sapiens ribosomal protein S3A (RPS3A), mRNA [NM_001006]
transcription factor 7-like 2 (T-cell specific, HMG-box) [Source:HGNC Symbol;Acc:11641] [ENST00000203518]
Homo sapiens AF4/FMR2 family, member 4 (AFF4), mRNA [NM_014423]
Homo sapiens G-protein signaling modulator 1 (GPSM1), transcript variant 1, mRNA [NM_00114563]
Homo sapiens ribosomal protein L21 (RPL21), mRNA [NM_000982]
Homo sapiens N-acetylgalactosaminidase, alpha- (NAGA), mRNA [NM_000262]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S23 (MRPS23), nuclear gene encoding mitochondria [NM_001079515]

Homo sapiens plectin (PLEC), transcript variant 6, mRNA [NM_201380]

Homo sapiens ubiquitin-like modifier activating enzyme 2 (UBA2), mRNA [NM_005499]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 17 (DNAJC17), mRNA [NM_018163]
Homo sapiens metaxin 1 (MTX1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens general transcription factor IIIC, polypeptide 4, 90kDa (GTF3C4), mRNA [NM_012204]
Homo sapiens RAB34, member RAS oncogene family (RAB34), transcript variant 3, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 1 (LILRB1), transcript variant 1, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens natural cytotoxicity triggering receptor 1 (NCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_001079515]
Homo sapiens engrailed homeobox 2 (EN2), mRNA [NM_001427]
Homo sapiens chromosome 4 open reading frame 34 (C4orf34), mRNA [NM_174921]
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 169 (C9orf169), mRNA [NM_199001]

mitochondrially encoded NADH dehydrogenase 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:7456] [ENST00000361

Homo sapiens chromosome 16 open reading frame 91 (C16orf91), mRNA [NM_001010878]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, assembly factor 2 (NDUFAF2), mRNA [NM_001010878]
Homo sapiens KIAA0907 (KIAA0907), mRNA [NM_014949]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507769 (LOC100507769), miscRNA [XR_111905]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_004587), lincRNA [TCONS_00010121]
Homo sapiens polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide E (80kD) (POLR3E), mRNA [NM_018282]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011488), lincRNA [TCONS_00023279]
Homo sapiens UFM1-specific peptidase 1 (non-functional) (UFSP1), mRNA [NM_001015072]

Q41XT8_DESHA (Q41XT8) Dihydropteroate synthase , partial (6%) [THC2523212]
Homo sapiens RAB6A, member RAS oncogene family, mRNA (cDNA clone IMAGE:5752233), partial cDNA [U052233]
Homo sapiens tripartite motif containing 25 (TRIM25), mRNA [NM_005082]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100132080 (LOC100132080), miscRNA [XR_132526]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 5 (DNAJC5), mRNA [NM_025219]
Homo sapiens kallikrein 1 (KLK1), mRNA [NM_002257]
Homo sapiens RAB11 family interacting protein 1 (class I) (RAB11FIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001010878]
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 9 (PARP9), transcript variant 6, mRNA [NM_001010878]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_014226), lincRNA [TCONS_00029589]
Homo sapiens GRB2-related adaptor protein (GRAP), mRNA [NM_006613]
Homo sapiens protein kinase, AMP-activated, gamma 1 non-catalytic subunit (PRKAG1), transcript variant 1, mRNA [NM_001010878]
Homo sapiens epithelial cell adhesion molecule (EPCAM), mRNA [NM_002354]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 57 (C6orf57), mRNA [NM_145267]
Homo sapiens aquaporin 7 pseudogene 3 (AQP7P3), non-coding RNA [NR_026558]
Homo sapiens ghrelin opposite strand RNA 2 (non-protein coding) (GHRLOS2), non-coding RNA [NR_001010878]
Homo sapiens STE20-related kinase adaptor beta (STRADB), transcript variant 1, mRNA [NM_01857]
Homo sapiens uncharacterized LOC100303728 (LOC100303728), non-coding RNA [NR_028443]

Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5242641. [BC032569]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507486 (LOC100507486), miscRNA [XR_109525]
Homo sapiens Tctex1 domain containing 4 (TCTEX1D4), mRNA [NM_001013632]
Homo sapiens syncoilin, intermediate filament protein (SYNC), transcript variant 1, mRNA [NM_030282]
Homo sapiens RNA binding protein, fox-1 homolog (C. elegans) 3 (RBF3), mRNA [NM_001082575]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 55 (C7orf55), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens C-type lectin domain family 2, member B (CLEC2B), mRNA [NM_005127]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_003674), lincRNA [TCONS_I2_00006779]
Homo sapiens resistance to inhibitors of cholinesterase 8 homolog B (C. elegans) (RIC8B), mRNA [NM_001010878]
Homo sapiens syntaxin binding protein 4 (STXBP4), mRNA [NM_178509]
Homo sapiens peroxiredoxin 1 (PRDX1), transcript variant 1, mRNA [NM_002574]
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase 1 (PARP1), mRNA [NM_001618]
Homo sapiens syntaxin 1B (STX1B), mRNA [NM_052874]

Homo sapiens MAP7 domain containing 2 (MAP7D2), transcript variant 2, mRNA [NM_152780]
Homo sapiens ribonucleotide reductase M2 (RRM2), transcript variant 2, mRNA [NM_001034]
Homo sapiens phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1A (PPAPDC1A), mRNA [NM_001034]
solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 11 [Source:HGNC Symbol;Acc:1423]

Homo sapiens centrosomal protein 76kDa (CEP76), mRNA [NM_024899]
Homo sapiens ribosomal protein L21 pseudogene 44 (RPL21P44), non-coding RNA [NR_027153]
Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 5 (B3GNT5), mRNA [NM_001034]
Homo sapiens protein kinase C, eta (PRKCH), mRNA [NM_006255]
sorting nexin 22 [Source:HGNC Symbol;Acc:16315] [ENST00000380278]
Homo sapiens calcyon neuron-specific vesicular protein (CALY), mRNA [NM_015722]
Homo sapiens THAP domain containing 8 (THAP8), mRNA [NM_152658]
Homo sapiens ring finger protein 214 (RNF214), transcript variant 2, mRNA [NM_001077239]
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 4 (PSMD4), mRNA [NM_001034]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 25 pseudogene (LOC202181), non-coding RNA [NR_027153]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]

Homo sapiens carbohydrate (N-acetylgalactosamine 4-O) sulfotransferase 8 (CHST8), transcript variant 1, mRNA [NM_001034]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 138 (C6orf138), transcript variant 1, mRNA [NM_001034]
ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial Fo complex, subunit C1 (subunit 9) pseudogene 5 [Source:HGNC Symbol;Acc:1423]

Homo sapiens neurofibromin 2 (merlin) (NF2), transcript variant 8, mRNA [NM_181832]
Homo sapiens H1 histone family, member X (H1FX), mRNA [NM_006026]
Homo sapiens solute carrier family 25, member 33 (SLC25A33), nuclear gene encoding mitochondrial protein
PREDICTED: Homo sapiens chromosome 18 open reading frame 12 (C18orf12), miscRNA [XR_10947]
Homo sapiens aryl-hydrocarbon receptor nuclear translocator 2 (ARNT2), mRNA [NM_014862]
Homo sapiens collagen, type V, alpha 2 (COL5A2), mRNA [NM_000393]
Homo sapiens cytoglobin (CYGB), mRNA [NM_134268]
Homo sapiens protocadherin beta 16 (PCDHB16), mRNA [NM_020957]
Homo sapiens vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2) (VAMP2), mRNA [NM_014862]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005423), lincRNA [TCONS_00011354]
Homo sapiens CD70 molecule (CD70), mRNA [NM_001252]
Homo sapiens cDNA FLJ42751 fis, clone BRAWH3000491, moderately similar to 40S ribosomal protein L27
Homo sapiens DPH5 homolog (S. cerevisiae) (DPH5), transcript variant 1, mRNA [NM_001077394]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012398), lincRNA [TCONS_00025573]
Homo sapiens BCL2-like 10 (apoptosis facilitator) (BCL2L10), mRNA [NM_020396]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L27 (MRPL27), nuclear gene encoding mitochondrial protein
Homo sapiens iduronate 2-sulfatase (IDS), transcript variant 2, mRNA [NM_006123]
Homo sapiens synaptogyrin 1 (SYNGR1), transcript variant 1b, mRNA [NM_145731]
Homo sapiens cDNA FLJ26332 fis, clone HRT02453. [AK129842]
Homo sapiens histocompatibility (minor) 13 (HM13), transcript variant 4, mRNA [NM_178582]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002433), lincRNA [TCONS_I2_00004704]

Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 2 (beta) (CCT2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens sorting nexin 20 (SNX20), transcript variant 1, mRNA [NM_182854]

Homo sapiens trefoil factor 2 (TFF2), mRNA [NM_005423]

AGENCOURT_6387596 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5529651 5', mRNA sequence [NM_001080423]

Homo sapiens transmembrane protein 188 (TMEM188), mRNA [NM_153261]

Homo sapiens ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA [NM_000992]

Homo sapiens nascent polypeptide-associated complex alpha subunit (NACA), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens hairy and enhancer of split 6 (Drosophila) (HES6), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 1 (DDX1), mRNA [NM_004939]

Homo sapiens protein arginine methyltransferase 6 (PRMT6), mRNA [NM_018137]

Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 10 (ZBTB10), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007240), lincRNA [TCONS_00015184]

Homo sapiens isocitrate dehydrogenase 2 (NADP+), mitochondrial (IDH2), nuclear gene encoding mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 4 (CEACAM4), mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens aldo-keto reductase family 1, member A1 (aldehyde reductase) (AKR1A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory subunit 13B (PPP1R13B), mRNA [NM_015316]

Homo sapiens cDNA clone IMAGE:30404477, partial cds. [BC065737]

Homo sapiens Janus kinase 3 (JAK3), mRNA [NM_000215]

Homo sapiens ribosomal protein L17 (RPL17), transcript variant 1, mRNA [NM_000985]

Homo sapiens PC4 and SFRS1 interacting protein 1 (PSIP1), transcript variant 1, mRNA [NM_021144]

Homo sapiens GATS, stromal antigen 3 opposite strand (GATS), transcript variant 1, mRNA [NM_178000]

Homo sapiens AT rich interactive domain 5B (MRF1-like) (ARID5B), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens integrator complex subunit 7 (INTS7), transcript variant 1, mRNA [NM_015434]

Homo sapiens solute carrier family 37 (glycerol-3-phosphate transporter), member 2 (SLC37A2), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens zinc finger protein 836 (ZNF836), mRNA [NM_001102657]

Homo sapiens cDNA FLJ26514 fis, clone KDN07578. [AK130024]

Homo sapiens caspase 6, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP6), transcript variant alpha, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens OTU domain containing 6B (OTUD6B), mRNA [NM_016023]

Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, C (PTPRC), transcript variant 1, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens chromosome 3 open reading frame 80 (C3orf80), mRNA [NM_001168214]

Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 47 (C12orf47), non-coding RNA [NR_015404]

Homo sapiens insulin-like growth factor 1 (somatomedin C) (IGF1), transcript variant 4, mRNA [NM_001080423]

DA197111 BRASW1 Homo sapiens cDNA clone BRASW1000106 5', mRNA sequence [DA197111]

Homo sapiens abhydrolase domain containing 2 (ABHD2), transcript variant 1, mRNA [NM_007011]

Homo sapiens DIS3 mitotic control homolog (*S. cerevisiae*)-like (DIS3L), transcript variant 2, mRNA [NM_001080423]

Homo sapiens fuzzy homolog (Drosophila) (FUZ), transcript variant 1, mRNA [NM_025129]

Homo sapiens NSFL1 (p97) cofactor (p47) (NSFL1C), transcript variant 1, mRNA [NM_016143]

Homo sapiens ribosomal protein L6 (RPL6), transcript variant 1, mRNA [NM_001024662]

Homo sapiens zinc finger, NFX1-type containing 1 (ZNF1), mRNA [NM_021035]

Homo sapiens ribosomal protein L37a (RPL37A), mRNA [NM_000998]

Homo sapiens cDNA clone MGC:23914 IMAGE:4769647, complete cds. [BC020828]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506465, transcript variant 1 (LOC100506465), miscellaneous [NM_001080423]

Homo sapiens exocyst complex component 5 (EXOC5), mRNA [NM_006544]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_013263), lincRNA [TCONS_00027223]
Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfam
Homo sapiens chromosome X open reading frame 57 (CXorf57), transcript variant 1, mRNA [NM_01
Homo sapiens polymerase (RNA) I polypeptide D, 16kDa (POLR1D), transcript variant 2, mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505484 (LOC100505484), miscRNA [XR_108831]
Homo sapiens zonadhesin (ZAN), transcript variant 6, mRNA [NM_173059]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001720), lincRNA [TCONS_00003916]
Homo sapiens polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant) (PKD1), transcript variant 2, mRNA
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011344), lincRNA [TCONS_00023494]
Homo sapiens acid phosphatase 2, lysosomal (ACP2), transcript variant 2, mRNA [NM_001131064]
Homo sapiens EP300 interacting inhibitor of differentiation 2 (EID2), mRNA [NM_153232]
Homo sapiens keratin associated protein 9-1 (KRTAP9-1), mRNA [NM_001190460]
Homo sapiens dehydrogenase/reductase (SDR family) member 4 (DHRS4), mRNA [NM_021004]
Homo sapiens low density lipoprotein receptor-related protein 6 (LRP6), mRNA [NM_002336]
Homo sapiens vault RNA 1-2 (VTRNA1-2), vault RNA [NR_026704]
Homo sapiens mutL homolog 1, colon cancer, nonpolyposis type 2 (E. coli) (MLH1), transcript varian
DA270978 BRCAN2 Homo sapiens cDNA clone BRCAN2025386 5', mRNA sequence [DA270978]
Homo sapiens glycerol-3-phosphate acyltransferase 2, mitochondrial (GPAT2), nuclear gene encodir
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012031), lincRNA [TCONS_00024747]
Homo sapiens prostaglandin D2 synthase 21kDa (brain) (PTGDS), mRNA [NM_000954]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000153), lincRNA [TCONS_00001990]
Homo sapiens serine/threonine kinase 17a (STK17A), mRNA [NM_004760]
Homo sapiens arylsulfatase family, member K (ARSK), mRNA [NM_198150]

Homo sapiens chromosome 21 open reading frame 88 (C21orf88), transcript variant 1, non-coding f

Homo sapiens solute carrier family 9, subfamily B (cation proton antiporter 2), member 1 (SLC9B1),
Homo sapiens prolactin releasing hormone receptor (PRLHR), mRNA [NM_004248]
Homo sapiens LanC lantibiotic synthetase component C-like 1 (bacterial) (LANCL1), transcript varian
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L19 (MRPL19), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens early endosome antigen 1 (EEA1), mRNA [NM_003566]
Homo sapiens Rho GTPase activating protein 32 (ARHGAP32), transcript variant 1, mRNA [NM_0011
Homo sapiens alkB, alkylation repair homolog 7 (E. coli) (ALKBH7), mRNA [NM_032306]
Homo sapiens leukemia inhibitory factor (cholinergic differentiation factor) (LIF), mRNA [NM_00230
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha transducing activity polypeptid
Homo sapiens leucine-rich repeats and death domain containing 1 (LRRD1), mRNA [NM_001161528
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100652915 (LOC100652915), miscRNA [XR_132481]
Homo sapiens growth differentiation factor 1 (GDF1), mRNA [NM_001492]
Homo sapiens phospholipid scramblase 3 (PLSCR3), transcript variant 1, mRNA [NM_020360]
Homo sapiens glutamyl-prolyl-tRNA synthetase (EPRS), mRNA [NM_004446]
Homo sapiens transportin 1 (TNPO1), transcript variant 1, mRNA [NM_002270]
Homo sapiens TM2 domain containing 3 (TM2D3), transcript variant 1, mRNA [NM_078474]
Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 6 (TRPM6), transc

Homo sapiens UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,4- galactosyltransferase, polypeptide 5 (B4GALT5), mRNA

Homo sapiens Rab geranylgeranyltransferase, beta subunit (RABGGTB), mRNA [NM_004582]

Homo sapiens interleukin enhancer binding factor 2, 45kDa (ILF2), mRNA [NM_004515]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_000048), lincRNA [TCONS_00001938]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_005116), lincRNA [TCONS_00011249]

Homo sapiens establishment of cohesion 1 homolog 2 (*S. cerevisiae*) (ESCO2), mRNA [NM_0010174]

Homo sapiens TAF9 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 32kDa (TAF9)

Homo sapiens synaptotagmin binding, cytoplasmic RNA interacting protein (SYNCRIP), transcript variant 1

Homo sapiens uncharacterized LOC401491 (FLJ35024), non-coding RNA [NR_015375]

Homo sapiens ribosomal protein L13a pseudogene 17 (RPL13AP17), non-coding RNA [NR_003680]

Homo sapiens interleukin 18 binding protein (IL18BP), transcript variant A, mRNA [NM_173042]

T cell receptor delta constant [Source:HGNC Symbol;Acc:12253] [ENST00000390477]

Homo sapiens testis development related protein 1 (TDRG1), non-coding RNA [NR_024015]

Homo sapiens speedy homolog E3 (*Xenopus laevis*) (SPDYE3), mRNA [NM_001004351]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 7 (SNORD7), small nucleolar RNA [NR_003037]

Homo sapiens ASF1 anti-silencing function 1 homolog B (*S. cerevisiae*) (ASF1B), mRNA [NM_018154]

Homo sapiens synaptotagmin XV (SYT15), transcript variant b, mRNA [NM_181519]

Homo sapiens coiled-coil domain containing 76 (CCDC76), mRNA [NM_019083]

Homo sapiens phosphatidylethanolamine N-methyltransferase (PEMT), nuclear gene encoding mitochondrial

Homo sapiens adenosine deaminase, RNA-specific, B1 (ADARB1), transcript variant 4, non-coding RNA

RAD52 homolog (*S. cerevisiae*) [Source:HGNC Symbol;Acc:9824] [ENST00000545967]

Homo sapiens serine/threonine kinase 38 like (STK38L), mRNA [NM_015000]

Homo sapiens Rho GTPase activating protein 23 (ARHGAP23), mRNA [NM_001199417]

PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507103 (LOC100507103), miscRNA [XR_108974]

Homo sapiens endosulfine alpha (ENSA), transcript variant 1, mRNA [NM_207042]

Homo sapiens suppression of tumorigenicity 13 (colon carcinoma) (Hsp70 interacting protein) (ST13)

Homo sapiens reversion-inducing-cysteine-rich protein with kazal motifs (RECK), mRNA [NM_02111]

Homo sapiens HLA complex group 27 (non-protein coding) (HCG27), non-coding RNA [NR_026791]

DA569430 HEMBA1 Homo sapiens cDNA clone HEMBA1002792 5', mRNA sequence [DA569430]

Homo sapiens tripartite motif containing 8 (TRIM8), mRNA [NM_030912]

Homo sapiens c-ERBB-2 mRNA, 5' UTR. [AB025286]

Homo sapiens F-box protein 25 (FBXO25), transcript variant 2, mRNA [NM_183420]

Homo sapiens S100P binding protein (S100BP), transcript variant 1, mRNA [NM_022753]

full-length cDNA clone CS0DB004YM09 of Neuroblastoma Cot 10-normalized of Homo sapiens (human)

Homo sapiens establishment of cohesion 1 homolog 2 (*S. cerevisiae*) (ESCO2), mRNA [NM_0010174]

Homo sapiens bromodomain adjacent to zinc finger domain, 1B (BAZ1B), mRNA [NM_032408]

Homo sapiens single-stranded DNA binding protein 2 (SSBP2), mRNA [NM_012446]

Homo sapiens TSPY-like 5 (TSPYL5), mRNA [NM_033512]

Homo sapiens 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 2 (PFKFB2), transcript variant 1

Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 213 (C1orf213), transcript variant 1, non-coding RNA

Q5CSV7_CRYPV (Q5CSV7) Predicted secreted protein, signal peptide, partial (5%) [THC2662545]

Homo sapiens trichorhinophalangeal syndrome I (TRPS1), mRNA [NM_014112]

Homo sapiens antigen identified by monoclonal antibody Ki-67 (MKI67), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 63 (C1orf63), mRNA [NM_020317]
Homo sapiens solute carrier family 30 (zinc transporter), member 7 (SLC30A7), transcript variant 1,
Homo sapiens RNA binding motif protein 23 (RBM23), transcript variant 1, mRNA [NM_001077351]
Homo sapiens carboxylesterase 1 (CES1), transcript variant 1, mRNA [NM_001025195]
Homo sapiens cDNA FLJ45519 fis, clone BRTHA2024177. [AK127427]
Homo sapiens golgi membrane protein 1 (GOLM1), transcript variant 1, mRNA [NM_016548]

Homo sapiens enoyl CoA hydratase domain containing 1 (ECHDC1), transcript variant 2, mRNA [NM_001190438]
Homo sapiens nuclear receptor corepressor 1 (NCOR1), transcript variant 2, mRNA [NM_001190438]
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase associated protein 1 (MAPKAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_001190438]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:4643754, **** WARNING: chimeric clone ****. [BC012174]
Q26195_PLAVI (Q26195) Pva1 protein, partial (8%) [THC2786593]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5478640, partial cds. [BC062328]
Homo sapiens CDC28 protein kinase regulatory subunit 1B (CKS1B), transcript variant 1, mRNA [NM_001190438]
Homo sapiens Fc receptor-like 1 (FCRL1), transcript variant 1, mRNA [NM_052938]
Homo sapiens myotubularin related protein 1 (MTMR1), mRNA [NM_003828]

Homo sapiens RAN binding protein 3 (RANBP3), transcript variant RANBP3-d, mRNA [NM_007322]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide C (SNRPC), transcript variant 1, mRNA [NM_001190438]
Homo sapiens REX1, RNA exonuclease 1 homolog (S. cerevisiae) (REXO1), mRNA [NM_020695]
Q4V8T2_BRARE (Q4V8T2) LOC567929 protein (Fragment), partial (5%) [THC2494672]
Homo sapiens uncharacterized LOC401320 (LOC401320), non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens chromosome 7 open reading frame 13 (C7orf13), non-coding RNA [NR_026865]
Homo sapiens ribosomal protein S19 (RPS19), mRNA [NM_001022]
Homo sapiens penta-EF-hand domain containing 1 (PEF1), transcript variant 1, mRNA [NM_012392]
Homo sapiens zinc finger protein 890, pseudogene (ZNF890P), non-coding RNA [NR_034163]
Homo sapiens ribosomal protein S15a (RPS15A), transcript variant 2, mRNA [NM_001019]
Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase (GALE), transcript variant 1, mRNA [NM_000403]
Homo sapiens regulation of nuclear pre-mRNA domain containing 1B (RPRD1B), mRNA [NM_021211]
Homo sapiens myosin VA (heavy chain 12, myoxin) (MYO5A), transcript variant 1, mRNA [NM_000211]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001317), lincRNA [TCONS_00003544]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5172245, containing frame-shift errors. [BC031633]
Homo sapiens complement component 1, r subcomponent (C1R), mRNA [NM_001733]
Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 6, 13kDa (NADH-coenzyme Q reductase 1) (ND6), mRNA [NM_001190438]
T cell receptor gamma variable 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:12289] [ENST00000390345]
Homo sapiens ribosomal protein L23a pseudogene 7 (RPL23AP7), transcript variant 3, non-coding RNA [NR_038889]
Homo sapiens kelch-like 31 (Drosophila) (KLHL31), mRNA [NM_001003760]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128770 (LOC100128770), miscRNA [XR_109245]
Homo sapiens uncharacterized LOC100507582 (LOC100507582), non-coding RNA [NR_037903]

Homo sapiens SRA stem-loop interacting RNA binding protein (SLIRP), mRNA [NM_031210]
Homo sapiens armadillo repeat containing 5 (ARMC5), transcript variant 2, mRNA [NM_024742]
Homo sapiens cortactin binding protein 2 (CTTNBP2), mRNA [NM_033427]

Homo sapiens transmembrane protein 186 (TMEM186), mRNA [NM_015421]
Homo sapiens aquaporin 3 (Gill blood group) (AQP3), mRNA [NM_004925]
Homo sapiens Sad1 and UNC84 domain containing 5 (SUN5), mRNA [NM_080675]
Homo sapiens embryonic ectoderm development (EED), transcript variant 2, mRNA [NM_152991]
Homo sapiens ubiquitin protein ligase E3 component n-recognin 2 (UBR2), transcript variant 2, mRNA [NM_003311]
Homo sapiens TAF13 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 18kDa (TAF13), mRNA [NM_003311]
Homo sapiens pleckstrin homology-like domain, family A, member 2 (PHLDA2), mRNA [NM_003311]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E (SNRPE), mRNA [NM_003094]
Homo sapiens chromosome 1 open reading frame 216 (C1orf216), mRNA [NM_152374]
RST41765 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [BG221948]
Homo sapiens atlastin GTPase 2 (ATL2), transcript variant 1, mRNA [NM_022374]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein [NM_003311]
Homo sapiens cell adhesion molecule 4 (CADM4), mRNA [NM_145296]
HHAGE021842 Human liver regeneration after partial hepatectomy Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [HHAGE021842]
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 3 (MLL3), mRNA [NM_170606]
Homo sapiens cAMP responsive element binding protein 3 (CREB3), mRNA [NM_006368]
Homo sapiens cDNA FLJ42959 fis, clone BRSTN2010923. [AK124949]
Homo sapiens microtubule associated monoxygenase, calponin and LIM domain containing 3 (MICAL3), mRNA [NM_003311]
Homo sapiens C-type lectin domain family 10, member A (CLEC10A), transcript variant 1, mRNA [NM_003311]
Homo sapiens piezo-type mechanosensitive ion channel component 1 (PIEZO1), mRNA [NM_001144]
Homo sapiens ring finger protein 166 (RNF166), transcript variant 1, mRNA [NM_178841]
Homo sapiens chromosome 19 open reading frame 43 (C19orf43), mRNA [NM_024038]
Homo sapiens ADAM metallopeptidase domain 19 (ADAM19), mRNA [NM_033274]
transmembrane protein 59 [Source:HGNC Symbol;Acc:1239] [ENST00000371337]
Homo sapiens inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain family, member 4 (ITIH4), transcript variant 1, mRNA [NM_003311]
Homo sapiens nucleotide binding protein 1 (NUBP1), mRNA [NM_002484]
Homo sapiens RIO kinase 2 (yeast) (RIOK2), transcript variant 1, mRNA [NM_018343]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506453 (LOC100506453), miscRNA [XR_110925]
Homo sapiens HLA-F antisense RNA 1 (non-protein coding) (HLA-F-AS1), transcript variant 1, non-coding RNA [NM_003311]
1503232A peptidyl-Pro cis trans isomerase. {Sus scrofa domestica} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (1-1503232A), mRNA [NM_003311]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 167 (CCDC167), mRNA [NM_138493]
Homo sapiens hect domain and RLD 2 (HERC2), mRNA [NM_004667]
Homo sapiens zinc finger CCCH-type containing 12D (ZC3H12D), mRNA [NM_207360]
Homo sapiens protein kinase, interferon-inducible double stranded RNA dependent activator (PRKR) [NM_003311]
Homo sapiens unc-13 homolog D (C. elegans) (UNC13D), mRNA [NM_199242]
Homo sapiens cyclin D1 (CCND1), mRNA [NM_053056]
Homo sapiens solute carrier family 26, member 5 (prestin) (SLC26A5), transcript variant b, mRNA [NM_003311]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506257 (LOC100506257), miscRNA [XR_132801]
AGENCOURT_7501292 NIH_MGC_112 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:6071385 5', mRNA sequence [AGENCOURT_7501292]
Homo sapiens ribosomal protein S2 pseudogene 32 (RPS2P32), non-coding RNA [NR_026676]

Homo sapiens frizzled family receptor 7 (FZD7), mRNA [NM_003507]
Homo sapiens anterior pharynx defective 1 homolog A (C. elegans) (APH1A), transcript variant 1, mRNA [NM_003311]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002221), lincRNA [TCONS_00005211]

Homo sapiens dpy-19-like 1 pseudogene 1 (C. elegans) (DPY19L1P1), non-coding RNA [NR_036680]
Homo sapiens family with sequence similarity 134, member A (FAM134A), mRNA [NM_024293]
Homo sapiens PDZ domain containing 11 (PDZD11), mRNA [NM_016484]
Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 6 (HAUS6), mRNA [NM_017645]
Homo sapiens ribosomal protein S2 (RPS2), mRNA [NM_002952]
Homo sapiens spectrin, alpha, erythrocytic 1 (elliptocytosis 2) (SPTA1), mRNA [NM_003126]

DB279316 UTERU3 Homo sapiens cDNA clone UTERU3005625 5', mRNA sequence [DB279316]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005074), lincRNA [TCONS_I2_00009545]
Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 35 (ARHGEF35), mRNA [NM_00100371]

Homo sapiens zinc finger protein 112 homolog (mouse) (ZFP112), transcript variant 2, mRNA [NM_001145664]
Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 16 (FBXL16), mRNA [NM_153350]
Homo sapiens regulatory factor X, 8 (RFX8), mRNA [NM_001145664]
Homo sapiens patched domain containing 1 (PTCHD1), mRNA [NM_173495]
Homo sapiens golgin A8 family, member I, pseudogene (GOLGA8IP), non-coding RNA [NR_024074]
Homo sapiens glycophorin A (MNS blood group) (GYPA), mRNA [NM_002099]
PPN1_CANGA (Q6FMQ0) Endopolyphosphatase , partial (3%) [THC2656073]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008058), lincRNA [TCONS_00017237]
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2B, subunit 4 delta, 67kDa (EIF2B4), transcript variant 2, mRNA [NM_001145664]
Homo sapiens solute carrier family 22, member 31 (SLC22A31), mRNA [NM_001242757]
Homo sapiens discs, large (Drosophila) homolog-associated protein 3 (DLGAP3), mRNA [NM_001081]
Homo sapiens thymidine phosphorylase (TYMP), transcript variant 1, mRNA [NM_001113755]
Homo sapiens peptidylprolyl isomerase E (cyclophilin E) (PPIE), transcript variant 2, mRNA [NM_001145664]
Homo sapiens protein associated with topoisomerase II homolog 2 (yeast) (PATL2), mRNA [NM_001145664]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010210), lincRNA [TCONS_00020939]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 37 (ANKRD37), mRNA [NM_181726]
Homo sapiens TAP binding protein (tapasin) (TAPBP), transcript variant 2, mRNA [NM_172208]
Homo sapiens steroidogenic acute regulatory protein (STAR), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_001145664]
Homo sapiens premature ovarian failure, 1B (POF1B), mRNA [NM_024921]
Homo sapiens NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 1 (NEK1), transcript variant 2, mRNA [NM_001145664]
Homo sapiens CTD (carboxy-terminal domain, RNA polymerase II, polypeptide A) small phosphatase 1 (CTDP1), mRNA [NM_001145664]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002080), lincRNA [TCONS_00004240]
Homo sapiens acid phosphatase-like 2 (ACPL2), transcript variant 1, mRNA [NM_152282]
Homo sapiens threonine synthase-like 2 (S. cerevisiae) (THNSL2), transcript variant 1, mRNA [NM_001145664]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 158 (LINC00158), non-coding RNA [NR_024074]
Homo sapiens WD repeat domain 47 (WDR47), transcript variant 2, mRNA [NM_014969]
Homo sapiens myelin associated glycoprotein (MAG), transcript variant 1, mRNA [NM_002361]
BX360095 Homo sapiens PLACENTA COT 25-NORMALIZED Homo sapiens cDNA clone CS0DI065YP01
Homo sapiens nascent polypeptide-associated complex alpha subunit 2 (NACA2), mRNA [NM_1992]
Homo sapiens ribosomal protein, large, P0 (RPLP0), transcript variant 2, mRNA [NM_053275]
Homo sapiens PCI domain containing 2 (PCID2), transcript variant 1, mRNA [NM_001127202]
Homo sapiens histone cluster 1, H4j (HIST1H4J), mRNA [NM_021968]

Homo sapiens COBL-like 1 (COBL1), mRNA [NM_014900]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100131262 (LOC100131262), miscRNA [XR_132952]
Homo sapiens ligand dependent nuclear receptor corepressor-like (LCORL), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens leishmanolysin-like (metallopeptidase M8 family) (LMLN), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens mannosidase, beta A, lysosomal-like (MANBAL), transcript variant 1, mRNA [NM_022
Homo sapiens ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 1 (ADAMTS1), mRNA [N
Homo sapiens leucine carboxyl methyltransferase 2 (LCMT2), mRNA [NM_014793]
Homo sapiens paired-like homeobox 2b (PHOX2B), mRNA [NM_003924]

Homo sapiens vesicle-associated membrane protein 4 (VAMP4), transcript variant 1, mRNA [NM_0C
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011950), lincRNA [TCONS_00024663]
Homo sapiens ankyrin repeat and SOCS box containing 13 (ASB13), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens protein phosphatase, Mg²⁺/Mn²⁺ dependent, 1L (PPM1L), mRNA [NM_139245]

Homo sapiens WD repeat domain 22, mRNA (cDNA clone IMAGE:5111152), complete cds. [BC02296
Homo sapiens tetraspanin 13 (TSPAN13), mRNA [NM_014399]
Homo sapiens transmembrane protein 147 (TMEM147), transcript variant 1, mRNA [NM_032635]

Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L54 (MRPL54), nuclear gene encoding mitochondria
Homo sapiens v-raf murine sarcoma 3611 viral oncogene homolog (ARAF), mRNA [NM_001654]

Homo sapiens de-etiolated homolog 1 (Arabidopsis) (DET1), transcript variant 1, mRNA [NM_01799
Homo sapiens insulin-like growth factor 2 mRNA binding protein 3 (IGF2BP3), mRNA [NM_006547]
Homo sapiens phosphatidylserine synthase 1 (PTDSS1), mRNA [NM_014754]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100128130 (LOC100128130), miscRNA [XR_109904]
KIAA0319-like [Source:HGNC Symbol;Acc:30071] [ENST00000485551]
Homo sapiens leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2 (LRRFIP2), transcript variant 1, mRNA/
Homo sapiens family with sequence similarity 21, member C (FAM21C), transcript variant 3, mRNA |
Homo sapiens ankyrin repeat domain 12 (ANKRD12), transcript variant 3, mRNA [NM_001204056]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC644277 (LOC644277), miscRNA [XR_110541]
collagen, type XXIII, alpha 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:22990] [ENST00000407622]
Homo sapiens TAP binding protein (tapasin) (TAPBP), transcript variant 2, mRNA [NM_172208]
Homo sapiens mitochondrial intermediate peptidase (MIPEP), nuclear gene encoding mitochondrial
Homo sapiens solute carrier family 22, member 25 (SLC22A25), mRNA [NM_199352]
Homo sapiens methylphosphate capping enzyme (MEPCE), transcript variant 1, mRNA [NM_019606
Homo sapiens breast cancer metastasis-suppressor 1-like (BRMS1L), mRNA [NM_032352]
Homo sapiens protein arginine methyltransferase 1 (PRMT1), transcript variant 1, mRNA [NM_0015
Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 3 binding protein (LGALS3BP), mRNA [NM_00556
Homo sapiens uncharacterized LOC100131138 (LOC100131138), non-coding RNA [NR_036513]

Homo sapiens snail homolog 3 (Drosophila) (SNAI3), mRNA [NM_178310]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008436), lincRNA [TCONS_00017805]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_011804), lincRNA [TCONS_00024485]

Homo sapiens high mobility group box 2 (HMGB2), transcript variant 1, mRNA [NM_002129]
Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 9 (SERPINB9), mRNA [NM_000000]
Homo sapiens cyclin B1 (CCNB1), mRNA [NM_031966]
Homo sapiens GTP cyclohydrolase I feedback regulator (GCHFR), mRNA [NM_005258]
Homo sapiens tubulin, beta 2A class IIa (TUBB2A), mRNA [NM_001069]
Homo sapiens caspase 2, apoptosis-related cysteine peptidase (CASP2), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]
Homo sapiens molybdenum cofactor synthesis 3 (MOCS3), mRNA [NM_014484]

Homo sapiens DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 9 (DHX9), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]
Homo sapiens phosphatase and tensin homolog (PTEN), mRNA [NM_000314]
ALU1_HUMAN (P39188) Alu subfamily J sequence contamination warning entry, partial (23%) [THC000000]
Homo sapiens KIAA1715 (KIAA1715), mRNA [NM_030650]
full-length cDNA clone CS0DK001YC14 of HeLa cells Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [C000000]

Homo sapiens homeobox B2 (HOXB2), mRNA [NM_002145]
Homo sapiens Cdc42 guanine nucleotide exchange factor (GEF) 9 (ARHGEF9), transcript variant 1, mRNA [NM_000000]
Homo sapiens limb bud and heart development homolog (mouse) (LBH), mRNA [NM_030915]
Homo sapiens COX11 cytochrome c oxidase assembly homolog (yeast) (COX11), nuclear gene encoding cytochrome c oxidase subunit 11 [NM_000000]
Homo sapiens WNK lysine deficient protein kinase 1 (WNK1), transcript variant 4, mRNA [NM_001100]
Homo sapiens nuclear receptor corepressor 1 (NCOR1), transcript variant 1, mRNA [NM_006311]

Homo sapiens small nucleolar RNA, C/D box 113-3 (SNORD113-3), small nucleolar RNA [NR_003231]
Homo sapiens cDNA FLJ45966 fis, clone PLACE7015647. [AK127863]
Homo sapiens dipeptidase 3 (DPEP3), transcript variant 1, mRNA [NM_022357]
PREDICTED: Homo sapiens non-protein coding RNA 322 (NCRNA00322), miscRNA [XR_109689]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100507309 (LOC100507309), miscRNA [XR_109012]
HUMRPL18A ribosomal protein L18 {Homo sapiens} (exp=-1; wgp=0; cg=0), partial (71%) [THC25872]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100653014 (LOC100653014), miscRNA [XR_132799]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 144A (CCDC144A), mRNA [NM_014695]
Homo sapiens uncharacterized LOC550643 (LOC550643), non-coding RNA [NR_015367]
Homo sapiens protein phosphatase 2, regulatory subunit B', epsilon isoform (PPP2R5E), mRNA [NM_000000]

Homo sapiens zinc finger, CCHC domain containing 4 (ZCCHC4), mRNA [NM_024936]
Homo sapiens DNA-damage regulated autophagy modulator 2 (DRAM2), mRNA [NM_178454]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L43 (MRPL43), nuclear gene encoding mitochondria ribosomal protein L43 [NM_000000]
Homo sapiens programmed cell death 5 (PDCD5), mRNA [NM_004708]
Homo sapiens cytochrome P450, family 4, subfamily F, polypeptide 30, pseudogene (CYP4F30P), no protein [NM_000000]
Homo sapiens oxysterol binding protein-like 8 (OSBPL8), transcript variant 1, mRNA [NM_020841]

Homo sapiens ADAMTS-like 4 (ADAMTSL4), transcript variant 2, mRNA [NM_025008]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_013773), lincRNA [TCONS_00028422]
Homo sapiens spindlin family, member 4 (SPIN4), mRNA [NM_001012968]
Homo sapiens coiled-coil domain containing 149 (CCDC149), transcript variant 1, mRNA [NM_173460]

Homo sapiens cDNA FLJ41896 fis, clone OCBBF2032599. [AK123890]
Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase
PREDICTED: Homo sapiens 60S ribosomal protein L30-like (LOC100652953), mRNA [XM_003403517]
PREDICTED: Homo sapiens GSQS6193 (LOC100130071), miscRNA [XR_109863]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100132249 (LOC100132249), partial miscRNA [XR_1328]
Homo sapiens diaphanous homolog 1 (Drosophila) (DIAPH1), transcript variant 1, mRNA [NM_0052:
Homo sapiens glutathione S-transferase theta pseudogene 2 (GSTTP2), non-coding RNA [NR_00308:
Homo sapiens RAB guanine nucleotide exchange factor (GEF) 1 pseudogene (LOC493754), non-codi
Homo sapiens embryonal Fyn-associated substrate (EFS), transcript variant 1, mRNA [NM_005864]
Homo sapiens F-box protein 36 (FBXO36), mRNA [NM_174899]
Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S7 (MRPS7), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4A3 (EIF4A3), mRNA [NM_014740]
Homo sapiens family with sequence similarity 109, member B (FAM109B), mRNA [NM_001002034]
Homo sapiens GPN-loop GTPase 3 (GPN3), transcript variant 2, mRNA [NM_001164372]
Homo sapiens deformed epidermal autoregulatory factor 1 (Drosophila) (DEAF1), mRNA [NM_0210
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506942 (LOC100506942), miscRNA [XR_111536]
Homo sapiens inositol hexakisphosphate kinase 1 (IP6K1), transcript variant 3, mRNA [NM_0012428
Homo sapiens mutL homolog 1, colon cancer, nonpolyposis type 2 (E. coli) (MLH1), transcript varian
Homo sapiens leucyl-tRNA synthetase 2, mitochondrial (LARS2), nuclear gene encoding mitochondr
Homo sapiens ladybird homeobox 1 (LBX1), mRNA [NM_006562]
Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent serine protein kinase (MAGUK family) (CASK), transcr
Homo sapiens UBX domain protein 2A (UBXN2A), mRNA [NM_181713]
Homo sapiens adiponectin receptor 1 (ADIPOR1), transcript variant 1, mRNA [NM_015999]
AF150244 Human mRNA from cd34+ stem cells Homo sapiens cDNA clone CBFBBE12, mRNA sequer

Homo sapiens lin-9 homolog (C. elegans) (LIN9), mRNA [NM_173083]
Homo sapiens ribosome production factor 1 homolog (S. cerevisiae) (RPF1), mRNA [NM_025065]

Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 2 (PPP1R2), mRNA [NM_00624:
Homo sapiens acyl-CoA binding domain containing 4 (ACBD4), transcript variant 2, mRNA [NM_024:
Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 5 (isopeptidase T) (USP5), transcript variant 2, mRNA [NM
neurobeachin-like 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:31928] [ENST00000296147]
Homo sapiens synaptotagmin-like 3 (SYTL3), transcript variant 3, mRNA [NM_001009991]
Homo sapiens microtubule-actin crosslinking factor 1 (MACF1), transcript variant 1, mRNA [NM_01:
Homo sapiens junction mediating and regulatory protein, p53 cofactor (JMY), mRNA [NM_152405]
Homo sapiens TAF4 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 135kDa (T
GB
Homo sapiens suppression of tumorigenicity 14 (colon carcinoma) (ST14), mRNA [NM_021978]

Homo sapiens transmembrane protein 203 (TMEM203), mRNA [NM_053045]
Homo sapiens proline rich Gla (G-carboxyglutamic acid) 1 (PRRG1), transcript variant 1, mRNA [NM_
Homo sapiens nucleoporin 155kDa (NUP155), transcript variant 1, mRNA [NM_153485]
Homo sapiens muscleblind-like (Drosophila) (MBNL1), transcript variant 1, mRNA [NM_021038]

Homo sapiens cDNA FLJ44998 fis, clone BRAWH3010833. [AK126945]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001095), lincRNA [TCONS_00000685]
P450 (cytochrome) oxidoreductase [Source:HGNC Symbol;Acc:9208] [ENST00000421059]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_008024), lincRNA [TCONS_00017001]
ICP0_HHV11 (P08393) Trans-acting transcriptional protein ICP0 (Immediate-early protein IE110) (VM
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_009281), lincRNA [TCONS_I2_00018139]

Homo sapiens INO80 homolog (*S. cerevisiae*) (INO80), mRNA [NM_017553]
Homo sapiens keratin associated protein 10-10 (KRTAP10-10), mRNA [NM_181688]
Homo sapiens solute carrier family 22, member 17 (SLC22A17), transcript variant 2, mRNA [NM_016

BX118385 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGp998J124537, mRNA sequence [I
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 17 (C15orf17), mRNA [NM_020447]
Q4RDL2_TETNG (Q4RDL2) Chromosome undetermined SCAF16222, whole genome shotgun sequen
Homo sapiens methyltransferase like 11A (METTL11A), mRNA [NM_014064]
Homo sapiens TH1-like (*Drosophila*) (TH1L), transcript variant 1, mRNA [NM_198976]
Homo sapiens Rab geranylgeranyltransferase, alpha subunit (RABGGTA), transcript variant 2, mRNA
Homo sapiens RAB37, member RAS oncogene family (RAB37), transcript variant 3, mRNA [NM_175
Homo sapiens GNAS antisense RNA 1 (non-protein coding) (GNAS-AS1), antisense RNA [NR_002785
BROAD Institute lincRNA (XLOC_010933), lincRNA [TCONS_00022632]
Homo sapiens indoleamine 2,3-dioxygenase 1 (IDO1), mRNA [NM_002164]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_012895), lincRNA [TCONS_00026577]
Homo sapiens RNA binding motif protein 20 (RBM20), mRNA [NM_001134363]
Homo sapiens amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) (ALS2), transcript variant 1, mRNA [NM_020
PREDICTED: Homo sapiens apolipoporphins-like (LOC388210), mRNA [XM_001716361]
Homo sapiens uncharacterized LOC283547 (LOC283547), non-coding RNA [NR_039982]
Homo sapiens NIMA (never in mitosis gene a)-related kinase 7 (NEK7), mRNA [NM_133494]
Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), alpha 1, 102kDa (CTNNA1), mRNA [NM_00190
Homo sapiens G protein-coupled receptor 152 (GPR152), mRNA [NM_206997]
Homo sapiens sushi-repeat containing protein, X-linked (SRPX), transcript variant 1, mRNA [NM_001
TBC1 domain family, member 3 [Source:HGNC Symbol;Acc:19031] [ENST00000519496]
Homo sapiens acireductone dioxygenase 1 (ADI1), mRNA [NM_018269]
Homo sapiens long intergenic non-protein coding RNA 472 (LINC00472), non-coding RNA [NR_0268
Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 160 (C20orf160), mRNA [NM_080625]
Homo sapiens ribosomal protein S19 (RPS19), mRNA [NM_001022]
Homo sapiens Smad nuclear interacting protein 1 (SNIP1), mRNA [NM_024700]
Homo sapiens ninein (GSK3B interacting protein) (NIN), transcript variant 6, mRNA [NM_016350]
Homo sapiens nuclear transcription factor Y, gamma (NFYC), transcript variant 5, mRNA [NM_00114
Homo sapiens centromere protein W (CENPW), mRNA [NM_001012507]

Homo sapiens ribosomal protein S10 (RPS10), transcript variant 2, mRNA [NM_001014]
Homo sapiens CREB regulated transcription coactivator 1 (CRTC1), transcript variant 3, mRNA [NM_
Homo sapiens cDNA FLJ44477 fis, clone UTERU2031703. [AK126441]

Homo sapiens undifferentiated embryonic cell transcription factor 1 (UTF1), mRNA [NM_003577]
Homo sapiens serum response factor (c-fos serum response element-binding transcription factor) (SRF), mRNA [NM_001193552]
Homo sapiens zinc finger protein 850 (ZNF850), mRNA [NM_001193552]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_007722), lincRNA [TCONS_00015828]
Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein, acid labile subunit (IGFALS), transcript variant 1, mRNA [NM_001193552]
Homo sapiens ankyrin repeat domain 57 pseudogene (LOC389834), non-coding RNA [NR_027420]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003245), lincRNA [TCONS_00005826]
Homo sapiens solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 6 (SLC27A6), transcript variant 1, mRNA [NM_001193552]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100507269 (LOC100507269), mRNA [XM_003119352]
Homo sapiens cDNA FLJ37202 fis, clone BRALZ2006734. [AK094521]

Homo sapiens polycomb group ring finger 6 (PCGF6), transcript variant 1, mRNA [NM_001011663]
Homo sapiens mediator complex subunit 12 (MED12), mRNA [NM_005120]
Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5562656. [BC033643]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_002433), lincRNA [TCONS_I2_00004705]
Homo sapiens WAS protein homolog associated with actin, golgi membranes and microtubules pseudogene (LOC389834), non-coding RNA [NR_027420]
Homo sapiens BCL2-like 12 (proline rich) (BCL2L12), transcript variant 1, mRNA [NM_138639]
Homo sapiens deiodinase, iodothyronine, type III (DIO3), mRNA [NM_001362]
Homo sapiens succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp) (SDHA), nuclear gene encoding mitochondrial protein [Source:HGNC Symbol;Acc:7939] [ENST00000376476]
Homo sapiens 3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase (HIBCH), nuclear gene encoding mitochondrial protein [Source:HGNC Symbol;Acc:7939] [ENST00000376476]
Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family E (OABP), member 1 (ABCE1), transcript variant 1, mRNA [NM_001193552]

Homo sapiens IQ motif containing K (IQCK), mRNA [NM_153208]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_007928), lincRNA [TCONS_I2_00014465]
Homo sapiens intraflagellar transport 43 homolog (Chlamydomonas) (IFT43), transcript variant 1, mRNA [NM_001193552]
Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 1-like (MTHFD1L), nuclear gene encoding mitochondrial protein [Source:HGNC Symbol;Acc:7939] [ENST00000376476]
Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 19 (KCTD19), mRNA [NM_001193552]
Homo sapiens YY1 associated factor 2 (YAF2), transcript variant 1, mRNA [NM_001190979]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_005617), lincRNA [TCONS_00012087]
Homo sapiens TAF9 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 32kDa (TAF9), mRNA [NM_001193552]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_015351), lincRNA [TCONS_I2_00029566]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506373 (LOC100506373), miscRNA [XR_109398]
Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 3 (gamma) (CCT3), transcript variant 1, mRNA [NM_001193552]
Homo sapiens HAUS augmin-like complex, subunit 8 (HAUS8), transcript variant 1, mRNA [NM_033419]
Homo sapiens melanoma antigen family D, 1 (MAGED1), transcript variant 1, mRNA [NM_00100533]
Homo sapiens leucine zipper, down-regulated in cancer 1-like (LDOC1L), mRNA [NM_032287]
Homo sapiens prefoldin subunit 6 (PFDN6), transcript variant 2, mRNA [NM_014260]
Homo sapiens cell division cycle associated 4 (CDCA4), transcript variant 1, mRNA [NM_017955]
Homo sapiens glycerol kinase (GK), transcript variant 2, mRNA [NM_000167]
Homo sapiens solute carrier family 16, member 5 (monocarboxylic acid transporter 6) (SLC16A5), mRNA [NM_001193552]
Homo sapiens PHD finger protein 17 (PHF17), transcript variant S, mRNA [NM_024900]
Homo sapiens mucin 4, cell surface associated (MUC4), transcript variant 1, mRNA [NM_018406]

Homo sapiens Sjogren syndrome nuclear autoantigen 1 (SSNA1), mRNA [NM_003731]
Homo sapiens secreted and transmembrane 1 (SECTM1), mRNA [NM_003004]
Homo sapiens zinc finger protein 623 (ZNF623), transcript variant 2, mRNA [NM_001082480]

Homo sapiens family with sequence similarity 125, member B (FAM125B), transcript variant 1, mRNA
Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 5 (trithorax homolog, Drosophila) (MLL
AT-hook transcription factor [Source:HGNC Symbol;Acc:24108] [ENST00000312033]
Homo sapiens PHD finger protein 20-like 1 (PHF20L1), transcript variant 2, mRNA [NM_032205]
Homo sapiens ankyrin 1, erythrocytic (ANK1), transcript variant 2, mRNA [NM_020477]
Homo sapiens collagen, type IV, alpha 5 (COL4A5), transcript variant 2, mRNA [NM_033380]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100129702 (LOC100129702), mRNA [XM_0017:
Homo sapiens Morf4 family associated protein 1-like 1 pseudogene (LOC93622), non-coding RNA [N
cytochrome b5 reductase-like [Source:HGNC Symbol;Acc:32220] [ENST00000462299]
Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 17, mRNA (cDNA clone IMAGE:30341140), with
Homo sapiens TBC1 domain family, member 9B (with GRAM domain) (TBC1D9B), transcript variant
Homo sapiens zinc finger protein 468 (ZNF468), transcript variant 1, mRNA [NM_199132]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006574), lincRNA [TCONS_I2_00012261]
Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 16 (PARP16), mRNA [NM_017851]
Homo sapiens I(3)mbt-like 3 (Drosophila) (L3MBTL3), transcript variant 1, mRNA [NM_032438]
Homo sapiens RAS protein activator like 2 (RASAL2), transcript variant 2, mRNA [NM_170692]
Homo sapiens olfactory receptor, family 2, subfamily M, member 7 (OR2M7), mRNA [NM_0010046:
Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 10 (PSMD10), transcrip:
Homo sapiens oligosaccharyltransferase complex subunit (OSTC), mRNA [NM_021227]
Homo sapiens zinc finger protein 658 (ZNF658), mRNA [NM_033160]
Homo sapiens jumonji C domain containing histone demethylase 1 homolog D (S. cerevisiae) (JHDM
Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 10 (MAP3K10), mRNA [NM_002446]
Homo sapiens archain 1 (ARCN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001655]
Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 22 (TTC22), transcript variant 2, mRNA [NM_017904
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical protein LOC100652802 (LOC100652802), mRNA [XM_0034:
Homo sapiens TBC1 domain family, member 9 (with GRAM domain) (TBC1D9), mRNA [NM_015130]
Homo sapiens uncharacterized LOC550643 (LOC550643), non-coding RNA [NR_015367]
Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp686I2072 (from clone DKFZp686I2072). [BX648511]
Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 75 (C12orf75), mRNA [NM_001145199]
Homo sapiens transmembrane protein 14B (TMEM14B), transcript variant 1, mRNA [NM_030969]
Homo sapiens PRAME family member 5 (PRAMEF5), mRNA [NM_001013407]
Homo sapiens phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 1 (PRPS1), transcript variant 1, mRNA [NM
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC286149 (LOC286149), miscRNA [XR_132545]
Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 24 (ZDHHC24), mRNA [NM_207340]
Homo sapiens G protein-coupled receptor 137B (GPR137B), mRNA [NM_003272]
HSPB (heat shock 27kDa) associated protein 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:16389] [ENST0000046504
Homo sapiens TNF receptor-associated factor 7 (TRAF7), mRNA [NM_032271]
Homo sapiens cytochrome b5 reductase 4 (CYB5R4), mRNA [NM_016230]
Homo sapiens chromosome 15 open reading frame 44 (C15orf44), transcript variant 4, mRNA [NM_
Homo sapiens ribosomal protein S3A (RPS3A), mRNA [NM_001006]

family with sequence similarity 95, member B1 [Source:HGNC Symbol;Acc:32318] [ENST000004559]
Homo sapiens selectin L (SELL), transcript variant 1, mRNA [NM_000655]
Homo sapiens TGF-beta activated kinase 1/MAP3K7 binding protein 2 (TAB2), mRNA [NM_015093]
Homo sapiens zinc finger protein 45 (ZNF45), mRNA [NM_003425]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_014830), lincRNA [TCONS_I2_00028790]
THUMP domain containing 2 [Source:HGNC Symbol;Acc:14890] [ENST00000403537]

Homo sapiens uncharacterized LOC100129917 (LOC100129917), transcript variant 1, non-coding RNA
keratin associated protein 5-11 [Source:HGNC Symbol;Acc:23606] [ENST00000376535]
Homo sapiens RAB15, member RAS oncogene family (RAB15), mRNA [NM_198686]
Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 35 (C5orf35), transcript variant 1, mRNA [NM_15

Homo sapiens lysosomal protein transmembrane 4 beta (LAPTM4B), mRNA [NM_018407]
immunoglobulin lambda variable 5-48 (non-functional) [Source:HGNC Symbol;Acc:5925] [ENST0000
Homo sapiens insulin-like growth factor 1 receptor (IGF1R), mRNA [NM_000875]
Homo sapiens growth hormone releasing hormone (GHRH), transcript variant 1, mRNA [NM_02108

Homo sapiens CD101 molecule (CD101), mRNA [NM_004258]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 3 (DNAJC3), mRNA [NM_006260]
Homo sapiens hypothetical protein LOC643549, mRNA (cDNA clone IMAGE:40147028). [BC133006]
PREDICTED: Homo sapiens double homeobox protein 4-like protein 4-like (LOC652119), mRNA [XM_
Homo sapiens plastin 3 (PLS3), transcript variant 1, mRNA [NM_005032]
Homo sapiens homeobox C9 (HOXC9), mRNA [NM_006897]
Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 1B (p27, Kip1) (CDKN1B), mRNA [NM_004064]
Homo sapiens WD repeat domain 89 (WDR89), transcript variant 1, mRNA [NM_001008726]
oxidation resistance 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:15822] [ENST00000497705]
Homo sapiens hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 2 (HCN2), mRNA
Homo sapiens synuclein, gamma (breast cancer-specific protein 1) (SNCG), mRNA [NM_003087]
AL582488 Homo sapiens B CELLS (RAMOS CELL LINE) COT 25-NORMALIZED Homo sapiens cDNA clone
Homo sapiens ribosomal protein L7 (RPL7), mRNA [NM_000971]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002573), lincRNA [TCONS_00006780]
Homo sapiens solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, glycine), member 9 (SLC6A9), transcript
Homo sapiens stabilin 1 (STAB1), mRNA [NM_015136]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505821 (LOC100505821), miscRNA [XR_110473]
Homo sapiens IKAROS family zinc finger 2 (Helios) (IKZF2), transcript variant 2, mRNA [NM_0010795
Homo sapiens zinc finger protein 48 (ZNF48), transcript variant 1, mRNA [NM_152652]
Homo sapiens secernin 2 (SCRN2), transcript variant 1, mRNA [NM_138355]

Homo sapiens gamma-glutamyl carboxylase (GGCX), transcript variant 1, mRNA [NM_000821]
Homo sapiens MT-RNR2-like 3 (MTRNR2L3), mRNA [NM_001190472]
Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D (AU-rich element RNA binding protein 1,
Homo sapiens uncharacterized LOC201477 (LOC201477), non-coding RNA [NR_038895]
Homo sapiens hematopoietic prostaglandin D synthase (HPGDS), mRNA [NM_014485]
Homo sapiens G protein regulated inducer of neurite outgrowth 1 (GPRIN1), mRNA [NM_052899]

Homo sapiens kelch-like 13 (Drosophila) (KLHL13), transcript variant 1, mRNA [NM_033495]
Homo sapiens GPN-loop GTPase 1 (GPN1), transcript variant 1, mRNA [NM_007266]
Q4RS02_TETNG (Q4RS02) Chromosome 7 SCAF15001, whole genome shotgun sequence. (Fragment
BROAD Institute lincRNA (XLOC_003787), lincRNA [TCONS_00008337]
Homo sapiens myosin IF (MYO1F), mRNA [NM_012335]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002515), lincRNA [TCONS_00004611]
Homo sapiens mucin 4, cell surface associated (MUC4), transcript variant 1, mRNA [NM_018406]
Homo sapiens phosphodiesterase 3B, cGMP-inhibited (PDE3B), mRNA [NM_000922]
Homo sapiens cDNA FLJ41455 fis, clone BRSTN2012284. [AK123449]
Homo sapiens tRNA methyltransferase 6 homolog (S. cerevisiae) (TRMT6), mRNA [NM_015939]
Homo sapiens cDNA FLJ43687 fis, clone TBAES2002197. [AK125675]
Homo sapiens C-type lectin domain family 2, member D (CLEC2D), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens G protein-coupled receptor 180 (GPR180), mRNA [NM_180989]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_002569), lincRNA [TCONS_00005491]
Homo sapiens guanine nucleotide binding protein-like 1 (GNL1), mRNA [NM_005275]
Homo sapiens v-ski sarcoma viral oncogene homolog (avian) (SKI), mRNA [NM_003036]
Homo sapiens speedy homolog E8 (Xenopus laevis), pseudogene (SPDYE8P), non-coding RNA [NR_0
Homo sapiens myosin X (MYO10), mRNA [NM_012334]
Homo sapiens RAS, dexamethasone-induced 1 (RASD1), transcript variant 1, mRNA [NM_016084]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_012210), lincRNA [TCONS_I2_00023087]
Homo sapiens EFR3 homolog B (S. cerevisiae) (EFR3B), mRNA [NM_014971]
Q6P4E4_HUMAN (Q6P4E4) RPL37A protein, partial (54%) [THC2593447]
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 24 (ZBTB24), transcript variant 2, mRNA [NM_
Homo sapiens WD repeat domain 20 (WDR20), transcript variant 5, mRNA [NM_001242415]
Homo sapiens ribosomal protein S9 (RPS9), mRNA [NM_001013]
Homo sapiens lysine (K)-specific demethylase 6B (KDM6B), mRNA [NM_001080424]
AGENCOURT_13892187 NIH_MGC_147 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:30343183 5', mRNA sequ
Q9EQW3_MOUSE (Q9EQW3) Cis-AB transferase (Fragment), partial (22%) [THC2648557]
Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, T type, alpha 1I subunit (CACNA1I), transcript v
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_006973), lincRNA [TCONS_I2_00012941]
Homo sapiens heat shock 70kDa protein 6 (HSP70B') (HSPA6), mRNA [NM_002155]
Homo sapiens RNA binding motif protein 33 (RBM33), mRNA [NM_053043]
Homo sapiens PX domain containing serine/threonine kinase (P XK), mRNA [NM_017771]
Homo sapiens ADAMTS-like 4 (ADAMTSL4), transcript variant 2, mRNA [NM_025008]
Homo sapiens polymerase (DNA-directed), delta interacting protein 2 (POLDIP2), mRNA [NM_01558
Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 66 (C9orf66), mRNA [NM_152569]
Homo sapiens family with sequence similarity 133, member B (FAM133B), transcript variant 2, mRN
Homo sapiens chromosome 11 open reading frame 1 (C11orf1), mRNA [NM_022761]
Homo sapiens solute carrier family 35 (UDP-galactose transporter), member A2 (SLC35A2), transcrip
Homo sapiens dihydrolipoamide S-acetyltransferase (DLAT), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens glutathione S-transferase mu 4 (GSTM4), transcript variant 2, mRNA [NM_147148]
Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, C (PTPRC), transcript variant 1, mRNA [I
Homo sapiens NAD kinase (NADK), transcript variant 1, mRNA [NM_023018]
Homo sapiens zinc finger protein 701 (ZNF701), transcript variant 1, mRNA [NM_001172655]

Homo sapiens methionine sulfoxide reductase B3 (MSRB3), nuclear gene encoding mitochondrial pr
BROAD Institute lincRNA (XLOC_001246), lincRNA [TCONS_00001856]
Homo sapiens golgi membrane protein 1 (GOLM1), transcript variant 1, mRNA [NM_016548]
Homo sapiens PNMA-like 1 (PNMAL1), transcript variant 1, mRNA [NM_018215]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506380, transcript variant 2 (LOC100506380), miscF

Homo sapiens asporin (ASPN), transcript variant 2, mRNA [NM_001193335]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_005179), lincRNA [TCONS_I2_00009676]
Homo sapiens claudin 19 (CLDN19), transcript variant 2, mRNA [NM_001123395]
Homo sapiens ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 4 (ENTPD4), transcript variant 1, m
Homo sapiens poliovirus receptor-related 4 (PVRL4), mRNA [NM_030916]
Homo sapiens vacuolar protein sorting 52 homolog (*S. cerevisiae*) (VPS52), mRNA [NM_022553]
Homo sapiens ER lipid raft associated 2 (ERLIN2), transcript variant 2, mRNA [NM_001003790]
Homo sapiens golgin A3 (GOLGA3), transcript variant 1, mRNA [NM_005895]
Homo sapiens forkhead box J2 (FOXJ2), mRNA [NM_018416]
paired box 6 [Source:HGNC Symbol;Acc:8620] [ENST00000379123]
Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 18 (DNAJC18), mRNA [NM_152686]
Homo sapiens chromosome 6 open reading frame 147 (C6orf147), non-coding RNA [NR_027005]
Homo sapiens 24-dehydrocholesterol reductase (DHCR24), mRNA [NM_014762]
Homo sapiens NCK-associated protein 1-like (NCKAP1L), transcript variant 1, mRNA [NM_005337]
Homo sapiens glutathione reductase (GSR), transcript variant 1, mRNA [NM_000637]
Homo sapiens prolyl 4-hydroxylase, alpha polypeptide I (P4HA1), transcript variant 3, mRNA [NM_0
Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA [NM_001402]
Homo sapiens SH3 domain containing, Ysc84-like 1 (*S. cerevisiae*) (SH3YL1), transcript variant 1, mR
Homo sapiens obscurin-like 1 (OBSL1), transcript variant 1, mRNA [NM_015311]
Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 22 (ZSCAN22), mRNA [NM_181846]

Homo sapiens dephospho-CoA kinase domain containing (DCAKD), transcript variant 1, mRNA [NM_
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100506377 (LOC100506377), miscRNA [XR_108458]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC100505606, transcript variant 2 (LOC100505606), miscF
Homo sapiens methyltransferase like 5 (METTL5), mRNA [NM_014168]
Homo sapiens hepatocyte growth factor (hepatopoietin A; scatter factor) (HGF), transcript variant 2, r
Homo sapiens zinc finger and BTB domain containing 20 (ZBTB20), transcript variant 2, mRNA [NM_
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000868), lincRNA [TCONS_00001523]

Homo sapiens proline-rich coiled-coil 2A (PRRC2A), transcript variant 1, mRNA [NM_080686]
Homo sapiens leucine zipper, putative tumor suppressor 2 (LZTS2), mRNA [NM_032429]
BROAD Institute lincRNA (XLOC_000670), lincRNA [TCONS_00000073]
Homo sapiens cleavage stimulation factor, 3' pre-RNA, subunit 1, 50kDa (CSTF1), transcript variant 2
Homo sapiens G elongation factor, mitochondrial 1 (GFM1), nuclear gene encoding mitochondrial p
Homo sapiens bleomycin hydrolase (BLMH), mRNA [NM_000386]
Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide E (SNRPE), mRNA [NM_003094]
Homo sapiens transmembrane protein 182 (TMEM182), mRNA [NM_144632]
Q5D1D6_CERAE (Q5D1D6) Guanylate binding protein 1, partial (31%) [THC2520127]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_I2_013808), lincRNA [TCONS_I2_00026546]
Homo sapiens Der1-like domain family, member 3 (DERL3), transcript variant 3, mRNA [NM_198440]

Homo sapiens papilin, proteoglycan-like sulfated glycoprotein (PAPLN), mRNA [NM_173462]
Homo sapiens hepatoma-derived growth factor, related protein 3 (HDGFRP3), mRNA [NM_016073]

Homo sapiens ceramide synthase 3 (CERS3), mRNA [NM_178842]
Homo sapiens methyl-CpG binding domain protein 6 (MBD6), mRNA [NM_052897]

Homo sapiens transmembrane protein 163 (TMEM163), mRNA [NM_030923]
Homo sapiens family with sequence similarity 131, member C (FAM131C), mRNA [NM_182623]
Homo sapiens V-set and immunoglobulin domain containing 10 like (VSIG10L), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens zinc finger protein 701 (ZNF701), transcript variant 2, mRNA [NM_018260]
Homo sapiens LSM4 homolog, U6 small nuclear RNA associated (*S. cerevisiae*) (LSM4), transcript variant 1, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 7 (eta) (CCT7), transcript variant 1, mRNA [NM_001163]
Homo sapiens 5-azacytidine induced 2 (AZI2), transcript variant 3, mRNA [NM_001134433]

BROAD Institute lincRNA (XLOC_007047), lincRNA [TCONS_00014964]
Homo sapiens ribosomal protein S9 (RPS9), mRNA [NM_001013]
Homo sapiens nucleoporin 35kDa (NUP35), mRNA [NM_138285]
Homo sapiens DIM1 dimethyladenosine transferase 1 homolog (*S. cerevisiae*) (DIMT1), mRNA [NM_001163]
Homo sapiens leukocyte-associated immunoglobulin-like receptor 1 (LAIR1), transcript variant a, mRNA [NM_001163]
PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC145757 (LOC145757), miscRNA [XR_109231]

GenomicCoordinates

chr7:27185175-27185116
chr7:27181606-27181547
chr1:209907901-209907960
chr2:219679951-219680010
chr20:44645121-44645180
chr7:27194490-27194431
chr19:11685584-11685525
chr17:32685309-32685365
chr1:144951824-144951765
chr6:46672900-46672385
chr7:27185346-27185287
chr1:22987795-22987854
chr7:27146830-27146771
chr9:137736327-137736386
chr21:16742931-16742872

chr10:77158027-77157968
chr10:64571909-64571850
chr11:102660756-102660697
chr7:41729305-41729246
chr7:23314496-23314555
chr5:32784961-32786370
chr7:27202647-27202588
chr10:49654256-49654197
chr9:75540460-75540401
chrX:134856912-134856971
chr10:77168623-77168682
chr22:42915753-42914128
chr3:88042860-88042919
chr9:75516195-75516136
chr12:64537259-64537318
chr16:68869214-68869273
chr14:106321243-106321184
chr21:16772854-16767795
chr9:14737466-14737407
chr1:31989758-31989817
chr17:74621170-74621111
chr20:50400915-50400856
chr12:54449755-54449814
chr2:60684496-60684437

Cytoband

hs|7p15.2
hs|7p15.2
hs|1q32.2
hs|2q35
hs|20q13.12
hs|7p15.2
hs|19p13.2
hs|17q12
hs|1q21.1
hs|6p12.3
hs|7p15.2
hs|1p36.12
hs|7p15.2
hs|9q34.3
hs|21q21.1

hs|10q22.2
hs|10q21.3
hs|11q22.2
hs|7p14.1
hs|7p15.3
hs|5p13.3
hs|7p15.2
hs|10q11.22
hs|9q21.13
hs|Xq26.3
hs|10q22.2
hs|22q13.2
hs|3p11.1
hs|9q21.13
hs|12q14.2
hs|16q22.1
hs|14q32.33
hs|21q21.1
hs|9p22.3
hs|1p35.2
hs|17q25.1
hs|20q13.2
hs|12q13.13
hs|2p16.1

chr6:73388159-73388218	hs 6q13
chr16:15039523-15039745	hs 16p13.11
chr5:76264649-76264708	hs 5q13.3
chrX:73040747-73040688	hs Xq13.2
chr15:78397052-78396993	hs 15q25.1
chr1:213163328-213163387	hs 1q32.3
chr10:61552401-61552342	hs 10q21.2
chr10:46780549-46780490	hs 10q11.22
chrX:73040756-73040697	hs Xq13.2
chr9:136528745-136528686	hs 9q34.2
chr7:99697336-99697277	hs 7q22.1
chrX:73043755-73043696	hs Xq13.2
chr10:15561364-15561305	hs 10p13
chrX:73040565-73040506	hs Xq13.2
chr17:80615575-80615516	hs 17q25.3
chr2:112540019-112539960	hs 2q13
VI_019609]	
chr16:15042834-15042893	hs 16p13.11
chr1:156042043-156041984	hs 1q22
chr10:90965860-90965801	hs 10q23.31
chr15:43012226-43012285	hs 15q15.2
chr12:330018-329959	hs 12p13.33
chr8:104242447-104242506	hs 8q22.3
chr12:54424535-54424594	hs 12q13.13
chr17:76202053-76202112	hs 17q25.3
chr15:57842847-57842906	hs 15q21.3
chr3:159615048-159615107	hs 3q25.33
chrX:73040625-73040566	hs Xq13.2
chr8:129111772-129111831	hs 8q24.21
chr17:46668865-46668806	hs 17q21.32
chr4:170981876-170981817	hs 4q33
chr9:66524045-66523986	hs 9q13
chr18:8767695-8767754	hs 18p11.22
chr17:21320339-21320398	hs 17p11.2
chr7:70257414-70257473	hs 7q11.22
chr16:3721731-3716069	hs 16p13.3
chr16:28890338-28890279	hs 16p11.2
chr3:71619541-71619482	hs 3p13
chr9:139253964-139254023	hs 9q34.3
chr12:025070755-025070696	hs 12p12.1
chr2:179526735-179526676	hs 2q31.2
chr7:92546426-92546485	hs 7q21.2
chr5:175395005-175394946	hs 5q35.2
chr1:46744038-46744097	hs 1p34.1

chrX:73072144-73072203	hs Xq13.2
chr13:26104738-26104797	hs 13q12.13
chr6:31729332-31729391	hs 6p21.33
chr4:187509580-187509521	hs 4q35.2
chrX:73046025-73045966	hs Xq13.2
chr1:156495257-156495198	hs 1q22
chr19:51301021-51300962	hs 19q13.33
chr16:72816977-72816918	hs 16q22.2
chr16:12023129-12023070	hs 16p13.13
chr16:28669494-28669553	hs 16p11.2
chr6:56535493-56535434	hs 6p12.1
chr13:26594064-26594123	hs 13q12.13
chr11:118124256-118124197	hs 11q23.3
chrX:73040791-73040732	hs Xq13.2
chr8:121062582-121062641	hs 8q24.12
chr2:172945519-172945578	hs 2q31.1
chr7:128853237-128853296	hs 7q32.1
chr12:9723378-9723437	hs 12p13.31
chrX:73063795-73063736	hs Xq13.2
chr3:159606672-159606731	hs 3q25.33
chr12:368339-368280	hs 12p13.33
chr17:46627361-46627302	hs 17q21.32
chr6:125146578-125146637	hs 6q22.31
chr1:65691798-65691857	hs 1p31.3
chr15:42979340-42979399	hs 15q15.2
chr15:42964889-42964948	hs 15q15.2
chr9:128728209-128728268	hs 9q33.3
chr14:25042847-25042788	hs 14q12
chr11:61025840-61025781	hs 11q12.2
chr16:15186426-15186368	hs 16p13.11
chr17:53111534-53111593	hs 17q22
chr2:60679374-60679315	hs 2p16.1
chr8:142366704-142366645	hs 8q24.3
chr12:49725416-49725475	hs 12q13.12
chr19:39087748-39087689	hs 19q13.2
chr9:003647530-003647589	hs 9p24.2
chr16:15045500-15045559	hs 16p13.11
chr14:88651394-88651335	hs 14q31.3
chr6:26189011-26188952	hs 6p22.2
chr16:717721-717780	hs 16p13.3
chr10:97951697-97951638	hs 10q24.1
chr1:95658415-95658474	hs 1p21.3
chr5:76372621-76372562	hs 5q13.3
chr17:46698674-46698615	hs 17q21.32

chr4:71521933-71521874	hs 4q13.3
chr17:32966249-32966308	hs 17q12
chr14:91360557-91360498	hs 14q32.11
chr17:42815792-42818762	hs 17q21.31
chr5:68847386-68849429	hs 5q13.2
chr7:127667209-127667150	hs 7q32.1
chr8:30428118-30428177	hs 8p12
chrX:69626140-69626199	hs Xq13.1
chr9:137734063-137734122	hs 9q34.3
chr13:50260701-50260642	hs 13q14.2
chr19:5205578-5205519	hs 19p13.3
chr11:62621435-62621376	hs 11q12.3
chr2:87068879-87068820	hs 2p11.2
chrX:70835866-70835807	hs Xq13.1
chr13:25542430-25542371	hs 13q12.13
chrX:73049075-73049016	hs Xq13.2
chr4:22422569-22422510	hs 4p15.2
chr9:8314334-8314275	hs 9p24.1
chr15:42930560-42930619	hs 15q15.2
chr2:60773166-60773107	hs 2p16.1
chr19:4292296-4292237	hs 19p13.3
chr16:87732084-87732025	hs 16q24.2
chr16:22545395-22545455	hs 16p12.2
chr1:22148799-22148740	hs 1p36.12
chr19:50932037-50932096	hs 19q13.33
chr17:59470878-59470819	hs 17q23.2
chr6:123046337-123046396	hs 6q22.31
chr6:136667095-136667036	hs 6q23.3
chr15:31235016-31235075	hs 15q13.3
chrX:3735588-3735576	hs Xp22.33
chr17:59470886-59470827	hs 17q23.2
chr16:74442597-74442538	hs 16q23.1
chr10:17657570-17657511	hs 10p12.33
chr2:223489061-223489002	hs 2q36.1
chr11:62620499-62620440	hs 11q12.3
chr17:40265294-40265235	hs 17q21.2
chr2:242913468-242913527	hs 2q37.3
chr6:26205172-26205231	hs 6p22.2
chr13:25498871-25498815	hs 13q12.12
chr15:41871259-41871318	hs 15q15.1
chr14:91314296-91314237	hs 14q32.11
chr5:1038719-1038778	hs 5p15.33
chr10:96334433-96334492	hs 10q23.33
chr5:21482682-21482741	hs 5p14.3

chr17:46673252-46673193	hs 17q21.32
chr16:74425436-74425495	hs 16q23.1
chrX:73043015-73043074	hs Xq13.2
chrY:181124-181065	hs Yp11.32
chr10:21783485-21783426	hs 10p12.31
chr2:58387309-58387250	hs 2p16.1
chr9:90169282-90169341	hs 9q21.33
chr16:2013042-2012983	hs 16p13.3
chr16:70010123-70010086	hs 16q22.1
chr8:145736731-145736672	hs 8q24.3
chr1:163214437-163214378	hs 1q23.3
chr2:85770672-85770731	hs 2p11.2
chr13:96395088-96395147	hs 13q32.1
chr6:31730225-31730284	hs 6p21.33
chr13:25502981-25502922	hs 13q12.13
chr9:131586099-131586040	hs 9q34.11
chr12:9728248-9728306	hs 12p13.31
chr6:31732391-31732450	hs 6p21.33
chr6:31584674-31584733	hs 6p21.33
chr7:066313630-066313689	hs 7q11.21
chr4:22389118-22389059	hs 4p15.2
chr6:126332440-126332499	hs 6q22.32
chr12:49458528-49458469	hs 12q13.12
chr14:59930349-59930290	hs 14q23.1
chr1:120569212-120569153	hs 1p12
chr7:29781923-29781982	hs 7p14.3
chr16:89663594-89663653	hs 16q24.3
chr15:33025842-33025901	hs 15q13.3
chr19:39406083-39406024	hs 19q13.2
chr1:156564838-156564779	hs 1q23.1
chr15:75647373-75647432	hs 15q24.2
chr6:5431290-5431349	hs 6p25.1
chr10:96354481-96354540	hs 10q23.33
chr13:26594329-26594388	hs 13q12.13
chr12:125262284-125262225	hs 12q24.31
chr11:66627888-66627946	hs 11q13.2
chr19:8645185-8645126	hs 19p13.2
chr1:31974091-31974150	hs 1p35.2
chr7:149431584-149431643	hs 7q36.1
chr6:26189060-26189001	hs 6p22.2
chr12:10560299-10560240	hs 12p13.2
chr6:31804857-31804916	hs 6p21.33
chr7:16745761-16745820	hs 7p21.1
chr12:9875386-9875327	hs 12p13.31

chr1:117653774-117653715	hs 1p13.1
chr2:1635717-1635659	hs 2p25.3
chr14:104164014-104163955	hs 14q32.33
chr16:70164384-70164443	hs 16q22.1
chr11:67395469-67395410	hs 11q13.2
chr18:43330241-43330300	hs 18q12.3
chr15:25245423-25245482	hs 15q11.2
chr2:107418204-107418145	hs 2q12.2
chr4:144797989-144797930	hs 4q31.21
chr16:88875606-88875665	hs 16q24.3
chr5:121405845-121405786	hs 5q23.2
chr15:34158044-34158103	hs 15q14
chr1:156556503-156556562	hs 1q23.1
chr21:39774545-39774486	hs 21q22.2
chr7:92319353-92319294	hs 7q21.2
chr8:48686360-48686301	hs 8q11.21
chr16:89877175-89877116	hs 16q24.3
chr9:94991342-94991283	hs 9q22.31
chr9:136627526-136627467	hs 9q34.2
chr15:84867734-84867675	hs 15q25.2
chr1:236716891-236715359	hs 1q43
chr2:1635749-1635690	hs 2p25.3
chr9:21802766-21815476	hs 9p21.3
chr8:30335321-30336857	hs 8p12
chr11:86152353-86152294	hs 11q14.2
chr19:12995295-12995236	hs 19p13.2
chr17:79992018-79992077	hs 17q25.3
chr21:33641386-33641327	hs 21q22.11
chr14:21250354-21250413	hs 14q11.2
chr2:174232387-174232446	hs 2q31.1
chr11:8705844-8705903	hs 11p15.4
chr2:73481927-73481868	hs 2p13.2
chrX:3735755-3735696	hs Xp22.33
chr6:27841113-27841054	hs 6p22.1
chr1:160398186-160398245	hs 1q23.2
chr6:74229639-74229214	hs 6q13
chr2:58386536-58386477	hs 2p16.1
chr12:31267800-31267369	hs 12p11.21
chr20:47897247-47897306	hs 20q13.13
chr11:66331002-66330943	hs 11q13.2
chr22:42897969-42897910	hs 22q13.2
chr19:58969098-58969157	hs 19q13.43
chr15:31040852-31042642	hs 15q13.2
chr15:25232081-25232140	hs 15q11.2

chrY:905030-905089	hs Yp11.32
chr2:112526856-112526797	hs 2q13
chr5:177045728-177045669	hs 5q35.3
chr10:102753417-102753476	hs 10q24.31
chr3:140695236-140695295	hs 3q23
chr19:50921206-50921265	hs 19q13.33
chr14:71281913-71281972	hs 14q24.2
chr19:39077965-39078024	hs 19q13.2
chr8:10980986-10980927	hs 8p23.1
chr7:26411837-26411778	hs 7p15.2
chr16:21822139-21822080	hs 16p12.2
chrX:73169334-73169393	hs Xq13.2
chr6:33054359-33054418	hs 6p21.32
chr5:438030-438089	hs 5p15.33
chr9:99795211-99795152	hs 9q22.33
chr15:25356922-25356981	hs 15q11.2
chr12:56078479-56078420	hs 12q13.2
chr11:66627660-66627719	hs 11q13.2
chr10:70332072-70332131	hs 10q21.3
chr2:62066799-62066740	hs 2p15
chr19:58879052-58878993	hs 19q13.43
chr17:61907288-61907530	hs 17q23.3
chr13:25457465-25457406	hs 13q12.12
chr3:50325604-50325545	hs 3p21.31
chr9:66557350-66557409	hs 9q13
chr5:21497136-21497195	hs 5p14.3
chr10:46349596-46349537	hs 10q11.22
chr12:93101722-93101781	hs 12q22
chr8:10984299-10984240	hs 8p23.1
chr15:30892382-30892441	hs 15q13.2
chr14:97411668-97411727	hs 14q32.2
chr12:9550216-9549757	hs 12p13.31
chr9:139323209-139323150	hs 9q34.3
chr3:195376188-195376247	hs 3q29
chr16:89762692-89762751	hs 16q24.3
chr1:45444070-45444011	hs 1p34.1
chr11:86198388-86176193	hs 11q14.2
chr9:130210839-130210781	hs 9q33.3
chr19:10795765-10795824	hs 19p13.2
chr4:165890823-165890764	hs 4q32.3
chr1:113511079-113511138	hs 1p13.2
chr5:21491451-21491510	hs 5p14.3
chr16:3022879-3022820	hs 16p13.3
chr16:74425519-74425578	hs 16q23.1

chr15:82764270-82764211	hs 15q25.2
chr10:134019131-134019190	hs 10q26.3
chr1:198868184-198868125	hs 1q32.1
chr12:48367008-48366949	hs 12q13.11
chr20:43566771-43566830	hs 20q13.12
chr1:236766319-236766260	hs 1q43
chr12:079952631-079952690	hs 12q21.2
chr6:26033520-26033461	hs 6p22.2
chr16:29499404-29499345	hs 16p11.2
chr18:36907032-36907091	hs 18q12.2
chr3:197236713-197236654	hs 3q29
chr9:104237694-104237635	hs 9q31.1
chr13:23903098-23903039	hs 13q12.12
chr11:799239-799180	hs 11p15.5
chr19:30315106-30315165	hs 19q12
chr16:89884557-89884616	hs 16q24.3
chr16:89937668-89937727	hs 16q24.3
chr2:89105450-89105509	hs 2p11.2
chr16:90062393-90062452	hs 16q24.3
chrX:73164181-73164240	hs Xq13.2
chr16:847945-848004	hs 16p13.3
chr15:30927761-30927820	hs 15q13.2
chrX:73164186-73164245	hs Xq13.2
chr7:27168311-27168252	hs 7p15.2
chr10:44872947-44872888	hs 10q11.21
chr9:139888109-139888269	hs 9q34.3
chr17:74556378-74556437	hs 17q25.1
chr18:66564598-66564657	hs 18q22.1
chr17:73279612-73279553	hs 17q25.1
chr7:99780378-99780428	hs 7q22.1
chr14:47311067-47311008	hs 14q21.3
chr7:76635087-76641250	hs 7q11.23
chr1:173835832-173835773	hs 1q25.1
chr2:33861941-33862000	hs 2p22.3
chr12:105385586-105388274	hs 12q23.3
chr6:31504360-31504301	hs 6p21.33
chr17:7481350-7481409	hs 17p13.1
chr20:2637281-2637340	hs 20p13
chr17:40554536-40554477	hs 17q21.2
chr4:2067569-2067628	hs 4p16.3
chr22:38689315-38689256	hs 22q13.1
chr11:74617344-74617285	hs 11q13.4
chr9:139794064-139794123	hs 9q34.3
chr12:8383704-8383645	hs 12p13.31

chr12:66359789-66359848	hs 12q14.3
chr1:204124299-204124240	hs 1q32.1
chrUn_gl000224:106076-106135	
chr11:2661862-2661803	hs 11p15.5
chr9:137024979-137025038	hs 9q34.2
chr20:2634869-2634928	hs 20p13
chr19:48968459-48968518	hs 19q13.33
chr5:180668877-180668818	hs 5q35.3
chr12:50477278-50477337	hs 12q13.12
chr1:879707-879648	hs 1p36.33
chr17:35687296-35687237	hs 17q12
chr15:42930276-42930952	hs 15q15.2
chr16:4307948-4307889	hs 16p13.3
chr13:98671921-98671980	hs 13q32.2
chr8:129111760-129111819	hs 8q24.21
chr16:1560669-1560610	hs 16p13.3
chr1:22213785-22213726	hs 1p36.12
chr16:55734158-55734217	hs 16q12.2
chr11:62621194-62621135	hs 11q12.3
chr19:2813491-2813550	hs 19p13.3
chr19:49994451-49994510	hs 19q13.33
chrX:102100785-102100844	hs Xq22.1
chr2:220506385-220506444	hs 2q35
chr7:66764296-66762256	hs 7q11.21
chr15:25246688-25246747	hs 15q11.2
chr3:15492044-15491985	hs 3p25.1
chr7:32769148-32769207	hs 7p14.3
chr10:48948367-48948308	hs 10q11.22
chr5:99717080-99717021	hs 5q21.1
chr8:145657715-145656523	hs 8q24.3
chr9:127279618-127279559	hs 9q33.3
chr17:29645461-29645402	hs 17q11.2
chr22:45959173-45959232	hs 22q13.31
chr11:67354050-67354109	hs 11q13.2
chr15:42955037-42955485	hs 15q15.2
chrX:119297862-119297921	hs Xq24
chr5:34020663-34020604	hs 5p13.2
chr12:124101064-124101123	hs 12q24.31
chr3:48728903-48728844	hs 3p21.31
chr9:127280335-127280276	hs 9q33.3
chr12:069679125-069679184	hs 12q15
chr10:46761055-46760996	hs 10q11.22
chr16:16429754-16429813	hs 16p13.11
chrX:47100961-47101020	hs Xp11.23

chr2:16651221-16651162	hs 2p24.3
chr1:20239236-20239295	hs 1p36.13
chr6:018399877-018399936	hs 6p22.3
chr17:60214478-60214419	hs 17q23.2
chr16:2155406-2155347	hs 16p13.3
chr5:131142893-131142834	hs 5q31.1
chrX:73164180-73164239	hs Xq13.2
chr11:66396612-66396671	hs 11q13.2
chr17:29556921-29556980	hs 17q11.2
chr7:27228847-27228906	hs 7p15.2
chr12:91539893-91539834	hs 12q21.33
chr22:30975843-30975784	hs 22q12.2
chr16:88507087-88507146	hs 16q24.2
chr19:18988778-18988719	hs 19p13.11
chr1:93302881-93302940	hs 1p22.1
chr3:44764280-44764339	hs 3p21.31
chr15:82764411-82764352	hs 15q25.2
chr14:105936735-105936794	hs 14q32.33
chr20:62327408-62327467	hs 20q13.33
chr19:20327937-20327878	hs 19p12
chr17:060214338-060214279	hs 17q23.2
chr4:57260042-57259983	hs 4q12
chr1:215785203-215785262	hs 1q41
chrX:3789898-3789839	hs Xp22.33
chr16:29815326-29815385	hs 16p11.2
chr1:173834030-173833971	hs 1q25.1
chr15:81605262-81605203	hs 15q25.1
chr17:46653191-46653132	hs 17q21.32
chr7:99767426-99767367	hs 7q22.1
chr3:51450745-51450471	hs 3p21.2
chr16:28950600-28950659	hs 16p11.2
chr1:205861553-205861612	hs 1q32.1
chr2:60745599-60745540	hs 2p16.1
chr16:84211547-84211488	hs 16q24.1
chr5:139062536-139062595	hs 5q31.2
chr16:15501797-15501856	hs 16p13.11
chr14:25326267-25325283	hs 14q12
chr22:41856199-41856140	hs 22q13.2
chr12:120565144-120565085	hs 12q24.23
chrX:52976645-52976586	hs Xp11.22
chr20:47896893-47896952	hs 20q13.13
chr2:232320594-232320535	hs 2q37.1
chr16:2679594-2679653	hs 16p13.3
chrX:119269913-119269854	hs Xq24

chr12:12944179-12944238	hs 12p13.1
chrX:64732577-64732518	hs Xq12
chr19:36114452-36114511	hs 19q13.12
chr1:155030539-155030598	hs 1q22
chr19:18545827-18545768	hs 19p13.11
chr7:75362837-75362778	hs 7q11.23
chr1:67591496-67591437	hs 1p31.3
chr16:2012394-2012335	hs 16p13.3
chr7:6045636-6045577	hs 7p22.1
chr4:144940464-144940405	hs 4q31.21
chr10:72058832-72058773	hs 10q22.1
chr22:39709883-39709824	hs 22q13.1
chr17:80534685-80534744	hs 17q25.3
chr19:55505674-55505733	hs 19q13.42
chr4:57676212-57676153	hs 4q12
chr16:20793038-20793097	hs 16p12.3
chr8:86126199-86126258	hs 8q21.2
chr14:24878368-24878427	hs 14q12
chr1:155159726-155158652	hs 1q22
chr15:25328768-25328827	hs 15q11.2
chr9:80881548-80881607	hs 9q21.2
chr15:42955775-42955834	hs 15q15.2
chr11:2904962-2904903	hs 11p15.4
chr11:57176654-57175317	hs 11q12.1
chr16:31718232-31718291	hs 16p11.2
chr17:47132379-47132438	hs 17q21.32
chr16:684643-684584	hs 16p13.3
chr10:046754880-046754821	hs 10q11.22
chr1:1469991-1470050	hs 1p36.33
chrX:84527242-84527301	hs Xq21.1
chr17:46689894-46689835	hs 17q21.32
chr10:44112506-44112565	hs 10q11.21
chr6:86386900-86386841	hs 6q14.3
chr1:212277852-212277911	hs 1q32.3
chr16:31214655-31214714	hs 16p11.2
chr6:34502864-34502923	hs 6p21.31
chr16:89627850-89627909	hs 16q24.3
chr6:31803043-31803103	hs 6p21.33
chr3:72799437-72799378	hs 3p13
chr13:75859673-75859614	hs 13q22.2
chr14:74674965-74674906	hs 14q24.3
chr1:6521304-6521245	hs 1p36.31
chr1:26497166-26497225	hs 1p36.11
chr17:74557216-74557275	hs 17q25.1

chr1:173834547-173834488	hs 1q25.1
chr8:42032871-42032812	hs 8p11.21
chr16:21876568-21876509	hs 16p12.2
chr1:1431522-1431581	hs 1p36.33
chr11:108012358-108012417	hs 11q22.3
chr2:095881292-095881351	hs 2q11.1
chr16:2204862-2204803	hs 16p13.3
chr6:86386904-86386845	hs 6q14.3
chrX:84526807-84526866	hs Xq21.1
chr6:33048209-33048268	hs 6p21.32
chr12:58175640-58175699	hs 12q14.1
chr20:36631035-36627677	hs 20q11.23
chr14:91314296-91314237	hs 14q32.11
chr13:74387119-74387060	hs 13q22.1
chr9:38397700-38397759	hs 9p13.2
chr5:69493105-69492762	hs 5q13.2
chr4:110605745-110606408	hs 4q25
chr11:62609162-62609103	hs 11q12.3
chr7:44605466-44605407	hs 7p13
chr1:1431507-1431566	hs 1p36.33
chr7:27140409-27140350	hs 7p15.2
chr1:198867710-198867651	hs 1q32.1
chr17:6803299-6803358	hs 17p13.1
chr22:42334819-42334760	hs 22q13.2
chr4:108968805-108968746	hs 4q25
chr6:29550046-29550105	hs 6p22.1
chr2:25040572-25040631	hs 2p23.3
chr5:138723602-138723543	hs 5q31.2
chr10:89311995-89312054	hs 10q23.2
chr15:25245462-25245521	hs 15q11.2
chr12:9848143-9848202	hs 12p13.31
chr22:29083881-29083822	hs 22q12.1
chr5:177634122-177634181	hs 5q35.3
chr5:154270927-154270868	hs 5q33.2
chr17:79361987-79361928	hs 17q25.3
chr2:096548086-096548027	hs 2q11.1
chr14:77741560-77741501	hs 14q24.3
chr3:197363397-197363338	hs 3q29
chr10:30602535-30602476	hs 10p11.23
chr16:70284830-70284771	hs 16q22.1
chr12:118583256-118583315	hs 12q24.23
chr19:1481487-1481428	hs 19p13.3
chr2:20988708-20988649	hs 2p24.1
chr6:74229189-74229130	hs 6q13

chr12:6948951-6949010	hs 12p13.31
chrX:73164237-73164296	hs Xq13.2
chr14:31915237-31915227	hs 14q12
chr1:1417934-1417993	hs 1p36.33
chr9:101494363-101494304	hs 9q22.33
chr7:16839382-16837274	hs 7p21.1
chr22:29121334-29121275	hs 22q12.1
chr2:197590735-197590794	hs 2q33.1
chr10:48425995-48425936	hs 10q11.22
chr5:1632837-1632778	hs 5p15.33
chr20:37058369-37058310	hs 20q11.23
chr4:144739581-144739522	hs 4q31.21
chr8:37917718-37917777	hs 8p11.23
chr2:27667316-27667257	hs 2p23.3
chr17:79362104-79362045	hs 17q25.3
chr2:27465770-27465829	hs 2p23.3
chr19:36595952-36596011	hs 19q13.12
chr6:26234758-26234699	hs 6p22.2
chr6:32002329-32002650	hs 6p21.33
chr11:113234558-113234617	hs 11q23.2
chr18:14105476-14105417	hs 18p11.21
chr7:27203204-27203145	hs 7p15.2
chr16:29815336-29816143	hs 16p11.2
chr22:29085185-29085126	hs 22q12.1
chr20:42343796-42343855	hs 20q13.12
chr6:1960186-1960127	hs 6p25.3
chr7:6042156-6042097	hs 7p22.1
chr9:36313603-36313544	hs 9p13.2
chr22:24057258-24057199	hs 22q11.23
chr5:68849515-68849574	hs 5q13.2
chr5:099728171-099728112	hs 5q21.1
chr7:72510240-72510299	hs 7q11.23
chr6:44982622-44982563	hs 6p21.1
chr11:57373891-57373950	hs 11q12.1
chr8:128902918-128902977	hs 8q24.21
chr15:89858528-89858587	hs 15q26.1
chr6:32135924-32135986	hs 6p21.32
chr10:51465313-51465254	hs 10q11.23
chr9:131396209-131396150	hs 9q34.11
chr2:164175254-164175313	hs 2q24.3
chr1:26516306-26516365	hs 1p36.11
chr8:67834768-67834709	hs 8q13.1
chr10:43279997-43280967	hs 10q11.21
chr16:29417052-29416993	hs 16p11.2

