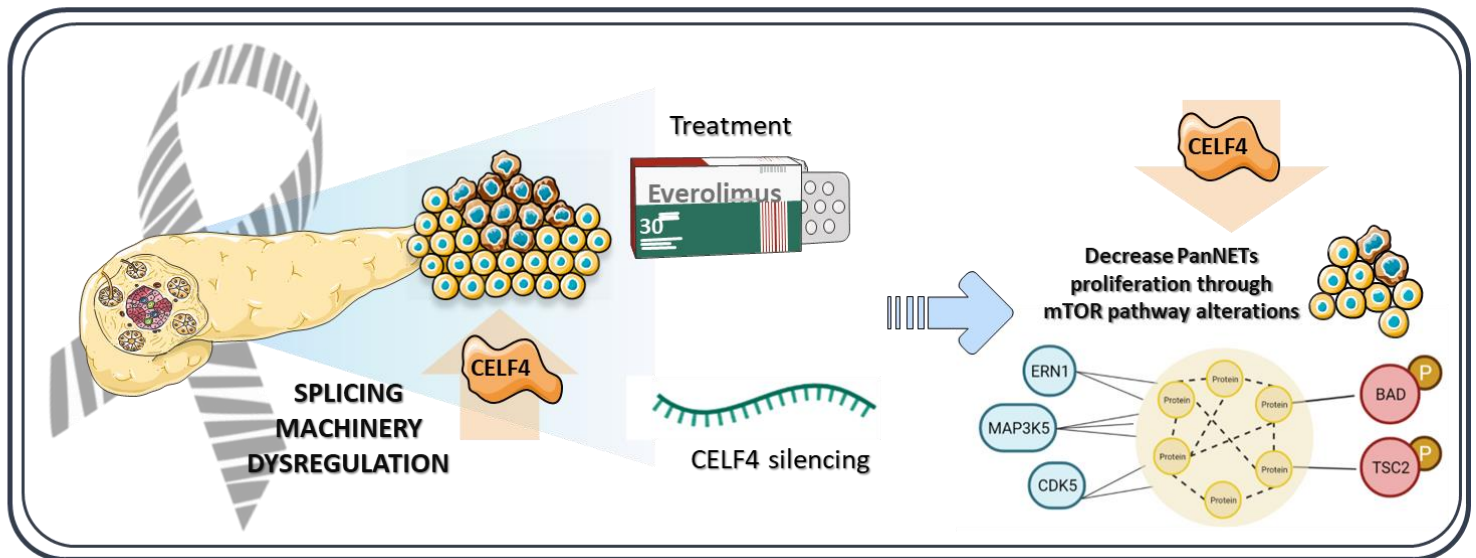


Graphical Abstract



The process of RNA maturation, alternative splicing, is altered in pancreatic neuroendocrine tumors (PanNETs). The splicing factor CELF4 is upregulated in human PanNETs where it enhances tumor aggressiveness in model cell lines in vivo and in vitro. Moreover, modulation of CELF4 expression markedly alters mTOR pathway components and influences the response to everolimus.

Supplemental Table 1. Summary of clinical parameters of PanNETs patients.

Number of samples	20
Age (mean; years)	55 ± 14
Body Mass Index	28.00 ± 3.48 kg/m ²
Gender (female)	57.1 %
Gender (male)	42.9 %
Smoking	68.8 %
Family history of neoplasia	12.5 %
Comorbidities	83.3 %

Supplemental Table 2. Specific primers for human transcripts used in this study.

	Sense Primer Sequence	Antisense Primer Sequence
<i>ACTB</i>	ACTCTTCCAGCCTTCCTTCCT	CAGTGATCTCCTTCTGCATCCT
<i>GAPDH</i>	AATCCCATCACCATCTTCCA	AAATGAGCCCCAGCCTTC
<i>HPRT1</i>	CTGAGGATTTGGAAAGGGTGT	TAATCCAGCAGGTCAGCAAAG
<i>CELF4</i>	CCCCAGCAGCAGAGAGAA	GAAGCCGAAAGGGAGGAA

Supplemental Table 3. Genes differentially expressed accordingly to high and low CELF4 expression groups of samples.

Ensemble ID	Gene	Fold Change	q-value
ENSG00000096006	CRISP3	-10,3216	8,88E-11
ENSG00000204071	TCEAL6	4,8767	1,88E-09
ENSG00000162782	TDRD5	6,3719	3,89E-09
ENSG00000101489	CELF4	2,2406	5,37E-08
ENSG00000137673	MMP7	-9,4742	5,75E-08
ENSG00000121853	GHSR	9,5267	2,01E-07
ENSG00000177551	NHLH2	7,7089	3,53E-07
ENSG00000125931	CITED1	4,2772	4,16E-07
ENSG00000105509	HAS1	-4,8445	5,47E-07
ENSG00000223770	CACNA2D1-AS1	6,5724	5,47E-07
ENSG00000198739	LRRTM3	6,8189	5,47E-07
ENSG00000196361	ELAVL3	5,3349	1,90E-06
ENSG00000132693	CRP	-9,9749	3,12E-06
ENSG00000164825	DEFB1	-8,7371	4,25E-06
ENSG00000164690	SHH	-6,4918	2,47E-05
ENSG00000007306	CEACAM7	-8,4331	2,65E-05
ENSG00000170827	CELP	7,5848	3,09E-05
ENSG00000162896	PIGR	-8,0802	3,44E-05
ENSG00000172568	FNDC9	7,1742	4,51E-05
ENSG00000099337	KCNK6	-1,9022	5,51E-05
ENSG00000172548	NIPAL4	6,5633	5,51E-05
ENSG00000204642	HLA-F	7,0029	5,75E-05
ENSG00000124216	SNAI1	-2,8360	6,22E-05
ENSG00000183638	RP1L1	4,0980	6,89E-05
ENSG00000131910	NR0B2	5,7413	8,18E-05
ENSG00000102837	OLFM4	-7,3960	0,0001004
ENSG00000128285	MCHR1	3,0197	0,0001275
ENSG00000152969	JAKMIP1	3,3468	0,0001591
ENSG00000181143	MUC16	-7,4561	0,0001608
ENSG00000197251	LINC00336	4,8803	0,0001624
ENSG00000211677	IGLC2	-6,3827	0,000166
ENSG00000230795	HLA-K	7,9412	0,000166
ENSG00000128342	LIF	-4,6062	0,0001786
ENSG00000254585	MAGEL2	5,6652	0,0001857
ENSG00000117983	MUC5B	-6,9898	0,0002114
ENSG00000187479	C11orf96	-2,4220	0,0002316
ENSG00000180861	LINC01559	-7,5254	0,0002321
ENSG00000005108	THSD7A	2,1201	0,0002461
ENSG00000083067	TRPM3	4,5033	0,0002657
ENSG00000164220	F2RL2	-3,8613	0,0003285