chr19:51228911-51228970	hs 19q13.33
chr1:148933391-148933450	hs 1q21.2
chr6:86387159-86386868	hs 6q14.3
chr16:12027706-12027484	hs 16p13.13
chr6:26200153-26200212	hs 6p22.2
chr9:139621258-139621199	hs 9q34.3
chr3:189674703-189674644	hs 3q28
chr8:2662143-2662202	hs 8p23.2
chr15:32698474-32693672	hs 15q13.3
chr5:134670784-134670725	hs 5q31.1
chr6:89388060-89388001	hs 6q15
chr10:135234115-135234174	hs 10q26.3
chr16:88128309-88128368	hs 16q24.2
chr19:4323373-4323432	hs 19p13.3
chr4:128816182-128816241	hs 4q28.2
chr12:133202291-133202232	hs 12q24.33
chr14:24885710-24885769	hs 14q12
chr19:49298622-49298563	hs 19q13.33
chr16:2048465-2048406	hs 16p13.3
chr16:4516184-4513823	hs 16p13.3
chr14:75287841-75287900	hs 14q24.3
chr1:150318947-150321671	hs 1q21.3
chr15:66639614-66639555	hs 15q22.31
chr1:159896995-159896936	hs 1q23.2
chr16:2012332-2012273	hs 16p13.3
chr16:2514795-2514854	hs 16p13.3
chr7:74310325-74312274	hs 7q11.23
chr2:98088602-98088543	hs 2q11.2
chr1:28865048-28865107	hs 1p35.3
chr2:100163726-100163700	hs 2q11.2
chr19:53019319-53019378	hs 19q13.41
chr6:26846445-26846386	hs 6p22.2
chr17:42636610-42636669	hs 17q21.31
chr10:97956745-97956686	hs 10q24.1
chr7:6043422-6043363	hs 7p22.1
chr14:101447352-101447411	hs 14q32.31
chr21:18938329-18938388	hs 21q21.1
chr6:170034569-170033151	hs 6q27
chr2:196601344-196601403	hs 2q32.3
chr6:31848533-31848474	hs 6p21.33
chr22:50013355-50013296	hs 22q13.33
chr12:009587882-009587823	hs 12p13.31
chr14:70511189-70511130	hs 14q24.2
chr2:167055617-167055558	hs 2q24.3

chr2:096516938-096516879	hs 2q11.1
chr16:89463788-89463729	hs 16q24.3
chr11:62554755-62554814	hs 11q12.3
chr5:69438247-69438188	hs 5q13.2
chr7:76643296-76645028	hs 7q11.23
chr2:43793950-43793891	hs 2p21
chr12:124104623-124104682	hs 12q24.31
chr11:75111452-75111511	hs 11q13.4
chr6:144262889-144262830	hs 6q24.2
chr16:239053-238994	hs 16p13.3
chrX:73047708-73047649	hs Xq13.2
chr6:86386909-86386850	hs 6q14.3
chr20:2636769-2636828	hs 20p13
chrX:097644673-097644732	hs Xq21.33
chr3:121150761-121150702	hs 3q13.33
chr7:69364365-69364424	hs 7q11.22
chr4:119200416-119200475	hs 4q26
chr11:5535729-5535670	hs 11p15.4
chr22:50958122-50958181	hs 22q13.33
chr15:69738370-69738429	hs 15q23
chr16:72058288-72058347	hs 16q22.2
chr19:5783222-5783163	hs 19p13.3
chr7:65220581-65220640	hs 7q11.21
chr16:3433611-3433670	hs 16p13.3
chr2:10586962-10586903	hs 2p25.1
chr6:86386907-86386848	hs 6q14.3
chr20:2638880-2638939	hs 20p13
chr3:18505031-18505831	hs 3p24.3
chr7:066328595-066328654	hs 7q11.21
chr2:201656321-201656380	hs 2q33.1
chr19:30503228-30503287	hs 19q12
chr12:104886472-104886531	hs 12q23.3
chr1:45111090-45111149	hs 1p34.1
chr6:27834688-27834629	hs 6p22.1
chr13:25912864-25912923	hs 13q12.13
chr13:25915846-25915905	hs 13q12.13
chr7_gl000195_random:44806-44747	
chr4:16229120-16229179	hs 4p15.32
chr6:22194466-22194525	hs 6p22.3
chr8:144344816-144344875	hs 8q24.3
chr19:4290646-4290705	hs 19p13.3
chr1:156006025-156005966	hs 1q22
chr3:131197986-131197927	hs 3q22.1
chr13:52035265-52035324	hs 13q14.3

chr16:1741921-1741980	hs 16p13.3
chr10:89268187-89268246	hs 10q23.2
chr6:86387571-86387513	hs 6q14.3
chr1:231931006-231935876	hs 1q42.2
chr17:29557291-29557351	hs 17q11.2
chr7:76239323-76239291	hs 7q11.23
chr6:86386901-86386842	hs 6q14.3
chr11:62622543-62622484	hs 11q12.3
chr6:109768397-109768338	hs 6q21
chr19:38034128-38034187	hs 19q13.12
chr6:26892963-26892904	hs 6p22.2
chr11:71500845-71502797	hs 11q13.4
chr12:9727489-9727548	hs 12p13.31
chr2:70902283-70902224	hs 2p13.3
chr17:8110917-8110655	hs 17p13.1
chr12:66249906-66249847	hs 12q14.3
chr19:36822398-36821385	hs 19q13.12
chr19:6416594-6416535	hs 19p13.3
chr13:100740961-100740902	hs 13q32.3
chr6:49665601-49663607	hs 6p12.3
chr4:26756582-26756641	hs 4p15.2
chr11:47611639-47611580	hs 11p11.2
chr9:128728847-128728906	hs 9q33.3
chr21:11058221-11058162	hs 21p11.1
chrX:152661188-152661129	hs Xq28
chr6:52531318-52531377	hs 6p12.2
chr7:26596582-26596641	hs 7p15.2
chr20:43218442-43218501	hs 20q13.12
chr19:9745092-9745151	hs 19p13.2
chr5:149779752-149779811	hs 5q32
chr3:10046661-10046720	hs 3p25.3
chr6:3152848-3152907	hs 6p25.2
chr3:71008467-71008408	hs 3p13
chr15:31125012-31125071	hs 15q13.2
chr22:43435711-43435652	hs 22q13.2
chr1:77685245-77685304	hs 1p31.1
chr6:57054274-57054215	hs 6p11.2
chr16:22528316-22528375	hs 16p12.2
chr7:92546261-92546320	hs 7q21.2
chr18:33754520-33754579	hs 18q12.2
chr15:73614250-73614191	hs 15q24.1
chr6:44267479-44267420	hs 6p21.1
chr6:8086714-8086655	hs 6p24.3
chr1:93730275-93730334	hs 1p22.1

chr6:45290676-45290617	hs 6p21.1
chr11:126145322-126145746	hs 11q24.2
chr17:15931822-15931881	hs 17p12
chr9:136217709-136217768	hs 9q34.2
chr2:242650818-242650877	hs 2q37.3
chr8:129108841-129108900	hs 8q24.21
chr12:113876021-113876080	hs 12q24.13
chr10:51262051-51253912	hs 10q11.23
chr11:3380673-3380614	hs 11p15.4
chr3:148748450-148748391	hs 3q24
chr12:123436226-123436167	hs 12q24.31
chrX:3740445-3736716	hs Xp22.33
chr1:42313191-42313132	hs 1p34.2
chr3:51967609-51967550	hs 3p21.2
chrX:53426606-53426547	hs Xp11.22
chr2:190425809-190425750	hs 2q32.2
chr16:87731818-87731759	hs 16q24.2
chr9:140343920-140343861	hs 9q34.3
chr6:86387201-86387142	hs 6q14.3
chr12:56506846-56506905	hs 12q13.2
chr19:994510-994569	hs 19p13.3
chr12:7076683-7076624	hs 12p13.31
chr15:25272900-25272959	hs 15q11.2
chr7:92234502-92234443	hs 7q21.2
chr7:65841248-65841189	hs 7q11.21
chr14:91506376-91506435	hs 14q32.11
chr1:28835168-28835227	hs 1p35.3
chr21:37788958-37789017	hs 21q22.12
chr12:6936523-6936582	hs 12p13.31
chr11:62432981-62433040	hs 11q12.3
chr16:22547503-22547562	hs 16p12.2
chr5:69529617-69529558	hs 5q13.2
chr18:47017712-47017653	hs 18q21.1
chr20:34207653-34208649	hs 20q11.22
chr10:12203038-12203097	hs 10p13
chr6:86387200-86386909	hs 6q14.3
chr10:70174805-70174746	hs 10q21.3
chr15:22136977-22133286	hs 15q11.2
chr11:75115551-75115610	hs 11q13.4
chr17:62223722-62223781	hs 17q23.3
chr13:21906512-21906571	hs 13q12.11
chr19:18546437-18546378	hs 19p13.11
chr17:61897259-61897200	hs 17q23.3
chr19:51305661-51305602	hs 19q13.33

chr8:41120220-41120161	hs 8p11.21
chr14:105996478-105996537	hs 14q32.33
chr2:86253606-86253547	hs 2p11.2
chr10:99477819-99477878	hs 10q24.2
chr17:76220720-76220779	hs 17q25.3
chr1:60299149-60299208	hs 1p32.1
chr17:55198512-55198571	hs 17q22
chr10:63998464-63998405	hs 10q21.2
chr4:139966027-139966086	hs 4q31.1
chr21:45115366-45115425	hs 21q22.3
chr1:249144393-249144334	hs 1q44
chr14:25075768-25075709	hs 14q12
chr10:103869399-103869248	hs 10q24.32
chr19:58580414-58580473	hs 19q13.43
chr1:110884655-110884714	hs 1p13.3
chr14:100757547-100757488	hs 14q32.2
chr17:78182633-78182692	hs 17q25.3
chr19:49993897-49993956	hs 19q13.33
chr12:53427598-53427657	hs 12q13.13
chrX:16688736-16688522	hs Xp22.2
chr19:58865784-58865725	hs 19q13.43
chr15:90170742-90170801	hs 15q26.1
chr22:019005666-019005607	hs 22q11.21
chr20:18168563-18168622	hs 20p11.23
chr22:36885174-36885115	hs 22q12.3
chr10:90676505-90676564	hs 10q23.31
chr1:228548576-228548635	hs 1q42.13
chr9:17788-17729	hs 9p24.3
chr22:22868775-22868716	hs 22q11.22
chr22:42341956-42341289	hs 22q13.2
chr1:87810504-87810563	hs 1p22.3
chr16:70010702-70010643	hs 16q22.1
chr14:77725778-77725837	hs 14q24.3
chrX:54588995-54589054	hs Xp11.22
chr13:78236741-78236800	hs 13q22.3
chr20:62374774-62374833	hs 20q13.33
chr6:154743768-154743709	hs 6q25.2
chr1:46511650-46511591	hs 1p34.1
chr2:85771178-85771237	hs 2p11.2
chrY:249601-249542	hs Yp11.32
chr17:58498696-58498637	hs 17q23.2
chrX:73164198-73164257	hs Xq13.2
chr12:123106487-123107037	hs 12q24.31
chr7:12373186-12373127	hs 7p21.3

chr8:121065937-121078997	hs 8q24.12
chr7:6048632-6045608	hs 7p22.1
chr6:86386885-86386826	hs 6q14.3
chr3:48310169-48310228	hs 3p21.31
chr13:64415672-64415613	hs 13q21.31
chr10:15254148-15254089	hs 10p13
chr1:156564382-156564323	hs 1q23.1
chr20:52831885-52831944	hs 20q13.2
chr13:23927984-23927925	hs 13q12.12
chr11:65307043-65306896	hs 11q13.1
chr14:89343741-89343800	hs 14q31.3
chr16:4746572-4746513	hs 16p13.3
chr10:51464344-51464285	hs 10q11.23
chr16:67419034-67419093	hs 16q22.1
chr2:170608203-170608262	hs 2q31.1
chr13:60686214-60686155	hs 13q21.2
chr10:44880453-44880394	hs 10q11.21
chr8:129001472-129001531	hs 8q24.21
chr14:105884118-105884059	hs 14q32.33
chr1:95712438-95712497	hs 1p21.3
chr4:53579467-53579526	hs 4q12
chr19:23438012-23437953	hs 19p12
chr16:11933775-11933716	hs 16p13.13
chrX:134716021-134716080	hs Xq26.3
chr10:51464420-51464361	hs 10q11.23
chr15:84946753-84946694	hs 15q25.2
chr7:11091294-11091353	hs 7p21.3
chr19:11257053-11256994	hs 19p13.2
chr19:42778347-42778406	hs 19q13.2
chr14:20924246-20924871	hs 14q11.2
chr10:50190868-50190926	hs 10q11.23
chr16:70011483-70011424	hs 16q22.1
chr9:2804293-2804234	hs 9p24.2
chr16:2205083-2205024	hs 16p13.3
chr7:148117937-148117996	hs 7q36.1
chr13:37583331-37583390	hs 13q13.3
chr16:88782231-88782172	hs 16q24.3
chrX:56758611-56758670	hs Xp11.21
chr10:103909689-103909748	hs 10q24.32
chr5:170725916-170725975	hs 5q35.1
chr6:32261087-32261028	hs 6p21.32
chr11:100859541-100859600	hs 11q22.1
chr3:39449956-39450015	hs 3p22.1
chr1:150532941-150532882	hs 1q21.3

chr2:152331786-152331845	hs 2q23.3
chr19:10370657-10370716	hs 19p13.2
chr4:17846426-17846485	hs 4p15.31
chr19:23330166-23330225	hs 19p12
chr17:80400456-80400515	hs 17q25.3
chr5:59817884-59798437	hs 5q12.1
chr9:136216266-136216325	hs 9q34.2
chr1:162356483-162356542	hs 1q23.3
chr2:120439532-120439591	hs 2q14.2
chr2:242824713-242824772	hs 2q37.3
chr10:27012982-27013041	hs 10p12.1
chr1:247286985-247286926	hs 1q44
chr19:49993245-49993304	hs 19q13.33
chr2:169631003-169631062	hs 2q24.3
chr9:124751865-124751806	hs 9q33.2
chr9:022155709-022155768	hs 9p21.3
chr2:112636447-112636388	hs 2q13
chr19:35250283-35250224	hs 19q13.11
chr9:133998333-133998392	hs 9q34.12
chr17:2232478-2232419	hs 17p13.3
chr9:139543199-139543140	hs 9q34.3
chr8:129113404-129113463	hs 8q24.21
chr7_gl000195_random:165765-165824	
chr2:98121431-98121372	hs 2q11.2
chr21:16742059-16742000	hs 21q21.1
chr8:53024119-53024060	hs 8q11.23
chr17:058073036-058072977	hs 17q23.1
chr12:24995040-24989496	hs 12p12.1
chr10:48980247-48980306	hs 10q11.22
chr1:9664928-9664987	hs 1p36.22
chr15:067223936-067223877	hs 15q22.32
chr10:51483236-51483177	hs 10q11.23
chr4:146049642-146049701	hs 4q31.21
chr16:18879665-18879606	hs 16p12.3
chr1:222734784-222734725	hs 1q41
chr6:26031981-26031922	hs 6p22.2
chr9:140459375-140459030	hs 9q34.3
chr3:186504582-186504641	hs 3q27.3
chr12:31267392-31267333	hs 12p11.21
chr6:44219211-44219270	hs 6p21.1
chr17:7480389-7480448	hs 17p13.1
chr8:144873202-144873143	hs 8q24.3
chr6:144324233-144324174	hs 6q24.2
chr1:87805825-87805884	hs 1p22.3

chr3:71247097-71247038	hs 3p13
chr8:57014241-57014182	hs 8q12.1
chr2:136073078-136073019	hs 2q21.3
chr9:137375020-137375079	hs 9q34.2
chr10:44865676-44865617	hs 10q11.21
chr8:128902858-128902917	hs 8q24.21
chr6:30255233-30255174	hs 6p22.1
chr19:49994170-49994229	hs 19q13.33
chrY:171516-171457	hs Yp11.32
chr17:34965169-34965228	hs 17q12
chr14:088421486-088421545	hs 14q31.3
chr13:113842299-113842240	hs 13q34
chr11:8701359-8701300	hs 11p15.4
chr17:26721769-26721710	hs 17q11.2
chr10:48952880-48952939	hs 10q11.22
chr7:45025037-45024978	hs 7p13
chr1:45242202-45242261	hs 1p34.1
chr22:39774334-39774393	hs 22q13.1
chrX:46466588-46466529	hs Xp11.23
chr20:2644152-2644093	hs 20p13
chr9:91083472-91090003	hs 9q22.1
chr13:50059800-50059859	hs 13q14.2
chr17:46056238-46057972	hs 17q21.32
chr17:4574747-4574688	hs 17p13.2
chr5:000668788-000668847	hs 5p15.33
chr22:020383215-020383156	hs 22q11.21
chr4:1980499-1980558	hs 4p16.3
chr17:79885872-79885931	hs 17q25.3
chr1:155584673-155584732	hs 1q22
chr16:78458922-78466413	hs 16q23.1
chr6:154898103-154898162	hs 6q25.2
chr10:50030522-50030581	hs 10q11.23
chr1:234528232-234528173	hs 1q42.2
chr2:190788815-190788876	hs 2q32.2
chr5:145890206-145890265	hs 5q32
chr22:29449612-29449671	hs 22q12.1
chr11:86656859-86656800	hs 11q14.2
chr1:228482637-228482696	hs 1q42.13
chr16:46705735-46705676	hs 16q11.2
chr5:169812341-169810819	hs 5q35.1
chr15:29001806-29001865	hs 15q13.1
chr1:39305371-39305312	hs 1p34.3
chr21:30717980-30718039	hs 21q21.3
chr2:197002230-197002171	hs 2q32.3

chr20:826839-826898	hs 20p13
chr19:47724233-47724174	hs 19q13.32
chr19:16212086-16212145	hs 19p13.12
chr14:34393481-34393422	hs 14q13.1
chr13:72012434-72012375	hs 13q21.33
chr1:117064585-117061888	hs 1p13.1
chr17:62073804-62073745	hs 17q23.3
chr12:102317112-102317171	hs 12q23.2
chr7:130628992-130628933	hs 7q32.3
chr12:21684967-21685026	hs 12p12.1
chr16:57794651-57794283	hs 16q21
chr3:195637709-195637768	hs 3q29
chr20:3855582-3855641	hs 20p13
chr9:125155052-125155111	hs 9q33.2
chr12:50504625-50504684	hs 12q13.12
chr12:16190088-16190147	hs 12p12.3
chr20:3855595-3855654	hs 20p13
chr3:196358453-196358394	hs 3q29
chr8:41363520-41364625	hs 8p11.21
chr11:35253812-35253871	hs 11p13
chr7:130628979-130628920	hs 7q32.3
chr3:69154416-69154475	hs 3p14.1
chr6:31629940-31629881	hs 6p21.33
chr7:107643457-107643398	hs 7q31.1
chr1:117078647-117078588	hs 1p13.1
chr15:65159956-65160015	hs 15q22.31
chr7:6443013-6443072	hs 7p22.1
chr2:74441985-74442044	hs 2p13.1
chr4:76568305-76568246	hs 4q21.1
chr1:74671138-74671197	hs 1p31.1
chr19:3594819-3594760	hs 19p13.3
chr8:104081415-104081474	hs 8q22.3
chr2:73927925-73927866	hs 2p13.1
chr2:33108020-33108079	hs 2p22.3
chr19:47742617-47742558	hs 19q13.32
chr2:87739097-87739038	hs 2p11.2
chr6:29798694-29798753	hs 6p22.1
chr6:32714597-32714656	hs 6p21.32
chr20:31052830-31052771	hs 20q11.21
chr18:048554114-048554173	hs 18q21.2
chr14:95660925-95660250	hs 14q32.13
chr2:145281222-145281163	hs 2q22.3
chr16:66543411-66543352	hs 16q21
chr12:122216710-122216651	hs 12q24.31

chr9:103207453-103207512	hs 9q31.1
chr11:72287309-72287250	hs 11q13.4
chr14:51095050-51095109	hs 14q22.1
chr1:228612705-228612646	hs 1q42.13
chr3:076484244-076484303	hs 3p12.3
chr7:157178663-157178722	hs 7q36.3
chr5:156681476-156681535	hs 5q33.3
chr9:99284848-99284789	hs 9q22.32
chr21:46269935-46269876	hs 21q22.3
chr17:25934995-25936239	hs 17q11.2
chr13:80127860-80127919	hs 13q31.1
chr2:166666377-166666436	hs 2q24.3
chr9:35660807-35660866	hs 9p13.3
chr19:39398611-39398670	hs 19q13.2
chr2:219027904-219027845	hs 2q35
chr5:40759657-40759598	hs 5p13.1
chr9:130703275-130703216	hs 9q34.11
chr4:120221550-120221491	hs 4q26
chr5:179224659-179224600	hs 5q35.3
chr7:142239651-142239592	hs 7q34
chr22:26922050-26921991	hs 22q12.1
chr1:110136872-110136931	hs 1p13.3
chr16:68021586-68021527	hs 16q22.1
chr1:160803901-160803842	hs 1q23.3
chr16:230574-230717	hs 16p13.3
chr3:170781729-170781670	hs 3q26.2
chr18:2917332-2917273	hs 18p11.31
chr20:58511973-58511914	hs 20q13.33
chr21:36160450-36160391	hs 21q22.12
chr1:85020831-85020772	hs 1p22.3
chr10:112840352-112840411	hs 10q25.2
chr14:23848824-23848883	hs 14q11.2
chr5:55256322-55256263	hs 5q11.2
chr1:160258482-160258423	hs 1q23.2
chr3:39184219-39184160	hs 3p22.2
chr16:66621839-66621898	hs 16q21
chrX:47424996-47425055	hs Xp11.23
chr8:1376610-1376551	hs 8p23.3
chr21:44001065-44001123	hs 21q22.3
chr12:20833644-20833703	hs 12p12.2
chr17:31233282-31233341	hs 17q11.2
chr3:4888682-4888741	hs 3p26.1
chr10:121259582-121259523	hs 10q26.11
chr11:61732335-61732276	hs 11q12.3

chr9:131939832-131939773	hs 9q34.11
chr3:185209359-185209300	hs 3q27.2
chr2:33042564-33042623	hs 2p22.3
chr11:124623564-124623505	hs 11q24.2
chr1:206906945-206907004	hs 1q32.1
chr19:35851300-35851359	hs 19q13.12
chr8:107284866-107284925	hs 8q23.1
chr10:116615070-116620537	hs 10q25.3
chr16:72119436-72119377	hs 16q22.2
chr14:93178016-93176171	hs 14q32.12
chr9:108136938-108136997	hs 9q31.1
chr15:63597940-63597999	hs 15q22.2
chr14:51372220-51372161	hs 14q22.1
chr3:57557101-57557072	hs 3p14.3
chr3:53919421-53919362	hs 3p21.1
chr6:149732565-149732624	hs 6q25.1
chr19:51994944-51994885	hs 19q13.41
chr6:031321703-031321644	hs 6p21.33
chr10:25138148-25138089	hs 10p12.1
chr16:79628317-79628258	hs 16q23.2
chr19:45716229-45716170	hs 19q13.32
chr8:95952206-95952147	hs 8q22.1
chr1:156433658-156433599	hs 1q22
chr22:32353138-32353197	hs 22q12.3
chr2:191366970-191367029	hs 2q32.2
chr17:62080413-62080472	hs 17q23.3
chr3:124439420-124439479	hs 3q21.2
chr17:20808214-20808273	hs 17p11.2
chr17:63007307-63007248	hs 17q24.1
chr1:90058543-90058602	hs 1p22.2
chr18:77137941-77138000	hs 18q23
chr12:100733740-100733799	hs 12q23.1
chr20:43615912-43623764	hs 20q13.12
chr16:53399767-53399708	hs 16q12.2
chr1:207217382-207217323	hs 1q32.2
chr8:72754906-72754847	hs 8q13.3
chr4:156727773-156727832	hs 4q32.1
chr1:9416578-9416637	hs 1p36.22
chr9:85863178-85863119	hs 9q21.32
chr19:36395060-36395119	hs 19q13.12
chr20:10036886-10036945	hs 20p12.2
chr2:27293465-27293406	hs 2p23.3
chr19:19672597-19672538	hs 19p13.11
chr3:49453536-49453595	hs 3p21.31

chr2:228222249-228222308	hs 2q36.3
chr10:120355077-120355136	hs 10q26.11
chr2:144703687-144703628	hs 2q22.3
chr6:136878408-136878349	hs 6q23.3
chr12:122756161-122756102	hs 12q24.31
chr15:92694193-92705993	hs 15q26.1
chr3:146233121-146233062	hs 3q24
chr4:79525495-79531210	hs 4q21.21
chr15:58889314-58889255	hs 15q21.3
chr7:130628999-130628940	hs 7q32.3
chr14:74178623-74178564	hs 14q24.3
chrY:2849820-2849879	hs Yp11.31
chr7:93693961-93694020	hs 7q21.3
chr13:31905614-31905673	hs 13q12.3
chr4:110932689-110932748	hs 4q25
chrX:10205535-10205594	hs Xp22.2
chr19:14736327-14730248	hs 19p13.12
chr7:6502520-6502461	hs 7p22.1
chr20:19703459-19703518	hs 20p11.23
chr12:68718983-68718924	hs 12q15
chr7:157209570-157209629	hs 7q36.3
chr6:116838719-116838778	hs 6q22.1
chr3:63104398-63104457	hs 3p14.2
chrX:153577323-153577264	hs Xq28
chr20:46020751-46020692	hs 20q13.12
chr17:34398680-34398739	hs 17q12
chr5:140011377-140011318	hs 5q31.3
chr8:72875207-72875266	hs 8q13.3
chr5:10657671-10657730	hs 5p15.2
chr3:32523335-32523276	hs 3p22.3
chr3:98510738-98510797	hs 3q12.1
chr14:56893082-56893141	hs 14q22.3
chr8:106816325-106816384	hs 8q23.1
chr10:3821446-3821387	hs 10p15.1
chr12:52709761-52709702	hs 12q13.13
chr4:71853584-71853643	hs 4q13.3
chr22:20992710-20992651	hs 22q11.21
chr1:38463456-38463397	hs 1p34.3
chr19:35775986-35776045	hs 19q13.12
chr11:10533573-10533514	hs 11p15.4
chr2:188329067-188329008	hs 2q32.1
chr3:113530539-113530598	hs 3q13.31
chr3:46754430-46753953	hs 3p21.31
chr1:87213745-87213804	hs 1p22.3

chr1:160966092-160966033	hs 1q23.3
chr2:38961144-38961203	hs 2p22.1
chr5:141364394-141364453	hs 5q31.3
chr12:31270536-31270477	hs 12p11.21
chrX:70882904-70882845	hs Xq13.1
chr1:226107730-226107671	hs 1q42.12
chr2:65315237-65315178	hs 2p14
chr2:105961992-105962051	hs 2q12.1
chr2:219139611-219139552	hs 2q35
chr14:54997660-54997719	hs 14q22.2
chr16:3072180-3072239	hs 16p13.3
chr2:231684957-231685016	hs 2q37.1
chr2:171863068-171863009	hs 2q31.1
chr7:134849663-134849722	hs 7q33
chrX:8500896-8500837	hs Xp22.31
chr6:109005888-109005947	hs 6q21
chr1:26607808-26607867	hs 1p36.11
chr1:25167306-25167365	hs 1p36.11
chrX:119144737-119144678	hs Xq24
chr4:90875671-90875730	hs 4q22.1
chr1:172381687-172381746	hs 1q24.3
chr7:006928851-006928792	hs 7p22.1
chr3:158461043-158461102	hs 3q25.32
chr4:84214275-84214216	hs 4q21.23
chr5:148450920-148450979	hs 5q32
chr14:94844850-94844791	hs 14q32.13
chr14:69343826-69341703	hs 14q24.1
chr1:39471205-39471264	hs 1p34.3
chr12:9221418-9221359	hs 12p13.31
chr8:143954773-143954714	hs 8q24.3
chr11:61732352-61732293	hs 11q12.3
chr4:33522122-33522181	hs 4p15.1
chr19:47123962-47123903	hs 19q13.32
chr9:74958045-74958104	hs 9q21.13
chr6:26281345-26281286	hs 6p22.2
chr19:49378127-49378901	hs 19q13.33
chr9:124101935-124101876	hs 9q33.2
chr12:11420185-11420126	hs 12p13.2
chr11:63229094-63229035	hs 11q12.3
chr2:42989702-42989643	hs 2p21
chr1:39469031-39469090	hs 1p34.3
chr3:46307828-46307887	hs 3p21.31
chr17:027348534-027348475	hs 17q11.2
chr12:110788669-110788728	hs 12q24.11

chr9:19116429-19116370	hs 9p22.1
chr6:14136689-14136748	hs 6p23
chr17:34415664-34415605	hs 17q12
chr11:124616792-124616851	hs 11q24.2
chr9:132267304-132267363	hs 9q34.11
chr7:65825164-65825223	hs 7q11.21
chr17:62407316-62407257	hs 17q23.3
chr17:4534989-4534930	hs 17p13.2
chr19:47824501-47824560	hs 19q13.32
chr9:77337505-77337446	hs 9q21.13
chr11:33025260-33025201	hs 11p13
chr20:34633603-34633544	hs 20q11.23
chr4:106163842-106163901	hs 4q24
chr9:132266280-132266339	hs 9q34.11
chr7:74199612-74202353	hs 7q11.23
chr17:56634169-56634110	hs 17q22
chr6:001069414-001069473	hs 6p25.3
chr12:10374676-10374735	hs 12p13.2
chr6:109005852-109005911	hs 6q21
chr17:4060275-4060334	hs 17p13.2
chr18:47008752-47008693	hs 18q21.1
chr5:179222983-179223272	hs 5q35.3
chr9:19461168-19461109	hs 9p22.1
chr3:170110094-170110153	hs 3q26.2
chr15:57967187-57967246	hs 15q21.3
chr13:019241753-019241812	hs 13q11
chr17:072533933-072533874	hs 17q25.1
chr6:80409945-80410004	hs 6q14.1
chr3:9908458-9908399	hs 3p25.3
chr9:132251519-132251578	hs 9q34.11
chr22:17596268-17596327	hs 22q11.1
chr6:147163217-147163158	hs 6q24.3
chr3:170780412-170780353	hs 3q26.2
chr4:143352417-143352358	hs 4q31.21
chr5:40693563-40693622	hs 5p13.1
chr2:198338634-198338693	hs 2q33.1
chr21:45194115-45194056	hs 21q22.3
chr13:110406704-110406645	hs 13q34
chr11:1774484-1774425	hs 11p15.5
chr2:38960839-38960898	hs 2p22.1
chr7:30965057-30965115	hs 7p14.3
chr13:44971760-44971820	hs 13q14.11
chr12:68726612-68726553	hs 12q15
chrX:102612844-102612903	hs Xq22.2

chr2:8710663-8710604	hs 2p25.1
chrX:38639342-38639283	hs Xp11.4
chr10:54316881-54316822	hs 10q21.1
chr10:89506954-89507013	hs 10q23.31
chr11:64368963-64369022	hs 11q13.1
chr1:115591067-115591008	hs 1p13.2
chr11:13408583-13408642	hs 11p15.2
chr1:160968009-160967950	hs 1q23.3
chr10:71161158-71161217	hs 10q22.1
chr1:101706321-101706380	hs 1p21.2
chr14:66209523-66209582	hs 14q23.3
chr19:6686195-6686136	hs 19p13.3
chr2:227600207-227600148	hs 2q36.3
chr17:63204068-63206607	hs 17q24.1
chr22:23974158-23974099	hs 22q11.23
chrX:77081964-77081905	hs Xq21.1
chr15:82706996-82707055	hs 15q25.2
chr6:38644622-38644563	hs 6p21.2
chr16:67263789-67263730	hs 16q22.1
chr14:55605026-55605085	hs 14q22.3
chr1:247688083-247688024	hs 1q44
chr9:95847304-95847363	hs 9q22.31
chr2:173463273-173463332	hs 2q31.1
chr2:157181786-157181727	hs 2q24.1
chr1:21560125-21560066	hs 1p36.12
chr19:38794313-38794254	hs 19q13.2
chr1:100730479-100730420	hs 1p21.2
chr20:17474629-17474570	hs 20p12.1
chr10:61788365-61788306	hs 10q21.2
chr11:123330742-123330801	hs 11q24.1
chr3:121349017-121349076	hs 3q13.33
chr14:65878097-65878038	hs 14q23.3
chr6:134308415-134308474	hs 6q23.2
chr5:94786030-94786089	hs 5q15
chrX:95592312-95592253	hs Xq21.33
chr1:25697020-25696961	hs 1p36.11
chr9:135601142-135601083	hs 9q34.13
chr16:223560-223619	hs 16p13.3
chr1:229441171-229441230	hs 1q42.13
chr16:223555-223614	hs 16p13.3
chr14:55152515-55152456	hs 14q22.2
chr14:88478025-88478084	hs 14q31.3
chr3:194115704-194115645	hs 3q29
chr1:160800458-160800399	hs 1q23.3

chr17:75212949-75213008	hs 17q25.2
chr11:20404824-20404883	hs 11p15.1
chr3:195959986-195960045	hs 3q29
chr6:122764847-122764788	hs 6q22.31
chr5:102360970-102361029	hs 5q21.1
chr4:003912744-003912685	hs 4p16.3
chrX:37536552-37536611	hs Xp21.1
chr6:111982770-111982711	hs 6q21
chr16:057116822-057116881	hs 16q13
chr19:52092551-52092610	hs 19q13.41
chr2:88931031-88931090	hs 2p11.2
chr1:192781051-192781110	hs 1q31.2
chr1:156885677-156885736	hs 1q23.1
chr19:54379561-54379620	hs 19q13.42
chr6:6144484-6144425	hs 6p25.1
chr19:2252615-2252556	hs 19p13.3
chr8:17914026-17913967	hs 8p22
chr12:85677449-85677508	hs 12q21.31
chr4:120216331-120216390	hs 4q26
chr6:052522393-052522452	hs 6p12.2
chr12:9907223-9907164	hs 12p13.31
chr19:45978205-45978264	hs 19q13.32
chr19:45541385-45541444	hs 19q13.32
chr2:68624237-68624296	hs 2p13.3
chr12:10375579-10375637	hs 12p13.2
chr1:228882099-228882158	hs 1q42.13
chr3:152555149-152555208	hs 3q25.2
chr1:236371875-236371934	hs 1q42.3
chr1:227083660-227083719	hs 1q42.13
chr7:97920744-97920803	hs 7q21.3
chr10:5147789-5147848	hs 10p15.1
chr2:99242256-99242197	hs 2q11.2
chr10:5435578-5435519	hs 10p15.1
chr2:74760422-74760363	hs 2p13.1
chr10:75001846-75001905	hs 10q22.2
chr17:75210225-75210284	hs 17q25.2
chr14:70181578-70181637	hs 14q24.1
chr13:114747318-114747259	hs 13q34
chr17:43247340-43247399	hs 17q21.31
chr12:54105164-54105105	hs 12q13.13
chr1:26688187-26688128	hs 1p36.11
chr16:3631403-3631344	hs 16p13.3
chr1:173153238-173153179	hs 1q25.1
chr12:15034886-15034827	hs 12p12.3

chr19:10407322-10407381	hs 19p13.2
chr1:112042789-112042730	hs 1p13.2
chr15:81604940-81604999	hs 15q25.1
chr2:238832204-238832145	hs 2q37.3
chr4:76404624-76404565	hs 4q21.1
chr6:33306795-33306854	hs 6p21.32
chr4:151186250-151186191	hs 4q31.3
chr4:146480219-146480278	hs 4q31.21
chr2:38295503-38295444	hs 2p22.2
chr9:21015992-21015933	hs 9p21.3
chr11:5255317-5255258	hs 11p15.4
chr3:38025822-38025881	hs 3p22.2
chr13:50587010-50587069	hs 13q14.2
chr5:42799939-42799904	hs 5p12
chr11:6631739-6631798	hs 11p15.4
chr7:38299809-38299750	hs 7p14.1
chr6:29912381-29913024	hs 6p22.1
chr3:151598666-151598725	hs 3q25.1
chr10:81114318-81114377	hs 10q22.3
chr14:65170570-65170511	hs 14q23.3
chr1:37920601-37920542	hs 1p34.3
chr5:176311064-176310836	hs 5q35.2
chr1:076531900-076531959	hs 1p31.1
chr14:21989302-21989243	hs 14q11.2
chr2:38790718-38790659	hs 2p22.1
chr12:128383117-128383176	hs 12q24.32
chr4:74964401-74964342	hs 4q13.3
chr12:96362134-96362193	hs 12q23.1
chr14:23356759-23356818	hs 14q11.2
chr6:30114949-30115318	hs 6p22.1
chr19:46145874-46145933	hs 19q13.32
chr19:16661738-16661679	hs 19p13.11
chr4:153547361-153547302	hs 4q31.3
chr17:42982663-42982722	hs 17q21.31
chr1:47645923-47645982	hs 1p33
chr11:128561629-128561570	hs 11q24.3
chr1:246831802-246831861	hs 1q44
chr3:99567410-99567351	hs 3q12.1
chr17:72834553-72834612	hs 17q25.1
chr12:8077035-8075591	hs 12p13.31
chr9:95875446-95875505	hs 9q22.31
chr19:48533434-48533375	hs 19q13.33
chr2:64320119-64320060	hs 2p14
chr3:152555738-152555797	hs 3q25.2

chr2:38054295-38054236	hs 2p22.2
chr14:51100478-51100419	hs 14q22.1
chr17:62080019-62079960	hs 17q23.3
chr2:232011055-232018321	hs 2q37.1
chr19:15337870-15337811	hs 19p13.12
chr2:201950378-201950437	hs 2q33.1
chr20:3847884-3847943	hs 20p13
chr9:85862416-85862357	hs 9q21.32
chr3:124482550-124482491	hs 3q21.2
chr12:111086806-111086747	hs 12q24.11
chr15:99675380-99675439	hs 15q26.3
chr1:144851846-144851787	hs 1q21.1
chr1:231701692-231701751	hs 1q42.2
chr4:156726320-156726379	hs 4q32.1
chr6:168372502-168372561	hs 6q27
chr3:172223925-172223866	hs 3q26.31
chrX:100652937-100652878	hs Xq22.1
chrY:21034514-21034455	hs Yq11.222
chr14:94594217-94594158	hs 14q32.12
chr11:70281141-70281200	hs 11q13.3
chr7:129474769-129474710	hs 7q32.2
chr14:68117539-68117598	hs 14q24.1
chr10:130833717-130833658	hs 10q26.3
chr4:15607016-15606957	hs 4p15.32
chr17:45389027-45389086	hs 17q21.32
chr1:160654741-160654682	hs 1q23.3
chr1:152005278-152005219	hs 1q21.3
chr10:25304865-25304806	hs 10p12.1
chr11:104779686-104779627	hs 11q22.3
chr8:92972310-92972251	hs 8q21.3
chr15:38992138-38992197	hs 15q14
chr3:111836665-111836724	hs 3q13.2
chr1:116379373-116379314	hs 1p13.1
chr12:674505-674446	hs 12p13.33
chr8:125288019-125288357	hs 8q24.13
chr4:7760626-7760567	hs 4p16.1
chr20:5177966-5177907	hs 20p12.3
chr9:125209765-125209824	hs 9q33.2
chr4:55163989-55164048	hs 4q12
chr19:38818817-38818876	hs 19q13.2
chr1:153346405-153346346	hs 1q21.3
chr1:113063369-113063428	hs 1p13.2
chr1:90058368-90058427	hs 1p22.2
chr11:9004858-9004799	hs 11p15.4

chr9:35697825-35697766	hs 9p13.3
chr4:003913265-003913206	hs 4p16.3
chr21:47546086-47546145	hs 21q22.3
chr6:170591701-170591642	hs 6q27
chrX:37698509-37698450	hs Xp11.4
chr6:31236676-31236617	hs 6p21.33
chr1:156902248-156902307	hs 1q23.1
chr6:52362614-52362555	hs 6p12.2
chr1:159806980-159807039	hs 1q23.2
chr17:56347927-56347868	hs 17q22
chr4:121616308-121616249	hs 4q27
chr4:170641794-170641853	hs 4q33
chr6:30460729-30460788	hs 6p21.33
chr6:151790809-151790868	hs 6q25.1
chr22:39888092-39888151	hs 22q13.1
chr9:26840744-26840685	hs 9p21.2
chr9:92220889-92220948	hs 9q22.2
chr1:97543959-97543900	hs 1p21.3
chr4:156931423-156931482	hs 4q32.1
chr5:52097511-52097570	hs 5q11.2
chr10:76854275-76854216	hs 10q22.2
chr3:30735163-30735222	hs 3p24.1
chr19:7696581-7696522	hs 19p13.2
chr10:105359548-105359489	hs 10q24.33
chr14:22891973-22892032	hs 14q11.2
chr15:57977472-57977531	hs 15q21.3
chr17:42980191-42980250	hs 17q21.31
chr5:132018196-132018255	hs 5q31.1
chr22:40362073-40362132	hs 22q13.1
chr22:36677646-36677587	hs 22q12.3
chr15:58477884-58477943	hs 15q21.3
chr19:55670224-55670165	hs 19q13.42
chr21:47549291-47549350	hs 21q22.3
chr1:94027798-94027739	hs 1p22.1
chr5:167896127-167896186	hs 5q34
chr15:101929695-101924598	hs 15q26.3
chr14:21359591-21359880	hs 14q11.2
chr11:76369017-76368958	hs 11q13.5
chr6:36107315-36107374	hs 6p21.31
chr17:79091254-79091195	hs 17q25.3
chr12:66530792-66530733	hs 12q14.3
chr6:137518937-137518878	hs 6q23.3
chr2:219314095-219314154	hs 2q35
chr10:5499460-5499519	hs 10p15.1

chr3:152554655-152554714	hs 3q25.2
chr11:114392568-114392509	hs 11q23.2
chr14:65550893-65550834	hs 14q23.3
chr5:55230923-55230909	hs 5q11.2
chr10:34420439-34408658	hs 10p11.21
chr20:54943040-54943099	hs 20q13.2
chr7:141628104-141628045	hs 7q34
chr7:139706924-139715523	hs 7q34
chr20:4168300-4168359	hs 20p13
chrX:52115725-52115784	hs Xp11.22
chr12:81191501-81191442	hs 12q21.31
chr7:536988-536929	hs 7p22.3
chr4:117276112-117276171	hs 4q26
chr7:106300047-106299988	hs 7q22.3
chr16:54317289-54317230	hs 16q12.2
chr17:43229082-43229141	hs 17q21.31
chr2:188349577-188349518	hs 2q32.1
chr5:77781354-77781295	hs 5q14.1
chr5:40855345-40855404	hs 5p13.1
chr8:93895961-93895902	hs 8q22.1
chr1:47645313-47645573	hs 1p33
chr1:183905587-183905528	hs 1q25.3
chr3:196365934-196363440	hs 3q29
chr1:1146781-1146722	hs 1p36.33
chr9:132266148-132266207	hs 9q34.11
chrX:106956545-106956486	hs Xq22.3
chr5:96110275-96110216	hs 5q15
chr5:95131797-95131856	hs 5q15
chr6:71108995-71109054	hs 6q13
chr6:71109007-71109066	hs 6q13
chr11:5263324-5263265	hs 11p15.4
chr13:72049898-72049839	hs 13q21.33
chr3:20195519-20195578	hs 3p24.3
chr13:44433966-44433907	hs 13q14.11
chr1:151023792-151023851	hs 1q21.3
chr1:237996036-237996095	hs 1q43
chr11:45950427-45950486	hs 11p11.2
chr3:123333133-123333074	hs 3q21.1
chr10:82281858-82281917	hs 10q23.1
chr2:33590413-33590472	hs 2p22.3
chr3:107779622-107778363	hs 3q13.12
chr17:76101674-76101733	hs 17q25.3
chr11:63988599-63990565	hs 11q13.1
chr6:84800399-84800458	hs 6q14.2

chr5:172195355-172195296	hs 5q35.1
chr5:35876781-35876840	hs 5p13.2
chr17:48191300-48190366	hs 17q21.33
chr11:5269613-5269554	hs 11p15.4
chr2:37599594-37599862	hs 2p22.2
chr11:101323047-101322988	hs 11q22.1
chr10:133773237-133773296	hs 10q26.3
chr7:112130859-112130918	hs 7q31.1
chr2:132056314-132056255	hs 2q21.1
chrX:153609536-153609595	hs Xq28
chr11:104815551-104815492	hs 11q22.3
chr20:10619120-10619061	hs 20p12.2
chr22:33256590-33256531	hs 22q12.3
chr4:110631436-110631377	hs 4q25
chr9:022748048-022748109	hs 9p21.3
chr22:41625598-41625539	hs 22q13.2
chr12:51678515-51675269	hs 12q13.13
chr6:147183097-147183155	hs 6q24.3
chr1:44168387-44168328	hs 1p34.1
chr17:63005770-63005711	hs 17q24.1
chr3:196051170-196050838	hs 3q29
chr2:196998319-196998290	hs 2q32.3
chr16:50835733-50835792	hs 16q12.1
chr17:19499138-19499197	hs 17p11.2
chr7:648080-648139	hs 7p22.3
chr2:114618877-114600898	hs 2q14.1
chr9:125157536-125157595	hs 9q33.2
chr6:41903252-41903193	hs 6p21.1
chr11:104971256-104970106	hs 11q22.3
chr15:92709063-92709122	hs 15q26.1
chr19:47137404-47137345	hs 19q13.32
chr16:4560813-4560754	hs 16p13.3
chr1:212792837-212792896	hs 1q32.3
chr20:44527241-44527300	hs 20q13.12
chr19:17002771-17002830	hs 19p13.11
chr2:109300515-109300574	hs 2q12.3
chr17:66417513-66417454	hs 17q24.2
chrY:14774351-14774292	hs Yq11.21
chr20:55959444-55959385	hs 20q13.31
chr12:108052879-108052938	hs 12q23.3
chr9:85859651-85859592	hs 9q21.32
chr6:24804801-24804742	hs 6p22.3
chr8:71485966-71485907	hs 8q13.3
chrX:17170806-17170865	hs Xp22.13

chr2:33623836-33623895	hs 2p22.3
chr1:144851887-144851828	hs 1q21.1
chr7:139878860-139878919	hs 7q34
chrX:11155690-11155663	hs Xp22.2
chr2:114581451-114581392	hs 2q14.1
chr11:5269593-5269534	hs 11p15.4
chr1:109852492-109852433	hs 1p13.3
chrX:13268865-13268806	hs Xp22.2
chr3:140867372-140867431	hs 3q23
chr1:145442447-145442506	hs 1q21.1
chr9:69176021-69175962	hs 9q21.11
chr20:46286483-46286424	hs 20q13.12
chr15:35270627-35270568	hs 15q14
chr6:30922580-30922639	hs 6p21.33
chr6:30119937-30119878	hs 6p22.1
chr11:82693332-82693273	hs 11q14.1
chr13:43181387-43181446	hs 13q14.11
chr9:97784508-97784567	hs 9q22.32
chr3:130717172-130717231	hs 3q22.1
chr8:1711056-1710997	hs 8p23.3
chr5:149937714-149937773	hs 5q33.1
chr2:173329052-173328993	hs 2q31.1
chr19:46815680-46815739	hs 19q13.32
chr19:36159480-36159421	hs 19q13.12
chr14:65542062-65542003	hs 14q23.3
chr7:074580977-074580918	hs 7q11.23
chr5:044495338-044495279	hs 5p12
chr5:154198184-154198125	hs 5q33.2
chr1:94019908-94019967	hs 1p22.1
chrX:70885452-70884807	hs Xq13.1
chr1:243665260-243665201	hs 1q43
chr20:48740766-48740707	hs 20q13.13
chr9:130914244-130914303	hs 9q34.11
chr2:9545306-9545365	hs 2p25.1
chr1:89319001-89318942	hs 1p22.2
chr3:46450722-46450781	hs 3p21.31
chr3:93592208-93592149	hs 3q11.1
chr13:111521859-111521800	hs 13q34
chr2:87820743-87820802	hs 2p11.2
chr2:220115129-220115070	hs 2q35
chr4:157682958-157682899	hs 4q32.1
chr5:54721742-54721155	hs 5q11.2
chr20:5171891-5171950	hs 20p12.3
chr12:52679758-52679699	hs 12q13.13

chr17:57478707-57478766	hs 17q22
chr4:148993428-148993487	hs 4q31.23
chr5:71500947-71501006	hs 5q13.2
chr6:13363878-13363819	hs 6p24.1
chr9:114803217-114803158	hs 9q31.3
chr1:149823132-149823191	hs 1q21.2
chr9:74930313-74930372	hs 9q21.13
chr13:31338155-31338214	hs 13q12.3
chr2:30383128-30383187	hs 2p23.1
chr3:112642591-112642532	hs 3q13.2
chr12:26273691-26273632	hs 12p12.1
chr12:111888993-111889052	hs 12q24.12
chr1:51738593-51738652	hs 1p32.3
chr1:248043359-248043418	hs 1q44
chr14:105185512-105185589	hs 14q32.33
chr20:4176271-4176330	hs 20p13
chr3:10018659-10016132	hs 3p25.3
chr1:182798740-182798799	hs 1q25.3
chr15:73853376-73853317	hs 15q24.1
chr13:47844386-47844445	hs 13q14.2
chr10:5567079-5567138	hs 10p15.1
chr11:71850485-71850648	hs 11q13.4
chr10:105353953-105353894	hs 10q24.33
chr5:150176190-150176249	hs 5q33.1
chr1:159824170-159824111	hs 1q23.2
chr6:351033-351092	hs 6p25.3
chr4:88903920-88903979	hs 4q22.1
chr12:56553503-56553806	hs 12q13.2
chr18:74724904-74724845	hs 18q23
chrY:1451487-1451546	hs Yp11.32
chr14:91007027-91006968	hs 14q32.11
chr2:238820661-238820720	hs 2q37.3
chr1:158817667-158818999	hs 1q23.1
chr19:50138792-50138733	hs 19q13.33
chr15:23191556-23191497	hs 15q11.2
chr17:28525002-28524943	hs 17q11.2
chr17:48438440-48438499	hs 17q21.33
chr8:38839242-38840031	hs 8p11.22
chr1:111215146-111215087	hs 1p13.3
chr5:64961838-64961779	hs 5q12.3
chr10:111624955-111624896	hs 10q25.1
chr7:139250671-139250612	hs 7q34
chr3:149086869-149086810	hs 3q25.1
chr12:32943800-32943741	hs 12p11.21

chr9:132266206-132266265	hs 9q34.11
chr22:17590766-17590825	hs 22q11.1
chr12:123199654-123199595	hs 12q24.31
chr8:103661422-103661366	hs 8q22.3
chr1:152005219-152005160	hs 1q21.3
chr2:183790076-183790017	hs 2q32.1
chr15:59951495-59951436	hs 15q22.2
chr12:49158763-49159433	hs 12q13.12
chr5:90602415-90602356	hs 5q14.3
chr1:78383898-78383957	hs 1p31.1
chr12:63541157-63541098	hs 12q14.2
chr7:155101843-155101902	hs 7q36.3
chr2:24286286-24286345	hs 2p23.3
chr2:208531689-208531748	hs 2q33.3
chr6:29523536-29523477	hs 6p22.1
chr1:226033746-226033687	hs 1q42.12
chr11:093800231-093800172	hs 11q21
chr17:44271044-44271103	hs 17q21.31
chr10:128933884-128933825	hs 10q26.2
chr22:48939193-48939134	hs 22q13.32
chr1:155867726-155867667	hs 1q22
chrX:152141632-152141691	hs Xq28
chr2:38808452-38808393	hs 2p22.1
chr20:43882279-43882220	hs 20q13.12
chr2:38297765-38297706	hs 2p22.2
chr12:83527818-83527877	hs 12q21.31
chr17:34523260-34523201	hs 17q12
chr3:196050542-196050483	hs 3q29
chr1:144890739-144890680	hs 1q21.1
chrX:37672561-37672620	hs Xp11.4
chr7:112260602-112260661	hs 7q31.1
chr12:6342625-6344426	hs 12p13.31
chrX:13284813-13284754	hs Xp22.2
chr9:120479236-120479295	hs 9q33.1
chr6:29718692-29718633	hs 6p22.1
chr16:24226173-24226233	hs 16p12.1
chr13:48835407-48835466	hs 13q14.2
chr2:10566980-10567039	hs 2p25.1
chr21:47424836-47424895	hs 21q22.3
chr2:162091954-162092013	hs 2q24.2
chr7:48885182-48885123	hs 7p12.3
chr17:5144297-5143866	hs 17p13.2
chr12:6728794-6728735	hs 12p13.31
chr9:124217497-124217438	hs 9q33.2

chr15:83793449-83793508	hs 15q25.2
chr12:109039269-109039210	hs 12q24.11
chrX:31089993-31089934	hs Xp21.2
chr1:56960899-56960840	hs 1p32.2
chr11:68458533-68458592	hs 11q13.3
chr1:37920608-37920549	hs 1p34.3
chr16:5068743-5068802	hs 16p13.3
chrX:23804055-23804114	hs Xp22.11
chr22:17590940-17590999	hs 22q11.1
chr16:11348443-11348384	hs 16p13.13
chr16:21652742-21652683	hs 16p12.2
chr22:36792365-36792424	hs 22q12.3
chr18:3478877-3478936	hs 18p11.31
chr20:36033496-36033555	hs 20q11.23
chrX:129318758-129318817	hs Xq26.1
chr3:142984209-142984150	hs 3q24
chr8:101269850-101269791	hs 8q22.2
chr14:21269661-21269602	hs 14q11.2
chrX:135742456-135742515	hs Xq26.3
chr12:3394900-3394959	hs 12p13.32
chr20:36953190-36954680	hs 20q11.23
chr3:57914804-57914863	hs 3p14.3
chrY:14972382-14972441	hs Yq11.21
chr8:27402115-27402174	hs 8p21.1
chr12:54756423-54756364	hs 12q13.13
chr20:44523321-44523380	hs 20q13.12
chr19:8503371-8503430	hs 19p13.2
chr2:11322103-11322044	hs 2p25.1
chr15:39888831-39888890	hs 15q14
chr11:104915286-104915227	hs 11q22.3
chr1:71318361-71318302	hs 1p31.1
chr7:152162443-152162502	hs 7q36.1
chr10:22823804-22823766	hs 10p12.2
chr10:134596451-134596510	hs 10q26.3
chr4:175241026-175241085	hs 4q34.1
chr3:158541965-158542024	hs 3q25.32
chr9:129647686-129647745	hs 9q33.3
chr15:98516895-98516954	hs 15q26.3
chr8:105394838-105394780	hs 8q22.3
chr10:106025842-106025901	hs 10q25.1
chr18:59274102-59259816	hs 18q21.33
chr20:55983622-55983681	hs 20q13.31
chr5:151041099-151041040	hs 5q33.1
chrX:15844638-15844579	hs Xp22.2

chr1:28920713-28920772	hs 1p35.3
chr7:77269186-77269245	hs 7q11.23
chr4:74902761-74902702	hs 4q13.3
chr16:4433421-4433480	hs 16p13.3
chrX:64808889-64808948	hs Xq12
chr16:66597028-66597087	hs 16q21
chr10:62629276-62629217	hs 10q21.2
chr7:150555060-150555119	hs 7q36.1
chr19:46522595-46522536	hs 19q13.32
chr3:123331220-123331161	hs 3q21.1
chr6:70385838-70385779	hs 6q13
chr6:74126937-74126996	hs 6q13
chr15:59955154-59955095	hs 15q22.2
chr12:68726631-68726572	hs 12q15
chr5:179263709-179263768	hs 5q35.3
chr2:114588831-114588772	hs 2q14.1
chr1:219386138-219386197	hs 1q41
chr19:14141724-14141783	hs 19p13.12
chr3:126261750-126261809	hs 3q21.3
chr2:218923959-218923900	hs 2q35
chr16:011318439-011318498	hs 16p13.13
chr4:74963044-74962985	hs 4q13.3
chrX:23802269-23802328	hs Xp22.11
chr5:60048063-60048004	hs 5q12.1
chr18:319757-319698	hs 18p11.32
chr19:15164420-15164580	hs 19p13.12
chr2:238820539-238820598	hs 2q37.3
chr2:152226595-152226654	hs 2q23.3
chr1:47650734-47650675	hs 1p33
chr7:48141567-48142940	hs 7p12.3
chr3:130547069-130547128	hs 3q22.1
chrY:21749188-21749247	hs Yq11.222
chr17:64806770-64806829	hs 17q24.2
chr22:41605490-41605431	hs 22q13.2
chr7:30102293-30102352	hs 7p14.3
chr3:52246277-52246336	hs 3p21.2
chr15:102517003-102516944	hs 15q26.3
chr5:135855915-135855974	hs 5q31.1
chr18:3255981-3256040	hs 18p11.31
chr7:128808242-128808301	hs 7q32.1
chr11:104777733-104776255	hs 11q22.3
chr7:73695396-73695337	hs 7q11.23
chr3:182840122-182840063	hs 3q27.1
chr14:60616799-60616244	hs 14q23.1

chr7:130629109-130629050	hs 7q32.3
chr7:108214515-108214574	hs 7q31.1
chr3:128781186-128781245	hs 3q21.3
chr11:124506217-124506158	hs 11q24.2
chrX:153715750-153715691	hs Xq28
chr10:33200566-33200507	hs 10p11.22
chr11:104868201-104868142	hs 11q22.3
chr1:152078925-152078866	hs 1q21.3
chr5:99922313-99922372	hs 5q21.1
chr13:27262694-27262753	hs 13q12.13
chr4:74861957-74861898	hs 4q13.3
chr9:19461217-19461158	hs 9p22.1
chr2:208110544-208110603	hs 2q33.3
chrX:12994992-12995051	hs Xp22.2
chrX:102317677-102317618	hs Xq22.1
chr15:69699895-69699954	hs 15q23
chr19:6664998-6664939	hs 19p13.3
chr18:9862231-9862290	hs 18p11.22
chr12:9905320-9905261	hs 12p13.31
chr4:38702518-38702577	hs 4p14
chrX:46457408-46457467	hs Xp11.23
chr3:122880268-122880751	hs 3q21.1
chr18:44259258-44259199	hs 18q21.1
chr2:192700161-192700102	hs 2q32.3
chr16:24231495-24231554	hs 16p12.1
chr10:11913563-11913622	hs 10p14
chr10:45941417-45941476	hs 10q11.21
chr10:115594668-115594609	hs 10q25.3
chrX:151121679-151121620	hs Xq28
chr1:149993110-149993051	hs 1q21.2
chr1:182798529-182798588	hs 1q25.3
chr10:82279096-82279184	hs 10q23.1
chr16:47192890-47192831	hs 16q12.1
chr1:15361246-15361305	hs 1p36.21
chr20:627622-627563	hs 20p13
chr15:39874546-39874605	hs 15q14
chr19:853356-855575	hs 19p13.3
chrY:14774622-14776614	hs Yq11.21
chr7:93555764-93555823	hs 7q21.3
chr1:192154601-192154660	hs 1q31.2
chr1:47843918-47843977	hs 1p33
chr10:11912346-11912405	hs 10p14
chr12:8072983-8072924	hs 12p13.31
chrX:100881013-100881072	hs Xq22.1

chr1:21544718-21544659	hs 1p36.12
chr11:70282582-70282641	hs 11q13.3
chr3:108572748-108572807	hs 3q13.13
chr4:123665068-123665127	hs 4q27
chr9:137801508-137801449	hs 9q34.3
chr2:223185982-223186241	hs 2q36.1
chr17:56235311-56235370	hs 17q22
chr17:72835637-72835696	hs 17q25.1
chrX:37701092-37700357	hs Xp11.4
chrX:11196255-11187781	hs Xp22.2
chr10:27036506-27036447	hs 10p12.1
chr5:76722793-76722852	hs 5q13.3
chr2:106510646-106510705	hs 2q12.2
chr1:150129586-150129645	hs 1q21.2
chr12:50352600-50352659	hs 12q13.12
chr7:157331972-157331913	hs 7q36.3
chr19:7735274-7735333	hs 19p13.2
chr12:52702840-52702897	hs 12q13.13
chr20:35241797-35241738	hs 20q11.23
chr19:55525459-55525400	hs 19q13.42
chr1:183114406-183114465	hs 1q25.3
chr1:64125582-64125641	hs 1p31.3
chr11:104777734-104776256	hs 11q22.3
chr15:83805706-83805765	hs 15q25.2
chr19:10396298-10396358	hs 19p13.2
chr20:35242768-35242709	hs 20q11.23
chr3:169802254-169802313	hs 3q26.2
chr10:43265008-43265067	hs 10q11.21
chr1:235824436-235824377	hs 1q42.3
chr8:39275181-39275240	hs 8p11.22
chr10:12867778-12867837	hs 10p13
chrX:12994394-12994453	hs Xp22.2
chr3:148944026-148944085	hs 3q25.1
chr1:9097229-9097170	hs 1p36.23
chr22:24837485-24837544	hs 22q11.23
chr3:151055793-151055734	hs 3q25.1
chr12:69054183-69054242	hs 12q15
chr19:54972922-54972981	hs 19q13.42
chr12:6747301-6747242	hs 12p13.31
chr15:101845215-101845156	hs 15q26.3
chr22:022664071-022664130	hs 22q11.22
chr7:156333736-156333795	hs 7q36.3
chr4:74846974-74846915	hs 4q13.3
chr6:89794426-89794485	hs 6q15

chr10:43264992-43265051	hs 10q11.21
chr2:220115722-220115663	hs 2q35
chr17:56431001-56431060	hs 17q22
chr4:84227383-84223390	hs 4q21.23
chr15:40623743-40623684	hs 15q15.1
chr1:239870604-239870545	hs 1q43
chr20:48605170-48605229	hs 20q13.13
chr9:123664733-123664674	hs 9q33.2
chr17:32648102-32648161	hs 17q12
chr8:82539090-82539031	hs 8q21.13
chr17:6913910-6913969	hs 17p13.1
chr10:13180217-13180276	hs 10p13
chr11:75897645-75897586	hs 11q13.5
chr19:6952815-6952756	hs 19p13.2
chr16:3110418-3110477	hs 16p13.3
chr2:220115206-220115147	hs 2q35
chr19:15270548-15270489	hs 19p13.12
chr8:27457462-27457403	hs 8p21.1
chr11:18472532-18472591	hs 11p15.1
chr1:153330874-153333143	hs 1q21.3
chr3:122056416-122056475	hs 3q21.1
chr2:187545295-187545354	hs 2q32.1
chr9:131018555-131018496	hs 9q34.11
chr14:23594713-23594654	hs 14q11.2
chrY:2722790-2733165	hs Yp11.31
chr4:74853358-74853299	hs 4q13.3
chr6:32609287-32609758	hs 6p21.32
chr1:231664197-231663134	hs 1q42.2
chr1:040598754-040598813	hs 1p34.2
chr6:147163096-147163037	hs 6q24.3
chr10:80703155-80703096	hs 10q22.3
chrX:135724432-135724491	hs Xq26.3
chr4:95589078-95589137	hs 4q22.3
chr18:67530254-67530195	hs 18q22.2
chr19:52249233-52249174	hs 19q13.41
chr16:66592129-66592188	hs 16q21
chr15:99935592-99935533	hs 15q26.3
chr7:155080397-155080338	hs 7q36.2
chr22:50981273-50981214	hs 22q13.33
chr6:74303341-74303282	hs 6q13
chr6:29763236-29763295	hs 6p22.1
chr4:74609265-74609324	hs 4q13.3
chr22:29708427-29708486	hs 22q12.2
chr6:32610501-32610560	hs 6p21.32

chr6:150570937-150570996	hs 6q25.1
chr1:25437008-25436949	hs 1p36.11
chr10:25270977-25270918	hs 10p12.1
chr3:46401916-46401975	hs 3p21.31
chr5:173386991-173387050	hs 5q35.2
chr3:32995840-32995899	hs 3p22.3
chrY:21755964-21756023	hs Yq11.222
chr2:10142232-10142291	hs 2p25.1
chr9:74930069-74930128	hs 9q21.13
chr18:22059804-22059863	hs 18q11.2
chr5:159914327-159914386	hs 5q34
chr2:223186290-223186349	hs 2q36.1
chr6:11583573-11583632	hs 6p24.2
chr17:44577262-44577203	hs 17q21.31
chr3:46400706-46400765	hs 3p21.31
chrY:15027862-15027921	hs Yq11.21
chr19:10677285-10677226	hs 19p13.2
chr6:26138822-26138881	hs 6p22.2
chrX:135724494-135724553	hs Xq26.3
chr1:209849597-209849656	hs 1q32.2
chr5:39105563-39105504	hs 5p13.1
chr8:96168760-96168819	hs 8q22.1
chr6:27106250-27106191	hs 6p22.1
chr6:29977388-29977447	hs 6p22.1
chr7:112115517-112115576	hs 7q31.1
chr20:57601244-57601303	hs 20q13.32
chr3:124394079-124394138	hs 3q21.2
chr19:15937955-15937896	hs 19p13.12
chr19:38743594-38743535	hs 19q13.2
chr1:169890773-169890714	hs 1q24.2
chr18:59273546-59273487	hs 18q21.33
chr10:5435268-5435209	hs 10p15.1
chr20:44470290-44470349	hs 20q13.12
chr19:52329200-52329259	hs 19q13.41
chr5:52780837-52780896	hs 5q11.2
chr19:47150965-47150906	hs 19q13.32
chr19:6679434-6679177	hs 19p13.3
chrX:23803863-23803922	hs Xp22.11
chr8:95938753-95938694	hs 8q22.1
chr16:11642876-11642817	hs 16p13.13
chr8:92006816-92006757	hs 8q21.3
chr3:70017269-70017328	hs 3p13
chr5:102365129-102365188	hs 5q21.1
chr1:21593213-21593365	hs 1p36.12

chr9:90460801-90460860	hs 9q22.1
chr22:39620158-39620099	hs 22q13.1
chr15:65032375-65032316	hs 15q22.31
chr2:128065062-128065003	hs 2q14.3
chr1:192548857-192548916	hs 1q31.2
chr22:24041247-24041306	hs 22q11.23
chrY:3904702-3904761	hs Yp11.2
chr1:161188875-161188934	hs 1q23.3
chr4:159046215-159046156	hs 4q32.1
chr18:59273360-59273301	hs 18q21.33
chr19:4237260-4237319	hs 19p13.3
chr7:557091-557032	hs 7p22.3
chr12:7965262-7965203	hs 12p13.31
chr1:205271252-205271193	hs 1q32.1
chr19:43084565-43084506	hs 19q13.2
chr5:53752084-53752143	hs 5q11.2
chrY:22941435-22941494	hs Yq11.223
chr21:27253195-27253136	hs 21q21.3
chr18:59273599-59273540	hs 18q21.33
chr1:161190430-161190489	hs 1q23.3
chr9:116359708-116359767	hs 9q32
chr10:14561836-14561777	hs 10p13
chr4:6698819-6698878	hs 4p16.1
chr1:205242117-205242176	hs 1q32.1
chrY:1379133-1379192	hs Yp11.32
chr15:57931691-57953654	hs 15q21.3
chrY:22749984-22751421	hs Yq11.223
chr4:42410508-42410449	hs 4p13
chr11:75134816-75134757	hs 11q13.4
chr6:143072910-143072851	hs 6q24.2
chr19:55179744-55179803	hs 19q13.42
chr2:133402490-133402431	hs 2q21.2
chr3:186796052-186796111	hs 3q27.3
chr6:31685522-31685581	hs 6p21.33
chr3:158547311-158547370	hs 3q25.32
chrY:21766231-21766290	hs Yq11.222
chr2:173370556-173370615	hs 2q31.1
chr19:38795581-38795640	hs 19q13.2
chr5:109200837-109202595	hs 5q21.3
chr4:120415615-120415556	hs 4q26
chr6:134490715-134490656	hs 6q23.2
chr7:129473134-129473075	hs 7q32.2
chr13:42042937-42044635	hs 13q14.11
chr3:027676788-027676847	hs 3p24.1

chr3:69219901-69219842	hs 3p14.1
chr10:112270900-112270959	hs 10q25.2
chr6:146875650-146875709	hs 6q24.3
chr12:69054229-69054288	hs 12q15
chr11:122685098-122685157	hs 11q24.1
chr4:139085492-139085433	hs 4q28.3
chr20:4681923-4681982	hs 20p13
chr1:236139213-236139154	hs 1q42.3
chr22:21424300-21424359	hs 22q11.21
chr6:31545837-31545896	hs 6p21.33
chr1:231663140-231658381	hs 1q42.2
chr3:12790258-12790199	hs 3p25.2
chr14:23242663-23242604	hs 14q11.2
chr10:54316818-54316759	hs 10q21.1
chr4:74735646-74735705	hs 4q13.3
chr9:131046829-131046888	hs 9q34.11
chr18:59273374-59273315	hs 18q21.33
chr1:37920866-37920807	hs 1p34.3
chr6:30711635-30711576	hs 6p21.33
chr11:5246777-5246718	hs 11p15.4
chr19:6937566-6937625	hs 19p13.2
chr6:31349758-31349699	hs 6p21.33
chr13:50592487-50592546	hs 13q14.2
chr1:66839789-66839848	hs 1p31.3
chr3:171186040-171187420	hs 3q26.31
chr15:40618784-40618843	hs 15q15.1
chr1:203185861-203185802	hs 1q32.1
chr1:226074167-226074108	hs 1q42.12
chr18:13652550-13652609	hs 18p11.21
chr9:99838292-99838233	hs 9q22.33
chr15:52497664-52497723	hs 15q21.2
chr7:130145648-130145707	hs 7q32.2
chr2:173369203-173369262	hs 2q31.1
chr1:150969378-150969319	hs 1q21.3
chr7:563781-563840	hs 7p22.3
chr17:74946345-74946404	hs 17q25.2
chr3:158422689-158422630	hs 3q25.32
chr1:159846444-159846385	hs 1q23.2
chr6:138203679-138203738	hs 6q23.3
chr1:207192288-207192229	hs 1q32.1
chr4:120551821-120551880	hs 4q26
chr5:159679117-159679058	hs 5q33.3
chr14:35870847-35870788	hs 14q13.2
chr16:72094877-72094936	hs 16q22.2

chr11:64947580-64947521	hs 11q13.1
chr16:11772637-11772696	hs 16p13.13
chr3:171087432-171064972	hs 3q26.31
chr22:18613820-18613879	hs 22q11.21
chr9:115926240-115926299	hs 9q32
chr13:19751197-19751138	hs 13q12.11
chr15:58861011-58861070	hs 15q21.3
chr10:24873139-24873080	hs 10p12.1
chr5:090603630-090603571	hs 5q14.3
chr6:123130605-123130664	hs 6q22.31
chr10:25284625-25279530	hs 10p12.1
chrX:41555937-41555996	hs Xp11.4
chr3:185865094-185865035	hs 3q27.2
chr22:23467137-23467196	hs 22q11.22
chr2:37600060-37600119	hs 2p22.2
chr14:55609454-55611879	hs 14q22.3
chr2:97163478-97163419	hs 2q11.2
chr8:24259534-24259593	hs 8p21.2
chr12:6289832-6289773	hs 12p13.31
chr14:101201048-101201107	hs 14q32.2
chr9:72999896-72999837	hs 9q21.12
chr2:176881980-176882039	hs 2q31.1
chr1:231663139-231658380	hs 1q42.2
chr12:10145801-10145742	hs 12p13.2
chr7:143076846-143076787	hs 7q34
chr1:32256093-32256034	hs 1p35.2
chr4:74607982-74608041	hs 4q13.3
chr4:102995573-102995632	hs 4q24
chr11:004497021-004497080	hs 11p15.4
chr11:10580104-10580045	hs 11p15.4
chr1:59246570-59246511	hs 1p32.1
chr7:93516634-93516575	hs 7q21.3
chr6:151939801-151939860	hs 6q25.1
chr20:39314869-39314810	hs 20q12
chr3:155197964-155197905	hs 3q25.31
chr1:47073825-47073766	hs 1p33
chr5:75911558-75911499	hs 5q13.3
chr9:95883839-95883780	hs 9q22.31
chr5:58264986-58264927	hs 5q11.2
chr7:150489208-150489149	hs 7q36.1
chr12:10149579-10149520	hs 12p13.2
chr12:76419686-76419627	hs 12q21.2
chr15:45983364-45983423	hs 15q21.1
chr2:8824282-8824341	hs 2p25.1

chr7:76958930-76958871	hs 7q11.23
chr10:111894827-111894886	hs 10q25.1
chr16:204445-204504	hs 16p13.3
chr6:30711371-30711312	hs 6p21.33
chr12:42853269-42853210	hs 12q12
chr1:160232509-160232568	hs 1q23.2
chr11:44952695-44952754	hs 11p11.2
chr19:16438246-16438305	hs 19p13.11
chr10:90973457-90973398	hs 10q23.31
chr7:41818918-41818976	hs 7p14.1
chrY:22754620-22754679	hs Yq11.223
chr16:31343816-31343875	hs 16p11.2
chr20:44452639-44451969	hs 20q13.12
chr6:31678135-31678194	hs 6p21.33
chr4:120215256-120215315	hs 4q26
chr13:48835913-48835972	hs 13q14.2
chr12:108681943-108681884	hs 12q23.3
chr6:137246671-137246730	hs 6q23.3
chr8:105502522-105502463	hs 8q22.3
chr6:31321712-31321653	hs 6p21.33
chr17:34432718-34432777	hs 17q12
chr18:46446841-46446782	hs 18q21.1
chr1:9429495-9429554	hs 1p36.22
chr9:34521161-34521102	hs 9p13.3
chr17:53470223-53470164	hs 17q22
chr19:48551307-48551248	hs 19q13.33
chr9:92221400-92221459	hs 9q22.2
chr4:170907809-170907750	hs 4q33
chr1:35261095-35261154	hs 1p34.3
chr11:48192048-48192107	hs 11p11.2
chr4:154626406-154626465	hs 4q31.3
chr16:204352-204411	hs 16p13.3
chr17:34432641-34432700	hs 17q12
chr10:34620141-34620082	hs 10p11.21
chr2:73927999-73927940	hs 2p13.1
chr7:150502028-150502087	hs 7q36.1
chr17:48745220-48745279	hs 17q21.33
chr10:14560784-14560725	hs 10p13
chr3:10327552-10327493	hs 3p25.3
chr3:12775584-12775525	hs 3p25.2
chr14:56247937-56247878	hs 14q22.3
chr3:5026260-5026319	hs 3p26.1
chr10:31109162-31109136	hs 10p11.23
chr11:74917103-74917162	hs 11q13.4

chr19:54297367-54297308	hs 19q13.42
chrX:13651616-13651675	hs Xp22.2
chr7:76940446-76940387	hs 7q11.23
chrY:21152726-21152667	hs Yq11.222
chr22:40139178-40139119	hs 22q13.1
chr1:115125613-115125554	hs 1p13.2
chr3:127413832-127411122	hs 3q21.3
chr11:94865312-94865371	hs 11q21
chr11:10594698-10594639	hs 11p15.4
chr22:19510887-19510828	hs 22q11.21
chr12:45825919-45825978	hs 12q12
chr6:31321722-31321663	hs 6p21.33
chr3:3134008-3133949	hs 3p26.2
chr20:35177541-35177600	hs 20q11.23
chr3:112648223-112648164	hs 3q13.2
chr3:127407970-127407911	hs 3q21.3
chr3:120347262-120347203	hs 3q13.33
chr5:36688204-36688263	hs 5p13.2
chr2:70169884-70169943	hs 2p13.3
chr20:24938074-24939601	hs 20p11.21
chr3:10285302-10285361	hs 3p25.3
chr11:102208356-102208415	hs 11q22.2
chr16:222889-222948	hs 16p13.3
chr11:65222947-65223006	hs 11q13.1
chr16:72110884-72110943	hs 16q22.2
chr19:7744452-7744511	hs 19p13.2
chr11:93915057-93915116	hs 11q21
chr1:16074418-16074477	hs 1p36.21
chr10:121214967-121215023	hs 10q26.11
chr9:137801822-137801763	hs 9q34.3
chr12:10145733-10145674	hs 12p13.2
chr3:15298613-15298554	hs 3p25.1
chr3:111371024-111371083	hs 3q13.2
chr6:29692114-29692173	hs 6p22.1
chr17:44273754-44273813	hs 17q21.31
chr17:32584050-32584109	hs 17q12
chr1:17685353-17685783	hs 1p36.13
chr11:10328780-10328839	hs 11p15.4
chr6:42893514-42893573	hs 6p21.1
chr1:7980782-7980723	hs 1p36.23
chr4:170926890-170926831	hs 4q33
chr1:182571177-182571118	hs 1q25.3
chr11:43965338-43965397	hs 11p11.2
chr6:36708629-36708570	hs 6p21.2

chr1:22965795-22965854	hs 1p36.12
chr8:86393210-86393269	hs 8q21.2
chrY:21867829-21867770	hs Yq11.222
chr3:45266206-45266147	hs 3p21.31
chr1:109745792-109745851	hs 1p13.3
chrY:15032230-15032289	hs Yq11.21
chr9:90345326-90345385	hs 9q21.33
chr11:74166545-74166486	hs 11q13.4
chr6:41117457-41117398	hs 6p21.1
chr6:41129123-41129064	hs 6p21.1
chr14:59835594-59835653	hs 14q23.1
chr17:44273814-44273873	hs 17q21.31
chr1:153362607-153362548	hs 1q21.3
chr11:57146165-57145262	hs 11q12.1
chr11:5291180-5291121	hs 11p15.4
chr1:226784622-226784681	hs 1q42.12
chr15:45725295-45725354	hs 15q21.1
chr3:156978988-156978929	hs 3q25.31
chr6:138412115-138412056	hs 6q23.3
chr18:43422461-43422519	hs 18q12.3
chr21:34444537-34444596	hs 21q22.11
chr20:43954637-43954578	hs 20q13.12
chr17:63223600-63223659	hs 17q24.1
chr1:169692108-169692049	hs 1q24.2
chr2:197128811-197128870	hs 2q32.3
chr4:74720137-74720196	hs 4q13.3
chr15:80263195-80263136	hs 15q25.1
chr11:5275687-5275868	hs 11p15.4
chr1:183524784-183524725	hs 1q25.3
chr4:74736850-74736909	hs 4q13.3
chr5:94042412-94042353	hs 5q15
chr17:48768701-48768760	hs 17q21.33
chr17:34199391-34199332	hs 17q12
chr20:36965709-36965768	hs 20q11.23
chr11:63283937-63283996	hs 11q12.3
chr3:185225760-185225701	hs 3q27.2
chr2:64688319-64688378	hs 2p14
chr19:54544173-54544114	hs 19q13.42
chr11:60705358-60704803	hs 11q12.2
chr1:212793856-212793915	hs 1q32.3
chr19:7734716-7734775	hs 19p13.2
chr1:203148255-203148196	hs 1q32.1
chr1:182567930-182567871	hs 1q25.3
chr11:102733653-102733594	hs 11q22.2

chr22:37209739-37196953	hs 22q12.3
chr18:59568387-59568328	hs 18q21.33
chr16:11018667-11018726	hs 16p13.13
chr15:52414907-52414848	hs 15q21.2
chr12:68726018-68724953	hs 12q15
chr6:151679428-151679487	hs 6q25.1
chr10:5920117-5920058	hs 10p15.1
chr2:73453922-73453981	hs 2p13.2
chrX:148568759-148568700	hs Xq28
chr6:131905353-131905412	hs 6q23.2
chr17:65066671-65066612	hs 17q24.2
chr2:48906556-48906615	hs 2p16.3
chr3:158460833-158460892	hs 3q25.32
chr3:52726769-52726828	hs 3p21.1
chr2:47709947-47710006	hs 2p21
chr6:167344538-167343227	hs 6q27
chr12:1613531-1613590	hs 12p13.33
chr6:35262286-35262345	hs 6p21.31
chrX:134948134-134948075	hs Xq26.3
chr9:44239592-44239545	hs 9p11.2
chr9:131483128-131483187	hs 9q34.11
chr17:66865909-66865850	hs 17q24.2
chr11:108594167-108709199	hs 11q22.3
chr2:242630054-242633574	hs 2q37.3
chr12:8490224-8490283	hs 12p13.31
chr3:66428767-66428826	hs 3p14.1
chr1:28834024-28834083	hs 1p35.3
chr11:64845055-64844996	hs 11q13.1
chr11:67379945-67380004	hs 11q13.2
chrX:046458828-046458769	hs Xp11.23
chr12:31257493-31257552	hs 12p11.21
chr7:84568859-84568800	hs 7q21.11
chr10:30303489-30303430	hs 10p11.23
chr13:50237253-50237194	hs 13q14.2
chr8:145486576-145486433	hs 8q24.3
chr7:26534243-26534302	hs 7p15.2
chr14:24649400-24649459	hs 14q12
chr21:16742119-16742060	hs 21q21.1
chr2:203167727-203168114	hs 2q33.1
chr20:25655624-25655565	hs 20p11.1
chr11:57367490-57367549	hs 11q12.1
chr21:33749555-33749496	hs 21q22.11
chr5:795933-795874	hs 5p15.33
chr7_gl000195_random:000059862-000059803	

chr20:62588356-62588297	hs 20q13.33
chr2:174131452-174131511	hs 2q31.1
chr15:23259849-23259908	hs 15q11.2
chr19:53382828-53382769	hs 19q13.41
chr2:112620029-112619970	hs 2q13
chr12:125431661-125431602	hs 12q24.31
chr2:27423111-27423052	hs 2p23.3
chr20:17923049-17922990	hs 20p11.23
chr10:82180229-82180288	hs 10q23.1
chr19:17452718-17452777	hs 19p13.11
chr8:073342072-073342131	hs 8q13.3
chr15:50650157-50650216	hs 15q21.2
chr11:110659013-110658954	hs 11q23.1
chr16:18900788-18900729	hs 16p12.3
chr16:23662286-23662345	hs 16p12.2
chr8:80676371-80676312	hs 8q21.13
chr1:84630045-84630104	hs 1p31.1
chr2:40339484-40339425	hs 2p22.1
chr7:105097161-105097102	hs 7q22.3
chr7_gl000195_random:44089-44030	
chrX:71493113-71492595	hs Xq13.1
chr2:27016914-27016973	hs 2p23.3
chr9:138396341-138396400	hs 9q34.3
chr14:96176337-96176290	hs 14q32.13
chr1:28835114-28835173	hs 1p35.3
chr22:43529193-43529134	hs 22q13.2
chr16:15681608-15681667	hs 16p13.11
chr17:43578758-43578699	hs 17q21.31
chr8:129004109-129004168	hs 8q24.21
chr19:38036489-38036430	hs 19q13.12
chr8:145195463-145195522	hs 8q24.3
chr3:124788704-124788645	hs 3q21.2
chr21:46363730-46380051	hs 21q22.3
chr16:68386456-68386515	hs 16q22.1
chr16:29821633-29821692	hs 16p11.2
chr9:21697121-21699562	hs 9p21.3
chr1:89726446-89726387	hs 1p22.2
chr12:58163171-58163112	hs 12q14.1
chr7_gl000195_random:164456-164515	
chr3:13679466-13679525	hs 3p25.1
chr6:86387572-86387513	hs 6q14.3
chr1:174973771-174973833	hs 1q25.1
chr17:7213037-7213096	hs 17p13.1
chr15:25365473-25365532	hs 15q11.2

chr3:036809424-036809365	hs 3p22.2
chr19:18545192-18545251	hs 19p13.11
chr16:30291769-30291062	hs 16p11.2
chr13:53216921-53216980	hs 13q14.3
chr10:48200350-48200409	hs 10q11.22
chrX:152157755-152157696	hs Xq28
chr22:51008055-51007842	hs 22q13.33
chr7:29730587-29734185	hs 7p14.3
chr9:023682299-023682358	hs 9p21.3
chr8:8102244-8102303	hs 8p23.1
chr19:56088952-56088893	hs 19q13.42
chr16:89784514-89784573	hs 16q24.3
chr4:53617748-53617689	hs 4q12
chr2:39213330-39213271	hs 2p22.1
chr7:141353184-141353243	hs 7q34
chr17:79976695-79976636	hs 17q25.3
chr11:64812090-64812149	hs 11q13.1
chr6:56480038-56479979	hs 6p12.1
chr6:158066818-158068296	hs 6q25.3
chr12:299799-299740	hs 12p13.33
chr17:30179032-30178973	hs 17q11.2
chr12:123646722-123646663	hs 12q24.31
chr2:240269810-240269751	hs 2q37.3
chr15:65107975-65107916	hs 15q22.31
chr9:95043166-95043107	hs 9q22.31
chr19:44270995-44270936	hs 19q13.31
chr2:206951157-206951216	hs 2q33.3
chr7:19735257-19735198	hs 7p21.1
chr1:212526233-212526292	hs 1q32.3
chr12:57037523-57037464	hs 12q13.3
chr1:33240353-33240412	hs 1p35.1
chrX:140270000-140269941	hs Xq27.1
chrX:46919911-46919970	hs Xp11.23
chr10:70454164-70454223	hs 10q21.3
chr17:9147220-9147279	hs 17p13.1
chr5:138618813-138618872	hs 5q31.2
chr14:104002073-104002132	hs 14q32.33
chr17:39958266-39958207	hs 17q21.2
chr11:57093651-57093592	hs 11q12.1
chr16:5134996-5134937	hs 16p13.3
chrX:73071383-73071442	hs Xq13.2
chr2:87068958-87068899	hs 2p11.2
chr9:134371651-134371710	hs 9q34.13
chr15:75128999-75128940	hs 15q24.1

chr7:153756582-153756523	hs 7q36.2
chr1:55075674-55075733	hs 1p32.3
chr20:62605559-62605500	hs 20q13.33
chr16:256079-256020	hs 16p13.3
chr22:20761079-20761138	hs 22q11.21
chr8:136659779-136659838	hs 8q24.23
chr20:5100555-5100614	hs 20p12.3
chr9:139258502-139258443	hs 9q34.3
chrX:101138198-101138139	hs Xq22.1
chr10:75257445-75257386	hs 10q22.2
chr16:27375999-27376058	hs 16p12.1
chr1:45795058-45794999	hs 1p34.1
chr13:31233106-31233165	hs 13q12.3
chr22:36587182-36587123	hs 22q12.3
chr19:51891601-51891543	hs 19q13.41
chr6:47199542-47199483	hs 6p12.3
chr5:34925048-34925357	hs 5p13.2
chr2:113421288-113421347	hs 2q13
chr1:246490603-246490544	hs 1q44
chr3:36937230-36937171	hs 3p22.2
chr12:52840615-52840556	hs 12q13.13
chr17:48551355-48551608	hs 17q21.33
chrX:65815549-65815490	hs Xq12
chr13:34410688-34410747	hs 13q13.2
chr17:066157244-066157303	hs 17q24.2
chr16:84812831-84812890	hs 16q24.1
chr19:19038775-19038834	hs 19p13.11
chr13:32972996-32973055	hs 13q13.1
chr7:98610354-98610413	hs 7q22.1
chr4:53617789-53617730	hs 4q12
chr5:111498374-111498315	hs 5q22.1
chr17:79673989-79674048	hs 17q25.3
chr17:79845823-79845764	hs 17q25.3
chr13:60453455-60453396	hs 13q21.2
chr22:20456128-20456069	hs 22q11.21
chr1:196646719-196646778	hs 1q31.3
chr1:95363319-95363260	hs 1p21.3
chr13:53217666-53217725	hs 13q14.3
chr2:97820421-97823845	hs 2q11.2
chr22:36174111-36164377	hs 22q12.3
chr17:74150652-74150711	hs 17q25.1
chr17:72946899-72946840	hs 17q25.1
chr17:16343361-16343420	hs 17p11.2
chr5:901470-901529	hs 5p15.33

chr12:51492572-51489778	hs 12q13.12
chr10:12938688-12938629	hs 10p13
chr5:126394629-126388358	hs 5q23.2
chr20:2776406-2776347	hs 20p13
chr11:33054824-33054883	hs 11p13
chr11:8707013-8707072	hs 11p15.4
chr16:87744901-87744842	hs 16q24.2
chr2:240900217-240900158	hs 2q37.3
chr10:103922940-103922999	hs 10q24.32
chr15:78640508-78640567	hs 15q25.1
chr11:126072937-126072878	hs 11q24.2
chr7:135333302-135333361	hs 7q33
chr18:11640817-11640758	hs 18p11.21
chr20:47895501-47895560	hs 20q13.13
chr17:33427055-33426996	hs 17q12
chr3:142185226-142185167	hs 3q23
chr19:11172673-11172732	hs 19p13.2
chr8:74202885-74202845	hs 8q21.11
chr20:5454718-5454777	hs 20p12.3
chr11:76414566-76414507	hs 11q13.5
chr1:156845432-156845904	hs 1q23.1
chr16:75691037-75691096	hs 16q23.1
chr18:71740797-71740738	hs 18q22.3
chr7:98988593-98988652	hs 7q22.1
chr7:27870436-27870377	hs 7p15.2
chr16:81700808-81700867	hs 16q23.3
chrX:064813223-064813282	hs Xq12
chr17:48940557-48940498	hs 17q21.33
chr7:106781339-106781398	hs 7q22.3
chr1:65897532-65897591	hs 1p31.3
chr17:4837421-4837480	hs 17p13.2
chr8:125947534-125947475	hs 8q24.13
chr2:178587952-178588011	hs 2q31.2
chr1:233520417-233520476	hs 1q42.2
chr17:7461108-7461167	hs 17p13.1
chr19:41847802-41838142	hs 19q13.2
chr10:102800646-102800705	hs 10q24.31
chr2:97218184-97218243	hs 2q11.2
chr17:48870692-48870751	hs 17q21.33
chr6:43753511-43753570	hs 6p21.1
chr1:37949708-37949767	hs 1p34.3
chr9:82340031-82340090	hs 9q21.31
chr14:92054338-92053578	hs 14q32.12
chr13:106384166-106384225	hs 13q33.2

chr2:16061095-16061154	hs 2p24.3
chr7:4838849-4838790	hs 7p22.1
chr5:156901670-156901729	hs 5q33.3
chr10:86277812-86277871	hs 10q23.1
chr10:38239838-38239779	hs 10p11.1
chr3:40353654-40353713	hs 3p22.1
chr16:57719826-57722310	hs 16q21
chr11:118987673-118987732	hs 11q23.3
chr8:125289592-125289651	hs 8q24.13
chr1:16848231-16848290	hs 1p36.13
chr2:168115959-168116018	hs 2q24.3
chr9:36162528-36162587	hs 9p13.3
chrX:49242935-49242993	hs Xp11.23
chr22:20380190-20380249	hs 22q11.21
chr11:65272873-65272932	hs 11q13.1
chr19:55665570-55665511	hs 19q13.42
chr1:206762349-206762408	hs 1q32.1
chr14:31869535-31869476	hs 14q12
chr8:126034443-126034502	hs 8q24.13
chrY:15866586-15866645	hs Yq11.221
chr13:111176078-111176019	hs 13q34
chr9:92316887-92334144	hs 9q22.2
chr1:149822628-149822687	hs 1q21.2
chr6:90087437-90082293	hs 6q15
chrX:153712300-153712241	hs Xq28
chr9:91619814-91619873	hs 9q22.1
chr14:58702246-58702305	hs 14q23.1
chr10:50666865-50666806	hs 10q11.23
chr3:10059617-10059558	hs 3p25.3
chr1:27426044-27425985	hs 1p36.11
chr16:51847398-51847457	hs 16q12.1
chr8:1906714-1906773	hs 8p23.3
chr10:113109791-113109732	hs 10q25.2
chr7:103002811-103002870	hs 7q22.1
chr9:11829269-11829210	hs 9p23
chr8:37590997-37591056	hs 8p11.23
chr1:26646885-26646944	hs 1p36.11
chr14:24760771-24760376	hs 14q12
chr8:6505948-6506007	hs 8p23.1
chr8:105393912-105393853	hs 8q22.3
chr17:62400603-62400544	hs 17q23.3
chr13:53626095-53626154	hs 13q14.3
chr5:55354916-55362914	hs 5q11.2
chr5:163136438-163136379	hs 5q34

chr2:48825258-48825317	hs 2p16.3
chr19:57005675-57005734	hs 19q13.43
chr16:57077428-57077487	hs 16q13
chr19:49448112-49448171	hs 19q13.33
chr5:74014777-74016292	hs 5q13.3
chr1:11808472-11808531	hs 1p36.22
chr10:134511363-134511422	hs 10q26.3
chr4:38195020-38194961	hs 4p14
chr6:110746152-110746093	hs 6q21
chr7:35913298-35913357	hs 7p14.2
chr2:227861047-227861106	hs 2q36.3
chr1:224577223-224577164	hs 1q42.11
chr7:1628857-1628916	hs 7p22.3

chr7:93628513-93625606	hs 7q21.3
chr1:201350401-201350342	hs 1q32.1
chr4:82348321-82348262	hs 4q21.21
chr11:75147988-75146649	hs 11q13.4
chr14:67804649-67804590	hs 14q23.3
chr10:75879227-75879286	hs 10q22.2
chr5:126206442-126206383	hs 5q23.2
chrX:153630581-153630522	hs Xq28
chr8:145066955-145067014	hs 8q24.3
chr6:80412808-80412867	hs 6q14.1
chr4:53740227-53740168	hs 4q12
chr20:44755280-44755339	hs 20q13.12
chr7:73113602-73113543	hs 7q11.23
chrX:136007215-136007156	hs Xq26.3
chr10:91179559-91179618	hs 10q23.31
chr16:1988536-1988477	hs 16p13.3
chr6:025997812-025997753	hs 6p22.2
chr11:110042213-110042272	hs 11q22.3
chr11:58034481-58034422	hs 11q12.1
chr3:107041507-106991589	hs 3q13.12
chr13:114629796-114629737	hs 13q34
chr1:246935239-246935180	hs 1q44
chr7:66453156-66453097	hs 7q11.21
chr6:13639812-13638146	hs 6p23
chr5:131811624-131811683	hs 5q31.1
chr15:38780497-38780438	hs 15q14
chr14:101200586-101200645	hs 14q32.2
chr2:20817935-20817876	hs 2p24.1
chr16:052744593-052744534	hs 16q12.2
chr18:29652911-29652970	hs 18q12.1

chr12:108983690-108983631	hs 12q23.3
chr3:098379592-098379651	hs 3q12.1
chr11:119033297-119033356	hs 11q23.3
chr6:9226007-9238553	hs 6p24.3
chr19:11244293-11244352	hs 19p13.2
chr19:17923824-17923883	hs 19p13.11
chr1:144952275-144952216	hs 1q21.1
chr6:151789520-151789579	hs 6q25.1
chr4:147179943-147179884	hs 4q31.22
chr14:48682794-48682853	hs 14q21.3
chr20:34634107-34634048	hs 20q11.23
chr1:47682477-47682418	hs 1p33
chr18:9402199-9402258	hs 18p11.22
chr10:75405457-75405398	hs 10q22.2
chr22:23401668-23401609	hs 22q11.22
chr6:6222326-6222267	hs 6p25.1
chrX:10201678-10201737	hs Xp22.2
chr3:150930118-150930059	hs 3q25.1
chr1:169558394-169558335	hs 1q24.2
chrX:53263787-53263728	hs Xp11.22
chr7:143193658-143193717	hs 7q35
chr8:19824187-19824246	hs 8p21.3
chr2:198338889-198338948	hs 2q33.1
chr6:31694319-31694378	hs 6p21.33
chr19:55396800-55396859	hs 19q13.42
chr9:132266017-132266076	hs 9q34.11
chr1:237996423-237996482	hs 1q43
chr1:78408667-78408726	hs 1p31.1
chr9:99404109-99404050	hs 9q22.33
chr15:89753316-89753257	hs 15q26.1
chr11:61136153-61136212	hs 11q12.2
chr15:55496584-55496525	hs 15q21.3
chr2:119600337-119600278	hs 2q14.2
chr1:3692432-3692491	hs 1p36.32
chr19:35899490-35899549	hs 19q13.12
chr9:136228402-136228343	hs 9q34.2
chr2:152975469-152975410	hs 2q23.3
chr7:74202331-74202390	hs 7q11.23
chr2:175297161-175297102	hs 2q31.1
chr4:25749158-25749099	hs 4p15.2
chr4:90647744-90647685	hs 4q22.1
chr10:6335196-6335137	hs 10p15.1
chrX:99929857-99929798	hs Xq22.1
chr2:242668673-242668732	hs 2q37.3

chr16:604502-604561	hs 16p13.3
chr11:72468822-72466750	hs 11q13.4
chr20:55028074-55028133	hs 20q13.31
chr2:110970270-110970211	hs 2q13
chr2:98088895-98088836	hs 2q11.2
chr3:9404584-9404525	hs 3p25.3
chr19:4960895-4960954	hs 19p13.3
chr10:51613296-51613237	hs 10q11.23
chrY:15436495-15435596	hs Yq11.221
chr9:132265860-132265919	hs 9q34.11
chr21:43917458-43917517	hs 21q22.3
chr1:151819642-151819583	hs 1q21.3
chr8:48282132-48282191	hs 8q11.21
chr5:43065590-43065531	hs 5p12
chr2:101009766-101009707	hs 2q11.2
chr19:6413914-6413855	hs 19p13.3
chr11:003723704-003723645	hs 11p15.4
chr4:1717772-1717713	hs 4p16.3
chr10:31428164-31429302	hs 10p11.22
chr22:29951282-29951223	hs 22q12.2
chr4:4865044-4865103	hs 4p16.2
chr5:149829298-149827272	hs 5q33.1
chr10:99069392-99069333	hs 10q24.1
chr7:889733-889792	hs 7p22.3
chr19:52870021-52870080	hs 19q13.41
chr1:28573296-28573237	hs 1p35.3
chr4:2949326-2949267	hs 4p16.3
chr9:134399126-134399185	hs 9q34.13
chr12:8374195-8374136	hs 12p13.31
chr11:85406136-85406077	hs 11q14.1
chr22:46639970-46639911	hs 22q13.31
chr11:3656287-3656346	hs 11p15.4
chr10:63953284-63953225	hs 10q21.2
chr5:26881049-26880990	hs 5p14.1
chr17:38683195-38683252	hs 17q21.2
chr22:38212293-38212597	hs 22q13.1
chr12:2912469-2912528	hs 12p13.33
chr19:37240258-37240199	hs 19q13.12
chr16:18896476-18896417	hs 16p12.3
chr16:4295975-4295916	hs 16p13.3
chr12:109526142-109526083	hs 12q24.11
chr8:94746051-94745992	hs 8q22.1
chr2:37475476-37475535	hs 2p22.2
chr13:45902852-45902793	hs 13q14.13

chr16:15112762-15112821	hs 16p13.11
chr11:107677584-107677525	hs 11q22.3
chr5:14342798-14342857	hs 5p15.2
chr1:901036-901095	hs 1p36.33
chr17:43719193-43719252	hs 17q21.31
chr17:39992127-39991482	hs 17q21.2
chrX:24762628-24762687	hs Xp22.11
chr15:48633763-48634258	hs 15q21.1
chr9:139270092-139270033	hs 9q34.3
chr12:27655039-27655098	hs 12p11.23
chr12:009552468-009552409	hs 12p13.31
chr3:18567930-18567989	hs 3p24.3
chr19:5785214-5785155	hs 19p13.3
chr16:56868309-56868659	hs 16q13
chrX:109468276-109468217	hs Xq23
chr1:15988139-15988198	hs 1p36.21
chr19:11559073-11559380	hs 19p13.2
chr17:37009177-37009118	hs 17q12
chr3:52728321-52728380	hs 3p21.1
chr5:32791717-32791776	hs 5p13.3
chr4:17802337-17802278	hs 4p15.31
chr7:128589323-128589382	hs 7q32.1
chr8:12298516-12302269	hs 8p23.1
chr1:151320308-151320367	hs 1q21.3
chr11:73079944-73080003	hs 11q13.4
chr9:35073994-35073935	hs 9p13.3
chr3:138219364-138219305	hs 3q22.3
chr2:203156092-203156151	hs 2q33.1
chr10:16581710-16581769	hs 10p13
chr6:31639644-31639703	hs 6p21.33
chr20:37056010-37055951	hs 20q11.23
chr1:110213977-110214126	hs 1p13.3
chr14:66590483-66590542	hs 14q23.3
chr3:33653556-33653497	hs 3p22.3
chr16:28915816-28915757	hs 16p11.2
chr6:30894098-30894157	hs 6p21.33
chr15:41809450-41809391	hs 15q15.1
chr19:7224336-7224277	hs 19p13.2
chr8:94738635-94738694	hs 8q22.1
chr16:14334518-14334577	hs 16p13.12
chr19:49534993-49534934	hs 19q13.33
chr9:42470679-42470738	hs 9p12
chr4:3433293-3433352	hs 4p16.3
chr5:029560584-029560525	hs 5p13.3

chr3:179305796-179305855	hs 3q26.33
chr19:21838600-21838659	hs 19p12
chr17:80559860-80559919	hs 17q25.3
chr7:100464565-100464624	hs 7q22.1
chr15:67487391-67487450	hs 15q22.33
chr19:53101162-53101221	hs 19q13.41
chr3:196731528-196731587	hs 3q29
chr16:2611677-2611618	hs 16p13.3
chr1:65692632-65692691	hs 1p31.3
chr3:47603865-47603806	hs 3p21.31
chr19:10220457-10220516	hs 19p13.2
chr2:202488995-202488936	hs 2q33.1
chr11:66131783-66131724	hs 11q13.2
chr16:18907434-18907375	hs 16p12.3
chr2:30830202-30830261	hs 2p23.1
chr19:12817323-12817264	hs 19p13.2
chr2:186903120-186903061	hs 2q32.1
chr2:237033264-237033323	hs 2q37.2
chr11:66394693-66394752	hs 11q13.2
chr3:187898304-187898363	hs 3q27.3
chr17:43718881-43718940	hs 17q21.31
chr18:56652368-56652427	hs 18q21.32
chr2:97884981-97890599	hs 2q11.2
chr7:102395663-102395722	hs 7q22.1
chr11:47260623-47260682	hs 11p11.2
chr10:127530380-127530439	hs 10q26.2
chr4:42145792-42145733	hs 4p13
chr17:74554891-74554950	hs 17q25.1
chr11:63481496-63481555	hs 11q13.1
chr14:21464427-21464720	hs 14q11.2
chr9:139934150-139934091	hs 9q34.3
chr6:52128952-52128893	hs 6p12.2
chr6:27101247-27101306	hs 6p22.1
chr2:68543168-68543109	hs 2p14
chr3:121213021-121213081	hs 3q13.33
chrX:2800115-2800174	hs Xp22.33
chr19:6190433-6190374	hs 19p13.3
chr16:3076557-3076707	hs 16p13.3
chr4:9387389-9376823	hs 4p16.1
chrUn_g 000217:9784-9843	
chr12:2909056-2909213	hs 12p13.33
chr4:151178051-151178110	hs 4q31.3
chr12:54624854-54624795	hs 12q13.13
chr17:33328391-33328955	hs 17q12

chr19:617843-617784	hs 19p13.3
chr2:64139556-64139497	hs 2p14
chr5:092604130-092604189	hs 5q15
chr16:8946862-8946803	hs 16p13.2
chr3:98298372-98298313	hs 3q11.2
chr19:748269-748328	hs 19p13.3
chr21:32490889-32490830	hs 21q22.11
chr10:91342846-91342787	hs 10q23.31
chr5:034124290-034124231	hs 5p13.2
chr14:76173990-76174049	hs 14q24.3
chr19:55859429-55859488	hs 19q13.42
chr12:101777351-101777410	hs 12q23.2
chr3:39452639-39452698	hs 3p22.1
chr16:16243914-16243855	hs 16p13.11
chr19:2714640-2714581	hs 19p13.3
chr10:67375430-67375489	hs 10q21.3
chr14:45587328-45587269	hs 14q21.2
chr4:57514502-57514443	hs 4q12
chr16:780057-779998	hs 16p13.3
chr11:767293-767234	hs 11p15.5
chr4:78804582-78804640	hs 4q21.1
chr18:12432141-12432200	hs 18p11.21
chr10:5966356-5966415	hs 10p15.1
chr6:30692522-30692581	hs 6p21.33
chr17:26944336-26944395	hs 17q11.2
chr6:34665191-34665247	hs 6p21.31
chr1:224573395-224573336	hs 1q42.11
chr14:102973257-102973198	hs 14q32.31
chr2:20648971-20649030	hs 2p24.1
chr18:3277808-3277867	hs 18p11.31
chr6:43608159-43608218	hs 6p21.1
chr3:181728008-181728067	hs 3q26.33
chr17:73870306-73870247	hs 17q25.1
chr4:6987771-6987712	hs 4p16.1
chr5:43586668-43586609	hs 5p12
chr4:9828161-9828102	hs 4p16.1
chrX:153589903-153589844	hs Xq28
chr14:23586606-23586547	hs 14q11.2
chr1:212719072-212727777	hs 1q32.3
chr13:32870558-32870617	hs 13q13.1
chr19:49469860-49469919	hs 19q13.33
chr7:150029689-150029748	hs 7q36.1
chr7:33057111-33057052	hs 7p14.3
chr15:52874158-52874099	hs 15q21.2

chr12:46120164-46120105	hs 12q12
chr17:079483193-079483252	hs 17q25.3
chr20:48740366-48740307	hs 20q13.13
chr12:27110616-27110675	hs 12p11.23
chr6:31686608-31686549	hs 6p21.33
chr14:20945104-20945163	hs 14q11.2
chr1:226259628-226259687	hs 1q42.12
chr5:58147307-58147366	hs 5q11.2
chr1:246811411-246811470	hs 1q44
chr16:77809241-77809300	hs 16q23.1
chr3:150348174-150348233	hs 3q25.1
chr11:48997363-48997304	hs 11p11.12
chr6:129898731-129898672	hs 6q22.33
chr12:89516851-89516792	hs 12q21.33
chr1:85019462-85019403	hs 1p22.3
chr9:77676379-77676320	hs 9q21.13
chr8:101931167-101931108	hs 8q22.3
chr7:127990466-127990407	hs 7q32.1
chr6:13791080-13791021	hs 6p23
chr4:2251339-2251280	hs 4p16.3
chr1:112269251-112269192	hs 1p13.2
chr11:88161178-88161237	hs 11q14.2
chr1:115138469-115137157	hs 1p13.2
chr2:62727974-62727915	hs 2p15
chrX:154007043-154006984	hs Xq28
chr20:48808989-48809048	hs 20q13.13
chr9:114796264-114796205	hs 9q31.3
chr7:143087000-143087059	hs 7q34
chr5:131679470-131679529	hs 5q31.1
chr2:238934042-238939244	hs 2q37.3
chr2:131132468-131132527	hs 2q21.1
chr1:024822864-024822805	hs 1p36.11
chr12:51326101-51326160	hs 12q13.12
chr19:11475760-11475819	hs 19p13.2
chr19:59063333-59063274	hs 19q13.43
chr7:35912316-35912375	hs 7p14.2
chr14:76961394-76961335	hs 14q24.3
chr2:74761088-74761029	hs 2p13.1
chr2:130740164-130740223	hs 2q21.1
chr17:8124488-8124429	hs 17p13.1
chr9:102117787-102117728	hs 9q22.33
chr9:71869444-71869503	hs 9q21.11
chr13:20977891-20977832	hs 13q12.11
chr16:29826939-29826998	hs 16p11.2

chr18:9954334-9954393	hs 18p11.22
chr17:71203606-71203547	hs 17q25.1
chr3:172348635-172348576	hs 3q26.31
chr12:13237895-13237836	hs 12p13.1
chr8:121550176-121550117	hs 8q24.12
chr15:74890377-74890436	hs 15q24.1
chr1:229457365-229457306	hs 1q42.13
chr11:22843736-22843677	hs 11p14.3
chr1:46164774-46164715	hs 1p34.1
chr14:20482479-20482420	hs 14q11.2
chr7:23247532-23247591	hs 7p15.3
chr11:60618787-60618728	hs 11q12.2
chr1:212398763-212398704	hs 1q32.3
chr21:43892970-43892911	hs 21q22.3
chr7:106842145-106842204	hs 7q22.3
chr1:77557523-77557464	hs 1p31.1
chr3:127259619-127259678	hs 3q21.3
chr2:145834054-145834113	hs 2q22.3
chr12:6760128-6760069	hs 12p13.31
chr17:15449189-15449130	hs 17p12
chr16:67472152-67472093	hs 16q22.1
chr3:184533887-184533946	hs 3q27.2
chr6:43623383-43624327	hs 6p21.1
chr16:003500086-003500145	hs 16p13.3
chr20:5479277-5479218	hs 20p12.3
chr22:21141453-21141512	hs 22q11.21
chr1:31205902-31205843	hs 1p35.2
chr11:64508971-64508912	hs 11q13.1
chr1:151023452-151023437	hs 1q21.3
chr5:140894648-140894589	hs 5q31.3
chr12:15134478-15134537	hs 12p12.3
chr5:143538082-143538023	hs 5q31.3
chr2:136872012-136871953	hs 2q22.1
chr1:90401097-90401156	hs 1p22.2
chr10:112045945-112046001	hs 10q25.2
chr3:187089255-187089314	hs 3q27.3
chr17:3800243-3800184	hs 17p13.2
chr13:41506984-41506925	hs 13q14.11
chr4:147175938-147175879	hs 4q31.22
chr16:31489205-31489264	hs 16p11.2
chr10:5500236-5500295	hs 10p15.1
chr11:117778569-117778510	hs 11q23.3
chr15:74702424-74702365	hs 15q24.1
chr5:71504756-71504815	hs 5q13.2

chr8:67540976-67540917	hs 8q13.1
chr2:8427554-8427495	hs 2p25.1
chr4:106200570-106200629	hs 4q24
chr2:131451030-131450971	hs 2q21.1
chr4:175160186-175158733	hs 4q34.1
chr17:56599121-56598973	hs 17q22
chr11:077445416-077445357	hs 11q14.1
chr1:27986898-27986839	hs 1p36.11
chr10:134331602-134325611	hs 10q26.3
chr3:167402154-167402095	hs 3q26.1
chr14:68144288-68144229	hs 14q24.1
chr2:20648584-20648643	hs 2p24.1
chr1:78353981-78353922	hs 1p31.1
chr2:158593493-158593434	hs 2q24.1
chr5:10461437-10464984	hs 5p15.2
chr10:64430068-64430127	hs 10q21.2
chr19:39899758-39899817	hs 19q13.2
chrY:21767158-21767217	hs Yq11.222
chr5:172563805-172563864	hs 5q35.1
chr12:064732126-064732067	hs 12q14.2
chr1:152080242-152080183	hs 1q21.3
chrX:040749868-040749809	hs Xp11.4
chr3:018581517-018581576	hs 3p24.3
chr1:67474829-67474770	hs 1p31.3
chr6:26020881-26020940	hs 6p22.2
chr9:35757656-35757715	hs 9p13.3
chr10:052467309-052467250	hs 10q11.23
chr2:219118850-219118909	hs 2q35
chr2:197034187-197034128	hs 2q32.3
chr4:74714496-74714555	hs 4q13.3
chr12:7623941-7623882	hs 12p13.31
chr11:10528563-10528622	hs 11p15.4
chr11:055052971-055052912	hs 11q11
chr19:4446563-4446504	hs 19p13.3
chr19:863247-863306	hs 19p13.3
chr5:150649662-150649721	hs 5q33.1
chr2:112874089-112874148	hs 2q13
chr7:142499821-142499880	hs 7q34
chr19:36357335-36357394	hs 19q13.12
chr21:43867379-43867438	hs 21q22.3
chr18:52562268-52562327	hs 18q21.2
chr15:52407429-52407370	hs 15q21.2
chr12:49160628-49160569	hs 12q13.12
chr9:132266023-132266082	hs 9q34.11

chr7:134655197-134655256	hs 7q33
chr1:112020670-112020729	hs 1p13.2
chr17:74774485-74774544	hs 17q25.1
chr9:78808212-78808271	hs 9q21.13
chr2:46810064-46810123	hs 2p21
chr19:47111489-47111548	hs 19q13.32
chr6:158530984-158530925	hs 6q25.3
chr1:10478911-10478970	hs 1p36.22
chr19:3474882-3474823	hs 19p13.3
chr19:11033280-11033339	hs 19p13.2
chr18:22642053-22641994	hs 18q11.2
chr18:21948329-21948270	hs 18q11.2
chr11:94804156-94804215	hs 11q21
chr3:114107766-114107825	hs 3q13.31
chr1:150131744-150131803	hs 1q21.2
chr20:45129999-45129940	hs 20q13.12
chr5:170832324-170832382	hs 5q35.1
chr6:22287617-22287558	hs 6p22.3
chr5:52389637-52389696	hs 5q11.2
chr22:33258540-33258599	hs 22q12.3
chr11:66044665-66044724	hs 11q13.2
chr11:9467009-9467068	hs 11p15.4
chr7:150175990-150176049	hs 7q36.1
chr19:50363244-50363303	hs 19q13.33
chr22:21398536-21398477	hs 22q11.21
chr10:77121377-77121436	hs 10q22.2
chr19:12225433-12225492	hs 19p13.2
chr19:48254779-48254838	hs 19q13.33
chr10:81555314-81555255	hs 10q22.3
chr17:29096998-29097057	hs 17q11.2
chr11:65124614-65124673	hs 11q13.1
chrX:119378826-119378767	hs Xq24
chr17:7219137-7219078	hs 17p13.1
chr16:685057-684998	hs 16p13.3
chr1:28906335-28906276	hs 1p35.3
chr19:647645-647586	hs 19p13.3
chr2:232577717-232577776	hs 2q37.1
chr15:89010441-89010382	hs 15q25.3
chr13:50065911-50065970	hs 13q14.2
chr16:87741478-87741419	hs 16q24.2
chr11:678736-674767	hs 11p15.5
chr16:28915801-28915742	hs 16p11.2
chr6:31694977-31694918	hs 6p21.33
chr21:35757828-35757887	hs 21q22.11

chr10:126302618-126302677	hs 10q26.13
chr4:1984828-1984769	hs 4p16.3
chr22:51022107-51022166	hs 22q13.33
chr1:155165848-155165789	hs 1q22
chr6:7405537-7410626	hs 6p24.3
chr6:31002656-31002715	hs 6p21.33
chr11:3405403-3405462	hs 11p15.4
chr6:35434765-35434824	hs 6p21.31
chr5:172118316-172118375	hs 5q35.1
chr4:2939736-2939677	hs 4p16.3
chr1:54233538-54233479	hs 1p32.3
chr1:19586563-19586622	hs 1p36.13
chr12:94702242-94702183	hs 12q22
chr1:1396237-1396296	hs 1p36.33
chr19:034513738-034513679	hs 19q13.11
chr20:2637849-2638618	hs 20p13
chr13:111932964-111933023	hs 13q34
chr4:15688062-15688121	hs 4p15.32
chr2:217724698-217724639	hs 2q35
chr7:137849012-137849071	hs 7q33
chr9:12822833-12822892	hs 9p23
chr12:8290933-8290992	hs 12p13.31
chr15:43823152-43823211	hs 15q15.3
chr12:115108899-115108840	hs 12q24.21
chr9:19372372-19372431	hs 9p22.1
chr1:54497886-54497827	hs 1p32.3
chr22:50357570-50357629	hs 22q13.33
chr4:124851459-124851518	hs 4q28.1
chr2:242026594-242026535	hs 2q37.3
chr1:183592499-183592440	hs 1q25.3
chr9:5127355-5127414	hs 9p24.1
chr14:51413201-51413260	hs 14q22.1
chr2:218664920-218664861	hs 2q35
chr2:111925892-111925951	hs 2q13
chr15:81598391-81598450	hs 15q25.1
chr5:017655347-017655288	hs 5p15.1
chr5:142660788-142660729	hs 5q31.3
chr12:106136634-106136575	hs 12q23.3
chr2:11323535-11323476	hs 2p25.1
chr11:3875607-3875548	hs 11p15.4
chr8:97258135-97256297	hs 8q22.1
chr1:40026573-40026514	hs 1p34.3
chr19:1497862-1497921	hs 19p13.3
chr20:43708442-43708501	hs 20q13.12

chr6:160103649-160103590	hs 6q25.3
chr7:139246970-139246911	hs 7q34
chr3:195438282-195438341	hs 3q29
chr17:26905097-26905038	hs 17q11.2
chr7:825448-825507	hs 7p22.3
chr5:795845-795786	hs 5p15.33
chr15:42953343-42953402	hs 15q15.2
chr6:41304077-41304136	hs 6p21.1
chr3:65707579-65707520	hs 3p14.1
chr8:48686544-48686485	hs 8q11.21
chr8:7414046-7413987	hs 8p23.1
chr17:25969369-25973575	hs 17q11.2
chr15:64665753-64665694	hs 15q22.31
chr1:70144101-70144160	hs 1p31.1
chr2:97541754-97541695	hs 2q11.2
chr14:91633926-91633985	hs 14q32.11
chr15:74743805-74743170	hs 15q24.1
chr7:30444133-30444192	hs 7p14.3
chr13:37402541-37402600	hs 13q13.3
chr3:195712530-195712471	hs 3q29
chr6:158094469-158094528	hs 6q25.3
chr19:20115520-20115461	hs 19p12
chr21:46380023-46380082	hs 21q22.3
chr14:58875525-58875466	hs 14q23.1
chrX:70520608-70520667	hs Xq13.1
chr19:55773787-55773728	hs 19q13.42
chr19:13993314-13993255	hs 19p13.13
chr2:162849045-162848986	hs 2q24.2
chr12:56864656-56864715	hs 12q13.3
chr3:97660805-97660746	hs 3q11.2
chr1:215794818-215794877	hs 1q41
chr17:16344470-16344529	hs 17p11.2
chr19:4962065-4962124	hs 19p13.3
chr1:150485797-150485856	hs 1q21.3
chr3:11598763-11598822	hs 3p25.3
chr17:73637425-73637484	hs 17q25.1
chr21:40386819-40386878	hs 21q22.2
chr1:9989523-9989464	hs 1p36.22
chr22:39527059-39527000	hs 22q13.1
chr20:44757581-44757640	hs 20q13.12
chr15:29024195-29024254	hs 15q13.1
chr10:74127511-74127452	hs 10q22.1
chr16:3077927-3077868	hs 16p13.3
chr12:21392460-21392519	hs 12p12.1

chr18:722336-722277	hs 18p11.32
chr2:202630165-202630106	hs 2q33.1
chr7:19156521-19156462	hs 7p21.1
chr3:100043741-100043800	hs 3q12.2
chr1:15897649-15897708	hs 1p36.21
chr7:33054255-33054196	hs 7p14.3
chr19:12760201-12760018	hs 19p13.2
chr5:55238572-55238513	hs 5q11.2
chr2:114715503-114715562	hs 2q14.1
chr11:64508476-64508420	hs 11q13.1
chr17:74672497-74672438	hs 17q25.1
chr8:101960895-101960836	hs 8q22.3
chr6:45882033-45881974	hs 6p21.1
chr3:3191790-3191731	hs 3p26.2
chr11:36511240-36511181	hs 11p12
chr17:1550220-1549875	hs 17p13.3
chr7:115580160-115580101	hs 7q31.2
chr2:181737784-181737725	hs 2q31.3

chr20:13695615-13695556	hs 20p12.1
chr3:52015145-52015204	hs 3p21.2
chr19:44169557-44169498	hs 19q13.31
chr2:74220787-74220846	hs 2p13.1
chr17:7560632-7560691	hs 17p13.1
chr9:95147506-95147447	hs 9q22.31
chr3:197346752-197346693	hs 3q29
chr7:127639207-127639266	hs 7q32.1
chr2:95770471-95770412	hs 2q11.1
chr17:60503886-60503945	hs 17q23.2
chr3:52217873-52217814	hs 3p21.2
chr2:8710552-8710493	hs 2p25.1
chr9:19374048-19374107	hs 9p22.1
chrX:66944033-66944092	hs Xq12
chr12:48235561-48235502	hs 12q13.11
chrX:10112233-10112292	hs Xp22.2
chr11:59834507-59834566	hs 11q12.1
chr17:46941924-46941983	hs 17q21.32
chr5:66478752-66478693	hs 5q12.3
chr1:202910325-202910266	hs 1q32.1
chr9:35809173-35809232	hs 9p13.3
chr7:27192283-27192342	hs 7p15.2
chr3:4354913-4354972	hs 3p26.1
chr16:89623618-89623677	hs 16q24.3
chr22:38471648-38471707	hs 22q13.1

chr22:24829457-24829516	hs 22q11.23
chr21:44270319-44270260	hs 21q22.3
chr6:32916625-32916566	hs 6p21.32
chr15:71342217-71342276	hs 15q23
chr17:66196091-66196150	hs 17q24.2
chr11:108343124-108343065	hs 11q22.3
chrX:53221665-53221606	hs Xp11.22
chr9:135534118-135534059	hs 9q34.13
chr19:6535866-6535925	hs 19p13.3
chr9:71855045-71861646	hs 9q21.11
chr19:45988845-45988786	hs 19q13.32
chr8:30536325-30536266	hs 8p12
chrX:51934568-51934627	hs Xp11.22
chr4:160281049-160281108	hs 4q32.1
chr2:191064495-191064554	hs 2q32.2
chr1:114239909-114239850	hs 1p13.2
chr1:12837810-12837869	hs 1p36.21
chr21:46935144-46935085	hs 21q22.3
chr6:143793334-143793393	hs 6q24.2
chr5:711383-711324	hs 5p15.33
chr17:34071864-34071805	hs 17q12
chr18:73408293-73408234	hs 18q23
chr17:34524139-34524080	hs 17q12
chr13:27757072-27757131	hs 13q12.13
chr2:44117011-44116952	hs 2p21
chr12:76440082-76440023	hs 12q21.2
chr4:77906255-77906314	hs 4q21.1
chr19:17973421-17973480	hs 19p13.11
chr5:79924927-79924868	hs 5q14.1
chr2:86348655-86348714	hs 2p11.2
chr17:8377599-8377540	hs 17p13.1
chr20:61599882-61599941	hs 20q13.33
chr10:99125880-99123617	hs 10q24.1
chr22:19506385-19508015	hs 22q11.21
chr5:82876302-82876361	hs 5q14.3
chr21:38574855-38574914	hs 21q22.13
chr12:122957778-122957719	hs 12q24.31
chr22:19833728-19833669	hs 22q11.21
chr19:34304755-34304814	hs 19q13.11
chr1:43142350-43142409	hs 1p34.2
chr11:62622823-62622764	hs 11q12.3
chr17:79876286-79876227	hs 17q25.3
chr14:65213074-65213015	hs 14q23.3
chr7:22765879-22765820	hs 7p15.3

chr3:49394984-49394925	hs 3p21.31
chr8:133722596-133722537	hs 8q24.22
chr14:101297360-101297419	hs 14q32.2
chr4:11400729-11400670	hs 4p15.33
chr3:155208651-155208592	hs 3q25.31
chr7:141357034-141356975	hs 7q34
chr6:24650393-24650334	hs 6p22.3
chr9:79226442-79226383	hs 9q21.2
chr10:70514936-70514995	hs 10q21.3
chr22:45996933-45996992	hs 22q13.31
chrX:70680545-70680604	hs Xq13.1
chr3:36944718-36944659	hs 3p22.2
chr11:34493034-34493093	hs 11p13
chr20:31108678-31108619	hs 20q11.21
chr7:142180666-142180607	hs 7q34
chr1:32800015-32799956	hs 1p35.1
chr17:38683190-38683249	hs 17q21.2
chr10:104352453-104353423	hs 10q24.32
chr2:130909170-130909111	hs 2q21.1
chr4:124324494-124324553	hs 4q28.1
chr5:10680153-10680094	hs 5p15.2
chr5:148626089-148627383	hs 5q32
chr6:30531313-30531372	hs 6p21.33
chr1:207874903-207874962	hs 1q32.2
chr6:029800627-029800568	hs 6p22.1
chr14:86595843-86595902	hs 14q31.3
chr9:35561526-35561585	hs 9p13.3
chr3:123633295-123633236	hs 3q21.1
chr22:40085423-40085482	hs 22q13.1
chr6:84665141-84669561	hs 6q14.2
chr20:50007824-50007765	hs 20q13.2
chr10:60147960-60148019	hs 10q21.1
chr21:46305985-46305926	hs 21q22.3
chr10:70652436-70652495	hs 10q22.1
chr1:207101994-207101935	hs 1q32.1
chr6:86387577-86387518	hs 6q14.3
chr3:38164126-38164185	hs 3p22.2
chr1:248436213-248436154	hs 1q44
chr3:145787511-145787452	hs 3q24
chrX:153735560-153735205	hs Xq28
chr1:63920569-63920094	hs 1p31.3
chr2:182322335-182322394	hs 2q31.3
chr19:21753641-21753582	hs 19p12
chr1:95710195-95710254	hs 1p21.3

chr16:58741096-58741037	hs 16q21
chr2:100163795-100163736	hs 2q11.2
chr1:218511102-218511161	hs 1q41
chr12:49061311-49061252	hs 12q13.11
chr17:61910173-61910114	hs 17q23.3
chr19:53103310-53103369	hs 19q13.41
chr22:29090020-29085145	hs 22q12.1
chr9:139620615-139620556	hs 9q34.3
chr14:105864372-105864431	hs 14q32.33
chr16:89864823-89864767	hs 16q24.3
chr19:54634808-54634867	hs 19q13.42
chr15:42931058-42931117	hs 15q15.2
chr3:49866144-49866085	hs 3p21.31
chr12:124191610-124192199	hs 12q24.31
chr15:82765395-82765336	hs 15q25.2
chr8:37701268-37701327	hs 8p11.23
chr8:145533478-145533537	hs 8q24.3
chr11:124637239-124637180	hs 11q24.2
chr2:159537233-159537292	hs 2q24.1
chr21:34876492-34876433	hs 21q22.11
chr10:044100153-044100094	hs 10q11.21
chr1:164820976-164821035	hs 1q23.3
chr5:147261662-147261721	hs 5q32
chr10:75135734-75135675	hs 10q22.2
chr11:64620223-64620183	hs 11q13.1
chr11:4114005-4114064	hs 11p15.4
chr9:70091909-70091968	hs 9q21.11
chr1:2513018-2513077	hs 1p36.32
chr7:139248407-139248348	hs 7q34
chr3:147660459-147660518	hs 3q24
chr10:32863407-32863466	hs 10p11.22
chr5:96253257-96253316	hs 5q15
chr8:8993872-8993813	hs 8p23.1
chr17:74717921-74716563	hs 17q25.1
chr17:31233543-31233602	hs 17q11.2
chr22:21307425-21307484	hs 22q11.21
chr1:230973004-230972945	hs 1q42.2
chr9:14081998-14081939	hs 9p23
chr10:51388712-51388771	hs 10q11.23
chr19:18281283-18281342	hs 19p13.11
chr14:105181133-105181192	hs 14q32.33
chr5:149792281-149792222	hs 5q32
chr7:30241864-30241923	hs 7p14.3
chr13:114110456-114110397	hs 13q34

chr2:217347660-217347719	hs 2q35
chr7:20368043-20367984	hs 7p21.1
chr19:12224463-12224522	hs 19p13.2
chr11:66616157-66616098	hs 11q13.2
chr8:8096389-8096448	hs 8p23.1
chr3:127819515-127819456	hs 3q21.3
chr14:25100295-25100236	hs 14q12
chr1:248059520-248059579	hs 1q44
chr19:1105673-1105732	hs 19p13.3
chr1:43788328-43788387	hs 1p34.2
chr7:99690579-99690520	hs 7q22.1
chr18:22804452-22804393	hs 18q11.2
chr1:55530453-55530512	hs 1p32.3
chr9:116132548-116132607	hs 9q32
chr7:30197507-30197566	hs 7p14.3
chr2:85943077-85943136	hs 2p11.2
chrX:118208931-118208990	hs Xq24
chr5:4968923-4968065	hs 5p15.32
chr6:16763019-16763078	hs 6p22.3
chr22:36140089-36140030	hs 22q12.3
chr6:147171387-147171328	hs 6q24.3
chr6:43588488-43588429	hs 6p21.1
chr20:24949557-24944629	hs 20p11.21
chr15:76584972-76584808	hs 15q24.2
chr8:74705429-74705370	hs 8q21.11
chrX:16852460-16855753	hs Xp22.2
chr1:28907491-28907432	hs 1p35.3
chr17:26603822-26603763	hs 17q11.2
chr1:184597996-184598055	hs 1q25.3
chr18:44603772-44603831	hs 18q21.1
chr9:138742180-138742033	hs 9q34.3
chr10:123727211-123724883	hs 10q26.13
chr19:16632086-16632145	hs 19p13.11
chr5:123973545-123973486	hs 5q23.2
chr6:32917477-32917418	hs 6p21.32
chr2:197738421-197738257	hs 2q33.1
chr17:7463468-7463709	hs 17p13.1
chr9:139299621-139299562	hs 9q34.3
chr3:10114581-10114640	hs 3p25.3
chrX:56311439-56311498	hs Xp11.21
chr11:46405231-46405290	hs 11p11.2
chr2:203634375-203634434	hs 2q33.2
chr12:98897547-98887213	hs 12q23.1
chr15:55648495-55648436	hs 15q21.3

chr22:24300034-24299975	hs 22q11.23
chr15:66181162-66181221	hs 15q22.31
chr11:3239233-3239174	hs 11p15.4
chr13:47407996-47407937	hs 13q14.2
chr11:44080135-44080194	hs 11p11.2
chr17:289939-289880	hs 17p13.3
chr2:64859160-64859101	hs 2p14
chr17:26673908-26673967	hs 17q11.2
chr8:91634707-91634648	hs 8q21.3
chr2:64040822-64040763	hs 2p15
chr17:62400731-62400672	hs 17q23.3
chr1:207251103-207251162	hs 1q32.2
chr21:44237918-44237977	hs 21q22.3
chr14:23081028-23081087	hs 14q11.2
chr9:72007284-72007343	hs 9q21.11
chr1:203277072-203277013	hs 1q32.1
chr22:17597388-17597329	hs 22q11.1
chr2:223423534-223423593	hs 2q36.1
chr15:60639647-60639588	hs 15q22.2
chr19:58384249-58384190	hs 19q13.43
chr1:101338624-101338565	hs 1p21.2
chr8:442672-442613	hs 8p23.3
chr6:134844522-134841752	hs 6q23.2
chr4:15688002-15688061	hs 4p15.32
chr3:130569653-130569712	hs 3q22.1
chr6:30461187-30461128	hs 6p21.33
chr10:104161053-104161229	hs 10q24.32
chr21:45565392-45565451	hs 21q22.3
chr22:43562901-43562842	hs 22q13.2
chr10:129539033-129539092	hs 10q26.2
chr5:179036864-179036923	hs 5q35.3
chr6:45539917-45539858	hs 6p21.1
chr8:138729083-138729142	hs 8q24.23
chr8:48888334-48888393	hs 8q11.21
chr1:166826396-166826337	hs 1q24.1
chr2:174937535-174937476	hs 2q31.1
chr10:7839099-7840969	hs 10p14
chr18:14076499-14076440	hs 18p11.21
chr9:116054126-116054185	hs 9q32
chr17:79967005-79967064	hs 17q25.3
chr17:77478678-77478619	hs 17q25.3
chr9:114290027-114290086	hs 9q31.3
chr3:11832001-11831942	hs 3p25.2
chr21:40377745-40377686	hs 21q22.2

chr1:32751432-32751491	hs 1p35.1
chr15:65410501-65410442	hs 15q22.31
chr13:113392026-113392085	hs 13q34
chr9:5785753-5785694	hs 9p24.1
chr9:95054802-95054743	hs 9q22.31
chr11:118964129-118964188	hs 11q23.3
chr6:136872667-136872726	hs 6q23.3
chr19:9677344-9677285	hs 19p13.2
chr5:74076074-74076015	hs 5q13.3
chr16:27357879-27357938	hs 16p12.1
chr11:5632513-5632572	hs 11p15.4
chr19:15532996-15532937	hs 19p13.12
chr3:47891623-47891682	hs 3p21.31
chr1:36893980-36893921	hs 1p34.3
chr4:13339014-13339073	hs 4p15.33
chr1:745300-745359	hs 1p36.33
chr3:168801415-168801356	hs 3q26.2
chr1:151314496-151314437	hs 1q21.3
chr10:95279478-95279537	hs 10q23.33
chr22:41228665-41228606	hs 22q13.2
chr7:76822747-76822688	hs 7q11.23
chr14:24038560-24038619	hs 14q11.2
chr9:95375371-95375430	hs 9q22.31
chr10:15254973-15254914	hs 10p13
chrX:130959324-130959265	hs Xq26.2
chr10:99527196-99527137	hs 10q24.2
chr10:30248968-30249027	hs 10p11.23
chr22:29083773-29083727	hs 22q12.1
chr13:24798862-24798921	hs 13q12.12
chr15:25230254-25230313	hs 15q11.2
chr16:449689-450227	hs 16p13.3
chrX:48565909-48565968	hs Xp11.23
chr7:73112240-73112299	hs 7q11.23
chr17:26654924-26654983	hs 17q11.2
chr10:97949085-97949026	hs 10q24.1
chr6:43022085-43022026	hs 6p21.1
chr19:45406844-45406903	hs 19q13.32
chr12:110034941-110035000	hs 12q24.11
chrX:152719858-152713315	hs Xq28
chr17:35441992-35441933	hs 17q12
chr6:41491695-41491636	hs 6p21.1
chr17:61773681-61773622	hs 17q23.3
chr16:66875395-66875336	hs 16q22.1
chr11:27679959-27679900	hs 11p14.1

chr3:191753972-191754031	hs 3q28
chr1:159888703-159888644	hs 1q23.2
chr8:19262014-19261955	hs 8p21.3
chr17:74383867-74383926	hs 17q25.1
chr10:8117072-8117131	hs 10p14
chr8:125565128-125565069	hs 8q24.13
chr7:10973244-10973185	hs 7p21.3
chr17:73937674-73937615	hs 17q25.1
chr16:55584943-55585002	hs 16q12.2
chr4:169837061-169837120	hs 4q32.3
chr1:91295528-91295469	hs 1p22.2
chr13:46295698-46295757	hs 13q14.13
chr4:175445565-175445624	hs 4q34.1
chr20:3856703-3856762	hs 20p13
chr19:38798303-38798244	hs 19q13.2
chr22:25726072-25726131	hs 22q11.23
chr17:17747058-17746999	hs 17p11.2
chr2:86830871-86830812	hs 2p11.2
chr2:26149514-26149455	hs 2p23.3
chr10:112044747-112044806	hs 10q25.2
chr16:57449888-57449947	hs 16q21
chr22:24325921-24325980	hs 22q11.23
chr3:150344826-150344885	hs 3q25.1
chr4:122589538-122589479	hs 4q27
chr5:177384712-177384771	hs 5q35.3
chr19:36168740-36168878	hs 19q13.12
chr22:46000392-46000333	hs 22q13.31
chr19:6731507-6731258	hs 19p13.3
chr5:39371884-39371825	hs 5p13.1
chrX:153904815-153904756	hs Xq28
chr19:18288840-18288899	hs 19p13.11
chr1:2514849-2514908	hs 1p36.32
chr5:171165435-171169608	hs 5q35.1
chr4:74920451-74920392	hs 4q13.3
chr1:182791261-182791320	hs 1q25.3
chr2:216808159-216808100	hs 2q35
chr4:56899111-56899170	hs 4q12
chr12:76447034-76446881	hs 12q21.2
chr5:77773709-77773768	hs 5q14.1
chr2:30954236-30953620	hs 2p23.1
chr12:15034999-15034940	hs 12p12.3
chr17:45286758-45286817	hs 17q21.32
chr2:219210607-219210666	hs 2q35
chr13:79363661-79361565	hs 13q31.1

chrX:118378206-118378265	hs Xq24
chr5:32110743-32110802	hs 5p13.3
chr11:60897849-60897790	hs 11q12.2
chr4:144142361-144142420	hs 4q31.21
chr2:38102975-38102916	hs 2p22.2
chr2:166604475-166604416	hs 2q24.3
chr1:160516632-160516573	hs 1q23.3
chr22:18081053-18080994	hs 22q11.21
chr7:29523528-29523587	hs 7p14.3
chr11:65273511-65273570	hs 11q13.1
chr16:81744898-81744957	hs 16q23.3
chr3:50644082-50644023	hs 3p21.2
chr3:185348389-185348448	hs 3q27.2
chr16:87436758-87436817	hs 16q24.2
chr5:176917306-176917247	hs 5q35.3
chr3:090251481-090251422	hs 3p11.1
chr3:150344862-150344921	hs 3q25.1
chr5:100143016-100142957	hs 5q21.1
chr16:2882113-2882172	hs 16p13.3
chr10:91068397-91068456	hs 10q23.31
chr3:194308712-194308653	hs 3q29
chr12:109548738-109548797	hs 12q24.11
chr9:131767789-131767962	hs 9q34.11
chr17:21323091-21323150	hs 17p11.2
chr12:66309240-66309299	hs 12q14.3
chr19:48427077-48427136	hs 19q13.33
chr10:49628233-49628292	hs 10q11.22
chr15:32462222-32462281	hs 15q13.3
chr1:33478726-33478667	hs 1p35.1
chr17:40117524-40117583	hs 17q21.2
chr11:62601956-62601802	hs 11q12.3
chr9:33922053-33921994	hs 9p13.3
chr16:79748728-79748669	hs 16q23.2
chr6:31785491-31785550	hs 6p21.33
chr8:38709801-38709860	hs 8p11.22
chr6:117859979-117860457	hs 6q22.1
chr22:32781443-32781502	hs 22q12.3
chr1:161488834-161488893	hs 1q23.3
chr14:24636167-24636226	hs 14q12
chr16:81991575-81991634	hs 16q23.3
chr4:70288848-70288907	hs 4q13.2
chr1:183604736-183604795	hs 1q25.3
chr11:27699226-27699285	hs 11p14.1
chr1:7837368-7838226	hs 1p36.23

chr14:73742568-73742509	hs 14q24.2
chr11:64494473-64494414	hs 11q13.1
chr3:100296198-100296257	hs 3q12.2
chr9:4701968-4702027	hs 9p24.1
chr5:150409825-150409766	hs 5q33.1
chr18:61570202-61570261	hs 18q21.33
chr21:35208842-35208901	hs 21q22.11
chr12:132621201-132621142	hs 12q24.33
chr6:2283947-2284006	hs 6p25.3
chr7:98995635-98995576	hs 7q22.1
chr1:214826239-214826298	hs 1q41
chr4:42113016-42112957	hs 4p13
chr11:57252360-57252301	hs 11q12.1
chr17:54672456-54672515	hs 17q22
chrX:52936573-52936632	hs Xp11.22
chr16:32266438-32266497	hs 16p11.2
chr11:10823073-10823014	hs 11p15.3
chr5:159659238-159661843	hs 5q33.3
chr19:8439197-8439256	hs 19p13.2
chr17:38077558-38077499	hs 17q12
chr13:085686038-085685979	hs 13q31.1
chr5:169675664-169675605	hs 5q35.1
chr17:74561359-74561418	hs 17q25.1
chr19:19230489-19230430	hs 19p13.11
chr4:009588552-009588493	hs 4p16.1
chr17:77761302-77761361	hs 17q25.3
chr17:7952182-7952241	hs 17p13.1
chr6:026340367-026340426	hs 6p22.2
chr1:235613554-235613495	hs 1q42.3
chr6:133136459-133136518	hs 6q23.2
chr1:6246415-6246356	hs 1p36.31
chr9:33922469-33922410	hs 9p13.3
chr9:140712526-140712585	hs 9q34.3
chrX:136075711-136075770	hs Xq26.3
chr1:180257526-180257467	hs 1q25.2
chr7:45140022-45139963	hs 7p13
chr16:2162948-2162889	hs 16p13.3
chr16:78134036-78134095	hs 16q23.1
chr3:39305093-39305034	hs 3p22.2
chr5:653323-653382	hs 5p15.33
chr2:135957983-135957924	hs 2q21.3
chr1:148952994-148953053	hs 1q21.2
chr19:36811143-36811084	hs 19q13.12
chr19:59009780-59009721	hs 19q13.43

chr9:99263578-99263519	hs 9q22.32
chr5:159828872-159828813	hs 5q33.3
chr7:105888852-105888793	hs 7q22.3
chr11:067701465-067701524	hs 11q13.2
chr11:48158712-48158653	hs 11p11.2
chr6:116598155-116598096	hs 6q22.1
chr3:39252098-39252157	hs 3p22.2
chr4:170608814-170608873	hs 4q33
chr19:55184057-55184116	hs 19q13.42
chr1:40536121-40536180	hs 1p34.2
chr9:139463976-139464035	hs 9q34.3
chr16:66599900-66599959	hs 16q21
chr22:25023871-25023930	hs 22q11.23
chr20:1455893-1455834	hs 20p13
chr4:15683348-15683407	hs 4p15.32
chr16:67702392-67702451	hs 16q22.1
chr8:21767417-21767358	hs 8p21.3
chr6:26027208-26027149	hs 6p22.2
chr1:8716060-8684409	hs 1p36.23
chr17:000560504-000560443	hs 17p13.3
chr8:100128083-100133444	hs 8q22.2
chr3:42438677-42438618	hs 3p22.1
chr19:38187848-38187789	hs 19q13.12
chr20:43128430-43128371	hs 20q13.12
chrX:7023805-7023746	hs Xp22.31
chr21:37407353-37407294	hs 21q22.12
chr14:81743393-81743334	hs 14q31.1
chr11:315054-315113	hs 11p15.5
chr1:156106099-156106158	hs 1q22
chr1:44089183-44089242	hs 1p34.2
chr2:102600262-102601083	hs 2q11.2
chr5:135527210-135527151	hs 5q31.1
chr6:79607930-79607989	hs 6q14.1
chr2:31490569-31490628	hs 2p23.1
chr17:42745468-42745527	hs 17q21.31
chr15:25923934-25923875	hs 15q12
chr15:91358495-91358554	hs 15q26.1
chr5:138724401-138724342	hs 5q31.2
chr10:60047439-60047498	hs 10q21.1
chr4:152024984-152025043	hs 4q31.3
chr6:27839916-27839857	hs 6p22.1
chr10:58117666-58117607	hs 10q21.1
chr16:89804072-89804013	hs 16q24.3
chr1:162769658-162769717	hs 1q23.3

chr12:27850326-27850385	hs 12p11.22
chr19:14199590-14199531	hs 19p13.12
chr15:66795208-66795149	hs 15q22.31
chrX:53440244-53440185	hs Xp11.22
chr19:36804033-36803974	hs 19q13.12
chr11:19194361-19197421	hs 11p15.1
chr5:69321216-69321275	hs 5q13.2
chr11:3847352-3847411	hs 11p15.4
chr11:58034472-58034413	hs 11q12.1
chr6:29693280-29693338	hs 6p22.1
chr2:114577169-114577110	hs 2q14.1
chr9:35723457-35723398	hs 9p13.3
chr20:44994828-44994769	hs 20q13.12
chr10:123237843-123237830	hs 10q26.13
chr6:147162267-147162208	hs 6q24.3
chr4:071767742-071767683	hs 4q13.3
chr11:50252675-50246896	hs 11p11.12
chr7:97920709-97920768	hs 7q21.3
chr7:99798878-99798819	hs 7q22.1
chr19:11661005-11661064	hs 19p13.2
chr9:5468310-5468369	hs 9p24.1
chr7:157178557-157178616	hs 7q36.3
chr14:105171047-105171106	hs 14q32.33
chr3:157177620-157177561	hs 3q25.32
chr22:39465900-39465959	hs 22q13.1

chrX:102632908-102632967	hs Xq22.2
chr19:40883752-40883911	hs 19q13.2
chr6:3010361-3010420	hs 6p25.2
chr16:28335082-28335141	hs 16p11.2
chr3:15090184-15090125	hs 3p25.1
chr2:170393797-170393738	hs 2q31.1
chr18:12326476-12326535	hs 18p11.21
chr17:33459260-33459201	hs 17q12
chr1:142890281-142890222	hs 1q21.1
chr15:25227156-25227215	hs 15q11.2
chr1:184567549-184588664	hs 1q25.3
chr13:57718008-57718067	hs 13q21.1
chr19:45913903-45913962	hs 19q13.32
chr12:58162716-58162657	hs 12q14.1
chr13:45007734-45007675	hs 13q14.11
chr19:10203315-10203256	hs 19p13.2
chr8:27143339-27143280	hs 8p21.2
chr3:49060618-49060677	hs 3p21.31

chr5:108671278-108671219	hs 5q21.3
chr7:107669557-107669498	hs 7q31.1
chr1:247611747-247611806	hs 1q44
chr6:136901526-136901467	hs 6q23.3
chr16:87863966-87863907	hs 16q24.2
chr7:134855846-134855905	hs 7q33
chr17:37085310-37085369	hs 17q12
chr19:1267531-1267472	hs 19p13.3
chr12:52710736-52710677	hs 12q13.13
chrX:137713947-137713888	hs Xq26.3
chr9:74969825-74969766	hs 9q21.13
chr10:123502774-123502715	hs 10q26.13
chr22:30774868-30774809	hs 22q12.2
chr16:84599397-84599338	hs 16q24.1
chr22:43593387-43593328	hs 22q13.2
chr11:017215041-017215100	hs 11p15.1
chr2:218667628-218667569	hs 2q35
chr7:2757526-2757467	hs 7p22.3
chr18:72187712-72187771	hs 18q22.3
chr1:225311254-225311313	hs 1q42.12
chr1:43316875-43316934	hs 1p34.2
chr6:170367371-170367430	hs 6q27
chrX:64295733-64295792	hs Xq11.2
chr7:139268530-139268471	hs 7q34
chr6:31655629-31655487	hs 6p21.33
chr7:081126434-081126375	hs 7q21.11
chrX:13730648-13730589	hs Xp22.2
chr19:16799430-16799489	hs 19p13.11
chr19:52095335-52095276	hs 19q13.41
chr6:41248727-41243938	hs 6p21.1
chr17:36922033-36921974	hs 17q12
chr5:140050450-140050391	hs 5q31.3
chr17:79890390-79890331	hs 17q25.3
chr12:3865803-3865744	hs 12p13.32
chr13:53217421-53217480	hs 13q14.3
chr3:186505152-186505211	hs 3q27.3
chr1:206145518-206145577	hs 1q32.1
chr19:1279163-1279222	hs 19p13.3
chr1:162762509-162762568	hs 1q23.3
chr1:29391669-29391728	hs 1p35.3
chr12:50569850-50569791	hs 12q13.12
chr5:68425352-68425411	hs 5q13.2
chr2:231555802-231555743	hs 2q37.1
chr2:10197031-10196972	hs 2p25.1

chr9:125752685-125752744	hs 9q33.2
chr11:58602251-58602192	hs 11q12.1
chr12:29485623-29486586	hs 12p11.22
chr14:65560518-65560459	hs 14q23.3
chr16:74343955-74339469	hs 16q23.1
chr3:47628282-47628223	hs 3p21.31
chr9:133771324-133771265	hs 9q34.12
chr17:72743222-72743281	hs 17q25.1
chr16:66921452-66921511	hs 16q22.1
chrY:15980985-15983548	hs Yq11.221
chr2:31991012-31990953	hs 2p23.1
chr1:44438390-44438449	hs 1p34.1
chr16:30597354-30597413	hs 16p11.2
chr10:121551626-121551685	hs 10q26.11
chr14:95873748-95873689	hs 14q32.13
chr17:27209206-27209147	hs 17q11.2
chr5:000859053-000858994	hs 5p15.33
chr1:156209772-156209831	hs 1q22
chr11:1908485-1908544	hs 11p15.5
chr19:13065323-13065264	hs 19p13.2
chr12:94694789-94697546	hs 12q22
chr16:072324429-072324370	hs 16q22.2
chr19:53059244-53059303	hs 19q13.41
chr7:27211294-27211235	hs 7p15.2
chr10:7204781-7204722	hs 10p14
chr19:37813117-37815113	hs 19q13.12
chr19:10802660-10802719	hs 19p13.2
chr1:22151636-22151695	hs 1p36.12
chr12:47270373-47270432	hs 12q13.11
chr5:17276590-17276649	hs 5p15.1
chr2:112186945-112186886	hs 2q13
chr16:002887034-002886975	hs 16p13.3
chr5:66297521-66297462	hs 5q12.3
chr19:47181758-47181699	hs 19q13.32
chr3:93619752-93619693	hs 3q11.1
chr5:3419368-3419427	hs 5p15.33
chr3:64004350-64004291	hs 3p14.1
chr3:166643432-166641818	hs 3q26.1
chr9:132266126-132266185	hs 9q34.11
chr2:112268508-112268567	hs 2q13
chr1:144863361-144863302	hs 1q21.1
chr1:10521342-10521283	hs 1p36.22
chr11:47238539-47238598	hs 11p11.2
chr11:33001700-33001759	hs 11p13

chr12:121868234-121868175	hs 12q24.31
chr1:247163255-247162725	hs 1q44
chrX:102139884-102139943	hs Xq22.1
chr2:188207915-188207856	hs 2q32.1
chr17:39679977-39679918	hs 17q21.2
chr4:39287306-39287365	hs 4p14
chr12:053126329-053126388	hs 12q13.13
chr19:013005577-013005636	hs 19p13.2
chr9:128071501-128071560	hs 9q33.3
chr3:196673315-196673256	hs 3q29
chr4:26861496-26861437	hs 4p15.2
chr15:90066824-90064942	hs 15q26.1
chr10:116755281-116756276	hs 10q25.3
chr12:55252026-55252085	hs 12q13.2
chr10:54211136-54211077	hs 10q21.1
chr22:46001331-46001272	hs 22q13.31
chr6:83920855-83920796	hs 6q14.2
chr13:27829604-27829663	hs 13q12.2
chr15:89417771-89417830	hs 15q26.1
chr6:31745412-31745353	hs 6p21.33
chr2:78182103-78182044	hs 2p12
chr6:6714071-6714130	hs 6p25.1
chr9:42368466-42368525	hs 9p12
chr11:043488922-043488981	hs 11p12
chr2:95814209-95814150	hs 2q11.1
chr9:139264280-139264221	hs 9q34.3
chr1:161140844-161140903	hs 1q23.3
chr2:179213970-179214029	hs 2q31.2
chr17:36478912-36478971	hs 17q12
chr1:226259602-226259661	hs 1q42.12
chr1:200996573-200996632	hs 1q32.1
chr1:169562903-169562844	hs 1q24.2
chr16:29001732-29001791	hs 16p11.2
chr1:154520382-154520441	hs 1q21.3
chr11:122743164-122743223	hs 11q24.1
chr7:100781555-100781614	hs 7q22.1
chr17:15138596-15138537	hs 17p12
chr18:48087024-48087083	hs 18q21.1
chr3:90263108-90263049	hs 3p11.1
chr22:28377786-28377727	hs 22q12.1
chr16:85711713-85711654	hs 16q24.1
chr2:97871812-97871870	hs 2q11.2
chr8:120743869-120743810	hs 8q24.12
chr8:21894337-21894396	hs 8p21.3

chr11:9302564-9302505	hs 11p15.4
chr2:175435956-175435897	hs 2q31.1
chrX:48783309-48783250	hs Xp11.23
chr2:41383784-41383843	hs 2p22.1
chr2:70142526-70143302	hs 2p13.3
chr4:5016781-5016722	hs 4p16.2
chr19:8326605-8326664	hs 19p13.2
chr1:6694234-6694205	hs 1p36.31
chr12:56811004-56810945	hs 12q13.3
chr10:112660189-112660130	hs 10q25.2
chr15:25383063-25383122	hs 15q11.2
chr19:35341608-35340430	hs 19q13.11
chr6:24536869-24536928	hs 6p22.3
chr12:124421269-124421210	hs 12q24.31
chr1:65451128-65450881	hs 1p31.3
chr1:143897200-143897141	hs 1q21.1
chr7:100072006-100071947	hs 7q22.1
chr1:33789459-33789400	hs 1p35.1
chr15:25365416-25365475	hs 15q11.2
chr20:36500365-36500424	hs 20q11.23
chr3:192463008-192463067	hs 3q29
chr2:200710883-200710824	hs 2q33.1
chr19:36436025-36436084	hs 19q13.12
chr15:48622601-48622542	hs 15q21.1
chr19:48956953-48957012	hs 19q13.33
chr8:16979882-16979941	hs 8p22
chr14:105362926-105362985	hs 14q32.33
chr3:36949890-36949831	hs 3p22.2
chr2:27741712-27741771	hs 2p23.3
chr6:153044993-153045052	hs 6q25.2
chr9:133995766-133995825	hs 9q34.12
chr11:124984692-124984751	hs 11q24.2
chr20:10036284-10036343	hs 20p12.2
chr1:28218364-28218305	hs 1p35.3
chr1:150703572-150703513	hs 1q21.3
chr5:148443849-148443908	hs 5q32
chr10:78644826-78644767	hs 10q22.3
chr3:5298226-5298167	hs 3p26.1
chr20:3856711-3856770	hs 20p13
chr10:50227281-50227222	hs 10q11.23
chr11:128681968-128682027	hs 11q24.3
chr4:15720549-15720608	hs 4p15.32
chr11:073632669-073632610	hs 11q13.4
chr1:11733440-11733701	hs 1p36.22

chr10:101472371-101472312	hs 10q24.2
chr19:50637071-50637012	hs 19q13.33
chr1:11128107-11126789	hs 1p36.22
chr15:40866570-40866629	hs 15q15.1
chr3:197030307-197030366	hs 3q29
chr1:6585834-6585775	hs 1p36.31
chr16:70571942-70572001	hs 16q22.1
chr1:28816307-28816366	hs 1p35.3
chr13:21276863-21276804	hs 13q12.11
chr17:2593491-2593432	hs 17p13.3
chr2:233127959-233128018	hs 2q37.1
chr4:89443107-89443048	hs 4q22.1
chr6:161536231-161536290	hs 6q26
chr8:082720524-082720585	hs 8q21.13
chr1:100728922-100728863	hs 1p21.2
chr21:40765178-40768822	hs 21q22.2
chr19:13265586-13265645	hs 19p13.2
chr2:241066227-241066168	hs 2q37.3
chr21:28602980-28603039	hs 21q21.3
chr1:114356520-114356461	hs 1p13.2
chr1:44396560-44396619	hs 1p34.1
chr5:57791789-57791848	hs 5q11.2
chr7:139487166-139487225	hs 7q34
chr6:029975243-029975302	hs 6p22.1
chrX:150343798-150343739	hs Xq28
chr18:9318734-9318675	hs 18p11.22
chr9:136535727-136531955	hs 9q34.2
chr1:117686657-117686598	hs 1p13.1
chr20:25429111-25429170	hs 20p11.21
chr6:5043050-5043109	hs 6p25.1
chr3:45123898-45123839	hs 3p21.31
chr6:32862695-32862754	hs 6p21.32
chr17:74132655-74132596	hs 17q25.1
chr14:103804201-103804260	hs 14q32.32
chr14:102695348-102695289	hs 14q32.31
chrX:130877216-130877157	hs Xq26.2
chr21:38471329-38471388	hs 21q22.13
chr13:019271755-019271814	hs 13q11
chr16:28726632-28726691	hs 16p11.2
chrX:51079455-51079514	hs Xp11.22
chr1:110260419-110260478	hs 1p13.3
chr2:159433489-159433548	hs 2q24.1
chr3:115571342-115561379	hs 3q13.31
chr10:85978950-85979009	hs 10q23.1

chr17:37826574-37826633	hs 17q12
chr2:166731329-166731270	hs 2q24.3
chr2:239174221-239174162	hs 2q37.3
chr22:20114529-20114588	hs 22q11.21
chr20:5975064-5975123	hs 20p12.3
chr6:34248174-34248115	hs 6p21.31
chr15:78574350-78574409	hs 15q25.1
chr9:15453352-15453411	hs 9p22.3
chr4:171194916-171194975	hs 4q33
chr14:74752793-74752734	hs 14q24.3
chr17:5085678-5085619	hs 17p13.2
chr17:79432934-79432993	hs 17q25.3
chr17:10532942-10531966	hs 17p13.1
chr15:33026075-33026134	hs 15q13.3
chr5:137492783-137492724	hs 5q31.2
chr1:149824626-149824685	hs 1q21.2
chr11:91584528-91589155	hs 11q14.3
chr19:49601960-49604704	hs 19q13.33
chr7:2274904-2274845	hs 7p22.3
chr2:220403427-220403486	hs 2q35
chr6:167365982-167362061	hs 6q27
chr2:69552569-69552510	hs 2p13.3
chr11:65180932-65180991	hs 11q13.1
chr12:14650947-14651006	hs 12p13.1
chr7:152552373-152552432	hs 7q36.1
chr1:89472608-89472549	hs 1p22.2
chr3:49159203-49159144	hs 3p21.31
chr18:32920195-32919882	hs 18q12.2
chr10:99330900-99330959	hs 10q24.2
chr3:138374340-138374281	hs 3q22.3
chr10:52065619-52065560	hs 10q11.23
chr1:2487585-2487526	hs 1p36.32
chr2:106213610-106213551	hs 2q12.2
chr22:38480966-38480907	hs 22q13.1
chr1:226819646-226819587	hs 1q42.12
chr17:16852130-16852071	hs 17p11.2
chr11:67132122-67132063	hs 11q13.2
chr5:76030669-76030728	hs 5q13.3
chr20:30253383-30253324	hs 20q11.21
chr5:32227906-32227847	hs 5p13.3
chr12:22214343-22215230	hs 12p12.1
chr11:65233969-65234028	hs 11q13.1
chr4:99393471-99393412	hs 4q23
chr11:112162365-112162424	hs 11q23.1

chr2:145269032-145268973	hs 2q22.3
chr14:103576830-103576889	hs 14q32.32
chr4:6884726-6884785	hs 4p16.1
chr3:43760031-43760090	hs 3p21.33
chr5:140264219-140264278	hs 5q31.3
chr3:167508208-167508267	hs 3q26.1
chr6:26022181-26022240	hs 6p22.2
chr7:76264226-76264286	hs 7q11.23
chr2:74907746-74907805	hs 2p13.1
chr17:46679195-46679254	hs 17q21.32
chr1:233105679-233105738	hs 1q42.2
chr5:118730231-118730290	hs 5q23.1
chrX:153063256-153063571	hs Xq28
chr11:77926747-77926688	hs 11q14.1
chr20:44471388-44471447	hs 20q13.12
chr1:181024482-181024541	hs 1q25.3
chr4:123651746-123651687	hs 4q27
chr19:1609391-1609332	hs 19p13.3
chr14:71195186-71195127	hs 14q24.2
chr11:63313827-63313886	hs 11q12.3
chr19:50001004-50001063	hs 19q13.33
chr2:86400863-86400804	hs 2p11.2
chr2:171521262-171521203	hs 2q31.1
chr21:34131469-34131410	hs 21q22.11
chr3:15483644-15483703	hs 3p25.1
chr11:14299525-14299466	hs 11p15.2
chr4:069480401-069480342	hs 4q13.2
chr10:105206820-105206761	hs 10q24.33
chr18:11854358-11854417	hs 18p11.21
chr17:25967739-25967798	hs 17q11.2
chr2:20076506-20076565	hs 2p24.1
chr19:37754265-37754324	hs 19q13.12
chr6:32862744-32862803	hs 6p21.32
chr11:533812-533600	hs 11p15.5
chr19:3778522-3778377	hs 19p13.3
chr17:12908366-12908307	hs 17p12
chr16:29708670-29708729	hs 16p11.2
chr3:52015151-52015210	hs 3p21.2
chr18:21715452-21715511	hs 18q11.2
chr11:12281558-12281617	hs 11p15.3
chr22:37334388-37334447	hs 22q12.3
chr9:140115164-140115105	hs 9q34.3
chr11:206013-205954	hs 11p15.5
chr12:16516907-16516966	hs 12p12.3

chr22:19754788-19754847	hs 22q11.21
chr11:59569425-59569484	hs 11q12.1
chr9:19123462-19123403	hs 9p22.1
chr7:135613478-135613419	hs 7q33
chr8:99042755-99042814	hs 8q22.2
chr10:48186605-48186664	hs 10q11.22
chr2:55197718-55197777	hs 2p16.1
chr9:70475060-70473457	hs 9q21.11
chr17:27047575-27047634	hs 17q11.2
chr20:51304634-51304693	hs 20q13.2
chr3:36810317-36810258	hs 3p22.2
chr6:35541987-35541928	hs 6p21.31
chr12:2933848-2933907	hs 12p13.33
chr10:73466744-73466803	hs 10q22.1
chr1:197479387-197479328	hs 1q31.3
chr17:18638903-18638962	hs 17p11.2
chrX:18189154-18189095	hs Xp22.13
chr13:41130768-41130709	hs 13q14.11
chr10:88912251-88912310	hs 10q23.2
chr5:179034600-179034659	hs 5q35.3
chr1:90062798-90062857	hs 1p22.2
chr11:59865756-59865815	hs 11q12.1
chr1:226253364-226253423	hs 1q42.12
chr11:35839086-35839145	hs 11p13
chr1:85109841-85109782	hs 1p22.3
chr10:45471769-45471710	hs 10q11.21
chr10:89156392-89156333	hs 10q23.2
chr3:127390371-127390430	hs 3q21.3
chr17:27187807-27187866	hs 17q11.2
chr3:113085121-113085062	hs 3q13.2
chr11:2909425-2909366	hs 11p15.4
chr6:42751842-42751901	hs 6p21.1
chrX:3744087-3744028	hs Xp22.33
chr12:102071128-102071894	hs 12q23.2
chr1:180854901-180854960	hs 1q25.3
chr11:94892196-94892255	hs 11q21
chr19:40222060-40222001	hs 19q13.2
chr1:160724402-160724461	hs 1q23.3
chr4:177604882-177604823	hs 4q34.3
chr7:151164130-151164189	hs 7q36.1
chr7:38305037-38304978	hs 7p14.1
chr1:247200908-247200849	hs 1q44
chr1:226172967-226172908	hs 1q42.12
chrX:111003779-111003838	hs Xq23

chr5:148639682-148639741	hs 5q32
chr11:18726088-18726147	hs 11p15.1
chr22:25023862-25023921	hs 22q11.23
chrX:73041907-73041966	hs Xq13.2
chr7:29188214-29188273	hs 7p14.3
chr11:20143014-20143073	hs 11p15.1
chr1:44774039-44750578	hs 1p34.1
chr22:46725391-46725450	hs 22q13.31
chr1:212619293-212619352	hs 1q32.3
chr16:50136324-50138886	hs 16q12.1
chr13:36822803-36822744	hs 13q13.3
chr1:185532449-185590104	hs 1q25.3
chr2:242913548-242913607	hs 2q37.3
chr21:44257001-44256942	hs 21q22.3
chr14:95112982-95113041	hs 14q32.13
chr2:39222352-39222293	hs 2p22.1
chr2:44547688-44547747	hs 2p21
chr12:77377946-77377887	hs 12q21.2
chr7:100460331-100460390	hs 7q22.1
chr2:96051766-96051825	hs 2q11.1
chr5:178311237-178311296	hs 5q35.3
chr6:27776386-27776445	hs 6p22.1
chr7:72417943-72418002	hs 7q11.23
chr15:82638094-82637648	hs 15q25.2
chr2:95753031-95752972	hs 2q11.1
chr20:37357828-37357887	hs 20q11.23
chr10:51027148-51027089	hs 10q11.23
chr2:97541686-97541627	hs 2q11.2
chr12:108106141-108106200	hs 12q23.3
chr22:25916634-25916693	hs 22q12.1
chr8:129108781-129108840	hs 8q24.21
chr1:22162129-22162070	hs 1p36.12
chr15:70135248-70135306	hs 15q23
chr2:178148344-178148285	hs 2q31.2
chr4:129131868-129131927	hs 4q28.2
chr5:68882120-68882179	hs 5q13.2
chr8:60987226-60987285	hs 8q12.1
chr2:217084790-217084849	hs 2q35
chr11:64139354-64139413	hs 11q13.1
chr9:133580140-133580199	hs 9q34.12
chr20:34054886-34055176	hs 20q11.22
chr9:130575924-130575983	hs 9q34.11
chr16:29681212-29681271	hs 16p11.2
chr1:44410105-44410046	hs 1p34.1

chr10:27302014-27301955	hs 10p12.1
chr3:130203339-130203398	hs 3q22.1
chr22:35813789-35813848	hs 22q12.3
chr2:65129780-65129721	hs 2p14
chr15:32887417-32887476	hs 15q13.3
chr13:51522141-51522200	hs 13q14.3
chr17:7163187-7163246	hs 17p13.1
chr6:33374428-33374621	hs 6p21.32
chr16:57506193-57506134	hs 16q21
chr5:179041542-179041483	hs 5q35.3
chr9:123912863-123912922	hs 9q33.2
chr13:38636308-38635554	hs 13q13.3
chr1:177679406-177679465	hs 1q25.2
chr6:43193428-43193369	hs 6p21.1
chr11:89935104-89935045	hs 11q14.3
chr8:144391634-144391575	hs 8q24.3
chr1:38034489-38033937	hs 1p34.3
chr19:051921370-051921429	hs 19q13.41
chr21:15335073-15323443	hs 21q11.2
chr3:36905873-36905814	hs 3p22.2
chr5:125882063-125880700	hs 5q23.2
chr17:62223458-62223517	hs 17q23.3
chr11:93466691-93466632	hs 11q21
chr12:56143449-56143508	hs 12q13.2
chr1:6520696-6520755	hs 1p36.31
chr7:134870624-134870565	hs 7q33
chr18:674224-674165	hs 18p11.32
chr19:51108271-51108330	hs 19q13.33
chr11:27677072-27677013	hs 11p14.1
chrUn_gl000217:000032644-000032585	
chr19:38741996-38741937	hs 19q13.2
chr1:31842266-31840317	hs 1p35.2
chr6:13807217-13807158	hs 6p23
chr11:89028744-89028803	hs 11q14.3
chr1:161488022-161488081	hs 1q23.3
chr6:3154964-3154905	hs 6p25.2
chr9:131572622-131572681	hs 9q34.11
chr3:42826599-42826540	hs 3p22.1
chr19:038184322-038184263	hs 19q13.12
chr19:1881265-1880087	hs 19p13.3
chr3:64440446-64440505	hs 3p14.1
chrX:49029760-49029819	hs Xp11.23
chr8:37718295-37718236	hs 8p11.23
chr19:7747537-7747596	hs 19p13.2

chr6:66044931-66044872	hs 6q12
chrX:70322689-70322748	hs Xq13.1
chr2:157182315-157182256	hs 2q24.1
chr12:89406959-89406900	hs 12q21.33
chr11:119859436-119859377	hs 11q23.3
chr19:57646226-57646167	hs 19q13.43
chr6:119499347-119499288	hs 6q22.31
chr20:3855719-3855778	hs 20p13
chr11:10800906-10800965	hs 11p15.3
chr1:160535340-160535281	hs 1q23.3
chr9:35105138-35105079	hs 9p13.3
chr1:39469807-39469866	hs 1p34.3
chr4:37612341-37612282	hs 4p14
chr12:47630220-47630279	hs 12q13.11
chr2:38908456-38908515	hs 2p22.1
chr2:8997233-8997174	hs 2p25.1
chr19:38782859-38782918	hs 19q13.2
chr22:35790122-35790181	hs 22q12.3
chr9:103339673-103339732	hs 9q31.1
chr7:43602391-43602450	hs 7p13
chr16:28548880-28548821	hs 16p11.2
chr6:80780063-80780122	hs 6q14.1
chr4:44704437-44704378	hs 4p12
chr8:133572804-133572745	hs 8q24.22
chr5:141368097-141368156	hs 5q31.3
chr14:72985185-72985244	hs 14q24.2
chrY:59275559-59275618	hs Yq12
chr17:34340165-34340106	hs 17q12
chr14:31761197-31761138	hs 14q12
chr17:73772926-73772867	hs 17q25.1
chr20:32580464-32580405	hs 20q11.22
chr15:39546941-39547000	hs 15q14
chr2:74785624-74785565	hs 2p13.1
chr14:94400660-94400601	hs 14q32.12
chr6:108985954-108986013	hs 6q21
chr10:103361033-103361092	hs 10q24.32
chr7:73819943-73820002	hs 7q11.23
chr7:158523966-158523907	hs 7q36.3
chr7:140156142-140156083	hs 7q34
chr2:110682244-110682303	hs 2q13
chr16:58021921-58021980	hs 16q21
chr1:155895831-155895772	hs 1q22
chr1:79870141-79870200	hs 1p31.1
chr6:143748303-143748244	hs 6q24.2

chr2:897279-896111	hs 2p25.3
chr12:118587819-118587760	hs 12q24.23
chrY:158260-158319	hs Yp11.32
chr19:39980532-39980591	hs 19q13.2
chr15:25342843-25342902	hs 15q11.2
chr8:11700092-11700033	hs 8p23.1
chrX:153044726-153044785	hs Xq28
chrY:14803979-14804038	hs Yq11.21
chr6:88109402-88109459	hs 6q15
chr1:180238885-180238826	hs 1q25.2
chr15:082927851-082927792	hs 15q25.2
chr19:51675776-51675835	hs 19q13.41
chr20:48780201-48780142	hs 20q13.13
chr1:78353507-78353448	hs 1p31.1
chr3:44777459-44777518	hs 3p21.31
chr14:104346608-104346667	hs 14q32.33
chr1:198676021-198676080	hs 1q31.3
chr22:29090031-29085156	hs 22q12.1
chr1:41475866-41475925	hs 1p34.2
chr15:85186449-85186390	hs 15q25.2
chr11:57508264-57508323	hs 11q12.1
chr1:96719691-96719632	hs 1p21.3
chr9:115246889-115246830	hs 9q32
chr17:79507457-79507398	hs 17q25.3
chr1:26227291-26227232	hs 1p36.11
chr3:47910775-47910716	hs 3p21.31
chr6:161455421-161455480	hs 6q26
chr6:53658142-53658083	hs 6p12.1
chr15:63559302-63559361	hs 15q22.2
chr7:102392189-102392248	hs 7q22.1
chr6:43494483-43494424	hs 6p21.1
chr14:92529192-92529133	hs 14q32.12
chr18:60647180-60647239	hs 18q21.33
chrUn_gl000223:46911-46852	
chr7:79848271-79848330	hs 7q21.11
chr22:19160283-19160342	hs 22q11.21
chr19:1506006-1505947	hs 19p13.3
chr2:85132798-85133141	hs 2p11.2
chr7:148994188-148994247	hs 7q36.1
chrX:63405059-63405000	hs Xq11.2
chr20:50768744-50768685	hs 20q13.2
chr16:1560392-1560451	hs 16p13.3
chr17:17700977-17701036	hs 17p11.2
chr11:103349837-103349896	hs 11q22.3

chr2:60586413-60586354	hs 2p16.1
chr1:012280908-012280849	hs 1p36.22
chr17:2226955-2226896	hs 17p13.3
chr4:77079975-77079916	hs 4q21.1
chr1:109743462-109743521	hs 1p13.3
chr5:176930812-176930753	hs 5q35.3
chr20:1289612-1289671	hs 20p13
chr9:081651996-081651936	hs 9q21.31
chr11:055648566-055648625	hs 11q11
chr1:110042969-110043028	hs 1p13.3
chr17:37083486-37083545	hs 17q12
chr5:139227327-139227268	hs 5q31.2
chr14:38064520-38064461	hs 14q21.1
chr2:8822642-8823030	hs 2p25.1
chr9:21206450-21206391	hs 9p21.3
chr16:30387764-30387823	hs 16p11.2
chr1:156107471-156107530	hs 1q22
chr9:108153508-108153567	hs 9q31.1
chr10:38343382-38343440	hs 10p11.1
chr15:34673393-34673334	hs 15q14
chr1:36528139-36528080	hs 1p34.3
chr11:1012176-1012235	hs 11p15.5
chr2:132227347-132227288	hs 2q21.1
chr4:99800634-99800575	hs 4q23
chr12:117476821-117476762	hs 12q24.22
chr18:075239380-075239439	hs 18q23
chrX:102170133-102170192	hs Xq22.1
chr17:3827607-3827548	hs 17p13.2
chr12:2967381-2967322	hs 12p13.33
chr6:22110999-22111058	hs 6p22.3
chr16:84360556-84362981	hs 16q24.1
chr3:48502140-48505144	hs 3p21.31
chr19:7929802-7929861	hs 19p13.2
chrX:118894043-118894102	hs Xq24
chr6:83878702-83878643	hs 6q14.1
chr1:2281912-2281853	hs 1p36.33
chr8:121534934-121535571	hs 8q24.12
chr1:49201921-49193667	hs 1p33
chr1:210849341-210849400	hs 1q32.2
chr10:135125327-135126332	hs 10q26.3
chr16:15165017-15164092	hs 16p13.11
chr1:151511070-151511129	hs 1q21.3
chr1:109466754-109466813	hs 1p13.3
chr12:48176815-48176756	hs 12q13.11

chr4:164441001-164441060	hs 4q32.2
chr15:22868945-22869952	hs 15q11.2
chr6:43273423-43273364	hs 6p21.1
chr17:41370687-41370746	hs 17q21.31
chr19:48259801-48259860	hs 19q13.33
chr2:172964421-172964362	hs 2q31.1
chr10:123721025-123720966	hs 10q26.13
chr13:024457546-024457487	hs 13q12.12
chr17:11880966-11880907	hs 17p12
chr1:8441038-8440979	hs 1p36.23
chr9:42669671-42669730	hs 9p12
chr8:144806611-144806552	hs 8q24.3
chr17:79084117-79084176	hs 17q25.3
chr19:6210517-6210458	hs 19p13.3
chr1:45279137-45279334	hs 1p34.1
chr10:101996919-101996860	hs 10q24.31
chr4:110670715-110670656	hs 4q25
chr10:54048737-54050026	hs 10q21.1
chr9:77681733-77681674	hs 9q21.13
chr1:47333521-47333462	hs 1p33
chr18:32912748-32912689	hs 18q12.2
chr3:158384375-158384316	hs 3q25.32
chr2:46811768-46811827	hs 2p21
chr2:54307372-54307431	hs 2p16.2
chr9:82341057-82341116	hs 9q21.31
chr4:110635616-110635557	hs 4q25
chr6:36283598-36283539	hs 6p21.31
chr6:74404084-74404025	hs 6q13
chr6:116758440-116758499	hs 6q22.1
chr11:65360607-65360548	hs 11q13.1
chr8:129108768-129108827	hs 8q24.21
chr11:554830-554889	hs 11p15.5
chr22:46640007-46639948	hs 22q13.31
chr7:77299317-77299376	hs 7q11.23
chrY:15816004-15816063	hs Yq11.221
chr12:7362698-7362757	hs 12p13.31
chr9:106903624-106903683	hs 9q31.1
chr20:54945179-54945120	hs 20q13.2
chr6:37059415-37059474	hs 6p21.2
chr12:6666630-6666571	hs 12p13.31
chr9:131199564-131199623	hs 9q34.11
chr17:16344553-16344612	hs 17p11.2
chr1:25166518-25167308	hs 1p36.11
chr11:77034194-77034135	hs 11q13.5

chr9:86451820-86451761	hs 9q21.32
chr12:51365371-51365312	hs 12q13.12
chr3:129115974-129115915	hs 3q21.3
chr1:19630652-19630593	hs 1p36.13
chr10:114192034-114190643	hs 10q25.2
chr15:66840775-66840716	hs 15q22.31
chr7:30202311-30202370	hs 7p14.3
chr6:109090732-109091016	hs 6q21
chr11:770374-770315	hs 11p15.5
chr17:62855653-62855594	hs 17q24.1
chr10:93404-93345	hs 10p15.3
chrX:154019318-154019259	hs Xq28
chr16:89715894-89715835	hs 16q24.3
chr11:2985060-2985001	hs 11p15.4
chr12:121868139-121868080	hs 12q24.31
chr5:60241158-60368959	hs 5q12.1
chr4:57389956-57390015	hs 4q12
chr1:28176844-28176903	hs 1p35.3
chr6:133090609-133090550	hs 6q23.2
chr2:152694239-152694180	hs 2q23.3
chr4:147363949-147363890	hs 4q31.22
chr2:234681607-234681665	hs 2q37.1
chr2:224620198-224620139	hs 2q36.1
chr6:37606891-37606832	hs 6p21.2
chr17:7480217-7480276	hs 17p13.1
chr10:102142863-102142922	hs 10q24.31
chr1:1170309-1170368	hs 1p36.33
chr18:14225703-14225762	hs 18p11.21
chr7:16746044-16746103	hs 7p21.1
chr9:140086128-140086069	hs 9q34.3
chr2:7217894-7217835	hs 2p25.1
chr4:37962342-37962401	hs 4p14
chr12:53434050-53434110	hs 12q13.13
chr5:36170472-36170531	hs 5p13.2
chr22:17097864-17097923	hs 22q11.1
chr1:26612015-26611956	hs 1p36.11
chr2:10178661-10178720	hs 2p25.1
chr5:87581609-87581668	hs 5q14.3
chr3:135866561-135866620	hs 3q22.3
chr8:144688011-144687952	hs 8q24.3
chr2:190340013-190340072	hs 2q32.2
chr6:133002860-133002801	hs 6q23.2
chr12:49050490-49050431	hs 12q13.11
chr2:172187129-172187070	hs 2q31.1

chr22:27072342-27072401	hs 22q12.1
chr7:29685597-29685538	hs 7p14.3
chr1:171765987-171766046	hs 1q24.3
chr6:90036406-90036347	hs 6q15
chr20:62044411-62044352	hs 20q13.33
chr3:147450166-147450107	hs 3q24
chr10:86133480-86133539	hs 10q23.1
chr12:6058242-6058183	hs 12p13.31
chr3:113367573-113367514	hs 3q13.2
chr4:174849779-174850418	hs 4q34.1
chr9:2653897-2653956	hs 9p24.2
chr10:28339990-28339931	hs 10p12.1
chr1_gl000192_random:000113355-000113296	
chr8:1955034-1955093	hs 8p23.3
chr11:71808801-71808742	hs 11q13.4
chrX:49022908-49022967	hs Xp11.23
chr1:4037004-4037063	hs 1p36.32
chrX:15863562-15863503	hs Xp22.2
chr7:155684885-155684944	hs 7q36.3
chr3:53899592-53899651	hs 3p21.1
chr9:135866653-135866712	hs 9q34.13
chr17:78227156-78227215	hs 17q25.3
chr1:17393823-17393764	hs 1p36.13
chr9:74960783-74960842	hs 9q21.13
chr13:51417384-51417325	hs 13q14.3
chr20:31436638-31436697	hs 20q11.21
chr18:9322119-9322060	hs 18p11.22
chr11:92629072-92629131	hs 11q14.3
chr2:40657389-40657330	hs 2p22.1
chr1:44456570-44456629	hs 1p34.1
chr17:5336307-5336248	hs 17p13.2
chr12:62902156-62902215	hs 12q14.1
chr4:90166242-90166183	hs 4q22.1
chr1:149859244-149859185	hs 1q21.2
chr6:31508951-31508892	hs 6p21.33
chr19:4431965-4432024	hs 19p13.3
chr19:36357917-36357976	hs 19q13.12
chr4:156657703-156657762	hs 4q32.1
chr13:73650979-73651038	hs 13q22.1
chr12:123347447-123347506	hs 12q24.31
chr4:184653475-184653416	hs 4q35.1
chr3:128060330-128060389	hs 3q21.3
chr2:111954531-111954472	hs 2q13
chr10:101572755-101572696	hs 10q24.2

chr22:24921819-24921878	hs 22q11.23
chr7:144149252-144149193	hs 7q35
chr9:6421082-6421141	hs 9p24.1
chr19:55998511-55998570	hs 19q13.42
chr3:93595916-93595867	hs 3q11.1
chr4:140335114-140335055	hs 4q31.1
chr12:46777149-46781580	hs 12q13.11
chrX:123097146-123097205	hs Xq25
chr11:64012050-64011991	hs 11q13.1
chr16:4850504-4849729	hs 16p13.3
chr14:69448206-69448265	hs 14q24.1
chr10:28971551-28971610	hs 10p12.1
chr10:50723568-50723509	hs 10q11.23
chr12:32896876-32896935	hs 12p11.21
chr2:7590322-7590381	hs 2p25.1
chr13:99947433-99947374	hs 13q32.3
chr15:25310210-25310269	hs 15q11.2
chr19:55086794-55086853	hs 19q13.42
chr11:58861128-58861465	hs 11q12.1
chr7:155758582-155758641	hs 7q36.3
chr17:73269133-73269074	hs 17q25.1
chr1:46083827-46083886	hs 1p34.1
chr11:17403103-17403162	hs 11p15.1
chr9:706971-706912	hs 9p24.3
chr2:60687608-60687549	hs 2p16.1
chr12:68688887-68688828	hs 12q15
chr11:62201142-62201083	hs 11q12.3
chr11:89554119-89554178	hs 11q14.3
chr16:31201099-31201403	hs 16p11.2
chrX:133693788-133693847	hs Xq26.3
chr6:39303239-39303180	hs 6p21.2
chr1:229567168-229567109	hs 1q42.13
chr19:42507588-42507529	hs 19q13.2
chr4:129796106-129796165	hs 4q28.2
chr6:118887116-118887057	hs 6q22.31
chr7:72855977-72855918	hs 7q11.23
chr2:147606877-147607878	hs 2q22.3
chr9:124094771-124094830	hs 9q33.2
chr6:036330885-036330826	hs 6p21.31
chr14:77249212-77249271	hs 14q24.3
chr19:51914383-51914324	hs 19q13.41
chr12:127215860-127215317	hs 12q24.32
chrX:154610889-154610948	hs Xq28
chr1:247108987-247108928	hs 1q44

chr15:72432664-72432723	hs 15q23
chr10:37551428-37553477	hs 10p11.21
chr21:30244575-30244516	hs 21q21.3
chr2:86247401-86247342	hs 2p11.2
chr13:21727794-21727735	hs 13q12.11
chr17:37571339-37571280	hs 17q12
chr1:45241540-45241599	hs 1p34.1
chr4:1581895-1576009	hs 4p16.3
chr13:32869511-32869570	hs 13q13.1
chr5:148381027-148380968	hs 5q32
chr7:7278507-7278566	hs 7p22.1
chr2:59290657-59290716	hs 2p16.1
chr5:111066427-111066368	hs 5q22.1
chr2:085101956-085102015	hs 2p11.2
chr17:40765022-40765081	hs 17q21.2
chrX:23693494-23693553	hs Xp22.11
chr22:39440368-39440427	hs 22q13.1
chr5:131819501-131819442	hs 5q31.1
chr1:113454562-113454503	hs 1p13.2
chr1:211923228-211923169	hs 1q32.3
chr12:8543558-8543499	hs 12p13.31
chr2:170501995-170501936	hs 2q31.1
chr12:64202507-64202566	hs 12q14.2
chr3:46479489-46477720	hs 3p21.31
chr20:60705602-60705661	hs 20q13.33
chr18:12075012-12075071	hs 18p11.21
chr12:120123690-120123631	hs 12q24.23
chr15:48633737-48634231	hs 15q21.1
chr2:132227819-132227760	hs 2q21.1
chr18:36787669-36787610	hs 18q12.2
chr12:111086854-111086913	hs 12q24.11
chr4:071874983-071875042	hs 4q13.3
chr5:134689302-134689243	hs 5q31.1
chr4:186066313-186066372	hs 4q35.1
chr19:45166078-45166137	hs 19q13.31
chr11:64012080-64012021	hs 11q13.1
chr4:20754428-20754487	hs 4p15.31
chr19:1378272-1378331	hs 19p13.3
chr4:1949509-1949568	hs 4p16.3
chr1:33478807-33478748	hs 1p35.1
chr3:48637517-48637106	hs 3p21.31
chr11:27387978-27387919	hs 11p14.1
chr6:27115246-27115305	hs 6p22.1
chr15:90827697-90827638	hs 15q26.1

chr22:43014929-43014870	hs 22q13.2
chr14:93305973-93306032	hs 14q32.12
chr14:59971064-59971123	hs 14q23.1
chr5:178392988-178393047	hs 5q35.3
chr16:31051321-31051380	hs 16p11.2
chr7:72304461-72304520	hs 7q11.23
chr7:77586179-77586238	hs 7q21.11
chr21:43892680-43892621	hs 21q22.3
chr3:18948263-18959166	hs 3p24.3
chr13:44974511-44974452	hs 13q14.11
chr16:89294911-89294970	hs 16q24.3
chr4:80826901-80826842	hs 4q21.21
chr17:8371379-8371438	hs 17p13.1
chr9:131492128-131492069	hs 9q34.11
chrX:8138605-8138354	hs Xp22.31
chrX:10437535-10437476	hs Xp22.2
chr22:19709366-19709425	hs 22q11.21
chr2:110725938-110725997	hs 2q13
chr4:15688026-15688085	hs 4p15.32
chr2:85628394-85628335	hs 2p11.2
chr17:8044326-8044267	hs 17p13.1
chr7:80302711-80303343	hs 7q21.11
chr7:107217921-107217980	hs 7q22.3
chr16:032822588-032822529	hs 16p11.2
chr7:128300724-128300783	hs 7q32.1
chr19:8367394-8367335	hs 19p13.2
chr1:11083454-11083513	hs 1p36.22
chr6:10429980-10429921	hs 6p24.3
chr16:23400358-23400299	hs 16p12.2
chr6:28057187-28057246	hs 6p22.1
chr21:47742758-47742699	hs 21q22.3
chr2:7569516-7569575	hs 2p25.1
chr12:978138-978197	hs 12p13.33
chr19:36728855-36728914	hs 19q13.12
chr4:24809873-24809814	hs 4p15.2
chr17:46783472-46783531	hs 17q21.32
chr1:234460130-234460189	hs 1q42.2
chr6:31797870-31797929	hs 6p21.33
chrX:103360079-103360138	hs Xq22.2
chr19:36564326-36564385	hs 19q13.12
chrX:130883415-130883356	hs Xq26.2
chr1:173833108-173833049	hs 1q25.1
chr9:33733032-33732973	hs 9p13.3
chr19:50177097-50177156	hs 19q13.33

chr6:036705076-036705135	hs 6p21.2
chr19:50643528-50643469	hs 19q13.33
chr12:94671645-94671586	hs 12q22
chr17:44720564-44720623	hs 17q21.31
chr7:29105730-29105671	hs 7p14.3
chr18:73000738-73000797	hs 18q22.3
chr9:68767217-68767276	hs 9q21.11
chr15:40512828-40512887	hs 15q15.1
chr16:58582463-58582404	hs 16q21
chr17:26935213-26935154	hs 17q11.2
chr15:41276537-41276478	hs 15q15.1
chr19:10332293-10332234	hs 19p13.2
chr8:110543423-110543482	hs 8q23.2
chr4:167309915-167309856	hs 4q32.3
chr10:16635447-16635388	hs 10p13
chr12:21689385-21689326	hs 12p12.1
chr2:110376464-110376523	hs 2q13
chr2:54610272-54610331	hs 2p16.2
chr20:7958502-7958443	hs 20p12.3
chr7:38269757-38269816	hs 7p14.1
chr15:80253252-80253220	hs 15q25.1
chr6:108532968-108532909	hs 6q21
chr3:156424310-156424369	hs 3q25.31
chr5:1884704-1884763	hs 5p15.33
chr16:66648837-66648778	hs 16q21
chr17:080533168-080533109	hs 17q25.3
chr16:30681444-30681503	hs 16p11.2
chr17:77899142-77899201	hs 17q25.3
chr17:76128930-76129524	hs 17q25.3
chr18:52895486-52895237	hs 18q21.2
chr6:27799148-27799089	hs 6p22.1
chr11:128838460-128838401	hs 11q24.3
chr9:4706046-4706105	hs 9p24.1
chr9:103213052-103213110	hs 9q31.1
chr11:094646541-094646482	hs 11q21
chr12:112591305-112591364	hs 12q24.13
chr7:30053880-30053821	hs 7p14.3
chr17:57187821-57187762	hs 17q22
chrX:053152865-053152924	hs Xp11.22
chr17:46153462-46153403	hs 17q21.32
chr11:58894801-58894860	hs 11q12.1
chr12:94763789-94763730	hs 12q22
chr15:82335037-82334978	hs 15q25.2
chr19:44980178-44980119	hs 19q13.31

chr2:190670420-190670479	hs 2q32.2
chr10:104498374-104498433	hs 10q24.32
chr22:50962237-50962178	hs 22q13.33
chr6:107365527-107372310	hs 6q21
chr18:10671274-10671215	hs 18p11.22
chrX:154612797-154612856	hs Xq28
chr7:65225098-65225157	hs 7q11.21
chr20:34635261-34635202	hs 20q11.23
chr8:72965431-72965490	hs 8q13.3
chr2:62451231-62451290	hs 2p15
chrX:135293033-135293092	hs Xq26.3
chr3:159755784-159755843	hs 3q25.33
chr2:111954669-111954610	hs 2q13
chr7:73536663-73536722	hs 7q11.23
chr17:6920231-6920290	hs 17p13.1
chr1:145116390-145116449	hs 1q21.1
chr12:57924362-57924303	hs 12q13.3
chr19:41269546-41270937	hs 19q13.2
chr1:150479514-150479573	hs 1q21.3
chr6:27730694-27730753	hs 6p22.1
chr8:21939976-21940035	hs 8p21.3
chr21:47865390-47865449	hs 21q22.3
chr14:89076112-89077201	hs 14q31.3
chr14:75748214-75748273	hs 14q24.3
chr1:232310773-232310714	hs 1q42.2
chr16:24557545-24560286	hs 16p12.1
chr9:36124319-36124378	hs 9p13.3
chr6:35058849-35058908	hs 6p21.31
chr1:109639239-109639298	hs 1p13.3
chr7:50512991-50512932	hs 7p12.1
chr10:92749981-92750040	hs 10q23.31
chr19:38229314-38229255	hs 19q13.12
chr4:26861487-26861428	hs 4p15.2
chr1:159276034-159277595	hs 1q23.2
chr19:17342753-17342694	hs 19p13.11
chr8:144686701-144686642	hs 8q24.3
chr22:21307965-21307906	hs 22q11.21
chr17:7191649-7191590	hs 17p13.1
chr15:43235340-43235281	hs 15q15.2
chr14:50122470-50122411	hs 14q21.3
chr13:75131154-75131213	hs 13q22.1
chr6:26285556-26285497	hs 6p22.2
chr4:106744140-106744199	hs 4q24
chr7:69061192-69061133	hs 7q11.22

chr12:116988322-116988381	hs 12q24.22
chrX:101768766-101768707	hs Xq22.1
chr1:38677861-38677802	hs 1p34.3
chr13:43683245-43683304	hs 13q14.11
chr9:134184578-134184637	hs 9q34.13
chrX:153197847-153197788	hs Xq28
chr6:109784046-109783987	hs 6q21
chr10:50190940-50190999	hs 10q11.23
chr11:8637153-8637094	hs 11p15.4
chr6:27107225-27107284	hs 6p22.1
chr10:13735772-13735713	hs 10p13
chr17:2371115-2371056	hs 17p13.3
chr19:53997399-53997458	hs 19q13.42
chr3:185764606-185764547	hs 3q27.2
chr2:107450557-107449116	hs 2q12.2
chr17:41952786-41952727	hs 17q21.31
chr6:133138234-133138175	hs 6q23.2
chr15:82519862-82519803	hs 15q25.2
chr19:46890632-46890691	hs 19q13.32
chr1:153520057-153519998	hs 1q21.3
chr2:109960662-109960603	hs 2q12.3
chr9:90652849-90652790	hs 9q22.1
chr19:45263191-45263250	hs 19q13.32
chr4:38798072-38798013	hs 4p14
chr6:29912493-29912552	hs 6p22.1
chr12:49330310-49330251	hs 12q13.12
chr21:16133861-16133802	hs 21q11.2
chr4:23236310-23236251	hs 4p15.2
chr16:20869555-20869496	hs 16p12.3
chr1:154989305-154989364	hs 1q21.3
chr10:25145902-25145843	hs 10p12.1
chr6:74228782-74228723	hs 6q13
chr15:48434932-48434873	hs 15q21.1
chr17:40465982-40465923	hs 17q21.2
chr9:127120692-127120751	hs 9q33.3
chr11:94821623-94821564	hs 11q21
chr15:25265821-25265880	hs 15q11.2
chr12:93959469-93959410	hs 12q22
chr4:140625256-140625315	hs 4q31.1
chr8:146015752-146015301	hs 8q24.3
chrX:136059137-136059078	hs Xq26.3
chr4:156643328-156651224	hs 4q32.1
chr2:114647172-114632834	hs 2q14.1
chr19:42905725-42905666	hs 19q13.2