ENSG00000260265	LINC02562	8,4724	0,0003285
ENSG00000011677	GABRA3	5,9513	0,000615
ENSG00000154764	WNT7A	-8,1436	0,0006244
ENSG00000248596	AC139491.2	4,8124	0,0006283
ENSG00000135917	SLC19A3	-3,9443	0,0007639
ENSG00000234965	SHISA8	-7,9759	0,0008876
ENSG00000148346	LCN2	-5,7501	0,0008876
ENSG00000253666	AP000424.1	4,7210	0,0008876
ENSG00000120149	MSX2	-2,7502	0,0009477
ENSG00000163630	SYNPR	6,0585	0,0009477
ENSG00000259223	AC009654.1	4,6312	0,0009714
ENSG00000173406	DAB1	3,3396	0,0010834
ENSG00000185686	PRAME	-8,1063	0,0011101
ENSG00000070808	CAMK2A	4,7064	0,0011101
ENSG00000183379	SYNDIG1L	4,8295	0,0011704
ENSG00000145428	RNF175	2,2610	0,0013314
ENSG00000005421	PON1	5,0579	0,0013541
ENSG00000147255	IGSF1	5,5057	0,0013541
ENSG00000112164	GLP1R	4,1285	0,0014186
ENSG00000237686	AL109615.3	3,0881	0,0014228
ENSG00000136244	IL6	-4,8567	0,0015182
ENSG00000256321	AC087235.2	6,1013	0,0015182
ENSG00000165376	CLDN2	-5,8518	0,0015327
ENSG00000171236	LRG1	-3,6490	0,0016169
ENSG00000053524	MCF2L2	2,0379	0,0016169
ENSG00000123342	MMP19	-2,9414	0,0016242
ENSG00000253537	PCDHGA7	-2,1922	0,0016242
ENSG00000102468	HTR2A	5,3062	0,0017708
ENSG00000124227	ANKRD60	7,0290	0,0017708
ENSG00000135144	DTX1	3,4904	0,0018284
ENSG00000137463	MGARP	2,1253	0,001862
ENSG00000146411	SLC2A12	4,1282	0,001862
ENSG00000269256	AC024603.1	5,3623	0,0022042
ENSG00000188580	NKAIN2	4,1342	0,002291
ENSG00000015413	DPEP1	-5,1365	0,0026042
ENSG00000140285	FGF7	-3,5429	0,0026253
ENSG00000261241	LINC02128	8,7911	0,0027713
ENSG00000241158	ADAMTS9-AS1	-3,5667	0,0031034
ENSG00000145888	GLRA1	3,4654	0,0031869
ENSG00000173432	SAA1	-6,6250	0,0032628
ENSG00000108342	CSF3	-4,9764	0,0032974
ENSG00000255406	LINC02730	7,9675	0,0033081
ENSG00000272068	AL365181.2	-5,9851	0,0033084
ENSG00000175352	NRIP3	2,8786	0,003705
ENSG00000155511	GRIA1	4,5065	0,003705
ENSG00000178038	ALS2CL	-2,1606	0,0037952

ENSG00000163519	TRAT1	-2,8819	0,0038295
ENSG00000137766	UNC13C	6,6657	0,0040817
ENSG00000081041	CXCL2	-3,0947	0,0043758
ENSG00000227141	AL160286.1	3,0190	0,0043758
ENSG00000100593	ISM2	3,3190	0,0044932
ENSG00000105388	CEACAM5	-4,9169	0,0045807
ENSG00000001626	CFTR	-4,7880	0,0045807
ENSG00000188257	PLA2G2A	-4,5645	0,0045807
ENSG00000013588	GPRC5A	-3,7894	0,0045807
ENSG00000151490	PTPRO	4,2138	0,0045807
ENSG00000204241	LINC02731	4,4960	0,0045807
ENSG00000158639	PAGE5	7,2916	0,0045807
ENSG00000257048	LINC02417	3,4425	0,0050397
ENSG00000165553	NGB	4,1576	0,0050397
ENSG00000201920	RNA5SP442	4,5468	0,0050397
ENSG00000188263	IL17REL	-5,2530	0,0051949
ENSG00000125735	TNFSF14	-2,9258	0,0051949
ENSG00000249896	LINC02495	3,3519	0,0053562
ENSG00000204060	FOXO6	3,2266	0,0061281
ENSG00000116774	OLFML3	-3,4339	0,0062924
ENSG00000253755	IGHGP	-4,5406	0,0063578
ENSG00000133401	PDZD2	2,8266	0,0064806
ENSG00000164920	OSR2	-3,6517	0,0066019
ENSG00000270605	AL353622.1	2,6358	0,0067092
ENSG00000143196	DPT	-4,2476	0,0071821
ENSG00000214922	HLA-F-AS1	7,3733	0,0072802
ENSG00000163600	ICOS	-3,2719	0,0075298
ENSG00000115009	CCL20	-4,4584	0,007609
ENSG00000185038	MROH2A	-5,5834	0,0076212
ENSG00000255026	AC136475.3	-3,0381	0,0076681
ENSG00000265356	AC004147.4	5,9461	0,0077676
ENSG00000269404	SPIB	-4,4419	0,0078782
ENSG00000162877	PM20D1	3,2498	0,007881
ENSG00000186832	KRT16	-6,5705	0,0081247
ENSG00000182329	KIAA2012	3,1061	0,0084715
ENSG00000116329	OPRD1	5,3673	0,0088877
ENSG00000166825	ANPEP	-2,2298	0,0089131
ENSG00000137648	TMPRSS4	-6,6893	0,0091469
ENSG00000206129	AC006305.1	-5,7204	0,0091469
ENSG00000272405	AL365181.3	-5,2567	0,0091469
ENSG00000148735	PLEKHS1	-5,0904	0,0091469
ENSG00000149968	MMP3	-5,0328	0,0091469
ENSG00000164530	PI16	-5,0235	0,0091469
ENSG00000271584	LINC02550	-4,0063	0,0091469
ENSG00000175592	FOSL1	-2,7862	0,0091469
ENSG00000012171	SEMA3B	-2,3525	0,0091469

ENSG00000109089	CDR2L	-1,6664	0,0091469
ENSG00000261996	AC004706.1	2,3436	0,0091469
ENSG00000231443	AC124944.1	2,8609	0,0091469
ENSG00000257986	LINC02306	5,8520	0,0091469
ENSG00000254607	AP001783.1	6,7696	0,0091469
ENSG00000157005	SST	7,2440	0,0093699
ENSG00000172461	FUT9	7,2467	0,0096157
ENSG00000090539	CHRD	-3,2044	0,0098696
ENSG00000160181	TFF2	-6,9287	0,0100918
ENSG00000188112	C6orf132	-3,2443	0,0101146
ENSG00000163362	INAVA	-5,5583	0,0105607
ENSG00000134398	ERN2	-6,4520	0,0105671
ENSG00000187583	PLEKHN1	-2,9438	0,0105671
ENSG00000147573	TRIM55	-7,3433	0,0108355
ENSG00000008394	MGST1	-3,3576	0,0108355
ENSG00000183775	KCTD16	2,4693	0,0108355
ENSG00000104783	KCNN4	-2,6571	0,0110001
ENSG00000073331	ALPK1	-2,0729	0,0110001
ENSG00000128422	KRT17	-5,2947	0,0111662
ENSG00000081138	CDH7	7,3271	0,011317
ENSG00000007908	SELE	-3,4886	0,0114333
ENSG00000103196	CRISPLD2	-1,9938	0,0114333
ENSG00000082293	COL19A1	4,6400	0,0114333
ENSG00000211664	IGLV2-18	-6,3462	0,0114602
ENSG00000262768	AC100791.2	-5,1664	0,0115185
ENSG00000165124	SVEP1	-3,2649	0,0115811
ENSG00000133067	LGR6	-3,2605	0,0116046
ENSG00000151650	VENTX	-2,2588	0,0116046
ENSG00000230533	AL356234.2	-5,2125	0,0121102
ENSG00000234756	LINC02621	5,6479	0,0121102
ENSG00000120889	TNFRSF10B	-1,5549	0,0122497
ENSG00000196611	MMP1	-5,4710	0,0123954
ENSG00000100196	KDEL3	-2,1423	0,0127228
ENSG00000177338	LINC00469	6,1166	0,0127431
ENSG00000228714	AL691420.1	6,0411	0,0130348
ENSG00000110848	CD69	-2,5892	0,013114
ENSG00000258498	DIO3OS	-4,0568	0,0131642
ENSG00000131037	EPS8L1	-2,6664	0,0132328
ENSG00000174171	AC020659.1	-2,7779	0,0136008
ENSG00000184557	SOCS3	-2,1367	0,0136008
ENSG00000256923	AC084819.1	4,0301	0,0136008
ENSG00000077616	NAALAD2	2,7853	0,0141649
ENSG00000251185	AC025244.1	6,3830	0,0145544
ENSG00000233429	HOTAIRM1	-1,7283	0,0146489
ENSG00000122584	NXPH1	-2,9716	0,0147994
ENSG00000272823	AL445423.1	-3,4589	0,0150555

ENSG00000146352	CLVS2	5,3818	0,0150555
ENSG00000163734	CXCL3	-3,0747	0,015382
ENSG00000142684	ZNF593	1,7894	0,015382
ENSG00000259353	AC090515.4	3,1190	0,015382
ENSG00000162951	LRRTM1	3,1405	0,015382
ENSG00000175206	NPPA	4,3930	0,015382
ENSG00000152208	GRID2	4,6561	0,015382
ENSG00000256310	NDUFA5P6	5,8697	0,015382
ENSG00000183813	CCR4	-3,4988	0,0155776
ENSG00000175946	KLHL38	-2,6479	0,0155776
ENSG00000172985	SH3RF3	-2,5634	0,0155776
ENSG00000244675	AC108676.1	2,4075	0,0155776
ENSG00000261060	AL160286.2	3,7560	0,0159916
ENSG00000170835	CEL	3,4583	0,0160925
ENSG00000205002	AARD	3,7491	0,0160925
ENSG00000148344	PTGES	-4,3812	0,0171231
ENSG00000185499	MUC1	-2,7887	0,0176556
ENSG00000164129	NPY5R	-3,8292	0,0177629
ENSG00000080007	DDX43	-3,3086	0,0177809
ENSG00000166793	YPEL4	3,2225	0,0178484
ENSG00000225431	LINC01671	-5,3920	0,0191081
ENSG00000100427	MLC1	-4,3542	0,0191081
ENSG00000226197	AL583785.1	-4,2384	0,0191081
ENSG00000167105	TMEM92	-3,3782	0,0191081
ENSG00000112964	GHR	1,9911	0,0191081
ENSG00000256574	OR13A1	2,7697	0,0191081
ENSG00000224215	AL606469.1	3,3033	0,0191081
ENSG00000234068	PAGE2	4,6172	0,0191081
ENSG00000117598	PLPPR5	5,3503	0,0191081
ENSG00000256612	CYP2B7P	3,2327	0,0191194
ENSG00000188517	COL25A1	4,0891	0,0191194
ENSG00000125657	TNFSF9	-2,6676	0,0192129
ENSG00000139292	LGR5	3,5322	0,019453
ENSG00000188959	C9orf152	-4,2265	0,0198817
ENSG00000124203	ZNF831	4,0092	0,0198817
ENSG00000117154	IGSF21	2,2377	0,019901
ENSG00000118733	OLFM3	5,2418	0,019901
ENSG00000267327	AC009271.1	-6,2778	0,0199043
ENSG00000101349	PAK5	1,9642	0,0199043
ENSG00000196878	LAMB3	-3,0415	0,0207774
ENSG00000235563	AL445183.2	-4,2911	0,0208472
ENSG00000064787	BCAS1	-4,1164	0,0208472
ENSG00000267651	AC015961.1	1,8927	0,0208472
ENSG00000198074	AKR1B10	-6,2054	0,0209207
ENSG00000186910	SERPINA11	-5,5975	0,0209207
ENSG00000225630	MTND2P28	-4,5015	0,0211547

ENSG00000146216	TTBK1	3,0002	0,0211547
ENSG00000211749	TRBV23-1	-5,4372	0,0215534
ENSG00000226435	ANKRD18DP	-2,9736	0,021979
ENSG00000267560	AC027514.2	1,6541	0,021979
ENSG00000186766	FOXI2	4,5602	0,021979
ENSG00000233608	TWIST2	-2,6528	0,0220369
ENSG00000118156	ZNF541	2,8758	0,0220369
ENSG00000259738	ZNF444P1	4,2895	0,0223471
ENSG00000203414	BTBD7P1	2,8004	0,0224532
ENSG00000159450	TCHH	-3,2206	0,0225462
ENSG00000270112	AC090241.2	4,8487	0,0225462
ENSG00000267209	LINC01897	7,2540	0,0225462
ENSG00000123843	C4BPB	-3,8903	0,0227906
ENSG00000197632	SERPINB2	-6,7272	0,0230235
ENSG00000189334	S100A14	-5,0953	0,0230235
ENSG00000144834	TAGLN3	4,3123	0,0230235
ENSG00000164500	SPATA48	6,2367	0,0230235
ENSG00000261997	AC007336.1	-1,9665	0,023939
ENSG00000163331	DAPL1	4,2211	0,0240037
ENSG00000224259	LINC01133	-4,5002	0,0245394
ENSG00000181092	ADIPOQ	-11,2042	0,025098
ENSG00000171916	LGALS9C	-5,7537	0,0252223
ENSG00000102359	SRPX2	-2,9269	0,0253034
ENSG00000157765	SLC34A2	-4,6218	0,0255086
ENSG00000254675	AP003032.1	6,4363	0,0262218
ENSG00000267127	AC090360.1	3,3886	0,0267254
ENSG00000125730	C3	-3,7892	0,0270886
ENSG00000167771	RCOR2	2,2475	0,0270886
ENSG00000075891	PAX2	-5,8161	0,0272996
ENSG00000236939	BAALC-AS2	3,4921	0,0272996
ENSG00000239542	RN7SL399P	3,5397	0,0272996
ENSG00000182586	LINC00334	2,9238	0,0273337
ENSG00000250771	AC106865.1	2,9983	0,0273337
ENSG00000150672	DLG2	1,9009	0,0276341
ENSG00000135116	HRK	3,4669	0,0276341
ENSG00000166866	MYO1A	-3,4679	0,0279718
ENSG00000233058	LINC00884	2,4023	0,0279718
ENSG00000155886	SLC24A2	3,2473	0,0279718
ENSG00000184956	MUC6	-5,7608	0,0280342
ENSG00000134258	VTCN1	-4,2433	0,0284655
ENSG00000248211	TRPC7-AS1	-2,1649	0,0284655
ENSG00000120729	MYOT	-5,2116	0,0289679
ENSG00000165606	DRGX	4,4693	0,0294139
ENSG00000188910	GJB3	-4,7654	0,0298219
ENSG00000172156	CCL11	-3,5683	0,0298665
ENSG00000266970	AC061992.2	-2,9482	0,0302304