chr12:11508484-11508425	hs 12p13.2
chr17:40024027-40023968	hs 17q21.2
chr12:54675934-54675993	hs 12q13.13
chr1:109643171-109643230	hs 1p13.3
chr21:45550593-45550652	hs 21q22.3
chr9:139297207-139297148	hs 9q34.3
chr1:6165202-6165143	hs 1p36.31
chr19:13991510-13991569	hs 19p13.13
chr8:28911564-28911623	hs 8p12
chr14:73959976-73960035	hs 14q24.3
chr16:87363104-87363045	hs 16q24.2
chr19:21685910-21685969	hs 19p12
chrX:14038346-14038287	hs Xp22.2
chr1:63176233-63176292	hs 1p31.3
chr2:11721329-11721388	hs 2p25.1
chr13:40326225-40326284	hs 13q14.11
chr1:11334057-11334116	hs 1p36.22
chr2:198351440-198351381	hs 2q33.1
chr7:055714250-055714309	hs 7p11.2
chr6:32485465-32485406	hs 6p21.32
chr2:112101640-111982735	hs 2q13
chr3:195437351-195437410	hs 3q29
chr6:27841008-27840949	hs 6p22.1
chr16:69201013-69201072	hs 16q22.1
chr20:55953452-55953511	hs 20q13.31
chr21:047053112-047053053	hs 21q22.3
chr1:169694929-169694870	hs 1q24.2
chr19:10753067-10753126	hs 19p13.2
chr19:35447841-35447782	hs 19q13.11
chr1:117035719-117035660	hs 1p13.1
chr7:102088213-102088272	hs 7q22.1
chrX:17151970-17152029	hs Xp22.13
chr15:28927526-28927585	hs 15q13.1
chr1:219259916-219259857	hs 1q41
chr12:7926592-7926651	hs 12p13.31
chr10:135076051-135075992	hs 10q26.3
chr14:21672450-21672509	hs 14q11.2
chr3:167633680-167639772	hs 3q26.2
chr11:8715180-8715121	hs 11p15.4
chr19:7593764-7593823	hs 19p13.2
chr17:38438199-38438258	hs 17q21.2
chr12:31257193-31257252	hs 12p11.21
chr9:132269075-132269134	hs 9q34.11
chrX:73049007-73049066	hs Xq13.2

chr1:196716550-196716609	hs 1q31.3
chr17:33462341-33462282	hs 17q12
chr1:15976237-15976296	hs 1p36.21
chr2:242032388-242032447	hs 2q37.3
chr18:226901-226842	hs 18p11.32
chr11:2334885-2334944	hs 11p15.5
chr18:65179037-65178978	hs 18q22.1
chr3:48711855-48711796	hs 3p21.31
chr1:247739043-247739102	hs 1q44
chr1:86195414-86195355	hs 1p22.3
chr9:123363867-123363808	hs 9q33.2
chr7:73096929-73096870	hs 7q11.23
chrX:70519825-70519884	hs Xq13.1
chr6:31765235-31765176	hs 6p21.33
chr2:219001875-219001934	hs 2q35
chr1:116233919-116233978	hs 1p13.1
chr16:15781297-15781356	hs 16p13.11
chr19:45574154-45574213	hs 19q13.32
chr22:42354887-42354946	hs 22q13.2
chr10:22543548-22543607	hs 10p12.31
chr10:75674614-75674673	hs 10q22.2
chr4:88036391-88036450	hs 4q22.1
chr12:105151518-105151577	hs 12q23.3
chr10:72640764-72640823	hs 10q22.1
chr3:37095273-37095214	hs 3p22.2
chr19:47845212-47845271	hs 19q13.32
chr22:20379803-20379859	hs 22q11.21
chr15:23003325-23003384	hs 15q11.2
chr6:107017763-107017822	hs 6q21
chr11:092670777-092670836	hs 11q14.3
chr15:25264188-25264247	hs 15q11.2
chr11:18108553-18108494	hs 11p15.1
chr11:118406474-118406533	hs 11q23.3
chr1:55207100-55207159	hs 1p32.3
chr10:103541278-103541219	hs 10q24.32
chr1:27269453-27269512	hs 1p36.11
chr20:32264048-32263989	hs 20q11.22
chr14:26860598-26860539	hs 14q12
chr11:118064748-118064689	hs 11q23.3
chr2:127453654-127453713	hs 2q14.3
chr2:20883887-20883828	hs 2p24.1
chr4:157555915-157545959	hs 4q32.1
chr10:131584749-131584808	hs 10q26.3
chr15:40954822-40954881	hs 15q15.1

chr11:59947371-59947312	hs 11q12.2
chrX:92926556-92926497	hs Xq21.32
chr1:187412804-187439207	hs 1q31.1
chr6:110429790-110429731	hs 6q21
chr6:133095440-133095381	hs 6q23.2
chr17:61510687-61510628	hs 17q23.3
chr4:109097321-109097380	hs 4q25
chr7:1036981-1036922	hs 7p22.3
chr9:123920261-123920317	hs 9q33.2
chr10:23875110-23875169	hs 10p12.2
chr9:139820997-139821056	hs 9q34.3
chr9:119462472-119462531	hs 9q33.1
chr19:20117991-20117932	hs 19p12
chr19:56989620-57005565	hs 19q13.43
chr16:29979401-29979460	hs 16p11.2
chr5:44745199-44745140	hs 5p12
chr3:37860557-37860616	hs 3p22.2
chr1:015931599-015931658	hs 1p36.21
chr2:219688436-219688377	hs 2q35
chr6:42858090-42858031	hs 6p21.1
chr16:2570094-2570153	hs 16p13.3
chr15:43696688-43696747	hs 15q15.3
chr14:60069955-60069808	hs 14q23.1
chr8:41355117-41355176	hs 8p11.21
chr2:113891531-113891590	hs 2q13
chr21:047488450-047488509	hs 21q22.3
chr12:133198203-133198262	hs 12q24.33
chr1:55474262-55474321	hs 1p32.3
chr9:18718018-18717971	hs 9p22.1
chr10:120900750-120900691	hs 10q26.11
chr14:35016024-35016083	hs 14q13.1
chr9:106896796-106896855	hs 9q31.1
chr16:70363824-70363883	hs 16q22.1
chr19:47774918-47774977	hs 19q13.32
chr2:24246976-24247035	hs 2p23.3
chr2:168114522-168114581	hs 2q24.3
chr16:56624933-56624991	hs 16q12.2
chr7:26572979-26572920	hs 7p15.2
chr1:46686803-46686862	hs 1p34.1
chr16:4012826-4012767	hs 16p13.3
chr11:64701663-64701722	hs 11q13.1
chrX:12844957-12845016	hs Xp22.2
chr1:67885815-67885756	hs 1p31.3
chr3:98002540-98002599	hs 3q11.2

chr1:200521383-200521324	hs 1q32.1
chr16:81065030-81065089	hs 16q23.2
chr11:76508863-76508922	hs 11q13.5
chr6:49574587-49573511	hs 6p12.3
chr4:120114031-120113972	hs 4q26
chr12:177842-177901	hs 12p13.33
chr2:105720179-105720238	hs 2q12.1
chr8:146032346-146032287	hs 8q24.3
chr20:62704593-62704534	hs 20q13.33
chr1:15546776-15546835	hs 1p36.21
chr16:27461324-27461383	hs 16p12.1
chr17:21205459-21205518	hs 17p11.2
chr4:122053639-122053580	hs 4q27
chr4:89426889-89426948	hs 4q22.1
chr3:075429579-075429520	hs 3p12.3
chr10:17256478-17256419	hs 10p13
chr8:91636507-91636448	hs 8q21.3
chr12:551556-551615	hs 12p13.33
chr15:30700392-30700138	hs 15q13.2
chr12:112465702-112465643	hs 12q24.13
chr15:64449621-64449680	hs 15q22.31
chr18:44400958-44400899	hs 18q21.1
chr19:11616951-11616892	hs 19p13.2
chr1:173392534-173392475	hs 1q25.1
chr6:86386882-86386823	hs 6q14.3
chrX:150159180-150159239	hs Xq28
chr22:23243336-23243395	hs 22q11.22
chr6:133138431-133138490	hs 6q23.2
chr14:50805745-50805686	hs 14q21.3
chr1:67724706-67724765	hs 1p31.3
chr1:212860087-212860028	hs 1q32.3
chr1:161561128-161561187	hs 1q23.3
chr7:127950868-127950809	hs 7q32.1
chr15:25367338-25367397	hs 15q11.2
chr17:44626593-44626652	hs 17q21.31
chr10:081666393-081666452	hs 10q22.3
chrX:90691765-90691824	hs Xq21.31
chr2:204602450-204602509	hs 2q33.2
chr3:39184605-39184546	hs 3p22.2
chr12:7187895-7187836	hs 12p13.31
chr2:70507976-70508035	hs 2p13.3
chr3:181721565-181721624	hs 3q26.33
chr7:26534689-26534748	hs 7p15.2
chr17:662753-662694	hs 17p13.3

chr7:66459320-66459261	hs 7q11.21
chr4:122735108-122735167	hs 4q27
chr22:27703504-27703445	hs 22q12.1
chr2:120129987-120130046	hs 2q14.2
chr6:37450774-37450715	hs 6p21.2
chr10:71910538-71910479	hs 10q22.1
chr22:41228585-41226914	hs 22q13.2
chr11:56230014-56229955	hs 11q12.1
chr1:149858863-149858922	hs 1q21.2
chr19:14519947-14519888	hs 19p13.12
chr20:17943412-17943353	hs 20p11.23
chr11:118964650-118964591	hs 11q23.3
chr8:74737407-74722831	hs 8q21.11
chr21:42513493-42513434	hs 21q22.2
chr8:30623758-30623817	hs 8p12
chr16:75429079-75429020	hs 16q23.1
chr16:30995913-30995972	hs 16p11.2
chr9:133762589-133762648	hs 9q34.12
chr20:55025671-55025730	hs 20q13.31
chr6:30260334-30260275	hs 6p22.1
chr12:30501116-3050175	hs 12p13.33
chr22:41641680-41641621	hs 22q13.2
chr14:97933800-97933859	hs 14q32.2
chr18:21063036-21063095	hs 18q11.2
chr10:16555992-16555933	hs 10p13
chr16:89629585-89629644	hs 16q24.3
chr1:204086258-204086317	hs 1q32.1
chr15:25364496-25364555	hs 15q11.2
chr16:19514113-19514054	hs 16p12.3
chrX:30261621-30261680	hs Xp21.2
chr11:34909875-34905028	hs 11p13
chr2:191371678-191371619	hs 2q32.2
chr19:2321602-2321543	hs 19p13.3
chr3:42019241-42019300	hs 3p22.1
chr4:1283011-1282952	hs 4p16.3
chr17_gl000205_random:36704-36763	
chr8:145106261-145106202	hs 8q24.3
chr10:27815759-27815818	hs 10p12.1
chr6:3273134-3273075	hs 6p25.2
chr21:47581854-47581585	hs 21q22.3
chr4:77036115-77036056	hs 4q21.1
chr21:15215466-15215437	hs 21q11.2
chr15:52358055-52358114	hs 15q21.2
chr9:130892814-130892873	hs 9q34.11

chr1:221875832-221875773	hs 1q41
chr1:225284873-225284932	hs 1q42.12
chr16:20634888-20634829	hs 16p12.3
chr17:32687668-32687609	hs 17q12
chr6:155581505-155581446	hs 6q25.3
chr15:59417139-59417198	hs 15q22.2
chr12:112460260-112460319	hs 12q24.13
chr1:197053513-197053454	hs 1q31.3
chr15:092830292-092830351	hs 15q26.1
chr1:45243524-45243583	hs 1p34.1
chrX:48566887-48566946	hs Xp11.23
chr10:17363249-17363190	hs 10p12.33
chr8:38848823-38848764	hs 8p11.22
chr7:106801594-106801653	hs 7q22.3
chr16:75144300-75144359	hs 16q23.1
chr8:42711504-42711445	hs 8p11.21
chr22:41936782-41936723	hs 22q13.2
chr22:021024895-021024836	hs 22q11.21
chr16:85127639-85127698	hs 16q24.1
chr20:37049337-37049278	hs 20q11.23
chr17:39670201-39670142	hs 17q21.2
chr11:93465586-93465527	hs 11q21
chr8:104145252-104145193	hs 8q22.3
chr2:62095734-62095675	hs 2p15
chr22:51025365-51025741	hs 22q13.33
chr11:55595193-55595252	hs 11q11
chr2:74652257-74652316	hs 2p13.1
chr12:51637402-51637461	hs 12q13.13
chr3:152886164-152886223	hs 3q25.2
chr3:14530446-14530505	hs 3p25.1
chr13:110777522-110777581	hs 13q34
chr7:99208397-99208456	hs 7q22.1
chr9:112138132-112138073	hs 9q31.3
chr11:2338634-2338693	hs 11p15.5
chr14:74532317-74532376	hs 14q24.3
chr15:72118519-72118460	hs 15q23
chr13:44964502-44964561	hs 13q14.11
chr9:139619106-139619047	hs 9q34.3
chr20:464048-463989	hs 20p13
chr17:62007212-62007153	hs 17q23.3
chr11:73373788-73373847	hs 11q13.4
chr7:72081717-72081658	hs 7q11.22
chr2:20790596-20790537	hs 2p24.1
chr9:131199583-131199641	hs 9q34.11

chr14:95999751-95999692	hs 14q32.13
chr19:3209364-3209423	hs 19p13.3
chr11:116706700-116706641	hs 11q23.3
chr1:151007111-151007170	hs 1q21.3
chr2:85818953-85820097	hs 2p11.2
chr4:170834207-170838151	hs 4q33
chr22:19712183-19712242	hs 22q11.21
chr19:19619473-19619532	hs 19p13.11
chr9:132267364-132267423	hs 9q34.11
chr12:94962733-94962674	hs 12q22
chr2:68408138-68408079	hs 2p14
chr4:10069830-10069771	hs 4p16.1
chr2:104991845-104914398	hs 2q12.1
chr16:82608431-82587831	hs 16q23.3
chr16:30682047-30682106	hs 16p11.2
chr17:8671606-8671665	hs 17p13.1
chr9:92522856-92522915	hs 9q22.2
chr17:48632985-48633044	hs 17q21.33
chr11:5633867-5633926	hs 11p15.4
chr7:143550522-143550463	hs 7q35
chr22:46509748-46509807	hs 22q13.31
chr17:061714414-061714473	hs 17q23.3
chr17:3486693-3486634	hs 17p13.2
chr17:4442814-4442755	hs 17p13.2
chr1:117158745-117156782	hs 1p13.1
chr17:19959328-19959387	hs 17p11.2
chr20:2635746-2635805	hs 20p13
chr16:84151080-84151139	hs 16q23.3
chr22:29887194-29887253	hs 22q12.2
chr10:12191853-12191912	hs 10p14
chr19:41767395-41767454	hs 19q13.2
chr9:023682353-023682412	hs 9p21.3
chr3:8609688-8609747	hs 3p26.1
chr1:198869602-198869543	hs 1q32.1
chr2:98088832-98088774	hs 2q11.2
chr1:93307337-93307396	hs 1p22.1
chr6:34213595-34213654	hs 6p21.31
chr4_gl000194_random:114986-112793	
chr14:75408599-75408540	hs 14q24.3
chr3:168806898-168806839	hs 3q26.2
chr4:6823580-6823521	hs 4p16.1
chr11:15932586-15932527	hs 11p15.2
chr12:117468719-117468778	hs 12q24.22
chr1:179063261-179063320	hs 1q25.2

chr13:42439932-42439873	hs 13q14.11
chr1:166717778-166717837	hs 1q24.1
chr15:101827887-101827183	hs 15q26.3
chr12:132426120-132426179	hs 12q24.33
chr2:232672286-232672345	hs 2q37.1
chr6:79913341-79912092	hs 6q14.1
chr1:58946826-58946767	hs 1p32.2
chrX:73169509-73169568	hs Xq13.2
chr7:26439511-26439570	hs 7p15.2
chr4:79603396-79603455	hs 4q21.21
chr1:85116133-85116074	hs 1p22.3
chr19:51676658-51676717	hs 19q13.41
chr15:89198784-89198843	hs 15q26.1
chr4:25866472-25866413	hs 4p15.2
chr2:63272576-63272635	hs 2p15
chr18:077514774-077514715	hs 18q23
chr19:16199863-16199922	hs 19p13.12
chr7:116592754-116592695	hs 7q31.2
chr20:49202794-49202735	hs 20q13.13
chr19:009629504-009629563	hs 19p13.2
chr6:3269758-3269699	hs 6p25.2
chr7:142247389-142247330	hs 7q34

chr1:120141332-120141273	hs 1p12
chr1:89476648-89476589	hs 1p22.2
chr20:33864708-33864767	hs 20q11.22
chr1:164781270-164781329	hs 1q23.3
chr5:66462808-66462867	hs 5q12.3
chr12:55615700-55615759	hs 12q13.2
chr9:132266101-132266160	hs 9q34.11
chr1:024228141-024228082	hs 1p36.11
chr10:12875863-12875922	hs 10p13
chr7:116557963-116558022	hs 7q31.2
chr1:18024301-18024360	hs 1p36.13
chr22:37621511-37621452	hs 22q13.1
chrX:36033015-36033074	hs Xp21.1
chr18:32721368-32721427	hs 18q12.2
chr19:39601419-39601478	hs 19q13.2
chr8:142220970-142220911	hs 8q24.3
chr5:55265550-55265491	hs 5q11.2
chr2:98319403-98319462	hs 2q11.2
chr1:43448919-43448978	hs 1p34.2
chr11:35829049-35829108	hs 11p13
chr21:40547460-40547401	hs 21q22.2

chr1:86048953-86049012	hs 1p22.3
chr6:86387366-86387307	hs 6q14.3
chr7:149564956-149564897	hs 7q36.1
chr9:133967284-133967341	hs 9q34.12
chr13:36939665-36939724	hs 13q13.3
chr6:135285853-135285794	hs 6q23.3
chrX:132669886-132669827	hs Xq26.2
chr16:1726962-1727021	hs 16p13.3
chrX:080185910-080185969	hs Xq21.1
chr11:117283690-117283749	hs 11q23.3
chr6:010119347-010119406	hs 6p24.3
chr6:37600354-37600295	hs 6p21.2
chr20:3204248-3204307	hs 20p13
chr2:47559040-47558981	hs 2p21
chr2:174233490-174233549	hs 2q31.1
chr2:203157798-203157857	hs 2q33.1
chr2:64518631-64518690	hs 2p14
chr2:33789294-33789353	hs 2p22.3
chr6:31680458-31680399	hs 6p21.33
chr10:29747064-29747005	hs 10p11.23
chr10:105791142-105791083	hs 10q24.33
chrX:48779694-48779635	hs Xp11.23
chr7:74193443-74193502	hs 7q11.23
chr2:55200009-55199950	hs 2p16.1
chr22:27710983-27712796	hs 22q12.1
chr10:75572426-75572367	hs 10q22.2
chr15:77329455-77329514	hs 15q24.3
chr6:24843154-24843095	hs 6p22.3
chrX:48631782-48631841	hs Xp11.23
chr1:21133992-21133933	hs 1p36.12
chr4:63003480-63003539	hs 4q13.1
chr21:35195841-35195900	hs 21q22.11
chr16:85956052-85956111	hs 16q24.1
chr16:83967657-83967716	hs 16q23.3
chr7:114658631-114658690	hs 7q31.2
chr19:56207072-56207131	hs 19q13.42
chr16:29624599-29624540	hs 16p11.2
chr21:10606998-10607057	hs 21p11.2
chr2:178148424-178148365	hs 2q31.2
chr9:95146439-95146380	hs 9q22.31
chr22:22311463-22311404	hs 22q11.22
chr15:69355019-69355078	hs 15q23
chr1:9992022-9991963	hs 1p36.22
chr13:37014154-37014213	hs 13q13.3

chr7:33075943-33075884	hs 7p14.3
chr4:153068430-153068371	hs 4q31.3
chr10:31133829-31133770	hs 10p11.23
chr5:148803866-148803925	hs 5q32
chr17:5286459-5286518	hs 17p13.2
chr15:42142149-42142090	hs 15q15.1
chr9:78203383-78203442	hs 9q21.13
chr18:70501377-70501318	hs 18q22.3
chr10:95288754-95288813	hs 10q23.33
chr1:53152605-53152546	hs 1p32.3
chr2:112125115-112101807	hs 2q13
chr19:1782142-1782083	hs 19p13.3
chr15:78285654-78285595	hs 15q24.3
chr16:67757197-67757138	hs 16q22.1
chr16:698363-698422	hs 16p13.3
chr19:47113758-47113817	hs 19q13.32
chr12:1084586-1084527	hs 12p13.33
chr1:153945484-153945543	hs 1q21.3
chr19:2339905-2339964	hs 19p13.3
chr1:169365416-169365475	hs 1q24.2
chr22:37965352-37965411	hs 22q13.1
chr9:134400144-134400085	hs 9q34.13
chr20:1920284-1920343	hs 20p13
chr7:131814512-131814453	hs 7q32.3
chr10:14572391-14572332	hs 10p13
chr5:167957395-167957454	hs 5q34
chr3:9431671-9431612	hs 3p25.3
chr3:42826804-42826745	hs 3p22.1
chr5:31175482-31175423	hs 5p13.3
chr4:88198891-88199830	hs 4q22.1
chr19:42814913-42814972	hs 19q13.2
chr9:130169819-130169878	hs 9q33.3
chr19:42092835-42092894	hs 19q13.2
chr19:17160709-17160650	hs 19p13.11
chr1:109637359-109637418	hs 1p13.3
chr5:179264479-179264420	hs 5q35.3
chr12:96415985-96415926	hs 12q23.1
chr11:62327560-62327270	hs 11q12.3
chr7:26240281-26240222	hs 7p15.2
chrX:108867052-108866993	hs Xq23
chr7:30536417-30536358	hs 7p14.3
chr13:111293837-111293778	hs 13q34
chr1:143231163-143230401	hs 1q21.1
chr17:80364314-80363218	hs 17q25.3

chrX:15403117-15403058	hs Xp22.2
chr1:156639481-156639422	hs 1q23.1
chr10:18966467-18966526	hs 10p12.31
chr8:064321806-064321865	hs 8q12.3
chr8:71397805-71397864	hs 8q13.3
chr16:89301901-89301960	hs 16q24.3
chr19:21609167-21609226	hs 19p12
chr2:231852319-231852260	hs 2q37.1
chr19:41634185-41634244	hs 19q13.2
chr14:101448318-101448377	hs 14q32.31
chr12:6281651-6281710	hs 12p13.31
chr8:125324320-125324261	hs 8q24.13
chr2:175293369-175293428	hs 2q31.1
chr12:57038870-57038811	hs 12q13.3
chr15:25367496-25367555	hs 15q11.2
chr7:26706783-26706724	hs 7p15.2
chr13:99336152-99336093	hs 13q32.3
chrX:51454813-51454872	hs Xp11.22
chr6:019144246-019144305	hs 6p22.3
chr19:56103119-56103060	hs 19q13.42
chr3:14184283-14184342	hs 3p25.1
chr19:58906104-58906163	hs 19q13.43
chr10:119042996-119042937	hs 10q25.3
chr17:40463483-40463542	hs 17q21.2
chr1:156238143-156238084	hs 1q22
chr6:26426750-26428156	hs 6p22.2
chr2:70523227-70523168	hs 2p13.3
chr17:16229446-16229505	hs 17p11.2

chr12:6958498-6958315	hs 12p13.31
chr2:27873534-27873593	hs 2p23.3
chr2:96993944-96994003	hs 2q11.2
chr11:1913364-1913423	hs 11p15.5
chr14:105717302-105717361	hs 14q32.33
chr3:150346997-150347056	hs 3q25.1
chr20:61472271-61472330	hs 20q13.33
chr7:027278509-027278450	hs 7p15.2
chr22:19712238-19712297	hs 22q11.21
chr18:65174204-65174145	hs 18q22.1
chr4:119982075-119982134	hs 4q26
chr3:129696645-129696704	hs 3q22.1
chr4:54325595-54325654	hs 4q12
chr6:117853430-117853489	hs 6q22.1
chr18:52558293-52558234	hs 18q21.2

chr12:32735802-32735861	hs 12p11.21
chr4:76842261-76842202	hs 4q21.1
chr1:112031418-112031359	hs 1p13.2
chr2:188343465-188343406	hs 2q32.1
chr2:46613666-46613725	hs 2p21
chr6:132781224-132781165	hs 6q23.2
chr3:50709299-50709358	hs 3p21.2
chr10:48948257-48948198	hs 10q11.22
chr4:100790454-100790513	hs 4q23
chr7:93621059-93621000	hs 7q21.3
chr1:110279673-110279614	hs 1p13.3
chr2:70187305-70187246	hs 2p13.3
chr1:210799982-210800041	hs 1q32.2
chr17:29704560-29704619	hs 17q11.2
chr8:28910462-28910521	hs 8p12
chr15:23609518-23609577	hs 15q11.2
chr11:1687624-1687683	hs 11p15.5
chr12:50271771-50271712	hs 12q13.12
chr10:38239068-38239009	hs 10p11.1
chr1:151670954-151671013	hs 1q21.3
chr8:38021141-38021082	hs 8p11.23
chr4:154228642-154228621	hs 4q31.3
chr1:40529942-40530001	hs 1p34.2
chr1:89647795-89647736	hs 1p22.2
chr3:183960286-183960227	hs 3q27.1
chr11:94554977-94563264	hs 11q21
chr7:132068360-132068301	hs 7q32.3
chr3:151150621-151150680	hs 3q25.1
chr17:48365112-48364208	hs 17q21.33
chrX:48886554-48886495	hs Xp11.23
chr11:60163279-60163338	hs 11q12.2
chr12:53585216-53585157	hs 12q13.13
chr1:226108312-226108253	hs 1q42.12
chr1:150136398-150136457	hs 1q21.2
chr5:090598902-090598843	hs 5q14.3
chr22:24310354-24310413	hs 22q11.23
chr6:131161674-131161615	hs 6q23.1
chr8:23152365-23153526	hs 8p21.3
chr5:38793086-38793145	hs 5p13.1
chr7:56078858-56078799	hs 7p11.2
chr9:136271247-136271188	hs 9q34.2
chr19:10218744-10218803	hs 19p13.2
chr17:26523332-26523391	hs 17q11.2
chr21:035339619-035339560	hs 21q22.11

chr3:46557445-46557386	hs 3p21.31
chr18:77806254-77806313	hs 18q23
chr1:1849089-1849030	hs 1p36.33
chr15:23931114-23931055	hs 15q11.2
chr9:37780699-37780640	hs 9p13.2
chr6:158733328-158733387	hs 6q25.3
chr11:118308905-118308964	hs 11q23.3
chr15:40710974-40711033	hs 15q15.1
chr3:184064787-184064728	hs 3q27.1
chr2:70889810-70889751	hs 2p13.3
chr2:200710857-200710798	hs 2q33.1
chr13:101236219-101236160	hs 13q32.3
chr6:56480374-56480315	hs 6p12.1
chr2:105977361-105977302	hs 2q12.1
chr7:150475289-150475230	hs 7q36.1
chr5:76012549-76012608	hs 5q13.3
chr12:79990419-79990360	hs 12q21.2
chr8:103821809-103821868	hs 8q22.3
chrY:15508466-15508407	hs Yq11.221
chr1:1470625-1470566	hs 1p36.33
chr17:27871269-27871328	hs 17q11.2
chr14:50796886-50796827	hs 14q21.3
chr12:106740236-106740295	hs 12q23.3
chrX:26213134-26213193	hs Xp21.3
chr8:28625314-28625255	hs 8p21.1
chr22:24237346-24237405	hs 22q11.23
chr1:46083827-46083886	hs 1p34.1
chr12:10962289-10962230	hs 12p13.2
chr15:42860987-42861046	hs 15q15.2
chr19:4443140-4443199	hs 19p13.3
chr16:2507886-2507945	hs 16p13.3
chr16:67918296-67918355	hs 16q22.1
chr11:16809290-16809231	hs 11p15.1
chr19:16678853-16677420	hs 19p13.11
chr11:55944973-55945032	hs 11q12.1
chr3:158461167-158461226	hs 3q25.32
chr9:126763491-126763550	hs 9q33.3
chr14:103398858-103398799	hs 14q32.32
chr2:9992180-9992239	hs 2p25.1
chr3:11643391-11643332	hs 3p25.3
chrX:117577590-117577649	hs Xq24
chr22:041470381-041470322	hs 22q13.2
chr8:80831315-80831256	hs 8q21.13
chr2:197697837-197697778	hs 2q33.1

chr9:139754501-139755057	hs 9q34.3
chr17:5009470-5009411	hs 17p13.2
chrY:1455209-1455150	hs Yp11.32
chr12:15067229-15067170	hs 12p12.3
chr2:24406202-24406382	hs 2p23.3
chr20:019190110-019190051	hs 20p11.23
chrX:12908260-12908319	hs Xp22.2
chr18:3067225-3067166	hs 18p11.31
chr19:847827-847886	hs 19p13.3
chrX:107397546-107397605	hs Xq22.3
chr1_gl000191_random:41743-41684	
chr20:17597476-17597419	hs 20p12.1
chr3:75790772-75790472	hs 3p12.3
chr17:73842721-73842662	hs 17q25.1
chr21:35478440-35478499	hs 21q22.11
chr12:050273146-050273205	hs 12q13.12
chr16:3105763-3105001	hs 16p13.3
chr21:44453529-44453588	hs 21q22.3
chr7:45004545-45004061	hs 7p13
chr19:20829118-20828560	hs 19p12
chr3:133543498-133543439	hs 3q22.1
chr14:101433400-101433459	hs 14q32.31
chr8:6873570-6873511	hs 8p23.1
chr16:85135831-85133799	hs 16q24.1
chr16:70170101-70170160	hs 16q22.1
chr11:125525158-125525217	hs 11q24.2
chr1:40089900-40089841	hs 1p34.3
chr9:66536370-66525093	hs 9q13
chr7:87907978-87907919	hs 7q21.12
chr1:155157386-155157445	hs 1q22
chr6:32628010-32627951	hs 6p21.32
chr5:40825541-40825482	hs 5p13.1
chr6:29570516-29570457	hs 6p22.1
chr11:108350112-108350053	hs 11q22.3
chr3:64079998-64079939	hs 3p14.1
chr2:27322471-27322412	hs 2p23.3
chr15:85081795-85080636	hs 15q25.2
chr2:73169517-73169458	hs 2p13.2
chr6:143810712-143810771	hs 6q24.2
chr8:38120995-38120936	hs 8p11.23
chr4:140100848-140100907	hs 4q31.1
chr3:10143006-10143065	hs 3p25.3
chr6:31132237-31132178	hs 6p21.33
chr12:53701678-53701488	hs 12q13.13

chr4:15485657-15485716	hs 4p15.32
chr21:15349269-15349210	hs 21q11.2
chr11:29059303-29059362	hs 11p14.1
chr11:77882362-77882303	hs 11q14.1
chr2:178080329-178080388	hs 2q31.2
chr19:44405166-44405107	hs 19q13.31
chr12:9751174-9751115	hs 12p13.31
chr3:54958753-54958694	hs 3p14.3
chr10:23297794-23297853	hs 10p12.2
chr1:934404-934345	hs 1p36.33
chr3:138200228-138200287	hs 3q22.3
chr12:131285707-131283131	hs 12q24.33
chr7:102401771-102401830	hs 7q22.1
chrX:3746781-3746722	hs Xp22.33
chr2:65313473-65313532	hs 2p14
chr1:40981452-40981511	hs 1p34.2
chr4:169677341-169677400	hs 4q32.3
chr18:42644693-42644752	hs 18q12.3
chr4:190805920-190805979	hs 4q35.2
chr7:129069898-129069957	hs 7q32.1
chr1:43819826-43819885	hs 1p34.2
chr14:55251276-55251335	hs 14q22.2
chr12:109016450-109016391	hs 12q24.11
chr1:200939143-200939084	hs 1q32.1
chr1:119762160-119762099	hs 1p12
chr1:155162034-155161975	hs 1q22
chr11:9316885-9316826	hs 11p15.4
chr10:91144900-91144959	hs 10q23.31
chr2:238206812-238206871	hs 2q37.3
chr1:161570712-161570653	hs 1q23.3
chr1:211548188-211548247	hs 1q32.3
chr2:170605984-170606043	hs 2q31.1
chr2:232996514-232996573	hs 2q37.1
chr9:41953643-41953584	hs 9p12
chr2:201626623-201626682	hs 2q33.1
chr6:32151757-32151698	hs 6p21.32
chr3:197375438-197375379	hs 3q29
chr2:30382347-30382406	hs 2p23.1
chr1:246943678-246943619	hs 1q44
chr14:92435951-92435892	hs 14q32.12
chr2:114357165-114357106	hs 2q13
chr16:029630211-029630152	hs 16p11.2
chr21:29475558-29475617	hs 21q21.3

chr1:1140761-1139819	hs 1p36.33
chr6:49646478-49646419	hs 6p12.3
chr9:131833547-131833606	hs 9q34.11
chr9:130922757-130925772	hs 9q34.11
chr16:20935567-20935626	hs 16p12.3
chr10:97007103-97007044	hs 10q24.1
chr19:49337541-49335939	hs 19q13.33
chr21:35515227-35515286	hs 21q22.11
chr3:113348109-113348168	hs 3q13.2
chr3:49133429-49133370	hs 3p21.31
chr9:38575669-38575610	hs 9p13.1
chr2:127437803-127437862	hs 2q14.3
chr10:003166508-003166449	hs 10p15.2
chrX:135295440-135295381	hs Xq26.3
chr4:152591414-152591473	hs 4q31.3
chr13:24880407-24880466	hs 13q12.12
chr6:16148409-16148468	hs 6p22.3
chr9:132255740-132255799	hs 9q34.11
chr16:28602171-28602230	hs 16p11.2
chr6:83602508-83602449	hs 6q14.1
chr6:109315720-109315661	hs 6q21
chr19:53452784-53452725	hs 19q13.41
chr1:186957652-186957711	hs 1q31.1
chr6:52448705-52448764	hs 6p12.2
chr11:29319974-29319915	hs 11p14.1
chr3:183533854-183533795	hs 3q27.1
chr2:103068885-103068944	hs 2q12.1
chr1:148951509-148951568	hs 1q21.2
chr9:130943088-130943029	hs 9q34.11
chr17:76203143-76203202	hs 17q25.3
chr10:81784573-81784514	hs 10q22.3
chr2:110725821-110725880	hs 2q13
chr7:139138917-139138858	hs 7q34
chr12:101018594-101018653	hs 12q23.1
chr2:220579331-220579390	hs 2q35
chr5:1629480-1629421	hs 5p15.33
chr4:55569965-55570024	hs 4q12
chr2:208476430-208476371	hs 2q33.3
chr3:13693346-13692306	hs 3p25.1
chr12:109705969-109706028	hs 12q24.11
chr18:23971373-23971432	hs 18q11.2
chr16:67323234-67323293	hs 16q22.1
chr1:172100368-172100427	hs 1q24.3
chr6:1005678-998694	hs 6p25.3

chr15:81441233-81441292	hs 15q25.1
chr9:138700936-138700877	hs 9q34.3
chr7:142640666-142640607	hs 7q34
chr1:150547681-150547622	hs 1q21.3
chr17:78939983-78940042	hs 17q25.3
chr8:082192013-082191954	hs 8q21.13
chr17:34182267-34182208	hs 17q12
chr19:42275434-42275493	hs 19q13.2
chr13:101256471-101256412	hs 13q32.3
chr15:23094949-23094890	hs 15q11.2
chr19:18893076-18893135	hs 19p13.11
chr3:183208877-183208818	hs 3q27.1
chr3:186919126-186919185	hs 3q27.3
chr1:206637556-206637615	hs 1q32.1
chr10:49984892-49984951	hs 10q11.23
chrX:48761226-48761167	hs Xp11.23
chr12:11583298-11583239	hs 12p13.2
chr1:246955610-246955669	hs 1q44
chr19:48799777-48799718	hs 19q13.33
chr9:14088270-14088211	hs 9p23
chr5:169031233-169031292	hs 5q35.1
chr2:71417024-71415656	hs 2p13.3
chr2:197064113-197064054	hs 2q32.3
chr12:102542017-102542076	hs 12q23.2
chr19:12541400-12541341	hs 19p13.2
chr6:53495838-53495897	hs 6p12.1
chr20:48120507-48120448	hs 20q13.13
chr1:40306920-40306861	hs 1p34.2
chr8:48642027-48647927	hs 8q11.21
chr2:242046815-242046127	hs 2q37.3
chr4:15691863-15691922	hs 4p15.32
chr10:112877740-112877799	hs 10q25.2
chr11:10615670-10615729	hs 11p15.4
chr11:74203122-74203063	hs 11q13.4
chr5:55236787-55236728	hs 5q11.2
chr2:182402275-182402334	hs 2q31.3
chr1:880965-880906	hs 1p36.33
chr4:39478767-39478826	hs 4p14
chr17:7292997-7293056	hs 17p13.1
chr5:2960678-2960737	hs 5p15.33
chr12:113640158-113640099	hs 12q24.13
chr5:96392247-96392072	hs 5q15
chr16:58700427-58700368	hs 16q21
chr22:20133887-20133946	hs 22q11.21

chr9:70486869-70486810	hs 9q21.11
chr5:7318314-7318373	hs 5p15.31
chr17:30819891-30819832	hs 17q11.2
chr14:21860369-21860310	hs 14q11.2
chr3:49062188-49062129	hs 3p21.31
chr7:66369785-66369844	hs 7q11.21
chr17:79215007-79215067	hs 17q25.3
chr6:26056109-26056050	hs 6p22.2
chr19:40540323-40540264	hs 19q13.2
chr16:25080025-25080084	hs 16p12.1
chr19:48988597-48988538	hs 19q13.33
chr17:73230872-73231242	hs 17q25.1
chr3:129832655-129832714	hs 3q22.1
chrX:134855002-134855442	hs Xq26.3
chr19:17690322-17690381	hs 19p13.11
chr6:88075101-88075160	hs 6q15
chr3:49049479-49049538	hs 3p21.31
chr17:2319454-2319395	hs 17p13.3
chr7:135612318-135612259	hs 7q33
chr10:24918773-24918714	hs 10p12.1
chrX:153664652-153664711	hs Xq28
chr5:137804891-137804950	hs 5q31.2
chr12:6640598-6640657	hs 12p13.31
chr2:78145020-78145079	hs 2p12
chr22:39715116-39715057	hs 22q13.1
chr11:18726081-18726022	hs 11p15.1
chr9:136036914-136036855	hs 9q34.2
chr20:47712950-47713009	hs 20q13.13
chr6:10709515-10709574	hs 6p24.2
chr5:37107443-37107384	hs 5p13.2
chr9:97191472-97191531	hs 9q22.32
chrX:150348977-150349036	hs Xq28
chr12:31255894-31255953	hs 12p11.21
chr9:68727550-68727609	hs 9q21.11
chr2:158272226-158272167	hs 2q24.1
chr12:5671939-5671880	hs 12p13.31
chr15:41795900-41795841	hs 15q15.1
chr18:14218441-14218500	hs 18p11.21
chr2:113333426-113333485	hs 2q13
chr11:9774221-9774280	hs 11p15.4
chr19:46520544-46521376	hs 19q13.32
chr7:56130749-56130808	hs 7p11.2
chr17:73885133-73885074	hs 17q25.1
chr2:119254784-119254843	hs 2q14.2

chr19:36279423-36279482	hs 19q13.12
chr1:145456379-145456320	hs 1q21.1
chr6:14231775-14230390	hs 6p23
chr2:106471685-106471744	hs 2q12.2
chr9:74480188-74480129	hs 9q21.13
chr22:24376392-24376333	hs 22q11.23
chr11:094771189-094771248	hs 11q21
chr10:104594200-104594259	hs 10q24.32

chr11:77885738-77885797	hs 11q14.1
chr3:123632725-123632666	hs 3q21.1
chr2:237968136-237968077	hs 2q37.3
chr11:491325-491384	hs 11p15.5
chr1:21810710-21810769	hs 1p36.12
chrX:120070943-120070884	hs Xq24
chr2:66799326-66799385	hs 2p14
chr2:69053721-69053780	hs 2p13.3
chr5:141033208-141033149	hs 5q31.3
chr5:41307216-41307157	hs 5p13.1
chr19:55401659-55401718	hs 19q13.42
chr1:24200579-24200520	hs 1p36.11
chr10:5808548-5808489	hs 10p15.1
chr4:87735935-87735994	hs 4q21.3
chrX:12828415-12828474	hs Xp22.2
chr1:243251083-243251024	hs 1q43
chr19:12987100-12987041	hs 19p13.2
chr11:114117992-114118051	hs 11q23.2
chr9:5465546-5465605	hs 9p24.1
chr3:162967114-162967055	hs 3q26.1
chr1:27992896-27992837	hs 1p36.11
chr19:781073-781014	hs 19p13.3
chr4:105588115-105588056	hs 4q24
chr6:32010593-32010534	hs 6p21.33
chr6:153311110-153311051	hs 6q25.2
chr14:73032744-73032803	hs 14q24.2
chr2:64118483-64118542	hs 2p14
chr12:58142322-58142263	hs 12q14.1
chr2:096502763-096502704	hs 2q11.1
chr10:27224382-27223415	hs 10p12.1
chr1:11255859-11255918	hs 1p36.22
chr7:107271020-107271079	hs 7q22.3
chr3:53851509-53851450	hs 3p21.1
chr5:1159690-1159631	hs 5p15.33
chr9:139654145-139654086	hs 9q34.3

chr7:137074580-137074521	hs 7q33
chr11:69064410-69064469	hs 11q13.3
chr10:101996991-101996932	hs 10q24.31
chr4:80007360-80007416	hs 4q21.21
chr7:151832089-151832030	hs 7q36.1
chr3:52109513-52109454	hs 3p21.2
chr3:197232730-197232671	hs 3q29
chr16:2204081-2204140	hs 16p13.3
chr1:111027204-111027468	hs 1p13.3
chr1:154297730-154297789	hs 1q21.3
chr1:25656446-25656505	hs 1p36.11
chr4:79800024-79800083	hs 4q21.21
chrX:73027005-73027064	hs Xq13.2
chr7:64293564-64293623	hs 7q11.21
chr6:134846677-134846618	hs 6q23.2
chr20:2193727-2193786	hs 20p13
chr9:84545205-84545146	hs 9q21.32
chr13:33712626-33712567	hs 13q13.1
chr15:25246780-25246839	hs 15q11.2
chr6:33665507-33665448	hs 6p21.31
chr22:30688234-30688175	hs 22q12.2
chr12:123900390-123900449	hs 12q24.31
chr20:9319625-9319684	hs 20p12.2
chr2:213864595-213864536	hs 2q34
chr16:32165138-32164258	hs 16p11.2
chr2:175299107-175299048	hs 2q31.1
chr1:24171909-24171850	hs 1p36.11
chr20:5482227-5482168	hs 20p12.3
chr19:49185374-49185433	hs 19q13.33
chr19:47978420-47978400	hs 19q13.32
chr3:127399373-127399432	hs 3q21.3
chr17:21405218-21405159	hs 17p11.2
chr12:130557156-130557215	hs 12q24.33
chr1:61921914-61921973	hs 1p31.3
chr10:6816178-6816119	hs 10p14
chr20:004680654-004680595	hs 20p13
chr2:59506453-59506512	hs 2p16.1
chr12:58993993-58993934	hs 12q14.1
chr9:132265984-132266043	hs 9q34.11
chr12:109017134-109017075	hs 12q24.11
chr15:23282829-23282770	hs 15q11.2
chr1:169390697-169390638	hs 1q24.2
chr19:20236287-20236346	hs 19p12
chr13:21809268-21809327	hs 13q12.11

chr7:130630360-130630301	hs 7q32.3
chr5:107195628-107195569	hs 5q21.3
chr7:32908505-32908446	hs 7p14.3
chrX:47444666-47444725	hs Xp11.23
chr2:27309204-27309263	hs 2p23.3
chr1:156638900-156638841	hs 1q23.1
chr2:234746088-234746029	hs 2q37.1
chr2:113289845-113289904	hs 2q13
chr10:132001209-132001150	hs 10q26.3
chr10:129884088-129884147	hs 10q26.2
chr12:106646113-106646172	hs 12q23.3
chr11:58387868-58387927	hs 11q12.1
chr22:17351954-17352013	hs 22q11.1
chr22:42341380-42341321	hs 22q13.2
chr5:134063223-134063282	hs 5q31.1
chrX:37591291-37591350	hs Xp21.1

chr14:92246677-92246618	hs 14q32.12
chr2:219620077-219620136	hs 2q35
chr6:44059949-44059890	hs 6p21.1
chr20:46283630-46283689	hs 20q13.12
chr13:20006687-20006628	hs 13q12.11
chr22:25593279-25593338	hs 22q11.23
chr6:99823868-99819457	hs 6q16.2
chr6:36041853-36043663	hs 6p21.31
chr4:159589571-159589512	hs 4q32.1
chrX:000382683-000382742	hs Xp22.33
chr10:72643511-72643452	hs 10q22.1
chr19:45856574-45856515	hs 19q13.32
chr15:40986845-40986786	hs 15q15.1
chr6:151942097-151942156	hs 6q25.1
chr4:74703368-74703427	hs 4q13.3
chr11:107779285-107779344	hs 11q22.3
chr17:7481746-7481805	hs 17p13.1
chr7:65226732-65226791	hs 7q11.21
chr1:113245313-113245254	hs 1p13.2
chr5:68339337-68339278	hs 5q13.1
chr12:10311657-10311598	hs 12p13.2
chr3:51434248-51434307	hs 3p21.2
chr17:12895771-12895712	hs 17p12
chr11:86522062-86522121	hs 11q14.2
chr2:73836752-73836811	hs 2p13.1
chr3:13546074-13546133	hs 3p25.1
chr3:99897343-99897402	hs 3q12.1

chr7:2577572-2577513	hs 7p22.3
chr1:40961535-40961594	hs 1p34.2
chr12:75807386-75807445	hs 12q21.2
chr19:36913717-36913776	hs 19q13.12
chr1:226259067-226259126	hs 1q42.12
chr18:9887992-9888051	hs 18p11.22
chr8:070042275-070042336	hs 8q13.2
chr6:32813269-32813210	hs 6p21.32
chr11:36601124-36601183	hs 11p12
chr1:161334471-161334530	hs 1q23.3
chr15:034875886-034875827	hs 15q14
chrX:54841064-54841123	hs Xp11.21
chr6:167347487-167347428	hs 6q27
chr17:76482125-76482066	hs 17q25.3
chr2:234380636-234380695	hs 2q37.1
chr7:2473611-2473670	hs 7p22.3
chr15:59149158-59149217	hs 15q22.1
chr13:76178950-76179910	hs 13q22.2
chrX:21995328-21996110	hs Xp22.11
chr9:140114760-140114701	hs 9q34.3
chr14:24408397-24408338	hs 14q11.2
chr2:64819947-64820006	hs 2p14
chr7:47315278-47315219	hs 7p12.3
chr9:99254198-99254139	hs 9q22.32
chr1:154129942-154129883	hs 1q21.3
chr1:249104894-249104835	hs 1q44
chr9:125702516-125702575	hs 9q33.2
chr2:219919220-219919161	hs 2q35
chr22:42998859-42998800	hs 22q13.2
chr15:89442763-89442704	hs 15q26.1
chr7:76254917-76254858	hs 7q11.23
chr8:72616683-72616742	hs 8q13.3
chr13:35075056-35075454	hs 13q13.2
chr17:65689234-65689293	hs 17q24.2
chr14:93358184-93359622	hs 14q32.12
chr20:13982999-14032575	hs 20p12.1
chr5:157166422-157166481	hs 5q33.3
chr13:114531609-114531550	hs 13q34
chr3:108351859-108351918	hs 3q13.13
chr16:70562923-70562982	hs 16q22.1
chr2:110841931-110841872	hs 2q13
chr6:8097685-8097627	hs 6p24.3
chr19:54083408-54083467	hs 19q13.42
chrX:77381418-77381359	hs Xq21.1

chr14:101422373-101422432	hs 14q32.31
chr12:132515831-132515890	hs 12q24.33
chr15:23437935-23438849	hs 15q11.2
chr5:70945998-70948542	hs 5q13.2
chr3:183165617-183165676	hs 3q27.1
chr7:090134902-090134961	hs 7q21.13
chr22:38611984-38612043	hs 22q13.1
chr2:75160070-75160129	hs 2p12
chr1:151375501-151375442	hs 1q21.3
chr7:158827315-158826980	hs 7q36.3
chr1:12092047-12092106	hs 1p36.22
chr19:36812902-36812208	hs 19q13.12
chr3:101578904-101578963	hs 3q12.3
chr11:10818627-10818593	hs 11p15.3
chr2:207945627-207945568	hs 2q33.3
chr12:8543553-8543494	hs 12p13.31
chr13:31711568-31711509	hs 13q12.3
chr14:077352783-077352724	hs 14q24.3
chr10:30728298-30728357	hs 10p11.23
chrX:65241745-65241686	hs Xq12
chrY:15360641-15360582	hs Yq11.221
chr10:1086678-1086619	hs 10p15.3
chr6:69339910-69339851	hs 6q12
chr3:42824462-42824403	hs 3p22.1
chr7:92729841-92729782	hs 7q21.2
chr22:40425521-40425580	hs 22q13.1
chr22:51210086-51210027	hs 22q13.33
chr20:36431407-36468519	hs 20q11.23
chr11:32623862-32623921	hs 11p13
chr20:019193130-019193071	hs 20p11.23
chr4:1976428-1976487	hs 4p16.3
chr3:38048466-38048525	hs 3p22.2
chr17:29070139-29070198	hs 17q11.2
chr1:147635620-147635679	hs 1q21.2
chr20:48645660-48645601	hs 20q13.13
chr17:1203584-1203643	hs 17p13.3
chr20:43135555-43135496	hs 20q13.12
chr12:96660926-96660985	hs 12q23.1
chr12:111088033-111087974	hs 12q24.11
chr1:109649379-109649320	hs 1p13.3
chr2:219259681-219259740	hs 2q35
chr12:4469058-4469117	hs 12p13.32
chr2:27845367-27845426	hs 2p23.3
chr21:15304669-15304586	hs 21q11.2

chr9:3651843-3651902	hs 9p24.2
chr2:220428135-220427396	hs 2q35
chr2:23958444-23958385	hs 2p24.1
chr9:97122119-97122178	hs 9q22.32
chr11:71576749-71576690	hs 11q13.4
chr5:137782577-137782636	hs 5q31.2
chr3:87203546-87205997	hs 3p11.2
chr12:66725393-66731807	hs 12q14.3
chr12:44187922-44187863	hs 12q12
chr6:7881395-7881454	hs 6p24.3
chr3:148614465-148614524	hs 3q24
chr6:74229627-74229686	hs 6q13
chr17:60558529-60585789	hs 17q23.2
chr10:20568719-20568778	hs 10p12.31
chr1:12073420-12073479	hs 1p36.22
chr7:152343990-152343931	hs 7q36.1
chr17:47300802-47300743	hs 17q21.32
chr19:50410195-50410136	hs 19q13.33
chr9:35104254-35104195	hs 9p13.3
chr19:56672202-56672261	hs 19q13.43
chr7:50366178-50366237	hs 7p12.2
chr6:43274040-43273981	hs 6p21.1
chr7:43916099-43916040	hs 7p13
chr20:57601087-57601028	hs 20q13.32
chr4:99992455-99992396	hs 4q23
chr1:156764473-156764532	hs 1q23.1
chr1:67996047-67997833	hs 1p31.3
chr10:49942018-49942077	hs 10q11.23
chr6:80195326-80195267	hs 6q14.1
chr14:77809623-77809564	hs 14q24.3
chr5:137672717-137672776	hs 5q31.2
chr18:10488470-10488529	hs 18p11.22
chr9:037905553-037905612	hs 9p13.2
chr12:70352267-70352326	hs 12q15
chr1:169200002-169138780	hs 1q24.2
chr11:67412555-67412321	hs 11q13.2
chr4:144482143-144482202	hs 4q31.21
chr2:170493828-170493887	hs 2q31.1
chr12:49048224-49048165	hs 12q13.11
chr17:79893301-79893242	hs 17q25.3
chr21:46945810-46945751	hs 21q22.3
chr1:226259454-226259395	hs 1q42.12
chr20:39833327-39833268	hs 20q12
chr19:15770754-15770813	hs 19p13.12

chr20:2636023-2636082	hs 20p13
chr16:589802-589861	hs 16p13.3
chr12:121343059-121343118	hs 12q24.31
chr19:022791181-022791240	hs 19p12
chr19:24102819-24102878	hs 19p12
chr10:134261306-134261365	hs 10q26.3
chr22:22906241-22906300	hs 22q11.22
chr21:37416159-37416100	hs 21q22.12
chr10:135169313-135169254	hs 10q26.3
chr3:78088020-78087961	hs 3p12.3
chr1:38423731-38423677	hs 1p34.3
chr4:141787036-141786977	hs 4q31.21
chr5:150274493-150274434	hs 5q33.1
chr20:585004-584945	hs 20p13
chr3:35683413-35683472	hs 3p22.3
chr20:43248250-43248191	hs 20q13.12
chr5:43065679-43065620	hs 5p12
chr5:81569349-81569290	hs 5q14.2
chr10:97366196-97366137	hs 10q24.1
chr3:150619041-150618982	hs 3q25.1
chr15:091256303-091256244	hs 15q26.1
chr18:43703284-43704800	hs 18q21.1
chr17:41196481-41196422	hs 17q21.31
chr17:42809611-42809670	hs 17q21.31
chr3:184086244-184086303	hs 3q27.1
chr2:065283129-065283070	hs 2p14
chr1:9908447-9908388	hs 1p36.22
chr19:3599878-3595904	hs 19p13.3
chrX:27193900-27193841	hs Xp21.3
chr1:7909705-7907889	hs 1p36.23
chr2:64565264-64565205	hs 2p14
chr15:52192385-52192444	hs 15q21.2
chr8:42260875-42260934	hs 8p11.21
chr11:67795665-67795724	hs 11q13.2
chr2:157442855-157442914	hs 2q24.1
chr12:47629913-47629972	hs 12q13.11
chr19:47222954-47222895	hs 19q13.32
chr11:117695459-117695400	hs 11q23.3
chr11:44105056-44105115	hs 11p11.2
chr11:134020792-134020851	hs 11q25
chr1:98509003-98508944	hs 1p21.3
chr19:40947203-40947144	hs 19q13.2
chr12:27118788-27118847	hs 12p11.23
chr1:154442176-154442117	hs 1q21.3

chr4:27969404-27969345	hs 4p15.1
chr17:41290923-41291875	hs 17q21.31
chr18:77663306-77663247	hs 18q23
chr2:114764605-114764664	hs 2q14.1
chr1:117146396-117146337	hs 1p13.1
chr6:107144133-107144192	hs 6q21
chr16:87336506-87336447	hs 16q24.2
chr17:028895897-028895838	hs 17q11.2
chr17:76170252-76170193	hs 17q25.3
chr10:081564267-081564208	hs 10q22.3
chr11:319914-319855	hs 11p15.5
chr15:52484703-52484644	hs 15q21.2
chr2:108881735-108881794	hs 2q12.3
chr13:103260264-103260323	hs 13q33.1
chr1:52255062-52255003	hs 1p32.3
chr9:134365882-134365941	hs 9q34.13
chr1:151336906-151336847	hs 1q21.3
chr13:25171688-25171747	hs 13q12.12
chr7:154399-154458	hs 7p22.3
chr17:7330813-7330872	hs 17p13.1
chr4:113527199-113527140	hs 4q25
chr15:25367496-25367555	hs 15q11.2
chr1:152800026-152800085	hs 1q21.3
chr4:80497542-80497601	hs 4q21.21
chr5:27485707-27485766	hs 5p14.1
chr1:247058043-247057984	hs 1q44
chr20:3734216-3734158	hs 20p13
chr2:24448460-24448401	hs 2p23.3
chr2:206854214-206854155	hs 2q33.3
chr14:102968719-102968778	hs 14q32.31
chr22:37271750-37271809	hs 22q12.3
chrY:13309590-13309531	hs Yq11.1
chr19:13186372-13186431	hs 19p13.2
chr8:7866174-7866233	hs 8p23.1
chr8:144363045-144362986	hs 8q24.3
chr22:25906596-25906655	hs 22q12.1
chr8:25365256-25365315	hs 8p21.2
chr21:34897171-34897112	hs 21q22.11
chr5:140203700-140203759	hs 5q31.3
chr16:56463585-56463526	hs 16q12.2
chr7:43684877-43680217	hs 7p13
chr1:11722002-11722061	hs 1p36.22
chr12:8543550-8543101	hs 12p13.31
chr18:2610798-2610857	hs 18p11.32

chr13:62578364-62578305	hs 13q21.31
chr5:76003795-76003854	hs 5q13.3
chr3:52468201-52468142	hs 3p21.1
chr3:47050011-47050070	hs 3p21.31
chr5:176910887-176910692	hs 5q35.3
chr3:119308728-119308787	hs 3q13.33
chr21:15858344-15858285	hs 21q11.2
chr6:154480871-154480812	hs 6q25.2
chr6:25087101-25087042	hs 6p22.3
chr9:131071685-131071626	hs 9q34.11
chr1:163325144-163325203	hs 1q23.3
chr7:150130856-150130915	hs 7q36.1
chr7:73246907-73246966	hs 7q11.23
chr22:24314533-24314592	hs 22q11.23
chr22:32211912-32211971	hs 22q12.3
chr22:29655165-29655224	hs 22q12.2
chr15:77338573-77338514	hs 15q24.3
chr2:75186472-75186531	hs 2p12
chr4:8288450-8288509	hs 4p16.1
chr22:44582989-44583048	hs 22q13.31
chr1:28836041-28836100	hs 1p35.3
chr3:9802404-9802345	hs 3p25.3
chr7:100172312-100172253	hs 7q22.1
chr10:81526056-81505786	hs 10q22.3
chr6:28347778-28347719	hs 6p22.1
chr17:19223552-19223611	hs 17p11.2
chr4:76489487-76489546	hs 4q21.1
chr15:23188417-23188358	hs 15q11.2
chr17:43665719-43665660	hs 17q21.31
chr16:74907915-74907856	hs 16q23.1
chr5:111497889-111497948	hs 5q22.1
chr17:16455202-16455143	hs 17p11.2
chr17:57937754-57937695	hs 17q23.1
chr3:183911585-183911644	hs 3q27.1
chr9:33111524-33111465	hs 9p21.1
chr14:65009538-65009597	hs 14q23.3
chr1:91991047-91991106	hs 1p22.2
chr9:44109382-44109323	hs 9p11.2
chr1:54683876-54683935	hs 1p32.3
chr18:8831943-8832002	hs 18p11.22
chr6:151328182-151328241	hs 6q25.1
chr19:32923635-32923694	hs 19q13.11
chr1:226453937-226453300	hs 1q42.12
chr2:74443455-74443396	hs 2p13.1

chr21:47671312-47671371	hs 21q22.3
chr22:50943761-50943702	hs 22q13.33
chr17:14208047-14208106	hs 17p12
chr14:62262703-62262762	hs 14q23.2
chr1:852305-852246	hs 1p36.33
chr18:47015801-47015742	hs 18q21.1
chr21:40346414-40346355	hs 21q22.2
chr1:78414385-78414326	hs 1p31.1
chr10:135126205-135126264	hs 10q26.3
chr22:28374426-28374367	hs 22q12.1
chr1:145309945-145310004	hs 1q21.1
chrX:22010809-22012467	hs Xp22.11
chr18:47919899-47919958	hs 18q21.1
chr19:13008607-13008666	hs 19p13.2
chr12:57057117-57057109	hs 12q13.3
chr6:133137957-133138016	hs 6q23.2
chr10:6627603-6627662	hs 10p14
chr5:80169024-80169083	hs 5q14.1
chr2:191827822-191827881	hs 2q32.2
chr8:57871074-57871015	hs 8q12.1
chr10:118423491-118423432	hs 10q25.3
chr2:159672401-159672460	hs 2q24.1
chr17:70642270-70642211	hs 17q24.3
chr1:25170053-25170112	hs 1p36.11
chr14:90925173-90925232	hs 14q32.11
chr11:28354711-28354770	hs 11p14.1
chr12:53001417-53001358	hs 12q13.13
chrX:148584661-148584602	hs Xq28
chr6:32136254-32136195	hs 6p21.32
chr5:74675230-74675171	hs 5q13.3
chr14:88039919-88039860	hs 14q31.3
chr12:123350139-123350080	hs 12q24.31
chr16:47733400-47733459	hs 16q12.1
chr22:50695576-50695517	hs 22q13.33
chr12:123414131-123414072	hs 12q24.31
chrX:54952056-54952115	hs Xp11.21
chr6:101315882-101315823	hs 6q16.3
chr13:31710855-31710796	hs 13q12.3
chr3:75673786-75673770	hs 3p12.3
chrX:153792864-153792923	hs Xq28
chr12:121205342-121205283	hs 12q24.31
chr6:11351275-11351216	hs 6p24.2
chr10:007455380-007455439	hs 10p14
chr1:93299130-93299189	hs 1p22.1

chr2:220037390-220037331	hs 2q35
chr16:27352462-27352521	hs 16p12.1
chr1:85647224-85647165	hs 1p22.3
chr3:49572194-49572253	hs 3p21.31
chr10:35105237-35105296	hs 10p11.21
chr15:42645781-42645840	hs 15q15.1
chr12:3918795-3918736	hs 12p13.32
chr11:65194123-65194182	hs 11q13.1
chr15:34396111-34396170	hs 15q14
chr1:26110835-26110894	hs 1p36.11
chrX:102585937-102586332	hs Xq22.1
chr13:99230938-99230997	hs 13q32.2
chr11:64813563-64813504	hs 11q13.1
chr17:75090876-75090935	hs 17q25.2
chr5:157214382-157214323	hs 5q33.3
chr1:227178114-227178055	hs 1q42.13
chr8:29194441-29194382	hs 8p12
chr16:31151730-31151671	hs 16p11.2
chr2:178148443-178148384	hs 2q31.2
chr16:68334665-68334724	hs 16q22.1
chr20:35380814-35380755	hs 20q11.23
chr3:182733114-182733055	hs 3q27.1
chr10:38345429-38345488	hs 10p11.1
chr11:64977906-64978326	hs 11q13.1
chr1:154452359-154452300	hs 1q21.3
chr3:196858864-196858805	hs 3q29
chr13:44976216-44976157	hs 13q14.11
chr12:6548232-6548173	hs 12p13.31
chr12:8211407-8211348	hs 12p13.31
chr3:98700171-98700230	hs 3q12.1
chr8:68110253-68110194	hs 8q13.2
chr1:160171421-160171480	hs 1q23.2
chrY:21230665-21230606	hs Yq11.222
chr5:94031167-94031226	hs 5q15
chr5:136953347-136953288	hs 5q31.2
chr3:46796057-46795998	hs 3p21.31
chr12:8671658-8671717	hs 12p13.31
chr11:68660384-68658831	hs 11q13.3
chr1:246704359-246704300	hs 1q44
chr11:61170262-61170203	hs 11q12.2
chr7:5646220-5646279	hs 7p22.1
chr14:64926496-64926555	hs 14q23.3
chr1:39500182-39500241	hs 1p34.3
chr22:21058825-21058884	hs 22q11.21

chr10:124436478-124436537	hs 10q26.13
chr2:69826310-69826369	hs 2p13.3
chr5:17930396-17930455	hs 5p15.1
chr9:140114758-140114699	hs 9q34.3
chr12:22797290-22797349	hs 12p12.1
chr16:029810045-029810104	hs 16p11.2
chr20:10287989-10288048	hs 20p12.2
chr7:117880040-117882449	hs 7q31.31
chr2:27423946-27423887	hs 2p23.3
chr4:110971230-110971171	hs 4q25
chr19:50411422-50411363	hs 19q13.33
chr17:44101706-44101765	hs 17q21.31
chr1:26377901-26377842	hs 1p36.11
chr8:125563314-125563255	hs 8q24.13
chr7:44111049-44111108	hs 7p13
chr1:209951458-209951517	hs 1q32.2
chr2:46808256-46808315	hs 2p21
chr3:71004993-71004934	hs 3p13
chr11:65273714-65273773	hs 11q13.1
chr1:248457984-248457925	hs 1q44
chr2:155345356-155345297	hs 2q24.1
chr3:197837235-197838279	hs 3q29
chr11:123993707-123993766	hs 11q24.2
chr6:167453724-167453783	hs 6q27
chr15:40764272-40764331	hs 15q15.1
chr6:18223320-18223380	hs 6p22.3
chr2:27605078-27605019	hs 2p23.3
chr2:202084646-202084705	hs 2q33.1
chr19:3610779-3610720	hs 19p13.3
chr9:46687913-46687972	hs 9p11.2
chr20:47319537-47319596	hs 20q13.13
chr4:1983546-1983605	hs 4p16.3
chr8:97384252-97384193	hs 8q22.1
chr12:46778101-46778042	hs 12q13.11
chr19:35758434-35758493	hs 19q13.12
chr3:150293519-150299433	hs 3q25.1
chr20:43550312-43550371	hs 20q13.12
chr9:100845266-100845325	hs 9q22.33
chr13:39587269-39587210	hs 13q13.3
chr2:098167578-098167519	hs 2q11.2
chr22:29686421-29686480	hs 22q12.2
chr19:17462701-17462642	hs 19p13.11
chr15:58889460-58889401	hs 15q21.3
chr1:204987440-204987499	hs 1q32.1

chr12:47470990-47470931	hs 12q13.11
chr7:114758794-114758853	hs 7q31.2
chr6:157529022-157529081	hs 6q25.3
chr1:45233066-45233125	hs 1p34.1
chr17:4097851-4097792	hs 17p13.2
chr2:20401394-20401335	hs 2p24.1
chr7:99661851-99661910	hs 7q22.1
chr15:65421454-65421395	hs 15q22.31
chr8:95384415-95384356	hs 8q22.1
chrX:54838042-54838604	hs Xp11.21
chr1:4009335-4009394	hs 1p36.32
chr15:25267574-25267633	hs 15q11.2
chr1:207990673-207990614	hs 1q32.2
chr9:71491644-71491703	hs 9q21.11
chr2:135212103-135212162	hs 2q21.3
chr14:58874116-58874175	hs 14q23.1
chr6:46638287-46638228	hs 6p12.3
chr4:166199487-166199428	hs 4q32.3
chr3:12434128-12434187	hs 3p25.2
chr12:013004509-013004568	hs 12p13.1
chr7:26533624-26533683	hs 7p15.2
chrUn_gl000219:88312-83276	
chr2:020786086-020786027	hs 2p24.1
chr6:72011813-72011872	hs 6q13
chr14:74179568-74179509	hs 14q24.3
chr2:207516408-207516349	hs 2q33.3
chr21:45744490-45744749	hs 21q22.3
chr3:185655716-185655657	hs 3q27.2
chr16:30965489-30965548	hs 16p11.2
chr3:9987299-9987240	hs 3p25.3
chr6:6655116-6655175	hs 6p25.1
chr6:42858285-42858226	hs 6p21.1
chr7:81380346-81380287	hs 7q21.11
chr1:75171765-75171706	hs 1p31.1
chr2:202485131-202485072	hs 2q33.1
chr7:158437043-158436984	hs 7q36.3
chr12:56113416-56113475	hs 12q13.2
chr7:102066878-102066937	hs 7q22.1
chr11:66204673-66204614	hs 11q13.2
chr10:99379274-99379215	hs 10q24.2
chr9:068409003-068408944	hs 9q13
chr14:57017949-57018008	hs 14q22.3
chr5:138704959-138705018	hs 5q31.2
chr5:065220537-065220478	hs 5q12.3

chr4:189706931-189706990	hs 4q35.2
chrX:67945527-67945586	hs Xq13.1
chr18:67406270-67406329	hs 18q22.2
chr8:21883178-21883237	hs 8p21.3
chr12:98848490-98848431	hs 12q23.1
chr22:21838406-21838347	hs 22q11.21
chrX:129507180-129507239	hs Xq26.1
chr1:169822110-169822169	hs 1q24.2
chrX:49856988-49857047	hs Xp11.22
chr4:6623280-6623339	hs 4p16.1
chr17:2940136-2940195	hs 17p13.3
chr18:21110361-21110420	hs 18q11.2
chr11:203585-203526	hs 11p15.5
chr16:57719614-57719673	hs 16q21
chr12:123469034-123468975	hs 12q24.31
chr2:27715322-27715263	hs 2p23.3
chr7:43906220-43906161	hs 7p13
chr6:144508698-144508757	hs 6q24.2
chr17:3567561-3567502	hs 17p13.2
chr16:5134584-5134526	hs 16p13.3
chr8:28909030-28909089	hs 8p12
chr11:65650345-65650568	hs 11q13.1
chr8:686520-686579	hs 8p23.3
chr10:72522132-72522191	hs 10q22.1
chr12:120894917-120894976	hs 12q24.31
chr22:38507934-38507875	hs 22q13.1
chr16:81053871-81056408	hs 16q23.2
chr2:203589697-203589756	hs 2q33.2
chr6:31802884-31802943	hs 6p21.33
chr6:33052981-33053587	hs 6p21.32
chr1:1670380-1669848	hs 1p36.33
chr19:32537912-32537971	hs 19q13.11
chr2:166246107-166246166	hs 2q24.3
chr4:145035902-145035843	hs 4q31.21
chr1:6299279-6299338	hs 1p36.31
chr19:13945856-13945797	hs 19p13.13
chr2:96383817-96379286	hs 2q11.1
chr8:141105145-141105086	hs 8q24.3
chr7:99971912-99971971	hs 7q22.1
chr17:38133487-38133546	hs 17q21.1
chr8:39274781-39267820	hs 8p11.22
chr2:95849536-95849595	hs 2q11.1
chr14:94568310-94568870	hs 14q32.12
chr12:132302208-132302149	hs 12q24.33

chr5:80521773-80521832	hs 5q14.1
chr2:204295853-204295912	hs 2q33.2
chr5:176332000-176331981	hs 5q35.2
chr2:128568383-128568324	hs 2q14.3
chr12:132564396-132564455	hs 12q24.33
chr7:102427831-102427890	hs 7q22.1
chr6:136663444-136663419	hs 6q23.3
chr19:12258592-12258533	hs 19p13.2
chr10:133998130-133998189	hs 10q26.3
chr3:185649620-185649561	hs 3q27.2
chr19:13211538-13211479	hs 19p13.2
chr9:125681037-125680978	hs 9q33.2
chr19:048825137-048825196	hs 19q13.33
chr19:55644255-55644196	hs 19q13.42
chr11:66394290-66394349	hs 11q13.2
chrX:153562406-153562347	hs Xq28
chr12:108643494-108643553	hs 12q23.3
chr17:18965252-18965311	hs 17p11.2
chr14:36623792-36623733	hs 14q13.3
chr17:39273838-39273779	hs 17q21.2
chr9:37877631-37877572	hs 9p13.2
chrX:43626337-43626278	hs Xp11.3
chr5:90664749-90664690	hs 5q14.3
chr3:125514712-125514771	hs 3q21.2
chr6:5109509-5109450	hs 6p25.1
chr10:42830073-42830014	hs 10q11.21
chrX:148584866-148584807	hs Xq28
chr6:114262873-114262195	hs 6q21
chr9:101832765-101832824	hs 9q22.33
chr1:35581035-35581094	hs 1p34.3
chr12:122506336-122506395	hs 12q24.31
chr5:175386833-175386774	hs 5q35.2
chr1:174959004-174959063	hs 1q25.1
chr12:110927982-110928041	hs 12q24.11
chr2:204055610-204055672	hs 2q33.2
chr5:176734275-176734216	hs 5q35.3
chr14:56043938-56043879	hs 14q22.3
chr9:98997714-98997655	hs 9q22.32
chr14:23495544-23495485	hs 14q11.2
chr21:009909686-009909627	hs 21p11.2
chr1:1270778-1270719	hs 1p36.33
chr11:47350979-47351038	hs 11p11.2
chr10:294888-294947	hs 10p15.3
chr6:36457617-36457676	hs 6p21.31

chr1:26288337-26288278	hs 1p36.11
chr11:65556581-65556522	hs 11q13.1
chr3:48599234-48599175	hs 3p21.31
chr10:1210553-1210612	hs 10p15.3
chr16:66612972-66613031	hs 16q21
chr1:247275358-247275299	hs 1q44
chr2:48033919-48033978	hs 2p16.3
chr2:64873773-64873832	hs 2p14
chr19:10415811-10415752	hs 19p13.2
chr7:1197349-1195219	hs 7p22.3
chr3:160132206-160132265	hs 3q25.33
chr12:57605946-57606005	hs 12q13.3
chr6:31680470-31680288	hs 6p21.33
chr16:58439799-58439858	hs 16q21
chr3:48199183-48199124	hs 3p21.31
chr9:102628985-102629044	hs 9q31.1
chr15:64200425-64200366	hs 15q22.31
chr7:31823215-31823156	hs 7p14.3
chr2:208986612-208986553	hs 2q33.3
chr4:39135596-39135655	hs 4p14
chr6:26017410-26017351	hs 6p22.2
chr9:130267699-130267640	hs 9q33.3
chr1:167385244-167385304	hs 1q24.2
chr11:105880616-105880557	hs 11q22.3
chr11:94609844-94609903	hs 11q21
chr10:64928279-64928220	hs 10q21.3
chr4:77231410-77231469	hs 4q21.1
chr5:55260096-55260037	hs 5q11.2
chr9:77562057-77561998	hs 9q21.13
chr1:201175502-201175561	hs 1q32.1
chr9:88889135-88887000	hs 9q21.33
chr3:70014715-70014774	hs 3p13
chr19:4816054-4815995	hs 19p13.3
)93]	
chr16:33790472-33790413	hs 16p11.2
chr20:44517429-44517370	hs 20q13.12
chr18:52568911-52568852	hs 18q21.2
chr4:5018622-5018563	hs 4p16.2
chr19:54754499-54754440	hs 19q13.42
chr4:188135236-188135295	hs 4q35.2
chr8:82195741-82196134	hs 8q21.13
chr5:43039560-43039501	hs 5p12
chr22:22065026-22064967	hs 22q11.21
chr9:86258959-86259018	hs 9q21.32

chr8:61779398-61779457	hs 8q12.2
chr2:62052180-62052121	hs 2p15
chr16:64294812-64295077	hs 16q21
chr1:204096551-204096610	hs 1q32.1
chr1:163112189-163112130	hs 1q23.3
chr2:30945827-30945768	hs 2p23.1
chr9:41953687-41953628	hs 9p12
chr1:6784760-6784819	hs 1p36.31
chr11:77812147-77812088	hs 11q14.1
chr13:25672234-25672293	hs 13q12.13
chr2:27248794-27248853	hs 2p23.3
chr17:044580200-044580259	hs 17q21.31
chr1:47157608-47157667	hs 1p33
chr9:132265945-132266004	hs 9q34.11
chr4:40245659-40245718	hs 4p14
chr3:125485629-125505694	hs 3q21.2
chr1:53516467-53516526	hs 1p32.3
chr12:121201145-121201086	hs 12q24.31
chr8:79515306-79515365	hs 8q21.12
chr13:27847667-27847726	hs 13q12.2
chr1:41493592-41493533	hs 1p34.2
chr22:36057118-36057177	hs 22q12.3
chr12:56230495-56230436	hs 12q13.2
chr1:155260153-155260094	hs 1q22
chr11:35642109-35642168	hs 11p13
chr16:462221-462280	hs 16p13.3
chr18:056735646-056735705	hs 18q21.32
chr1:700591-700532	hs 1p36.33
chr2:86363932-86363991	hs 2p11.2
chr11:65269831-65269772	hs 11q13.1
chr17:79615719-79615778	hs 17q25.3
chr3:106830932-106830873	hs 3q13.12
chr15:63363361-63363420	hs 15q22.2
chrX:17818437-17818378	hs Xp22.13
chr9:97063672-97063731	hs 9q22.32
chr15:51349922-51349863	hs 15q21.2
chr14:75373785-75373726	hs 14q24.3
chr3:36588779-36588838	hs 3p22.2
chr10:116194270-116194211	hs 10q25.3
chr12:6980172-6980113	hs 12p13.31
chr9:42393542-42396400	hs 9p12
chr17:34495485-34495426	hs 17q12
chr1:237064620-237064679	hs 1q43
chr8:143739085-143739026	hs 8q24.3

chr5:102613812-102613871	hs 5q21.1
chr16:1890113-1890172	hs 16p13.3
chr20:37049947-37049888	hs 20q11.23
chr11:63594950-63595009	hs 11q13.1
chr4:38774619-38774560	hs 4p14
chrX:154005587-154005646	hs Xq28
chr10:75404698-75404639	hs 10q22.2
chr8:25801103-25801044	hs 8p21.2
chr12:50152262-50152523	hs 12q13.12
chr7:56876826-56876817	hs 7p11.2
chr2:68520397-68520338	hs 2p14
chr9:139978559-139978618	hs 9q34.3
chr1:247350837-247350778	hs 1q44
chr17:73698564-73698623	hs 17q25.1
chr1:167022252-167022193	hs 1q24.1
chr1:708428-708370	hs 1p36.33
chr1:89270157-89270216	hs 1p22.2
chr6:166822961-166822902	hs 6q27
chr1:247614390-247614331	hs 1q44
chr5:118729017-118729076	hs 5q23.1
chr17:1615641-1615582	hs 17p13.3
chr3:126756142-126756201	hs 3q21.3
chr7:90220008-90219949	hs 7q21.13
chr11:65273811-65273870	hs 11q13.1
chr17:36646732-36646791	hs 17q12
chr8:42189442-42189501	hs 8p11.21
chr20:23026866-23026807	hs 20p11.21
chr19:10427728-10427669	hs 19p13.2
chr20:60709375-60709434	hs 20q13.33
chr17:14252127-14252186	hs 17p12
chr1:243260609-243260550	hs 1q43
chr1:147763874-147763933	hs 1q21.2
chr12:121687648-121683043	hs 12q24.31
chr8:75147059-75147000	hs 8q21.11
chr19:58857206-58857147	hs 19q13.43
chr17:27225108-27225049	hs 17q11.2
chr11:61919742-61919801	hs 11q12.3
chr1:65721458-65721517	hs 1p31.3
chrX:73049003-73049062	hs Xq13.2
chr11:58978295-58978236	hs 11q12.1
chr14:59114713-59114772	hs 14q23.1
chr9:32572889-32571002	hs 9p21.1
chr1:209956256-209956197	hs 1q32.2
chr22:37636907-37636848	hs 22q13.1

chr3:52561355-52559298	hs 3p21.1
chr4:156150-156209	hs 4p16.3
chr9:132271169-132271228	hs 9q34.11
chr9:111754973-111754914	hs 9q31.3
chr2:223186121-223186180	hs 2q36.1
chr3:100463745-100467021	hs 3q12.2
chr6:29913492-29913551	hs 6p22.1
chr17:63106959-63107018	hs 17q24.1
chr19:32562582-32562523	hs 19q13.11
chr10:91163438-91163497	hs 10q23.31
chr7:100486219-100486278	hs 7q22.1
chr22:36663090-36663149	hs 22q12.3
chrX:78616934-78616875	hs Xq21.1
chr1:149858160-149858101	hs 1q21.2
chr17:28964201-28964260	hs 17q11.2
chr3:033155587-033155528	hs 3p22.3
chr4:82390257-82390198	hs 4q21.21
chr5:078806278-078806337	hs 5q14.1
chr22:37865384-37865325	hs 22q13.1
chr1:37920548-37920489	hs 1p34.3
chr19:28927848-28927689	hs 19q12
chr15:32888759-32888818	hs 15q13.3
chr2:29149938-29149997	hs 2p23.2
chr1:43272901-43272842	hs 1p34.2
chr20:29992881-29992822	hs 20q11.21
chr9:98173782-98159551	hs 9q22.32
chr11:7674673-7674732	hs 11p15.4
chr7:63849447-63849506	hs 7q11.21
chr19:37129746-37129687	hs 19q13.12
chr17:7491011-7491070	hs 17p13.1
chr13:41486321-41486262	hs 13q14.11
chr12:49626670-49626611	hs 12q13.12
chr2:217529086-217529145	hs 2q35
chr7:1133336-1133395	hs 7p22.3
chr7:99701056-99701115	hs 7q22.1
chr6:105531071-105531130	hs 6q21
chr9:132265979-132266038	hs 9q34.11
chr10:122668613-122668672	hs 10q26.12
chr2:181922488-181922547	hs 2q31.3
chr21:40984418-40984359	hs 21q22.2
chr8:144512493-144512434	hs 8q24.3
chr14:94582967-94583026	hs 14q32.12
chr15:100340038-100339979	hs 15q26.3
chr17:33427686-33427627	hs 17q12

chr19:20307910-20307969	hs 19p12
chr22:38203147-38203206	hs 22q13.1
chr1:228288610-228288551	hs 1q42.13
chr2:178080329-178080388	hs 2q31.2
chr6:134846605-134846546	hs 6q23.2
chr21:48080822-48081718	hs 21q22.3
chr3:194790184-194790125	hs 3q29
chr2:239353338-239355053	hs 2q37.3
chr15:38773570-38773629	hs 15q14
chr14:72433491-72433550	hs 14q24.2
chr5:148749022-148749081	hs 5q32
chr15:90293166-90293107	hs 15q26.1
chr2:86968111-86968170	hs 2p11.2
chr9:99122496-99122437	hs 9q22.32
chr9:139336239-139336180	hs 9q34.3
chr9:139745212-139745271	hs 9q34.3
chr7:65956040-65955058	hs 7q11.21
chr11:71715302-71715118	hs 11q13.4
chr1:167973948-167974007	hs 1q24.2
chr12:121613218-121613277	hs 12q24.31
chr16:23692251-23692310	hs 16p12.2
chr2:216213877-216213936	hs 2q35
chr1:243255878-243255819	hs 1q43
chr1:41478082-41478142	hs 1p34.2
chr1:229456873-229456814	hs 1q42.13
chr16:87960503-87960444	hs 16q24.2
chr15:62535232-62535089	hs 15q22.2
chr1:116995727-116995668	hs 1p13.1
chr8:8093761-8093820	hs 8p23.1
chr19:50392976-50392917	hs 19q13.33
chr10:4379333-4379392	hs 10p15.1
chrX:62736916-62736857	hs Xq11.1
chr1:64644540-64644599	hs 1p31.3
chrX:136103658-136103717	hs Xq26.3
chr18:51729172-51729113	hs 18q21.2
chr7:066795527-066795468	hs 7q11.21
chr2:105716308-105716367	hs 2q12.1
chr12:8542986-8542927	hs 12p13.31
chr17:79640236-79640295	hs 17q25.3
chr8:142441433-142441492	hs 8q24.3
chr5:132159191-132159132	hs 5q31.1
chr19:36115710-36115769	hs 19q13.12
chr6:127476517-127476576	hs 6q22.33
chr21:40714707-40714648	hs 21q22.2

chr19:40928494-40928435	hs 19q13.2
chr13:41525556-41525497	hs 13q14.11
chr1:144612298-144612239	hs 1q21.1
chr12:56119950-56119667	hs 12q13.2
chr17:42453349-42453290	hs 17q21.31
chrX:48650853-48651615	hs Xp11.23
chr1:27107178-27107237	hs 1p36.11
chr2:111964502-111964443	hs 2q13
chr20:18526643-18529277	hs 20p11.23
chr1:231502208-231502149	hs 1q42.2
chr10:30749980-30750039	hs 10p11.23
chr14:39591650-39591708	hs 14q21.1
chr15:63901042-63900983	hs 15q22.31
chr10:89048230-89005942	hs 10q23.2
chr7:56804002-56803943	hs 7p11.2
chr19:49714760-49714819	hs 19q13.33
chr1:120533401-120533342	hs 1p12
chr19:49949615-49949556	hs 19q13.33
chr6:114182911-114182970	hs 6q21
chr6:31475185-31475244	hs 6p21.33
chr1:30181757-30181698	hs 1p35.3
chr5:74032688-74032629	hs 5q13.3
chr1:167742545-167742604	hs 1q24.2
chr1:159931091-159931150	hs 1q23.2
chr1:246955612-246955671	hs 1q44
chr11:27371039-27370980	hs 11p14.1
chr2:220403737-220403678	hs 2q35
chr7:7117985-7117926	hs 7p22.1
chr21:30723991-30724050	hs 21q21.3
chr7:99016854-99016795	hs 7q22.1
chr12:112277642-112277583	hs 12q24.12
chr3:9022985-9022926	hs 3p25.3
chr1:241758694-241758753	hs 1q43
chr8:9192362-9192421	hs 8p23.1
chr2:219844291-219844350	hs 2q35
chr12:93796090-93796149	hs 12q22
chr3:190347694-190347753	hs 3q28
chr22:17152414-17150503	hs 22q11.1
chr6:32862332-32862391	hs 6p21.32
chr8:65713795-65713736	hs 8q12.3
chr5:145557170-145557111	hs 5q32
chrX:153701925-153701984	hs Xq28
chr19:18502541-18502482	hs 19p13.11
chr4:56301090-56301031	hs 4q12

chr2:112601013-112596055	hs 2q13
chr20:22434006-22433947	hs 20p11.21
chr17:20516420-20516361	hs 17p11.2
chr16:69776266-69776207	hs 16q22.1
chr7:69755435-69755494	hs 7q11.22
chr10:73846187-73846128	hs 10q22.1
chr20:5096102-5095957	hs 20p13
chr11:36654853-36654912	hs 11p12
chr6:80749430-80749489	hs 6q14.1
chr11:45393461-45393520	hs 11p11.2
chr1:93617749-93617690	hs 1p22.1
chr8:22877835-22877776	hs 8p21.3
chr16:57180203-57181491	hs 16q13
chrX:102564489-102564430	hs Xq22.1
chr11:3108697-3108638	hs 11p15.4
chr19:55741657-55741598	hs 19q13.42
chr5:96108417-96108476	hs 5q15
chr11:128857967-128856554	hs 11q24.3
chr8:31030776-31030835	hs 8p12
chr18:5895116-5895057	hs 18p11.31
chr6:13622489-13622430	hs 6p23
chr10:46252526-46252585	hs 10q11.22
chr12:4960116-4960175	hs 12p13.32
chr5:40831489-40831430	hs 5p13.1
chr4:188478915-188477068	hs 4q35.2
chr2:111875740-111875799	hs 2q13
chr11:89935683-89935624	hs 11q14.3
chr16:68055311-68055252	hs 16q22.1
chr20:57020214-57020273	hs 20q13.32
chr10:135205077-135205136	hs 10q26.3
chr12:58190361-58190420	hs 12q14.1
chr11:63918797-63918738	hs 11q13.1
chr16:2047756-2047697	hs 16p13.3
chr7:48886065-48886006	hs 7p12.3
chr8:141669169-141669110	hs 8q24.3
chr1:154935140-154935081	hs 1q21.3
chr10:103588446-103588387	hs 10q24.32
chr19:19312513-19312454	hs 19p13.11
chr3:97677915-97673301	hs 3q11.2
chr21:15304666-15304609	hs 21q11.2
chr8:82195616-82195675	hs 8q21.13
chr19:53960813-53960872	hs 19q13.42
chr12:15749688-15749747	hs 12p12.3
chr2:95956002-95956061	hs 2q11.1

chr17:13399309-13399250	hs 17p12
chr5:93198713-93198654	hs 5q15
chr2:204055801-204055860	hs 2q33.2
chr15:43036609-43036550	hs 15q15.2
chr16:85434584-85434525	hs 16q24.1
chr15:31231234-31231175	hs 15q13.3
chr6:89793857-89793916	hs 6q15
chr19:54802155-54802096	hs 19q13.42
chr15:32889624-32889683	hs 15q13.3
chr17:76259455-76259396	hs 17q25.3
chr12:49317625-49317566	hs 12q13.12
chr8:22570843-22570784	hs 8p21.3
chr16:1358740-1358681	hs 16p13.3
chr13:21905993-21906052	hs 13q12.11
chr16:10996598-10996657	hs 16p13.13
chr1:181160202-181160143	hs 1q25.3
chr13:80910681-80910622	hs 13q31.1
chr7:91774317-91774258	hs 7q21.2
chr6:32793281-32793222	hs 6p21.32
chr20:55682125-55682184	hs 20q13.31
chr2:189092370-189092431	hs 2q32.1
chr11:69290735-69290676	hs 11q13.3
chr11:67923566-67923507	hs 11q13.2
chr22:36622708-36622649	hs 22q12.3
chr16:14042239-14042298	hs 16p13.12
chr14:21928385-21928326	hs 14q11.2
chr19:58927225-58927284	hs 19q13.43
chr16:2579619-2579677	hs 16p13.3
chr6:43155864-43155923	hs 6p21.1
chr10:134165146-134165205	hs 10q26.3
chr17:79617549-79617490	hs 17q25.3
chr17:061688113-061688054	hs 17q23.3
chr19:53079214-53079273	hs 19q13.41
chr19:43866549-43866608	hs 19q13.31
chr2:63745412-63745353	hs 2p15
chr7:150418092-150418151	hs 7q36.1
chr19:45377626-45377685	hs 19q13.32
chr13:27830412-27830461	hs 13q12.2
chr8:11141291-11141232	hs 8p23.1
chr8:144840382-144840323	hs 8q24.3
chr18:46389183-46389242	hs 18q21.1
chr9:3691567-3691626	hs 9p24.2
chr3:122087034-122081827	hs 3q21.1
chr15:92346303-92346244	hs 15q26.1

chr19:15946035-15946092	hs 19p13.12
chr8:10995163-10995104	hs 8p23.1
chr5:169031146-169031205	hs 5q35.1
chr3:186845840-186839111	hs 3q27.3
chr1:7829261-7829320	hs 1p36.23
chr9:45563001-45563060	hs 9p11.2
chr6:111216818-111216877	hs 6q21
chr9:131457367-131457426	hs 9q34.11
chr2:75891606-75891547	hs 2p12
chr1:241667485-241667426	hs 1q43
chr13:107142795-107142736	hs 13q33.3
chr3:124684882-124684823	hs 3q21.2
chr1:43630074-43630015	hs 1p34.2
chr1:204598387-204598446	hs 1q32.1
chr14:101003549-101003490	hs 14q32.2
chr2:200625464-200625405	hs 2q33.1
chr7:11414524-11414465	hs 7p21.3
chr1:43310034-43310093	hs 1p34.2
chr8:12437900-12437959	hs 8p23.1
chr1:26772863-26772922	hs 1p36.11
chr1:55175863-55175922	hs 1p32.3
chr22:21355565-21355038	hs 22q11.21

chr18:014449514-014449573	hs 18p11.21
chrX:53612078-53612019	hs Xp11.22
chr22:40755270-40756424	hs 22q13.1
chr11:65267017-65266958	hs 11q13.1
chr8:6262891-6262832	hs 8p23.1
chr1:9712762-9712703	hs 1p36.22
chr13:41383905-41383964	hs 13q14.11
chr19:24289385-24289444	hs 19p12
chr12:50038814-50038755	hs 12q13.12
chr2:183960379-183960439	hs 2q32.1
chr9:042797562-042797503	hs 9p12
chr21:44473378-44473319	hs 21q22.3
chr11:59939426-59939367	hs 11q12.2
chr1:223963400-223963459	hs 1q41
chr6:36199930-36199989	hs 6p21.31
chr13:50486991-50486932	hs 13q14.2
chr10:81142503-81142444	hs 10q22.3
chr22:31500343-31500402	hs 22q12.2
chr5:10650093-10650152	hs 5p15.2
chr6:52850310-52850251	hs 6p12.2
chr17:79215020-79215079	hs 17q25.3

chrX:99933512-99933453	hs Xq22.1
chr2:242808694-242808753	hs 2q37.3
chr17:55184479-55184538	hs 17q22
chr7:27192274-27192333	hs 7p15.2
chr2:24384424-24384483	hs 2p23.3
chr20:34257106-34257047	hs 20q11.22
chr13:27643088-27643029	hs 13q12.13
chr16:4390983-4390924	hs 16p13.3
chr17:29302940-29302999	hs 17q11.2
chr12:110479148-110479089	hs 12q24.11
chr10:75013648-75013589	hs 10q22.2
chr10:051620362-051620303	hs 10q11.23
chr9:26904726-26904667	hs 9p21.2
chr18:21711873-21712496	hs 18q11.2
chr11:94354223-94354282	hs 11q21
chr22:39872483-39872542	hs 22q13.1
chr10:25197491-25197432	hs 10p12.1
chr17:77914006-77913947	hs 17q25.3
chr7:121858342-121858401	hs 7q31.32
chr1:1569668-1569846	hs 1p36.33
chr14:45669210-45669269	hs 14q21.2
chr17:31233570-31233629	hs 17q11.2
chr8:105440255-105436606	hs 8q22.3
chr12:110815226-110813991	hs 12q24.11
chr2:209222843-209222902	hs 2q34
chr16:31500989-31500930	hs 16p11.2
chr17:73643577-73643636	hs 17q25.1
chr6:139018070-139018129	hs 6q24.1
chr13:52744164-52744105	hs 13q14.3
chr2:024553470-024553529	hs 2p23.3
chr20:34636801-34636742	hs 20q11.23
chr7:65957296-65957237	hs 7q11.21
chr6:31432645-31432704	hs 6p21.33
chr21:30433728-30433669	hs 21q21.3
chr15:78885456-78885515	hs 15q25.1
chr9:20345250-20345191	hs 9p21.3
chr5:52408108-52408167	hs 5q11.2
chr1:213068636-213068695	hs 1q32.3
chr17:33677430-33677371	hs 17q12
chr9:132265982-132266041	hs 9q34.11
chr16:89295210-89295269	hs 16q24.3
chr11:067276140-067276199	hs 11q13.2
chr16:67691487-67691428	hs 16q22.1
chr1:70340576-70340635	hs 1p31.1

chr5:918002-918061	hs 5p15.33
chr11:59980755-59980696	hs 11q12.2
chr16:81116042-81115983	hs 16q23.2
chr10:124609990-124608947	hs 10q26.13
chr20:31946717-31946658	hs 20q11.21
chrX:30577524-30577465	hs Xp21.2
chr6:33036945-33036886	hs 6p21.32
chr17:47556408-47556349	hs 17q21.33
chr6:30260190-30260131	hs 6p22.1
chr18:39661247-39661306	hs 18q12.3
chr3:158502217-158502276	hs 3q25.32
chr8:133859020-133859080	hs 8q24.22
chrX:109352310-109352369	hs Xq23
chr2:157439359-157439418	hs 2q24.1
chr7:64043343-64043402	hs 7q11.21
chr1:45316544-45316485	hs 1p34.1
chr20:37053902-37053843	hs 20q11.23
chr1:179519810-179519751	hs 1q25.2
chr19:40325192-40325133	hs 19q13.2
chr22:23915710-23915651	hs 22q11.23
chr3:183976423-183976482	hs 3q27.1
chr17:18236572-18236513	hs 17p11.2
chr21:35555387-355561095	hs 21q22.11
chr17:78369857-78369916	hs 17q25.3
chr10:118645949-118645890	hs 10q25.3
chr17:42978960-42979019	hs 17q21.31
chr1:51753563-51753504	hs 1p32.3
chr1:228334579-228334638	hs 1q42.13
chr20:31397064-31397123	hs 20q11.21
chr2:71256464-71256523	hs 2p13.3
chr8:134147066-134147125	hs 8q24.22
chr1:161697713-161697772	hs 1q23.3
chr22:23917222-23917163	hs 22q11.23
chr14:23303471-23303530	hs 14q11.2
chr9:044182789-044182730	hs 9p11.2
chr10:99218296-99218237	hs 10q24.1
chr2:190732610-190738235	hs 2q32.2
chr17:34869010-34868951	hs 17q12
chr1:201332504-201332445	hs 1q32.1
chr4:033012626-033012567	hs 4p15.1
chr9:98206188-98206129	hs 9q22.32
chr11:107661964-107661905	hs 11q22.3
chr19:55148442-55148501	hs 19q13.42
chr1:156713610-156713551	hs 1q23.1