ENSG00000107742	SPOCK2	1,8107	0,0302304
ENSG00000183091	NEB	2,7687	0,0312408
ENSG00000206073	SERPINB4	-6,2137	0,0313957
ENSG00000117525	F3	-1,8681	0,0314411
ENSG00000087245	MMP2	-2,8882	0,0317849
ENSG00000224739	AC016735.1	-5,4013	0,032192
ENSG00000076716	GPC4	-2,6367	0,0323708
ENSG00000163359	COL6A3	-2,2225	0,0323708
ENSG00000187134	AKR1C1	-2,1017	0,0323708
ENSG00000196187	TMEM63A	-1,6637	0,0323708
ENSG00000116035	VAX2	2,9924	0,0323708
ENSG00000152910	CNTNAP4	3,0980	0,0323708
ENSG00000186369	LINC00643	3,4421	0,0323708
ENSG00000121351	IAPP	5,6930	0,0323708
ENSG00000237574	LINC01856	3,1121	0,0323722
ENSG00000162383	SLC1A7	-2,7026	0,0324407
ENSG00000238062	SPATA3-AS1	-4,3113	0,0326235
ENSG00000176170	SPHK1	-1,5551	0,0326235
ENSG00000239819	IGKV1D-8	-5,2480	0,0328717
ENSG00000255162	AP004833.2	5,6364	0,0330445
ENSG00000198547	C20orf203	2,5926	0,0331555
ENSG00000236244	SLC35F3-AS1	-3,1290	0,0334916
ENSG00000170961	HAS2	-3,0715	0,0334916
ENSG00000124302	CHST8	4,2425	0,0334916
ENSG00000203995	ZYG11A	2,8075	0,0336536
ENSG00000228705	LINC00659	-6,0804	0,0337103
ENSG00000247774	PCED1B-AS1	-1,6750	0,0337738
ENSG00000149451	ADAM33	-3,5303	0,0342411
ENSG00000213355	CNN2P8	6,0699	0,0344118
ENSG00000185915	KLHL34	2,6034	0,0347614
ENSG00000164107	HAND2	-3,0672	0,0349936
ENSG00000087495	PHACTR3	3,7037	0,035476
ENSG00000052344	PRSS8	-5,2382	0,035879
ENSG00000137273	FOXF2	-2,2269	0,0359537
ENSG00000128283	CDC42EP1	-2,1942	0,0360392
ENSG00000197549	PRAMENP	5,9439	0,0363346
ENSG00000072182	ASIC4	3,5574	0,0370785
ENSG00000184811	TRARG1	-6,6364	0,0378412
ENSG00000175793	SFN	-3,4950	0,0384947
ENSG00000182326	C1S	-2,2177	0,0384947
ENSG00000011332	DPF1	1,8623	0,0384947
ENSG00000225637	AP001046.1	3,3804	0,0384947
ENSG00000233355	CHRM3-AS2	-2,7381	0,0395774
ENSG00000177234	LINC01561	-4,3050	0,039627
ENSG00000186191	BPIFB4	-4,4741	0,0400867
ENSG00000267142	AC092296.3	2,8306	0,0405271

ENSG00000249309	AC020703.1	3,5583	0,0405271
ENSG00000169330	MINAR1	3,3046	0,0405787
ENSG00000124107	SLPI	-4,4836	0,0414238
ENSG00000135960	EDAR	-3,8877	0,0417621
ENSG00000134830	C5AR2	-2,8839	0,0417621
ENSG00000148600	CDHR1	2,7494	0,0417621
ENSG00000230018	PPIAP39	-2,2699	0,0420515
ENSG00000137869	CYP19A1	-2,6093	0,0426914
ENSG00000173805	HAP1	3,4151	0,0426914
ENSG00000008226	DLEC1	4,1252	0,0426914
ENSG00000229442	THEMIS3P	4,8562	0,0426914
ENSG00000197406	DIO3	-3,9649	0,042746
ENSG00000070748	CHAT	-4,9611	0,0429599
ENSG00000138311	ZNF365	2,0713	0,0429599
ENSG00000167676	PLIN4	-4,0209	0,0434564
ENSG00000272463	AL357054.4	2,5016	0,0434564
ENSG00000232524	AC073323.1	4,3756	0,0434564
ENSG00000248174	LINC02268	-2,8550	0,0435045
ENSG00000016402	IL20RA	1,7837	0,0440944
ENSG00000253767	PCDHGA8	-3,1738	0,0448404
ENSG00000227910	AC092634.3	-1,6302	0,0448404
ENSG00000271662	AC233280.2	2,6480	0,0448404
ENSG00000267251	AC139100.1	2,7176	0,0448404
ENSG00000269779	AC010329.2	4,4234	0,0448404
ENSG00000197705	KLHL14	3,3688	0,045156
ENSG00000241635	UGT1A1	-5,9417	0,0452754
ENSG00000114638	UPK1B	-4,5999	0,0452754
ENSG00000132718	SYT11	2,2952	0,0452754
ENSG00000073067	CYP2W1	-4,0540	0,0453206
ENSG00000130635	COL5A1	-2,5905	0,0456173
ENSG00000077274	CAPN6	-3,1992	0,0457099
ENSG00000111199	TRPV4	-2,2597	0,046018
ENSG00000257906	LINC02156	2,5147	0,0464148
ENSG00000124813	RUNX2	-1,7932	0,0467959
ENSG00000175287	PHYHD1	-1,6477	0,0467959
ENSG00000215023	AC131097.1	3,3968	0,0467959
ENSG00000211898	IGHD	-3,4718	0,0469657
ENSG00000110195	FOLR1	-4,8217	0,0472067
ENSG00000215784	FAM72D	-2,8330	0,0475827
ENSG00000105991	HOXA1	-2,6617	0,0486616
ENSG00000122861	PLAU	-1,7035	0,0487105

Supplemental Table 4. Specific data for differential variants splicing events between high and low *CELF4* expression groups of samples.