chr21:46327961-46327902	hs 21q22.3
chr14:59971557-59971862	hs 14q23.1
chr10:102286309-102286250	hs 10q24.31
chr6:31440121-31440180	hs 6p21.33
chr15:25265835-25265894	hs 15q11.2
chr20:45092587-45092528	hs 20q13.12
chr12:389292-389233	hs 12p13.33
chr2:29170870-29170929	hs 2p23.2
chr22:19001920-19001979	hs 22q11.21
chr15:100340036-100339983	hs 15q26.3
chr1:206757950-206758009	hs 1q32.1
chr10:24885677-24885618	hs 10p12.1
chr6:26022207-26022266	hs 6p22.2
chr19:34846363-34846422	hs 19q13.11
chr13:64414947-64414888	hs 13q21.31
chrX:53989350-53989291	hs Xp11.22
chr6:135540223-135540282	hs 6q23.3
chr10:96093097-96093038	hs 10q23.33
chr5:177482509-177482568	hs 5q35.3
chr9:135933512-135933571	hs 9q34.2
chr1:117647443-117647502	hs 1p13.1
chr6:043331750-043331810	hs 6p21.1
chr2:152042739-152042798	hs 2q23.3
chr12:53686748-53687109	hs 12q13.13
chr1:1980827-1980768	hs 1p36.33
chr1:100676204-100676145	hs 1p21.2
chr17:4849238-4849180	hs 17p13.2
chr7:74470082-74470023	hs 7q11.23
chr16:767419-767478	hs 16p13.3
chr10:131862240-131862181	hs 10q26.3
chr21:48019158-48019099	hs 21q22.3
chr20:9511041-9511100	hs 20p12.2
chr10:11971923-11971864	hs 10p14
chr10:38406580-38406638	hs 10p11.1
chr1:116569583-116569642	hs 1p13.1
chr6:33162245-33162186	hs 6p21.32
chr4:5830668-5830727	hs 4p16.2
chr15:25346754-25346813	hs 15q11.2
chr19:37267074-37267133	hs 19q13.12
chr4:119200825-119200884	hs 4q26
chr16:58552942-58553001	hs 16q21
chr15:24928526-24928585	hs 15q11.2
chr11:63991424-63991365	hs 11q13.1
chr6:141903110-141903051	hs 6q24.1

chrX:30322698-30322639	hs Xp21.2
chr12:109181316-109181257	hs 12q24.11
chr17:57917858-57917917	hs 17q23.1
chr16:135898-135839	hs 16p13.3
chr2:15319139-15307416	hs 2p24.3
chr11:59573799-59573740	hs 11q12.1
chr7:73095367-73095308	hs 7q11.23
chr11:59622151-59620762	hs 11q12.1
chr6:31548394-31548335	hs 6p21.33
chr10:13320342-13320283	hs 10p13
chr17:5113969-5113910	hs 17p13.2
chr8:124220354-124220413	hs 8q24.13
chr22:22051823-22051882	hs 22q11.21
chr1:162337975-162338034	hs 1q23.3
chrX:73049001-73049060	hs Xq13.2
chr16:15154499-15154440	hs 16p13.11
chr12:52205200-52205259	hs 12q13.13
chr6:28756624-28756565	hs 6p22.1
chr12:95388011-95387952	hs 12q22
chr7:156437391-156437450	hs 7q36.3
chr2:224842295-224840597	hs 2q36.1
chr19:3157749-3157808	hs 19p13.3
chr19:43011563-43011504	hs 19q13.2
chr9:108234206-108234265	hs 9q31.2
chr2:210598712-210598771	hs 2q34
chr11:32126817-32126876	hs 11p13
chr14:54955649-54950433	hs 14q22.2
chr1:246755126-246755185	hs 1q44
chr5:90598820-90598761	hs 5q14.3
chr1:202300965-202300906	hs 1q32.1
chr4:79465254-79465313	hs 4q21.21
chr3:113683324-113683265	hs 3q13.31
chr7:156396405-156396346	hs 7q36.3
chr9:33462012-33461953	hs 9p13.3
chr9:130107520-130107579	hs 9q33.3
chr18:10979310-10979251	hs 18p11.21
chr1:161209136-161209077	hs 1q23.3
chr13:32635240-32635299	hs 13q13.1
chr19:41888685-41888744	hs 19q13.2
chr17:36454586-36455369	hs 17q12
chr8:26254988-26255047	hs 8p21.2
chr6:33154291-33154232	hs 6p21.32
chr9:4860233-4860292	hs 9p24.1
chr11:45927203-45927262	hs 11p11.2

chr2:110583522-110583581	hs 2q13
chr16:1415345-1415286	hs 16p13.3
chrX:102330853-102330794	hs Xq22.1
chr10:104590371-104590312	hs 10q24.32
chr8:28553818-28553759	hs 8p21.1
chr14:92962507-92962566	hs 14q32.12
chr2:70901872-70901813	hs 2p13.3
chr7:76092945-76093004	hs 7q11.23
chrX:103220407-103220466	hs Xq22.2
chr4:159587916-159587857	hs 4q32.1
chr7:102854532-102854473	hs 7q22.1
chr5:154196833-154196892	hs 5q33.2
chr17:4800043-4800102	hs 17p13.2
chr4:10076770-10076711	hs 4p16.1
chrX:110342669-110342728	hs Xq23
chr19:51690475-51690534	hs 19q13.41
chr1:228285947-228286006	hs 1q42.13
chr3:47387924-47387983	hs 3p21.31
chr11:123595399-123595340	hs 11q24.1
chr19:51600922-51600863	hs 19q13.41
chr16:23533750-23533691	hs 16p12.2
chr1:148004170-148004111	hs 1q21.2
chr1:151732274-151732215	hs 1q21.3
chr3:170584263-170584204	hs 3q26.2
chr7:80372471-80372412	hs 7q21.11
chr17:79674001-79674060	hs 17q25.3
chr13:24411757-24411698	hs 13q12.12
chr1:183907168-183907109	hs 1q25.3
chr5:94208929-94208870	hs 5q15
chr1:37920541-37920482	hs 1p34.3
chr8:26721671-26721612	hs 8p21.2
chr3:50355325-50355266	hs 3p21.31
chr20:37396189-37400210	hs 20q11.23
chr11:9611073-9611132	hs 11p15.4
chr1:27705732-27705673	hs 1p36.11
chr3:36868467-36868408	hs 3p22.2
chr12:27909106-27909165	hs 12p11.22
chr12:53437241-53437182	hs 12q13.13
chr15:45007773-45007832	hs 15q21.1
chr1:120930098-120930039	hs 1p11.2
chr14:045600828-045600769	hs 14q21.2
chr20:61735320-61735379	hs 20q13.33
chr8:20810228-20810169	hs 8p21.3
chr10:90693582-90693641	hs 10q23.31

chr9:131857134-131857075	hs 9q34.11
chr12:12508475-12508416	hs 12p13.2
chr1:143916135-143916194	hs 1q21.1
chr3:140698479-140698538	hs 3q23
chr21:33974211-33974152	hs 21q22.11
chrX:131338037-131337978	hs Xq26.2
chr13:33016630-33016571	hs 13q13.1
chr15:25304722-25304781	hs 15q11.2
chr4:20730329-20730270	hs 4p15.31
chr3:128631840-128631899	hs 3q21.3
chr2:233250541-233250482	hs 2q37.1
chr12:25357149-25357207	hs 12p12.1
chr19:1086567-1086626	hs 19p13.3
chr10:5019910-5019969	hs 10p15.1
chr5:176883144-176883203	hs 5q35.3
chr14:50504986-50504927	hs 14q21.3
chr5:1253364-1253305	hs 5p15.33
chr1:016119595-016119654	hs 1p36.21
chr11:82645351-82645410	hs 11q14.1
chr7:97481520-97481461	hs 7q21.3
chr19:33076773-33077782	hs 19q13.11
chr11:58723759-58723818	hs 11q12.1
chr12:102590400-102590341	hs 12q23.2
chr17:17250916-17250975	hs 17p11.2
chr2:91910371-91910312	hs 2p11.1
chr15:82597136-82597195	hs 15q25.2
chr6:39267095-39267036	hs 6p21.2
chr11:49831772-49831831	hs 11p11.12
chr16:58553249-58553308	hs 16q21
chr9:33797923-33797982	hs 9p13.3
chr11:124659533-124659474	hs 11q24.2
chr19:4794783-4794842	hs 19p13.3
chr2:112005784-112005725	hs 2q13
chr11:75111802-75111861	hs 11q13.4
chr9:41953446-41953387	hs 9p12
chr1:18024085-18024144	hs 1p36.13
chr1:58971791-58971732	hs 1p32.2
chr6:27860566-27860507	hs 6p22.1
chr6:26240818-26240877	hs 6p22.2
chr2:27322040-27321981	hs 2p23.3
chr19:43922526-43922585	hs 19q13.31
chr8:99466971-99466912	hs 8q22.2
chr5:101570034-101569975	hs 5q21.1
chr1:110743689-110743748	hs 1p13.3

chr6:35800957-35800898	hs 6p21.31
chr22:41575033-41575092	hs 22q13.2
chr22:23659800-23659859	hs 22q11.23
chr7:105170888-105170949	hs 7q22.3
chr20:25278326-25278385	hs 20p11.21
chr11:73575582-73575641	hs 11q13.4
chr7:90839264-90839323	hs 7q21.13
chr7:9808965-9809024	hs 7p21.3
chr3:96336291-96336350	hs 3q11.2
chr9:103349793-103349852	hs 9q31.1
chr14:24635500-24635559	hs 14q12
chr1:212538264-212538205	hs 1q32.3
chr6:106557662-106557721	hs 6q21
chr4:84193253-84191101	hs 4q21.23
chr11:78135832-78135773	hs 11q14.1
chr11:110100899-110100840	hs 11q22.3
chr10:104433706-104433647	hs 10q24.32
chr5:71515856-71515797	hs 5q13.2
chr3:142536972-142536913	hs 3q23
chr2:130004017-130004076	hs 2q21.1
chr14:60752731-60752790	hs 14q23.1
chr8:101512537-101512596	hs 8q22.2
chr1:149755169-149755228	hs 1q21.2
chr1:46501344-46501403	hs 1p34.1
chr8:17079944-17080003	hs 8p22
chrX:73327641-73327700	hs Xq13.2
chr4:57327235-57327294	hs 4q12
chr1:207813016-207813075	hs 1q32.2
chr3:19921032-19920973	hs 3p24.3
chr10:74646758-74646817	hs 10q22.1
chr1:167498662-167498603	hs 1q24.2
chr10:46951742-46966496	hs 10q11.22
chr3:141720858-141720917	hs 3q23
chr4:83348607-83348420	hs 4q21.22
chr6:168067630-168067571	hs 6q27
chr12:6641042-6641101	hs 12p13.31
chr11:28147072-28147131	hs 11p14.1
chr1:1246950-1247009	hs 1p36.33
chr19:59061599-59061750	hs 19q13.43
chr1:45117315-45117374	hs 1p34.1
chr19:12924276-12924335	hs 19p13.2
chr6:99817362-99817303	hs 6q16.2
chr1:246679812-246679753	hs 1q44
chr17:7484879-7484938	hs 17p13.1

chr17:72480840-72480899	hs 17q25.1
chr1:120930167-120930108	hs 1p11.2
chr12:49317611-49315972	hs 12q13.12
chr12:11905396-11905455	hs 12p13.2
chr10:43248938-43248879	hs 10q11.21
chr14:95648676-95648617	hs 14q32.13
chr15:28538128-28538069	hs 15q13.1
chr19:52115603-52115544	hs 19q13.41
chr12:76451646-76451705	hs 12q21.2
)]72]	
chr14:24650726-24649913	hs 14q12
chr1:205305747-205305688	hs 1q32.1
chr7:62810138-62810197	hs 7q11.21
chr7:099605744-099605803	hs 7q22.1
chr4:103964470-103952924	hs 4q24
chr12:102139417-102139358	hs 12q23.2
chr12:12240295-12243746	hs 12p13.2
chr1:45976799-45976740	hs 1p34.1
chr1:211748901-211748842	hs 1q32.3
chr2:47130141-47130082	hs 2p21
chr4:144920582-144918747	hs 4q31.21
chr1:161275636-161275577	hs 1q23.3
chr5:151821852-151821792	hs 5q33.1
chr9:33442956-33442897	hs 9p13.3
chr6:139018102-139018161	hs 6q24.1
chr7:100479801-100479860	hs 7q22.1
chr6:135581144-135581203	hs 6q23.3
chr17:3629418-3629477	hs 17p13.2
chr11:6593108-6593167	hs 11p15.4
chr4:39483057-39483116	hs 4p14
chr2:207027551-207027610	hs 2q33.3
chrX:23740101-23740042	hs Xp22.11
chr1:151555864-151555923	hs 1q21.3
chrY:9388403-9388462	hs Yp11.2
chr10:82191890-82191949	hs 10q23.1
chr3:132440917-132440858	hs 3q22.1
chr12:120639227-120644404	hs 12q24.23
chr3:41280687-41280746	hs 3p22.1
chr22:036841320-036841261	hs 22q12.3
chr8:96812795-96812854	hs 8q22.1
chr1:149804396-149804455	hs 1q21.2
chr8:128806902-128806961	hs 8q24.21
chr20:62375999-62375940	hs 20q13.33
chr3:4358640-4358699	hs 3p26.1

chr17:78302158-78302217	hs 17q25.3
chr14:105491461-105491402	hs 14q32.33
chr10:122047922-122047981	hs 10q26.12
chr10:43917191-43917250	hs 10q11.21
chr15:85166329-85166387	hs 15q25.2
chr11:118472982-118473041	hs 11q23.3
chr6:88391436-88391377	hs 6q15
chr18:43564417-43564358	hs 18q21.1
chr15:59428708-59428649	hs 15q22.2
chr18:3502551-3502492	hs 18p11.31
chr10:120118617-120118676	hs 10q26.11
chr19:4685870-4685929	hs 19p13.3
chr6:3267946-3268005	hs 6p25.2
chr10:58117404-58117345	hs 10q21.1
chr7:64378605-64378664	hs 7q11.21
chr1:229394110-229394051	hs 1q42.13
chr5:169188615-169230106	hs 5q35.1
chr4:187133518-187133577	hs 4q35.2
chr2:43451215-43451156	hs 2p21
chr2:101624138-101624079	hs 2q11.2
chr7_gl000195_random:000082224-000082283	
chr19:46029738-46029797	hs 19q13.32
chr10:115664617-115664676	hs 10q25.3
chr4:118976595-118976654	hs 4q26
chrX:101972466-101972525	hs Xq22.1
chr20:50213418-50213359	hs 20q13.2
chr1:6947929-6947988	hs 1p36.31
chr20:37551462-37551521	hs 20q11.23
chr14:101441157-101441216	hs 14q32.31
chr17:8173037-8173096	hs 17p13.1
chr16:2088290-2088349	hs 16p13.3
chr19:7997542-7996045	hs 19p13.2
chr15:77657555-77649433	hs 15q24.3
chr7:884043-884102	hs 7p22.3
chr11:47800345-47800286	hs 11p11.2
chr9:96871739-96871798	hs 9q22.32
chr9:139317760-139317819	hs 9q34.3
chr5:56233467-56233408	hs 5q11.2
chr8:67342692-67342751	hs 8q13.1
chr8:146280237-146280296	hs 8q24.3
chr8:124787427-124787486	hs 8q24.13
chr7:30588206-30588147	hs 7p14.3
chr8:82196174-82196772	hs 8q21.13
chr1:15900155-15900096	hs 1p36.21

chr7:127944338-127944279	hs 7q32.1
chr5:880158-880099	hs 5p15.33
chr2:190611508-190611449	hs 2q32.2
chr15:93160848-93160789	hs 15q26.1
chr4:151502632-151502691	hs 4q31.3
chr22:26909864-26909923	hs 22q12.1
chr19:1274007-1274066	hs 19p13.3
chr17:78295199-78295258	hs 17q25.3
chr7:123175367-123175426	hs 7q31.32
chr12:109887019-109886960	hs 12q24.11
chr12:114987607-114987666	hs 12q24.21
chr17:44324761-44324820	hs 17q21.31
chr2:201342855-201342914	hs 2q33.1
chr2:241503363-241503422	hs 2q37.3
chr8:33405363-33405304	hs 8p12
chr6:111213970-111214029	hs 6q21
chr8:117955962-117956021	hs 8q24.11
chr6:160323470-160323529	hs 6q25.3
chr12:89746783-89746842	hs 12q21.33
chr2:111965992-111965933	hs 2q13
chr17:7760064-7760005	hs 17p13.1
chr8:96798769-96812776	hs 8q22.1
chr1:203188441-203188382	hs 1q32.1
chr20:58587699-58587758	hs 20q13.33
chrX:051666780-051666839	hs Xp11.22
chr5:137086624-137086565	hs 5q31.2
chr14:37146621-37146680	hs 14q13.3
chr2:9599689-9607836	hs 2p25.1
chr11:4159947-4160006	hs 11p15.4
chr2:201769662-201769721	hs 2q33.1
chr7:108962475-108962416	hs 7q31.1
chr17:75560919-75560978	hs 17q25.3
chr5:65375840-65375899	hs 5q12.3
chr17:73623320-73623261	hs 17q25.1
chr17:78973508-78973567	hs 17q25.3
chr10:127396032-127395973	hs 10q26.13
chr9:74481744-74477494	hs 9q21.13
chr8:99170489-99170548	hs 8q22.2
chr18:5236948-5236889	hs 18p11.31
chr14:32330340-32330399	hs 14q12
chr7:23530827-23530888	hs 7p15.3
chr2:201775834-201775775	hs 2q33.1
chr1:70715651-70715710	hs 1p31.1
chr10:15118665-15118724	hs 10p13

chr9:127577020-127577079	hs 9q33.3
chr2:239007826-239007885	hs 2q37.3
chr6:27102290-27102349	hs 6p22.1
chr21:46393155-46396628	hs 21q22.3
chr17_gl000205_random:45223-45282	
chrX:152865184-152865243	hs Xq28
chr2:97193739-97193680	hs 2q11.2
chr16:21668015-21668074	hs 16p12.2
chr11:62503254-62503313	hs 11q12.3
chr1:120285529-120285588	hs 1p12
chr16:031214716-031214775	hs 16p11.2
chr14:24848746-24848805	hs 14q12
chr14:73128643-73128584	hs 14q24.2
chr19:16763364-16763305	hs 19p13.11
chrX:54094874-54094815	hs Xp11.22
chr10:61411130-61411071	hs 10q21.2
chr1:203278454-203278513	hs 1q32.1
chrX:49645828-49645887	hs Xp11.23
chr18:23539058-23538999	hs 18q11.2
chr19:16663630-16663571	hs 19p13.11
chr11:108005883-108005942	hs 11q22.3
chr8:12286290-12286232	hs 8p23.1
chr1:153946666-153946725	hs 1q21.3
chr16:27301728-27301787	hs 16p12.1
chr17:17000529-17000588	hs 17p11.2
chr13:45911432-45911491	hs 13q14.13
chr2:6970158-6970099	hs 2p25.2
chr16:67580460-67580519	hs 16q22.1
chr17:26256670-26256611	hs 17q11.2
chr22:39067174-39069203	hs 22q13.1
chr16:68294900-68294959	hs 16q22.1
chr12:46781651-46781710	hs 12q13.11
chr5:140024696-140024754	hs 5q31.3
chr15:45385075-45385016	hs 15q21.1
chr9:132265817-132265758	hs 9q34.11
chrX:30848882-30848823	hs Xp21.2
chr11:012983354-012983295	hs 11p15.2
chr17:66251957-66252016	hs 17q24.2
chr9:32558933-32553909	hs 9p21.1
chr9:133072295-133072354	hs 9q34.11
chr1:206770531-206770472	hs 1q32.1
chr9:46744203-46744262	hs 9p11.2
chr17:57184952-57195343	hs 17q22
chr10:70453516-70453575	hs 10q21.3

chr4:982465-982406	hs 4p16.3
chr11:72004607-72004548	hs 11q13.4
chr9:32444251-32444192	hs 9p21.1
chr1:204391950-204391891	hs 1q32.1
chr11:8013379-8013670	hs 11p15.4
chr19:36487032-36487091	hs 19q13.12
chr9:42396424-42406729	hs 9p12
chr15:41799749-41799690	hs 15q15.1
chr4:106058774-106058715	hs 4q24
chr14:101419700-101419759	hs 14q32.31
chr6:11575817-11575876	hs 6p24.2
chr11:73008625-73008684	hs 11q13.4
chr9:100760959-100767303	hs 9q22.33
chr7:100305030-100305089	hs 7q22.1
chr16:31447051-31446992	hs 16p11.2
chr13:113564794-113564853	hs 13q34

chr2:127806001-127805942	hs 2q14.3
chr4:22329114-22329055	hs 4p15.2
chrX:71425169-71425110	hs Xq13.1
chr21:16337033-16336974	hs 21q11.2
chr1:162493055-162493114	hs 1q23.3
chr12:104480733-104480792	hs 12q23.3
chr9:35660283-35660224	hs 9p13.3
chr17:44841763-44841704	hs 17q21.31
chr6:149982442-149982383	hs 6q25.1
chr4:141310434-141310375	hs 4q31.1
chr4:170949842-170949901	hs 4q33
chr15:75212695-75212636	hs 15q24.2
chr6:4996277-4996218	hs 6p25.1
chr8:94358755-94358696	hs 8q22.1
chr1:144480832-144480774	hs 1q21.1
chr17:21436019-21435960	hs 17p11.2
chr22:22839041-22838982	hs 22q11.22
chr22:42833507-42833448	hs 22q13.2
chr1:204188069-204188010	hs 1q32.1
chr11:18387590-18387649	hs 11p15.1
chr2:233446105-233446164	hs 2q37.1
chr9:91608498-91608557	hs 9q22.1
chr3:112255415-112255356	hs 3q13.2
chr2:63086426-63091924	hs 2p15
chrX:41208627-41208686	hs Xp11.4
chr7:105891330-105891389	hs 7q22.3
chr2:98292046-98292105	hs 2q11.2

chr5:64782445-64782386	hs 5q12.3
chr18:47810087-47809888	hs 18q21.1
chr22:47075419-47075478	hs 22q13.31
chr11:47185932-47185873	hs 11p11.2
chr7:150389949-150390008	hs 7q36.1
chr19:45593948-45594007	hs 19q13.32
chr2:111991234-111982762	hs 2q13
chr16:47115839-47115780	hs 16q12.1
chr1:198918760-198918819	hs 1q32.1
chr12:32764149-32764208	hs 12p11.21
chr1:249141984-249141925	hs 1q44
chr8:21938685-21938900	hs 8p21.3
chr12:48399465-48399406	hs 12q13.11
chr22:42520486-42520545	hs 22q13.2
chr22:36585942-36585883	hs 22q12.3
chrX:7867118-7867059	hs Xp22.31
chr6:30260164-30260105	hs 6p22.1
chr7:99229296-99229355	hs 7q22.1
chr2:112005786-112005727	hs 2q13
chr19:4542955-4542896	hs 19p13.3
chr7:53626998-53626939	hs 7p12.1
chr15:28457630-28456272	hs 15q13.1
chr15:86302632-86302573	hs 15q25.3
chr15:49030758-49030699	hs 15q21.1
chr3:123349600-123349659	hs 3q21.1
chr2:182399600-182399659	hs 2q31.3
chr15:83518202-83518143	hs 15q25.2
chr9:6506080-6506139	hs 9p24.1
chr20:21337284-21338413	hs 20p11.22
chr20:62521922-62521981	hs 20q13.33
chr16:3169835-3169894	hs 16p13.3
chr1:214837308-214837367	hs 1q41
chr17:57774800-57774741	hs 17q23.1
chr21:15660784-15660843	hs 21q11.2
chr17:5290336-5290120	hs 17p13.2
chr3:122247356-122247297	hs 3q21.1
chrX:062517888-062517829	hs Xq11.1
chr19:49878312-49878371	hs 19q13.33
chr22:46454262-46454321	hs 22q13.31
chr22:43447881-43447822	hs 22q13.2
chr5:180274691-180274632	hs 5q35.3
chr5:7900491-7900549	hs 5p15.31
chr1:159994900-159994841	hs 1q23.2

chrY:14971489-14971548	hs Yq11.21
chr3:49845476-49845325	hs 3p21.31
chr3:10157471-10167336	hs 3p25.3
chr7:17831097-17831038	hs 7p21.1
chr12:54496380-54496439	hs 12q13.13
chr12:56664424-56664483	hs 12q13.3
chr20:5843746-5843805	hs 20p12.3
chr10:121398160-121398219	hs 10q26.11
chr1:228646192-228646251	hs 1q42.13
chr2:192815005-192814946	hs 2q32.3
chr7:140154344-140154285	hs 7q34
chr13:108922693-108922752	hs 13q33.3
chr1:77529022-77529081	hs 1p31.1
chr9:123556134-123556193	hs 9q33.2
chr10:38118448-38118389	hs 10p11.1
chr10:61548670-61548611	hs 10q21.2
chr1:38175149-38175208	hs 1p34.3
chr19:44662151-44662210	hs 19q13.31
chr11:823717-823658	hs 11p15.5
chr22:30812904-30812963	hs 22q12.2
chr16:28855134-28855075	hs 16p11.2
chr16:29917316-29917375	hs 16p11.2
chr3:151836381-151836322	hs 3q25.1
chr17:38290092-38290151	hs 17q21.1
chr19:57325766-57325707	hs 19q13.43
chrUn_gl000220:156050-156109	
chr8:131065549-131065490	hs 8q24.21
chr17:73001557-73001616	hs 17q25.1
chr4:140637604-140637545	hs 4q31.1
chr3:129274457-129274398	hs 3q22.1
chr8:2093070-2093129	hs 8p23.3
chr4:7738826-7738885	hs 4p16.1
chrX:119374102-119372059	hs Xq24
chr2:103150231-103150290	hs 2q12.1
chr4:79833009-79833068	hs 4q21.21
chr17:648204-648145	hs 17p13.3
chr2:220074557-220074498	hs 2q35
chr12:118582415-118582474	hs 12q24.23
chr17:8062851-8062792	hs 17p13.1
chr7:19958800-19958741	hs 7p21.1
chrX:77126365-77126306	hs Xq21.1
chrX:153630505-153630564	hs Xq28
chr6:41900519-41900578	hs 6p21.1
chr9:15464389-15464330	hs 9p22.3

chr11:34167990-34168049	hs 11p13
chr3:46450202-46450261	hs 3p21.31
chr2:231683360-231683419	hs 2q37.1
chr18:10742608-10742549	hs 18p11.22
chr1:33765985-33766044	hs 1p35.1
chr7:045854779-045854838	hs 7p12.3
chr7:30601501-30601442	hs 7p14.3
chr6:25620055-25620114	hs 6p22.2
chr16:12142258-12142317	hs 16p13.13
chr19:45397039-45397098	hs 19q13.32
chr17:55357314-55357373	hs 17q22
chr1:155175206-155175265	hs 1q22
chr2:11286837-11286896	hs 2p25.1
chr19:6378537-6378478	hs 19p13.3
chr19:50191630-50191689	hs 19q13.33
chrX:112018573-112018514	hs Xq23
chr19:58826633-58826692	hs 19q13.43
chr1:240071981-240072040	hs 1q43
chr20:18297262-18297321	hs 20p11.23
chr12:57422474-57422415	hs 12q13.3
chr13:45275093-45275152	hs 13q14.12
chr12:49920593-49920652	hs 12q13.12
chr8:21266955-21223174	hs 8p21.3
chr12:95365169-95365110	hs 12q22
chr1:165877122-165877181	hs 1q24.1
chr8:8093452-8094687	hs 8p23.1
chr6:135749806-135748426	hs 6q23.3
chr2:64727749-64727808	hs 2p14
chr10:30301839-30301780	hs 10p11.23
chr7:150642151-150642092	hs 7q36.1
chr13:112111461-112111402	hs 13q34
chr21:40562878-40562819	hs 21q22.2
chr2:74392464-74392405	hs 2p13.1
chr17:53039407-53039348	hs 17q22
chr8:027847456-027847515	hs 8p21.1
chr10:47762959-47763018	hs 10q11.22
chr8:133824058-133824117	hs 8q24.22
chr10:47769433-47769492	hs 10q11.22
chr21:33876263-33876322	hs 21q22.11
chr13:41383861-41383920	hs 13q14.11
chr10:124189516-124189575	hs 10q26.13
chr12:104157184-104157125	hs 12q23.3
chr11:1575341-1575282	hs 11p15.5
chr5:138614609-138614668	hs 5q31.2

chr6:39267288-39267229	hs 6p21.2
chr18:56416474-56416533	hs 18q21.32
chr4:154335985-154336044	hs 4q31.3
chr6:159692704-159692763	hs 6q25.3
chr15:82712199-82712258	hs 15q25.2
chr7:72717638-72717509	hs 7q11.23
chr17:44105489-44105548	hs 17q21.31
chr2:39477451-39477392	hs 2p22.1
chr22:30639720-30639661	hs 22q12.2
chr1:2500791-2500850	hs 1p36.32
chr5:110465700-110465759	hs 5q22.1
chr8:104432577-104432636	hs 8q22.3
chr19:21841228-21841287	hs 19p12
chr6:151358151-151358210	hs 6q25.1
chr20:61509639-61509580	hs 20q13.33
chr14:21820393-21820334	hs 14q11.2
chr16:71419509-71423668	hs 16q22.2
chr11:95712434-95712375	hs 11q21
chr21:21629509-21629450	hs 21q21.1
chr19:33795725-33795784	hs 19q13.11
chr19:12572600-12572541	hs 19p13.2
chr15:28356983-28356924	hs 15q13.1
chr2:162060063-162061201	hs 2q24.2
chr14:93358182-93359620	hs 14q32.12
chr17:34539776-34539835	hs 17q12
chr12:54090913-54090972	hs 12q13.13
chr17:33762291-33762232	hs 17q12
chr10:48157044-48157103	hs 10q11.22
chr11:38641346-38641287	hs 11p12
chr11:088161028-088161087	hs 11q14.2
chr14:101538514-101538455	hs 14q32.31
chr11:46342759-46342818	hs 11p11.2
chr14:106398326-106398385	hs 14q32.33
chr16:56381976-56382035	hs 16q12.2
chr4:57261568-57261509	hs 4q12
chr6:3257580-3257639	hs 6p25.2
chr15:100340350-100340291	hs 15q26.3
chr17:19261153-19251135	hs 17p11.2
chr11:117076653-117076594	hs 11q23.3
chr17:040800668-040800727	hs 17q21.2
chr1:54704650-54704709	hs 1p32.3
chr1:33407886-33404104	hs 1p35.1
chr3:186505479-186505538	hs 3q27.3
chr2:112227356-112227297	hs 2q13

chr6:36106750-36106809	hs 6p21.31
chr1:243264899-243264840	hs 1q43
chr5:060686671-060686612	hs 5q12.1
chr1:203840218-203840277	hs 1q32.1
chr20:32878215-32878156	hs 20q11.22
chr12:121458379-121458320	hs 12q24.31
chr12:68825700-68825641	hs 12q15
chr11:58722344-58722681	hs 11q12.1
chr14:24975737-24975678	hs 14q12
chr5:89810118-89810177	hs 5q14.3
chr10:89619015-89618956	hs 10q23.31
chr6:31626656-31626597	hs 6p21.33
chr17:60629675-60629734	hs 17q23.2
chr3:12574605-12574664	hs 3p25.2
chr7:63544858-63544917	hs 7q11.21
chr1:156316711-156316770	hs 1q22
chr13:67806008-67806067	hs 13q21.32
chr5:52409064-52409123	hs 5q11.2
chr4:104027398-104027339	hs 4q24
chr20:33173301-33173242	hs 20q11.22
chr19:54629959-54631473	hs 19q13.42
chr19:11646655-11646714	hs 19p13.2
chr12:14927815-14927874	hs 12p12.3
chr1:220971296-220971355	hs 1q41
chr8:59494885-59494944	hs 8q12.1
chr9:69174282-69174223	hs 9q21.11
chr20:3018788-3018847	hs 20p13
chr5:150088924-150088865	hs 5q33.1
chr1:43917493-43917354	hs 1p34.2
chr12:7015743-7015802	hs 12p13.31
chr2:220151526-220151585	hs 2q35
chr1:949567-949626	hs 1p36.33
chr2:37870802-37870743	hs 2p22.2
chr6:31692542-31692601	hs 6p21.33
chr8:28203450-28203391	hs 8p21.1
chr12:133360513-133360454	hs 12q24.33
chr3:128199606-128199547	hs 3q21.3
chrX:76778809-76778750	hs Xq21.1
chr8:26252758-26252817	hs 8p21.2
chr19:53715159-53715218	hs 19q13.42
chr11:108811424-108811483	hs 11q22.3
chr14:23597288-23597229	hs 14q11.2
chr15:42061855-42061914	hs 15q15.1
chr6:108363318-108363259	hs 6q21

chr5:98106843-98106784	hs 5q15
chr2:231751276-231751335	hs 2q37.1
chr9:132643770-132643829	hs 9q34.11
chr13:50594618-50594677	hs 13q14.2
chr14:37149829-37149770	hs 14q13.3
chr2:97501062-97501121	hs 2q11.2
chr6:31556758-31556699	hs 6p21.33
chr2:220047524-220047583	hs 2q35
chr7:2567971-2568030	hs 7p22.3
chr1:2482526-2482467	hs 1p36.32
chr19:11275104-11275045	hs 19p13.2
chr20:57485083-57485394	hs 20q13.32
chr8:28622623-28622682	hs 8p21.1
chr19:56889162-56889221	hs 19q13.43
chrX:118920597-118920538	hs Xq24
chr2:239133900-239133841	hs 2q37.3
chr15:75142889-75141018	hs 15q24.1
chr11:5687290-5687231	hs 11p15.4
chr9:127284763-127284704	hs 9q33.3
chr7:55841079-55841138	hs 7p11.2
chr5:137522081-137522804	hs 5q31.2
chr8:87479267-87479326	hs 8q21.3
chr5:50129844-50130785	hs 5q11.1
chr15:63353441-63354441	hs 15q22.2
chr16:1751289-1751348	hs 16p13.3

chr19:51162508-51162567	hs 19q13.33
chr10:5005636-5005695	hs 10p15.1
chr17:15341444-15341385	hs 17p12
chr1:247348922-247348981	hs 1q44
chrX:016492298-016492239	hs Xp22.2
chr5:442804-442745	hs 5p15.33
chr9:21865830-21865889	hs 9p21.3
chr22:26886072-26886131	hs 22q12.1
chr17:75478357-75478416	hs 17q25.3
chr10:105205498-105205557	hs 10q24.33
chr6:118028262-118028321	hs 6q22.1
chr14:100801100-100801041	hs 14q32.2
chr4:23769980-23770039	hs 4p15.2
chr15:39465180-39465239	hs 15q14
chr7:2768442-2768383	hs 7p22.3
chr17:21436018-21435959	hs 17p11.2
chr8:19315997-19315938	hs 8p21.3
chr14:75763169-75763228	hs 14q24.3

chr17:47300191-47300250	hs 17q21.32
chr9:141121547-141134122	hs 9q34.3
chr3:179483557-179483616	hs 3q26.33
chr12:57133111-57132284	hs 12q13.3
chr19:41898840-41898781	hs 19q13.2
chr12:280435-280494	hs 12p13.33
chr21:48022380-48022321	hs 21q22.3
chr1:10519308-10519367	hs 1p36.22
chr19:37641650-37641591	hs 19q13.12
chr17:30200435-30195111	hs 17q11.2
chr21:46684771-46684712	hs 21q22.3
chr20:62272003-62271944	hs 20q13.33
chr9:132264707-132264766	hs 9q34.11
chr9:119380715-119380656	hs 9q33.1
chr5:61681395-61681454	hs 5q12.1
chr20:61393800-61393860	hs 20q13.33
chr16:6427992-6428051	hs 16p13.3
chr8:36746755-36746814	hs 8p11.23
chr3:195367181-195367240	hs 3q29
chr2:218223-218164	hs 2p25.3
chr5:1043596-1043655	hs 5p15.33
chr4:140640536-140640477	hs 4q31.1
chr18:056337300-056337241	hs 18q21.32
chr11:111653292-111653233	hs 11q23.1
chr9:136519773-136519714	hs 9q34.2
chr4:25279987-25280046	hs 4p15.2
chr7:23682719-23682778	hs 7p15.3
chr17:3907936-3907877	hs 17p13.2
chr10:105352243-105352302	hs 10q24.33
chr7:150323214-150323155	hs 7q36.1
chr7:151817927-151817986	hs 7q36.1
chr6:32862270-32862329	hs 6p21.32
chr19:57956666-57956725	hs 19q13.43
chr10:27024507-27031483	hs 10p12.1
chr15:74006791-74006850	hs 15q24.1
chr13:114583731-114583672	hs 13q34
chr7:5567240-5567181	hs 7p22.1
chr19:44679287-44679346	hs 19q13.31
chrX:135961540-135961481	hs Xq26.3
chr4:156632370-156632429	hs 4q32.1
chr1:154179830-154179771	hs 1q21.3
chr1:154305154-154306622	hs 1q21.3
chr17:40815474-40817505	hs 17q21.2
chr1:167759883-167759942	hs 1q24.2

chr14:50709230-50709171	hs 14q21.3
chr2:220072672-220072731	hs 2q35
chr14:23019503-23019562	hs 14q11.2
chr22:42479708-42479767	hs 22q13.2
chr3:13358515-13358456	hs 3p25.1
chr6:5186896-5186837	hs 6p25.1
chr19:4360629-4360570	hs 19p13.3
chr1:175839854-175839795	hs 1q25.1
chr14:35857541-35857482	hs 14q13.2
chr16:27244420-27244361	hs 16p12.1
chr8:42608298-42608239	hs 8p11.21
chr5:42991256-42991197	hs 5p12
chr10:21702370-21702311	hs 10p12.31
chr1:197703243-197703184	hs 1q31.3
chr18:74718073-74718014	hs 18q23
chr5:178507837-178507778	hs 5q35.3
chr14:73425506-73425565	hs 14q24.2
chr11:67203521-67203462	hs 11q13.2
chr9:138687062-138687121	hs 9q34.3
chr4:041363168-041363109	hs 4p13
chr8:96257270-96257211	hs 8q22.1
chr8:22447120-22447179	hs 8p21.3
chr1:68153371-68153430	hs 1p31.3
chr17:7481719-7481778	hs 17p13.1
chr1:46830607-46830666	hs 1p33
chr16:29476353-29476294	hs 16p11.2
chr9:126214622-126214563	hs 9q33.3
chr11:10900760-10900819	hs 11p15.3
chr12:123780560-123780501	hs 12q24.31
chr16:2303753-2303694	hs 16p13.3
chr6:35438062-35438121	hs 6p21.31
chr3:175523323-175523382	hs 3q26.31
chr12:129298442-129298383	hs 12q24.32
chr2:114368431-114368372	hs 2q13
chr1:93804009-93803950	hs 1p22.1
chr7:74160530-74160589	hs 7q11.23
chr1:36389840-36389899	hs 1p34.3
chr14:22539411-22539470	hs 14q11.2
chr17:65373857-65373916	hs 17q24.2
chr16:11980343-11979088	hs 16p13.13
chr6:160527114-160527173	hs 6q25.3
chr11:62284928-62284869	hs 11q12.3
chr9:104152509-104152450	hs 9q31.1
chr22:36722673-36722614	hs 22q12.3

chr1:25549021-25548962	hs 1p36.11
chr2:48135215-48135274	hs 2p16.3
chr15:31233472-31233413	hs 15q13.3
chr10:103369350-103369409	hs 10q24.32
chr4:144481291-144493614	hs 4q31.21
chr2:161129085-161129026	hs 2q24.2
chr1:76252775-76252834	hs 1p31.1
chr1:156399325-156399266	hs 1q22
chr6:133065225-133065166	hs 6q23.2
chr15:69096922-69096863	hs 15q23
chrX:99884342-99884283	hs Xq22.1
chr2:11916259-11916318	hs 2p25.1
chr6:109308536-109308477	hs 6q21
chr1:65157944-65158003	hs 1p31.3
chr11:122929537-122929478	hs 11q24.1
chr19:28284453-28284512	hs 19q11
chr1:116997835-116997776	hs 1p13.1
chr19:17003871-17003812	hs 19p13.11
chr20:31136419-31136360	hs 20q11.21
chr16:46695648-46694523	hs 16q11.2
chr20:13370757-13370698	hs 20p12.1
chr7:30601561-30601502	hs 7p14.3
chrUn_gl000222:86032-86091	
chr12:131623774-131623833	hs 12q24.33
chr2:65314287-65314228	hs 2p14
chr19:15226024-15225965	hs 19p13.12
chr16:86774012-86774071	hs 16q24.1
chr3:195438612-195438671	hs 3q29
chr15:25279378-25279437	hs 15q11.2
chr6:159460015-159459956	hs 6q25.3
chr1:100730660-100729565	hs 1p21.2
chrX:73048929-73048988	hs Xq13.2
chrX:38143761-38143702	hs Xp11.4
chr2:109473349-109473408	hs 2q12.3
chr8:103541851-103541910	hs 8q22.3
chr6:109107021-109106962	hs 6q21
chr5:74065128-74065187	hs 5q13.3
chr21:45642999-45642940	hs 21q22.3
chr17:47489150-47489091	hs 17q21.33
chr10:1063404-1063463	hs 10p15.3
chr19:4449885-4449944	hs 19p13.3
chr12:54849804-54849745	hs 12q13.13
chr2:74908466-74908525	hs 2p13.1
chr5:40834588-40834324	hs 5p13.1

chr5:137621299-137621240	hs 5q31.2
chr16:75661852-75661793	hs 16q23.1
chr1:11116125-11115982	hs 1p36.22
chr6:73905075-73905134	hs 6q13
chr2:221801795-221747491	hs 2q36.1
chr11:89933613-89933582	hs 11q14.3
chr2:66667364-66667423	hs 2p14
chr8:27316844-27316903	hs 8p21.2
chr7:1548947-1548357	hs 7p22.3
chr1:31821677-31821736	hs 1p35.2
chr2:68689832-68689773	hs 2p13.3
chr9:130819626-130819567	hs 9q34.11
chrX:2761323-2761382	hs Xp22.33
chr20:39315666-39315607	hs 20q12
chr14:101434462-101434521	hs 14q32.31
chr22:18761240-18761202	hs 22q11.21
chr2:74376098-74376157	hs 2p13.1
chr12:46752769-46752710	hs 12q13.11
chr9:21968098-21968039	hs 9p21.3
chr11:27360176-27360117	hs 11p14.1
chr5:012794301-012794242	hs 5p15.2
chr7:101286790-101286849	hs 7q22.1
chr15:089346503-089346562	hs 15q26.1
chr1:243456514-243468066	hs 1q43
chr19:58376178-58376237	hs 19q13.43
chr4:48490973-48491032	hs 4p11
chr1:237144782-237144841	hs 1q43
chr22:20992956-20992718	hs 22q11.21
chr5:61897649-61923013	hs 5q12.1
chr9:34648451-34648510	hs 9p13.3
chr8:22279836-22279895	hs 8p21.3
chr9:71687853-71687912	hs 9q21.11
chr17:27049611-27049670	hs 17q11.2
chr21:47557213-47557154	hs 21q22.3
chr15:35147853-35147794	hs 15q14
chr2:121052201-121052260	hs 2q14.2
chr7:52233018-52232959	hs 7p12.1
chr22:42776472-42776413	hs 22q13.2
chr19:4033470-4033529	hs 19p13.3
chr12:31226147-31213664	hs 12p11.21
chr16:848114-848055	hs 16p13.3
chr5:68739750-68739809	hs 5q13.2
chr1:113253152-113253093	hs 1p13.2
chr11:124967267-124967208	hs 11q24.2

chr2:25456474-25456415	hs 2p23.3
chr9:133579095-133579154	hs 9q34.12
chr15:84287094-84287153	hs 15q25.2
chr17:21436078-21436019	hs 17p11.2
chr7:149260687-149260628	hs 7q36.1
chr5:134346067-134346126	hs 5q31.1
chr9:14120505-14120446	hs 9p23
chr11:2966668-2966609	hs 11p15.4
chr9:129453279-129453338	hs 9q33.3
chr19:50882329-50882388	hs 19q13.33
chr3:111445734-111445793	hs 3q13.2
chr8:143276279-143276220	hs 8q24.3
chr6:160517125-160517184	hs 6q25.3
chr1:243219647-243219616	hs 1q43
chr1:53680117-53680058	hs 1p32.3
chr11:47594090-47594031	hs 11p11.2
chr13:52507094-52507035	hs 13q14.3
chr7:100485375-100485434	hs 7q22.1
chr5:162871009-162871068	hs 5q34
chr17:71280269-71280210	hs 17q25.1
chr11:790555-790496	hs 11p15.5
chr13:45944258-45944317	hs 13q14.13
chr15:91505419-91505478	hs 15q26.1
chr17:27030606-27030547	hs 17q11.2
chr19:48790154-48790213	hs 19q13.33
chr8:22272367-22273292	hs 8p21.3
chr2:232320803-232320862	hs 2q37.1
chr22:25844171-25844230	hs 22q11.23
chr19:19420980-19420921	hs 19p13.11
chr7:56007983-56008042	hs 7p11.2
chr10:101941285-101941344	hs 10q24.31
chr6:134303728-134303787	hs 6q23.2
chr17:20140333-20140392	hs 17p11.2
chr11:129104412-129104353	hs 11q24.3
chr17:74467037-74466978	hs 17q25.1
chr1:152957897-152957956	hs 1q21.3
chr9:130630712-130630653	hs 9q34.11
chr20:62152934-62152993	hs 20q13.33
chr4:103183010-103182951	hs 4q24
chr20:62189535-62189476	hs 20q13.33
chr3:142841583-142841642	hs 3q24
chr9:125866353-125866412	hs 9q33.3
chr1:93803884-93803825	hs 1p22.1
chr14:103603617-103603676	hs 14q32.32

chrX:49105691-49105996	hs Xp11.23
chr21:46475990-46475931	hs 21q22.3
chr3:72424889-72424830	hs 3p13
chr6:058245303-058245362	hs 6p11.2
chr19:49993745-49993510	hs 19q13.33
chr22:29886587-29886646	hs 22q12.2
chr2:74720827-74720886	hs 2p13.1
chr1:205758434-205758375	hs 1q32.1
chr11:57507794-57507853	hs 11q12.1
chr17:28795047-28795106	hs 17q11.2
chr18:3278058-3278117	hs 18p11.31
chr1:150768912-150768853	hs 1q21.3
chr12:27124794-27124735	hs 12p11.23
chr22:40432474-40432533	hs 22q13.1
chr13:114548583-114548642	hs 13q34
chr15:26298197-26298256	hs 15q12
chr6:116879677-116879736	hs 6q22.1
chr10:127703502-127703443	hs 10q26.2
chr18:2804753-2804812	hs 18p11.32
chr2:178402806-178402865	hs 2q31.2
chr11:57317688-57317747	hs 11q12.1
chr6:86323723-86323693	hs 6q14.3
chr5:150561538-150561479	hs 5q33.1
chr21:030370029-030369970	hs 21q21.3
chr1:53361964-53361905	hs 1p32.3
chr22:31740430-31740371	hs 22q12.2
chr10:93273969-93274028	hs 10q23.32
chr6:125621739-125614053	hs 6q22.31
chrY:1458451-1458392	hs Yp11.32
chr1:2002740-2002799	hs 1p36.33
chr18:74690971-74690912	hs 18q23
chr1:28661889-28661948	hs 1p35.3
chr11:63678786-63678727	hs 11q13.1
chr6:160898166-160887996	hs 6q25.3
chrX:92966744-92966803	hs Xq21.32
chr7:79100338-79100397	hs 7q21.11
chr19:18316296-18316355	hs 19p13.11
chr3:137958316-137958375	hs 3q22.3
chr17:41363202-41363261	hs 17q21.31
chr4:123283212-123283271	hs 4q27
chr2:123224344-123229226	hs 2q14.3
chr1:45794060-45794119	hs 1p34.1
chrX:152243111-152243170	hs Xq28
chr5:88016876-88016817	hs 5q14.3

chrUn_gl000214:49700-49759	
chr13:113752718-113752777	hs 13q34
chr2:161777550-161777491	hs 2q24.2
chr8:136569736-136569795	hs 8q24.23
chr10:46744999-46744940	hs 10q11.22
chr1:243327622-243327563	hs 1q43
chr1:90152110-90152169	hs 1p22.2
chr4:99806203-99806144	hs 4q23
chr20:62671072-62671131	hs 20q13.33
chr17:71167722-71167781	hs 17q25.1
chr21:36231846-36231787	hs 21q22.12
chr17:72310953-72311012	hs 17q25.1
chr11:67658752-67658811	hs 11q13.2
chr1:242048717-242048776	hs 1q43
chr8:52863165-52863224	hs 8q11.23
chr8:75946730-75946789	hs 8q21.11
chr1:94995139-94995080	hs 1p21.3
chr21:40887038-40887097	hs 21q22.2
chr5:132096920-132096861	hs 5q31.1
chr3:39180309-39180368	hs 3p22.2
chr11:057344201-057344142	hs 11q12.1
chr9:2192841-2192900	hs 9p24.3
chr10:43691966-43691700	hs 10q11.21
chr22:27053559-27053618	hs 22q12.1
chr9:37501711-37501770	hs 9p13.2
chr2:97513892-97513833	hs 2q11.2
chr17:79687525-79687584	hs 17q25.3
chr10:30569075-30569016	hs 10p11.23
chr4:4562397-4562338	hs 4p16.2
chr9:139997703-139997762	hs 9q34.3
chr2:37430001-37429942	hs 2p22.2
chr11:89660180-89660239	hs 11q14.3
chr4:22728644-22728703	hs 4p15.2
chr11:111965866-111965925	hs 11q23.1
chr8:145722802-145722743	hs 8q24.3
chr18:42257492-42257433	hs 18q12.3
chr7:063232261-063232202	hs 7q11.21
chr1:23885725-23885666	hs 1p36.12
chr6:42196111-42196052	hs 6p21.1
chr17:18833954-18834013	hs 17p11.2
chr17:19481868-19481927	hs 17p11.2
chr11:47681302-47681243	hs 11p11.2
chr13:113752331-113752390	hs 13q34
chr1:85743396-85743455	hs 1p22.3

chr4:184018294-184018235	hs 4q35.1
chr7:123514855-123516817	hs 7q31.32
chr9:109773650-109773709	hs 9q31.2
chr6:25081948-25081889	hs 6p22.3
chr2:74380947-74381006	hs 2p13.1
chr1:120904981-120905040	hs 1p11.2
chr7:73815837-73815896	hs 7q11.23
chr17:71746683-71746624	hs 17q25.1
chr5:147646579-147646638	hs 5q32
chr2:136482502-136482561	hs 2q21.3
chr9:117408425-117408484	hs 9q32
chr10:43009403-43009344	hs 10q11.21
chr19:47139691-47139632	hs 19q13.32
chr10:22199392-22199333	hs 10p12.31
chr11:111941220-111941161	hs 11q23.1
chr3:48510286-48510227	hs 3p21.31
chr15:45366186-45366245	hs 15q21.1
chr15:83654052-83653993	hs 15q25.2
chr17:5082968-5082909	hs 17p13.2
chr2:130832768-130832709	hs 2q21.1
chr9:98209293-98209234	hs 9q22.32
chr19:019946094-019946153	hs 19p13.11
chr19:6750570-6750629	hs 19p13.3
chr3:122578943-122579002	hs 3q21.1
chr14:52196628-52196687	hs 14q22.1
chr1:29522753-29522510	hs 1p35.3
chr4:122740054-122739995	hs 4q27
chr11:033903794-033903735	hs 11p13
chr6:71212478-71232258	hs 6q13
chr9:113065860-113065801	hs 9q31.3
chr17:60493612-60493671	hs 17q23.2
chr11:22646292-22646233	hs 11p14.3
chr4:95376475-95376534	hs 4q22.3
chr14:101295974-101296033	hs 14q32.2
chr17:72540937-72540878	hs 17q25.1
chr21:34635969-34636028	hs 21q22.11
chr1:36805373-36805314	hs 1p34.3
chr8:94822080-94827556	hs 8q22.1
chr15:34520664-34520723	hs 15q14
chr11:65658775-65658834	hs 11q13.1
chr2:228422219-228422278	hs 2q36.3
chr17:46105838-46103783	hs 17q21.32
chr3:185635336-185635277	hs 3q27.2
chr12:12940330-12940389	hs 12p13.1

chr21:19165778-19165719	hs 21q21.1
chr20:9461356-9461415	hs 20p12.2
chr20:62731089-62731148	hs 20q13.33
chr16:33347330-33347271	hs 16p11.2
chr12:120535066-120535125	hs 12q24.23
chr1:178459243-178459184	hs 1q25.2
chr3:46062985-46062926	hs 3p21.31
chr12:042876894-042876953	hs 12q12
chr10:116593165-116593224	hs 10q25.3
chr16:31437568-31437627	hs 16p11.2
chr15:66629272-66629213	hs 15q22.31
chr7:44100381-44100440	hs 7p13
chrY:2970203-2970262	hs Yp11.31
chr21:34402833-34402774	hs 21q22.11
chr15:75212707-75212648	hs 15q24.2
chr7:130737303-130737244	hs 7q32.3
chr11:67261724-67261492	hs 11q13.2
chr11:78154745-78152143	hs 11q14.1
chr19:39692461-39692520	hs 19q13.2
chr5:180777180-180777239	hs 5q35.3
chr7:156555868-156555809	hs 7q36.3
chr13:19415809-19415750	hs 13q11
chr11:64571867-64571808	hs 11q13.1
chr19:37619928-37619987	hs 19q13.12
chr8:62775111-62775170	hs 8q12.3
chr13:49282897-49282956	hs 13q14.2
chr8:144102816-144103007	hs 8q24.3
chr20:61892908-61892967	hs 20q13.33
chr17:71166803-71166862	hs 17q25.1
chr5:148405462-148405403	hs 5q32
chr3:185693734-185693793	hs 3q27.2
chr17:25974458-25975920	hs 17q11.2
chr9:140287094-140287035	hs 9q34.3
chr17:695542-695601	hs 17p13.3
chr15:28463715-28463656	hs 15q13.1
chr19:3491420-3491361	hs 19p13.3
chr10:11973778-11973719	hs 10p14
chr16:2094667-2093705	hs 16p13.3
chr2:162267829-162267888	hs 2q24.2
chr9:19376365-19376306	hs 9p22.1
chr18:28651609-28650796	hs 18q12.1
chr7:149128545-149128486	hs 7q36.1
chr12:53215380-53215321	hs 12q13.13
chr10:104162436-104162377	hs 10q24.32

chr2:112875989-112876048	hs 2q13
chr11:47185868-47185927	hs 11p11.2
chr11:126220169-126220110	hs 11q24.2
chr20:58422436-58422495	hs 20q13.33
chr10:62552004-62553650	hs 10q21.2
chr9:91992983-91992924	hs 9q22.2
chr12:52642590-52642649	hs 12q13.13
chr9:116026107-116026166	hs 9q32
chr12:131782175-131781568	hs 12q24.33
chr4:110474554-110474495	hs 4q25
chr19:46718017-46718076	hs 19q13.32
chr5:55831072-55831013	hs 5q11.2
chr12:32898016-32898075	hs 12p11.21
chr16:88780105-88780164	hs 16q24.3
chr16:57287470-57287529	hs 16q13
chr14:68056700-68056641	hs 14q24.1
chr17:15767409-15767468	hs 17p12
chr19:49513849-49514295	hs 19q13.33
chr1:149879300-149878398	hs 1q21.2
chr9:127624207-127623794	hs 9q33.3
chr2:202136256-202136315	hs 2q33.1
chr15:40686247-40686306	hs 15q15.1
chr6:27730871-27730930	hs 6p22.1
chr13:20439082-20439141	hs 13q12.11
chr3:108677414-108677355	hs 3q13.13
chr1:152538372-152538313	hs 1q21.3
chr16:10721420-10721361	hs 16p13.13
chr1:243716200-243716141	hs 1q44
chr7:44111921-44111862	hs 7p13
chr16:87731363-87731422	hs 16q24.2
chr22:39079816-39079875	hs 22q13.1
chr14:73426110-73426169	hs 14q24.2
chr19:1877600-1877541	hs 19p13.3
chr2:135180478-135185982	hs 2q21.3
chr1:2481539-2481480	hs 1p36.32
chr2:74362402-74362461	hs 2p13.1
chr1:218340108-218340167	hs 1q41
chr11:65192209-65192268	hs 11q13.1
chr14:53521323-53521264	hs 14q22.1
chr11:46726324-46726383	hs 11p11.2
chr6:11990634-11990576	hs 6p24.1
chr9:034224352-034224293	hs 9p13.3
chr5:177022392-177022451	hs 5q35.3
chr8:96313414-96812776	hs 8q22.1

chr18:52556632-52556691	hs 18q21.2
chr2:25258365-25258424	hs 2p23.3
chr9:136335820-136335879	hs 9q34.2
chr10:103990006-103989947	hs 10q24.32
chr3:49760101-49760042	hs 3p21.31
chr2:97525582-97525523	hs 2q11.2
chr5:40843751-40843810	hs 5p13.1
chr3:119361062-119361003	hs 3q13.33
chr1:045282630-045282689	hs 1p34.1
chr16:32077490-32077549	hs 16p11.2
chr1:158778274-158778215	hs 1q23.1
chr3:48885823-48885882	hs 3p21.31
chr7:148922180-148922239	hs 7q36.1
chr2:95540731-95541379	hs 2q11.1
chr9:3674579-3674638	hs 9p24.2
chr3:178938816-178938875	hs 3q26.32
chr14:070699013-070699072	hs 14q24.2
chr3:45719740-45719681	hs 3p21.31
chr1:48771530-48771471	hs 1p33
chr8:12941781-12941722	hs 8p22
chr11:89727348-89727289	hs 11q14.3
chr9:134166773-134166832	hs 9q34.13
chr4:138969122-138953639	hs 4q28.3
chr13:97999137-97999196	hs 13q32.1
chr17:264081-264140	hs 17p13.3
chr3:188597359-188597418	hs 3q28
chr2:219445439-219447728	hs 2q35
chr1:78482033-78482092	hs 1p31.1
chr1:9788305-9788364	hs 1p36.22
chr17:76841031-76841090	hs 17q25.3
chr3:075789929-075789988	hs 3p12.3
chr19:53716797-53716856	hs 19q13.42
chr1:61005980-61005921	hs 1p32.1
chr10:99627719-99627778	hs 10q24.2
chr12:120635201-120635142	hs 12q24.23
chr10:120795387-120795328	hs 10q26.11
chr7:138089164-138089105	hs 7q33
chr2:38231143-38231293	hs 2p22.2
chr17:62850492-62850488	hs 17q24.1
chr14:48234839-48234780	hs 14q21.3
chr14:88553392-88553451	hs 14q31.3
chr2:27560411-27560470	hs 2p23.3
chr3:52771728-52771669	hs 3p21.1
chr17:4690387-4690328	hs 17p13.2

chr11:95564793-95564852	hs 11q21
chrX:133945073-133945132	hs Xq26.3
chr4:84015842-84012077	hs 4q21.22
chr9:137000904-137000963	hs 9q34.2
chr18:59712556-59712497	hs 18q21.33
chr1:243328028-243328087	hs 1q43
chr9:135786685-135786626	hs 9q34.13
chr5:89781367-89781426	hs 5q14.3
chr7:150095660-150095719	hs 7q36.1
chr12:54472968-54472909	hs 12q13.13
chr14:23393907-23393848	hs 14q11.2
chr13:34409294-34409353	hs 13q13.2
chr11:108018009-108018068	hs 11q22.3
chr1:212788502-212788561	hs 1q32.3
chr5:74323839-74323780	hs 5q13.3
chr1:32670466-32670407	hs 1p35.1
chr19:36505796-36505737	hs 19q13.12
chr16:863802-863861	hs 16p13.3
chr18:1269322-1269263	hs 18p11.32
chr10:3916415-3916356	hs 10p15.1
chr12:32892958-32893017	hs 12p11.21
chrX:55681147-55681119	hs Xp11.21
chr22:31302848-31302907	hs 22q12.2
chr1:65694099-65694158	hs 1p31.3
chr3:47898949-47896820	hs 3p21.31
chr19:45864874-45864815	hs 19q13.32
chrX:55035564-55035505	hs Xp11.21
chr16:75633770-75633711	hs 16q23.1
chr19:35651651-35655064	hs 19q13.12
chr7:150771553-150771798	hs 7q36.1
chr18:72259196-72259137	hs 18q22.3
chr6:40239563-40239504	hs 6p21.2
chr6:74229681-74229740	hs 6q13
chr19:55966402-55964743	hs 19q13.42

chr12:54972858-54972917	hs 12q13.2
chr4:143778895-143778954	hs 4q31.21
chr1:21219913-21219854	hs 1p36.12
chr10:99437351-99437292	hs 10q24.2
chr5:177576527-177576468	hs 5q35.3
chr22:30426759-30426818	hs 22q12.2
chr3:3171928-3171987	hs 3p26.2
chr9:88880440-88880381	hs 9q21.33
chr13:111947421-111947480	hs 13q34

chr12:125497122-125497181	hs 12q24.31
chr9:90581618-90581559	hs 9q22.1
chr12:50383073-50383014	hs 12q13.12
chrX:73167114-73167173	hs Xq13.2
chr2:231134638-231135329	hs 2q37.1
chr2:158181242-158181183	hs 2q24.1
chr1:118496308-118496288	hs 1p12
chr12:110386508-110386449	hs 12q24.11
chr2:233592754-233592695	hs 2q37.1
chr14:56043983-56043924	hs 14q22.3
chr1:27223968-27223909	hs 1p36.11
chr9:132251372-132251431	hs 9q34.11
chr20:005476124-005476065	hs 20p12.3
chr7:5352703-5352644	hs 7p22.1
chr14:65236444-65236385	hs 14q23.3
chr5:41730530-41730471	hs 5p13.1
chr2:139659396-139659337	hs 2q22.1
chr2:210444054-210444113	hs 2q34
chr15:102304301-102304242	hs 15q26.3
chr8:6360349-6360290	hs 8p23.1
chr19:12912037-12911978	hs 19p13.2
chrX:133527626-133527959	hs Xq26.2
chr2:105197341-105197282	hs 2q12.1
chr18:33569988-33569929	hs 18q12.2
chr12:8509646-8509587	hs 12p13.31
chr7:142482228-142482287	hs 7q34
chr15:25265851-25265910	hs 15q11.2
chr14:25288249-25281886	hs 14q12
chr6:38545442-38545383	hs 6p21.2
chr6:30314558-30314617	hs 6p22.1
chr2:175213308-175213249	hs 2q31.1
chr5:55231193-55231134	hs 5q11.2
chr17:39190648-39190589	hs 17q21.2
chr14:104206483-104206424	hs 14q32.33
chr19:41931342-41931283	hs 19q13.2
chr14:23441306-23441247	hs 14q11.2
chr17:2227643-2227702	hs 17p13.3
chr1:193053711-193053770	hs 1q31.2
chr1:149857123-149857064	hs 1q21.2
chr6:44059949-44059890	hs 6p21.1
chr15:45353415-45357518	hs 15q21.1
chr2:239152876-239152817	hs 2q37.3
chr1:22974089-22974148	hs 1p36.12
chr16:56660883-56660942	hs 16q12.2

chr12:123465758-123465817	hs 12q24.31
chr15:23812919-23812978	hs 15q11.2
chr11:14899691-14899632	hs 11p15.2
chr7:065224954-065225013	hs 7q11.21
chr9:116818750-116818809	hs 9q32
chr2:16086767-16086826	hs 2p24.3
chr1:26160615-26160556	hs 1p36.11
chr11:67934074-67934015	hs 11q13.2
chr19:45452640-45452699	hs 19q13.32
chr2:199012843-199012902	hs 2q33.1
chr18:10540343-10546328	hs 18p11.22
chr12:100550425-100550366	hs 12q23.1
chr19:3595228-3595169	hs 19p13.3
chr1:222647359-222647300	hs 1q41
chr18:77227454-77227513	hs 18q23
chr10:100179822-100177976	hs 10q24.2
chr13:46918965-46918906	hs 13q14.13
chr12:110974621-110974562	hs 12q24.11
chr17:29912599-29912658	hs 17q11.2
chr7:32526885-32526826	hs 7p14.3
chr1:244572746-244572687	hs 1q44
chr6:31681695-31681636	hs 6p21.33
chr12:53584595-53584654	hs 12q13.13
chr4:74285342-74286015	hs 4q13.3
chr19:39321753-39308192	hs 19q13.2
chr19:12739507-12739566	hs 19p13.2
chr4:71569761-71569702	hs 4q13.3
chr16:23700970-23701212	hs 16p12.2
chr1:156564032-156564091	hs 1q23.1
chr22:19422372-19423174	hs 22q11.21
chr1:21268056-21267997	hs 1p36.12
chr15:76672292-76672233	hs 15q24.3
chr17:645638-645697	hs 17p13.3
chr11:61736625-61736684	hs 11q12.3
chr19:44536717-44536773	hs 19q13.31
chr17:42154223-42154164	hs 17q21.31
chr14:101456437-101456496	hs 14q32.31
chr2:194142265-194142206	hs 2q32.3
chr11:63667435-63667494	hs 11q13.1
chr20:36147393-36147334	hs 20q11.23
chr1:169346119-169346178	hs 1q24.2
chr22:027089716-027089775	hs 22q12.1
chr1:111784040-111784882	hs 1p13.3
chr20:32250153-32250212	hs 20q11.22

chr20:8864945-8865004	hs 20p12.3
chrX:20146255-20146196	hs Xp22.12
chr6:28872413-28872354	hs 6p22.1
chr12:8509640-8509581	hs 12p13.31
chr17:45236838-45236779	hs 17q21.32
chr15:021163483-021163542	hs 15q11.2
chr19:55949046-55948987	hs 19q13.42
chr5:42801648-42801707	hs 5p12
chr13:99907259-99907200	hs 13q32.3
chr6:53362256-53362197	hs 6p12.1
chr2:19100610-19125136	hs 2p24.2
chr8:144916834-144916775	hs 8q24.3
chr15:77657560-77638950	hs 15q24.3
chr12:2998466-2998525	hs 12p13.33
chr17:39150112-39150053	hs 17q21.2
chr13:21875627-21875686	hs 13q12.11
chr20:30156928-30156987	hs 20q11.21
chr9:139726728-139726787	hs 9q34.3
chr14:035704538-035704597	hs 14q13.2
chr17:79862985-79862805	hs 17q25.3
chrX:30696155-30696214	hs Xp21.2
chr16:58193554-58193495	hs 16q21
chr3:196670329-196670388	hs 3q29
chr20:62560739-62560798	hs 20q13.33
chr12:7311467-7311526	hs 12p13.31
chr12:113537635-113537576	hs 12q24.13
chr15:84868369-84868428	hs 15q25.2
chr4:146080458-146080399	hs 4q31.21
chr5:464408-464467	hs 5p15.33
chr12:120882083-120882024	hs 12q24.31
chr22:37886506-37886447	hs 22q13.1
chr19:46984546-46984487	hs 19q13.32
chr17:38276890-38276831	hs 17q21.1
chr11:113236997-113237056	hs 11q23.2
chr1:159785953-159786012	hs 1q23.2
chr19:58357510-58357569	hs 19q13.43
chr9:33464935-33464159	hs 9p13.3
chr2:217537226-217537167	hs 2q35
chr2:61415089-61415148	hs 2p15
chr17:66533427-66533368	hs 17q24.2
chr6:145051508-145051567	hs 6q24.2
chr20:60963037-60963096	hs 20q13.33
chr2:203065870-203065811	hs 2q33.1
chr6:31647012-31646953	hs 6p21.33

chr1:161127456-161127942	hs 1q23.3
chr20:36146328-36146269	hs 20q11.23
chr7:130569135-130569076	hs 7q32.3
chr1:206941453-206941394	hs 1q32.1
chr9:111705064-111705005	hs 9q31.3
chrX:77302314-77302373	hs Xq21.1
chr11:66012003-66012062	hs 11q13.2
chr7:120936843-120936902	hs 7q31.31
chr22:50498007-50497948	hs 22q13.33
chr17:3566287-3566346	hs 17p13.2
chr16:59436546-59436487	hs 16q21
chr1:11983138-11983079	hs 1p36.22
chr14:86415493-86415552	hs 14q31.3
chr12:125396213-125396182	hs 12q24.31
chr9:95909433-95909983	hs 9q22.31
chr19:034080305-034080246	hs 19q13.11
chr5:180710531-180710590	hs 5q35.3
chr11:46695423-46695482	hs 11p11.2
chr8:128943034-128943093	hs 8q24.21
chr16:3454983-3455042	hs 16p13.3
chr17:43514868-43514809	hs 17q21.31
chr3:122821281-122821340	hs 3q21.1
chr2:235401768-235401709	hs 2q37.1
chr12:93802692-93802633	hs 12q22
chr1:93791443-93791384	hs 1p22.1
chr5:44747746-44746099	hs 5p12
chr17:45468886-45468945	hs 17q21.32
chr16:88775474-88775415	hs 16q24.3
chr2:120097484-120097425	hs 2q14.2
chr6:43971960-43972019	hs 6p21.1
chrX:153741249-153741190	hs Xq28
chr3:196263583-196263642	hs 3q29
chr15:84873659-84873600	hs 15q25.2
chr6:44219983-44220819	hs 6p21.1
chr7:68769105-68748128	hs 7q11.22
chr1:202849039-202848980	hs 1q32.1
chr21:37445281-37445340	hs 21q22.12
chr20:3063624-3063391	hs 20p13
chr8:82070890-82070946	hs 8q21.13
chr4:80899282-80899223	hs 4q21.21
chr6:16290766-16290825	hs 6p22.3
chr16:88037957-88038016	hs 16q24.2
chr11:125453433-125453492	hs 11q24.2
chr8:87165305-87165364	hs 8q21.3

chr19:11729303-11729362	hs 19p13.2
chr6:99879235-99879294	hs 6q16.2
chr7:97558056-97557605	hs 7q21.3
chr1:109817992-109818051	hs 1p13.3
chr19:10431850-10431791	hs 19p13.2
chr19:41523525-41523584	hs 19q13.2
chr2:120975203-120975144	hs 2q14.2
chr6:168445697-168445755	hs 6q27
chr17:49362719-49365438	hs 17q21.33
chr2:202700454-202712130	hs 2q33.1
chr7:149248769-149248002	hs 7q36.1
chr1:198662240-198662299	hs 1q31.3
chr21:47016848-47016907	hs 21q22.3
chr11:13732254-13732313	hs 11p15.2
chr1:229795276-229795335	hs 1q42.13
chr6:144184627-144184686	hs 6q24.2
chr14:69846976-69846917	hs 14q24.1
chr15:68500008-68499949	hs 15q23
chr5:76276813-76276872	hs 5q13.3
chr9:136217323-136217382	hs 9q34.2
chr1:23416979-23416920	hs 1p36.12
chr18:11488581-11488878	hs 18p11.21
chrX:47073739-47073798	hs Xp11.23
chr2:120861757-120861816	hs 2q14.2
chr11:8633658-8633599	hs 11p15.4
chr17:1477761-1477702	hs 17p13.3
chr3:37027665-37027606	hs 3p22.2
chr1:146032638-146032579	hs 1q21.1
chr20:44054702-44054761	hs 20q13.12
chr2:48758983-48759042	hs 2p16.3
chr11:124619655-124618652	hs 11q24.2
chr3:40330782-40330723	hs 3p22.1
chr5:70203787-70203846	hs 5q13.2
chr18:8974759-8980625	hs 18p11.22
chr11:55433513-55433572	hs 11q11
chr12:122233266-122233207	hs 12q24.31
chr2:9545927-9545868	hs 2p25.1
chr11:65544099-65544040	hs 11q13.1
chr15:043423226-043423167	hs 15q15.2
chr1:077165734-077165675	hs 1p31.1
chr1:120905128-120905069	hs 1p11.2
chr12:100559302-100559243	hs 12q23.1
chr4:8470009-8470068	hs 4p16.1
chr17:73753824-73753883	hs 17q25.1

chr17:17116193-17116134	hs 17p11.2
chr17:46210889-46210830	hs 17q21.32
chr19:50358243-50358302	hs 19q13.33
chr17:79791439-79791380	hs 17q25.3
chr14:102822196-102822137	hs 14q32.31
chr9:34402449-34402390	hs 9p13.3
chr16:46615134-46615075	hs 16q11.2
chr19:39874799-39874858	hs 19q13.2
chrY:10036168-10035807	hs Yp11.2
chr4_gl000194_random:54617-54558	
chr4:39458091-39458032	hs 4p14
chr6:43487252-43487311	hs 6p21.1
chr2:23621868-23621927	hs 2p24.1
chrX:49646597-49646656	hs Xp11.23
chr4:71847715-71847774	hs 4q13.3
chr19:22499726-22499785	hs 19p12
chr22:024285001-024285060	hs 22q11.23
chr10:10828665-10828608	hs 10p14
chr2:6869391-6869332	hs 2p25.2
chr3:170606975-170606916	hs 3q26.2
chr2:99185080-99189285	hs 2q11.2
chrX:040694958-040695017	hs Xp11.4
chr4:153717392-153717333	hs 4q31.3
chr10:91066613-91066672	hs 10q23.31
chr16:88601304-88601363	hs 16q24.2
chr20:30053368-30053309	hs 20q11.21
chr7:25163189-25163135	hs 7p15.3
chr13:48620499-48620558	hs 13q14.2
chr9:138999681-138999622	hs 9q34.3
chr12:53849761-53853090	hs 12q13.13
chr20:34099581-34099640	hs 20q11.22
chr13:100517164-100518551	hs 13q32.3
chr20:62153440-62153499	hs 20q13.33
chr2:64812605-64812664	hs 2p14
chr2:122484915-122484856	hs 2q14.3
chr1:93744211-93744270	hs 1p22.1
chr8:86195965-86196024	hs 8q21.2
chr15:89174348-89174407	hs 15q26.1
chr3:127291992-127291933	hs 3q21.3
chr6:168276100-168276159	hs 6q27
chr6:158932662-158932721	hs 6q25.3
chr11:117872070-117872129	hs 11q23.3
chr1:17733553-17733494	hs 1p36.13
chr6:168291553-168291612	hs 6q27

chr1:156595457-156595516	hs 1q23.1
chr7:39773280-39773339	hs 7p14.1
chr16:4296327-4296268	hs 16p13.3
chr8:145675046-145674987	hs 8q24.3
chr6:131018682-131018741	hs 6q23.1
chr18:19209071-19209130	hs 18q11.2
chr19:19626985-19627044	hs 19p13.11
chr6:82553560-82553501	hs 6q14.1
chr5:149221927-149225368	hs 5q32
chr6:124676477-124979374	hs 6q22.31
chr6:144795835-144795894	hs 6q24.2
chr17:015347334-015347393	hs 17p12
chr12:54562288-54562347	hs 12q13.13
chr1:166823328-166823387	hs 1q24.1
chr3:126260898-126260957	hs 3q21.3
chr7:143342842-143342783	hs 7q35
chr1:235093198-235093139	hs 1q42.3
chr3:129953432-129953491	hs 3q22.1
16]	
chr21:45862211-45862270	hs 21q22.3
chr12:122499758-122499817	hs 12q24.31
chr10:71393191-71393250	hs 10q22.1
chr7:92208653-92207671	hs 7q21.2
chr11:129734922-129734863	hs 11q24.3
chr19:40540162-40540103	hs 19q13.2
chr2:55470122-55467299	hs 2p16.1
chr20:49457165-49457214	hs 20q13.13
chr2:219528036-219528095	hs 2q35
chr12:112330780-112330839	hs 12q24.13
chrX:30739101-30746989	hs Xp21.2
chr7:937790-937731	hs 7p22.3
chrX:48344619-48344678	hs Xp11.23
chr12:112688911-112688852	hs 12q24.13
chr14:62211472-62211531	hs 14q23.2
chr20:2411583-2411642	hs 20p13
chr21:40196273-40196332	hs 21q22.2
chr1:000666117-000666176	hs 1p36.33
chr1:95448646-95448587	hs 1p21.3
chr2:038459340-038459399	hs 2p22.2
chr11:4620339-4620280	hs 11p15.4
chr10:73995557-73995616	hs 10q22.1
chr3:56762170-56762111	hs 3p14.3
chr5:150483193-150483134	hs 5q33.1
chr19:58917813-58917754	hs 19q13.43

chr21:31859568-31859509	hs 21q22.11
chr15:42063094-42063153	hs 15q15.1
chr15:52840062-52840003	hs 15q21.2
chr14:21927987-21927928	hs 14q11.2
chr17:49067859-49067223	hs 17q21.33
chr17:76162175-76162234	hs 17q25.3
chr11:123989295-123989354	hs 11q24.2
chr10:6167993-6167934	hs 10p15.1
chr2:201979592-201979533	hs 2q33.1
chr12:113426550-113426609	hs 12q24.13
chr9:15172034-15171975	hs 9p22.3
chr20:045113671-045113730	hs 20q13.12
chr2:242524073-242524014	hs 2q37.3
chr14:23421594-23420897	hs 14q11.2
chr22:21805554-21805613	hs 22q11.21
chr9:72333590-72333531	hs 9q21.12
chr12:26097863-26097803	hs 12p12.1
chr13:96325258-96325199	hs 13q32.1
chr1:214522273-214522214	hs 1q41
chr14:24787727-24787668	hs 14q12
chr1:16543682-16543623	hs 1p36.13
chr6:31382917-31382976	hs 6p21.33
chr1:85784533-85784474	hs 1p22.3
chr19:007982723-007982782	hs 19p13.2
chr4:78634645-78634586	hs 4q21.1
chr15:78462425-78462484	hs 15q25.1
chr12:8248816-8248875	hs 12p13.31
chr7:143557466-143557407	hs 7q35
chr10:60825493-60825552	hs 10q21.1
chr11:57296278-57296219	hs 11q12.1
chrY:10036241-10036182	hs Yp11.2
chr18:14179379-14179438	hs 18p11.21
chr1:115127288-115127229	hs 1p13.2
chr9:99252704-99252763	hs 9q22.32
chr20:17588567-17588626	hs 20p12.1
chr12:106897898-106897957	hs 12q23.3
403]	
chr11:65267547-65267488	hs 11q13.1
chr2:102984468-102984527	hs 2q12.1
chr19:48835676-48835617	hs 19q13.33
chr2:47301124-47301183	hs 2p21
chr6:86204891-86204950	hs 6q14.3
chr17:76399905-76399964	hs 17q25.3

chr17:66042658-66042717	hs 17q24.2
chr12:48437493-48437434	hs 12q13.11
chr19:42385356-42385415	hs 19q13.2
chr9:35684303-35684244	hs 9p13.3
chr5:137087151-137087092	hs 5q31.2
chr12:115026428-115026487	hs 12q24.21
chr12:111158224-111158165	hs 12q24.11
chr17:26205487-26205428	hs 17q11.2
chr19:49251325-49251268	hs 19q13.33
chr17:6556004-6556063	hs 17p13.1
chr1:180405277-180405336	hs 1q25.3
chr14:58838770-58838829	hs 14q23.1
chr10:97636366-97636307	hs 10q24.1
chr8:41787702-41787643	hs 8p11.21
chr2:111397340-111395699	hs 2q13
chr11:33182946-33182887	hs 11p13
chr1:13986185-13986126	hs 1p36.21
chr13:32977136-32977077	hs 13q13.1
chr19:10415538-10415479	hs 19p13.2
chr12:49184273-49184332	hs 12q13.12
chr11:123306328-123306387	hs 11q24.1
chr9:136217923-136217864	hs 9q34.2
chr22:39710135-39709699	hs 22q13.1
chr17:76187125-76193269	hs 17q25.3
chr1:144480846-144480787	hs 1q21.1
chr10:20578021-20581270	hs 10p12.31
chr1:62917270-62917329	hs 1p31.3
chr11:1011179-1011238	hs 11p15.5
chr15:65870605-65870664	hs 15q22.31

chr11:134585793-134585852	hs 11q25
chr5:139928822-139928881	hs 5q31.3
chr16:31102433-31102374	hs 16p11.2
chr3:50330448-50330389	hs 3p21.31
chr12:118573706-118564461	hs 12q24.23
chr15:22440666-22440607	hs 15q11.2
chr16:55846905-55846846	hs 16q12.2
chr19:21562040-21562099	hs 19p12
chr19:7834397-7834456	hs 19p13.2
chr13:50234979-50234920	hs 13q14.2
chrX:48927333-48927392	hs Xp11.23
chr14:102231782-102231841	hs 14q32.31
chr4:099877351-099877410	hs 4q23
chr7:135345181-135345240	hs 7q33

chr4:75168172-75168231	hs 4q13.3
chr19:18054407-18054466	hs 19p13.11
chr12:54763054-54762995	hs 12q13.13
chr6:170104142-170104083	hs 6q27
chr18:29203275-29203216	hs 18q12.1
chr8:22108244-22108303	hs 8p21.3
chr15:74032245-74032186	hs 15q24.1
chr2:231267562-231267621	hs 2q37.1
chr2:99813795-99813854	hs 2q11.2
chr2:89104903-89105876	hs 2p11.2
chr15:30433263-30433322	hs 15q13.2
chr17:61504717-61504776	hs 17q23.3
chrY:59347413-59347354	hs Yq12
chr9:4827278-4827337	hs 9p24.1
chr14:105236034-105235975	hs 14q32.33
chr10:46246932-46246992	hs 10q11.22
chr17:7163328-7163269	hs 17p13.1
chr6:32152880-32152821	hs 6p21.32
chr16:30535522-30535463	hs 16p11.2
chr2:220362985-220363044	hs 2q35
chrX:102156610-102156669	hs Xq22.1
chr2:217731135-217731076	hs 2q35
chr11:73965000-73965059	hs 11q13.4
chr7:819721-819780	hs 7p22.3
chr2:114344618-114344677	hs 2q13
chr17:62970744-62970685	hs 17q24.1
chr6:96034591-96034650	hs 6q16.1
chrX:73501599-73501540	hs Xq13.2
chr3:109185-109357	hs 3p26.3
chr2:203745644-203745585	hs 2q33.2
chr20:18123599-18123658	hs 20p11.23
chr10:75503476-75503417	hs 10q22.2
chr8:104255997-104255938	hs 8q22.3
chr8:12053883-12053942	hs 8p23.1
chr16:9857277-9857218	hs 16p13.2
chr1:158227237-158227296	hs 1q23.1
chr7:43992306-43992247	hs 7p13
chr16:31539912-31539971	hs 16p11.2
chr17:74466138-74466197	hs 17q25.1
chrX:123159708-123159767	hs Xq25
chr15:73044246-73044187	hs 15q24.1
chr7:96810787-96810846	hs 7q21.3
chr20:30780542-30780483	hs 20q11.21
chr7:130629632-130629573	hs 7q32.3

chr6:11138726-11138785	hs 6p24.2
chr21:31136183-31136242	hs 21q21.3
chr9:38375512-38375571	hs 9p13.2
chr22:38168627-38168686	hs 22q13.1
chr11:46418157-46418098 _024086]	hs 11p11.2
chr7:79088212-79088271	hs 7q21.11
chr7:17325979-17325920	hs 7p21.1
chr7:116558522-116558580	hs 7q31.2
chr1:57480698-57480639	hs 1p32.2
chr14:69255413-69255354	hs 14q24.1
chr4:174298478-174298537	hs 4q34.1
chr7:20455137-20455196	hs 7p21.1
chr1:27680362-27680421	hs 1p36.11
chr19:40871165-40871224	hs 19q13.2
chr15:42703986-42704045	hs 15q15.1
chr2:113890639-113890698	hs 2q13
chr12:101818354-101818413	hs 12q23.2
chr7:150144879-150144938	hs 7q36.1
chr4:89617523-89617464	hs 4q22.1
chr19:10945784-10945725	hs 19p13.2
chr22:50989288-50989347	hs 22q13.33
chr1:169356909-169356968	hs 1q24.2
chr20:3028653-3028712	hs 20p13
chr12:12982717-12982776	hs 12p13.1
chr22:31011742-31013343	hs 22q12.2
chr11:784095-784154	hs 11p15.5
chr10:62546632-62546691	hs 10q21.2
chr1:16861154-16861095	hs 1p36.13
chrX:147108056-147108115	hs Xq28
chr17:49248919-49248978	hs 17q21.33
chrX:040767312-040767371	hs Xp11.4
chr15:29409953-29410012	hs 15q13.1
chr22:35819307-35820178	hs 22q12.3
chr2:65250035-65250094	hs 2p14
chr2:7052650-7052591	hs 2p25.2
chr18:56068043-56068102	hs 18q21.31
chr12:121161131-121161190	hs 12q24.31
chr1:156109774-156109833	hs 1q22
chrX:72432731-72432672	hs Xq13.2
chr17:17150284-17150225	hs 17p11.2
chr19:11257912-11257853	hs 19p13.2
chrX:128580725-128580666	hs Xq25
chr7:150647043-150646984	hs 7q36.1

chr10:6628816-6628875	hs 10p14
chr6:39156880-39156821	hs 6p21.2
chr9:138380281-138380340	hs 9q34.3
chr6:74229732-74230734	hs 6q13
chr10:81451533-81451474	hs 10q22.3
chr3:018572042-018572101	hs 3p24.3
chr1:152770331-152770390	hs 1q21.3
chr1:160580059-160580000	hs 1q23.3
chr19:51321674-51321733	hs 19q13.33
chrX:71494164-71494105	hs Xq13.1
chr8:67834344-67834285	hs 8q13.1
chr19:37035624-37035565	hs 19q13.12
chr3:107004434-107004493	hs 3q13.12
chr14:67675068-67675127	hs 14q23.3
chr17:43723534-43723593	hs 17q21.31
chr18:058462067-058462008	hs 18q21.32
chr18:9284825-9284884	hs 18p11.22
chr17:21218464-21218523	hs 17p11.2
chrX:154488063-154488004	hs Xq28
chr5:864507-864448	hs 5p15.33
chr9:67784971-67784912	hs 9q13
chr19:42083633-42083692	hs 19q13.2
chr17:40175899-40175958	hs 17q21.2
chr16:21329853-21329912	hs 16p12.2
chr6:30611911-30611970	hs 6p21.33
chr2:191161659-191161600	hs 2q32.2
chr6:7882079-7882020	hs 6p24.3
chr7:108119645-108113078	hs 7q31.1
chr3:9911691-9911632	hs 3p25.3
chr6:2855885-2855826	hs 6p25.2
chr17:65736820-65736879	hs 17q24.2
chrX:13769427-13769486	hs Xp22.2
chr19:33469558-33469499	hs 19q13.11
5]	
chr19:54599098-54599039	hs 19q13.42
chr11:117156561-117156502	hs 11q23.3
chr7:141478615-141478674	hs 7q34
chr20:43379593-43379652	hs 20q13.12
chr10:118999536-118999477	hs 10q25.3
chr11:078133818-078133759	hs 11q14.1
chr3:125516634-125516693	hs 3q21.2
chr12:22354130-22354071	hs 12p12.1
chr14:23374100-23373493	hs 14q11.2
chr19:49653738-49653797	hs 19q13.33

chr1:201869056-201869115	hs 1q32.1
chr1:28218648-28218589	hs 1p35.3
chr6:99949874-99949815	hs 6q16.2
chr17:33594514-33594573	hs 17q12
chrX:150156573-150156632	hs Xq28
chr5:1050550-1050491	hs 5p15.33
chr12:11183401-11183342	hs 12p13.2
chr15:85116278-85116337	hs 15q25.2
chr5:55299329-55299388	hs 5q11.2
chrY:23313397-23313456	hs Yq11.223
chr10:6168065-6168006	hs 10p15.1
chr19:058918696-058918637	hs 19q13.43
chr1:100483334-100487963	hs 1p21.2
chrX:1517725-1517666	hs Xp22.33
chr11:57156644-57156585	hs 11q12.1
chr13:67798730-67798671	hs 13q21.32
chrX:12940262-12940321	hs Xp22.2
chr12:066431181-066431241	hs 12q14.3
chr6:26104468-26104527	hs 6p22.2
chr11:86778837-86782597	hs 11q14.2
chr4:6642733-6642792	hs 4p16.1
chr7:107788235-107788176	hs 7q31.1
chr11:47603979-47605883	hs 11p11.2
chrY:1271318-1267569	hs Yp11.32
chr13:41303704-41303645	hs 13q14.11
chr13:113831995-113831936	hs 13q34
chr13:45514020-45513964	hs 13q14.12
chr9:125639810-125639751	hs 9q33.2
chrX:19377888-19377947	hs Xp22.12
chr9:405038-405097	hs 9p24.3
chr10:15113846-15115114	hs 10p13
chr1:92737099-92737040	hs 1p22.1
chr22:50968929-50968870	hs 22q13.33
chr1:1227895-1227836	hs 1p36.33
chr10:70968688-70968747	hs 10q22.1
chr7:149564497-149564556	hs 7q36.1
chr5:79473218-79473159	hs 5q14.1
chr17:43345934-43345993	hs 17q21.31
chr6:82461363-82460186	hs 6q14.1
chr20:3805889-3805948	hs 20p13
chr22:30660206-30660147	hs 22q12.2
chr19:35615711-35615652	hs 19q13.12
chr3:49896820-49896761	hs 3p21.31
chr9:100692550-100692491	hs 9q22.33

chr6:111899253-111899312	hs 6q21
chr12:113354461-113354520	hs 12q24.13
chrX:1780897-1781064	hs Xp22.33
chr19:48246224-48246283	hs 19q13.33
chr22:20330790-20330731	hs 22q11.21
chr13:30742735-30742794	hs 13q12.3
chr1:1376086-1376145	hs 1p36.33
chr18:20606172-20606231	hs 18q11.2
chr21:38610861-38610802	hs 21q22.13
chr16:67322866-67322925	hs 16q22.1
chr3:32933541-32933600	hs 3p22.3
chr14:101937012-101936953	hs 14q32.31
chr4:165878562-165878621	hs 4q32.3
chr14:50219400-50219459	hs 14q21.3
chr9:27326043-27325984	hs 9p21.2
chr11:9459671-9459730	hs 11p15.4
chr19:53987010-53987069	hs 19q13.42
chr19:36806544-36806485	hs 19q13.12
chr9:114341228-114341169	hs 9q31.3
chr15:28478447-28478388	hs 15q13.1
chr1:222923479-222923538	hs 1q41
chr12:112915513-112915698	hs 12q24.13
chr1:94060282-94060341	hs 1p22.1
chr6:108533440-108533381	hs 6q21
chr10:95661583-95661642	hs 10q23.33
chr20:5081129-5081070	hs 20p13
chr7:65306579-65306638	hs 7q11.21
chr20:004610767-004610708	hs 20p13
chr10:75002733-75002674	hs 10q22.2
chr15:22546691-22546750	hs 15q11.2
chr13:32877973-32877914	hs 13q13.1
chr11:118768593-118768534	hs 11q23.3
chr1:28297293-28297234	hs 1p35.3
chr11:82924123-82924181	hs 11q14.1
chr1:52889223-52889164	hs 1p32.3
chr15:74773446-74773505	hs 15q24.1
chr9:133558184-133558243	hs 9q34.12
chr12:63038580-63038521	hs 12q14.1
chr8:126948521-126934770	hs 8q24.13
chr21:38123655-38123596	hs 21q22.13
chr12:3596084-3596025	hs 12p13.32
chr11:62558150-62558091	hs 11q12.3
chr2:44445135-44445194	hs 2p21
chr15:81578106-81578165	hs 15q25.1

chr11:18500808-18500867	hs 11p15.1
chr3:142526520-142526579	hs 3q23
chr12:005141915-005141856	hs 12p13.32
chr1:53692805-53692746	hs 1p32.3
chr18:13764222-13764281	hs 18p11.21
chr9:138079093-138079152	hs 9q34.3
chr16:29871908-29870792	hs 16p11.2
chr2:208627844-208627785	hs 2q33.3
chr19:53482204-53482145	hs 19q13.41
chr2:46809123-46809182	hs 2p21
chr2:8811244-8811185	hs 2p25.1
chr10:79396578-79396519	hs 10q22.3
chr9:116149233-116149174	hs 9q32
chr4:114386707-114381361	hs 4q26
chr2:179260253-179260312	hs 2q31.2
chr11:108236085-108236144	hs 11q22.3
chr14:69329176-69329235	hs 14q24.1
chr11:33094216-33094275	hs 11p13
chr4:100869267-100869240	hs 4q23
chr10:92665607-92665666	hs 10q23.31
chrUn_gl000219:000073534-000073475	
chr2:96687836-96687777	hs 2q11.1
chr12:7247616-7247557	hs 12p13.31
chrX:152710554-152710495	hs Xq28
chr19:49994072-49994306	hs 19q13.33
chr22:30138432-30136686	hs 22q12.2
chr19:002476201-002476142	hs 19p13.3
chr17:80111566-80111507	hs 17q25.3
chrX:118587814-118587873	hs Xq24
chr20:42087885-42087944	hs 20q13.11
chr12:121016908-121016849	hs 12q24.31
chr13:53269209-53269150	hs 13q14.3
chr8:107763236-107763295	hs 8q23.1
chr5:53181118-53181059	hs 5q11.2
chr5:70248724-70248783	hs 5q13.2
chr11:66244673-66244732	hs 11q13.2
chr22:39359092-39359151	hs 22q13.1
chr6:157541467-157541408	hs 6q25.3
chrX:106092793-106092852	hs Xq22.3
chr1:218504518-218504577	hs 1q41
chr1:40255766-40255825	hs 1p34.2
chr3:23934716-23934657	hs 3p24.2
chr17:40724775-40724716	hs 17q21.2
chr4:144493628-144493687	hs 4q31.21

chr5:133311702-133311643	hs 5q31.1
chr19:53889677-53889736	hs 19q13.42
chr19:32847630-32847689	hs 19q13.11
chr1:47716850-47716791	hs 1p33
chr1:3697186-3697127	hs 1p36.32
chr8:133830991-133831050	hs 8q24.22
chr6:17878744-17878685	hs 6p22.3
chr9:67298447-67298506	hs 9q13
chr2:113334680-113334739	hs 2q13
chr19:53576514-53576455	hs 19q13.41
chr2:39109569-39109628	hs 2p22.1
chr9:35869633-35869574	hs 9p13.3

chr16:31927638-31927697	hs 16p11.2
chr6:13469858-13469799	hs 6p23
chr5:72209488-72209547	hs 5q13.2
chr7:128516990-128516931	hs 7q32.1
chr17:079092859-079092800	hs 17q25.3
chr5:134784664-134784605	hs 5q31.1
chr7:130792595-130792536	hs 7q32.3
chr2:236673342-236673283	hs 2q37.2
chr9:132104263-132104322	hs 9q34.11
chr7:28319095-28319036	hs 7p15.1
chr10:6628756-6628815	hs 10p14
chr9:35682147-35682088	hs 9p13.3
chr19:33169011-33169070	hs 19q13.11
chr12:96672224-96672165	hs 12q23.1
chr22:50924807-50924866	hs 22q13.33
chr4:109543285-109543344	hs 4q25
chr22:39710722-39710186	hs 22q13.1
chr6:33173493-33173654	hs 6p21.32
chr8:86057728-86057787	hs 8q21.2
chr13:37595620-37593511	hs 13q13.3
chr17:18251645-18251586	hs 17p11.2
chr19:37294755-37294814	hs 19q13.12
chr17:6354644-6354585	hs 17p13.2
chr19:37902138-37902079	hs 19q13.12
chr14:66220657-66220716	hs 14q23.3
chr2:27324201-27324142	hs 2p23.3
chr20:39667260-39667319	hs 20q12
chr9:135947092-135947151	hs 9q34.2
chr3:158460708-158460767	hs 3q25.32
chr19:37370407-37370466	hs 19q13.12
chr17:79801646-79801587	hs 17q25.3