Ensemble ID	SUPPA name	dPSI	p-value
ENSG00000105516	A5:chr19:49136912-49137606:49136912-49137765:-	0,4154	0,0085
ENSG00000168653	A5:chr1:39492074-39494395:39492070-39494395:+	0,1607	0,0125
ENSG00000268963	AF:chrHG1497_PATCH:153566964:153567010-153567806:153567358:153567428-153567806:+	-0,2030	0,0155
ENSG00000268963	A5:chrHG1497_PATCH:153569094-153569170:153568409-153569170:+	-0,2000	0,0155
ENSG00000268963	AF:chrHG1497_PATCH:153566847:153567010-153567806:153567358:153567428-153567806:+	-0,1952	0,0155
ENSG00000268963	AF:chrHG1497_PATCH:153566845:153567010-153567806:153567358:153567428-153567806:+	-0,1814	0,0155
ENSG00000261361	A5:chrHG79_PATCH:136232717-136233246:136232603-136233246:+	0,2766	0,0187
ENSG00000261361	A5:chrHG79_PATCH:136232769-136233246:136232603-136233246:+	0,3293	0,0187
ENSG00000214967	SE:chr16:16485953-16486450:16486519-16487313:+	0,2099	0,0190
ENSG00000197746	A3:chr10:73581770-73585594:73581764-73585594:-	0,1164	0,0235
ENSG00000261493	AF:chrHG79_PATCH:136290546-136291197:136291435:136290546-136293155:136293579:-	0,3025	0,0240
ENSG00000154274	AL:chr4:37590521-37591710:37593448:37590521-37624447:37625117:+	0,3228	0,0250
ENSG00000112936	AL:chr5:40980011-40980089:40980452:40980011-40981494:40981868:+	-0,5089	0,0280
ENSG00000103260	AF:chr16:765641:765984-766933:766574:766715-766933:+	0,2761	0,0285
ENSG00000103260	AF:chr16:765641:765984-766933:766427:766715-766933:+	0,4048	0,0285
ENSG00000101856	SE:chrX:118370654-118374272:118374427-118377114:+	0,1463	0,0290
ENSG00000141750	A5:chr17:37373426-37374120:37373426-37374322:-	-0,4733	0,0305
ENSG00000106541	AF:chr7:16841427-16844559:16844704:16841427-16872880:16872932:-	-0,5035	0,0315
ENSG00000262206	AF:chrHG747_PATCH:66098024:66098077-66110538:66099059:66099174-66110538:+	-0,1974	0,0320
ENSG00000169903	SE:chr3:149192838-149193610:149193699-149205406:+	-0,1384	0,0320
ENSG00000227460	SE:chrH6SCHR6_MHC_SSTO:33548924-33549618:33549659-33550054:+	0,3673	0,0325
ENSG00000196275	SE:chr7:74216354-74217639:74217822-74219118:-	-0,3230	0,0330
ENSG00000153879	AF:chr19:33864236:33864801-33870050:33865218:33865519-33870050:+	0,1911	0,0330
ENSG00000196275	AL:chr7:74210490:74212604-74216326:74213351:74213856-74216326:-	0,2365	0,0330
ENSG00000164176	SE:chr5:83476339-83525673:83525702-83549902:-	-0,2038	0,0335
ENSG00000198035	SE:chr10:48221539-48229091:48229191-48231779:+	0,2622	0,0335
ENSG00000198035	SE:chr10:48231814-48235122:48235173-48235819:+	0,2622	0,0335
ENSG00000233024	SE:chr16:18462243-18466580:18466711-18468689:-	-0,1561	0,0345
ENSG00000233024	SE:chr16:18462243-18466435:18466711-18468689:-	0,2301	0,0345
ENSG00000167476	AF:chr19:2255343-2256382:2256416:2255343-2269333:2269758:-	-0,1613	0,0360
ENSG00000132698	SE:chr1:156031234-156035702:156035897-156038061:+	0,1311	0,0360
ENSG00000198689	A5:chrX:135077144-135080267:135077048-135080267:+	-0,1719	0,0365
ENSG00000146556	A5:chr2:114354159-114354248:114354155-114354248:+	-0,1432	0,0365
ENSG00000146556	RI:chr2:114353270:114353406-114353645:114353780:+	0,1432	0,0365
ENSG00000164638	A3:chr7:5331452-5334491:5331452-5334496:+	-0,2077	0,0366
ENSG00000164638	A3:chr7:5330868-5331324:5330868-5331361:+	-0,1995	0,0366
ENSG00000164638	A3:chr7:5322713-5327437:5322713-5327440:+	0,1989	0,0366
ENSG00000180964	SE:chrX:102508945-102509533:102509605-102510006:-	0,1136	0,0370
ENSG00000241360	AF:chr22:38054734:38055363-38061562:38060918:38061110-38061562:+	0,1244	0,0390