chr1:12204161-12204220	hs 1p36.22
chr16:2043586-2043645	hs 16p13.3
chr15:40917525-40917584	hs 15q15.1
chr16:11445384-11445443	hs 16p13.13
chr17:7474750-7474809	hs 17p13.1
chr7:45786836-45784611	hs 7p12.3
chr7:7283565-7283624	hs 7p22.1
chr3:135098131-134979870	hs 3q22.2
chrY:23331928-23331987	hs Yq11.223
chr1:43317799-43317858	hs 1p34.2
chr8:119201758-119201699	hs 8q24.12
chr6:26217554-26217613	hs 6p22.2
chr3:197603643-197603702	hs 3q29
chr16:89349843-89349784	hs 16q24.3
chr19:004791816-004791757	hs 19p13.3
chr17:7572691-7572632	hs 17p13.1
chr1:109171389-109172231	hs 1p13.3
chr17:7259717-7259776	hs 17p13.1
chr5:56231557-56231498	hs 5q11.2
chr17:61784055-61783996	hs 17q23.3
chr12:30862819-30862760	hs 12p11.21
chr12:2055353-2055294	hs 12p13.33
chr8:141744855-141744796	hs 8q24.3
chr12:4414040-4414099	hs 12p13.32
chr1:151040758-151040817	hs 1q21.3
chr19:61457-61398	hs 19p13.3
chr4:15070793-15070852	hs 4p15.33
chr3:49190351-49190292	hs 3p21.31
chr19:39379793-39379734	hs 19q13.2
chr2:36787990-36787931	hs 2p22.2
chrX:55779886-55779945	hs Xp11.21
chr10:51582877-51582936	hs 10q11.23
chr1:3652607-3652548	hs 1p36.32
chr15:29561261-29561202	hs 15q13.1
chr7:95236397-95236456	hs 7q21.3
chr17:61671181-61671240	hs 17q23.3
chr3:42599114-42597473	hs 3p22.1
chr7:142120053-142119994	hs 7q34
chr16:70695274-70695215	hs 16q22.1
chr1:110173915-110173974	hs 1p13.3
chr2:160088949-160089008	hs 2q24.2
chr3:195363088-195363147	hs 3q29
chr1:171652746-171652686	hs 1q24.3
chr5:69194566-69194625	hs 5q13.2

chr4:185719599-185719540	hs 4q35.1
chr6:15750219-15750160	hs 6p22.3
chr8:145139458-145139629	hs 8q24.3
chr17:65987591-65987532	hs 17q24.2
chr9:123715126-123715067	hs 9q33.2
chr3:137780951-137780892	hs 3q22.3
chr2:109086421-109086480	hs 2q12.3
chr5:167986045-167984576	hs 5q34
chr21:34929473-34929532	hs 21q22.11
chr20:20243714-20243773	hs 20p11.23
chr15:25279318-25279377	hs 15q11.2
chr8:74203307-74202911	hs 8q21.11
chr4:123819331-123819390	hs 4q28.1
chr11:125763766-125763707	hs 11q24.2
chr18:11888697-11886995	hs 18p11.21
chr15:028517921-028517861	hs 15q13.1
chr15:28502341-28502282	hs 15q13.1
chr1:225155177-225155236	hs 1q42.12
chr20:023499337-023499278	hs 20p11.21
chr1:8939891-8939950	hs 1p36.23
chr7:66798498-66798439	hs 7q11.21
chr5:157183386-157183445	hs 5q33.3
chr4:083412578-083412519	hs 4q21.22
chr3:196713599-196711033	hs 3q29
chr15:101169942-101170001	hs 15q26.3
chr2:136598276-136598217	hs 2q21.3
chr1:19545856-19545797	hs 1p36.13
chr4:120328825-120328766	hs 4q26
chr16:57546437-57546378	hs 16q21
chrX:15262247-15262188	hs Xp22.2
chr22:50281708-50281767	hs 22q13.33
chr2:9789509-9789568	hs 2p25.1
chr1:65298644-65298703	hs 1p31.3
chr19:52729053-52729268	hs 19q13.41
chr1:104068512-104068571	hs 1p21.1
chrX:77227198-77227257	hs Xq21.1
chr3:49449897-49449838	hs 3p21.31
chr22:45736795-45736854	hs 22q13.31
chr10:45489768-45489827	hs 10q11.21
chr16:2228170-2228111	hs 16p13.3
chr22:024820118-024820059	hs 22q11.23
chr6:20493845-20493904	hs 6p22.3
chr20:31031812-31031753	hs 20q11.21
chr16:1291871-1291930	hs 16p13.3

chr7:20351251-20351310	hs 7p21.1
chr3:42599130-42599071	hs 3p22.1
chr20:10856675-10856616	hs 20p12.2
chr2:173417404-173417345	hs 2q31.1
chr1:38275473-38275414	hs 1p34.3
chr17:39979229-39979291	hs 17q21.2
chr2:28112468-28112409	hs 2p23.2
chr5:6583858-6583914	hs 5p15.31
chr19:49840952-49841011	hs 19q13.33
chr1:156209462-156209521	hs 1q22
chr11:32410391-32410332	hs 11p13
chr1:112141688-112141629	hs 1p13.2
chr18:14185309-14185368	hs 18p11.21
chr6:33032907-33032848	hs 6p21.32
chr11:116367675-116367616	hs 11q23.3
chr17:49238609-49239123	hs 17q21.33
chr2:42994291-42994232	hs 2p21
chr10:99216804-99216863	hs 10q24.1
chr2:131357031-131356972	hs 2q21.1
chr5:126203666-126203607	hs 5q23.2
chr19:16244352-16244411	hs 19p13.12
chr1:25894399-25894458	hs 1p36.11
chr12:133159754-133159813	hs 12q24.33
chr1:174927036-174927095	hs 1q25.1
chr2:233631500-233631441	hs 2q37.1
chr14:54893796-54893737	hs 14q22.2
chr12:97102548-97111078	hs 12q23.1
chr17:79967402-79968695	hs 17q25.3
chr14:103653619-103653560	hs 14q32.32
chr8:70855144-70855203	hs 8q13.3
chr17:004643132-004643191	hs 17p13.2
chr6:32780722-32780663	hs 6p21.32
chr7:2769904-2769845	hs 7p22.3
chr3:178960995-178960936	hs 3q26.32
chr2:149099846-149099905	hs 2q23.1
chr8:42591664-42591723	hs 8p11.21
chr11:62343291-62343232	hs 11q12.3
chr19:46664359-46664418	hs 19q13.32
chr8:12334202-12334261	hs 8p23.1
chr1:150280584-150280643	hs 1q21.2
chr19:7550798-7550739	hs 19p13.2
chrX:154697974-154698033	hs Xq28
chr2:10351473-10351532	hs 2p25.1
chr1:46654413-46654354	hs 1p34.1

chr17:60770827-60770886	hs 17q23.2
chr1:19540148-19540207	hs 1p36.13
chr3:127340805-127340864	hs 3q21.3
chr1:161180137-161180397	hs 1q23.3
chr11:65193578-65193637	hs 11q13.1
chrX:134154613-134154554	hs Xq26.3
chr1:24114297-24114238	hs 1p36.11
chr10:120819495-120819436	hs 10q26.11
chr7:2514419-2514360	hs 7p22.3
chr3:197376466-197376410	hs 3q29
chr5:149758545-149758604	hs 5q32
chr14:94770689-94770630	hs 14q32.13
chr11:122930046-122929987	hs 11q24.1
chr1:045425008-045425067	hs 1p34.1
chr11:65062111-65063057	hs 11q13.1
chr16:2580663-2580722	hs 16p13.3
chr1:160287432-160287491	hs 1q23.2
chr12:32786493-32786552	hs 12p11.21
chr8:108262371-108262312	hs 8q23.1
chr1:214551312-214549732	hs 1q41
chr3:38534307-38534366	hs 3p22.2
chr7:20823968-20823909	hs 7p21.1
chr5:169673051-169673110	hs 5q35.1
chrUn_gl000221:61093-61034	
chr22:30844005-30843946	hs 22q12.2
chr1:9242124-9242065	hs 1p36.22
chr13:21303314-21303255	hs 13q12.11
chr16:001072739-001072680	hs 16p13.3
chr19:41950070-41950129	hs 19q13.2
chr21:42780501-42780560	hs 21q22.3
chrX:001581810-001581869	hs Xp22.33
chr9:136905369-136905310	hs 9q34.2
chr1:143189463-143189522	hs 1q21.1
chr1:46745913-46745277	hs 1p34.1
chr4:7043019-7042960	hs 4p16.1
chr5:158124037-158123978	hs 5q33.3
chr9:21967537-21967596	hs 9p21.3
chr9:132251319-132251378	hs 9q34.11
chr2:131806140-131806081	hs 2q21.1
chr20:56820861-56820802	hs 20q13.32
chr3:47277037-47270168	hs 3p21.31
chr16:31393951-31394010	hs 16p11.2
chrUn_gl000218:40670-39998	
chr9:107624071-107624012	hs 9q31.1

chr10:53822566-53822622	hs 10q21.1
chr17:35945511-35945452	hs 17q12
chr3:126633533-126633592	hs 3q21.3
chr10:33176365-33176306	hs 10p11.22
chr7:44156824-44156765	hs 7p13
chr7:39611957-39612016	hs 7p14.1
chr15:68776902-68776843	hs 15q23
chr20:29625889-29625948	hs 20q11.21
chr2:69685229-69685170	hs 2p13.3
chr1:217604072-217604013	hs 1q41
chr6:114189283-114189224	hs 6q21
chrX:102471282-102471341	hs Xq22.1
chr2:174939813-174939754	hs 2q31.1
chr22:30165937-30165996	hs 22q12.2
chr19:41092832-41094570	hs 19q13.2
chr11:118766856-118766915	hs 11q23.3
chr1:47846671-47846612	hs 1p33
chr2:48738541-48738600	hs 2p16.3
chr1:168907735-168907794	hs 1q24.2
chr20:57570420-57570361	hs 20q13.32
chr4:169278384-169278328	hs 4q32.3
chr9:100847293-100847234	hs 9q22.33
chr2:169626697-169626756	hs 2q24.3
chr1:185139183-185139124	hs 1q25.3
chr12:121623474-121623533	hs 12q24.31
chr20:49369777-49369836	hs 20q13.13
chr22:21982583-21982524	hs 22q11.21
chr2:39008980-39009039	hs 2p22.1
chrX:84189670-84189729	hs Xq21.1
chr10:6663795-6667308	hs 10p14
chr16:30764789-30764848	hs 16p11.2
chrX:117892164-117895118	hs Xq24
chr1:144594768-144594827	hs 1q21.1
chr1:36068938-36068879	hs 1p34.3
chr17:5393710-5393769	hs 17p13.2
chr22:43026905-43024246	hs 22q13.2
chr9:114416315-114416374	hs 9q31.3
chr6:2990583-2990642	hs 6p25.2
chr15:82707625-82707684	hs 15q25.2
chr8:145161055-145161114	hs 8q24.3
chr17:38060909-38060850	hs 17q12
chr8:145649073-145649014	hs 8q24.3
chr12:58263678-58263619	hs 12q14.1
chrX:13682794-13682853	hs Xp22.2

chr7:44104960-44105019	hs 7p13
chr16:3192087-3192146	hs 16p13.3
chr10:99080588-99080647	hs 10q24.1
chr1:43700044-43700184	hs 1p34.2
chr9:127114617-127114676	hs 9q33.3
chr10:12288219-12291581	hs 10p13
chr16:19717835-19717776	hs 16p12.3
chr15:091576154-091576095	hs 15q26.1
chr9:34635009-34634950	hs 9p13.3
chr11:59980647-59980588	hs 11q12.2
chr13:42293806-42293747	hs 13q14.11
chr22:017011355-017011414	hs 22q11.1
chr9:136379767-136379708	hs 9q34.2
chr2:112125127-112125068	hs 2q13
chr1:156436644-156436585	hs 1q22
chr6:75303976-75303917	hs 6q13
chr5:41934337-41934396	hs 5p13.1
chr19:2425815-2425756	hs 19p13.3
chr22:37966329-37966270	hs 22q13.1
chr11:93464204-93464145	hs 11q21
chr7:042153148-042153207	hs 7p14.1
chr1:41157533-41157474	hs 1p34.2
chr19:1399172-1399012	hs 19p13.3
chr2:179330565-179330506	hs 2q31.2
chr9:108537196-108537255	hs 9q31.2
chr10:93789192-93789251	hs 10q23.32
chr9:140147875-140147934	hs 9q34.3
chr14:32586421-32586480	hs 14q12
chr16:31000282-31000341	hs 16p11.2
chr2:102959759-102959818	hs 2q12.1
chr8:030045190-030045131	hs 8p12
chr4:56814185-56814126	hs 4q12
chr5:60841208-60841267	hs 5q12.1
chr1:100614593-100614534	hs 1p21.2
chr8:25101212-25101271	hs 8p21.2
chr11:62392561-62392502	hs 11q12.3
chrX:153197807-153197548	hs Xq28
chr3:128629616-128631368	hs 3q21.3
chr21:045577454-045577395	hs 21q22.3
chr19:58452297-58452238	hs 19q13.43
chr8:27205084-27205143	hs 8p21.2
chr19:37308486-37308427	hs 19q13.12
chr17:44325484-44336960	hs 17q21.31
chr1:101005696-101005755	hs 1p21.2

chr3:193848478-193848419	hs 3q29
chr16:56704448-56704833	hs 16q13
chr2:202086244-202086303	hs 2q33.1
chr5:118867067-118872144	hs 5q23.1
chr12:4777675-4778950	hs 12p13.32
chr6:107386517-107386458	hs 6q21
chr15:76640909-76640850	hs 15q24.3
chr10:134958158-134958101	hs 10q26.3
chr18:47777299-47777240	hs 18q21.1
chr6:43316187-43316128	hs 6p21.1
chr3:195438480-195438539	hs 3q29
chr4:9361479-9361538	hs 4p16.1
chrX:108885329-108885270	hs Xq23
chr11:62462126-62462067	hs 11q12.3
chr19:54102971-54102912	hs 19q13.42
chr4:110745600-110745659	hs 4q25
chr8:142441100-142441159	hs 8q24.3
chr7:055706201-055706142	hs 7p11.2
chr17:43205580-43205521	hs 17q21.31
chr6:25450879-25450938	hs 6p22.2
chr13:61058830-61058889	hs 13q21.2
chr6:167804917-167804976	hs 6q27
chr9:101916322-101916381	hs 9q22.33
chr14:23102786-23102727	hs 14q11.2
chr16:32163218-32163159	hs 16p11.2
chr17:40129673-40129732	hs 17q21.2
chr7:104581976-104582035	hs 7q22.3
chr5:177378897-177378956	hs 5q35.3
chr4:88767230-88767289	hs 4q22.1
chr19:17927383-17927324	hs 19p13.11
chr22:41166404-41166345	hs 22q13.2
chr20:47872404-47872345	hs 20q13.13
chr2:208473951-208473892	hs 2q33.3
chr15:90785253-90785312	hs 15q26.1
chr9:42366495-42366436	hs 9p12
chr18:32407580-32407639	hs 18q12.1
chr19:45396180-45397089	hs 19q13.32
chr10:104848842-104848783	hs 10q24.32
chr19:47548871-47548930	hs 19q13.32
chr18:13124695-13124754	hs 18p11.21
chr13:49883274-49883215	hs 13q14.2
chr8:29995141-29995200	hs 8p12
chr20:44005342-44005401	hs 20q13.12
chr16:076269320-076269261	hs 16q23.1

chr15:83781562-83781503	hs 15q25.2
chr8:41402042-41402101	hs 8p11.21
chr2:232209808-232209867	hs 2q37.1
chr12:39046654-39046595	hs 12q12
chr3:78649450-78649391	hs 3p12.3
chr7:44889105-44889164	hs 7p13
chr17:55065591-55065650	hs 17q22
chr4:174555262-174555201	hs 4q34.1
chr1:222742915-222742856	hs 1q41
chr6:52843197-52843138	hs 6p12.2
chr19:12868981-12869040	hs 19p13.2
chr9:139390582-139390523	hs 9q34.3
chr11:6636189-6636130	hs 11p15.4
chr3:37094855-37094796	hs 3p22.2
chr14:24806583-24806524	hs 14q12
chr2:26415256-26415197	hs 2p23.3
chr20:62926472-62926531	hs 20q13.33
chr4:42088738-42088797	hs 4p13
chr10:90697958-90697899	hs 10q23.31
chr19:11487330-11487389	hs 19p13.2
chr11:120960072-120960131	hs 11q23.3
chr15:31695013-31695072	hs 15q13.3
chr2:45550236-45550177	hs 2p21
chr5:146971229-146971170	hs 5q32
chr9:044750072-044750013	hs 9p11.2
chr14:35433119-35433060	hs 14q13.2
chr1:203821489-203821548	hs 1q32.1
chr14:105398513-105398653	hs 14q32.33
chr11:406142-406083	hs 11p15.5
chr3:49719361-49719800	hs 3p21.31
chrX:47516977-47516637	hs Xp11.23
chr16:83966326-83966385	hs 16q23.3
chr21:27423406-27423347	hs 21q21.3
chr4:79800206-79800265	hs 4q21.21
chr19:16991075-16991134	hs 19p13.11
chr3:62319086-62319145	hs 3p14.2
chr5:134194726-134194785	hs 5q31.1
chr10:89047814-89047755	hs 10q23.2
chr1:115110626-115110567	hs 1p13.2
chr17:17075120-17075179	hs 17p11.2
chr12:116973091-116973150	hs 12q24.22
chr11:64571621-64571562	hs 11q13.1
chr11:87883009-87882950	hs 11q14.2
chr16:24922818-24922877	hs 16p12.1

chr4:110351501-110351442	hs 4q25
chr12:118478209-118478268	hs 12q24.23
chr1:247353404-247353345	hs 1q44
chr4:185553049-185552990	hs 4q35.1
chr12:106633792-106633851	hs 12q23.3
chr6:112938170-112938111	hs 6q21
chr1:201789378-201789437	hs 1q32.1
chr9:33935617-33935558	hs 9p13.3
chr13:98676214-98676273	hs 13q32.2
chr6:30262563-30262504	hs 6p22.1
chr11:14990247-14990188	hs 11p15.2
chr2:122484947-122484888	hs 2q14.3
chr6:41738005-41737946	hs 6p21.1
chr10:71973305-71973246	hs 10q22.1
chr9:745460-745519	hs 9p24.3
chr11:092885801-092885860	hs 11q21
chr3:50595542-50595483	hs 3p21.31
chr2:47086042-47086101	hs 2p21
chr2:11605958-11605899	hs 2p25.1
chr2:064893043-064893102	hs 2p14
chr1:185260080-185260139	hs 1q25.3
chr9:88879462-88879453	hs 9q21.33
chr16:72142431-72142490	hs 16q22.2
chr8:81882726-81882667	hs 8q21.13
chr1:203771403-203771462	hs 1q32.1
chr5:79378905-79378964	hs 5q14.1
chrX:117583299-117583358	hs Xq24
chr4:75320518-75320577	hs 4q13.3
chr6:032847429-032847488	hs 6p21.32
chrY:1357773-1359280	hs Yp11.32
chr16:000281399-000281458	hs 16p13.3
chr18:32887664-32887723	hs 18q12.2
chr1:112939189-112939248	hs 1p13.2
chr1:219323300-219268633	hs 1q41
chr2:232597716-232597657	hs 2q37.1
chr5:154346304-154346363	hs 5q33.2
chr6:151742444-151742385	hs 6q25.1
chr19:58858293-58858234	hs 19q13.43
chrX:71361153-71361212	hs Xq13.1
chr4:146153393-146153452	hs 4q31.21
chr2:85924656-85924715	hs 2p11.2
chr3:160151581-160151640	hs 3q25.33
chr2:668758-668699	hs 2p25.3
chr12:8249373-8249433	hs 12p13.31

chrX:153904051-153903992	hs Xq28
chr10:85976380-85976439	hs 10q23.1
chr5:177419295-177419236	hs 5q35.3
chr10:120877058-120877117	hs 10q26.11
chrX:46332099-46332158	hs Xp11.3
chr6:1309631-1309572	hs 6p25.3
chr16:1878332-1878391	hs 16p13.3
chr14:76330039-76330098	hs 14q24.3
chr1:202843170-202843229	hs 1q32.1
chr4:184241798-184241857	hs 4q35.1
chr1:151313395-151313336	hs 1q21.3
chr11:77377685-77377626	hs 11q14.1
chr12:21623980-21624039	hs 12p12.1
chr19:44890444-44890385	hs 19q13.31
chr14:67802437-67802496	hs 14q23.3
chr15:42129270-42129329	hs 15q15.1
chr16:2604142-2604083	hs 16p13.3
chr2:128146912-128146971	hs 2q14.3
chr9:71679899-71679958	hs 9q21.11
chr16:2026105-2026260	hs 16p13.3
chr2:103013267-103013326	hs 2q12.1
chr10:91534055-91534114	hs 10q23.31
chr1:173836871-173836812	hs 1q25.1
chrX:48239613-48239554	hs Xp11.23
chr19:648968-648909	hs 19p13.3
chr1:101546924-101546983	hs 1p21.2
chr11:049071607-049071548	hs 11p11.12
chr8:37333475-37333416	hs 8p11.23
chr20:39832111-39832052	hs 20q12
chr11:120100173-120100232	hs 11q23.3
chr6:57513196-57513255	hs 6p11.2
chrX:102080930-102080989	hs Xq22.1
chr3:45038715-45043059	hs 3p21.31
chr16:50383508-50383449	hs 16q12.1
chr3:93773223-93773282	hs 3q11.1
chr7:74298454-74298395	hs 7q11.23
chr6:149825691-149825632	hs 6q25.1
chr6:168265361-168265420	hs 6q27

chrX:153601811-153601752	hs Xq28
chr11:85367414-85367473	hs 11q14.1
chr15:78465942-78463820	hs 15q25.1
chr17:40674476-40674535	hs 17q21.2
chr2:026251396-026251337	hs 2p23.3

chr5:104435265-104435325	hs 5q21.2
chr9:68439952-68438634	hs 9q13
chrX:101913205-101913264	hs Xq22.1
chr17:76988753-76988694	hs 17q25.3
chr18:51107119-51107178	hs 18q21.2
chr14:24608579-24608357	hs 14q12
chr9:99489445-99489504	hs 9q22.33
chr15:25154544-25154485	hs 15q11.2
chr1:212841029-212841088	hs 1q32.3
chr6:85130914-85130855	hs 6q14.3
chr10:370917-370858	hs 10p15.3
chr18:1272503-1272444	hs 18p11.32
chr1:114248739-114248680	hs 1p13.2
chr18:12984132-12986862	hs 18p11.21
chr16:2043497-2043556	hs 16p13.3
chrX:49021171-49021230	hs Xp11.23
chr10:116737308-116737367	hs 10q25.3
chr1:155041654-155041713	hs 1q22
chr12:109490223-109490164	hs 12q24.11
chr1:205682299-205682240	hs 1q32.1
chr11:118895479-118895420	hs 11q23.3
chr14:029062978-029063037	hs 14q12
chr19:37318934-37318993	hs 19q13.12
chr15:31065023-31065082	hs 15q13.2
chr1:109477444-109477385	hs 1p13.3
chr11:107047965-107048024	hs 11q22.3
chr10:88282286-88282345	hs 10q23.2
chr2:44993637-44993696	hs 2p21
chr12:66642160-66642219	hs 12q14.3
chr20:50700673-50700614	hs 20q13.2
chr10:6663852-6663911	hs 10p14
chr13:52028785-52028844	hs 13q14.3
chr15:40384043-40383984	hs 15q15.1
chr11:831224-831283	hs 11p15.5
chr1:70905041-70905100	hs 1p31.1
chr9:140194182-140194123	hs 9q34.3
chr16:3022786-3022845	hs 16p13.3
chr7:128607418-128607359	hs 7q32.1
chr2:91969703-91969762	hs 2p11.1
chr10:75570509-75570450	hs 10q22.2
chr6:36462749-36462690	hs 6p21.31
chr12:46781388-46781584	hs 12q13.11
chr9:135766870-135766811	hs 9q34.13
chr22:21998511-21998570	hs 22q11.21

chr1:89578160-89575896	hs 1p22.2
chr8:98831373-98831432	hs 8q22.1
chr8:102179109-102179050	hs 8q22.3
chr17:46147877-46147818	hs 17q21.32
chrX:20146233-20146174	hs Xp22.12
chr11:77632497-77632438	hs 11q14.1
chr17:73900384-73900325	hs 17q25.1
chr11:116649613-116649554	hs 11q23.3
chr7:73150523-73150464	hs 7q11.23
chr21:34931542-34931601	hs 21q22.11
chr5:68695972-68706354	hs 5q13.2
chr15:43016300-43016241	hs 15q15.2
chr12:102591152-102591211	hs 12q23.2
chr8:125464767-125464826	hs 8q24.13
chr17:74003067-74003008	hs 17q25.1
chr19:36032661-36032436	hs 19q13.12
chr14:24424361-24424420	hs 14q11.2
chr1:33066168-33066227	hs 1p35.1
chr3:52022979-52023038	hs 3p21.2
chr16:2036685-2036744	hs 16p13.3
chr3:142168423-142168364	hs 3q23
chr9:3648184-3648243	hs 9p24.2
chr5:127524728-127524787	hs 5q23.3
chr14:101431129-101431188	hs 14q32.31
chr6:2852797-2852738	hs 6p25.2
chr17:42755739-42755680	hs 17q21.31
chr5:78669935-78669876	hs 5q14.1
chr3:98234610-98234551	hs 3q11.2
chr10:30980159-30980218	hs 10p11.23
chr3:44894386-44894445	hs 3p21.31
chr17:78306372-78306431	hs 17q25.3
chr6:43487873-43488021	hs 6p21.1
chr1:17271963-17272022	hs 1p36.13
chr22:17129660-17129719	hs 22q11.1
chr19:5693768-5693709	hs 19p13.3
chr16:21758641-21758700	hs 16p12.2
chr12:70740091-70747654	hs 12q15
chr10:31895012-31895071	hs 10p11.22
chr8:87484679-87484620	hs 8q21.3
chr11:115628475-115628416	hs 11q23.3
chr4:37101856-37110952	hs 4p14
chr1:109238756-109238815	hs 1p13.3
chrX:78216366-78216425	hs Xq21.1
chr6:88410191-88410132	hs 6q15

chr6:150643468-150643409	hs 6q25.1
chr19:405567-405508	hs 19p13.3
chr15:23393820-23393879	hs 15q11.2
chr1:173204721-173204662	hs 1q25.1
chr22:28375312-28375253	hs 22q12.1
chr1:231489251-231489310	hs 1q42.2
chr3:172224285-172224226	hs 3q26.31
chr8:144063527-144063468	hs 8q24.3
chr11:65267042-65267101	hs 11q13.1
chr10:98718006-98718065	hs 10q24.1
chr13:074196605-074196664	hs 13q22.1
chr2:192551555-192551614	hs 2q32.3
chr1:121130846-121130905	hs 1p11.2
chr13:31457440-31457499	hs 13q12.3
chr5:110834747-110834688	hs 5q22.1
chr2:49003562-49003621	hs 2p16.3
chr12:100732441-100732950	hs 12q23.1
chr19:55692827-55692768	hs 19q13.42
chr21:18382395-18382336	hs 21q21.1
chr1:24863377-24863436	hs 1p36.11
chr2:238672724-238672783	hs 2q37.3
chr15:23005425-23005366	hs 15q11.2
chr7:76598123-76598064	hs 7q11.23
chr4:78640418-78640364	hs 4q21.1
chr3:133148190-133148131	hs 3q22.1
chr4:159629645-159629704	hs 4q32.1
chr11:31477853-31455105	hs 11p13
chr15:28478936-28478877	hs 15q13.1
chrX:152734696-152734637	hs Xq28
chr1:162773299-162774089	hs 1q23.3
chr7:102277685-102277626	hs 7q22.1
chr8:21864036-21864095	hs 8p21.3
chr15:49281776-49281717	hs 15q21.1
chr20:62187956-62188015	hs 20q13.33
chr7:148800153-148800094	hs 7q36.1
chr1:43391933-43391874	hs 1p34.2
chr1:156146532-156146591	hs 1q22
chr14:91739159-91739100	hs 14q32.11
chr3:186508130-186508001	hs 3q27.3
chr1:201853338-201853397	hs 1q32.1
chr1:93306531-93306590	hs 1p22.1
chr16:25043455-25043514	hs 16p12.1
chr17:61684812-61685208	hs 17q23.3
chr12:57489710-57489651	hs 12q13.3

chr5:49692394-49692335	hs 5q11.1
chr8:125963234-125963293	hs 8q24.13
chr22:21803629-21803688	hs 22q11.21
chr19:36278925-36278984	hs 19q13.12
chr9:68728846-68728905	hs 9q21.11
chr6:26409886-26409945	hs 6p22.2
chr20:33703427-33703368	hs 20q11.22
chr14:95884017-95883958	hs 14q32.13
chr20:30194158-30194217	hs 20q11.21
chr7:102781746-102781717	hs 7q22.1
chr15:64380946-64380887	hs 15q22.31
chr12:54357744-54357685	hs 12q13.13
chr13:21547988-21547929	hs 13q12.11
chr7:124940812-124940753	hs 7q31.33
chr10:102719240-102719299	hs 10q24.31
chr7:87516653-87516712	hs 7q21.12
chr3:184909483-184909424	hs 3q27.2
chr1:910300-910359	hs 1p36.33
chr3:156536684-156536743	hs 3q25.31
chr18:71825704-71825763	hs 18q22.3
chr1:45271655-45271596	hs 1p34.1
chr6:163836292-163836351	hs 6q26
chr1:46159443-46159502	hs 1p34.1
chr7:35792332-35792273	hs 7p14.2
chr16:732615-732556	hs 16p13.3
chr15:34522139-34522198	hs 15q14
chr2:69686742-69686683	hs 2p13.3
chr6:153310633-153310574	hs 6q25.2
chr17:34851427-34851486	hs 17q12
chr17:63074468-63074409	hs 17q24.1
chr7:12728454-12728514	hs 7p21.3
chr5:140053796-140053737	hs 5q31.3
chr15:85081842-85081783	hs 15q25.2
chr14:93709105-93709046	hs 14q32.12
chr20:30388973-30389032	hs 20q11.21
chr4:14063961-14094861	hs 4p15.33
chr12:56704317-56704258	hs 12q13.3
chr1:35887010-35887069	hs 1p34.3
chr22:37602917-37602858	hs 22q13.1
chr2:114357599-114357540	hs 2q13
chr6:32726794-32726735	hs 6p21.32
chr16:4933127-4933068	hs 16p13.3
chr11:900087-900028	hs 11p15.5
chr6:41107721-41107780	hs 6p21.1

chr1:160186380-160186321	hs 1q23.2
chr9:90343780-90343839	hs 9q21.33
chr9:35616995-35616936	hs 9p13.3
chr4:153564302-153564243	hs 4q31.3
chr6:15521805-15521864	hs 6p22.3
chr2:56093847-56093788	hs 2p16.1
chrX:44007474-44007415	hs Xp11.3
chr11:76732830-76732889	hs 11q13.5
chr8:142388113-142392205	hs 8q24.3
chr15:28836210-28836269	hs 15q13.1
chr2:114024248-114024307	hs 2q13
chr21:45578954-45578640	hs 21q22.3
chr12:48723983-48724042	hs 12q13.11
chr19:5993250-5993191	hs 19p13.3
chr19:1009648-1009707	hs 19p13.3
chr12:054891413-054891472	hs 12q13.13
chr5:177388693-177388752	hs 5q35.3
chr9:34517408-34520657	hs 9p13.3
chr22:17083046-17083105	hs 22q11.1
chr6:064326216-064326156	hs 6q12
chr19:50551363-50551422	hs 19q13.33
chr9:122286123-122286182	hs 9q33.1
chr7:27565813-27565754	hs 7p15.2
chr1:203744742-203744801	hs 1q32.1
chr1:70610619-70610560	hs 1p31.1
chr9:131595801-131595742	hs 9q34.11
chr7:5515499-5515440	hs 7p22.1
chr19:868484-868425	hs 19p13.3
e [BQ216890]	
chr15:43485023-43485082	hs 15q15.2
chr8:42403872-42407694	hs 8p11.21
chr17:38100869-38100928	hs 17q21.1
chr8:79629610-79629669	hs 8q21.12
chr1:169101877-169101936	hs 1q24.2
chr22:37627281-37622795	hs 22q13.1
chr14:39307190-39307131	hs 14q21.1
chr17:80197288-80197347	hs 17q25.3
chr7:104641977-104641920	hs 7q22.3
chr9:131457742-131457801	hs 9q34.11
chr7:66804907-66804966	hs 7q11.21
chr19:2917775-2917834	hs 19p13.3
chrX:48317923-48317363	hs Xp11.23
chr1:205592863-205592804	hs 1q32.1
chr12:51453755-51453814	hs 12q13.12

chr4:89647940-89647881	hs 4q22.1
chr2:208725889-208725830	hs 2q33.3
chr18:24056609-24056550	hs 18q11.2
chr7:150107806-150107865	hs 7q36.1
chr2:242162674-242162733	hs 2q37.3
chr20:36611548-36611489	hs 20q11.23
chr8:66515930-66515871	hs 8q13.1
chr7:149576953-149577012	hs 7q36.1
chr12:110606171-110606230	hs 12q24.11
chr2:87004230-87004289	hs 2p11.2
chr2:28866046-28866105	hs 2p23.2
chr2:30867018-30867077	hs 2p23.1
chr17:35749525-35749584	hs 17q12
chr19:36803485-36803544	hs 19q13.12
chr14:77253935-77253876	hs 14q24.3
chr15:28413617-28413558	hs 15q13.1
chr8:95580813-95580872	hs 8q22.1
chrX:154350943-154351002	hs Xq28
chr18:55215629-55215570	hs 18q21.31
chr20:3786178-3786237	hs 20p13
chr16:30435368-30435309	hs 16p11.2
chr12:53899897-53899956	hs 12q13.13
chr6:27833502-27833561	hs 6p22.1
chr11:6422656-6422597	hs 11p15.4
chr10:101611322-101611381	hs 10q24.2
chr15:41673178-41673237	hs 15q15.1
chr19:13010097-13010038	hs 19p13.2
chr19:42804213-42804154	hs 19q13.2
chr9:136029195-136029136	hs 9q34.2
chr14:81946016-81945957	hs 14q31.1
chr17:062385763-062385704	hs 17q23.3
chr1:26658099-26658040	hs 1p36.11
chr11:82784430-82784489	hs 11q14.1
chr11:66373026-66373194	hs 11q13.2
chr7:102739132-102739191	hs 7q22.1
chr14:55255724-55255783	hs 14q22.2
chr22:35568410-35568351	hs 22q12.3
chr21:16333963-16333904	hs 21q11.2
chr15:28478599-28478449	hs 15q13.1
chr11:68475010-68474951	hs 11q13.3
chr12:49952000-49952059	hs 12q13.12
chr8:42028441-42028500	hs 8p11.21
chr3:48473899-48473840	hs 3p21.31
chr3:182703645-182698701	hs 3q26.33

chr3:184081029-184081088	hs 3q27.1
chr19:34710408-34710467	hs 19q13.11
chr20:060520044-060520103	hs 20q13.33
chr7:106547292-106547351	hs 7q22.3
chrY:2970205-2970264	hs Yp11.31
chr9:88284464-88284405	hs 9q21.33
chr17:21101502-21101443	hs 17p11.2
chr11:8968962-8968903	hs 11p15.4
chr10:91099762-91099821	hs 10q23.31
chr1:155110666-155110725	hs 1q22
chr5:079796758-079796817	hs 5q14.1
chr20:5844498-5844557	hs 20p12.3
chr2:207118334-207118393	hs 2q33.3
chr22:29726684-29726625	hs 22q12.2
chr12:122269954-122270013	hs 12q24.31
chr1:27312731-27312672	hs 1p36.11
chr22:31322460-31322519	hs 22q12.2
chr7:37991294-37991353	hs 7p14.1
chr14:93649634-93649575	hs 14q32.12
chr6:32548583-32548524	hs 6p21.32
chrX:113220826-113220885	hs Xq23
chr3:69987007-69987066	hs 3p13
chr1:174983720-174983661	hs 1q25.1
chr13:52951493-52951434	hs 13q14.3
chr9:139651034-139650975	hs 9q34.3
chr2:202532-202591	hs 2p25.3
chr12:122219893-122219952	hs 12q24.31
chr19:55903389-55903448	hs 19q13.42
chr20:020344517-020344458	hs 20p11.23
chr15:81047339-81047398	hs 15q25.1
chr9:131772116-131772057	hs 9q34.11
chr1:239216043-239215984	hs 1q43
chr15:23259486-23259633	hs 15q11.2
chr10:12041965-12041906	hs 10p14
chr1:224398040-224397981	hs 1q42.11
chr22:024271626-024271685	hs 22q11.23
chrX:71925089-71915710	hs Xq13.2
chr3:139279566-139279507	hs 3q23
chr6:32131273-32131332	hs 6p21.32
chr11:10529553-10529494	hs 11p15.4
chr3:50391238-50391297	hs 3p21.31
chr22:21471542-21472546	hs 22q11.21
chr2:24252723-24252664	hs 2p23.3
chr1:171562050-171562109	hs 1q24.3

chr1:160846425-160846366	hs 1q23.3
chr6:142541402-142541461	hs 6q24.1
chr19:11664827-11664568	hs 19p13.2
chr6:111919781-111919840	hs 6q21
chr5:111530291-111519800	hs 5q22.2
chr14:100613034-100612975	hs 14q32.2
chr3:97506839-97506898	hs 3q11.2
chr10:104210004-104209945	hs 10q24.32
chr8:120581567-120581508	hs 8q24.12
chr22:24373814-24373873	hs 22q11.23
chr17:17104468-17104409	hs 17p11.2
chr17:5334888-5334947	hs 17p13.2
chr9:130476294-130476235	hs 9q34.11
chr6:7611182-7611241	hs 6p24.3
chr19:45495582-45495641	hs 19q13.32
chr22:31685561-31685502	hs 22q12.2
chr11:071279748-071279807	hs 11q13.4
chr15:30337988-30337929	hs 15q13.2
chr17:6795367-6797668	hs 17p13.1
chr3:49394667-49394608	hs 3p21.31
chr1:206288643-206288584	hs 1q32.1
chr9:138056840-138056899	hs 9q34.3
chr12:58345669-58347438	hs 12q14.1
chr6:5999388-5999329	hs 6p25.1
chr12:1902076-1902017	hs 12p13.33
chr2:118940578-118940519	hs 2q14.2
chr16:56693077-56693136	hs 16q12.2
chr12:113595070-113595011	hs 12q24.13
chr2:242615249-242615190	hs 2q37.3
chr2:174132653-174132712	hs 2q31.1
chr12:31825952-31826011	hs 12p11.21
chr10:104859743-104859684	hs 10q24.32
chr6:131919535-131919476	hs 6q23.2
chr1:240176168-240176229	hs 1q43
chr2:39219578-39219519	hs 2p22.1
chrX:154116220-154116279	hs Xq28
chr16:2070180-2070239	hs 16p13.3
chr5:64813872-64813813	hs 5q12.3
chr17:7481548-7481704	hs 17p13.1
chr1:211431715-211431656	hs 1q32.2
chr19:2428242-2428183	hs 19p13.3
chr19:17396563-17396622	hs 19p13.11
chr4:25200019-25200078	hs 4p15.2
chr3:86117186-86117245	hs 3p12.1

chr17:46970798-46971772	hs 17q21.32
chr13:70705091-70705150	hs 13q21.33
chr6:43639551-43639492	hs 6p21.1
chr19:11411912-11411971	hs 19p13.2
chr21:26946350-26946409	hs 21q21.3
chr6:335147-345896	hs 6p25.3
chr2:216966690-216966749	hs 2q35
chr14:064034968-064035027	hs 14q23.2
chr9:97222444-97222503	hs 9q22.32
chr1:10368324-10368383	hs 1p36.22
chr20:47104488-47104547	hs 20q13.13
chr2:178084359-178084417	hs 2q31.2
chr11:58902141-58902082	hs 11q12.1
chr4:40156199-40156258	hs 4p14
chr8:007085546-007085487	hs 8p23.1
chr1:225683355-225683296	hs 1q42.12
chr6:43640091-43640150	hs 6p21.1
chr16:33347299-33347240	hs 16p11.2
chr12:12874940-12874999	hs 12p13.1

3]

chr19:45422436-45422495	hs 19q13.32
chr11:61645033-61644427	hs 11q12.2
chr15:34653630-34652381	hs 15q14
chr11:28352114-28352173	hs 11p14.1
chr6:41651777-41651718	hs 6p21.1
chr10:45798161-45798102	hs 10q11.21
chr1:228347464-228347523	hs 1q42.13

chr17:38250008-38250067	hs 17q21.1
chr18:77515182-77515241	hs 18q23
chr9:136197866-136197807	hs 9q34.2
chr14:102198716-102198775	hs 14q32.31
chr9:134889828-134889769	hs 9q34.13
chr1:47099554-47099495	hs 1p33
chr1:150853956-150853897	hs 1q21.3
chrX:70940588-70940647	hs Xq13.1

chr1:33466359-33466300	hs 1p35.1
chr11:134372910-134372969	hs 11q25
chr1:247497826-247497885	hs 1q44
chr13:42877096-42877155	hs 13q14.11
chr4:108956110-108956169	hs 4q25
chr8:33246513-33246454	hs 8p12
chr22:41921926-41921867	hs 22q13.2

chrX:73047708-73047767	hs Xq13.2
chr15:28474400-28474341	hs 15q13.1
chr3:14187500-14187441	hs 3p25.1
chr12:48539724-48539783	hs 12q13.11
chr9:33733179-33733238	hs 9p13.3
chr7:139724005-139723946	hs 7q34
chr1:71868720-71868661	hs 1p31.1
chr4:58293533-58293592	hs 4q12
chr15:35530279-35530338	hs 15q14
chr3:52938830-52938771	hs 3p21.1
chr1:26286933-26286874	hs 1p36.11
chrY:16020161-16021154	hs Yq11.221
chr1:180169795-180169854	hs 1q25.2
chr17:76993222-76993163	hs 17q25.3
chr13:36246683-36246742	hs 13q13.3
chr3:53851739-53851680	hs 3p21.1
chr10:31596956-31596897	hs 10p11.22
chr19:1009717-1009658	hs 19p13.3
chr2:174091756-174091815	hs 2q31.1
chr22:24313789-24313730	hs 22q11.23
chr7:154795769-154795828	hs 7q36.2
chr22:45828233-45828292	hs 22q13.31
chr6:32862645-32862704	hs 6p21.32
chr4:663873-663932	hs 4p16.3
chr7:116200742-116200801	hs 7q31.2
chr7:123485310-123485369	hs 7q31.32
chr6:44244205-44244264	hs 6p21.1
chr19:9453654-9453713	hs 19p13.2
chr13:43787505-43787647	hs 13q14.11
chr2:74146700-74146759	hs 2p13.1
chr13:19586450-19586509	hs 13q12.11
chr1:146646696-146646755	hs 1q21.1
chr9:132049335-132049394	hs 9q34.11
chr19:47713365-47713424	hs 19q13.32
chr6:73984601-73984542	hs 6q13
chr2:170663537-170665006	hs 2q31.1
chr1:48260318-48260259	hs 1p33
chr6:129860331-129845161	hs 6q22.33
chr15:69387049-69387108	hs 15q23
chr7:105913036-105912977	hs 7q22.3
chr16:53524846-53524905	hs 16q12.2
chr1:161953276-161953217	hs 1q23.3
chr12:3149391-3149555	hs 12p13.33
chr6:109691645-109690193	hs 6q21

chr1:235088032-235087973	hs 1q42.3
chr12:77252613-77252554	hs 12q21.2
chr15:74241855-74241914	hs 15q24.1
chr11:2317566-2317507	hs 11p15.5
chr17:16345210-16345270	hs 17p11.2
chr9:136440581-136440640	hs 9q34.2
chrX:24228852-24228911	hs Xp22.11
chr17:2616078-2616137	hs 17p13.3
chr5:138855656-138855597	hs 5q31.2
chr4:8234161-8234220	hs 4p16.1
chr9:5300194-5300135	hs 9p24.1
chr17:017286802-017286861	hs 17p11.2
chr9:84199177-84199118	hs 9q21.32
chr9:125707651-125707710	hs 9q33.2
chr9:131257057-131257116	hs 9q34.11
chr2:109328840-109328781	hs 2q12.3
chr1:45125906-45125847	hs 1p34.1
chr1:41007295-41007354	hs 1p34.2
chr16:1605184-1605243	hs 16p13.3
chr5:42991133-42991074	hs 5p12
chrX:77084713-77084654	hs Xq21.1
chr16:67134630-67134689	hs 16q22.1
chr22:44553927-44559760	hs 22q13.31
chr11:111965758-111965817	hs 11q23.1
chr4:106041082-106041141	hs 4q24
chr19:55861416-55861357	hs 19q13.42
chr5:173146208-173146149	hs 5q35.2
chr17:67957889-67957948	hs 17q24.3
chr20:62701165-62701662	hs 20q13.33
chr16:82182215-82182156	hs 16q23.3
chr14:101327286-101327345	hs 14q32.2
chr20:378107-378166	hs 20p13
chr1:79107590-79107649	hs 1p31.1
chr7:141445323-141445382	hs 7q34
chr6:36275374-36275433	hs 6p21.31
chr3:53082000-53082059	hs 3p21.1
chr11:082784792-082784851	hs 11q14.1
chr6:35919005-35918946	hs 6p21.31
chr17:5424946-5424887	hs 17p13.2
chr2:232672788-232672847	hs 2q37.1
chr16:71679219-71679160	hs 16q22.2
chr7:104715141-104715200	hs 7q22.3
chr12:98928260-98928319	hs 12q23.1
chr22:31328377-31324167	hs 22q12.2

chr4:55606511-55606570	hs 4q12
chr1:6142274-6142333	hs 1p36.31
chr5:77654697-77654638	hs 5q14.1
chr2:38976734-38976675	hs 2p22.1
chr5:141276021-141275962	hs 5q31.3
chr17:59486256-59486315	hs 17q23.2
chr6:37300191-37300250	hs 6p21.2
chr19:12671224-12671283	hs 19p13.2
chr14:106101432-106101492	hs 14q32.33
chr20:61472682-61472623	hs 20q13.33
chr3:155546028-155544607	hs 3q25.31
chr16:075165171-075165230	hs 16q23.1
chr19:3592753-3592812	hs 19p13.3
chr19:1393247-1393306	hs 19p13.3
chr12:120118705-120118764	hs 12q24.23
chr7:112720562-112720503	hs 7q31.1
chr20:47133040-47132981	hs 20q13.13
chr17:56378659-56378600	hs 17q22
chr20:39989162-39989221	hs 20q12
chr16:71316895-71316836	hs 16q22.2
chr19:811523-811582	hs 19p13.3
chrX:48386942-48387001	hs Xp11.23
chrX:77385726-77385667	hs Xq21.1
chr13:110784410-110784351	hs 13q34
chr9:69135853-69135912	hs 9q21.11
chr9:140354470-140354411	hs 9q34.3
chr1:144921882-144921823	hs 1q21.1
chr6:3926402-3925757	hs 6p25.2
chrX:103892628-103892569	hs Xq22.3
chr5:87732308-87732367	hs 5q14.3
chr10:5805350-5805406	hs 10p15.1
chr5:149432920-149432861	hs 5q32
chr14:75321894-75321835	hs 14q24.3
chr3:156876715-156876656	hs 3q25.31
chr7:66105338-66105397	hs 7q11.21
chr19:7535707-7535766	hs 19p13.2
chr15:41023607-41023666	hs 15q15.1
chr17:26554908-26554967	hs 17q11.2
chr8:117657150-117657091	hs 8q23.3
chr2:196402943-196403002	hs 2q32.3
chr15:23191521-23185274	hs 15q11.2
chr22:18659618-18659677	hs 22q11.21
chr5:56778051-56777992	hs 5q11.2
chr2:238007370-238007429	hs 2q37.3

chr2:26151681-26151622	hs 2p23.3
chr15:75931766-75931707	hs 15q24.2
chr14:56043998-56043939	hs 14q22.3
chr12:113448429-113448488	hs 12q24.13
chr19:51322065-51322124	hs 19q13.33
chr1:40361179-40361120	hs 1p34.2
chr2:68364466-68361908	hs 2p14
chr17:80401579-80401520	hs 17q25.3
chr2:18736163-18736104	hs 2p24.2
chr6:36652178-36652237	hs 6p21.2
chr3:48716057-48715998	hs 3p21.31
chr11:216207-216148	hs 11p15.5
chr5:135548410-135548469	hs 5q31.1
chr19:37266392-37266451	hs 19q13.12
chr18:9525728-9525787	hs 18p11.22
chr1:205589316-205589257	hs 1q32.1
chr15:82533693-82533634	hs 15q25.2
chr6:74227520-74227579	hs 6q13
chr20:39665854-39665795	hs 20q12
chr2:243102132-243102191	hs 2q37.3
chr19:7934686-7934627	hs 19p13.2
chr10:120081877-120081818	hs 10q26.11
chr11:17809710-17809651	hs 11p15.1
chr2:201758042-201758101	hs 2q33.1
chr8:19709238-19709297	hs 8p21.3
chr9:6669713-6670468	hs 9p24.1
chrY:1711872-1711931	hs Yp11.32
chr11:64846856-64846797	hs 11q13.1
chrX:70984367-70984426	hs Xq13.1
chr14:104518565-104518624	hs 14q32.33
chr1:20978961-20978902	hs 1p36.12
chr11:58189866-58189807	hs 11q12.1
chr11:61165387-61165446	hs 11q12.2
chr16:22358232-22358173	hs 16p12.2
chr9:130354404-130354463	hs 9q34.11
chr9:67269265-67269324	hs 9q13
chr17:43513358-43513299	hs 17q21.31
chr19:9299233-9299292	hs 19p13.2
chr2:232578073-232578132	hs 2q37.1
chr9:71833396-71833455	hs 9q21.11
chr11:11901729-11901788	hs 11p15.3
chr9:93976528-93976469	hs 9q22.31
chrX:106367003-106366944	hs Xq22.3
chr1:62939716-62939657	hs 1p31.3

chr7:108204772-108204713	hs 7q31.1
chr9:34252568-34252509	hs 9p13.3
chr14:52471790-52471731	hs 14q22.1
chrX:17772278-17772337	hs Xp22.13
chr1:155734733-155734674	hs 1q22
chr17:39221369-39221320	hs 17q21.2
chr9:88637030-88637089	hs 9q21.33
chr14:38508276-38508217	hs 14q21.1
chr17:45788549-45788608	hs 17q21.32
chr5:167946137-167946196	hs 5q34
chr5:134028724-134028783	hs 5q31.1
chr7:32982662-32982603	hs 7p14.3
chr7:156990272-156990213	hs 7q36.3
chr8:54900799-54900740	hs 8q11.23
chr5:122344198-122344257	hs 5q23.2
chr9:38694343-38694284	hs 9p13.1
chr15:40986121-40986062	hs 15q15.1
chr11:033258956-033259015	hs 11p13
chr7:130737276-130737217	hs 7q32.3
chr1:222840877-222840936	hs 1q41
chr6:25108279-25108220	hs 6p22.3
chr16:71961764-71961823	hs 16q22.2
chr11:63342381-63342322	hs 11q12.3
chr17:72257242-72257301	hs 17q25.1
chr3:183165608-183165667	hs 3q27.1
chr6:30667792-30667733	hs 6p21.33
chrX:129059066-129059125	hs Xq26.1
chr2:190649903-190649962	hs 2q32.2
chr12:24964511-24964452	hs 12p12.1
chr20:3171130-3171071	hs 20p13
chr12:72338117-72338176	hs 12q21.1
chr1:40435568-40435627	hs 1p34.2
chr7:131185194-131185135	hs 7q32.3
chr5:175811304-175811245	hs 5q35.2
chr11:60183684-60183743	hs 11q12.2
chr13:67805753-67805812	hs 13q21.32
chr3:18568758-18568817	hs 3p24.3
chr9:20346539-20346480	hs 9p21.3
chr8:029490041-029490100	hs 8p12
chr1:110958810-110958869	hs 1p13.3
chr17:80014732-80014791	hs 17q25.3
chr5:60186775-60186716	hs 5q12.1
chr4:57215519-57215460	hs 4q12
chr11:62652689-62652748	hs 11q12.3

chr2:73161417-73161476	hs 2p13.2
chr4:15691923-15691982	hs 4p15.32
chr22:41220608-41220581	hs 22q13.2
chr8:142205730-142205789	hs 8q24.3
chr5:72385939-72385998	hs 5q13.2
chr19:54745518-54745459	hs 19q13.42
chr22:17128132-17128596	hs 22q11.1
chr1:84702761-84702820	hs 1p31.1
chr10:88950741-88950800	hs 10q23.2
chr17:20903621-20903562	hs 17p11.2
chr4:139978941-139978882	hs 4q31.1
chr16:2757433-2757491	hs 16p13.3
chr16:079832468-079832527	hs 16q23.2
chrX:73422990-73422931	hs Xq13.2
chr7:141899689-141899748	hs 7q34
chr20:45363893-45363952	hs 20q13.12
chr5:111075333-111075392	hs 5q22.1
chr12:48138315-48138256	hs 12q13.11
chr10:85980324-85980265	hs 10q23.1
chr17:74676626-74676567	hs 17q25.1
chrY:1824818-1824877	hs Yp11.32
chr15:83425862-83425921	hs 15q25.2
chr4:38664825-38664766	hs 4p14
chr16:1016077-1016136	hs 16p13.3
chr22:24967914-24967973	hs 22q11.23
chr13:95815416-95813571	hs 13q32.1
chr8:37188414-37188355	hs 8p11.23
chr14:107083393-107083334	hs 14q32.33
chr11:3733249-3733190	hs 11p15.4
chr3:182178446-182178387	hs 3q26.33
chr2:103150238-103150297	hs 2q12.1
chr6:151413640-151413699	hs 6q25.1
chr9:94972930-94972871	hs 9q22.31
chr3:42636316-42636375	hs 3p22.1
chr21:30595041-30595100	hs 21q21.3
chr9:107543763-107543704	hs 9q31.1
chr1:145594972-145594157	hs 1q21.1
chr4:4323435-4323494	hs 4p16.3
chr5:159855644-159855703	hs 5q33.3
chr12:133413570-133413511	hs 12q24.33
chr10:82003712-82003653	hs 10q23.1
chr19:42585435-42585494	hs 19q13.2
chr19:4653833-4653892	hs 19p13.3
chr6:80878596-80878655	hs 6q14.1

chrX:142716215-142716156	hs Xq27.3
chr14:55408024-55407965	hs 14q22.2
chr21:45561240-45561299	hs 21q22.3
chr4:1245821-1245880	hs 4p16.3
chr11:58976498-58976439	hs 11q12.1
chr19:18675774-18677943	hs 19p13.11
chr8:67834908-67834849	hs 8q13.1
chrUn_gl000211:103518-103576	
chr2:72692335-72692276	hs 2p13.2
chr14:77928985-77929044	hs 14q24.3
chr2:220291400-220291459	hs 2q35
chr11:47594541-47594482	hs 11p11.2
chr19:58417239-58417180	hs 19q13.43
chr6:13325400-13325341	hs 6p24.1
chr2:128252464-128250944	hs 2q14.3
chr15:89046085-89046026	hs 15q25.3
chr17:66264963-66264904	hs 17q24.2
chr2:11318091-11318150	hs 2p25.1
chrX:52942198-52944043	hs Xp11.22
chr7:1626121-1626180	hs 7p22.3
chr11:57076527-57076468	hs 11q12.1
chr1:184663261-184663202	hs 1q25.3
chr16:23680321-23680380	hs 16p12.2
chr8:145172632-145172680	hs 8q24.3
chr6:126082004-126082063	hs 6q22.31
chr10:71973223-71969387	hs 10q22.1
chr12:44783288-44783347	hs 12q12
chr2:86067218-86067159	hs 2p11.2
chr2:86363070-86363129	hs 2p11.2
chr11:67069852-67069911	hs 11q13.2
chr6:144146229-144146288	hs 6q24.2
chrX:152037847-152037906	hs Xq28
chr11:126283477-126283536	hs 11q24.2
chr2:102022465-102022406	hs 2q11.2
chr20:37054976-37054917	hs 20q11.23
chr1:231136044-231136103	hs 1q42.2
chr11:134022687-134022628	hs 11q25
chr3:47893446-47893387	hs 3p21.31
chr2:74362689-74362630	hs 2p13.1
chr17:80562366-80562425	hs 17q25.3
chr19:8388341-8388282	hs 19p13.2
chr2:111878705-111878764	hs 2q13
chr19:46387337-46387278	hs 19q13.32
chr17:000181412-000181353	hs 17p13.3

chr14:101379122-101380857	hs 14q32.2
chr4:185616396-185616337	hs 4q35.1
chr7:45791163-45788294	hs 7p12.3
chr14:36604106-36604047	hs 14q13.3
chrX:24576712-24576653	hs Xp22.11
chr9:139957282-139957223	hs 9q34.3
chr22:39427939-39428222	hs 22q13.1
chr20:44690371-44690312	hs 20q13.12
chr1:243289868-243289809	hs 1q43
chr10:99179122-99179063	hs 10q24.1
chrX:133677762-133677703	hs Xq26.3
chr9:139841360-139841419	hs 9q34.3
chr14:61441833-61441774	hs 14q23.1
chr19:50864267-50864208	hs 19q13.33
chr3:193310830-193308119	hs 3q29
chr10:102121843-102121784	hs 10q24.31
chr10:76792462-76792521	hs 10q22.2
chr2:220250727-220250407	hs 2q35
chr11:63527824-63527765	hs 11q13.1
chr15:93340178-93340237	hs 15q26.1
chr16:51141631-51141690	hs 16q12.1
chr12:76746619-76746560	hs 12q21.2
chr1:6158564-6158623	hs 1p36.31
chr2:86373308-86373249	hs 2p11.2
chr1:70385301-70385360	hs 1p31.1
chr10:45953813-45953754	hs 10q11.21
chr19:52216452-52216393	hs 19q13.41
chr11:95566186-95566127	hs 11q21
chr8:67963495-67958167	hs 8q13.1
chr1:171310969-171311028	hs 1q24.3
chr3:160802348-160802289	hs 3q26.1
chr14:70037055-70036996	hs 14q24.1
chr12:95470741-95470682	hs 12q22
chr4:8325509-8325568	hs 4p16.1
chr10:43678931-43678990	hs 10q11.21
chr1:212802635-212802576	hs 1q32.3
chr1:74841473-74841532	hs 1p31.1
chr16:27245524-27244425	hs 16p12.1
chr16:30390483-30390424	hs 16p11.2
chr18:55336418-55336477	hs 18q21.31
chr16:016025979-016025920	hs 16p13.11
chrX:48460541-48462665	hs Xp11.23
chrY:1531746-1531687	hs Yp11.32
chrX:154261768-154261827	hs Xq28

chr6:137813509-137813450	hs 6q23.3
chr6:15248107-15248048	hs 6p22.3
chr18:77346692-77346751	hs 18q23
chr14:101411997-101412056	hs 14q32.31
chr2:69623541-69623482	hs 2p13.3
chr16:82031603-82031544	hs 16q23.3
chr12:74934835-74934894	hs 12q21.1
chr19:54369266-54369325	hs 19q13.42
chr14:80963137-80963078	hs 14q31.1
chr6:004024918-004024977	hs 6p25.2
chr14:35546376-35548145	hs 14q13.2
chr19:2755165-2755106	hs 19p13.3
chr19:4497037-4497096	hs 19p13.3
chr4:8239319-8239379	hs 4p16.1
chr12:96255070-96259159	hs 12q23.1
chr4:113190479-113190538	hs 4q25
chr10:92911824-92911765	hs 10q23.32
chr20:30075307-30075366	hs 20q11.21
chr8:125476618-125476559	hs 8q24.13
chr4:169142950-169142891	hs 4q32.3
chr4:017875071-017875012	hs 4p15.31
chr10:32557968-32557909	hs 10p11.22
chr17:20640403-20640344	hs 17p11.2
chr15:074834435-074834494	hs 15q24.1
chr3:113806986-113807045	hs 3q13.31
chr16:3586678-3586737	hs 16p13.3
chr11:118416530-118416173	hs 11q23.3
chr7:20193868-20180775	hs 7p21.1
chr15:75313582-75313641	hs 15q24.2
chr9:27230070-27230129	hs 9p21.2
chr9:139006855-139006796	hs 9q34.3
chr4:152593934-152592416	hs 4q31.3
chr6:150039919-150039978	hs 6q25.1
chr19:13034973-13033650	hs 19p13.2
chr15:66787689-66786853	hs 15q22.31
chr7:149462406-149462347	hs 7q36.1
chr2:207273034-207272975	hs 2q33.3
chr15:28483882-28483823	hs 15q13.1
chr6:116912107-116914195	hs 6q22.1
chr11:61067258-61067199	hs 11q12.2
chr7:24718879-24718938	hs 7p15.3
chr2:172848187-172848246	hs 2q31.1
chr12:104511944-104511885	hs 12q23.3
chr10:98982785-98982726	hs 10q24.1

chr7:135072846-135072787	hs 7q33
chr22:029877703-029877644	hs 22q12.2
chr1:241753373-241753522	hs 1q43
chrX:49035874-49035815	hs Xp11.23
chr1:149816206-149816147	hs 1q21.2
chr11:57235294-57235353	hs 11q12.1
chr12:80423093-80423152	hs 12q21.31
chr18:8635551-8635610	hs 18p11.22
chr1:111894663-111894722	hs 1p13.2
chr9:075680975-075680916	hs 9q21.13
chr12:113448601-113448660	hs 12q24.13
chr11:64374843-64374784	hs 11q13.1
chr22:31867890-31867831	hs 22q12.2
chr8:65309242-65309183	hs 8q12.3
chr1:119573925-119573866	hs 1p12
chr1:40223962-40223903	hs 1p34.2
chr11:77633422-77632481	hs 11q14.1
chr2:175432601-175431865	hs 2q31.1
chr20:56227153-56227094	hs 20q13.31
chr1:155988133-155988074	hs 1q22
chr3:143710438-143710497	hs 3q24
chr13:111957595-111957654	hs 13q34
chr11:57428642-57428701	hs 11q12.1
chr1:143914523-143914582	hs 1q21.1
chr22:24615682-24615623	hs 22q11.23
chr19:46273080-46273021	hs 19q13.32
chr9:77761675-77761734	hs 9q21.13
chr3:125725329-125725270	hs 3q21.2
chr16:87187978-87172936	hs 16q24.2
chr19:48879538-48879597	hs 19q13.33
chr1:32826956-32826897	hs 1p35.1
chr1:153616802-153616861	hs 1q21.3
chr11:76061610-76061551	hs 11q13.5
chr6:30691905-30691964	hs 6p21.33
chr7:99091344-99091285	hs 7q22.1
chr1:162762768-162762827	hs 1q23.3
chr4:119592221-119592162	hs 4q26
chr10:12214844-12214785	hs 10p13
chr4:190878570-190878629	hs 4q35.2
chr15:101094670-101094611	hs 15q26.3
chr6:73951921-73951862	hs 6q13
chr12:57180933-57180992	hs 12q13.3
chr10:135176314-135176255	hs 10q26.3
chr17:6932656-6932715	hs 17p13.1

chr2:74645359-74645300	hs 2p13.1
chr15:29992586-29992527	hs 15q13.1
chr15:79058167-79058108	hs 15q25.1
chr2:70315678-70315737	hs 2p13.3
chr14:34955430-34955489	hs 14q13.1
chr20:1106195-1106254	hs 20p13
chrX:99940070-99940011	hs Xq22.1
chr15:70863636-70863577	hs 15q23
chr12:109991620-109991561	hs 12q24.11
chr1:161495332-161495391	hs 1q23.3
chr10:50222472-50222413	hs 10q11.23
chr14:31084686-31084745	hs 14q12
chr9:125552062-125552121	hs 9q33.2
chr9:70432360-70432301	hs 9q21.11
chr1:12067231-12067290	hs 1p36.22
chr10:19641089-19641148	hs 10p12.31
chr1:203137019-203136960	hs 1q32.1
chr12:7069332-7069391	hs 12p13.31
chr7:148497556-148497497	hs 7q36.1
chr5:76987202-76987143	hs 5q14.1
chr9:139699837-139699896	hs 9q34.3
chr22:19431019-19430960	hs 22q11.21
chrX:037351894-037351953	hs Xp21.1
chr1:28212463-28212522	hs 1p35.3
chr11:109296246-109296305	hs 11q22.3
chrX:153295787-153295728	hs Xq28
chr19:35435800-35435859	hs 19q13.11
chr2:233208616-233208675	hs 2q37.1
chr20:58647278-58647337	hs 20q13.33
chr6:26465550-26465609	hs 6p22.2
chr1:145281999-145282058	hs 1q21.1
chr11:64011457-64011516	hs 11q13.1
chr4:71768207-71768266	hs 4q13.3
chr6:81152392-81152451	hs 6q14.1
chr6:27419044-27418985	hs 6p22.1
chr1:78030632-78030573	hs 1p31.1
chr19:17514113-17514054	hs 19p13.11
chr9:139089230-139089171	hs 9q34.3
chr17:40253518-40253459	hs 17q21.2
chr6:145148752-145148811	hs 6q24.2
chr3:38567063-38567122	hs 3p22.2
chr1:36921953-36921894	hs 1p34.3
chr11:224126-224067	hs 11p15.5
chr9:17487004-17487063	hs 9p22.2

chr7:025695018-025694959	hs 7p15.2
chr5:140595978-140596037	hs 5q31.3
chr16:20791829-20791770	hs 16p12.3
chr19:10421203-10421144	hs 19p13.2
chr19:24103105-24103164	hs 19p12
chr19:15918319-15918260	hs 19p13.12
chr6:090772673-090772614	hs 6q15
chr9:27565544-27562431	hs 9p21.2
chr17:76219617-76219558	hs 17q25.3
chr2:192011440-192011381	hs 2q32.3
chrX:48690521-48690462	hs Xp11.23
chr4:148555766-148555825	hs 4q31.23
chr15:028913537-028913596	hs 15q13.1
chr11:67786661-67786720	hs 11q13.2
chr6:31382847-31382906	hs 6p21.33
chr19:21591532-21591591	hs 19p12
chr11:86711194-86711253	hs 11q14.2
chr12:110208051-110208110	hs 12q24.11
chr17:32806888-32806947	hs 17q12
chr12:108239742-108239308	hs 12q23.3
chr19:5688184-5688243	hs 19p13.3
chr1:33245858-33245799	hs 1p35.1
chr6:125596785-125596726	hs 6q22.31
chr22:18520615-18520674	hs 22q11.21
chr2:96809962-96809903	hs 2q11.2
chr1:17313405-17313346	hs 1p36.13
chrUn_gl000218:60884-60825	
chr7:140378966-140379025	hs 7q34
chr4:125585620-125585561	hs 4q28.1
chr22:029227199-029227140	hs 22q12.1
chr4:180227877-180227936	hs 4q34.3
chr5:65119097-65119156	hs 5q12.3
chr5:132279661-132279720	hs 5q31.1
chr11:120359849-120359908	hs 11q23.3
chr2:145146320-145146261	hs 2q22.3
chr12:65107283-65107224	hs 12q14.3
chr3:106823654-106823595	hs 3q13.12
chr20:44802794-44802735	hs 20q13.12
chr1:033445625-033445684	hs 1p35.1
chr19:29461516-29461575	hs 19q12
chr19:44352724-44352783	hs 19q13.31
chr11:65485203-65485144	hs 11q13.1
chr6:107595299-107595240	hs 6q21
chr9:3344791-3344732	hs 9p24.2

chr1:202400667-202400726	hs 1q32.1
chr9:100886921-100886862	hs 9q22.33
chr21:38597763-38597704	hs 21q22.13
chr17:40186308-40186249	hs 17q21.2
chr14:74062080-74062139	hs 14q24.3
chr8:71024424-71024365	hs 8q13.3
chr22:19776111-19776052	hs 22q11.21
chr1:156707513-156707454	hs 1q23.1
chr9:96938953-96938894	hs 9q22.32
chr5:148875307-148875248	hs 5q32
chr19:41282959-41283335	hs 19q13.2
chr2:47895991-47895932	hs 2p16.3
chr11:117016771-117016830	hs 11q23.3
chr22:24083874-24083815	hs 22q11.23
chr1:89851275-89851334	hs 1p22.2
chr11:121061441-121061500	hs 11q23.3
chr6:135357521-135357462	hs 6q23.3
chr7:113519885-113519826	hs 7q31.1
chr3:6165745-6165804	hs 3p26.1
chr11:069187142-069187201	hs 11q13.3
chr11:090015787-090015728	hs 11q14.3
chr19:53915117-53915176	hs 19q13.42
chr6:43489181-43489240	hs 6p21.1
chr20:35869710-35869769	hs 20q11.23
chr8:1806922-1806981	hs 8p23.3
chr11:66099619-66099560	hs 11q13.2
chr7:100804062-100804121	hs 7q22.1
chr11:061274039-061274098	hs 11q12.2
chr7:23643715-23643774	hs 7p15.3
chr9:136336276-136336217	hs 9q34.2
chr15:20737145-20737094	hs 15q11.2
chr13:77502690-77502749	hs 13q22.3
chr11:65220720-65220779	hs 11q13.1
chr11:72514802-72514743	hs 11q13.4
chr1:2482059-2481702	hs 1p36.32
chr5:138784494-138784435	hs 5q31.2
chr17:43506778-43506719	hs 17q21.31
chr19:56952634-56952575	hs 19q13.43
chr16:23596691-23593672	hs 16p12.2
chr1:161070598-161070539	hs 1q23.3
chr19:35614472-35614531	hs 19q13.12
chr4:068578587-068578528	hs 4q13.2
chr3:196081140-196081081	hs 3q29
chr22:21044452-21044511	hs 22q11.21

chr12:98995317-98995376	hs 12q23.1
chr7:002299242-002299301	hs 7p22.3
chr19:57889811-57889870	hs 19q13.43
chr13:100037723-100037782	hs 13q32.3
chr9:19424730-19424789	hs 9p22.1
chr22:38221326-38221385	hs 22q13.1
chr10:99190177-99190236	hs 10q24.1
chr8:28866639-28866698	hs 8p12
chr1:70716305-70716364	hs 1p31.1
chr6:43475030-43474971	hs 6p21.1
chr20:1532397-1532338	hs 20p13
chrX:134186043-134185984	hs Xq26.3
chr5:130762134-130762075	hs 5q31.1
chr9:107881631-107881690	hs 9q31.1
chr16:57610060-57610119	hs 16q21
chr15:25228582-25228641	hs 15q11.2
chr8:110660556-110660615	hs 8q23.2
chr11:61593923-61593982	hs 11q12.2
chr15:56721249-56721190	hs 15q21.3
chr16:89235352-89235411	hs 16q24.3
chr1:149898568-149898509	hs 1q21.2
chr5:160060441-160060382	hs 5q34
chr1:111441803-111441862	hs 1p13.3
chr7:156971521-156974250	hs 7q36.3
chr12:54575939-54575880	hs 12q13.13
chrUn_gl000219:58041-57982	
chr19:42434231-42434290	hs 19q13.2
chr2:120012364-120012423	hs 2q14.2
chr7:63809153-63809212	hs 7q11.21
chr1:2306367-2306308	hs 1p36.32
chr22:28320884-28320943	hs 22q12.1
chr20:39742734-39742793	hs 20q12
chr11:6704008-6703605	hs 11p15.4
chr22:44385073-44385132	hs 22q13.31
chr19:35449481-35449422	hs 19q13.11
chr1:44395815-44395874	hs 1p34.1
chr22:42520497-42520556	hs 22q13.2
chr3:72084729-72084670	hs 3p13
chr7:138279105-138279046	hs 7q34
chr20:44961061-44961002	hs 20q13.12
chr7:98625237-98625178	hs 7q22.1
chrX:110867823-110867764	hs Xq23
chr14:101473040-101473099	hs 14q32.31

chr1:78030621-78030562	hs 1p31.1
chr20:33891603-33891544	hs 20q11.22
chr3:25636109-25636168	hs 3p24.2
chr9:86618846-86618905	hs 9q21.32
chrUn_g 000217:000049977-000050036	
chr17:76671834-76671775	hs 17q25.3
chr11:069924328-069924387	hs 11q13.3
chr11:102932955-102932896	hs 11q22.3
chr16:71686757-71686698	hs 16q22.2
chr7:27168806-27168865	hs 7p15.2
chr9:130575644-130575703	hs 9q34.11
chr16:2604120-2604061	hs 16p13.3
chr2:86385558-86385499	hs 2p11.2
chr1:228583602-228583543	hs 1q42.13
chr11:73583781-73583722	hs 11q13.4
chrX:140097676-140097735	hs Xq27.1
chr7:99722740-99722799	hs 7q22.1
chrX:102947289-102947348	hs Xq22.2
chr8:12436191-12436250	hs 8p23.1
chr6:6730077-6730136	hs 6p25.1
chr15:20738771-20738712	hs 15q11.2
chr11:79828024-79827965	hs 11q14.1
chr6:153310292-153310351	hs 6q25.2
chr2:37041766-37041825	hs 2p22.2
chr12:122281665-122277945	hs 12q24.31
chr2:231410216-231410275	hs 2q37.1
chr6:27775942-27776001	hs 6p22.1
chr2:112123203-112123144	hs 2q13
chr7:64310368-64310309	hs 7q11.21
chr5:118175706-118175647	hs 5q23.1
chr9:135118106-135118165	hs 9q34.13
chr18:40503614-40503555	hs 18q12.3
chrX:48887788-48887729	hs Xp11.23
chr9:135521287-135517397	hs 9q34.13
chr7:38398233-38398174	hs 7p14.1
chr19:36235296-36235237	hs 19q13.12
chr12:123569225-123569284	hs 12q24.31
chr16:8942790-8942849	hs 16p13.2
chr14:99959862-99959921	hs 14q32.2
chr21:33686835-33686776	hs 21q22.11
chr20:44978437-44978378	hs 20q13.12
chr7:21940916-21940975	hs 7p15.3
chr7:127732513-127732572	hs 7q32.1
chr16:90066550-90066609	hs 16q24.3

chr17:18607987-18608046	hs 17p11.2
chr14:31535524-31539091	hs 14q12
chr8:8780210-8784509	hs 8p23.1
chr1:11438245-11438304	hs 1p36.22
chr6:82455540-82455481	hs 6q14.1
chr17:15879964-15879905	hs 17p12
chr4:152498817-152498876	hs 4q31.3
chr16:67708712-67708653	hs 16q22.1
chr3:39244508-39255631	hs 3p22.2
chr5:103216404-103216345	hs 5q21.2
chr10:11653619-11653678	hs 10p14
chr22:24898115-24898174	hs 22q11.23
chr17:055940464-055940523	hs 17q22
chr13:104975832-105020474	hs 13q33.2
chr1:147127356-147127297	hs 1q21.2
chr11:108028826-108028767	hs 11q22.3
chr11:1862437-1862744	hs 11p15.5
chr6:81055230-81055289	hs 6q14.1
chr14:32545243-32545184	hs 14q12
chr1:26604377-26604436	hs 1p36.11
chr5:153371834-153371775	hs 5q33.2
chr12:4019486-4019545	hs 12p13.32
chr1:229652770-229652711	hs 1q42.13
chr8:8890645-8890704	hs 8p23.1
chr3:49842402-49842461	hs 3p21.31
chr19:14071142-14071201	hs 19p13.12
chr10:93624141-93624200	hs 10q23.32
chr16:20219966-20220282	hs 16p12.3
chr1:28826368-28826427	hs 1p35.3
chr17:21436035-21435976	hs 17p11.2
chr3:71732228-71732169	hs 3p13
chr22:19951712-19951771	hs 22q11.21
chr7:44809393-44809452	hs 7p13
chr9:066708013-066707954	hs 9q13
chr14:74961983-74962042	hs 14q24.3
chr5:89754201-89754142	hs 5q14.3
chr19:51742998-51743057	hs 19q13.41
chr6:12164823-12164882	hs 6p24.1
chr1:161697301-161697360	hs 1q23.3
chr2:69064777-69064836	hs 2p13.3
chr12:121671848-121671907	hs 12q24.31
chr10:135193847-135193906	hs 10q26.3
chr18:19203758-19203816	hs 18q11.2
chr18:71930657-71930598	hs 18q22.3

chr8:11203536-11203477	hs 8p23.1
chr19:46052480-46052421	hs 19q13.32
chr6:170881641-170881700	hs 6q27
chr16:53404723-53404664	hs 16q12.2
chr12:53343300-53343241	hs 12q13.13
chr4:152024154-152024213	hs 4q31.3
chr9:35661115-35661174	hs 9p13.3
chr5:74066571-74066630	hs 5q13.3
chr17:4726661-4726720	hs 17p13.2
chr11:111760066-111760007	hs 11q23.1
chr15:032792025-032791965	hs 15q13.3
chr12:6500070-6500129	hs 12p13.31
chr11:67560120-67560061	hs 11q13.2
chrX:54014278-54014219	hs Xp11.22
chr11:65193885-65193944	hs 11q13.1
chrX:118605131-118605190	hs Xq24
chr17:37921970-37921911	hs 17q12
chr19:42829137-42829196	hs 19q13.2
chr15:65540601-65540542	hs 15q22.31
chr5:137891563-137891504	hs 5q31.2
chr15:90444899-90444840	hs 15q26.1
chr3:74152480-74152539	hs 3p13
chr2:37368837-37368778	hs 2p22.2
chr19:003131203-003131262	hs 19p13.3
chr12:30955519-30955578	hs 12p11.21
chr16:88694508-88695205	hs 16q24.2
chr12:094534832-094534891	hs 12q22
chr22:20853192-20853251	hs 22q11.21
chr6:30514921-30514587	hs 6p21.33
chr17:21435799-21435740	hs 17p11.2
chr7:30590371-30590312	hs 7p14.3
chr21:38852987-38853046	hs 21q22.13
chr10:97423752-97423693	hs 10q24.1
chr4:140453903-140453844	hs 4q31.1
chr19:58380814-58380755	hs 19q13.43
chr1:109486200-109486141	hs 1p13.3
chr12:108230244-108230185	hs 12q23.3
chr19:41937330-41937271	hs 19q13.2
chr11:133785472-133785413	hs 11q25
chr5:132092310-132092251	hs 5q31.1
chr1:000666381-000666322	hs 1p36.33
chr19:8577309-8576824	hs 19p13.2
chr10:65226248-65226307	hs 10q21.3
chr2:240321637-240321578	hs 2q37.3

chr4:170015564-170015505	hs 4q32.3
chr7:135071837-135071822	hs 7q33
chr1:9787045-9787104	hs 1p36.22
chr1:2460249-2460190	hs 1p36.32
chr21:039618944-039618885	hs 21q22.13
chr16:8956083-8956024	hs 16p13.2
chrX:000970756-000970697	hs Xp22.33
chr17:27051715-27051656	hs 17q11.2
chr14:56233429-56233489	hs 14q22.3
chr7:151921158-151921100	hs 7q36.1
chr14:24520448-24520507	hs 14q11.2
chr2:38971277-38971218	hs 2p22.1
chr11:11980395-11980454	hs 11p15.3
chrX:15574466-15574525	hs Xp22.2
chr3:183560178-183560119	hs 3q27.1
chr12:100717325-100717384	hs 12q23.1
chr2:113495817-113495758	hs 2q13
chr10:133274691-133274632	hs 10q26.3
chr1:71529272-71529213	hs 1p31.1
chr13:103436747-103436688	hs 13q33.1
chr22:24236690-24236631	hs 22q11.23
chr16:69152618-69152559	hs 16q22.1
chr3:134074801-134074742	hs 3q22.2
chr20:62714996-62714937	hs 20q13.33
chr2:148691827-148691768	hs 2q22.3
chr19:42301820-42301879	hs 19q13.2
chr11:63396800-63396741	hs 11q12.3
chr15:50526183-50528163	hs 15q21.2
chr12:98879479-98879420	hs 12q23.1
chr6:89974159-89967670	hs 6q15
chr17:40820030-40819971	hs 17q21.2
chr17:80214991-80215050	hs 17q25.3
chr10:11502756-11502697	hs 10p14
chr11:60690854-60690913	hs 11q12.2
chr8:030210519-030210460	hs 8p12
chr17:49025060-49025119	hs 17q21.33
chr2:55861289-55861230	hs 2p16.1
chr7:106416399-106416458	hs 7q22.3
chr16:1884158-1884099	hs 16p13.3
chr2:242613194-242613253	hs 2q37.3
chr17:71747410-71747469	hs 17q25.1
chr18:13663574-13663515	hs 18p11.21
chr14:78398050-78399617	hs 14q24.3
chr20:5098223-5098164	hs 20p13

chr19:050313573-050313632	hs 19q13.33
chr14:24888256-24888315	hs 14q12
chr4:106290890-106290831	hs 4q24
chr10:54076687-54076746	hs 10q21.1
chr6:132791150-132791091	hs 6q23.2
chr7:097536698-097536757	hs 7q21.3
chr6:126251879-126251938	hs 6q22.32
chr2:181922483-181922424	hs 2q31.3
chr19:50783507-50783566	hs 19q13.33
chr3:096336910-096336969	hs 3q11.2
chr10:121436388-121436447	hs 10q26.11
chr13:53217750-53217809	hs 13q14.3
chr21:29025751-29025810	hs 21q21.3
chr9:97826146-97826205	hs 9q22.32
chr10:44789941-44790000	hs 10q11.21
chr14:50065700-50065759	hs 14q21.3
chr21:30872644-30872703	hs 21q21.3
chr3:195435619-195435678	hs 3q29
chr11:82909624-82909683	hs 11q14.1
chr17:53038762-53038703	hs 17q22
chr2:122288526-122288585	hs 2q14.2
chr16:30831898-30831839	hs 16p11.2
chr2:138771478-138771537	hs 2q22.1
chr20:2640801-2640742	hs 20p13
chr15:42823617-42823676	hs 15q15.2
chr11:66108504-66108445	hs 11q13.2
chr11:612702-612643	hs 11p15.5
chr14:105411626-105411567	hs 14q32.33
chr3:23960025-23960703	hs 3p24.2
chrY:19664757-19664698	hs Yq11.221
chr12:31145238-31145297	hs 12p11.21
chr19:10597321-10597262	hs 19p13.2
chr16:15131214-15131273	hs 16p13.11
chr6:154726608-154726549	hs 6q25.2
chr15:66792637-66792462	hs 15q22.31
chr9:38566457-38566398	hs 9p13.1
chr2:204082537-204082596	hs 2q33.2
chr17:16345428-16345369	hs 17p11.2
chr3:122437444-122437503	hs 3q21.1
chrX:16606196-16606137	hs Xp22.2
chr15:71089345-71089286	hs 15q23
chr17:46147546-46147487	hs 17q21.32
chr1:6246098-6246039	hs 1p36.31
chr1:144862766-144862707	hs 1q21.1

chr2:46526880-46526939	hs 2p21
chr1:109010218-109010277	hs 1p13.3
chr1:110231672-110231731	hs 1p13.3
chr19:49425597-49425656	hs 19q13.33
chr17:28951611-28951670	hs 17q11.2
chr12:3866906-3866965	hs 12p13.32
chr2:85569931-85569872	hs 2p11.2
chr9:86189005-86188946	hs 9q21.32
chr6:34392888-34392598	hs 6p21.31
chr2:222290776-222290717	hs 2q36.1
chrX:102885333-102885392	hs Xq22.2
chr14:53324082-53324023	hs 14q22.1
chr1:27124556-27124615	hs 1p36.11
chr6:28063341-28063400	hs 6p22.1
chr3:106966102-106966161	hs 3q13.12
chr5:141020571-141020630	hs 5q31.3
chr19:54664278-54664219	hs 19q13.42
chr20:334382-334441	hs 20p13
chr21:45217868-45217927	hs 21q22.3
chr10:75182214-75182155	hs 10q22.2
chr6:010460190-010460131	hs 6p24.3
chr14:54878384-54882635	hs 14q22.2
chr6:31912555-31912614	hs 6p21.33
chrX:109437714-109437655	hs Xq23
chr2:197859711-197859652	hs 2q33.1
chr7:134132097-134130061	hs 7q33
chr1:146090443-146090384	hs 1q21.1
chr1:118475952-118476011	hs 1p12
chr11:73686141-73686082	hs 11q13.4
chr1:16358986-16359688	hs 1p36.13
chr7:066367818-066367877	hs 7q11.21
chr12:1022227-1022168	hs 12p13.33
chr1:183596590-183596531	hs 1q25.3
chr20:58090994-58091053	hs 20q13.32
chr15:42859124-42859183	hs 15q15.2
chr2:131295999-131295940	hs 2q21.1
chr12:95908032-95908091	hs 12q22
chr15:023186602-023186543	hs 15q11.2
chr7:150912012-150911266	hs 7q36.1
chr15:67985864-67995691	hs 15q23
chr3:39453399-39453458	hs 3p22.1
chr19:10225660-10225719	hs 19p13.2
chr3:10140927-10140986	hs 3p25.3
chr5:1798866-1798807	hs 5p15.33

chr7:148767436-148767377	hs 7q36.1
chr19:047913319-047913260	hs 19q13.32
chr2:97203863-97203922	hs 2q11.2
chr22:19543579-19543520	hs 22q11.21
chr2:192560644-192560585	hs 2q32.3
chr11:120852844-120852903	hs 11q23.3
chr11:65771313-65771372	hs 11q13.1
chr16:53191437-53243436	hs 16q12.2
chr1:168283513-168283572	hs 1q24.2
chr12:2801192-2801251	hs 12p13.33
chr7:128142516-128142575	hs 7q32.1
chr21:40981575-40981516	hs 21q22.2
chr8:42874160-42874219	hs 8p11.21
chr2:231742895-231742954	hs 2q37.1
chr21:36410835-36410776	hs 21q22.12
chr15:85098273-85098214	hs 15q25.2
chr15:69071634-69071575	hs 15q23
chr10:72977065-72977006	hs 10q22.1
chr2:111391821-111391880	hs 2q13
chr6:33240433-33240492	hs 6p21.32
chr1:23636602-23636543	hs 1p36.12
chr7:150109494-150109553	hs 7q36.1
chr5:133918544-133918603	hs 5q31.1
chr2:75147041-75146982	hs 2p12
chr15:63136731-63136790	hs 15q22.2
chr14:31088739-31088798	hs 14q12
chr11:64006111-64006170	hs 11q13.1
chr15:41590301-41590242	hs 15q15.1
chr3:141013068-141013127	hs 3q23
chr4:142654431-142654490	hs 4q31.21
chr16:16236024-16236083	hs 16p13.11
chr9:127996052-127996111	hs 9q33.3
chr17:55710117-55710176	hs 17q22
chr16:48395444-48395385	hs 16q12.1
chr2:109379969-109380028	hs 2q12.3
chr4:123814217-123814158	hs 4q28.1
chr1:31732941-31732882	hs 1p35.2
chr18:47340748-47340807	hs 18q21.1
chr11:63533339-63533280	hs 11q13.1
chr11:64834299-64834107	hs 11q13.1
chr6:43304051-43303992	hs 6p21.1
chr5:57756201-57756142	hs 5q11.2
chr15:98285957-98285898	hs 15q26.2
chr7:063029442-063029383	hs 7q11.21

chr19:36827646-36827587	hs 19q13.12
chr15:77241545-77241604	hs 15q24.3
chr10:75529242-75529183	hs 10q22.2
chr17:19674203-19674144	hs 17p11.2
chr7_gl000195_random:83422-83363	
chr20:42169726-42169785	hs 20q13.12
chrX:23851614-23851555	hs Xp22.11
chr12:113624844-113629164	hs 12q24.13
chr12:30954787-30954846	hs 12p11.21
chr22:20780247-20780188	hs 22q11.21
chr11:554917-554858	hs 11p15.5
chr4:190993379-190993446	hs 4q35.2
chr3:190128216-190128275	hs 3q28
chr1:92148947-92148888	hs 1p22.1
chr16:90025433-90025492	hs 16q24.3
chr12:106632531-106632472	hs 12q23.3
chr14:65216731-65216388	hs 14q23.3
chr6:76624789-76624848	hs 6q14.1
chr6:107389936-107389877	hs 6q21
chr15:101609711-101609770	hs 15q26.3
chr19:36230233-36230174	hs 19q13.12
chr1:154143185-154143126	hs 1q21.3
chr2:8441881-8439875	hs 2p25.1
chr9:45352157-45352098	hs 9p11.2
chr2:98273139-98273080	hs 2q11.2
chr7:91808677-91808618	hs 7q21.2
chr17:7834875-7834460	hs 17p13.1
chr9:136126458-136126399	hs 9q34.2
chr22:39132019-39131960	hs 22q13.1
chr17:38079397-38078912	hs 17q12
chr13:53050394-53050453	hs 13q14.3
chr4:83381838-83381897	hs 4q21.22
chr2:239148209-239148150	hs 2q37.3
chr15:25220523-25220582	hs 15q11.2
chr12:48736501-48736442	hs 12q13.11
chr6:44081434-44081375	hs 6p21.1
chr19:14043548-14043489	hs 19p13.12
chr2:138722169-138724696	hs 2q22.1
chr3:143574757-143574698	hs 3q24
chr19:29698415-29698356	hs 19q12
chr6:158330798-158330974	hs 6q25.3
chr9:006639362-006639423	hs 9p24.1
chr17:48188262-48188321	hs 17q21.33
chr4:171293403-171293462	hs 4q33

chr7:62865027-62864968	hs 7q11.21
chr11:866883-866942	hs 11p15.5
chr22:19117975-19117916	hs 22q11.21
chr2:100015969-100016028	hs 2q11.2
chr10:3190239-3190180	hs 10p15.2
chrX:025664334-025664275	hs Xp21.3
chr9:116794935-116794994	hs 9q32
chr3:195435653-195435712	hs 3q29
chr8:94727532-94727473	hs 8q22.1
chr11:824764-824823	hs 11p15.5
chr8:121408269-121408210	hs 8q24.12
chr7:66785323-66785382	hs 7q11.21
chr7:42977128-42977187	hs 7p14.1
chr12:10282669-10282610	hs 12p13.2
chr17:18709283-18709342	hs 17p11.2
chr17:73264206-73263966	hs 17q25.1
chr7:128098381-128098440	hs 7q32.1
chr5:179653763-179653704	hs 5q35.3
chr7:148879766-148879825	hs 7q36.1
chr5:73924314-73924255	hs 5q13.3
chr18:33059356-33059297	hs 18q12.2
chr1:203709388-203709447	hs 1q32.1
chr6:37348954-37349013	hs 6p21.2
chr5:177384616-177384675	hs 5q35.3
chr3:4856040-4855981	hs 3p26.1
chrX:54840874-54840933	hs Xp11.21
chrX:133906117-133906058	hs Xq26.3
chr5:122359427-122359368	hs 5q23.2
chr16:31142813-31142754	hs 16p11.2
chr2:192563021-192563080	hs 2q32.3
chr19:56813396-56813455	hs 19q13.43
chr9:130873989-130873456	hs 9q34.11
chr16:14360546-14360605	hs 16p13.12
chr7:56880061-56880002	hs 7p11.2
chr12:12483006-12482947	hs 12p13.2
chr5:134780033-134779974	hs 5q31.1
chr22:26860445-26860386	hs 22q12.1
chr22:48536727-48536668	hs 22q13.32
chr2:233635677-233635618	hs 2q37.1
chr12:129278893-129278834	hs 12q24.32
chr12:76425001-76425060	hs 12q21.2
chr22:46689197-46689256	hs 22q13.31
chr4:57829743-57829684	hs 4q12
chr1:153964053-153964112	hs 1q21.3

chr11:65273871-65273930	hs 11q13.1
chr19:1108327-1108268	hs 19p13.3
chr16:30128296-30128237	hs 16p11.2
chr17:73017278-73017337	hs 17q25.1
chr1:200843145-200843204	hs 1q32.1
chr2:170933793-170933734	hs 2q31.1
chr2:128412469-128412528	hs 2q14.3
chr8:59718581-59718522	hs 8q12.1
chr15:85085410-85081823	hs 15q25.2
chr7:44916101-44916042	hs 7p13
chr19:52877906-52877965	hs 19q13.41
chr5:133307961-133307902	hs 5q31.1
chr5:171150097-171150038	hs 5q35.1
chr15:44158615-44158674	hs 15q15.3
chr8:67474765-67474706	hs 8q13.1
chrX:120152244-120152185	hs Xq24
chr2:64557679-64557620	hs 2p14
chr2:3627779-3627838	hs 2p25.3
chr17:19401415-19401474	hs 17p11.2
chr19:10203524-10203583	hs 19p13.2
chr1:236380546-236380487	hs 1q42.3
chr16:76692031-76692090	hs 16q23.1
chr11:1297951-1297892	hs 11p15.5
chr5:76130985-76131044	hs 5q13.3
chr6:163994506-163994565	hs 6q26
chr3:185353075-185353016	hs 3q27.2
chr3:52002959-52002900	hs 3p21.2
chr14:93403377-93403318	hs 14q32.12
chr19:36804012-36803959	hs 19q13.12
chr2:233432170-233432229	hs 2q37.1
chr13:108886511-108886570	hs 13q33.3
chr14:75937082-75937141	hs 14q24.3
chr5:70862873-70862932	hs 5q13.2
chr18:71920777-71920718	hs 18q22.3
chr9:139650100-139650041	hs 9q34.3
chr4:78082710-78082859	hs 4q21.1
chr3:130399467-130398281	hs 3q22.1
chr12:53291085-53291026	hs 12q13.13
chr2:25258973-25259032	hs 2p23.3
chr1:76253598-76253657	hs 1p31.1
chr19:33088371-33088312	hs 19q13.11
chr9:130886066-130886007	hs 9q34.11
chr2:017935268-017935209	hs 2p24.2
chr5:3461658-3461717	hs 5p15.33

chr7:300381-300440	hs 7p22.3
chr10:46281346-46281405	hs 10q11.22
chr12:10168271-10168330	hs 12p13.2
chr8:86787426-86787367	hs 8q21.2
chr1:50941241-50941182	hs 1p32.3
chr14:106208310-106208251	hs 14q32.33
chr19:19648334-19648393	hs 19p13.11
chr4:40328913-40332221	hs 4p14
chr7:27213023-27211789	hs 7p15.2
chr11:13753079-13753138	hs 11p15.2
chr1:6528219-6528160	hs 1p36.31
chr17:27941338-27941397	hs 17q11.2
chr11:93454973-93455032	hs 11q21
chr11:64469434-64469375	hs 11q13.1
chr1:200822485-200822544	hs 1q32.1
chr14:88904707-88904766	hs 14q31.3
chr3:060676328-060676269	hs 3p14.2
chr3:185435895-185435954	hs 3q27.2
chr6:144074989-144075048	hs 6q24.2
chr3:16357514-16357455	hs 3p25.1
chr13:044360275-044360216	hs 13q14.11
chr11:85692268-85692209	hs 11q14.2
chr4:79839565-79839506	hs 4q21.21
chr10:45500488-45500547	hs 10q11.21
chr16:14978301-14980638	hs 16p13.11
chr3:53126436-53126079	hs 3p21.1
chr10:11797592-11805266	hs 10p14
chr3:127399692-127399751	hs 3q21.3
chr6:38084440-38084499	hs 6p21.2
chr20:37076117-37076176	hs 20q11.23
chr7:128290134-128290075	hs 7q32.1
chr9:130166022-130166081	hs 9q33.3
chr1:2116522-2116463	hs 1p36.33
chr15:69855550-69855609	hs 15q23
chr7:75465240-75465299	hs 7q11.23
chr2:75929135-75929076	hs 2p12
chr19:7096467-7096408	hs 19p13.2
chr7:007949226-007949167	hs 7p21.3
chr14:39961890-39961949	hs 14q21.1
chr19:13251892-13251951	hs 19p13.2
chr17:41029-37028	hs 17p13.3
chr6:32009196-32009137	hs 6p21.33
chr1:29197120-29197061	hs 1p35.3
chr1:243589784-243589843	hs 1q43

chr5:120661447-120661506	hs 5q23.1
chr11:65192168-65192227	hs 11q13.1
chr14:50044133-50044074	hs 14q21.3
chr16:58080484-58080543	hs 16q21
chr1:155017772-155017713	hs 1q22
chr1:52840560-52840501	hs 1p32.3
chr12:11717017-11717076	hs 12p13.2
chr8:29940900-29940959	hs 8p12
chr2:184026087-184026146	hs 2q32.1
chr2:68511385-68511326	hs 2p14
chr6:73984736-73984677	hs 6q13
chr10:103588587-103588646	hs 10q24.32
chr1:192985403-192985344	hs 1q31.2
chr2:96076673-96076732	hs 2q11.1
chr22:31819356-31822619	hs 22q12.2
chr17:80273301-80273242	hs 17q25.3
chr2:242792108-242792049	hs 2q37.3
chr20:11906389-11906448	hs 20p12.2
chr16:048672571-048672630	hs 16q12.1
chr1:225156479-225156538	hs 1q42.12
chr16:4506392-4506451	hs 16p13.3
chr15:85188836-85188777	hs 15q25.2
chr20:35729704-35729645	hs 20q11.23
chr16:2227503-2227444	hs 16p13.3
chr17:7453452-7453511	hs 17p13.1
chr1:1341252-1341193	hs 1p36.33
chr2:148782621-148782680	hs 2q23.1
chr7:73117234-73117175	hs 7q11.23
chr15:100256486-100256545	hs 15q26.3
chr19:58200767-58200826	hs 19q13.43
chr19:197281-197222	hs 19p13.3
chr6:18225006-18224948	hs 6p22.3
chrY:28425468-28425319	hs Yq11.23
chr12:121159739-121159798	hs 12q24.31
chr17:45904052-45901815	hs 17q21.32
chr8:63903071-63903130	hs 8q12.3
chr11:111327269-111327328	hs 11q23.1
chr6:56963879-56963938	hs 6p12.1
chr4:5502070-5502129	hs 4p16.2
chr9:123920136-123920195	hs 9q33.2
chr2:44113851-44113792	hs 2p21
chr13:99848687-99848628	hs 13q32.3
chr7:63226669-63226728	hs 7q11.21
chr6:42193530-42193471	hs 6p21.1

chr19:13885017-13885076	hs 19p13.2
chr14:75485674-75485615	hs 14q24.3
chr7:92760278-92760219	hs 7q21.2
chr10:88994405-88994464	hs 10q23.2
chr1:13940822-13940881	hs 1p36.21
chr12:72316935-72316994	hs 12q21.1
chr3:169482695-169482636	hs 3q26.2
chr6:116816291-116816232	hs 6q22.1
chr6:21232156-21232215	hs 6p22.3
chr16:30205037-30204978	hs 16p11.2
chr3:12876193-12876252	hs 3p25.2
chr20:23335235-23335294	hs 20p11.21
chr9:91093209-91093268	hs 9q22.1
chr20:2462907-2462848	hs 20p13
chrX:43606008-43606067	hs Xp11.3
chr15:41795640-41795699	hs 15q15.1
chrX:100870867-100870808	hs Xq22.1
chr1:1271579-1271520	hs 1p36.33
chr19:45184500-45184559	hs 19q13.31
chr6:75962725-75962666	hs 6q14.1
chrX:101382220-101382279	hs Xq22.1
chr4:36258205-36258264	hs 4p14
chr11:35086732-35086673	hs 11p13
chr19:12936357-12936298	hs 19p13.2
chr6:31807322-31807381	hs 6p21.33
chr3:043527287-043527228	hs 3p22.1
chr17:21315695-21315754	hs 17p11.2
chr1:149397179-149397120	hs 1q21.2
chr3:124462910-124462969	hs 3q21.2
chr2:243037063-243037122	hs 2q37.3
chr6:41756987-41757046	hs 6p21.1
chr7:73151670-73151611	hs 7q11.23
chr17:18422874-18422815	hs 17p11.2
chr2:68358478-68358419	hs 2p14
chr11:118097483-118097424	hs 11q23.3
chr2:96078237-96078430	hs 2q11.1
chr10:63852693-63852752	hs 10q21.2
chr7:27139801-27139860	hs 7p15.2
chr11:71821178-71820960	hs 11q13.4
chr17:37006703-37006644	hs 17q12
chr17:19246728-19246669	hs 17p11.2
chr11:1753699-1753640	hs 11p15.5
chr1:247353245-247353186	hs 1q44
chr3:51433957-51433898	hs 3p21.2

chr1:45119563-45119504	hs 1p34.1
chr6:143458067-143458126	hs 6q24.2
chr11:93469411-93469352	hs 11q21
chr21:11039244-11039185	hs 21p11.1
chr11:28135091-28135150	hs 11p14.1
chr17:5124642-5124583	hs 17p13.2
chr3:186264732-186264673	hs 3q27.3
chr22:28320848-28320907	hs 22q12.1
chrX:70328539-70328480	hs Xq13.1
chrX:100092406-100093254	hs Xq22.1
chr17:72443413-72443472	hs 17q25.1
chr2:74382244-74382185	hs 2p13.1
chr17:53038843-53038902	hs 17q22
chr22:29709034-29708975	hs 22q12.2
chr2:105964250-105964309	hs 2q12.1
chr12:11420537-11420478	hs 12p13.2
chr16:054371169-054371228	hs 16q12.2
chr2:70515224-70508782	hs 2p13.3
chr7:35820878-35820819	hs 7p14.2
chr22:32788228-32784029	hs 22q12.3
chr1:116611811-116611870	hs 1p13.1
chr1:911288-911229	hs 1p36.33
chr18:59973874-59973933	hs 18q21.33
chr10:119036678-119036737	hs 10q25.3
chr17:19364076-19364017	hs 17p11.2
chr7:150035004-150035063	hs 7q36.1
chr20:35944983-35945042	hs 20q11.23
chr17:45901134-45901075	hs 17q21.32
chr8:29655940-29655999	hs 8p12
chr5:55752337-55752278	hs 5q11.2
chrUn_g 000241:13103-13044	
chr9:37087746-37087805	hs 9p13.2
chr9:88959844-88959785	hs 9q21.33
chrX:18257745-18257686	hs Xp22.13
chr2:109868129-109868188	hs 2q12.3
chr15:40618588-40618647	hs 15q15.1
chr7:150711495-150711554	hs 7q36.1
chr6:36822790-36822731	hs 6p21.2
chr9:130874005-130873946	hs 9q34.11
chr4:88379293-88379352	hs 4q22.1
chr19:23332658-23332717	hs 19p12
chr1:158577098-158577157	hs 1q23.1
chr1:33611567-33611508	hs 1p35.1
chr6:35391843-35391902	hs 6p21.31

chr1:145568429-145568488	hs 1q21.1
chr4:124851450-124851509	hs 4q28.1
chr4:37080246-37110952	hs 4p14
chr20:31967370-31967311	hs 20q11.21
chr9:91968913-91968972	hs 9q22.2
chr4:165841855-165841796	hs 4q32.3
chr2:158594035-158593976	hs 2q24.1
chr1:32830970-32830911	hs 1p35.1
chr1:36883674-36883615	hs 1p34.3
chr22:50172731-50172672	hs 22q13.33
chr12:60174827-60174886	hs 12q14.1
chr3:183861961-183862392	hs 3q27.1
chr6:125598339-125598280	hs 6q22.31
chr17:7308628-7308687	hs 17p13.1
chr8:144796020-144795961	hs 8q24.3
chr2:158175610-158175551	hs 2q24.1
chr12:56432131-56432190	hs 12q13.2
chr20:34818126-34818185	hs 20q11.23
chr8:143818291-143818350	hs 8q24.3
chr12:122502498-122502557	hs 12q24.31
chr9:117138898-117138839	hs 9q32
chr13:92002596-92002655	hs 13q31.3
chr11:531190-531249	hs 11p15.5
chr15:22011903-22011962	hs 15q11.2
chr12:4960056-4960115	hs 12p13.32
chr8:6699914-6699973	hs 8p23.1
chr7:116148261-116148320	hs 7q31.2
chr3:194023621-194023562	hs 3q29
chr1:154947230-154950471	hs 1q21.3
chr1:45809893-45809834	hs 1p34.1
chr5:40769578-40769519	hs 5p13.1
chr22:51033790-51033849	hs 22q13.33
chr16:87637922-87637981	hs 16q24.2
chr21:47557190-47556966	hs 21q22.3
chr14:39652268-39652327	hs 14q21.1
chr12:32903682-32903012	hs 12p11.21
chr1:117311778-117311837	hs 1p13.1
chr2:131829488-131829429	hs 2q21.1
chr1:209955498-209955557	hs 1q32.2
chr7:132470202-132470143	hs 7q32.3
chr8:38096091-38096150	hs 8p11.23
chr14:67648373-67648432	hs 14q23.3
chr22:30824628-30824687	hs 22q12.2
chr11:11292667-11292608	hs 11p15.3

chr8:120847137-120847079	hs 8q24.12
chr12:7075646-7075587	hs 12p13.31
chr6:74227853-74227794	hs 6q13
chr8:27850194-27850253	hs 8p21.1
chr9:136208145-136208086	hs 9q34.2
chr16:70606048-70606107	hs 16q22.1
chr20:36757912-36757853	hs 20q11.23
chr14:89079266-89079325	hs 14q31.3
chr18:11999126-11999185	hs 18p11.21
chr17:36920386-36920445	hs 17q12
chr12:46582066-46582007	hs 12q13.11
chr1:33475717-33475658	hs 1p35.1
chr19:1065272-1065331	hs 19p13.3
chr5:162880784-162880725	hs 5q34
chr19:49120023-49119441	hs 19q13.33
chr3:119149952-119149893	hs 3q13.33
chr19:3746516-3746575	hs 19p13.3
chr4:153459619-153459678	hs 4q31.3
chr10:94712120-94714426	hs 10q23.33
chr7:55505936-55505877	hs 7p11.2
chr2:122095736-122095677	hs 2q14.2
chrX:65220854-65220913	hs Xq12
chr16:31213029-31212970	hs 16p11.2
chr19:008788527-008788586	hs 19p13.2
!665248]	
chr3:9935405-9935464	hs 3p25.3
chr19:56030351-56030410	hs 19q13.42
chr3:196018207-196018148	hs 3q29
chr19:012811757-012811816	hs 19p13.2
chr1:26802399-26802458	hs 1p36.11
chr7:94176420-94176479	hs 7q21.3
chr10:3823035-3822976	hs 10p15.1
chr20:61294439-61294380	hs 20q13.33
chr12:123745880-123745821	hs 12q24.31
chr2:174350887-174350828	hs 2q31.1
chr17:56281659-56281718	hs 17q22
chr9:33920342-33920401	hs 9p13.3
chr1:10441250-10441309	hs 1p36.22
chrX:47272965-47273024	hs Xp11.23
chr17:28401583-28401642	hs 17q11.2
chr9:139444136-139444195	hs 9q34.3
chr1:231696888-231696947	hs 1q42.2
chr10:25315460-25315519	hs 10p12.1
chr4:140810806-140810747	hs 4q31.1

chr10:14944641-14944700	hs 10p13
chr6:34574417-34574358	hs 6p21.31
chr12:104732949-104733008	hs 12q23.3
chr16:216693-216752	hs 16p13.3
chr10:135202510-135202569	hs 10q26.3
chr6:20490602-20490661	hs 6p22.3
chr11:65633599-65633658	hs 11q13.1
chr11:117929953-117929894	hs 11q23.3
chr1:144465067-144465008	hs 1q21.1
chr5:121363253-121363312	hs 5q23.1
chr16:2326322-2326263	hs 16p13.3
chr3:183165676-183165735	hs 3q27.1
chr12:112910767-112910826	hs 12q24.13
chr5:67596786-67596845	hs 5q13.1
chr7:142961668-142961727	hs 7q34
chr17:40962591-40962650	hs 17q21.31
chr22:17660352-17660293	hs 22q11.1
chr21:37447245-37447186	hs 21q22.12
chr13:30914559-30914500	hs 13q12.3
chr16:772645-772586	hs 16p13.3
chr6:107474153-107474094	hs 6q21
chr1:90458940-90458881	hs 1p22.2
chr14:81938120-81938061	hs 14q31.1
chr10:116190950-116190891	hs 10q25.3
chr19:14194365-14194224	hs 19p13.12
chr10:38306221-38306280	hs 10p11.1
chr10:89727925-89727984	hs 10q23.31
chr11:5664680-5664739	hs 11p15.4
chr11:43775611-43775670	hs 11p11.2
chrX:154348363-154348422	hs Xq28
chr17:45380902-45380843	hs 17q21.32
chr3:6777409-6777468	hs 3p26.1
chr17:039186024-039185965	hs 17q21.2
chr1:52498019-52497960	hs 1p32.3
chr22:25424303-25424362	hs 22q11.23
chr7:23234444-23234503	hs 7p15.3
chr16:87437440-87437499	hs 16q24.2
chr19:2234154-2234007	hs 19p13.3
chr16:85813076-85813017	hs 16q24.1
chr6:118024847-118028126	hs 6q22.1
chr14:53836170-53992538	hs 14q22.1
chr3:157160969-157161028	hs 3q25.32
chr12:54678778-54678837	hs 12q13.13
chr2:183699679-183699620	hs 2q32.1

chr11:67166439-67166297	hs 11q13.2
chr6:137147547-137147606	hs 6q23.3
chr12:56322041-56322100	hs 12q13.2
chr11:59036408-59036349	hs 11q12.1
chr17:65735657-65735716	hs 17q24.2
chr5:68505649-68505708	hs 5q13.2
chr12:57390319-57390378	hs 12q13.3
chr9:140138097-140138038	hs 9q34.3
chr22:23838654-23852142	hs 22q11.23
chr7:056438547-056438488	hs 7p11.2
chr4:3496146-3496205	hs 4p16.3
chr16:032252763-032252704	hs 16p11.2
chr19:030447612-030447552	hs 19q12
chr6:41621911-41621970	hs 6p21.1
chr7:100550075-100550134	hs 7q22.1
chr9:92749526-92749585	hs 9q22.2
chr17:46716530-46716471	hs 17q21.32
chr20:022528712-022528653	hs 20p11.21
chr7:6541472-6541413	hs 7p22.1
chr5:94990048-94991785	hs 5q15
chr4:13339392-13339451	hs 4p15.33
chr6:52443114-52443173	hs 6p12.2
chr16:67672114-67672173	hs 16q22.1
chr8:74941211-74941270	hs 8q21.11
chrX:103231321-103231580	hs Xq22.2
chr11:65266876-65266817	hs 11q13.1
chr17:75558726-75558785	hs 17q25.3
chr17:29110720-29110661	hs 17q11.2
chr19:33464453-33465009	hs 19q13.11
chr10:127522436-127522495	hs 10q26.2
chr3:141671414-141671355	hs 3q23
chr18:12030648-12030707	hs 18p11.21
chr2:233199149-233199208	hs 2q37.1
chr1:11085296-11085355	hs 1p36.22
chr1:151746976-151746917	hs 1q21.3
chr22:37334598-37334657	hs 22q12.3
chr6:114192812-114192753	hs 6q21
chr14:76638302-76638361	hs 14q24.3
chr5:81573551-81572318	hs 5q14.2
chr19:685607-685548	hs 19p13.3
chr10:44871424-44871365	hs 10q11.21
chr7:48886139-48886081	hs 7p12.3
chr11:1015874-1015815	hs 11p15.5
chr2:99900843-99900784	hs 2q11.2

chr17:38178296-38178237	hs 17q21.1
chr14:76117903-76117844	hs 14q24.3
chr10:76429970-76468080	hs 10q22.2
chr15:65953564-65953505	hs 15q22.31
chr3:97562046-97562105	hs 3q11.2
chr2:232319780-232319721	hs 2q37.1
chr4:170658852-170653010	hs 4q33
chr2:9724897-9724838	hs 2p25.1
chr7:465632-467272	hs 7p22.3
chr22:41222489-41222430	hs 22q13.2
chr19:14675604-14675663	hs 19p13.12
chr11:65623161-65622908	hs 11q13.1
chr5:043100252-043100311	hs 5p12
chr17:41861813-41861872	hs 17q21.31
chr18:57053928-57053869	hs 18q21.32
chr2:103068695-103068754	hs 2q12.1
chr4:120981405-120981346	hs 4q27
chr10:99640094-99640035	hs 10q24.2
chr17:39872073-39872132	hs 17q21.2
chr4:265611-265552	hs 4p16.3
chrX:118672116-118672112	hs Xq24
chr7:29440292-29440351	hs 7p14.3
chr6:151355724-151358147	hs 6q25.1
chr2:54092618-54092559	hs 2p16.2
chr9:130496638-130496579	hs 9q34.11
chrX:68380793-68380734	hs Xq13.1
chr7:127011714-127011655	hs 7q31.33
chr20:61637561-61637502	hs 20q13.33
chr2:243064561-243065240	hs 2q37.3
chr11:45602155-45602214	hs 11p11.2
chrX:55379825-55379884	hs Xp11.21
chr17:016285923-016285864	hs 17p11.2
chr9:139643349-139643408	hs 9q34.3
chr9:134343084-134346175	hs 9q34.13
chr19:14185664-14185723	hs 19p13.12
chr19:14163217-14163276	hs 19p13.12
chr7:134851035-134850976	hs 7q33
chr6:110421185-110421126	hs 6q21
chr12:118469774-118469833	hs 12q24.23
chr3:72110143-72110084	hs 3p13
chr6:80912859-80912918	hs 6q14.1
chr20:57246274-57246333	hs 20q13.32
chr9:136217529-136217862	hs 9q34.2
chr5:179137006-179137065	hs 5q35.3

chr14:23025305-23025246	hs 14q11.2
chr4:100873548-100873607	hs 4q23
chr3:196714035-196713975	hs 3q29
chr7:4810399-4810458	hs 7p22.1
chr11:128328679-128328656	hs 11q24.3
chr8:38133969-38133910	hs 8p11.23
chr7:5347861-5347802	hs 7p22.1
chrX:48770830-48770771	hs Xp11.23
chr1:1017648-1017589	hs 1p36.33
chr1:144882622-144882563	hs 1q21.1
chrX:21900749-21900808	hs Xp22.11
chr12:52213847-52213788	hs 12q13.13
chr7:30591784-30591725	hs 7p14.3
chr12:6993636-6993695	hs 12p13.31
chr12:58217464-58217405	hs 12q14.1
chr2:208519556-208519615	hs 2q33.3
chr5:156513377-156513318	hs 5q33.3
chr4:8368669-8368610	hs 4p16.1
chrX:032224776-032224837	hs Xp21.1
chr11:93932488-93932429	hs 11q21
chr2:37076627-37076568	hs 2p22.2
chr15:69740524-69740583	hs 15q23
chr19:21606725-21606774	hs 19p12
chr14:101150228-101154021	hs 14q32.2
chr19:53344799-53344740	hs 19q13.41
chr1:179887170-179887229	hs 1q25.2
chr16:30036049-30035990	hs 16p11.2
chr9:139313501-139317857	hs 9q34.3
chr3:128221988-128222047	hs 3q21.3
chr7:30588143-30588084	hs 7p14.3
chr13:28197204-28197263	hs 13q12.2
chr7:1276434-1276493	hs 7p22.3
chr13:19414198-19414139	hs 13q11
chr6:30587318-30587377	hs 6p21.33
chr19:36806926-36806872	hs 19q13.12
chr4:186097000-186096941	hs 4q35.1
chr6:32972029-32971970	hs 6p21.32
chr12:120648324-120648265	hs 12q24.23
chr1:112313618-112313559	hs 1p13.2
chr3:194489170-194482986	hs 3q29
chr17:42088952-42088893	hs 17q21.31
chr4:062971680-062971621	hs 4q13.1
chr6:28871913-28871854	hs 6p22.1
chr14:24718510-24718451	hs 14q12

chr4:184190575-184190634	hs 4q35.1
chr7:101995105-101995046	hs 7q22.1
chr8:145051380-145051321	hs 8q24.3
chr14:74349133-74350854	hs 14q24.3
chr1:181144484-181144543	hs 1q25.3
chr11:67758655-67758597	hs 11q13.2
chr5:179095247-179095306	hs 5q35.3
chr21:45157704-45157763	hs 21q22.3
chr12:14577680-14577739	hs 12p13.1
chr14:20825902-20825961	hs 14q11.2
chr17:055208895-055208836	hs 17q22
chr4:152025742-152025683	hs 4q31.3
chr6:15523931-15523872	hs 6p22.3
chr18:34376149-34376090	hs 18q12.2
chr12:57911526-57911200	hs 12q13.3
chrX:44397762-44386602	hs Xp11.3
chr3:40503688-40503748	hs 3p22.1
chr7:150744762-150744821	hs 7q36.1
chr14:89081388-89081329	hs 14q31.3
chr12:71032555-71032496	hs 12q15
chr22:17179457-17179516	hs 22q11.1
chr1:160061655-160061397	hs 1q23.2
chr16:70407128-70407187	hs 16q22.1
chr3:195464463-195464522	hs 3q29
chr22:27172858-27172917	hs 22q12.1
chr4:248597-248656	hs 4p16.3
chr5:67950966-67951025	hs 5q13.1
chr15:91509485-91509426	hs 15q26.1
chr1:43826537-43826596	hs 1p34.2
chr16:68109364-68110550	hs 16q22.1
chr9:139535572-139535513	hs 9q34.3
chr4:141287624-141287565	hs 4q31.1
chr2:042077385-042077326	hs 2p21
chr8:133824957-133825016	hs 8q24.22
chr17:3623668-3623609	hs 17p13.2
chr6:100524154-100524213	hs 6q16.2
chr15:76222250-76222309	hs 15q24.2
chr3:145910678-145910619	hs 3q24
chr10:82280514-82280573	hs 10q23.1
chr6:112506499-112506440	hs 6q21
chr4:89317234-89317293	hs 4q22.1
chr5:44777394-44777335	hs 5p12
chr10:43691984-43691925	hs 10q11.21
chr11:119054656-119054715	hs 11q23.3

chr17:30377022-30377081	hs 17q11.2
chr15:28441423-28441364	hs 15q13.1
chr21:46716334-46716393	hs 21q22.3
chr20:45239145-45239086	hs 20q13.12
chr4:15691923-15691982	hs 4p15.32
chr5:95195702-95195761	hs 5q15
chr12:56990407-56990348	hs 12q13.3
chr19:42460901-42460842	hs 19q13.2
chr15:31260183-31260124	hs 15q13.3
chr16:1306883-1306942	hs 16p13.3
chr2:25013405-25013346	hs 2p23.3
chr14:91698988-91698929	hs 14q32.11
chr2:32446707-32446766	hs 2p22.3
chr16:11477558-11477499	hs 16p13.13
chr2:111964964-111964905	hs 2q13
chr5:133738492-133738433	hs 5q31.1
chr1:146656056-146655997	hs 1q21.1
chr2:97216361-97216420	hs 2q11.2
chr17:74272821-74272762	hs 17q25.1
chr10:91675847-91675788	hs 10q23.31
chr10:51592587-51592528	hs 10q11.23
chr19:1535394-1535453	hs 19p13.3
chr3:50395758-50395699	hs 3p21.31
chrX:131564098-131564157	hs Xq26.2
chr16:90235435-90235494	hs 16q24.3
chr19:39114821-39116710	hs 19q13.2
chr7:129152443-129152502	hs 7q32.1
chr4:53732842-53732902	hs 4q12
chr6:32009022-32008964	hs 6p21.33
chr17:4637619-4637560	hs 17p13.2
chr5:147553873-147553932	hs 5q32
chr1:225659998-225660057	hs 1q42.12
chr2:189599336-189599277	hs 2q32.2
chr1:168035668-168037619	hs 1q24.2
chr11:067512844-067512785	hs 11q13.2
chr10:131637405-131637347	hs 10q26.3
chr5:137842459-137842400	hs 5q31.2
chr10:131633847-131633788	hs 10q26.3
chr8:675800-675859	hs 8p23.3
chr4:130032875-130032934	hs 4q28.2
chr18:72026089-72026148	hs 18q22.3
chr2:000874677-000874618	hs 2p25.3
chr19:42401459-42401518	hs 19q13.2
chrX:100650477-100650536	hs Xq22.1

chr15:72847688-72848235	hs 15q24.1
chr17:17715363-17715304	hs 17p11.2
chr10:16633585-16633526	hs 10p13
chr7:27220835-27220776	hs 7p15.2
chr17:7605086-7605699	hs 17p13.1
chr21:46281093-46276236	hs 21q22.3
chr16:3586522-3586581	hs 16p13.3
chr1:45976403-45976462	hs 1p34.1
chr2:208477667-208477608	hs 2q33.3
chr9:138376734-138376793	hs 9q34.3
chr11:65268619-65268678	hs 11q13.1
chr4:39290134-39290075	hs 4p14
chr7:106815430-106815489	hs 7q22.3
chr7:136700790-136700849	hs 7q33
chr22:021053312-021053371	hs 22q11.21
chr2:38523618-38523559	hs 2p22.2
chr2:61389991-61390050	hs 2p15
chr11:120201251-120201310	hs 11q23.3
chr6:11138043-11138102	hs 6p24.2
chrX:49863833-49863892	hs Xp11.22
chr16:2032527-2032586	hs 16p13.3
chr15:053229631-053229570	hs 15q21.3
chr16:88738261-88738320	hs 16q24.3
chr1:001605816-001605875	hs 1p36.33
chrX:154307126-154307185	hs Xq28
chr22:39477481-39477540	hs 22q13.1
chr19:8387220-8387279	hs 19p13.2
chr6:13605650-13605710	hs 6p23
chr3:180694169-180694228	hs 3q26.33
chr16:30790245-30790186	hs 16p11.2
chr2:101009420-101009361	hs 2q11.2
chr10:94414627-94414686	hs 10q23.33
chr1:084542210-084542151	hs 1p31.1
chr1:224044811-224044750	hs 1q41
chr10:99437521-99437462	hs 10q24.2
chr19:39399780-39399721	hs 19q13.2
chr7:45022910-45022851	hs 7p13
chr12:112339590-112339649	hs 12q24.13
chr1:93730287-93730228	hs 1p22.1
chr7:55863777-55863718	hs 7p11.2
chr16:46731519-46731578	hs 16q11.2
chr11:36680594-36680653	hs 11p12
chr16:18800339-18799442	hs 16p12.3
chr22:39387538-39387597	hs 22q13.1

chr9:135106737-135106796	hs 9q34.13
chr5:175542646-175542705	hs 5q35.2
chr1:177976577-177976518	hs 1q25.2
chr22:36063762-36063821	hs 22q12.3
chr2:39405747-39405688	hs 2p22.1
chr14:90509587-90509646	hs 14q32.11
chr17:17128198-17128139	hs 17p11.2
chr16:25247615-25247556	hs 16p12.1
chr1:62580523-62580582	hs 1p31.3
chr7:30405910-30451570	hs 7p14.3
chr3:133539152-133539211	hs 3q22.1
chr1:100549656-100549597	hs 1p21.2
chr6:30652961-30652902	hs 6p21.33
chr1:114228405-114228464	hs 1p13.2
chr6:107031286-107031227	hs 6q21
chr13:113342658-113342599	hs 13q34
chrX:122748019-122747960	hs Xq25
chr19:58053312-58053253	hs 19q13.43
chr8:17086944-17086885	hs 8p22
chr16:87735329-87735270	hs 16q24.2
chr19:45918183-45918124	hs 19q13.32
chr17:46800593-46800652	hs 17q21.32
chr10:63520724-63525718	hs 10q21.2
chr5:149563184-149563243	hs 5q32
chr6:28183182-28183123	hs 6p22.1
chr12:120650844-120650903	hs 12q24.23
chr16:079755283-079755224	hs 16q23.2
chr16:81009944-81009885	hs 16q23.2
chr20:2796282-2796341	hs 20p13
chrX:134420419-134420360	hs Xq26.3
chr10:37505309-37508133	hs 10p11.21
chr11:112020870-112020811	hs 11q23.1
chr14:81658868-81651911	hs 14q31.1
chr3:149093493-149093343	hs 3q25.1
chr4:120328980-120329039	hs 4q26
chr16:90036439-90036380	hs 16q24.3
chr22:41220621-41220581	hs 22q13.2
chr6:153291957-153291898	hs 6q25.2
chr3:121382909-121382850	hs 3q13.33
chr12:46663597-46663538	hs 12q13.11
chr17:80685465-80685524	hs 17q25.3
chr22:20302879-20302309	hs 22q11.21
chr22:37861569-37861510	hs 22q13.1
chr16:3533512-3533571	hs 16p13.3

chrY:26291082-26292234	hs Yq11.23
chr5:173034743-173034684	hs 5q35.2
chr17:8283239-8283180	hs 17p13.1
chr5:150648748-150648807	hs 5q33.1
chr3:49158643-49158584	hs 3p21.31
chr18:72260621-72260562	hs 18q22.3
chr4:15964292-15964233	hs 4p15.32
chr2:16080141-16080082	hs 2p24.3
chr3:119582401-119582342	hs 3q13.33
chr4:169848826-169848885	hs 4q32.3
chr21:40715046-40714987	hs 21q22.2
chr12:46777935-46781579	hs 12q13.11
chr1:231662915-231662856	hs 1q42.2
chr6:38142945-38142886	hs 6p21.2
chr4:100468125-100468066	hs 4q23
chr5:169291336-169291277	hs 5q35.1
chr6:46726896-46726955	hs 6p12.3
chr19:58929400-58929459	hs 19q13.43
chr5:33520050-33519991	hs 5p13.3
chr11:65339032-65339091	hs 11q13.1
chr10:120124365-120124424	hs 10q26.11
chr2:68402335-68402394	hs 2p14
chr12:176547-208312	hs 12p13.33
chr6:31913187-31913246	hs 6p21.33
chr4:186081462-186081403	hs 4q35.1
chr3:52728844-52728785	hs 3p21.1
chr2:63834237-63834296	hs 2p15
chr8:22432948-22433007	hs 8p21.3
chr3:49212355-49212509	hs 3p21.31
chr7:29553778-29553837	hs 7p14.3
chr17:34897703-34897644	hs 17q12
chr17:26554452-26554511	hs 17q11.2
chr15:55710662-55710721	hs 15q21.3
chr8:142151363-142151422	hs 8q24.3
chr12:112247448-112247507	hs 12q24.12
chr5:86686765-86686824	hs 5q14.3
chr1:11162096-11162155	hs 1p36.22
chr5:178157612-178157671	hs 5q35.3
chr7:99597123-99597182	hs 7q22.1
chr18:43666447-43666388	hs 18q21.1
chr8:37996767-37996826	hs 8p11.23
chr15:84873671-84873612	hs 15q25.2
chr17:72518080-72518021	hs 17q25.1
chr17:27050625-27050910	hs 17q11.2

chr1:198704313-198704372	hs 1q32.1
chr11:96125502-96125561	hs 11q21
chr22:43651554-43651495	hs 22q13.2
chr14:50053013-50052719	hs 14q21.3
chr7:31855645-31855586	hs 7p14.3
chr17:45214580-45214521	hs 17q21.32
chr6:43746223-43746634	hs 6p21.1
chr4:120326619-120326677	hs 4q26
chr6:486031-485972	hs 6p25.3
chr6:33265875-33265934	hs 6p21.32
chr19:11832463-11832404	hs 19p13.2
chr1:117645022-117645081	hs 1p13.1
chr4:11773345-11773404	hs 4p15.33
chr3:126268613-126268554	hs 3q21.3
chrUn_g 000238:20357-20513	
chr2:148684923-148684982	hs 2q22.3
chr1:200884343-200884402	hs 1q32.1
chr6:116914289-116914348	hs 6q22.1
chr11:75236370-75236311	hs 11q13.5
chr11:85345243-85345302	hs 11q14.1
chr1:151132448-151132389	hs 1q21.3
chr12:58329280-58325489	hs 12q14.1
chr17:69593357-69593416	hs 17q24.3
chr1:162560162-162560221	hs 1q23.3
chr8:74236460-74236519	hs 8q21.11
chr20:37581326-37581385	hs 20q11.23
chr14:75598728-75598669	hs 14q24.3
chr15:75899643-75899584	hs 15q24.2
chr16:56652580-56652639	hs 16q12.2
chr7:120427465-120427406	hs 7q31.31
chr1:7904641-7904700	hs 1p36.23
chr18:3255511-3255452	hs 18p11.31
chr6:57049439-57049498	hs 6p11.2
chr3:72045494-72045553	hs 3p13
chr14:75370102-75370161	hs 14q24.3
chr5:251151-251210	hs 5p15.33
chr3:195401992-195402050	hs 3q29
chr5:55240596-55240537	hs 5q11.2
chr12:105568002-105567943	hs 12q23.3
chr2:171626804-171626863	hs 2q31.1
chr3:155654290-155655429	hs 3q25.31
chr12:65082158-65082217	hs 12q14.2
chrX:154351125-154351184	hs Xq28
chrX:122867081-122867140	hs Xq25

chr3:194209094-194209153	hs 3q29
chr19:35770605-35770664	hs 19q13.12
chr12:6660662-6660603	hs 12p13.31
chrX:153628866-153628925	hs Xq28
chr5:140051145-140051086	hs 5q31.3
chr12:108685577-108685518	hs 12q23.3
chr12:92537607-92537548	hs 12q21.33
chr2:8916892-8910918	hs 2p25.1
chr16:3612970-3612911	hs 16p13.3
chr2:105761823-105761882	hs 2q12.1
chr1:8939881-8939940	hs 1p36.23
chr9:127705207-127705148	hs 9q33.3
chr15:63338666-63338607	hs 15q22.2
chr1:95428751-95428810	hs 1p21.3
chr20:19982541-19982600	hs 20p11.23
chr1:89447976-89447918	hs 1p22.2
chr3:128886681-128886643	hs 3q21.3
chr21:26965250-26965191	hs 21q21.3
chr13:44974260-44974201	hs 13q14.11
chr10:124654056-124654115	hs 10q26.13
[9562]	
chr16:24621590-24621649	hs 16p12.1
chr10:47087655-47087714	hs 10q11.22
chrX:3735464-3735406	hs Xp22.33
chr3:97583121-97583180	hs 3q11.2
chr7:64525910-64525851	hs 7q11.21
chr6:132910215-132910156	hs 6q23.2
chr14:101436229-101436288	hs 14q32.31
chr6:32148248-32148307	hs 6p21.32
chr13:32520198-32520257	hs 13q13.1
chr11:63449006-63449065	hs 11q13.1
chr1:120454917-120454858	hs 1p12
chr20:18467660-18467601	hs 20p11.23
chr10:94829234-94829293	hs 10q23.33
chr17:34308456-34308397	hs 17q12
chr17:2934231-2934290	hs 17p13.3
chr1:220490434-220490375	hs 1q41
chr9:127023798-127023857	hs 9q33.3
chr2:26412310-26412369	hs 2p23.3
chr20:35522560-35522619	hs 20q11.23
chr2:145182422-145182363	hs 2q22.3
chr5:173670161-173670220	hs 5q35.2
chr20:18744415-18744474	hs 20p11.23
chr9:133342120-133342179	hs 9q34.11

chr15:67074263-67074322	hs 15q22.31
chr18:29266538-29266597	hs 18q12.1
chr8:67359516-67359575	hs 8q13.1
chr11:123947588-123947647	hs 11q24.2
chr7:30590390-30590331	hs 7p14.3
chr11:62434315-62434374	hs 11q12.3
chr16:57698776-57698835	hs 16q21
chr1:17263358-17264184	hs 1p36.13
chr3:88193550-88193609	hs 3p11.1
chr2:207656439-207656498	hs 2q33.3
chrX:118923875-118920641	hs Xq24
chr16:69390200-69390141	hs 16q22.1
chr3:129637282-129637341	hs 3q22.1
chr3:150302684-150302743	hs 3q25.1
chr2:62096635-62096576	hs 2p15
chr22:41322769-41322828	hs 22q13.2
chr2:59252005-59252064	hs 2p16.1
chr2:61345191-61345250	hs 2p15
chr6:032725656-032725597	hs 6p21.32
chr12:11506291-11506232	hs 12p13.2
chr19:45575588-45575529	hs 19q13.32
chr11:32461427-32461486	hs 11p13
chr4:53527427-53527486	hs 4q12
chr19:16275614-16275555	hs 19p13.12
chr1:146736128-146736187	hs 1q21.1
chr3:101284983-101285042	hs 3q12.3
chr11:17351767-17351826	hs 11p15.1
chr6:97339244-97339185	hs 6q16.1
chr17:60083527-60083468	hs 17q23.2
chr19:41171921-41171862	hs 19q13.2
chr4:2824669-2824728	hs 4p16.3
chr7:87538554-87538613	hs 7q21.12
chr19:57134699-57134758	hs 19q13.43
chr6:36690019-36690078	hs 6p21.2
chrX:153558624-153558683	hs Xq28
chr5:149234475-149234534	hs 5q32
chr7:72492954-72493013	hs 7q11.23
chr9:133507006-133507376	hs 9q34.12
chr2:103014718-103014777	hs 2q12.1
chr9:95382248-95382307	hs 9q22.31
chr2:220100233-220100292	hs 2q35
chrUn_gl000227:000072254-000072313	
chr2:233275347-233275406	hs 2q37.1
chr22:50320918-50320977	hs 22q13.33

chr22:46240711-46240770	hs 22q13.31
chr8:32902040-32902099	hs 8p12
chr11:60618471-60618530	hs 11q12.2
chr15:66793649-66793590	hs 15q22.31
chr1:93303074-93303132	hs 1p22.1
chr8:145538275-145538216	hs 8q24.3
chr2:139370678-139370737	hs 2q22.1
chr20:47100479-47100420	hs 20q13.13
chr11:61564029-61564087	hs 11q12.2
chr17:39807528-39807469	hs 17q21.2
chr3:47054898-47054957	hs 3p21.31
chr17:73232979-73232920	hs 17q25.1
chr10:129250461-129250520	hs 10q26.2
chr16:133183-133242	hs 16p13.3
chr12:27058389-27058330	hs 12p11.23
chr2:86843657-86843598	hs 2p11.2
chr7:129152646-129152705	hs 7q32.1
chr7:17384999-17385058	hs 7p21.1
chr6:111894122-111888861	hs 6q21
chr14:23978738-23978797	hs 14q11.2
chr17:21316101-21316160	hs 17p11.2
chr6:33663772-33663831	hs 6p21.31
chr2:209120795-209120854	hs 2q34
chr20:22393845-22382055	hs 20p11.21
chr6:130505733-130505674	hs 6q23.1
chr7:42977163-42977222	hs 7p14.1
chr2:006969327-006969268	hs 2p25.2
chr10:75491317-75491376	hs 10q22.2
chr14:38059605-38059546	hs 14q21.1
chrY:59343273-59343332	hs Yq12
chr4:47595261-47595320	hs 4p12
chr3:27414644-27414585	hs 3p24.1
chr7:139416115-139416056	hs 7q34
chr15:63354416-63354475	hs 15q22.2
chr6:3023442-3022775	hs 6p25.2
chr12:113633351-113633292	hs 12q24.13
chr11:113604384-113604325	hs 11q23.2
chr12:7178093-7178152	hs 12p13.31
chr2:231743882-231743941	hs 2q37.1
chr12:66152345-66152286	hs 12q14.3
chr21:34637999-34637940	hs 21q22.11
chr19:54515795-54515854	hs 19q13.42
chr17:020841137-020841078	hs 17p11.2
chr16:726855-726988	hs 16p13.3

chr11:4471196-4471255	hs 11p15.4
chr1:156261598-156261657	hs 1q22
chr5:133291966-133291907	hs 5q31.1
chr12:6204508-6204449	hs 12p13.31
chr12:102471157-102470624	hs 12q23.2
chrY:1669020-1669079	hs Yp11.32
chr11:126215496-126215555	hs 11q24.2
chr5:180488371-180488430	hs 5q35.3
chr1:209788415-209788356	hs 1q32.2
chr10:102764939-102764998	hs 10q24.31
chr11:117063914-117063973	hs 11q23.3
chr12:75892085-75892026	hs 12q21.2
chr2:12880797-12880856	hs 2p24.3
chr16:88884429-88880889	hs 16q24.3
chr11:119478449-119478390	hs 11q23.3
chr9:34187856-34187915	hs 9p13.3
chr3:107752757-107752698	hs 3q13.12
chr2:241518082-241518141	hs 2q37.3
chr3:37283771-37283712	hs 3p22.2
chr11:213373-214243	hs 11p15.5
chr6:125404466-125404525	hs 6q22.31
chr12:133281412-133281470	hs 12q24.33
chr10:75256803-75256862	hs 10q22.2
chr13:114202669-114202728	hs 13q34
chr2:114588698-114588639	hs 2q14.1
chr11:1974021-1974080	hs 11p15.5
chr1:76255173-76255232	hs 1p31.1
chr19:54657070-54657129	hs 19q13.42
chrX:135955608-135955590	hs Xq26.3
chr1:41481404-41481345	hs 1p34.2
chr1:044404404-044404345	hs 1p34.1
chr2:220086832-220086773	hs 2q35
chr19:10505963-10505904	hs 19p13.2
chr1:206299748-206296756	hs 1q32.1
chr17:8193301-8193360	hs 17p13.1
chr6:74078413-74078354	hs 6q13
chr14:99876202-99876143	hs 14q32.2
chr17:73996514-73996573	hs 17q25.1
chr10:45478410-45478469	hs 10q11.21
chrX:080068160-080068219	hs Xq21.1
chr3:195776652-195776593	hs 3q29
chr19:53301682-53301623	hs 19q13.41
chr17:5418168-5418109	hs 17p13.2
chr12:113405902-113405961	hs 12q24.13

chr3:123210797-123210738	hs 3q21.1
chr8:102209672-102209613	hs 8q22.3
chr5:172396613-172396672	hs 5q35.1
chr12:122513974-122514033	hs 12q24.31
chr11:62619632-62619573	hs 11q12.3
chr12:114260452-114260393	hs 12q24.13
chr5:171636775-171636716	hs 5q35.1
chr22:31375277-31375336	hs 22q12.2
chr3:9742908-9742967	hs 3p25.3
chr20:49506012-49505953	hs 20q13.13
chr19:49540322-49540381	hs 19q13.33
chr4:13476001-13475942	hs 4p15.33
chr1:93300402-93300460	hs 1p22.1
chr7:6063038-6063097	hs 7p22.1
chr12:49349994-49349935	hs 12q13.12
chr20:42179487-42179546	hs 20q13.12
chr9:34610612-34610553	hs 9p13.3
chr15:28474666-28474607	hs 15q13.1
chr7:1098557-1098616	hs 7p22.3
chr16:56643332-56643391	hs 16q12.2
chr12:91497705-91497646	hs 12q21.33
chr6:30656220-30656161	hs 6p21.33
chr19:48826387-48826446	hs 19q13.33
chr3:101044770-101044711	hs 3q12.3
chr11:34172801-34172742	hs 11p13
chr10:1202457-1202398	hs 10p15.3
chr5:177638061-177638002	hs 5q35.3
chr9:131972790-131972849	hs 9q34.11
chr10:93666963-93666904	hs 10q23.32
chr1:161647120-161647289	hs 1q23.3
chr6:43490642-43490583	hs 6p21.1
chr1:111983462-111983403	hs 1p13.2
chr17:38992463-38992522	hs 17q21.2
chr19:54778388-54778329	hs 19q13.42
chr9:77791126-77791185	hs 9q21.13
chr20:2446460-2446401	hs 20p13
chr7:007949008-007948949	hs 7p21.3
chr3:39139039-39138980	hs 3p22.2
chr17:73760698-73760639	hs 17q25.1
chr12:112279192-112279133	hs 12q24.12
chr10:101635852-101635793	hs 10q24.2
chr16:105507-105793	hs 16p13.3
chr19:17972198-17972257	hs 19p13.11
chr6:132061520-132067984	hs 6q23.2

chr18:7277350-7277409	hs 18p11.23
chr14:39606093-39606152	hs 14q21.1
chr19:46275703-46275762	hs 19q13.32
chr2:114500021-114499962	hs 2q14.1
chr5:125960463-125960522	hs 5q23.2
chr2:201354529-201354470	hs 2q33.1
chr17:34797442-34797383	hs 17q12
chr6:77822946-77822887	hs 6q14.1
chr4:120326792-120326733	hs 4q26
chr10:70744186-70744245	hs 10q22.1
chr19:43967319-43965982	hs 19q13.31
chr6:44150895-44150954	hs 6p21.1
chr22:45279025-45278966	hs 22q13.31
chrX:077083727-077083786	hs Xq21.1
chr1:45244296-45244355	hs 1p34.1
chr19:57966852-57966793	hs 19q13.43
chr2:179966502-179966443	hs 2q31.2
chr16:18800358-18799461	hs 16p12.3
chrY:2606197-2606256	hs Yp11.31
chr9:35790154-35790213	hs 9p13.3
chr19:45684998-45685057	hs 19q13.32
chr5:60768740-60768799	hs 5q12.1
chr6:41658879-41658820	hs 6p21.1
chr18:60985460-60985401	hs 18q21.33
chr19:52208302-52208361	hs 19q13.41
chr15:40663181-40663240	hs 15q15.1
chr19:55890672-55890613	hs 19q13.42
chr16:087306889-087306830	hs 16q24.2
chr8:102029680-102029739	hs 8q22.3
chr6:028700246-028700305	hs 6p22.1
chr6:161587364-161587305	hs 6q26
chr21:43562715-43562774	hs 21q22.3
chr19:49218116-49217812	hs 19q13.33
chr2:201434714-201434773	hs 2q33.1
chr9:129985021-129985080	hs 9q33.3
chr22:27130348-27130407	hs 22q12.1
chr14:90921552-90921493	hs 14q32.11
chr16:77229498-77229557	hs 16q23.1
chr3:48130383-48130324	hs 3p21.31
chr1:52556216-52556275	hs 1p32.3
chr7:29606158-29606217	hs 7p14.3
chr2:232388889-232388830	hs 2q37.1
chr1:2113581-2113522	hs 1p36.33
chr12:49184290-49184349	hs 12q13.12

chr5:136090278-136090337	hs 5q31.1
chr4:6643751-6643810	hs 4p16.1
chr2:161130579-161130520	hs 2q24.2
chr6:34392872-34392582	hs 6p21.31
chr7:66233892-66233951	hs 7q11.21
chr3:8921693-8921634	hs 3p25.3
chr19:49142844-49142696	hs 19q13.33
chr17:42875875-42875816	hs 17q21.31
chr8:142186290-142186349	hs 8q24.3
chr2:206562385-206562444	hs 2q33.3
chr1:220987534-220987593	hs 1q41
chr9:80944778-80944837	hs 9q21.2
chr1:178463608-178463549	hs 1q25.2
chr3:195968959-195968900	hs 3q29
chr17:38513174-38513233	hs 17q21.2
chr3:39452431-39452489	hs 3p22.1
chr21:9919481-9919422	hs 21p11.2
chr17:75559015-75559074	hs 17q25.3
chr2:191841733-191841674	hs 2q32.2
chr6:155716671-155716612	hs 6q25.3
chr1:222904837-222906007	hs 1q41
chr4:57891553-57891612	hs 4q12
chr3:184119455-184144420	hs 3q27.1
chr2:176043073-176043014	hs 2q31.1
chr14:95646100-95646159	hs 14q32.13
chr19:10572615-10572674	hs 19p13.2
chr19:1555264-1555205	hs 19p13.3
chr1:160458938-160458879	hs 1q23.2
chr17:4845730-4845899	hs 17p13.2
chr8:37592362-37592303	hs 8p11.23
chrX:153671602-153671661	hs Xq28
chr2:97260032-97259973	hs 2q11.2
chr1:247835479-247835420	hs 1q44
chr12:27182576-27182635	hs 12p11.23
chr17:3599255-3599196	hs 17p13.2
chr16:27231932-27231991	hs 16p12.1
chr3:134322495-134322436	hs 3q22.2
chr12:49579472-49579413	hs 12q13.12
chr1:149912323-149912264	hs 1q21.2
chr22:38352789-38352848	hs 22q13.1
chr1:32509136-32509195	hs 1p35.1
chr15:88476303-88476244	hs 15q25.3
chr12:105420399-105420340	hs 12q23.3
chr17:38245528-38245587	hs 17q21.1

chr13:96231847-96231906	hs 13q32.1
chr19:19103619-19103560	hs 19p13.11
chr1:166304925-166304984	hs 1q24.1
chr12:58329728-58329669	hs 12q14.1
chr1:201489664-201489723	hs 1q32.1
chr15:41591663-41591722	hs 15q15.1
chr15:093351784-093351843	hs 15q26.1
chr2:151492117-151492176	hs 2q23.3
chr16:16315206-16315147	hs 16p13.11
chr13:21950644-21950585	hs 13q12.11
chr16:046606637-046606696	hs 16q11.2
chr4:107258100-107258159	hs 4q24
chr5:60921004-60920945	hs 5q12.1
chr5:115785475-115785534	hs 5q23.1
chr11:5731591-5731650	hs 11p15.4
chr20:18550098-18550157	hs 20p11.23
chr2:198367803-198367942	hs 2q33.1
chr4:121774633-121774574	hs 4q27
chr15:75504433-75504492	hs 15q24.2
chr8:90733518-90733459	hs 8q21.3
chr17:18231585-18231526	hs 17p11.2
chr21:15316162-15316103	hs 21q11.2
chr16:30005325-30005266	hs 16p11.2
chr12:133294613-133294672	hs 12q24.33
chrX:20143018-20142959	hs Xp22.12
chr8:58192943-58193002	hs 8q12.1
chr17:7149599-7149424	hs 17p13.1
chr5:134363483-134363424	hs 5q31.1
chr6:78078705-78078646	hs 6q14.1
chr16:88753499-88753558	hs 16q24.3
chr14:76729786-76729845	hs 14q24.3
chr17:78306175-78306234	hs 17q25.3
chr7:158743579-158749302	hs 7q36.3
chr19:000195177-000195236	hs 19p13.3
chr2:91805273-91805214	hs 2p11.1
chr1:19545114-19545055	hs 1p36.13
chr4:146579784-146579843	hs 4q31.21
chr17:80016684-80016261	hs 17q25.3
chr16:90002437-90002496	hs 16q24.3
chr19:38104700-38104759	hs 19q13.12
chr1:78177523-78177464	hs 1p31.1
chr15:65864606-65864665	hs 15q22.31
chr11:111612850-111612791	hs 11q23.1
chr7:92191489-92191430	hs 7q21.2

chr12:112843025-112842976	hs 12q24.13
chr20:5089998-5086918	hs 20p13
chr17:10608748-10608807	hs 17p13.1
chr14:81688692-81688751	hs 14q31.1
chr22:29916082-29916023	hs 22q12.2
chr16:70287935-70287876	hs 16q22.1
chr6:150163807-150163748	hs 6q25.1
chr4:160263014-160263073	hs 4q32.1
chr5:81614067-81614126	hs 5q14.2
chr22:38062262-38062321	hs 22q13.1
chr11:65272646-65272705	hs 11q13.1
chr6:169773838-169773779	hs 6q27
chr3:9540200-9540141	hs 3p25.3
chr7:35673414-35673355	hs 7p14.2
chr19:54848368-54848309	hs 19q13.42
chr1:1848487-1848618	hs 1p36.33
chr4:170653013-170652954	hs 4q33
chr17:38974495-38974436	hs 17q21.2
chr22:50988455-50988514	hs 22q13.33
chr7:7676682-7676623	hs 7p21.3
chr2:242039005-242038946	hs 2q37.3
chr14:103986525-103986466	hs 14q32.32
chr9:93658142-93658201	hs 9q22.2
chr1:41232296-41232355	hs 1p34.2
chr16:75238059-75238000	hs 16q23.1
chr11:94967207-94967266	hs 11q21
chr1:160772422-160772481	hs 1q23.3
chr22:50453671-50453612	hs 22q13.33
chr13:26793657-26793598	hs 13q12.13
chr2:221605336-221605395	hs 2q36.1
chr19:54720832-54720773	hs 19q13.42
chr12:49666285-49666344	hs 12q13.12
chr15:075614758-075614817	hs 15q24.2
chr2:20885301-20885242	hs 2p24.1
chr1:204088800-204088859	hs 1q32.1
chr1:235095646-235095705	hs 1q42.3
chr18:5393451-5393392	hs 18p11.31
chr14:107217851-107217792	hs 14q32.33
chr20:55111285-55111344	hs 20q13.31
chr1:52509891-52509950	hs 1p32.3
chr17:43322187-43322246	hs 17q21.31
chr10:120931976-120931917	hs 10q26.11
chr4:144434266-144434207	hs 4q31.21
chr8:107371805-107371864	hs 8q23.1

chr8:6793424-6793365	hs 8p23.1
chr16:12620411-12620470	hs 16p13.12
chr5:176915129-176915070	hs 5q35.3
chr14:23780660-23780719	hs 14q11.2
chr11:119178466-119178525	hs 11q23.3
chr11:8413725-8413666	hs 11p15.4
chr11:47444493-47444434	hs 11p11.2
chr6:88051269-88051328	hs 6q15
chr1:171794101-171794042	hs 1q24.3
chr19:4909287-4909228	hs 19p13.3
chr5:180017165-180017106	hs 5q35.3
chr14:24037356-24037297	hs 14q11.2
chr11:65422045-65421986	hs 11q13.1
chr17:34956827-34956886	hs 17q12
chr6:31625018-31625158	hs 6p21.33
chr21:47717606-47717665	hs 21q22.3
chr4:32147736-32147795	hs 4p15.1
chr6:20101206-20101147	hs 6p22.3
chr22:22786597-22786656	hs 22q11.22
chr3:196420051-196420110	hs 3q29

chr4:110460882-110460941	hs 4q25
chr2:201719388-201718707	hs 2q33.1
chr15:085810402-085810343	hs 15q25.3
chr1:152734468-152734527	hs 1q21.3
chr1:039508451-039508510	hs 1p34.3
chr11:33375864-33375923	hs 11p13
chr12:009498841-009498900	hs 12p13.31
chr1:228645542-228645483	hs 1q42.13
chr18:56620985-56646299	hs 18q21.32
chr5:132210265-132210324	hs 5q31.1
chrX:128939478-128939419	hs Xq26.1
chr12:17144740-17144925	hs 12p12.3
chr14:47120573-47120514	hs 14q21.2
chr20:48700691-48699418	hs 20q13.13
chrX:039724756-039724817	hs Xp11.4
chr2:59290841-59290900	hs 2p16.1
chr7:73249148-73249089	hs 7q11.23
chr9:100883421-100883362	hs 9q22.33
chr7:156461704-156461646	hs 7q36.3
chr17:47481838-47481779	hs 17q21.33
chr14:96222745-96222804	hs 14q32.13
chr2:113998255-113998314	hs 2q13
chr1:1214497-1214556	hs 1p36.33

chr7:000304374-000304433	hs 7p22.3
chr1:31192359-31194140	hs 1p35.2
chrX:153297718-153297659	hs Xq28
chr10:910190-910131	hs 10p15.3
chr2:118943807-118940840	hs 2q14.2
chr18:9254599-9254658	hs 18p11.22
chr5:130535987-130536046	hs 5q23.3
chr10:38734371-38734430	hs 10p11.1
chr11:47353223-47353164	hs 11p11.2
chr2:182227488-182227547	hs 2q31.3
chr20:3668277-3668218	hs 20p13
chr15:29064295-29064354	hs 15q13.1
chr1:212792519-212792578	hs 1q32.3
chr7:99228302-99228361	hs 7q22.1
chr7:100225264-100225205	hs 7q22.1
chr10:121551397-121551456	hs 10q26.11
chr2:102957758-102957817	hs 2q12.1
chr15:66841152-66841211	hs 15q22.31
chr20:25655729-25655670	hs 20p11.1
chr9:19379001-19378942	hs 9p22.1
chrX:134125344-134125403	hs Xq26.3
chr20:47711430-47711489	hs 20q13.13
chr3:129934531-129937145	hs 3q22.1
chr7:156473705-156473646	hs 7q36.3
chr1:222843215-222843156	hs 1q41
chr12:11150054-11149995	hs 12p13.2
chr4:6689284-6689225	hs 4p16.1
chr1:237066633-237066692	hs 1q43
chr1:101701366-101701307	hs 1p21.2
chr2:6988526-6988467	hs 2p25.2
chr14:56963208-56963267	hs 14q22.3
chr5:132440067-132440126	hs 5q31.1
chr2:37440789-37440848	hs 2p22.2
chr20:30137075-30137134	hs 20q11.21
chr7:18708002-18708061	hs 7p21.1
chr4:156632310-156632369	hs 4q32.1
chr21:16195860-16195801	hs 21q11.2
chr4:57897482-57897423	hs 4q12
chr6:29478255-29478314	hs 6p22.1
chr2:131525648-131525707	hs 2q21.1
chr10:43679826-43679885	hs 10q11.21
chr16:1358800-1358741	hs 16p13.3
chr7:75442741-75442682	hs 7q11.23
chr2:75889260-75889319	hs 2p12

chr1:54678253-54678312	hs 1p32.3
chr14:32623889-32623948	hs 14q12
chr3:125650482-125649415	hs 3q21.2
chr8:48649932-48649873	hs 8q11.21
chr14:24475557-24475616	hs 14q11.2
chr1:207510071-207510130	hs 1q32.2
chr16:89773869-89773810	hs 16q24.3
chr17:55945576-55945517	hs 17q22
51%) [THC2674224]	
chr2:157193343-157193284	hs 2q24.1
chr12:10757368-10757309	hs 12p13.2
chrX:47781551-47781610	hs Xp11.23
chr9:746006-746065	hs 9p24.3
chr1:17264179-17264900	hs 1p36.13
chr20:1423172-1423113	hs 20p13
chr17:7004739-7004680	hs 17p13.1
chr1:161134724-161134869	hs 1q23.3
chr6:30879267-30879510	hs 6p21.33
chr6:26104130-26104189	hs 6p22.2
chr2:239360417-239360476	hs 2q37.3
chr12:53837468-53837527	hs 12q13.13
chr10:126136173-126136114	hs 10q26.13
chr7:071407341-071407400	hs 7q11.22
chr11:102267545-102267486	hs 11q22.2
chr22:30127677-30127736	hs 22q12.2
chr9:125760974-125761033	hs 9q33.2
chr1:156776243-156776184	hs 1q23.1
chr6:031168307-031168366	hs 6p21.33
chr1:154185028-154184969	hs 1q21.3
chr9:88951866-88951807	hs 9q21.33
chr15:43489565-43489506	hs 15q15.2
chr5:170837789-170837848	hs 5q35.1
chr10:71331901-71331842	hs 10q22.1
chr16:11479249-11479190	hs 16p13.13
chr15:55474228-55474169	hs 15q21.3
chr4:26432686-26432745	hs 4p15.2
chr9:137779164-137779223	hs 9q34.3
chr1:32012152-32012211	hs 1p35.2
chr1:149592244-149592303	hs 1q21.2
chr10:17185471-17185412	hs 10p13
chr15:23105673-23105732	hs 15q11.2
chr10:13251992-13252051	hs 10p13
chr18:2652365-2652306	hs 18p11.32
chr12:131357427-131357568	hs 12q24.33

chr6:44201775-44201834	hs 6p21.1
chr8:110253441-110253382	hs 8q23.1
chr9:41954897-41954838	hs 9p12
chr1:150584021-150583962	hs 1q21.3
chr4:32230601-32230660	hs 4p15.1
chr15:40380509-40380450	hs 15q15.1
chr19:40736283-40736224	hs 19q13.2
chr6:45541196-45541137	hs 6p21.1
chr6:131904989-131905048	hs 6q23.2
chr12:54525888-54525947	hs 12q13.13
chr3:100074086-100074145	hs 3q12.2
chr17:17095508-17095567	hs 17p11.2
chr5:116052068-116052127	hs 5q23.1
chr20:4773654-4773229	hs 20p13
chr16:67978585-67978526	hs 16q22.1
chr15:28474900-28474841	hs 15q13.1
chr6:79314254-79314195	hs 6q14.1
chr19:1229297-1229238	hs 19p13.3
chr2:105424243-105424184	hs 2q12.1
chr14:50092351-50092292	hs 14q21.3
chr17:79078484-79079905	hs 17q25.3
chr10:103544394-103544335	hs 10q24.32
chr12:132857426-132857485	hs 12q24.33
chr7:22611669-22611728	hs 7p15.3
chr3:14396700-14396641	hs 3p25.1
chr5:177664864-177664805	hs 5q35.3
chr10:92290449-92290508	hs 10q23.31
chr6:20043060-20043001	hs 6p22.3
chr3:8661402-8661343	hs 3p26.1
chr15:51699920-51699979	hs 15q21.2
chr3:125725888-125725829	hs 3q21.2
chr3:14153820-14153761	hs 3p25.1
chr16:75512463-75512404	hs 16q23.1
chr10:124813233-124813292	hs 10q26.13
chr10:60127701-60127760	hs 10q21.1
chr1:104207021-104207080	hs 1p21.1
chr20:49507472-49507413	hs 20q13.13
chr22:42195336-42195395	hs 22q13.2
chr15:37183612-37183553	hs 15q14
chr5:175964554-175964495	hs 5q35.2
chr6:96056776-96056835	hs 6q16.1
chr9:139618279-139618338	hs 9q34.3
chr1:12821032-12821091	hs 1p36.21
chr3:172538330-172538389	hs 3q26.31

chr19:54618723-54618664	hs 19q13.42
chr16:2289997-2289938	hs 16p13.3
chr19:812797-812738	hs 19p13.3
chr4:004176995-004176936	hs 4p16.3
chr5:120911602-120911543	hs 5q23.1
chr5:147821610-147821669	hs 5q32
chr15:40326645-40327286	hs 15q15.1
chr15:34433509-34433450	hs 15q14
chr20:18776518-18776577	hs 20p11.23
chr11:59861439-59861498	hs 11q12.1
chr17:48458627-48458686	hs 17q21.33
chr1:33961163-33961222	hs 1p35.1
chr14:032545822-032545881	hs 14q12
chr12:9814123-9814182	hs 12p13.31
chr8:67680130-67680071	hs 8q13.1
chr2:97503711-97503652	hs 2q11.2
chr10:49647005-49647064	hs 10q11.22
chr1:64036777-64038149	hs 1p31.3
chr1:186641528-186641469	hs 1q31.1
chr1:228390888-228390947	hs 1q42.13
chr1:104616336-104616395	hs 1p21.1
chr6:154840150-154840091	hs 6q25.2
chr15:85147070-85147129	hs 15q25.2
chr12:113410131-113410190	hs 12q24.13
chr2:6990903-6990844	hs 2p25.2
chrX:039647279-039647338	hs Xp11.4
chr2:55766620-55766679	hs 2p16.1
chr9:140129070-140129129	hs 9q34.3
chr12:49952502-49952443	hs 12q13.12
chr1:156563287-156563346	hs 1q23.1
chr3:39452399-39452458	hs 3p22.1
chr1:209950527-209950586	hs 1q32.2
chr9:131013158-131013217	hs 9q34.11
chr5:108436176-108516462	hs 5q21.3
chr1:47838720-47838779	hs 1p33
chr2:207178891-207178950	hs 2q33.3
chr16:10626759-10626700	hs 16p13.13
chr7:77314638-77314579	hs 7q11.23
chr1:120539866-120539807	hs 1p12
chr8:098203731-098203790	hs 8q22.1
chr6:160199547-160199520	hs 6q25.3
chr3:129101768-129101709	hs 3q21.3
chr15:78580666-78578452	hs 15q25.1
chr20:1115812-1115871	hs 20p13

chrX:47037204-47037263	hs Xp11.23
chr16:85893584-85893643	hs 16q24.1
chr4:78090417-78090476	hs 4q21.1
chr19:20720785-20720770	hs 19p12
chr7:45854544-45854485	hs 7p12.3
chr18:000013267-000013326	hs 18p11.32
chr1:182352796-182352737	hs 1q25.3
chrX:68061833-68061892	hs Xq13.1
chr11:76061045-76060992	hs 11q13.5
chr5:87987919-87987978	hs 5q14.3
chr15:101708836-101709271	hs 15q26.3
chr5:34194462-34194521	hs 5p13.2
chr4:158558989-158559048	hs 4q32.1
chr9:76998384-76998443	hs 9q21.13
chr2:113958848-113958907	hs 2q13
chr14:56767466-56767525	hs 14q22.3
chr7:29638504-29638445	hs 7p14.3
chr11:000627479-000627420	hs 11p15.5
chr1:45808854-45808913	hs 1p34.1
chr17:070419057-070418998	hs 17q24.3
chr1:41086628-41086569	hs 1p34.2
chr1:91381899-91381840	hs 1p22.2
chr15:38332584-38332525	hs 15q14
chr14:54903142-54897120	hs 14q22.2
chr2:153505480-153505539	hs 2q23.3
chr5:176692668-176692609	hs 5q35.3
chr1:36031889-36031948	hs 1p34.3
chr14:23946514-23946719	hs 14q11.2
chr5:176764374-176764203	hs 5q35.3
chr9:15183440-15183381	hs 9p22.3
chr20:47241677-47241619	hs 20q13.13
chr10:95066378-95066319	hs 10q23.33
chr16:1822329-1822270	hs 16p13.3
chr7:73649925-73649866	hs 7q11.23
chr14:95999378-95999319	hs 14q32.13
chr9:74966352-74966322	hs 9q21.13
chr1:224196037-224196096	hs 1q42.11
chr2:191797529-191797588	hs 2q32.2
chrX:152936250-152936042	hs Xq28
chr20:61999544-61999603	hs 20q13.33
chr1:183897605-183897664	hs 1q25.3
chr2:131804762-131804821	hs 2q21.1
chr6:25701887-25701946	hs 6p22.2
chrX:27882376-27882435	hs Xp21.3

chr6:116571248-116571189	hs 6q22.1
chr17:58121212-58121153	hs 17q23.1
chr20:50071181-50071122	hs 20q13.2
chr11:068042089-068042148	hs 11q13.2
chr1:11346237-11346296	hs 1p36.22
chr20:62714820-62714761	hs 20q13.33
chr17:48051866-48051925	hs 17q21.33
chrX:18638000-18638059	hs Xp22.13
chr8:77892594-77892535	hs 8q21.11
chr11:89515450-89515509	hs 11q14.3
chr13:39917176-39917117	hs 13q13.3
chr3:53259888-53259829	hs 3p21.1
chr16:28994184-28994243	hs 16p11.2
chr8:12428380-12428439	hs 8p23.1
chr6:42902318-42903352	hs 6p21.1
chr5:86690889-86690271	hs 5q14.3
chr22:32014430-32014489	hs 22q12.2
chr8:63927801-63927742	hs 8q12.3
chr4:185545567-185545508	hs 4q35.1
chr6:130465840-130465781	hs 6q23.1
chr2:112004696-112004637	hs 2q13
chr5:112203114-112203173	hs 5q22.2
chr19:015962862-015962803	hs 19p13.12
chr6:8097591-8097532	hs 6p24.3
chr9:131708168-131708109	hs 9q34.11
chr5:136311246-136311187	hs 5q31.2
chr11:20529950-20530009	hs 11p15.1
chr5:173220825-173220884	hs 5q35.2
chr8:30624343-30624402	hs 8p12
chr10:127697059-127697118	hs 10q26.2
chr19:34960737-34960795	hs 19q13.11
chr20:3736127-3735119	hs 20p13
chr15:83424006-83424065	hs 15q25.2

chr17:17088385-17088444	hs 17p11.2
chr19:28221266-28221207	hs 19q11
chr9:74975604-74975545	hs 9q21.13
chr17:37751078-37751019	hs 17q12
chr9:123632058-123631999	hs 9q33.2
chr12:27117547-27117606	hs 12p11.23
chr12:8674895-8674954	hs 12p13.31
chr7:105254218-105254159	hs 7q22.3
chr5:180669299-180670701	hs 5q35.3
chr9:45120416-45120475	hs 9p11.2

chr1:24112839-24112898	hs 1p36.11
chr6:26634767-26634708	hs 6p22.2
chr13:115092406-115092465	hs 13q34
chr3:127209460-127209519	hs 3q21.3
chr12:56151324-56151265	hs 12q13.2
chr4:185308875-185308860	hs 4q35.1
chr2:27323555-27323614	hs 2p23.3
chr8:71397473-71397532	hs 8q13.3
chr5:79922127-79922068	hs 5q14.1
chr7:26232975-26232916	hs 7p15.2
chr22:39414287-39414346	hs 22q13.1
chr6:24786108-24786167	hs 6p22.3
chr12:53822794-53823295	hs 12q13.13
chr7:74803807-74803748	hs 7q11.23
chr7:99130559-99130618	hs 7q22.1
chr20:48929512-48929453	hs 20q13.13
chr22:17134638-17134697	hs 22q11.1
chr20:23337335-23337276	hs 20p11.21
chr5:470888-470829	hs 5p15.33
chr10:113909886-113909827	hs 10q25.2
chr7:104751253-104751312	hs 7q22.3
chr6:161570280-161570221	hs 6q26
chr19:55556622-55556563	hs 19q13.42
chr6:74537828-74537887	hs 6q13
chr3:48955775-48955716	hs 3p21.31
chr10:131902433-131902374	hs 10q26.3
chr11:530668-530726	hs 11p15.5
chr4:124240537-124240596	hs 4q28.1
chr16:28498844-28498785	hs 16p11.2
chr20:44038912-44038971	hs 20q13.12
chr14:105270800-105270859	hs 14q32.33
chr2:219130152-219129897	hs 2q35
chr3:5260840-5260899	hs 3p26.1
chr10:97752394-97752453	hs 10q24.1
chr9:70093024-70164886	hs 9q21.11
chr19:35035891-35035832	hs 19q13.11
chr5:180261687-180261746	hs 5q35.3
chr12:95909063-95909122	hs 12q22
chrX:44101427-44101368	hs Xp11.3
chr17:4391247-4391306	hs 17p13.2
chr3:8792187-8792128	hs 3p25.3
chr2:87085334-87085275	hs 2p11.2
chr5:36864662-36864603	hs 5p13.2
chr5:140764880-140764939	hs 5q31.3

chr10:30653375-30653316	hs 10p11.23
chr1:173331562-173331503	hs 1q25.1
chr1:42896355-42896296	hs 1p34.2
chr12:13236885-13236826	hs 12p13.1
chr9:140137646-140137705	hs 9q34.3
chr11:68029070-68029011	hs 11q13.2
chr5:34194565-34194624	hs 5p13.2
chr20:33890615-33890556	hs 20q11.22
chrX:57021222-57021163	hs Xp11.21
chr10:76936254-76936313	hs 10q22.2
chr12:124742490-124742431	hs 12q24.31
chr7:127285126-127284739	hs 7q32.1
chr22:38877404-38877463	hs 22q13.1
chr11:068041927-068041986	hs 11q13.2
chr1:201474852-201474793	hs 1q32.1
chr19:10244082-10244023	hs 19p13.2
chr19:35761626-35761685	hs 19q13.12
chrUn_g 000220:153611-153552	
chr7:1089796-1089855	hs 7p22.3
chr12:31433650-31433591	hs 12p11.21
chr17:78183396-78183337	hs 17q25.3
chr4:174244878-174244937	hs 4q34.1
chr19:17513807-17513748	hs 19p13.11
chr3:120530437-120530378	hs 3q13.33
chr6:143654522-143654581	hs 6q24.2
chr17:62969400-62969027	hs 17q24.1
chr1:144611135-144611076	hs 1q21.1
chr5:133758662-133758721	hs 5q31.1
chr1:43824281-43824222	hs 1p34.2
chr4:40812316-40812257	hs 4p14
chr2:74731712-74731771	hs 2p13.1
chr1:43618590-43618649	hs 1p34.2
chr15:89021314-89021373	hs 15q25.3
chr5:140769762-140769821	hs 5q31.3
chr1:17410269-17409137	hs 1p36.13
chr22:42071130-42071071	hs 22q13.2
chr16:55836823-55836764	hs 16q12.2
chr3:71820961-71820902	hs 3p13
chr5:1632759-1630626	hs 5p15.33
chr5:172190099-172190040	hs 5q35.1
chr16:16315134-16315075	hs 16p13.11
chr4:178283487-178283546	hs 4q34.3
chr2:109402125-109402184	hs 2q12.3

chr10:091738701-091738760	hs 10q23.31
chr1:111495404-111495463	hs 1p13.3
chr17:75558898-75558957	hs 17q25.3
chr6:33248744-33248685	hs 6p21.32
chr1:163115775-163115716	hs 1q23.3
chr1:24859703-24861600	hs 1p36.11
chr5:98266425-98266484	hs 5q21.1
chr19:58867813-58867754	hs 19q13.43
chr13:32691537-32691596	hs 13q13.1
chr4:763321-763380	hs 4p16.3
chr19:7585214-7585273	hs 19p13.2
chr11:65193472-65193413	hs 11q13.1
chr15:72577468-72577409	hs 15q23
chr16:89777241-89777182	hs 16q24.3
chr17:34106300-34106073	hs 17q12
chr1:94800216-94800746	hs 1p21.3
chr19:54598157-54598098	hs 19q13.42
chr1:85715907-85715848	hs 1p22.3
chr6:57033933-57033992	hs 6p11.2
chr4:186324741-186324682	hs 4q35.1
chr3:119817924-119817983	hs 3q13.33
chr8:94938235-94938294	hs 8q22.1
chr16:90025597-90025656	hs 16q24.3
chr4:146545763-146545704	hs 4q31.21
chr16:14766561-14766502	hs 16p13.12
chr6:138187838-138187779	hs 6q23.3
chr19:54740643-54740584	hs 19q13.42
chr11:112088707-112088766	hs 11q23.1
chr1:27206022-27205963	hs 1p36.11
chr6:109764264-109764508	hs 6q21
chr6:34392604-34392546	hs 6p21.31
chrX:396377-398348	hs Xp22.33
chr11:111955314-111955373	hs 11q23.1
chr7:30601736-30601677	hs 7p14.3
chr6:136552451-136552392	hs 6q23.3
chr13:112278396-112278455	hs 13q34
chr3:121412749-121412690	hs 3q13.33
chr3:171851276-171851335	hs 3q26.31
chr19:8387225-8387284	hs 19p13.2
chr20:25062369-25062310	hs 20p11.21
chr3:46417558-46417617	hs 3p21.31
chr17:16340226-16340285	hs 17p11.2
chr11:64880991-64881050	hs 11q13.1
chr7:140153026-140152967	hs 7q34

chr22:39770517-39772074	hs 22q13.1
chr13:99114112-99114053	hs 13q32.2
chr1:104113812-104113871	hs 1p21.1
chr12:48176468-48176527	hs 12q13.11
chr7:039660071-039660012	hs 7p14.1
chr11:36252397-36252456	hs 11p13
chr17:1802714-1802773	hs 17p13.3
chr9:98537317-98537376	hs 9q22.32
chr3:13691851-13691792	hs 3p25.1
chr8:25270542-25270601	hs 8p21.2
chr11:66272183-66272242	hs 11q13.2
chr5:158584423-158584402	hs 5q33.3
chr12:123463995-123464054	hs 12q24.31
chr14:101418210-101418269	hs 14q32.31
chr13:53217715-53217774	hs 13q14.3
chr16:67491118-67491059	hs 16q22.1
chr11:73714957-73714898	hs 11q13.4
chr4:144346386-144346445	hs 4q31.21
chrX:71416695-71416754	hs Xq13.1
chr3:121591565-121591624	hs 3q13.33
chr8:105368631-105368690	hs 8q22.3
chr13:46039332-46039273	hs 13q14.13
chr13:50106428-50106369	hs 13q14.2
chr17:29631839-29631780	hs 17q11.2
chr11:9778246-9778187	hs 11p15.4
chr14:52540524-52540583	hs 14q22.1
chr10:118430849-118430790	hs 10q25.3
chr21:9921497-9921438	hs 21p11.2
chr1:156905226-156905167	hs 1q23.1
chr2:38789997-38789938	hs 2p22.1
chr14:74182252-74182193	hs 14q24.3
chr8:141527098-141527157	hs 8q24.3
chr16:029887696-029887637	hs 16p11.2
chr1:32052808-32052867	hs 1p35.2
chr2:216904046-216903987	hs 2q35
chr19:33877995-33877936	hs 19q13.11
chr1:161019478-161019419	hs 1q23.3
chrUn_gl000228:77218-77276	
chr4:183812095-183812036	hs 4q35.1
chr7:18066555-18066496	hs 7p21.1
chr7:4831340-4831399	hs 7p22.1
chr5:147207585-147204211	hs 5q32
chr13:64577541-64577482	hs 13q21.31
chr9:15017475-15017534	hs 9p22.3

chr1:24120413-24120604	hs 1p36.11
chr15:52356907-52356966	hs 15q21.2
chr4:185612697-185612840	hs 4q35.1
chr1:32696749-32696808	hs 1p35.1
chr14:64152108-64152049	hs 14q23.2
chr12:67485389-67485330	hs 12q14.3
chr17:1537812-1537753	hs 17p13.3
chr10:73059597-73059656	hs 10q22.1
chr9:111800330-111798635	hs 9q31.3
chr16:12757607-12757548	hs 16p13.12
chr11:118915856-118915797	hs 11q23.3
chr17:78093595-78093654	hs 17q25.3
chr20:48569623-48569682	hs 20q13.13
chr17:16608610-16608669	hs 17p11.2
chr12:19529106-19529165	hs 12p12.3
chr9:42409672-42409731	hs 9p12
chr22:17134639-17134698	hs 22q11.1
chr9:138825054-138824995	hs 9q34.3
chr9:116136754-116136695	hs 9q32
chr1:53904127-53904068	hs 1p32.3
chr1:197057458-197057399	hs 1q31.3
chr6:5986231-5986290	hs 6p25.1
chr6:41567638-41567697	hs 6p21.1
chr1:026215655-026215714	hs 1p36.11
chr3:50405569-50405628	hs 3p21.31
chr14:101458262-101458321	hs 14q32.31
chr6:136579829-136579770	hs 6q23.3
chrX:102006979-102007038	hs Xq22.1
chr12:122206835-122206776	hs 12q24.31
chr9:114691888-114691947	hs 9q31.3
chr1:23412495-23412436	hs 1p36.12
chr13:32828451-32828510	hs 13q13.1
chr7:116140389-116140448	hs 7q31.2
chr10:71962607-71962572	hs 10q22.1
chr11:118100396-118100337	hs 11q23.3
chr12:21791364-21791305	hs 12p12.1
chr4:188891983-188891587	hs 4q35.2
chr17:34894368-34894427	hs 17q12
chr11:780489-780548	hs 11p15.5
chr3:115157024-115157083	hs 3q13.31
chr19:42402488-42402547	hs 19q13.2
chr3:49148212-49148153	hs 3p21.31
chr20:36766505-36766446	hs 20q11.23
chr1:161141787-161141728	hs 1q23.3

chr3:184428985-184428926	hs 3q27.1
chr2:37341880-37336386	hs 2p22.2
chr17:59067347-59067406	hs 17q23.2
chr7:389922-389863	hs 7p22.3
chr12:121441566-121441507	hs 12q24.31
chr15:74338887-74338946	hs 15q24.1
chr8:6304881-6304940	hs 8p23.1
chr3:42128806-42128865	hs 3p22.1
chr4:88061248-88061307	hs 4q22.1
chr8:100025178-100025119	hs 8q22.2
chr10:16555655-16555714	hs 10p13
chr17:18317599-18317658	hs 17p11.2
chr17:38545768-38545709	hs 17q21.2
chr8:048504446-048504387	hs 8q11.21
chr12:98880860-98880801	hs 12q23.1
chr5:133842466-133842525	hs 5q31.1
chr16:2256542-2256601	hs 16p13.3
chr10:17645634-17645575	hs 10p12.33
chr3:109045987-109045928	hs 3q13.13
chr15:28964938-28964879	hs 15q13.1
chr3:167727993-167727934	hs 3q26.2
chr4:6677458-6677517	hs 4p16.1
chr6:117881675-117881616	hs 6q22.1
chr1:178442587-178442646	hs 1q25.2
chr12:121013680-121013739	hs 12q24.31
chr4:110967485-110967426	hs 4q25
chr1:144612363-144612304	hs 1q21.1
chr13:113342736-113342677	hs 13q34
chr1:37270832-37270773	hs 1p34.3
chr1:205065870-205065811	hs 1q32.1
chr6:159947384-159947324	hs 6q25.3
chr22:36897397-36897338	hs 22q12.3
chrX:106893857-106893916	hs Xq22.3
chr16:028711589-028711530	hs 16p11.2
chr22:27066386-27066445	hs 22q12.1
chr1:758398-758339	hs 1p36.33
chr3:184063177-184063236	hs 3q27.1
chr17:56431122-56431063	hs 17q22
chr21:42831014-42831073	hs 21q22.3
chr20:48520440-48520381	hs 20q13.13
chr19:39924395-39924336	hs 19q13.2
chr3:30703057-30703116	hs 3p24.1
chr11:60184820-60184879	hs 11q12.2

chr10:38991167-38991226	hs 10p11.1
chr6:33243800-33243968	hs 6p21.32
chrUn_gl000220:118024-118082	
chr9:139506605-139506546	hs 9q34.3
chr2:27003342-27003401	hs 2p23.3
chr21:9921746-9921687	hs 21p11.2
chr1:179079775-179079716	hs 1q25.2
chr12:133302989-133302930	hs 12q24.33
chr11:74353632-74353691	hs 11q13.4
chr9:098982070-098982129	hs 9q22.32
chr12:7084400-7084459	hs 12p13.31
chr11:118304175-118304116	hs 11q23.3
chr9:98775835-98775894	hs 9q22.32
chr12:6680177-6680118	hs 12p13.31
chr17:67537962-67538021	hs 17q24.3
chr1:46083949-46084008	hs 1p34.1
chr19:42881553-42881612	hs 19q13.2
chr7:95749948-95749889	hs 7q21.3
chr7:23349002-23349061	hs 7p15.3
chr16:1828310-1828251	hs 16p13.3
chr1:32192778-32192719	hs 1p35.2
chr2:239147560-239147501	hs 2q37.3
chr4:68586513-68586572	hs 4q13.2
chr8:9639084-9639143	hs 8p23.1
chr17:14111229-14111288	hs 17p12
chrX:131352449-131352390	hs Xq26.2
chr8:049297227-049297286	hs 8q11.21
chr13:21906391-21906450	hs 13q12.11
chr9:123923724-123923783	hs 9q33.2
chr1:212534415-212534474	hs 1q32.3
chr12:90494554-90494613	hs 12q21.33
chr14:31358977-31359036	hs 14q12
chr5:14699783-14699842	hs 5p15.2
chr19:000348229-000348170	hs 19p13.3
chr14:101312750-101312809	hs 14q32.2
chr12:113528430-113528489	hs 12q24.13
chr9:138307104-138307163	hs 9q34.3
chr11:66113053-66112994	hs 11q13.2
chr8:8175388-8175329	hs 8p23.1
chr7:55863677-55863618	hs 7p11.2
chr4:69978384-69978443	hs 4q13.2
chrX:006907761-006907820	hs Xp22.31
chr1:229652984-229652925	hs 1q42.13

chrX:144314872-144314500	hs Xq27.3
chr5:54720638-54720697	hs 5q11.2
chr8:145151308-145151367	hs 8q24.3
chr10:27389993-27390053	hs 10p12.1
chr16:97487-97428	hs 16p13.3
chr2:180810231-180810172	hs 2q31.3
chr22:46505802-46505861	hs 22q13.31
chr9:139701458-139701517	hs 9q34.3
chr17:39722110-39722093	hs 17q21.2
chr1:36790358-36790417	hs 1p34.3
chr19:15839700-15839759	hs 19p13.12
chr14:57877572-57877631	hs 14q22.3
chr20:45313382-45313323	hs 20q13.12
chr13:79188826-79188767	hs 13q31.1
chr8:33358375-33358434	hs 8p12
chr2:238121312-238121371	hs 2q37.3
chr19:48305115-48305056	hs 19q13.33
chr8:110569230-110573084	hs 8q23.2
chr1:197123395-197123336	hs 1q31.3
chr9:93881479-93881420	hs 9q22.2
chr20:48646955-48646896	hs 20q13.13
chr6:10731156-10731215	hs 6p24.2
chr1:1153928-1153869	hs 1p36.33
chr4:102076085-102076144	hs 4q24
chr17:35378303-35388959	hs 17q12
chr3:55369552-55369493	hs 3p14.3
chr8:145538311-145538252	hs 8q24.3
chr14:105213294-105213353	hs 14q32.33
chr15:032745852-032745793	hs 15q13.3
chr14:101393690-101393749	hs 14q32.2
chr22:44220448-44220389	hs 22q13.31
chr12:110783124-110783183	hs 12q24.11
chr9:107533210-107533269	hs 9q31.1
chr7:102740667-102740608	hs 7q22.1
chr15:74922387-74922446	hs 15q24.1
chr9:19357200-19357259	hs 9p22.1
chr3:186172852-186172793	hs 3q27.3
chr7:148495708-148495767	hs 7q36.1
chr3:13759172-13759231	hs 3p25.1
chr13:50008282-50008223	hs 13q14.2
chr4:57369756-57369815	hs 4q12
chr9:44998270-44998329	hs 9p11.2
chr3:9793551-9793610	hs 3p25.3
chr2:231331037-231331861	hs 2q37.1

chr11:61557336-61557277	hs 11q12.2
chr4:5813335-5813276	hs 4p16.2
chr1:161341695-161341754	hs 1q23.3
chr16:87730255-87730196	hs 16q24.2
chr2:27438559-27438618	hs 2p23.3
chr17:5329302-5329361	hs 17p13.2
chr7:28859103-28859162	hs 7p14.3
chr16:89281757-89281698	hs 16q24.3
chr21:42647696-42647755	hs 21q22.3
chr12:58180926-58186808	hs 12q14.1
chr2:74100714-74100773	hs 2p13.1
chr6:139046441-139046382	hs 6q24.1
chr10:10835938-10835879	hs 10p14
chr20:33421521-33421462	hs 20q11.22
chr17:38710119-38710060	hs 17q21.2
chr1:154961130-154961189	hs 1q21.3
chr2:113343632-113343691	hs 2q13
chr1:149876051-149875992	hs 1q21.2
chr17:033568561-033568502	hs 17q12
chr20:30449397-30449338	hs 20q11.21
chr1:162344037-162343978	hs 1q23.3
chr2:95719595-95719654	hs 2q11.1
chr1:226895408-226895349	hs 1q42.12
chr1:24021173-24021232	hs 1p36.11
chr17:57335133-57335192	hs 17q22
chr16:56673205-56673808	hs 16q12.2
chr5:71739339-71739280	hs 5q13.2
chr8:125318497-125318438	hs 8q24.13
chr19:34912548-34916929	hs 19q13.11
chr1:245912856-245912797	hs 1q44
chr17:42282767-42282708	hs 17q21.31
chr11:2870117-2870176	hs 11p15.4
chr1:50666551-50666610	hs 1p33
chr4:164449262-164449203	hs 4q32.2
chr17:18872161-18872102	hs 17p11.2
chr4:9784811-9784870	hs 4p16.1
chr3:44462678-44462622	hs 3p21.31
chr10:71962931-71962872	hs 10q22.1
chr22:37522340-37522281	hs 22q12.3
chr17:66523996-66525024	hs 17q24.2
chr4:190599169-190599889	hs 4q35.2
chr5:172336704-172336763	hs 5q35.1
chr17:000041347-000041406	hs 17p13.3
chr1:22584374-22584433	hs 1p36.12

chr13:113977667-113977726	hs 13q34
chr5:108120723-108120782	hs 5q21.3
chr4:2271519-2271460	hs 4p16.3
chr2:202626185-202626126	hs 2q33.1
chrX:130419158-130419099	hs Xq26.2
chr11:1929086-1929145	hs 11p15.5
chr8:55060159-55060218	hs 8q11.23
chr4:20729183-20729242	hs 4p15.31
chr7:56879807-56879748	hs 7p11.2
chr11:61555786-61555845	hs 11q12.2
chr16:19564500-19564559	hs 16p12.3
chr17:060362405-060362346	hs 17q23.2
chr15:098538526-098538467	hs 15q26.3
chr1:235315909-235315850	hs 1q42.3
chr13:76100318-76100259	hs 13q22.2
chr6:5108666-5108638	hs 6p25.1
chr18:23596972-23596913	hs 18q11.2
chr1:43739605-43739664	hs 1p34.2
chr1:213446224-213446283	hs 1q32.3
chr17:1421252-1421311	hs 17p13.3
chr2:85282501-85282560	hs 2p11.2
chr3:45866096-45866037	hs 3p21.31
chr1:120927353-120927294	hs 1p11.2
chr15:85198461-85198402	hs 15q25.2
chr19:51875005-51874946	hs 19q13.41
chr6:89874218-89874277	hs 6q15
chr17:26882051-26881992	hs 17q11.2
chr16:10481423-10481482	hs 16p13.2
chr19:36605282-36605136	hs 19q13.12
chr7:004305559-004305500	hs 7p22.2
chr12:62902218-62902277	hs 12q14.1
chrX:091931850-091931791	hs Xq21.32
chr7:102989031-102989090	hs 7q22.1
chr12:126498022-126498081	hs 12q24.32
chr14:69262570-69262511	hs 14q24.1
chr13:78337918-78337977	hs 13q22.3
chr19:36806583-36806524	hs 19q13.12
chr6:33857474-33857415	hs 6p21.31
chr12:4668182-4668241	hs 12p13.32
chr20:62576002-62575943	hs 20q13.33
chr19:51954837-51954778	hs 19q13.41
chr9:131583081-131584619	hs 9q34.11
chr6:1617583-1617524	hs 6p25.3
chr19:8398739-8398680	hs 19p13.2

chr4:16192501-16192442	hs 4p15.32
chr14:32628828-32628887	hs 14q12
chr10:101157284-101157225	hs 10q24.2
chr1:86118985-86118926	hs 1p22.3
chr9:140098995-140098936	hs 9q34.3
chr8:47505181-47505122	hs 8q11.1
chr11:125489999-125490703	hs 11q24.2
chr17:4649299-4649358	hs 17p13.2
chr11:77327395-77327336	hs 11q14.1
chr16:74239708-74239649	hs 16q23.1
chr1:205052964-205052905	hs 1q32.1
chr2:280028-279969	hs 2p25.3
chr11:30359106-30359165	hs 11p14.1
chr5:131976479-131977910	hs 5q31.1
chr15:28874389-28874448	hs 15q13.1
chr5:10482362-10482421	hs 5p15.2
chr10:42832591-42832532	hs 10q11.21
chr1:146658421-146658362	hs 1q21.1
chr15:68777404-68777345	hs 15q23
chr16:58148719-58147881	hs 16q21
chr18:21742185-21742126	hs 18q11.2
chr3:187439700-187439641	hs 3q27.3
chr11:76154409-76154350	hs 11q13.5
chr17:17714187-17714246	hs 17p11.2
chr12:6132923-6132864	hs 12p13.31
chr2:150071079-150071138	hs 2q23.2
chr1:90470867-90470926	hs 1p22.2
chr9:91931523-91931582	hs 9q22.2
chr17:58209939-58209880	hs 17q23.1
chr9:140147856-140147915	hs 9q34.3
chrX:16863069-16863010	hs Xp22.2
chr19:57805041-57805100	hs 19q13.43
chr14:20794660-20794601	hs 14q11.2
chr5:90608919-90608860	hs 5q14.3
chr4:1374459-1374518	hs 4p16.3
chr16:23073163-23073104	hs 16p12.2
chr18:60232979-60233038	hs 18q21.33
chr11:62178709-62178650	hs 11q12.3
chr8:68107632-68107691	hs 8q13.2
chr12:46577120-46577061	hs 12q13.11
chrX:67263344-67263285	hs Xq12
chr16:1271739-1271680	hs 16p13.3
chr12:1755801-1755860	hs 12p13.33
chr19:55912744-55912685	hs 19q13.42

chr15:91187847-91187906	hs 15q26.1
chr7:618953-618894	hs 7p22.3
chrX:13354560-13356053	hs Xp22.2
chr11:118395871-118395930	hs 11q23.3
chr21:36171660-36171601	hs 21q22.12
chr5:180222497-180222438	hs 5q35.3
chr9:120476856-120476915	hs 9q33.1
chr2:105761279-105761338	hs 2q12.1
chr19:583119-583178	hs 19p13.3
chr6:121975307-121975366	hs 6q22.31
chr17:7139861-7139802	hs 17p13.1
chr7:5894029-5894088	hs 7p22.1
chr8:17092310-17092251	hs 8p22
chr2:110300744-110300685	hs 2q13
chrM:14508-14449	
chr7:102739067-102739126	hs 7q22.1
chr2:050106350-050106409	hs 2p16.3
chr15:076039248-076039308	hs 15q24.2
chr12:093429166-093429225	hs 12q22
chr16:11928312-11928253	hs 16p13.13
chr1:16160877-16160818	hs 1p36.21
chr2:74724708-74724649	hs 2p13.1
chr7:72717662-72717603	hs 7q11.23
chr2:27278723-27278782	hs 2p23.3
chr16:56510212-56510271	hs 16q12.2
chr6:16152957-16153016	hs 6p22.3
chr16:10481362-10481421	hs 16p13.2
chr17:16612852-16612911	hs 17p11.2
chr10:71164785-71164726	hs 10q22.1
chr11:118967934-118967875	hs 11q23.3
chr2:89156970-89156911	hs 2p11.2
chr6:29475103-29475162	hs 6p22.1
chr7:4645505-4645446	hs 7p22.1
chr22:24176774-24176715	hs 22q11.23
chr9:36171208-36171267	hs 9p13.3
chr17:8296576-8296517	hs 17p13.1
chr17:42086302-42086361	hs 17q21.31
chr2:4020564-4020505	hs 2p25.3
chr2:61149596-61149655	hs 2p16.1
chr2:132240430-132240489	hs 2q21.1
chr4:2337505-2337446	hs 4p16.3
chr16:46964768-46964827	hs 16q11.2
chr3:58487734-58487793	hs 3p14.3
chr6:33424697-33424756	hs 6p21.32

chr2:48602485-48602544	hs 2p16.3
chr4:36068160-36068101	hs 4p14
chr13:112836897-112836838	hs 13q34
chr13:64413154-64413213	hs 13q21.31
chr5:135160732-135160791	hs 5q31.1
chr2:235364259-235364200	hs 2q37.1
chrX:80553542-80553601	hs Xq21.1
chr19:50338303-50338362	hs 19q13.33
chr17:1683022-1682963	hs 17p13.3
chr2:233247198-233247257	hs 2q37.1
chr17:73132162-73132103	hs 17q25.1
chr15:048022876-048022815	hs 15q21.1
chr10:088161898-088161839	hs 10q23.2
chr5:162918837-162918896	hs 5q34
chr9:133491803-133491862	hs 9q34.11
chr8:109228662-109226908	hs 8q23.1
chr8:67386111-67386170	hs 8q13.1
chr6:3224810-3224751	hs 6p25.2
chr3:17200038-17199979	hs 3p24.3
chr15:43645577-43645636	hs 15q15.3
chr21:34950584-34950525	hs 21q22.11
chr3:138351814-138351873	hs 3q22.3
chr22:45728525-45728584	hs 22q13.31
chr1:205687212-205687153	hs 1q32.1
chr1:84373257-84373198	hs 1p31.1
chr4:132665194-132665253	hs 4q28.3
chr19:46190933-46190874	hs 19q13.32
chr17:7128974-7128915	hs 17p13.1
chr11:1910450-1910391	hs 11p15.5
chr6:168071545-168071486	hs 6q27
chr1:179814411-179814352	hs 1q25.2
chr3:129817087-129817146	hs 3q22.1
chr2:36581956-36581897	hs 2p22.3
chr17:53029524-53029465	hs 17q22
chr14:62600936-62600877	hs 14q23.2
chr8:60033718-60033777	hs 8q12.1
chr14:21668348-21668289	hs 14q11.2
chrX:65822475-65819644	hs Xq12
chr14:20781674-20779900	hs 14q11.2
chr20:37076130-37076189	hs 20q11.23
chr1:173833566-173833507	hs 1q25.1
chr16:56660853-56660912	hs 16q12.2
chr7:073464225-073464284	hs 7q11.23
chr14:21669362-21669303	hs 14q11.2