ENSG00000010818	SE:chr6:143097328-143104658:143104752-143158072:-	-0,2954	0,0415
ENSG00000228299	A3:chrHSCHR6_MHC_DBB:31231330-31231577:31231313-31231577:-	-0,2042	0,0420
ENSG00000217801	AF:chr1:998459:998581-1001210:999875:999969-1001210:+	0,1791	0,0420
ENSG00000228299	RI:chrHSCHR6_MHC_DBB:31229479:31229511-31229951:31230070:-	0,2338	0,0420
ENSG00000186716	AL:chr22:23655208-23656155:23656186:23655208-23656739:23656882:+	-0,4077	0,0425
ENSG00000186716	SE:chr22:23655208-23656155:23656260-23656739:+	-0,3274	0,0425
ENSG00000133135	AF:chrX:105937068:105937638-106016143:105969894:105970627-106016143:+	-0,1568	0,0430
ENSG00000182054	AF:chr15:90634876-90643808:90643927:90634876-90645508:90645736:-	0,1373	0,0440
ENSG00000126562	SE:chr17:40939560-40939796:40939917-40940148:+	0,3177	0,0440
ENSG00000215481	A5:chr22:25041715-25042970:25041712-25042970:+	0,3407	0,0455
ENSG00000158109	SE:chr1:3542079-3542277:3542453-3544064:+	0,1169	0,0460
ENSG00000112245	AF:chr6:64282475:64282624-64286341:64283143:64283518-64286341:+	-0,3787	0,0465
ENSG00000130332	SE:chr19:2324191-2325979:2326138-2328386:-	0,1654	0,0465
ENSG00000112245	SE:chr6:64288933-64289162:64289236-64289962:+	0,1938	0,0465
ENSG00000130332	AF:chr19:2324195-2324741:2324905:2324195-2328386:2328585:-	0,2075	0,0465
ENSG00000169116	SE:chr4:75858580-75937635:75938360-75959093:+	0,0850	0,0480
ENSG00000229194	A5:chrHSCHR6_MHC_MCF:29757725-29758190:29757545-29758190:+	-0,5959	0,0485
ENSG00000065613	SE:chr10:105768114-105770574:105770666-105777918:+	0,1899	0,0485
ENSG00000104112	SE:chr15:51974034-51974714:51974766-51975276:+	0,1346	0,0490
ENSG00000183889	A5:chr16:16429994-16434163:16429849-16434163:+	-0,3965	0,0495
ENSG00000223532	A3:chrHSCHR6_MHC_COX:31312945-31313369:31312927-31313369:-	-0,1915	0,0495
ENSG00000183889	MX:chr16:16427741-16429718:16429849-16434163:16427741-16429909:16429994-16434163:+	0,2789	0,0495
ENSG00000261125	AL:chrHG185_PATCH:39873994:39874278-39882111:39877065:39881406-39882111:-	-0,3188	0,0500
ENSG00000261125	A5:chrHG185_PATCH:39888646-39888947:39888646-39888971:-	-0,2349	0,0500
ENSG00000261125	SE:chrHG185_PATCH:39883396-39884014:39884088-39884453:-	-0,2285	0,0500
ENSG00000125870	A5:chr20:16710809-16712313:16710709-16712313:+	0,1115	0,0504
ENSG00000223606	A5:chrHSCHR6_MHC_DBB:29758059-29758524:29757879-29758524:+	-0,6849	0,0509
ENSG00000099290	SE:chr10:51885209-51885817:51885939-51887343:+	-0,5536	0,0509
ENSG00000147255	SE:chrX:130420022-130420411:130420437-130420579:-	-0,5401	0,0509
ENSG00000230510	AL:chr19:46984053:46984697-47028920:47021936:47023229-47028920:-	-0,3945	0,0519
ENSG00000234539	A3:chrHSCHR6_MHC_COX:32032799-32032939:32032798-32032939:-	-0,3090	0,0519
ENSG00000187094	AF:chr3:42305124-42305315:42305439:42305124-42306189:42306395:-	-0,2324	0,0519
ENSG00000234539	AL:chrHSCHR6_MHC_COX:32014365:32014441-32032715:32031499:32032203-32032715:-	0,3090	0,0519
ENSG00000167842	AL:chr17:5390004-5390321:5390479:5390004-5392143:5394057:+	-0,1733	0,0524
ENSG00000131779	AF:chr1:145516252:145516456-145517273:145516560:145516657-145517273:+	0,1321	0,0524
ENSG00000134313	SE:chr2:8877129-8888017:8888130-8890242:-	0,3711	0,0524
ENSG00000170390	SE:chr4:151119255-151120180:151120230-151124947:+	-0,1657	0,0529
ENSG00000170390	A3:chr4:151125041-151141855:151125041-151141858:+	-0,1526	0,0529
ENSG00000163453	AF:chr4:57907099-57931655:57931769:57907099-57976043:57976551:-	-0,0439	0,0529
ENSG00000132485	SE:chr1:71530820-71531361:71531435-71532459:-	0,1124	0,0529
ENSG00000132485	A5:chr1:71530820-71531361:71530820-71532459:-	0,1257	0,0529
ENSG00000170390	SE:chr4:151170836-151174626:151174708-151177172:+	0,1526	0,0529
ENSG00000176358	A5:chr17:47921519-47925257:47921519-47925275:-	0,5130	0,0534
ENSG00000171863	A3:chr2:3623038-3623182:3623038-3623191:+	-0,1821	0,0539

ENSG00000171863	RI:chr2:3622948:3623038-3623191:3623274:+	-0,1696	0,0539
ENSG00000165688	SE:chr9:139307344-139309005:139309099-139310743:+	0,1085	0,0539
ENSG00000114942	A3:chr2:207024408-207024637:207024408-207024683:+	0,1715	0,0539
ENSG00000107159	SE:chr9:35676203-35676294:35676386-35677787:+	0,1816	0,0544
ENSG00000146731	AF:chr7:56127558:56128109-56128500:56128304:56128371-56128500:+	-0,1488	0,0549
ENSG00000146731	SE:chr7:56120178-56122062:56122196-56123317:+	0,1242	0,0549
ENSG00000101079	SE:chr20:35317187-35335375:35335410-35350082:-	0,1781	0,0549
ENSG00000237727	A5:chrHSCR6_MHC_COX:31570545-31570712:31570484-31570712:+	-0,2461	0,0554
ENSG00000272886	SE:chrHG957_PATCH:53326843-53338193:53338306-53346257:-	-0,2424	0,0554
ENSG00000160963	A3:chr7:101063380-101090965:101063380-101090971:+	0,3630	0,0554
ENSG00000215077	RI:chrHSCR6_MHC_QBL:32873080:32873454-32873960:32874088:+	-0,2446	0,0559
ENSG00000234798	RI:chrHSCR6_MHC_SSTO:31929439:31929653-31929738:31930776:-	-0,2517	0,0564
ENSG00000167523	AL:chr16:89724829-89726948:89727891:89724829-89735694:89736039:+	-0,4256	0,0569
ENSG00000175416	SE:chr5:175819946-175823480:175823533-175824608:-	-0,1371	0,0569
ENSG00000184194	SE:chrX:53078666-53100170:53100292-53105707:+	0,1574	0,0569
ENSG00000167523	AF:chr16:89724220:89724274-89724656:89724279:89724356-89724656:+	0,4718	0,0569
ENSG00000167523	A5:chr16:89724274-89724656:89724243-89724656:+	0,7343	0,0569
ENSG00000125735	A5:chr19:6667460-6669862:6667460-6669970:-	-0,3541	0,0574
ENSG00000132970	MX:chr13:27246126-27250686:27250861-27255191:27246126-27254172:27254338-27255191:+	-0,2064	0,0574
ENSG00000223439	SE:chrHSCR6_MHC_MANN:29972131-29972274:29972321-29972489:+	-0,2063	0,0574
ENSG00000131795	A3:chr1:145508075-145508207:145508075-145508210:+	-0,2232	0,0579
ENSG00000204348	A3:chr6:31939502-31939706:31939358-31939706:-	-0,2635	0,0584
ENSG00000101335	SE:chr20:35173471-35176435:35176596-35177480:+	0,0834	0,0589
ENSG00000167711	AF:chr17:1646130:1646202-1648286:1646320:1646370-1648286:+	0,1748	0,0589
ENSG00000197766	A5:chr19:859765-860617:859744-860617:+	0,1135	0,0594
ENSG00000263077	AF:chrHG183_PATCH:62582202-62583106:62583316:62582202-62583436:62583649:-	-0,4033	0,0599
ENSG00000263077	AF:chrHG183_PATCH:62582202-62582307:62582764:62582202-62583436:62583649:-	-0,3671	0,0599
ENSG00000263077	RI:chrHG183_PATCH:62577909:62578133-62579370:62579429:-	0,4033	0,0599
ENSG00000079385	A3:chr19:43023387-43025419:43023253-43025419:-	0,4204	0,0599
ENSG00000188153	SE:chrX:107938151-107938497:107938669-107939527:+	-0,3232	0,0604
ENSG00000197859	AF:chr9:136397286:136397692-136401685:136399431:136400039-136401685:+	-0,1631	0,0609
ENSG00000197859	AF:chr9:136397286:136397692-136401685:136399975:136400039-136401685:+	-0,1222	0,0609
ENSG00000161057	SE:chr7:102995396-102996141:102996240-103002404:+	0,1539	0,0609
ENSG00000099960	A3:chr22:21386144-21386820:21386141-21386820:-	0,2141	0,0609
ENSG00000198618	RI:chr21:20230097:20230329-20230438:20230594:+	-0,1904	0,0614
ENSG00000165175	AF:chrX:38660685:38660740-38663936:38662986:38663666-38663936:+	-0,1411	0,0614
ENSG00000101079	SE:chr20:35282104-35283204:35283242-35284763:-	0,1077	0,0614
ENSG00000165175	SE:chrX:38660740-38663563:38663666-38663936:+	0,1401	0,0614
ENSG00000156521	A5:chr10:71903728-71905177:71903728-71906289:-	0,1649	0,0614
ENSG00000214253	AF:chr7:100884187-100884407:100884458:100884187-100888241:100888356:-	-0,4519	0,0617
ENSG00000214253	AF:chr7:100884187-100884407:100884458:100884187-100895176:100895597:-	-0,4302	0,0617
ENSG00000105866	SE:chr7:21468410-21468907:21470461-21516697:+	-0,2118	0,0619
ENSG00000107404	A5:chr1:1274033-1274667:1274033-1274742:-	-0,1137	0,0619

ENSG00000151131	SE:chr12:105382031-105385490:105385626-105388256:+	0,1544	0,0619
ENSG00000132704	SE:chr1:157716689-157718343:157718408-157718665:-	0,6513	0,0619
ENSG00000153086	SE:chr2:135616927-135619539:135619588-135620965:+	0,1937	0,0622
ENSG00000153086	SE:chr2:135596309-135601935:135602041-135602803:+	0,2434	0,0622
ENSG00000100523	SE:chr14:53560162-53569749:53569769-53570401:-	-0,2703	0,0629
ENSG00000135127	SE:chr12:120527875-120528715:120528823-120530804:+	-0,1367	0,0629
ENSG00000135127	SE:chr12:120528823-120529051:120529205-120530804:+	0,2419	0,0629
ENSG00000100523	SE:chr14:53513667-53518562:53518645-53521156:-	0,2438	0,0629
ENSG00000223510	A5:chr17:14139747-14139889:14139747-14140013:-	0,4848	0,0634
ENSG00000124702	SE:chr6:42985433-42985591:42985706-42985883:+	0,1247	0,0637
ENSG00000124702	SE:chr6:42985084-42985257:42985433-42985591:+	0,1292	0,0637
ENSG00000117305	A3:chr1:24134813-24143165:24134705-24143165:-	-0,2249	0,0644
ENSG00000163623	AF:chr4:85416997-85417646:85418103:85416997-85418712:85419603:-	0,1169	0,0644
ENSG00000257961	AF:chrHSCR17_1:43483448-43502917:43502999:43483448-43506977:43507633:-	0,2697	0,0644
ENSG00000117425	SE:chr1:45286376-45287514:45287576-45288274:-	0,6091	0,0644
ENSG00000265880	SE:chrHG962_PATCH:70874350-70875773:70875912-70879384:+	-0,4011	0,0649
ENSG00000265880	SE:chrHG962_PATCH:70883894-70884516:70884638-70889798:+	-0,3706	0,0649
ENSG00000228049	SE:chr7:102306610-102307537:102307711-102309362:-	-0,2277	0,0649
ENSG00000160563	SE:chr9:134759486-134769272:134769379-134814768:-	0,1052	0,0649
ENSG00000265880	SE:chrHG962_PATCH:70863813-70871837:70871896-70873448:+	0,3706	0,0649
ENSG00000156096	SE:chr4:70359559-70360859:70361128-70391405:-	0,4322	0,0652
ENSG00000156096	AF:chr4:70359559-70360859:70361626:70359559-70391405:70391732:-	0,4333	0,0652
ENSG00000162444	SE:chr1:10057389-10064151:10064365-10067628:+	-0,1502	0,0654
ENSG00000205609	A5:chr16:28414969-28415104:28414969-28415108:-	-0,1779	0,0659
ENSG00000136630	AF:chr1:221051699:221053791-221054536:221054411:221054441-221054536:+	-0,2202	0,0664
ENSG00000160014	AF:chr19:47104331:47104433-47109084:47104624:47104694-47109084:+	-0,5544	0,0666
ENSG00000160014	AF:chr19:47104331:47104433-47109084:47108450:47108562-47109084:+	-0,4778	0,0666
ENSG00000160014	AF:chr19:47104331:47104433-47109084:47104621:47104694-47109084:+	-0,4131	0,0666
ENSG00000144736	A3:chr3:72893604-72897349:72893574-72897349:-	-0,1989	0,0679
ENSG00000142892	SE:chr1:77629627-77632404:77632515-77634945:-	-0,1161	0,0684
ENSG00000173281	AF:chr8:8999178-9008073:9008206:8999178-9008857:9009084:-	0,1572	0,0684
ENSG00000102144	AF:chrX:77359671:77359902-77365364:77361859:77362168-77365364:+	-0,1492	0,0687
ENSG00000102144	AF:chrX:77320713:77320769-77365364:77359671:77359902-77365364:+	0,1405	0,0687
ENSG00000182993	AF:chr12:14956600:14956685-15056941:15038650:15038740-15056941:+	-0,2945	0,0689
ENSG00000234846	A3:chrHSCR6_MHC_SSTO:31821858-31822285:31821117-31822285:-	-0,2689	0,0689
ENSG00000183160	SE:chr12:108986173-108987940:108988321-108991746:-	-0,2622	0,0689
ENSG00000234846	SE:chrHSCR6_MHC_SSTO:31821117-31821666:31821858-31822285:-	-0,2352	0,0689
ENSG00000182993	AL:chr12:14956685-14975846:14977349:14956685-15056941:15057544:+	0,2045	0,0689
ENSG00000234846	A3:chrHSCR6_MHC_SSTO:31819931-31820106:31819845-31820106:-	0,2515	0,0689
ENSG00000137285	AF:chr6:3226903-3227721:3227969:3226903-3231791:3231964:-	-0,1807	0,0694
ENSG00000117407	AF:chr1:44399484:44399557-44401262:44400059:44400208-44401262:+	-0,5290	0,0699
ENSG00000197734	SE:chr14:78227459-78234795:78234866-78235741:+	-0,3139	0,0699
ENSG00000171566	AF:chr4:155470087-155470130:155470138:155470087-155471452:155471587:-	0,2290	0,0699
ENSG00000171566	AF:chr4:155470087-155470130:155470138:155470087-155471452:155471552:-	0,3447	0,0699