chr12:25359211-25359152	hs 12p12.1
chr1:41848710-41848651	hs 1p34.2
chr21:46117543-46117602	hs 21q22.3
chr2:217122655-217122596	hs 2q35
chr19:11453529-11453470	hs 19p13.2
chrX:69640147-69640206	hs Xq13.1
chr15:078953807-078953747	hs 15q25.1
chr3:062912274-062912333	hs 3p14.2
chr19:18780745-18780804	hs 19p13.11
chr11:077024996-077025055	hs 11q13.5
chr1:161726752-161726811	hs 1q23.3
chr16:68392309-68392250	hs 16q22.1
chr6:35438429-35438488	hs 6p21.31
chr21:37518379-37518438	hs 21q22.12
chr17:037400217-037400276	hs 17q12
chr5:34908952-34908893	hs 5p13.2
chr14:60750198-60752343	hs 14q23.1
chr17:57076176-57076117	hs 17q22
chr22:18270952-18270893	hs 22q11.21
chr1:227884660-227884601	hs 1q42.13
948]	
chr12:31824730-31824671	hs 12p11.21
chr10:126086316-126086257	hs 10q26.13
chr7:142759720-142759661	hs 7q34
chrX:47755271-47755330	hs Xp11.23
chr20:34458877-34458936	hs 20q11.23
chr4:148653608-148653549	hs 4q31.23
chrX:153173028-153172969	hs Xq28
chr21:31874408-31874349	hs 21q22.11
chr17:47905690-47905749	hs 17q21.33
chr6:010214455-010214395	hs 6p24.3
chr2:230696384-230696325	hs 2q36.3
chr18:77514106-77514165	hs 18q23
chr7:130629627-130629568	hs 7q32.3
chr7:26412152-26412211	hs 7p15.2
chr2:139036482-139036541	hs 2q22.1
chr10:103044967-103045026	hs 10q24.32
chr15:64657906-64657847	hs 15q22.31
chr2:61415492-61415433	hs 2p15
chr12:7883502-7883443	hs 12p13.31
chr5:79946437-79946378	hs 5q14.1
chr8:22460863-22460922	hs 8p21.3
chr3:130742901-130737554	hs 3q22.1
chr12:12509354-12509295	hs 12p13.2

chr18:47309991-47309932	hs 18q21.1
chr10:121590857-121590798	hs 10q26.11
chr7:154797348-154797407	hs 7q36.2
chr13:22850538-22850597	hs 13q12.11
chr16:2461188-2461247	hs 16p13.3
chr2:70683531-70683472	hs 2p13.3
chr11:133907620-133907679	hs 11q25
chr1:203769531-203769590	hs 1q32.1
chr11:11976688-11977582	hs 11p15.3
chr7:30797158-30797217	hs 7p14.3
chr6:111543660-111543716	hs 6q21
chr19:13950552-13950493	hs 19p13.13
chr5:71601826-71601767	hs 5q13.2
chr1:203839049-203839108	hs 1q32.1
chr3:39453264-39453441	hs 3p22.1
chr18:3449919-3449978	hs 18p11.31
chr2:112124646-112124587	hs 2q13
chr6:74210376-74210435	hs 6q13
chr11:17398685-17398744	hs 11p15.1
chr22:17131184-17131243	hs 22q11.1
chr2:114737646-114737705	hs 2q14.1
chr2:171693315-171693374	hs 2q31.1
chr14:77974051-77973992	hs 14q24.3
chr7:151576126-151576185	hs 7q36.1
chr2:171717173-171717232	hs 2q31.1
chr1:78414935-78414876	hs 1p31.1
chr16:54967726-54967785	hs 16q12.2
chr2:225243586-225243527	hs 2q36.2
chr16:18796069-18794375	hs 16p12.3
chrX:119746090-119746149	hs Xq24
chr17:20979250-20988112	hs 17p11.2
chr12:7310251-7310559	hs 12p13.31
chr1:24999475-24999534	hs 1p36.11
chr6:35324561-35324620	hs 6p21.31
chr8:145267904-145267963	hs 8q24.3
chr19:45211393-45211452	hs 19q13.32
chr19:3612207-3612266	hs 19p13.3
chr7:44153822-44153881	hs 7p13
chr2:90531722-90531781	hs 2p11.1
chr9:123519894-123519835	hs 9q33.2
chr7:102738941-102739000	hs 7q22.1
chr3:52029100-52028126	hs 3p21.2
chr16:30904169-30904018	hs 16p11.2
chr6:31515952-31516011	hs 6p21.33

chr4:10099497-10099438	hs 4p16.1
chr8:144695453-144695394	hs 8q24.3
chr7:30893015-30893074	hs 7p14.3
chr1:93622008-93621949	hs 1p22.1
chr5:172659197-172659138	hs 5q35.1
chr3:176744222-176744163	hs 3q26.32
chr2:27548729-27548706	hs 2p23.3
chr1:153617779-153617838	hs 1q21.3
chr14:24429138-24429197	hs 14q11.2
chr2:128157522-128157581	hs 2q14.3
chrX:2544685-2544744	hs Xp22.33
chr8:96258592-96258533	hs 8q22.1
chr11:36486438-36486497	hs 11p12
chr1:110709488-110709429	hs 1p13.3
chr8:012523165-012523106	hs 8p23.1
chr4:190940645-190940586	hs 4q35.2
chr1:1595787-1595728	hs 1p36.33
chr7:99235450-99235509	hs 7q22.1
chr22:31059493-31059434	hs 22q12.2
chrX:55207883-55207824	hs Xp11.21
chr7:75890675-75890731	hs 7q11.23
chr11:47593122-47593181	hs 11p11.2
chr5:64314286-64314345	hs 5q12.3
chr5:96110256-96110315	hs 5q15
chr2:131103666-131103813	hs 2q21.1
chr1:143705182-143705241	hs 1q21.1
chr9:109441982-109442041	hs 9q31.2
chr5:53999010-53961961	hs 5q11.2
chr8:145736081-145736211	hs 8q24.3
chr17:4860149-4860296	hs 17p13.2
chr4:175253338-175253397	hs 4q34.1
chr16:32178227-32178168	hs 16p11.2
chr17:74681187-74679984	hs 17q25.1
chr12:50873691-50873750	hs 12q13.12
chr3:47645495-47645436	hs 3p21.31
chr2:28004544-28004485	hs 2p23.2
chr3:44462684-44462625	hs 3p21.31
chr1:75172848-75172789	hs 1p31.1
chr18:67993891-67993950	hs 18q22.2
chr6:44122880-44122939	hs 6p21.1
chr7:105460053-105460112	hs 7q22.3
chr15:21356589-21356648	hs 15q11.2
chr9:35101776-35101717	hs 9p13.3
chr2:238672559-238672618	hs 2q37.3

chr17:18095126-18095185	hs 17p11.2
chr4:47849447-47849388	hs 4p12
chr2:113959842-113959901	hs 2q13
chr6:13276171-13276230	hs 6p24.1
chr17:077800093-077800152	hs 17q25.3
chr6:170697485-170697544	hs 6q27
chr11:69624795-69624736	hs 11q13.3
chr20:49213865-49213806	hs 20q13.13
chr9:014921876-014921817	hs 9p22.3
chr8:28421786-28421845	hs 8p21.1
chr20:44997578-44996189	hs 20q13.12
chr14:101539197-101539256	hs 14q32.31
chr8:034180714-034180655	hs 8p12
chr5:133737533-133737592	hs 5q31.1
chr12:113830767-113830708	hs 12q24.13
chr6:147171356-147171297	hs 6q24.3
chr2:85553659-85552091	hs 2p11.2
chr1:197876342-197876401	hs 1q31.3
chr21:33785261-33785320	hs 21q22.11
chr3:58178414-58178355	hs 3p14.3
chr9:97122882-97122941	hs 9q22.32
chr17:79528982-79528932	hs 17q25.3
chr11:6738013-6737954	hs 11p15.4
chr15:34158739-34158680	hs 15q14
chr7:150872848-150872789	hs 7q36.1
chr14:96967398-96967339	hs 14q32.2
chr2:6142005-6142064	hs 2p25.2
chrX:102968665-102968724	hs Xq22.2
chr17:8063853-8063794	hs 17p13.1
chr11:65421710-65421651	hs 11q13.1
chr3:111432833-111432892	hs 3q13.2
chrX:003760878-003760819	hs Xp22.33
chr21:44590682-44590741	hs 21q22.3
chr3:133114743-133114802	hs 3q22.1
chr4:37954280-37954339	hs 4p14
chr2:122524494-122524553	hs 2q14.3
chr20:34136265-34136324	hs 20q11.22
chr2:105990080-105990021	hs 2q12.1
chr12:77415579-77415520	hs 12q21.2
chr13:44978922-44978863	hs 13q14.11
chr10:81315682-81315623	hs 10q22.3
chr12:49082595-49082536	hs 12q13.11
chr17:65980372-65980431	hs 17q24.2
chr16:18803812-18803753	hs 16p12.3

chr21:26965242-26965183	hs 21q21.3
chr4:124318918-124318977	hs 4q28.1
chr21:44188338-44188397	hs 21q22.3
chr6:161551171-161551112	hs 6q26
chr3:52582118-52582059	hs 3p21.1
chr1:45271594-45271654	hs 1p34.1
chr9:140074667-140070265	hs 9q34.3
chr1:160607126-160607067	hs 1q23.3
chr10:91451247-91451188	hs 10q23.31
chr10:85913226-85913285	hs 10q23.1
chr7:91709254-91709313	hs 7q21.2
chr15:93486257-93487662	hs 15q26.1
chr3:136573998-136574057	hs 3q22.3
chr6:26476635-26476694	hs 6p22.2
chr3:40301725-40301784	hs 3p22.1
chr6:116980048-116979989	hs 6q22.1
chrX:44971035-44971094	hs Xp11.3
chr3:191100585-191107314	hs 3q28
chr19:19735330-19735271	hs 19p13.11
chr8:145663855-145662425	hs 8q24.3
chr2:189460525-189460584	hs 2q32.2
chr17:73817402-73817343	hs 17q25.1
chr14:74426183-74427892	hs 14q24.3
chr5:58270613-58270554	hs 5q11.2
chr12:94288901-94288842	hs 12q22
chr10:131977622-131977681	hs 10q26.3
chr5:553687-553603	hs 5p15.33
chr7:149588315-149584676	hs 7q36.1
chr17:37417070-37417011	hs 17q12
chr11:128579-128520	hs 11p15.5
chr5:42951949-42952008	hs 5p12
chr11:121500247-121500306	hs 11q24.1
chr12:116972087-116972146	hs 12q24.22
chr17:55083685-55083744	hs 17q22
chr6:45869697-45869638	hs 6p21.1
chr12:69233570-69233629	hs 12q15
chr16:67231510-67231789	hs 16q22.1
chrX:73228004-73228063	hs Xq13.2
chr4:2909528-2910257	hs 4p16.3
chr17:73571211-73571270	hs 17q25.1
chr7:87027998-87028057	hs 7q21.12
chr10:75677050-75677109	hs 10q22.2
chr6:56919360-56919419	hs 6p12.1
chr8:37456639-37456580	hs 8p11.23

chr1:1270342-1270401	hs 1p36.33
chr1:175130034-175129975	hs 1q25.1
chr17:6678819-6678878	hs 17p13.1
chr12:110656447-110656506	hs 12q24.11
chr20:44404120-44404061	hs 20q13.12
chr22:46760146-46760087	hs 22q13.31
chr5:126172483-126172542	hs 5q23.2
chr12:107283012-107283071	hs 12q23.3
chr17:7967908-7967849	hs 17p13.1
chr9:136216408-136215841	hs 9q34.2
chr22:31051566-31051507	hs 22q12.2
chr17:77807836-77807777	hs 17q25.3
chrX:135594216-135594275	hs Xq26.3
chr22:40804671-40804826	hs 22q13.1
chr17:3553740-3553799	hs 17p13.2
chr1:110905674-110905615	hs 1p13.3
chr2:172641422-172641363	hs 2q31.1
chr14:24569401-24571999	hs 14q11.2
chr5:76360866-76360925	hs 5q13.3
chr16:8941576-8941517	hs 16p13.2
chr21:45578705-45578646	hs 21q22.3
chr3:155481334-155481275	hs 3q25.31
chr8:102381755-102381814	hs 8q22.3
chr4:48887525-48887466	hs 4p11
chr2:074212866-074212807	hs 2p13.1
chr2:130680494-130680435	hs 2q21.1
chr15:023103716-023103775	hs 15q11.2
chr19:15947002-15947061	hs 19p13.12
chr7:047093109-047093168	hs 7p12.3
chr2:241538451-241538510	hs 2q37.3
chr16:3292835-3292776	hs 16p13.3
chr14:39218706-39218647	hs 14q21.1
chr18:60053258-60053317	hs 18q21.33
chr6:4399978-4399919	hs 6p25.1
chr13:44969943-44970002	hs 13q14.11
chr7:138720567-138720508	hs 7q34
chr1:169433321-169433262	hs 1q24.2
chr1:155917401-155917342	hs 1q22
chr3:196771557-196771498	hs 3q29
chr17:40767187-40767246	hs 17q21.2
chr2:279994-279935	hs 2p25.3
chr22:51171138-51171197	hs 22q13.33
chr15:40356683-40356742	hs 15q15.1
chrUn_gl000220:117900-117959	

chr22:30642913-30642972	hs 22q12.2
chr12:6840330-6840389	hs 12p13.31
chr2:71906256-71906315	hs 2p13.2
chr3:52028003-52027944	hs 3p21.2
chr1:168761919-168761978	hs 1q24.2
chr2:242989908-242989849	hs 2q37.3
chr19:54407910-54407969	hs 19q13.42
chr9:079655530-079655589	hs 9q21.2
chr7:92029770-92029829	hs 7q21.2
chr2:169728015-169727956	hs 2q31.1
chr13:41701940-41701881	hs 13q14.11
chr1:173827125-173827184	hs 1q25.1
chr12:56551281-56551492	hs 12q13.2
chrY:1275386-1275327	hs Yp11.32
chr22:38274137-38282789	hs 22q13.1
chr19:57889316-57889375	hs 19q13.43
chr1:66100649-66100708	hs 1p31.3
chr4:120328816-120328757	hs 4q26
chr2:208619020-208619079	hs 2q33.3
chr7:104651052-104650993	hs 7q22.3
chr8:47610171-47610230	hs 8q11.1
chr19:52921177-52921236	hs 19q13.41
chrX:8497292-8497233	hs Xp22.31
chr5:179223213-179223272	hs 5q35.3
chr5:89197005-89200725	hs 5q14.3
chr9:138903283-138903224	hs 9q34.3
chr22:21403111-21403170	hs 22q11.21
chr6:8906346-8906405	hs 6p24.3
chr14:93695362-93695421	hs 14q32.12
chr12:122710882-122710823	hs 12q24.31
chr3:131181203-131181144	hs 3q22.1
chr2:201726021-201725962	hs 2q33.1
chr11:67208886-67208827	hs 11q13.2
chr19:53516237-53516296	hs 19q13.41
chr16:69362884-69362825	hs 16q22.1
chr9:5774230-5774289	hs 9p24.1
chr7:91828674-91828615	hs 7q21.2
chr5:1599281-1599222	hs 5p15.33
chr7:57068912-57069778	hs 7p11.2
chr2:26618451-26618510	hs 2p23.3
chr9:136210661-136210602	hs 9q34.2
chr19:56030303-56030362	hs 19q13.42
chr5:170832381-170834736	hs 5q35.1
chr1:229729423-229729364	hs 1q42.13

chr3:156545390-156545449	hs 3q25.31
chr9:139948324-139948383	hs 9q34.3
chr14:105223086-105225812	hs 14q32.33
chrX:102842228-102842287	hs Xq22.2
chr16:83948633-83948692	hs 16q23.3
chr11:63230920-63230861	hs 11q12.3
chr9:139389823-139389764	hs 9q34.3
chr8:93933791-93933732	hs 8q22.1
chr9:138236188-138236247	hs 9q34.3
chr17:79612546-79612605	hs 17q25.3
chr16:85008687-85008628	hs 16q24.1
chr17:81060091-81060150	hs 17q25.3
chr17:45760373-45760432	hs 17q21.32
chr14:23390227-23390168	hs 14q11.2
chr18:39766438-39766379	hs 18q12.3
chr2:16408411-16408352	hs 2p24.3
chr13:114077018-114076959	hs 13q34
chr7:150841434-150841493	hs 7q36.1
chr17:6674143-6674202	hs 17p13.1
chr17:4806148-4806207	hs 17p13.2
chr6:129847833-129847774	hs 6q22.33
chr17:45760899-45760958	hs 17q21.32
chr8:126963492-126963433	hs 8q24.13
chr11:118789547-118789488	hs 11q23.3
chr11:117074574-117074963	hs 11q23.3
chr15:90820324-90820383	hs 15q26.1
chr19:49993522-49993758	hs 19q13.33
chr1:236219-236160	hs 1p36.33
chr19:56125127-56125068	hs 19q13.42
chr19:52273150-52273209	hs 19q13.41
chr12:6347203-6347144	hs 12p13.31
chr2:36581977-36581918	hs 2p22.3
chr16:57463000-57462941	hs 16q21
chr6:53495928-53495987	hs 6p12.1
chr16:60392453-60392394	hs 16q21
chr22:018761268-018761209	hs 22q11.21
chr10:029188408-029188349	hs 10p12.1
chr22:38916061-38916002	hs 22q13.1
chr16:56717082-56717141	hs 16q13
chr2:128644687-128644745	hs 2q14.3
chr3:49455118-49455059	hs 3p21.31
chr14:52897879-52897820	hs 14q22.1
chr6:151546913-151546852	hs 6q25.1
chr1:71478048-71477989	hs 1p31.1

chr7:142131559-142131500	hs 7q34
chr1:26801948-26802007	hs 1p36.11
chr14:053414072-053414013	hs 14q22.1
chr1:28520418-28520359	hs 1p35.3
chr14:45368248-45368189	hs 14q21.2
chr2:113587488-113587429	hs 2q13
chr18:57570691-57570750	hs 18q21.32
chr9:4665048-4665107	hs 9p24.1
chr8:23429876-23429935	hs 8p21.2
chr10:5681088-5681029	hs 10p15.1
chr13:053394782-053394841	hs 13q14.3
chr8:71646454-71646513	hs 8q13.3
chr20:23965799-23965740	hs 20p11.21
chr15:41409605-41409664	hs 15q15.1
chr1:24779902-24779961	hs 1p36.11
chr19:39423438-39423496	hs 19q13.2
chr2:3192995-3192936	hs 2p25.3
chr17:46124618-46124321	hs 17q21.32
chr17:843546-843487	hs 17p13.3
chr14:106950219-106950278	hs 14q32.33
chr1:22357351-22357410	hs 1p36.12
chr10:73471541-73471482	hs 10q22.1
chr21:44589285-44589344	hs 21q22.3
chr5:33988020-33987961	hs 5p13.2
chr10:70776472-70776531	hs 10q22.1
chr7:99635306-99635365	hs 7q22.1
chr2:28637175-28637234	hs 2p23.2
chr7:138745502-138745443	hs 7q34
chr11:124561634-124564213	hs 11q24.2
chr17:14121136-14121195	hs 17p12
chr20:57394059-57394000	hs 20q13.32
chr9:67927016-67927074	hs 9q13
chr16:14989959-14990017	hs 16p13.11
chr4:128544676-128544735	hs 4q28.1
chr6:105388387-105388328	hs 6q16.3
chr17:5324688-5324747	hs 17p13.2
chr8:143763976-143764035	hs 8q24.3
chr3:96336742-96337006	hs 3q11.2
chr11:18553746-18553687	hs 11p15.1
chr17:044171979-044171920	hs 17q21.31
chr19:47278958-47278899	hs 19q13.32
chr2:238536264-238536323	hs 2q37.3
chr3:12913015-12912956	hs 3p25.2
chr2:25044791-25044850	hs 2p23.3

chr4:41270340-41270399	hs 4p13
chr8:100025156-100025097	hs 8q22.2
chr2:163128865-163128806	hs 2q24.2
chr19:1986041-1985982	hs 19p13.3
chr3:168027202-168031892	hs 3q26.2
chr5:130495150-130495091	hs 5q23.3
chr6:88376916-88376975	hs 6q15
chr3:97869027-97869086	hs 3q11.2
chr22:51033767-51033826	hs 22q13.33
chr9:140477524-140477465	hs 9q34.3
chr5:147693680-147693739	hs 5q32
chr1:5922948-5922889	hs 1p36.31
chr4:40428153-40428094	hs 4p14
chr7:2761595-2761536	hs 7p22.3
chr4:106394684-106394625	hs 4q24
chr11:102248391-102248450	hs 11q22.2
chr9:102563606-102563547	hs 9q22.33
chr16:75205715-75205774	hs 16q23.1
chr14:23240015-23240074	hs 14q11.2
chr12:8482117-8482176	hs 12p13.31
chr6:28293096-28293037	hs 6p22.1
chr10:102283579-102283520	hs 10q24.31
chr2:198367823-198367882	hs 2q33.1
chr12:133502369-133502310	hs 12q24.33
chr3:52435946-52435887	hs 3p21.1
chr10:71898108-71898049	hs 10q22.1
chr7:75694196-75694255	hs 7q11.23
chr2:128604595-128604536	hs 2q14.3
chr11:46690061-46690120	hs 11p11.2
chr7:8128578-8128637	hs 7p21.3
chr11:107650404-107650463	hs 11q22.3
chr12:6880059-6880118	hs 12p13.31
chr16:1837977-1838036	hs 16p13.3
chr17:15578835-15578894	hs 17p12
chr10:6266166-6268203	hs 10p15.1
chr9:33347038-33347097	hs 9p13.3
chr17:79880543-79880484	hs 17q25.3
chr6:36091062-36091121	hs 6p21.31
chr5:126383328-126383269	hs 5q23.2
chr4:15982105-15982046	hs 4p15.32
chr12:49483267-49483208	hs 12q13.12
chr2:176049213-176049272	hs 2q31.1
chrX:48755250-48755309	hs Xp11.23
chr4:39838843-39838784	hs 4p14

chr7:135614637-135614696	hs 7q33
chr19:36883571-36883512	hs 19q13.12
chr6:2413723-2413782	hs 6p25.2
chr17:79503233-79503292	hs 17q25.3
chr2:204304250-204304191	hs 2q33.2
chr1:38261451-38261510	hs 1p34.3
chr19:44096085-44096026	hs 19q13.31
chr13:64208452-64209640	hs 13q21.31
chr8:026306602-026306661	hs 8p21.2
chr11:62283459-62283400	hs 11q12.3
chr8:99054999-99054940	hs 8q22.2
chr2:201768294-201768353	hs 2q33.1
chr20:31034910-31034851	hs 20q11.21
chr11:117161697-117161638	hs 11q23.3
chr1:2493038-2493097	hs 1p36.32
chr16:67877264-67877323	hs 16q22.1
chr15:22742452-22742511	hs 15q11.2
chr3:149469205-149468595	hs 3q25.1
chr14:99751043-99750984	hs 14q32.2
chrX:132351715-132351656	hs Xq26.2
chr18:29126460-29126519	hs 18q12.1
chr17:079367538-079367597	hs 17q25.3
chr17:44346284-44346343	hs 17q21.31
chr2:101622450-101622508	hs 2q11.2
chr9:014992816-014992757	hs 9p22.3
chr19:2228287-2228346	hs 19p13.3
chr15:67818833-67818892	hs 15q23
chr20:3208221-3208162	hs 20p13
chr7:21940891-21940832	hs 7p15.3
chr9:72333183-72333124	hs 9q21.12
chr1:79128479-79128538	hs 1p31.1
chr21:34732064-34732123	hs 21q22.11
chr12:112278006-112277947	hs 12q24.12
chr19:1555636-1555577	hs 19p13.3
chr8:107371779-107371838	hs 8q23.1
chr5:180668610-180668551	hs 5q35.3
chr16:728577-728518	hs 16p13.3
chr9:99148471-99148412	hs 9q22.32
chrX:133634514-133634573	hs Xq26.3
chr16:11536126-11536067	hs 16p13.13
chr20:43246977-43247036	hs 20q13.12
chr19:3121011-3121070	hs 19p13.3
chrX:154003342-154003401	hs Xq28
chr1:016569360-016569301	hs 1p36.13

chr17:73897347-73897288	hs 17q25.1
chr19:43865699-43866266	hs 19q13.31
chr17:025607775-025607836	hs 17q11.1
chr3:197339521-197339462	hs 3q29
chr1:241757732-241757673	hs 1q43
chr11:68504036-68503977	hs 11q13.3
chr11:67758829-67758771	hs 11q13.2
chr2:131098542-131098483	hs 2q21.1
chr4:17488089-17488030	hs 4p15.32
chr5:149826518-149826459	hs 5q33.1
chr6:159262350-159262291	hs 6q25.3
chr15:032781387-032781328	hs 15q13.3
chr2:160623821-160623880	hs 2q24.2
chr19:54722499-54722271	hs 19q13.42
chr21:37477361-37477420	hs 21q22.12
chr1:144522446-144522505	hs 1q21.1
chr9:42393527-42396289	hs 9p12
chr21:35335427-35335486	hs 21q22.11
chr3:136035807-136035866	hs 3q22.3
chr4:2933590-2933370	hs 4p16.3
chr17:4442247-4442306	hs 17p13.2
chr1:144881500-144881441	hs 1q21.1
chr7:14184734-14184675	hs 7p21.2
chr1:27657216-27657275	hs 1p36.11
chr17:61574915-61574974	hs 17q23.3
chr22:21991531-21991590	hs 22q11.21
chr7:99702720-99702920	hs 7q22.1
chr19:3977256-3976730	hs 19p13.3
chr19:54976270-54976211	hs 19q13.42
chr8:29648839-29648898	hs 8p12
chr13:98119444-98119503	hs 13q32.1
chr3:178742220-178742161	hs 3q26.32
chr11:2006246-2006187	hs 11p15.5
chr13:51066840-51066897	hs 13q14.3
chr19:56208449-56208508	hs 19q13.42
chr2:121940077-121940136	hs 2q14.2
chr9:129598599-129598658	hs 9q33.3
chrX:137793760-137793819	hs Xq26.3
chr15:83677361-83677302	hs 15q25.2
chr15:81701519-81701578	hs 15q25.2
chrX:110928330-110931172	hs Xq23
chr7:29963349-29963290	hs 7p14.3
chr8:96079120-96079061	hs 8q22.1
chr1:2116703-2116762	hs 1p36.33

chr13:36686066-36686007	hs 13q13.3
chr1:44171129-44171188	hs 1p34.1
chr9:34086957-34086898	hs 9p13.3
chr7:63224834-63224893	hs 7q11.21
chr10:097354608-097354669	hs 10q24.1
chr15:75515866-75515807	hs 15q24.2
chr1:24296306-24296247	hs 1p36.11
chr3:101401333-101401274	hs 3q12.3
chr1:65880801-65880860	hs 1p31.3
chr1:26450313-26450372	hs 1p36.11
chr22:32015337-32015278	hs 22q12.2
chr11:65206777-65206836	hs 11q13.1
chr19:41201941-41198931	hs 19q13.2
chr1:001824064-001824123	hs 1p36.33
chr11:71961724-71961665	hs 11q13.4
chr5:43526482-43526423	hs 5p12
chr6:127684016-127684075	hs 6q22.33
chr3:10168580-10168521	hs 3p25.3
chr8:6728240-6728181	hs 8p23.1
chr2:170558056-170558115	hs 2q31.1
chrX:49641761-49641702	hs Xp11.23
chr19:49933575-49933516	hs 19q13.33
chr17:43716680-43716739	hs 17q21.31
chr16:30096047-30096106	hs 16p11.2
chr12:49486752-49486811	hs 12q13.12
chr1:227087089-227087148	hs 1q42.13
chr8:142443988-142443929	hs 8q24.3
chr13:50702537-50702596	hs 13q14.2
chr1:114455973-114456032	hs 1p13.2
chr12:51488723-51488664	hs 12q13.12
chr5:176047719-176047660	hs 5q35.2
chr12:131360738-131360797	hs 12q24.33
chr1:145509245-145509304	hs 1q21.1
chr1:154199802-154201116	hs 1q21.3
r gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA [NM_001145951]	
chr7:48004060-48004001	hs 7p12.3
chrX:50335055-50334996	hs Xp11.22
chr6:118028097-118028156	hs 6q22.1
chr12:51745941-51745882	hs 12q13.13
chr6:31556373-31556432	hs 6p21.33
chr19:56813387-56813446	hs 19q13.43
chr7:45768434-45767857	hs 7p12.3
chr12:62688025-62688084	hs 12q14.1
chr20:44445525-44445584	hs 20q13.12

chr7:4827865-4827924	hs 7p22.1
chr12:9997324-9997383	hs 12p13.31
chr16:4801207-4801148	hs 16p13.3
chr20:61536759-61536700	hs 20q13.33
chr2:3627728-3627787	hs 2p25.3
chr17:36891334-36891393	hs 17q12
chr2:87229764-87229705	hs 2p11.2
chr6:28089803-28089744	hs 6p22.1
chr2:102792046-102792105	hs 2q12.1
chr21:44514780-44514631	hs 21q22.3
chr1:39749808-39750014	hs 1p34.3
chr5:86344779-86344720	hs 5q14.3
chr2:38095379-38098973	hs 2p22.2
chr16:30004385-30004326	hs 16p11.2
chr3:169511485-169511426	hs 3q26.2
chrX:119391560-119391619	hs Xq24
chr16:21270022-21269963	hs 16p12.2
chr3:120044380-120044323	hs 3q13.33
chr6:71269898-71269957	hs 6q13
chr7:144096910-144096851	hs 7q35
chr9:139925373-139925314	hs 9q34.3
chr20:47905716-47905775	hs 20q13.13
chr1:1654207-1654148	hs 1p36.33
chr8:95444506-95444447	hs 8q22.1
chr12:56619283-56619454	hs 12q13.3
chr12:58119125-58119066	hs 12q14.1
chr1:41972662-41972603	hs 1p34.2
chr15:45059866-45059925	hs 15q21.1
chr19:6368801-6368860	hs 19p13.3
chr6:2283757-2283816	hs 6p25.3
chrX:45629208-45629149	hs Xp11.3
chr6:10743658-10743599	hs 6p24.2
chr17:41606025-41605966	hs 17q21.31
chr3:100083234-100083175	hs 3q12.2
chrX:123041089-123041148	hs Xq25
chr7:006694436-006694495	hs 7p22.1
chr4:76871443-76871384	hs 4q21.1
chr21:46723274-46723215	hs 21q22.3
chr2:101628477-101628536	hs 2q11.2
chr15:35152282-35149288	hs 15q14
chr2:9552414-9548292	hs 2p25.1
chr17:5074130-5074189	hs 17p13.2
chr11:45834367-45834426	hs 11p11.2
chr11:44954519-44954460	hs 11p11.2

chr19:10465213-10464877	hs 19p13.2
chr16:31368753-31368812	hs 16p11.2
chr1:10502671-10502730	hs 1p36.22
chr12:6857546-6857487	hs 12p13.31
chr11:3696806-3696747	hs 11p15.4
chr20:50768203-50768144	hs 20q13.2
chr6:22570614-22570673	hs 6p22.3
chr5:121176363-121176422	hs 5q23.1
chr9:117072895-117072954	hs 9q32

chr6:26124461-26124520	hs 6p22.2
chr15:76069736-76069795	hs 15q24.2
chr11:563211-563270	hs 11p15.5
chr11:62189823-62190532	hs 11q12.3
chrX:018884701-018884760	hs Xp22.13
chr12:72074011-72074070	hs 12q21.1
chr2:46803379-46803747	hs 2p21
chr17:27942109-27942050	hs 17q11.2
chr2:96197150-96197209	hs 2q11.1
chr12:111375193-111375252	hs 12q24.11
chr19:50243359-50243174	hs 19q13.33
chr2:7037200-7037259	hs 2p25.2
chr5:235411-236558	hs 5p15.33
chr10:81852040-81852099	hs 10q22.3
chr13:44464331-44464390	hs 13q14.11
chr6:41069914-41069973	hs 6p21.1
chr22:22550594-22550653	hs 22q11.22
chr9:3452364-3452305	hs 9p24.2
chr1:152760119-152760178	hs 1q21.3
chr11:2893235-2893294	hs 11p15.4
chr8:109928168-109928109	hs 8q23.1
chr1:142621453-142621512	hs 1q21.1
chr9:127641177-127641118	hs 9q33.3
chr11:3876490-3876549	hs 11p15.4
chr1:1363048-1363107	hs 1p36.33
chr4:146055623-146055564	hs 4q31.21
chr1:10690731-10690790	hs 1p36.22
chr19:56156206-56156265	hs 19q13.42
chr9:34997178-34997237	hs 9p13.3
chr12:108297117-108297058	hs 12q23.3
chr22:29184752-29184811	hs 22q12.1
chr3:113432337-113432278	hs 3q13.2
chr14:55615172-55615113	hs 14q22.3
chr15:62535009-62534950	hs 15q22.2

chr6:24751871-24751930	hs 6p22.3
chr21:26966229-26965243	hs 21q21.3
chr12:56398680-56398739	hs 12q13.2
chr1:11672885-11672944	hs 1p36.22
chr15:64452396-64452337	hs 15q22.31
chr15:79051849-79051790	hs 15q25.1
chr19:014266618-014266677	hs 19p13.12
chr19:58666162-58666103	hs 19q13.43
chr10:102827736-102827795	hs 10q24.31
chr5:8457564-8452337	hs 5p15.31
chr10:126177105-126185549	hs 10q26.13
chr9:35738622-35738563	hs 9p13.3
chr5:149823390-149823331	hs 5q33.1
chr6:138146634-138146693	hs 6q23.3
chr1:248813291-248813232	hs 1q44
chr19:19310021-19312494	hs 19p13.11
chr1:727105-727046	hs 1p36.33
chr22:43525495-43525554	hs 22q13.2
chr5:55240688-55240629	hs 5q11.2
chr3:195435752-195435811	hs 3q29
chr17:7646539-7646598	hs 17p13.1
chr11:117265642-117265701	hs 11q23.3
chr4:1943382-1943441	hs 4p16.3
chr14:74269958-74270017	hs 14q24.3
chr18:43914943-43915002	hs 18q21.1
chr14:75302833-75302892	hs 14q24.3
chr22:50882699-50882758	hs 22q13.33
chr17:30738348-30738407	hs 17q11.2
chr15:91545332-91544686	hs 15q26.1
chr12:8482118-8482177	hs 12p13.31
chr20:60962941-60963394	hs 20q13.33
chr19:1038261-1038320	hs 19p13.3
chrX:129337091-129337032	hs Xq26.1
chr4:88225833-88225774	hs 4q22.1
chr10:088390851-088390792	hs 10q23.2
chr19:006593823-006593884	hs 19p13.3
chr14:55312549-55312490	hs 14q22.2
chr15:83677341-83674427	hs 15q25.2
chr17:70427280-70424392	hs 17q24.3
chr13:27829410-27829469	hs 13q12.2
chr13:53073381-53073440	hs 13q14.3
chr6:56989254-56989313	hs 6p12.1
chr18:649747-649688	hs 18p11.32
chr3:190595730-190595789	hs 3q28

chr4:142949267-142949208	hs 4q31.21
chr5:149366825-149366884	hs 5q32
chr2:175439525-175439466	hs 2q31.1
chr17:8870308-8870367	hs 17p13.1
chr3:122293039-122293098	hs 3q21.1
chr8:60034282-60034341	hs 8q12.1
chr3:159945915-159945974	hs 3q25.33
chr1:32669575-32669634	hs 1p35.1
chr19:644430-644371	hs 19p13.3
chr8:32902023-32902082	hs 8p12
chr14:101045602-101045661	hs 14q32.2
chr13:114515136-114515195	hs 13q34
chrX:2832639-2832580	hs Xp22.33
chr15:23262482-23262541	hs 15q11.2
chr6:3851193-3851252	hs 6p25.2
chr5:150280199-150280258	hs 5q33.1
chr9:37363094-37363153	hs 9p13.2
chr10:116196035-116195976	hs 10q25.3
chr3:45153600-45152300	hs 3p21.31
chr20:31221188-31221129	hs 20q11.21
chr18:47797205-47797146	hs 18q21.1
chr5:8462901-8462960	hs 5p15.31
chr3:52028113-52028054	hs 3p21.2
chr2:101356411-101356470	hs 2q11.2
chr4:147110971-147111030	hs 4q31.22
chr20:18051593-18051652	hs 20p11.23
chr11:72946916-72946975	hs 11q13.4
chr22:31372039-31372098	hs 22q12.2
chr1:174979115-174979174	hs 1q25.1
chr5:150031836-150031895	hs 5q33.1
chr7:99091264-99091205	hs 7q22.1
chrX:117928406-117928465	hs Xq24
chr8:99114874-99114815	hs 8q22.2
chr17:80915095-80914625	hs 17q25.3
chr19:1878069-1878010	hs 19p13.3
chr5:178461245-178461304	hs 5q35.3
chr10:35858729-35858788	hs 10p11.21
chr10:120124659-120124718	hs 10q26.11
chr17:8783792-8783733	hs 17p13.1
chrX:149115124-149115183	hs Xq28
chr19:36207866-36207925	hs 19q13.12
chr4:40426236-40426177	hs 4p14
chr8:95892677-95892618	hs 8q22.1
chr17:7657861-7657920	hs 17p13.1

chr21:19149832-19149773	hs 21q21.1
chr17:61895992-61896051	hs 17q23.3
chrY:028425272-028425213	hs Yq11.23
chr20:58729517-58755911	hs 20q13.33
chrX:19610255-19610196	hs Xp22.12
chr13:40768705-40768646	hs 13q14.11
chr10:124648065-124648124	hs 10q26.13
chr4:138972483-138983985	hs 4q28.3
chr20:5095870-5095811	hs 20p13
chrX:48834722-48834663	hs Xp11.23
chr4:53579709-53579768	hs 4q12
chr4:189271055-189270996	hs 4q35.2
chr4:174537399-174537340	hs 4q34.1
chr12:062415821-062415761	hs 12q14.1
chr12:13127906-13127847	hs 12p13.1
chr14:21501049-21500990	hs 14q11.2
chrX:135300483-135300424	hs Xq26.3
chr19:7440785-7440844	hs 19p13.2
chr20:23355225-23355166	hs 20p11.21
chr19:15794543-15795654	hs 19p13.12
chr16:56686948-56687007	hs 16q12.2
chr16:2014321-2013243	hs 16p13.3
chr13:95226685-95226626	hs 13q32.1
chr13:64316583-64316642	hs 13q21.31
chr20:335267-335326	hs 20p13
chr22:19870974-19870915	hs 22q11.21
chr1:154440037-154440096	hs 1q21.3
chr1:227947078-227947137	hs 1q42.13
chr15:23392627-23392686	hs 15q11.2
chr5:49963014-49963958	hs 5q11.1
chr17:42151599-42152071	hs 17q21.31
chr4:084010025-084010084	hs 4q21.22
chr18:14255484-14255543	hs 18p11.21
chr5:59893300-59893241	hs 5q12.1
chr1:223533605-223533546	hs 1q41
chr19:10421589-10421530	hs 19p13.2
chr7:30590294-30590235	hs 7p14.3
chr4:129435720-129435779	hs 4q28.2
chr19:18377090-18377031	hs 19p13.11
chr7:27285959-27286018	hs 7p15.2
chr7:8198223-8198164	hs 7p21.3
chr22:20100983-20100727	hs 22q11.21
chr2:120480892-120480833	hs 2q14.2
chr8:18385112-18385053	hs 8p22

chr1:184662243-184662184	hs 1q25.3
chr7:149128625-149128566	hs 7q36.1
chr14:105608733-105608674	hs 14q32.33
chr4:057576536-057576595	hs 4q12
chr2:63834131-63834190	hs 2p15
chr5:139623126-139623185	hs 5q31.3
chr5:90609980-90609921	hs 5q14.3
chr4:90035736-90035795	hs 4q22.1
chr20:310276-310335	hs 20p13
chr7:106256185-106256126	hs 7q22.3
chr1:47905704-47905763	hs 1p33
chr3:127104743-127095096	hs 3q21.3
chr22:41258712-41258771	hs 22q13.2
chr1:2495144-2495203	hs 1p36.32
chr7:45118320-45118261	hs 7p13
chr4:147033661-147033720	hs 4q31.22
chr13:27828361-27829379	hs 13q12.2
chr4:152024086-152024145	hs 4q31.3
chr12:104166903-104166844	hs 12q23.3
chr20:58440689-58440630	hs 20q13.33
chr12:29659276-29659217	hs 12p11.22
chr18:77289219-77289278	hs 18q23
chr14:93814553-93814612	hs 14q32.12
chr12:9092293-9092352	hs 12p13.31
chr11:61730281-61730340	hs 11q12.3
chr1:67874360-67874301	hs 1p31.3
chr10:124608758-124608699	hs 10q26.13
chr19:15962936-15962877	hs 19p13.12
chrX:100608911-100608334	hs Xq22.1
chr16:57462700-57462641	hs 16q21
chr15:73866013-73862716	hs 15q24.1
chr5:145780636-145786762	hs 5q32
chr5:169506070-169506129	hs 5q35.1
chr1:155217903-155217844	hs 1q22
chr9:3671558-3671617	hs 9p24.2
chr15:29394617-29394676	hs 15q13.1
chr22:42970323-42970264	hs 22q13.2
chr8:064100250-064100309	hs 8q12.3
chr16:30543568-30543509	hs 16p11.2
chr16:30831848-30831838	hs 16p11.2
chr6:31766276-31765790	hs 6p21.33
chr20:30531923-30531982	hs 20q11.21
chr8:069438016-069437957	hs 8q13.2
chr16:27473768-27473709	hs 16p12.1

chr1:1336593-1336652	hs 1p36.33
chr6:41185481-41185422	hs 6p21.1
chr7:12728281-12728340	hs 7p21.3
chr14:97010571-97014168	hs 14q32.2
chr6:28912099-28912158	hs 6p22.1
chr22:38363169-38363682	hs 22q13.1
chr5:115628532-115628591	hs 5q23.1
chr17:5402831-5402772	hs 17p13.2
chr14:103397053-103397112	hs 14q32.32
chr19:4675303-4675244	hs 19p13.3
chr6:30614515-30614574	hs 6p21.33
chr10:074765855-074765795	hs 10q22.1
chr13:028194669-028194728	hs 13q12.2
chrX:53458440-53458381	hs Xp11.22
chr10:18199506-18199565	hs 10p12.33
chr6:52533036-52533095	hs 6p12.2
chr1:36558810-36558869	hs 1p34.3
chr7:36570069-36561708	hs 7p14.2
chr2:192543838-192546714	hs 2q32.3
chr1:68941036-68940977	hs 1p31.2
chr4:158558926-158558984	hs 4q32.1
chr19:37309366-37309307	hs 19q13.12
chr17:27050590-27050649	hs 17q11.2
chr15:031130005-031130064	hs 15q13.2
chr14:24520256-24520315	hs 14q11.2
chr6:170483849-170483790	hs 6q27
chr7:149992401-149992342	hs 7q36.1
chr13:112555113-112555172	hs 13q34
chr9:2161718-2161777	hs 9p24.3
chr2:118589873-118589932	hs 2q14.1
chr17:62461517-62461576	hs 17q23.3
chr17:21909487-21909546	hs 17p11.2
chr15:66782792-66782733	hs 15q22.31
chr4:141542600-141542541	hs 4q31.21
chr6:130454177-130454118	hs 6q23.1
chrX:52787003-52787062	hs Xp11.22
chr4:151500399-151500458	hs 4q31.3
chr2:61416001-61416060	hs 2p15
chr6:97590265-97590206	hs 6q16.1
chr14:52743026-52743085	hs 14q22.1
chr17:36646345-36646404	hs 17q12
chr3:4532637-4532578	hs 3p26.1
chr18:18535191-18535132	hs 18q11.1
chr1:6354983-6354924	hs 1p36.31

chr4:106193920-106193979	hs 4q24
chr16:30200516-30200575	hs 16p11.2
chr14:19887573-19887514	hs 14q11.2
chr17:896886-896945	hs 17p13.3
chr4:96070038-96073816	hs 4q22.3
chr15:99901706-99903359	hs 15q26.3
chr10:18942696-18942637	hs 10p12.31
chr19:50045997-50046409	hs 19q13.33
chr1:235277117-235275399	hs 1q42.3
chr6:017531580-017531519	hs 6p22.3
chr15:50151289-50151230	hs 15q21.2
chr20:58201861-58201802	hs 20q13.32
chr1:173387056-173386997	hs 1q25.1
chr10:37597786-37598042	hs 10p11.21
chr14:61550371-61550430	hs 14q23.1
chr22:19960516-19960457	hs 22q11.21
chr8:95805979-95806038	hs 8q22.1
chr2:74375293-74375352	hs 2p13.1
chr19:897179-897120	hs 19p13.3
chr14:94526639-94526580	hs 14q32.12
chr5:179382621-179382562	hs 5q35.3
chr12:133735529-133735588	hs 12q24.33
chr9:127115950-127115891	hs 9q33.3
chr10:11605707-11605648	hs 10p14
chr18:47017232-47017173	hs 18q21.1
chr1:2442189-2442130	hs 1p36.32
chr22:38089401-38089460	hs 22q13.1
chr1:201104631-201104572	hs 1q32.1
chr6:57512643-57512702	hs 6p11.2
chr20:37075377-37075436	hs 20q11.23
chr11:77350930-77350989	hs 11q14.1
chr1:248264139-248264198	hs 1q44
chr22:43088187-43088128	hs 22q13.2
chr8:86126354-86126295	hs 8q21.2
chr5:132295265-132295206	hs 5q31.1
chr10:14861839-14861780	hs 10p13
chr4:4270336-4270277	hs 4p16.3
chr10:38737840-38737899	hs 10p11.1
chr14:59596169-59596228	hs 14q23.1
chr17:3577019-3576960	hs 17p13.2
chr7:44842121-44842180	hs 7p13
chr6:155701710-155701651	hs 6q25.3
chr6:42657337-42657396	hs 6p21.1
chr11:3412514-3412455	hs 11p15.4

chr6:42986844-42986903	hs 6p21.1
chr9:113468373-113468432	hs 9q31.3
chr2:55451395-55451336	hs 2p16.1
chr17:75532503-75532562	hs 17q25.3
chr15:32808512-32808453	hs 15q13.3
chr12:56665557-56665498	hs 12q13.3
chr11:134119120-134119061	hs 11q25
chr3:87017874-87017815	hs 3p12.1
chr9:5335232-5335173	hs 9p24.1
chr4:65792375-65792316	hs 4q13.1
chr19:9362278-9362337	hs 19p13.2
chr5:60790178-60790237	hs 5q12.1
chr13:44722084-44722143	hs 13q14.11
chr19:17937339-17937280	hs 19p13.11
chr20:42170109-42170168	hs 20q13.12
chr11:115530294-115530235	hs 11q23.3
chr1:94352869-94352810	hs 1p22.1
chr5:146770596-146770537	hs 5q32
chr11:47594826-47594885	hs 11p11.2
chr6:131604361-131604420	hs 6q23.2
chr4:13584292-13583892	hs 4p15.33
chr14:77491992-77491933	hs 14q24.3
chrX:006144427-006144368	hs Xp22.31
chr1:027312321-027312262	hs 1p36.11
chr17:74730660-74730601	hs 17q25.1
chr19:001307493-001307434	hs 19p13.3
chr17:43913133-43913192	hs 17q21.31
chr13:43059837-43059896	hs 13q14.11
chr15:82530841-82530782	hs 15q25.2
chr22:17618759-17618700	hs 22q11.1
chr7:103767006-103766947	hs 7q22.1
chr9:43066785-43066726	hs 9p12
chr10:135137970-135137911	hs 10q26.3
chr8:145750486-145750545	hs 8q24.3
chr22:43267193-43267134	hs 22q13.2
chr10:99374762-99374703	hs 10q24.2
chr2:65496889-65496948	hs 2p14
chr17:27051088-27051147	hs 17q11.2
chrX:153628927-153629061	hs Xq28
chr9:035617474-035617533	hs 9p13.3
chr16:4389536-4389595	hs 16p13.3
chr7:129395171-129395230	hs 7q32.2
chr12:122213575-122213634	hs 12q24.31
chr2:10059793-10059852	hs 2p25.1

chr12:7521549-7520755	hs 12p13.31
chr2:113402808-113402749	hs 2q13
chr16:27791096-27791155	hs 16p12.1
chr13:27829472-27830360	hs 13q12.2
chr10:91452327-91446853	hs 10q23.31
chr20:1578045-1577986	hs 20p13
chr20:57331823-57331882	hs 20q13.32
chr3:9881947-9881888	hs 3p25.3
chr5:135399343-135399402	hs 5q31.1
chr6:22589496-22589437	hs 6p22.3
chr21:44190119-44190178	hs 21q22.3
chrY:20492629-20492688	hs Yq11.222
chr13:101182384-101182443	hs 13q32.3
chr5:179203516-179203575	hs 5q35.3
chr1:157094518-157094459	hs 1q23.1
chr11:133767694-133767635	hs 11q25
chr6:126039179-126039238	hs 6q22.31
chr17:62615-62556	hs 17p13.3
chr21:040499847-040499906	hs 21q22.2
chr19:12790482-12790344	hs 19p13.2
chr15:41601624-41601565	hs 15q15.1
chr7:054724304-054724363	hs 7p11.2
chr11:9142203-9142144	hs 11p15.4
chr18:74528854-74528795	hs 18q23
chr17:18561832-18561773	hs 17p11.2
chr14:101453394-101453453	hs 14q32.31
chr7:100245136-100245077	hs 7q22.1
chrX:80370173-80370114	hs Xq21.1
chr2:75187247-75196568	hs 2p12
chr14:78139939-78139880	hs 14q24.3
chr19:021416316-021416375	hs 19p12
chr4:147362886-147362827	hs 4q31.22
chr2:19551696-19551637	hs 2p24.1
chr12:57450095-57450036	hs 12q13.3
chr1:236647551-236647610	hs 1q43
chr10:134018522-134018581	hs 10q26.3
chr2:217726622-217726563	hs 2q35
chr1:35649300-35649241	hs 1p34.3
chr1:36320420-36320479	hs 1p34.3
chr17:27050638-27050923	hs 17q11.2
chr1:31346097-31346038	hs 1p35.2
chr20:58521867-58521926	hs 20q13.33
chr5:141019875-141019816	hs 5q31.3
chr17:18168888-18168947	hs 17p11.2

chr20:18776177-18776236	hs 20p11.23
chr14:104000891-104000950	hs 14q32.33
chr16:22343491-22345008	hs 16p12.2
chr2:219941048-219940989	hs 2q35
chr1:172107861-172107802	hs 1q24.3
chr5:1629006-1628947	hs 5p15.33
763]	
chr14:101312877-101312936	hs 14q32.2
chr14:102144580-102144639	hs 14q32.31
chr10:95347228-95347287	hs 10q23.33
chr1:201476464-201476523	hs 1q32.1
chr11:59225263-59225322	hs 11q12.1
chr15:78287623-78287564	hs 15q24.3
chr19:49843508-49843567	hs 19q13.33
chr7:150037260-150037201	hs 7q36.1
chr14:96010787-96010846	hs 14q32.13
chr10:120790867-120790926	hs 10q26.11
chr5:132279131-132279072	hs 5q31.1
chr18:12987277-12987336	hs 18p11.21
chr1:29443468-29443527	hs 1p35.3
chr2:216477136-216477077	hs 2q35
chr6:108843534-108843593	hs 6q21
chr14:103739630-103734637	hs 14q32.32
chr17:3763939-3763880	hs 17p13.2
chr7:55863781-55863722	hs 7p11.2
chr6:170886691-170886632	hs 6q27
chr1:44432620-44432679	hs 1p34.1
chrX:57623831-57623890	hs Xp11.21
chr10:114911485-114911544	hs 10q25.3
chr7:5112794-5112853	hs 7p22.1
chr17:8192623-8192684	hs 17p13.1
chr19:1272456-1272515	hs 19p13.3
chr1:225971009-225971068	hs 1q42.12
chr10:104183423-104183280	hs 10q24.32
chr19:51630519-51631230	hs 19q13.41
chr20:62338015-62337745	hs 20q13.33
chr9:115233770-115233829	hs 9q32
chr6:52360211-52360270	hs 6p12.2
chr5:149763654-149763713	hs 5q32
chr2:47710161-47710220	hs 2p21
chr2:100890153-100890094	hs 2q11.2
chr10:37890425-37890366	hs 10p11.21
chr1:155305915-155305856	hs 1q22
chr17:55015642-55015583	hs 17q22

chr15:89174900-89174959	hs 15q26.1
chr4:24531344-24531285	hs 4p15.2
chr17:8700757-8700698	hs 17p13.1
chr1:222842440-222842381	hs 1q41
chr22:45725231-45725290	hs 22q13.31
chr21:16207026-16206967	hs 21q11.2
chr8:128753268-128753327	hs 8q24.21
chr4:106199618-106199677	hs 4q24
chr15:91838329-91838388	hs 15q26.1
chr8:74794634-74794693	hs 8q21.11
chr17:58292041-58291982	hs 17q23.1
chr2:207799660-207799719	hs 2q33.3
chr1:143914671-143914730	hs 1q21.1
chr9:80335278-80335219	hs 9q21.2
chr9:98412460-98412519	hs 9q22.32
chr10:112659070-112659011	hs 10q25.2
chr16:88588489-88588430	hs 16q24.2
chr6:111329244-111329303	hs 6q21
chr10:98985783-98985724	hs 10q24.1
chr12:52470600-52470659	hs 12q13.13
chr11:112164722-112164781	hs 11q23.1
chr10:5805605-5805664	hs 10p15.1
chr9:098172883-098172824	hs 9q22.32
chr18:5887969-5888028	hs 18p11.31
chr2:99411061-99411002	hs 2q11.2
chr15:62144891-62144832	hs 15q22.2
chr12:123850245-123850304	hs 12q24.31
chr13:39584423-39584364	hs 13q13.3
chr5:89706420-89706479	hs 5q14.3
chr6:150045639-150045580	hs 6q25.1
chr17:26874864-26874805	hs 17q11.2
chr3:172165543-172165484	hs 3q26.31
chr6:170892222-170892163	hs 6q27
chr2:3607234-3607293	hs 2p25.3
chr1:55532583-55532524	hs 1p32.3
chr2:085596806-085596865	hs 2p11.2
chr18:673276-673335	hs 18p11.32
chr1:154305127-154305186	hs 1q21.3
chr17:73754580-73754445	hs 17q25.1
chr13:43528115-43500538	hs 13q14.11
chr9:36677192-36677251	hs 9p13.2
chr3:15686430-15686489	hs 3p25.1
chr2:85771929-85771988	hs 2p11.2
chr9:125085109-125085168	hs 9q33.2

chr12:69136376-69136435	hs 12q15
chr7:154735770-154735711	hs 7q36.2
chr1:235612144-235612203	hs 1q42.3
chr6:134309057-134308998	hs 6q23.2
chr2:3606570-3608947	hs 2p25.3
chr15:23889081-23889022	hs 15q11.2
chr8:133699731-133697316	hs 8q24.22
chr22:16159014-16158955	hs 22q11.1
chr11:33768847-33768788	hs 11p13
chr1:161683792-161683851	hs 1q23.3
chr19:14580209-14580268	hs 19p13.12
chr12:2801250-2801309	hs 12p13.33
chrX:109440277-109440218	hs Xq23
chr9:123940477-123940418	hs 9q33.2
chr5:68471363-68473123	hs 5q13.2
chr17:33849325-33842309	hs 17q12
chr13:114295314-114295373	hs 13q34
chr9:77449018-77448959	hs 9q21.13
chr6:160176584-160176643	hs 6q25.3
chr19:058788811-058788870	hs 19q13.43
chr16:75574021-75573962	hs 16q23.1
chr6:119135463-119135404	hs 6q22.31
chr1:33151434-33151493	hs 1p35.1
chr1:143196580-143195893	hs 1q21.1
chr4:152024088-152024146	hs 4q31.3
chr10:114905803-114905862	hs 10q25.3
chr5:132270181-132270122	hs 5q31.1
chr9:139252936-139252995	hs 9q34.3
chr13:27828370-27829389	hs 13q12.2
chr22:42455043-42454984	hs 22q13.2
chr17:55926606-55918568	hs 17q22
chr3:093707702-093707643	hs 3q11.1
chr8:144989680-144989621	hs 8q24.3
chr8:130877276-130877335	hs 8q24.21
chr19:34960205-34960264	hs 19q13.11
chr15:41067300-41067241	hs 15q15.1
chr1:155183105-155183164	hs 1q22
chr9:135553366-135553425	hs 9q34.13
chr17:27042719-27042660	hs 17q11.2
chr19:54724656-54724597	hs 19q13.42
chr19:55424370-55424429	hs 19q13.42
chr7:155257437-155257496	hs 7q36.3
chr4:39553321-39553262	hs 4p14
chr9:140120698-140120757	hs 9q34.3

chrM:4914-4973	
chr4:062641433-062641374	hs 4q13.1
chr17:004608351-004608292	hs 17p13.2
chr2:225363631-225363572	hs 2q36.2
chr16:1470003-1469944	hs 16p13.3
chr5:60448587-60448646	hs 5q12.1
chr1:155883487-155883428	hs 1q22
chr19:58769274-58769215	hs 19q13.43
chr5:141756976-141757035	hs 5q31.3
chr16:22345280-22345339	hs 16p12.2
chr15:59060339-59060280	hs 15q21.3
chr7:100486564-100486505	hs 7q22.1
chr2:25195632-25195690	hs 2p23.3
chr22:27114887-27114946	hs 22q12.1
chr2:130736544-130736485	hs 2q21.1
chr17:54965333-54965274	hs 17q22
chr7:539803-539862	hs 7p22.3
chr20:62565334-62565393	hs 20q13.33
chr19:51322506-51322447	hs 19q13.33
chr8:37756669-37756610	hs 8p11.23
chr3:122250748-122250689	hs 3q21.1
chr22:36784634-36784693	hs 22q12.3
chr17:19035959-19036018	hs 17p11.2
chr12:49397028-49396969	hs 12q13.12
chr2:47613894-47613953	hs 2p21
chr6:71298390-71298449	hs 6q13
chr9:42893065-42893124	hs 9p12
chr3:10327031-10327090	hs 3p25.3
chr2:202344823-202344882	hs 2q33.1
chrX:118600331-118600272	hs Xq24
chr17:049580097-049580038	hs 17q21.33
chr19:58204102-58204043	hs 19q13.43
chr19:38219939-38219880	hs 19q13.12
chr1:45271755-45271696	hs 1p34.1
chr1:33146361-33146302	hs 1p35.1
chr17:77085520-77085461	hs 17q25.3
chr7:139030466-139030525	hs 7q34
chr12:10005037-10004978	hs 12p13.31
chr13:32520296-32520355	hs 13q13.1
chr12:107280395-107280454	hs 12q23.3
chr17:53240764-53240823	hs 17q22
chr1:45980589-45980295	hs 1p34.1
chr1:226549220-226549161	hs 1q42.12
chr16:31004801-31004742	hs 16p11.2

chrX:20025555-20025496	hs Xp22.12
chr2:10270487-10270546	hs 2p25.1
chr10:122349102-122349161	hs 10q26.12
chr22:24212310-24212369	hs 22q11.23
chrUn_gl000227:000071729-000071788	
chr7:104942264-104942325	hs 7q22.3
chr18:12674543-12673452	hs 18p11.21
chr4:54853065-54853006	hs 4q12
chr3:182990933-182990992	hs 3q27.1
chr14:62017283-62017342	hs 14q23.1
chr15:64446169-64446228	hs 15q22.31
chr10:135138991-135138932	hs 10q26.3
chr19:36526357-36526298	hs 19q13.12
chr11:117156011-117156070	hs 11q23.3
chr1:151239868-151239927	hs 1q21.3
chr5:177045687-177045628	hs 5q35.3
chr15:28389048-28388069	hs 15q13.1
chr9:068410624-068410565	hs 9q13
chr15:020786879-020786820	hs 15q11.2
chr19:34264292-34264351	hs 19q13.11
chr6:47846098-47846039	hs 6p12.3
chr13:107315845-107315904	hs 13q33.3
chr17:079139542-079139483	hs 17q25.3
chr22:30094507-30094566	hs 22q12.2
chr3:129034525-129034466	hs 3q21.3
chr1:9642451-9642510	hs 1p36.22
chr18:45778947-45779006	hs 18q21.1
chr15:80890050-80890109	hs 15q25.1
chr2:189897488-189897429	hs 2q32.2
chr17:74523520-74523461	hs 17q25.1
chr5:140565335-140565394	hs 5q31.3
chr17:8064986-8064927	hs 17p13.1
chr6:110149915-110149974	hs 6q21
chr19:6585926-6585867	hs 19p13.3
chr2:61165530-61165471	hs 2p16.1
chr1:101455893-101455834	hs 1p21.2
chr17:15317264-15317205	hs 17p12
chr15:52401926-52401867	hs 15q21.2
chr17:48445492-48445433	hs 17q21.33
chrX:148585772-148585713	hs Xq28
chr22:39770496-39770555	hs 22q13.1
chr20:48801277-48801218	hs 20q13.13
chr20:30127182-30127241	hs 20q11.21
chr11:88106464-88132877	hs 11q14.2

chr12:69995181-69995240	hs 12q15
chr16:50709765-50709706	hs 16q12.1
chr21:43767646-43766648	hs 21q22.3
e [BM453041]	
chr16:50069927-50069986	hs 16q12.1
chr3:52028011-52027952	hs 3p21.2
chr12:57106686-57106627	hs 12q13.3
chr2:239147006-239146947	hs 2q37.3
chr2:15770975-15771034	hs 2p24.3
chr1:107601422-107601481	hs 1p13.3
chr8:81431950-81432009	hs 8q21.13
chr8:142208102-142208043	hs 8q24.3
chr15:90630706-90630472	hs 15q26.1
chr19:42125409-42125350	hs 19q13.2
chr1:46032273-46032332	hs 1p34.1
chr14:104200210-104200151	hs 14q32.33
chr3:15183106-15183168	hs 3p25.1
chr19:17935656-17935597	hs 19p13.11
chr18:47016870-47015908	hs 18q21.1
chr9:15474127-15474068	hs 9p22.3
chr7:99821578-99821519	hs 7q22.1
chr1:205320559-205320618	hs 1q32.1
chr10:63856246-63856305	hs 10q21.2
chr1:212115412-212115353	hs 1q32.3
chr11:124959065-124959124	hs 11q24.2
chr19:52658189-52658130	hs 19q13.41
chr17:46221457-46221398	hs 17q21.32
chr4:110610704-110610645	hs 4q25
chr8:92099128-92099187	hs 8q21.3
chr1:198671524-198671583	hs 1q31.3
chr3:159945373-159945432	hs 3q25.33
chr12:112279361-112279302	hs 12q24.12
chr12:102796325-102796266	hs 12q23.2
chr2:132121559-132121618	hs 2q21.1
chr15:89744716-89744775	hs 15q26.1
chr15:66625579-66625638	hs 15q22.31
chr19:50310363-50310304	hs 19q13.33
chr20:1433773-1433714	hs 20p13
chr12:112843076-112843018	hs 12q24.13
chr20:47892409-47892350	hs 20q13.13
chr2:217363592-217364043	hs 2q35
chr9:35508625-35508684	hs 9p13.3
chr12:114183693-114183634	hs 12q24.13
chr14:57675270-57675211	hs 14q22.3

chr19:21744920-21744861	hs 19p12
chr22:24167466-24167525	hs 22q11.23
chrX:105922517-105922576	hs Xq22.3
chr13:28240914-28240973	hs 13q12.2
chr7:73119328-73119387	hs 7q11.23
chr7:100386962-100388615	hs 7q22.1
chr2:158734036-158734095	hs 2q24.1
chr16:2165439-2165380	hs 16p13.3
chr15:089618541-089618600	hs 15q26.1
chr11:47267283-47267224	hs 11p11.2
chr19:40029628-40029569	hs 19q13.2
chr17:39346767-39346826	hs 17q21.2
chr14:24429166-24434983	hs 14q11.2
chr12:12269123-12269064	hs 12p13.2
chr5:140098539-140098598	hs 5q31.3
chr3:37092085-37092144	hs 3p22.2
chr11:131121649-131121708	hs 11q25
chr2:96687802-96687743	hs 2q11.1
chr16:84983186-84983127	hs 16q24.1
chr9:139876134-139876193	hs 9q34.3
chr1:39513771-39513830	hs 1p34.3
chr7:43666894-43666953	hs 7p13
chr5:94939895-94939954	hs 5q15
chr12:053547983-053548043	hs 12q13.13
chr21:40969138-40969079	hs 21q22.2
chr2:174162659-174162718	hs 2q31.1
chr16:002390856-002390915	hs 16p13.3
chr4:103826795-103826736	hs 4q24
chr10:120353020-120352961	hs 10q26.11
chr2:211296744-211296685	hs 2q34
chr2:75882659-75882718	hs 2p12
chr12:93166521-93166462	hs 12q22
chr11:128933878-128933819	hs 11q24.3
chr19:6374824-6374883	hs 19p13.3
chr22:30636772-30636713	hs 22q12.2
chr3:50230955-50231014	hs 3p21.31
chr7:91774306-91774247	hs 7q21.2
chr1:19567119-19567178	hs 1p36.13
chr19:18979479-18979420	hs 19p13.11
chr17:7294037-7293978	hs 17p13.1
chr1:220142463-220142404	hs 1q41
chr5:72201241-72204663	hs 5q13.2
chr15:102190214-102187051	hs 15q26.3
chr9:77354670-77354338	hs 9q21.13

chr20:48250296-48250237	hs 20q13.13
chr1:175266308-175266367	hs 1q25.1
chr1:76259803-76259862	hs 1p31.1
chr1:153634727-153634668	hs 1q21.3
chr1:10519717-10519776	hs 1p36.22
chr6:156548-156607	hs 6p25.3
chr8:27662101-27662160	hs 8p21.1
chr5:68660773-68660715	hs 5q13.2
chr6:86324192-86324133	hs 6q14.3
chr9:2536421-2536362	hs 9p24.2
chr7:77988714-77988773	hs 7q21.11
chr11:71712939-71712998	hs 11q13.4
chr14:22933255-22933314	hs 14q11.2
chr6:40347350-40347409	hs 6p21.2
chr7:99918578-99918637	hs 7q22.1
chr17:33900712-33900771	hs 17q12
chr19:14230697-14230638	hs 19p13.12
chr10:46963983-46963924	hs 10q11.22
chr1:100615850-100615909	hs 1p21.2
chr17:17415847-17412825	hs 17p11.2
chr21:46554660-46554719	hs 21q22.3
chr12:1039034-1038975	hs 12p13.33
chr12:27478395-27478454	hs 12p11.23
chr17:36634055-36634115	hs 17q12
chr9:93867301-93867242	hs 9q22.2
chr1:150594599-150594586	hs 1q21.3
chr22:41236646-41231849	hs 22q13.2
chr9:067343662-067343603	hs 9q13
chr9:36083497-36083556	hs 9p13.3
chr6:31171095-31171154	hs 6p21.33
chr1:91485906-91485847	hs 1p22.2
chr10:104417554-104417613	hs 10q24.32
chr17:37851136-37851195	hs 17q12
chr8:385644-385703	hs 8p23.3
chr1:33324215-33324274	hs 1p35.1
chr22:46649075-46649134	hs 22q13.31
chr8:27660830-27660889	hs 8p21.1
chr7:72855115-72855056	hs 7q11.23
chr5:80716327-80716268	hs 5q14.1
chr8:98288935-98288876	hs 8q22.1
chr1:207253693-207253752	hs 1q32.2
chr1:23698088-23698147	hs 1p36.12
chr16:054953949-054953890	hs 16q12.2
chr8:116424922-116424863	hs 8q23.3

chr10:129895700-129895641	hs 10q26.2
chr1:25571746-25571687	hs 1p36.11
chr1:101431369-101431428	hs 1p21.2
chr14:23370569-23370510	hs 14q11.2
chr16:55840252-55837463	hs 16q12.2
chr17:41466416-41466357	hs 17q21.31
chr9:88641621-88641562	hs 9q21.33
chr3:053082127-053082186	hs 3p21.1
chr6:127611418-127611359	hs 6q22.33
chr17:16068394-16068335	hs 17p11.2
chr9:128200623-128200564	hs 9q33.3
chr1:206702714-206702655	hs 1q32.1
chr2:114639428-114639369	hs 2q14.1
chr19:46692429-46692370	hs 19q13.32
chr1:154951527-154951586	hs 1q21.3
chr1:157765602-157765543	hs 1q23.1
chrX:149933006-149933065	hs Xq28
chr13:077555683-077555626	hs 13q22.3
chr19:5923265-5923206	hs 19p13.3
chr6:34741363-34741422	hs 6p21.31
chr19:1815304-1815245	hs 19p13.3
chr2:10590169-10590228	hs 2p25.1
chr7:30590330-30590271	hs 7p14.3
chr7:156431611-156431552	hs 7q36.3
chr19:42365231-42373109	hs 19q13.2
chr1:32096214-32096155	hs 1p35.2
chr7:5161781-5161722	hs 7p22.1
chr16:18794337-18794278	hs 16p12.3
chr1:24123592-24123533	hs 1p36.11
chr20:36720305-36720364	hs 20q11.23
chr15:52643522-52643463	hs 15q21.2
chr2:1757609-1757668	hs 2p25.3
chr21:30333698-30333639	hs 21q21.3
chr12:7187626-7187567	hs 12p13.31
chr5:1802479-1814502	hs 5p15.33
chr7:38393435-38393376	hs 7p14.1
chr2:114368843-114368816	hs 2q13
chr6:53516455-53516396	hs 6p12.1
chr16:3086692-3086751	hs 16p13.3
chr3:4939969-4939910	hs 3p26.1
chr2:242674189-242674130	hs 2q37.3
chr14:78182164-78183839	hs 14q24.3
chr16:31476392-31476451	hs 16p11.2
chr7:117351142-117351083	hs 7q31.2

chr16:8889594-8889535	hs 16p13.2
chr9:33441824-33441765	hs 9p13.3
chr20:31571645-31571586	hs 20q11.21
chr11:85989629-85989688	hs 11q14.2
chr6:42587953-42588012	hs 6p21.1
chr1:109607271-109607212	hs 1p13.3
chr11:2949755-2949696	hs 11p15.4
chr1:203832818-203834192	hs 1q32.1
chr1:36180163-36180104	hs 1p34.3
chr21:20502949-20503008	hs 21q21.1
chr2:38522256-38522197	hs 2p22.2
chr11:70229626-70229685	hs 11q13.3
chr19:44127584-44127525	hs 19q13.31
chr12:19803355-19804310	hs 12p12.3
chr7:151921249-151921190	hs 7q36.1
chr9:35733444-35735126	hs 9p13.3
chr11:77854072-77854131	hs 11q14.1
chr22:18343047-18342988	hs 22q11.21
chr17:6978326-6978267	hs 17p13.1
chr16:88815861-88815802	hs 16q24.3
chr16:88763431-88763372	hs 16q24.3
chr19:12841855-12841796	hs 19p13.2
chr5:156904534-156904475	hs 5q33.3
chr1:54511218-54511159	hs 1p32.3
chr3:52847378-52847319	hs 3p21.1
chr16:10863148-10863207	hs 16p13.13
chr5:96498802-96498743	hs 5q15
chrX:3849132-3849073	hs Xp22.33
chr6:29694594-29694535	hs 6p22.1
chrX:100702613-100702672	hs Xq22.1
chr6:37452608-37451029	hs 6p21.2
chr15:28467333-28467274	hs 15q13.1
chr6:149783073-149783014	hs 6q25.1
chr2:179296179-179296141	hs 2q31.2
chr17:73823642-73823583	hs 17q25.1
chr11:69468233-69468292	hs 11q13.3
chr7:102993259-102993200	hs 7q22.1
chr1:110773983-110774042	hs 1p13.3
ce [BU190374]	
chr1:050792068-050792127	hs 1p32.3
chr22:031552562-031552503	hs 22q12.2
chr2:202902930-202902989	hs 2q33.1
chr1:150240127-150239831	hs 1q21.2
chr2:99388314-99388255	hs 2q11.2

chr1:180922784-180922843	hs 1q25.3
chr7:32663022-32660675	hs 7p14.3
chr2:220049123-220049182	hs 2q35
chrX:69507134-69506916	hs Xq13.1
chr9:19053295-19053236	hs 9p22.1
chr16:2013159-2012861	hs 16p13.3
chr1:158580696-158580637	hs 1q23.1
chr3:068194525-068194584	hs 3p14.1
chr6:132420299-132420358	hs 6q23.2
chr15:100345047-100341363	hs 15q26.3
chr7:143884665-143884606	hs 7q35
chr10:051532161-051532102	hs 10q11.23
chr19:44830983-44830924	hs 19q13.31
chr16:742597-742538	hs 16p13.3
chr2:102083332-102083273	hs 2q11.2
chrX:23414819-23414878	hs Xp22.11
chr15:23262470-23262529	hs 15q11.2
chr4:145031122-145031063	hs 4q31.21
chr11:076493343-076493284	hs 11q13.5
chrX:119127640-119127699	hs Xq24
chr2:27589964-27589768	hs 2p23.3
chr16:89262615-89262556	hs 16q24.3
chr1:35331097-35331038	hs 1p34.3
chr22:50964244-50964185	hs 22q13.33
chr1:40211127-40214590	hs 1p34.2
chr15:44958077-44958018	hs 15q21.1
chr12:116796795-116796736	hs 12q24.21
chr4:186321293-186321352	hs 4q35.1
chr6:33271970-33271911	hs 6p21.32
chr8:38001237-38001178	hs 8p11.23
chrX:84532885-84532826	hs Xq21.1
chr4:170315411-170315352	hs 4q33
chr15:44819366-44819425	hs 15q21.1
chr2:045875944-045875885	hs 2p21
chr3:141011914-141011973	hs 3q23
chr2:88485541-88485600	hs 2p11.2
chr21:26758626-26758567	hs 21q21.2
chr1:109513392-109513333	hs 1p13.3
chr19:35802858-35802917	hs 19q13.12
chr6:68707999-68708058	hs 6q12
chr17:59668045-59667986	hs 17q23.2
chr12:120636676-120636503	hs 12q24.23
chr13:113832042-113831983	hs 13q34
chr6:27792176-27792235	hs 6p22.1

chr2:165541428-165541369	hs 2q24.3
chr11:880926-880867	hs 11p15.5
chr4:17845497-17845438	hs 4p15.31
chr3:197746234-197748353	hs 3q29
chr20:35944998-35945057	hs 20q11.23
chr21:28209768-28209709	hs 21q21.3
chr15:43620314-43620255	hs 15q15.3
chr4:41746383-41746324	hs 4p13
chr16:030309263-030309322	hs 16p11.2
chr1:171672343-171672284	hs 1q24.3
chr16:54957531-54954215	hs 16q12.2
chr10:5693260-5693201	hs 10p15.1
chr3:160787632-160787691	hs 3q26.1
chr19:019002848-019002907	hs 19p13.11
chr14:69557831-69557772	hs 14q24.1
chr7:16818689-16823048	hs 7p21.1
chr19:36037903-36038051	hs 19q13.12
chr2:038830256-038830315	hs 2p22.1
chr19:3765301-3767289	hs 19p13.3
chrX:47429320-47429379	hs Xp11.23
chr6:133318782-133318723	hs 6q23.2
chr8:32902019-32902078	hs 8p12
chr15:89055857-89055798	hs 15q25.3
chr7:23350828-23350769	hs 7p15.3
chr8:97346598-97346657	hs 8q22.1
chr2:111995469-111995410	hs 2q13
chr1:35904770-35904711	hs 1p34.3
chr3:37100322-37096639	hs 3p22.2
chr10:46250458-46250517	hs 10q11.22
chr18:9255735-9255794	hs 18p11.22
chr11:111327269-111327328	hs 11q23.1
chr5:177989089-177989030	hs 5q35.3
chr6:33281029-33273141	hs 6p21.32
chr13:24334295-24334236	hs 13q12.12
chr11:62931390-62931331	hs 11q12.3
chr7:100030741-100030925	hs 7q22.1
chr14:36340379-36340438	hs 14q13.2
chr19:50188248-50189362	hs 19q13.33
chr17:76968107-76968048	hs 17q25.3
chr12:111375189-111375248	hs 12q24.11
chr7:144737677-144737618	hs 7q35
chr16:88744481-88744422	hs 16q24.3
chr10:30869052-30869111	hs 10p11.23
chr16:84376878-84376937	hs 16q24.1

chr4:174253072-174253013	hs 4q34.1
chr6:2887621-2887562	hs 6p25.2
chr5:68473872-68473931	hs 5q13.2
chr15:41059510-41059569	hs 15q15.1
chr6:3154094-3154035	hs 6p25.2
chr7:142989731-142989790	hs 7q34
chr20:49577728-49577787	hs 20q13.13
chrX:073436828-073436887	hs Xq13.2
chr1:182852753-182853789	hs 1q25.3
chr10:89726025-89726084	hs 10q23.31
chr15:91203793-91203852	hs 15q26.1
chr2:176791499-176791440	hs 2q31.1
chr10:81587096-81588191	hs 10q22.3
chr3:038556995-038556936	hs 3p22.2
chr17:46620186-46620127	hs 17q21.32
chrX:62855397-62855338	hs Xq11.1
chr2:30482471-30482530	hs 2p23.1
chr17:053038625-053038567	hs 17q22
chr12:1020048-1020107	hs 12p13.33
chr17:16068436-16068377	hs 17p11.2
chr12:55828616-55828557	hs 12q13.2
chr14:101396267-101396326	hs 14q32.2
chr4:8514278-8514337	hs 4p16.1
chr16:68009640-68009581	hs 16q22.1
chr21:44748637-44748578	hs 21q22.3
chr10:14566848-14566789	hs 10p13
chr16:003546255-003546314	hs 16p13.3
chr1:93298184-93298125	hs 1p22.1
chr17:16664934-16664993	hs 17p11.2
chrX:56758631-56843810	hs Xp11.21
chr14:63841631-63841572	hs 14q23.2
chr14:104670847-104670906	hs 14q32.33
chr4:25371551-25371610	hs 4p15.2
chr1:111662564-111662505	hs 1p13.3
chr10:102746907-102746848	hs 10q24.31
chr19:33078221-33078280	hs 19q13.11
chr2:131438196-131438255	hs 2q21.1
chr12:76748399-76748340	hs 12q21.2
chr11:118432021-118432080	hs 11q23.3
chr10:127445429-127445488	hs 10q26.13
chr1:150531141-150531200	hs 1q21.3
chr20:46749869-46749810	hs 20q13.13
chrX:62567175-62567116	hs Xq11.1
chr4:24810029-24809970	hs 4p15.2

chr4:90761549-90761608	hs 4q22.1
chr1:230417262-230417321	hs 1q42.13
chr6:114160582-114160641	hs 6q21
chr1:6327110-6327169	hs 1p36.31
chr9:45352206-45352147	hs 9p11.2
chr5:140905927-140905868	hs 5q31.3
chr22:24386028-24385969	hs 22q11.23
chr7:66018872-66018813	hs 7q11.21
chr14:23825809-23825750	hs 14q11.2
chr2:230877565-230877624	hs 2q36.3
chr17:73258756-73258930	hs 17q25.1
chr17:78109220-78109161	hs 17q25.3
chr22:42474754-42474813	hs 22q13.2
chr12:110890465-110890406	hs 12q24.11
chr11:644441-644382	hs 11p15.5
chr15:81654271-81654330	hs 15q25.1
chr3:49761787-49761728	hs 3p21.31
chr3:37092163-37092222	hs 3p22.2
chr3:45590070-45590129	hs 3p21.31
chr10:102986818-102986759	hs 10q24.31
chrX:41379584-41379525	hs Xp11.4
chr2:24222677-24222736	hs 2p23.3
chr1:202915627-202915568	hs 1q32.1
chr14:101589820-101589879	hs 14q32.31
chr19:045737511-045737452	hs 19q13.32
chr1:226419007-226418948	hs 1q42.12
chr1:84963143-84963202	hs 1p22.3
chr7:045836596-045836655	hs 7p12.3
chr1:165788611-165788670	hs 1q24.1
chr3:195250527-195245961	hs 3q29
chr17:43220926-43220985	hs 17q21.31
chr12:6973900-6973959	hs 12p13.31
chr3:47033407-47035456	hs 3p21.31
chr6:159181680-159181739	hs 6q25.3
chr1:39951624-39951683	hs 1p34.3
chr5:78617809-78617868	hs 5q14.1
chr20:60550411-60550352	hs 20q13.33
chr8:12037170-12037229	hs 8p23.1
chr11:130079815-130079874	hs 11q24.3
chr2:107313752-107313693	hs 2q12.2
chr9:140099598-140099539	hs 9q34.3
chrX:37315899-37315958	hs Xp21.1
chr5:37294554-37294495	hs 5p13.2
chr3:152182837-152182896	hs 3q25.2

chr9:92086591-92086532	hs 9q22.2
chr1:173978464-173978405	hs 1q25.1
chr7:75544784-75544843	hs 7q11.23
chrX:100262272-100262331	hs Xq22.1
chr2:037899733-037899792	hs 2p22.2
chr22:17128531-17128590	hs 22q11.1
chr11:107643195-107643254	hs 11q22.3
chr15:41271933-41271874	hs 15q15.1
chr21:46058134-46058193	hs 21q22.3
chr14:23816808-23816749	hs 14q11.2
chr9:101370186-101370247	hs 9q22.33
chr7:121081198-121081139	hs 7q31.31
chr2:15942159-15942100	hs 2p24.3
chr15:75193321-75193262	hs 15q24.1
chr15:074200658-074200599	hs 15q24.1
chr9:132396425-132396484	hs 9q34.11
chr20:57568709-57568768	hs 20q13.32
chr14:24737604-24737375	hs 14q12
chr17:72742734-72742793	hs 17q25.1
chr20:57394161-57394102	hs 20q13.32
chr14:101402717-101402776	hs 14q32.31
chr8:39785529-39785588	hs 8p11.21
chr18:74528124-74528065	hs 18q23
chr10:112540744-112540803	hs 10q25.2
chr2:202566045-202565986	hs 2q33.1
chr16:11478851-11478792	hs 16p13.13
chr14:39304815-39304756	hs 14q21.1
chr1:198288674-198288733	hs 1q31.3
chr5:138266534-138266593	hs 5q31.2
chr11:67218961-67218902	hs 11q13.2
chrX:38008772-38008713	hs Xp11.4
chr17:36345822-36345763	hs 17q12
chr2:3502720-3502661	hs 2p25.3
chr6:72126202-72126143	hs 6q13
chr20:30607145-30607204	hs 20q11.21
chr19:42364865-42365189	hs 19q13.2
chr1:38002882-38002823	hs 1p34.3
chr14:51204925-51204866	hs 14q22.1
chr1:41236715-41236774	hs 1p34.2
chr6:126669623-126669682	hs 6q22.32
chr12:042984638-042984579	hs 12q12
chr6:34385296-34385237	hs 6p21.31
chr19:18888231-18888290	hs 19p13.11
chr4:143768284-143768343	hs 4q31.21

chr10:135045003-135045062	hs 10q26.3
chr6:43148285-43148344	hs 6p21.1
chr19:37234678-37234619	hs 19q13.12
chr9:71160428-71158472	hs 9q21.11
chr16:1840514-1840455	hs 16p13.3
chr21:9921687-9921628	hs 21p11.2
chr3:128719910-128719477	hs 3q21.3
chr5:128364106-128365299	hs 5q23.3
chr7:55812467-55812408	hs 7p11.2
chr2:8861406-8861347	hs 2p25.1
chr15:078285247-078285306	hs 15q24.3
chr13:044404272-044404331	hs 13q14.11
chr10:105063057-105062998	hs 10q24.33
chrX:70357469-70357618	hs Xq13.1
chr14:92506805-92506864	hs 14q32.12
chr11:88158173-88158232	hs 11q14.2
chr15:32815366-32815307	hs 15q13.3
chr19:50170290-50170349	hs 19q13.33
chr14:102029474-102029533	hs 14q32.31
chr5:240531-240590	hs 5p15.33
chr1:11908277-11908218	hs 1p36.22
chr2:191069801-191069742	hs 2q32.2
chr4:146048917-146048976	hs 4q31.21
chr9:014069158-014069217	hs 9p23
chr16:19868558-19868617	hs 16p12.3
chr2:20792252-20792193	hs 2p24.1
chr14:76548991-76549584	hs 14q24.3
chr6:151206858-151209024	hs 6q25.1
chr16:67323452-67323393	hs 16q22.1
chr12:42604410-42604351	hs 12q12
chr6:14448958-14448899	hs 6p23
chr5:68651567-68651508	hs 5q13.2
chr9:116613134-116613075	hs 9q32
chr17:46784473-46784532	hs 17q21.32
chr1:156280437-156280378	hs 1q22
chr19:17169471-17169412	hs 19p13.11
chrX:51643374-51644689	hs Xp11.22
chr22:44888791-44888732	hs 22q13.31
chr6:33258190-33258514	hs 6p21.32
chr14:105476786-105476727	hs 14q32.33
chrX:30712566-30712625	hs Xp21.2
chr17:73102149-73102208	hs 17q25.1
chr4:129784662-129784721	hs 4q28.2
chr3:195506369-195506310	hs 3q29

chr9:140083706-140084306	hs 9q34.3
chr17:80279241-80279182	hs 17q25.3
chr8:144735841-144735900	hs 8q24.3
chr8:012427883-012427824	hs 8p23.1
chr9:129268446-129268505	hs 9q33.3
chr7:104753597-104753656	hs 7q22.3
chr9:117121825-117121766	hs 9q32
chr8:133837383-133837442	hs 8q24.22
chr8:41542202-41542143	hs 8p11.21
chrX:107940580-107940639	hs Xq22.3
chrX:102788564-102788505	hs Xq22.2
chr4:6677408-6677467	hs 4p16.1
chr1:54651886-54651827	hs 1p32.3
chr5:107714722-107714663	hs 5q21.3
chr5:179289828-179289769	hs 5q35.3
chr19:53342568-53342509	hs 19q13.41
chr19:007441527-007441585	hs 19p13.2
chr15:65550972-65550913	hs 15q22.31
chr6:130462056-130462115	hs 6q23.1
chr1:178443038-178443097	hs 1q25.2
chr1:248486991-248486932	hs 1q44
chrX:107332042-107331983	hs Xq22.3
chr4:109578716-109578775	hs 4q25
chr9:40772009-40771950	hs 9p13.1
chr7:139796415-139796356	hs 7q34
chr19:40721403-40721462	hs 19q13.2
chr11:118454003-118454062	hs 11q23.3
chr1:55251801-55251742	hs 1p32.3
chr6:36683375-36683434	hs 6p21.2
chr4:141543418-141543359	hs 4q31.21
chrX:56843930-56843989	hs Xp11.21
chr6:3022699-3022640	hs 6p25.2
chr12:105760440-105761274	hs 12q23.3
chr6:10751451-10755417	hs 6p24.2
chr1:13368919-13368978	hs 1p36.21
chrX:106893427-106893487	hs Xq22.3
chr8:96085368-96085309	hs 8q22.1
chr11:66306938-66306879	hs 11q13.2
chr1:236343208-236343267	hs 1q42.3
chr3:122473876-122473817	hs 3q21.1
chr16:2227991-2228050	hs 16p13.3
chr6:84618749-84618808	hs 6q14.2
chr15:65871517-65871458	hs 15q22.31
chr4:152024067-152024126	hs 4q31.3

chr9:42468064-42468123	hs 9p12
chr1:169659870-169659811	hs 1q24.2
chr6:149700594-149700653	hs 6q25.1
chr19:44417365-44417306	hs 19q13.31
chr20:29614452-29614511	hs 20q11.21
chr2:39996103-39996044	hs 2p22.1
chr4:774895-774836	hs 4p16.3
chr11:71290819-71290760	hs 11q13.4
chr14:65412615-65412556	hs 14q23.3
chr5:56209808-56210738	hs 5q11.2
chr5:43667061-43667002	hs 5p12
chr8:98864581-98864640	hs 8q22.1
chr22:22707581-22707640	hs 22q11.22
chr15:99507366-99507425	hs 15q26.3
chr20:35879548-35879489	hs 20q11.23
chr17:037308291-037308350	hs 17q12
chr1:117568132-117568191	hs 1p13.1
chr13:96443238-96443297	hs 13q32.1
chr20:44563229-44563170	hs 20q13.12
chrUn_gl000235:000001907-000001848	
chrX:114884316-114884375	hs Xq23
chr12:54396612-54396671	hs 12q13.13
chr12:12871119-12871178	hs 12p13.1
chr14:64065387-64065328	hs 14q23.2
chr8:107719530-107719589	hs 8q23.1
chr19:617098-617157	hs 19p13.3
chr10:88719878-88722412	hs 10q23.2
chrX:077082173-077082232	hs Xq21.1
chr8:74204068-74204009	hs 8q21.11
chr3:9291439-9291498	hs 3p25.3
chr1:44462221-44462162	hs 1p34.1
chr3:52557683-52557742	hs 3p21.1
chr1:91248735-91248676	hs 1p22.2
chr2:213870837-213870778	hs 2q34
chr16:30410539-30410598	hs 16p11.2
chr17:45916046-45915987	hs 17q21.32
chr3:175392429-175392370	hs 3q26.31
chr2:85776450-85776391	hs 2p11.2
chr20:55933555-55933496	hs 20q13.31
chr4:83275239-83275180	hs 4q21.22
chr18:3896996-3897055	hs 18p11.31
chr4:95220773-95220714	hs 4q22.3
chr5:176023009-176022950	hs 5q35.2

chrX:117032474-117032415	hs Xq24
chr2:27873264-27873323	hs 2p23.3
chr7:64533564-64533505	hs 7q11.21
chr4:175451293-175451352	hs 4q34.1
chr19:8586183-8586124	hs 19p13.2
chr2:231555014-231554955	hs 2q37.1
chr3:195514839-195514780	hs 3q29
chr11:14892291-14892350	hs 11p15.2
chr9:45447622-45447681	hs 9p11.2
chr20:5918821-5918762	hs 20p12.3
chr10:24834162-24834221	hs 10p12.1
chr12:9848686-9848746	hs 12p13.31
chr13:95280961-95281020	hs 13q32.1
chr3:6599336-6599395	hs 3p26.1
chr6:30509291-30509232	hs 6p21.33
chr1:2239373-2239432	hs 1p36.33
chr7:72498539-72498480	hs 7q11.23
chr5:16662078-16662019	hs 5p15.1
chr17:17397846-17397787	hs 17p11.2

chr2:25381946-25382004	hs 2p23.3
chr2:217385438-217385497	hs 2q35
chr6:109802280-109802221	hs 6q21
chr14:102678860-102678919	hs 14q32.31
chr19:54710186-54710245	hs 19q13.42
chr17:7757327-7757386	hs 17p13.1
chr8:142264459-142264400	hs 8q24.3
chr19:035357872-035357931	hs 19q13.11
chr22:40078606-40078665	hs 22q13.1
chr19:22697271-22697212	hs 19p12
chr1:161496158-161496217	hs 1q23.3
chr7:155567916-155567975	hs 7q36.3
chr3:58389602-58394674	hs 3p14.3
chr1:150531065-150531124	hs 1q21.3
chr17:26674388-26674329	hs 17q11.2
chr9:213194-213135	hs 9p24.3
chr7:92190661-92190602	hs 7q21.2
chr11:111753899-111754526	hs 11q23.1
chrX:48763731-48763672	hs Xp11.23
chr11:111934439-111934498	hs 11q23.1
chr1:110201628-110201686	hs 1p13.3
chr1:198725541-198725600	hs 1q32.1
chr1:1683470-1683411	hs 1p36.33
chr19:53085632-53085691	hs 19q13.41

chr12:65860358-65860417	hs 12q14.3
chr1:229916350-229916291	hs 1q42.13
chr9:88642401-88642342	hs 9q21.33
chr19:46969838-46969779	hs 19q13.32
chr7:156264874-156264815	hs 7q36.3
chr10:028966479-028966420	hs 10p12.1
chr9:95227261-95227202	hs 9q22.31
chr16:31723382-31723441	hs 16p11.2
chr1:43200754-43200695	hs 1p34.2
chr8:23290353-23290294	hs 8p21.3
chr1:161041555-161041496	hs 1q23.3
chr6:33219398-33219339	hs 6p21.32
chr8:37603609-37603668	hs 8p11.23
chr12:133345737-133345678	hs 12q24.33
chr12:8207493-8207552	hs 12p13.31
chr11:31832991-31832932	hs 11p13
chr5:138747474-138747415	hs 5q31.2
chr6:73984666-73984607	hs 6q13
chr1:55315569-55315510	hs 1p32.3
chr12:54925973-54926032	hs 12q13.2
chr8:30537028-30536969	hs 8p12
chr10:74767142-74767083	hs 10q22.1
chr6:74228739-74228680	hs 6q13
chr2:218725-218666	hs 2p25.3
chr2:220415523-220415464	hs 2q35
chr19:58852743-58852802	hs 19q13.43
chr15:085923989-085923930	hs 15q25.3
chr17:43101362-43101303	hs 17q21.31
chr3:98701685-98701744	hs 3q12.1
chr10:100213477-100213536	hs 10q24.2
chr2:170672009-170668981	hs 2q31.1
chr7:81374408-81374349	hs 7q21.11
chr3:114057749-114057690	hs 3q13.31
chr1:71110725-71110666	hs 1p31.1
chr7:014522742-014522801	hs 7p21.2
chr6:31604067-31604126	hs 6p21.33
chr10:102767095-102767154	hs 10q24.31
chr1:854237-853469	hs 1p36.33
chr20:54979011-54979070	hs 20q13.2
chr3:158409282-158409341	hs 3q25.32
chr17:28575739-28575680	hs 17q11.2
chr1:203839075-203839134	hs 1q32.1
chr2:103433819-103433878	hs 2q12.1
chr1:089886811-089886870	hs 1p22.2

chr7:45767918-45767859	hs 7p12.3
chr22:24177425-24177366	hs 22q11.23
chr11:063400095-063400154	hs 11q13.1
chr14:73741117-73741176	hs 14q24.2
chr15:83807307-83807248	hs 15q25.2
chr12:079187482-079187421	hs 12q21.2
chr15:100942805-100942746	hs 15q26.3
chr12:57923572-57923631	hs 12q13.3
chr5:096672618-096672561	hs 5q15
chr2:135214230-135214171	hs 2q21.3
chr1:16384334-16384275	hs 1p36.13
chr19:51835883-51835824	hs 19q13.41
chr19:53087417-53087476	hs 19q13.41
chr19:18423452-18420651	hs 19p13.11
chr2:73479769-73479828	hs 2p13.2
chr3:28378290-28378231	hs 3p24.1
chr15:089061422-089061481	hs 15q25.3
chr8:30593779-30593720	hs 8p12
chr19:54705133-54705397	hs 19q13.42
chr2:184026315-184026374	hs 2q32.1
chr5:61684607-61684548	hs 5q12.1
chr19:54865294-54865235	hs 19q13.42
chr15:101414136-101414195	hs 15q26.3