ENSG00000171566	AF:chr4:155470087-155470130:155470138:155470087-155471452:155471535:-	0,3590	0,0699
ENSG00000171566	AF:chr4:155470087-155470130:155470138:155470087-155471452:155471549:-	0,3750	0,0699
ENSG00000117407	SE:chr1:44399557-44399784:44399932-44401262:+	0,4699	0,0699
ENSG00000108187	A3:chr10:70066663-70092541:70066660-70092541:-	-0,3203	0,0704
ENSG00000134884	AF:chr13:107212005-107214180:107214299:107212005-107219921:107219971:-	-0,2024	0,0704
ENSG00000122566	SE:chr7:26237352-26237451:26237486-26240192:-	-0,0495	0,0704
ENSG00000122566	A3:chr7:26231958-26232115:26230748-26232115:-	0,0704	0,0704
ENSG00000155115	AF:chr6:111279763:111280029-111280375:111280131:111280245-111280375:+	0,0931	0,0704
ENSG00000229833	A3:chr19:7694746-7695459:7694746-7695709:+	0,2613	0,0704
ENSG00000110002	SE:chr11:123986189-123987273:123987387-123988204:+	-0,1548	0,0709
ENSG00000151572	SE:chr12:101473053-101477456:101477596-101480438:+	0,4970	0,0709
ENSG00000204071	A3:chrX:101396327-101396686:101396322-101396686:-	-0,2090	0,0714
ENSG00000204071	AF:chrX:101396758-101397325:101397477:101396758-101397674:101397942:-	-0,2090	0,0714
ENSG00000103175	A3:chr16:84360561-84362928:84360561-84362932:+	0,2178	0,0714
ENSG00000153283	SE:chr3:111286494-111296349:111296396-111297874:+	-0,5934	0,0719
ENSG00000187955	AL:chr8:121381724-121382575:121383156:121381724-121383391:121384266:+	-0,4498	0,0719
ENSG00000187955	AL:chr8:121381724-121382976:121383320:121381724-121383391:121384266:+	-0,4118	0,0719
ENSG00000248712	RI:chr11:119063861:119063953-119064476:119064595:-	0,1597	0,0719
ENSG00000184574	AF:chr12:6730630-6740751:6740815:6730630-6745073:6745613:-	0,4248	0,0719
ENSG00000156096	AF:chr4:70359559-70360859:70361579:70359559-70391405:70391732:-	0,4297	0,0719
ENSG00000234465	AF:chr19:44084696:44084739-44085364:44084790:44084821-44085364:+	-0,3724	0,0729
ENSG00000129824	AF:chrY:2709527:2709668-2710206:2709961:2710014-2710206:+	-0,1613	0,0729
ENSG00000101474	SE:chr20:24944658-24945011:24945034-24949528:-	-0,1016	0,0729
ENSG00000101474	SE:chr20:24944658-24949528:24949720-24950162:-	0,0688	0,0729
ENSG00000148358	SE:chr9:132869818-132872649:132872705-132887194:+	0,1679	0,0734
ENSG00000117069	A3:chr1:77510298-77515943:77510298-77515947:+	0,2140	0,0734
ENSG00000168824	A5:chr4:4388900-4389331:4388370-4389331:+	0,3467	0,0734
ENSG00000168824	RI:chr4:4418962:4419654-4420511:4420785:+	0,4159	0,0734
ENSG00000183185	A3:chr3:97731411-97736499:97731265-97736499:-	-0,5418	0,0739
ENSG00000146477	A3:chr6:160858243-160863790:160858243-160863793:+	-0,4212	0,0739
ENSG00000152684	SE:chr5:52084248-52095719:52096954-52097243:+	-0,1046	0,0739
ENSG00000225264	AL:chr7:29638411:29638517-29724389:29690659:29690955-29724389:-	-0,1648	0,0744
ENSG00000152467	SE:chr19:58545529-58546808:58546870-58547338:+	-0,1349	0,0744
ENSG00000112306	A5:chr6:133136363-133137600:133136227-133137600:+	-0,0232	0,0744
ENSG00000106049	SE:chr7:27672064-27689092:27689252-27702317:-	0,0868	0,0744
ENSG00000164070	AF:chr4:128703295:128703812-128715232:128704704:128704835-128715232:+	0,1393	0,0744
ENSG00000157303	SE:chr9:95840275-95841753:95841884-95846819:+	0,4054	0,0744
ENSG00000223887	SE:chrH6_MHC_DBB:30516224-30519340:30519520-30519846:+	-0,3207	0,0749
ENSG00000134884	SE:chr13:107209479-107209907:107209964-107211780:-	0,0899	0,0749
ENSG00000111615	SE:chr12:75895780-75897684:75897854-75898978:-	0,1106	0,0749
ENSG00000184986	AF:chr14:105992940:105992990-105995059:105993442:105993775-105995059:+	0,1846	0,0749
ENSG00000184986	AF:chr14:105992940:105992990-105995059:105994961:105994998-105995059:+	0,2000	0,0749

ENSG00000223887	MX:chrHSCHR6_MHC_DBB:30515462-30516162:30516224-30519846:30515462-30519340:30519520-30519846:+	0,2780	0,0749
ENSG00000223887	SE:chrHSCHR6_MHC_DBB:30515462-30516162:30516224-30519846:+	0,3413	0,0749
ENSG00000137819	A5:chr15:69629844-69652305:69629840-69652305:+	-0,5608	0,0759
ENSG00000088325	SE:chr20:30366787-30368742:30368849-30370052:+	-0,2883	0,0759
ENSG00000197283	A3:chr6:33412394-33414352:33412394-33414358:+	-0,2243	0,0759
ENSG00000197283	SE:chr6:33409536-33410230:33410271-33410666:+	-0,2243	0,0759
ENSG00000138463	SE:chr3:122514382-122525704:122525797-122545647:+	-0,1467	0,0759
ENSG00000181444	A3:chr7:149463328-149466179:149461767-149466179:-	0,0887	0,0759
ENSG00000144744	SE:chr3:69127069-69129263:69129304-69129485:-	0,1178	0,0759
ENSG00000100890	SE:chr14:35592116-35595941:35595988-35596685:+	0,1449	0,0759
ENSG00000234539	A3:chrHSCHR6_MHC_COX:32033365-32033558:32033342-32033558:-	0,1501	0,0759
ENSG00000144744	SE:chr3:69120768-69124581:69124661-69126949:-	0,1826	0,0759
ENSG00000197283	AL:chr6:33415710-33416566:33416830:33415710-33419537:33421466:+	0,3268	0,0759
ENSG00000137819	AF:chr15:69591286:69591395-69629680:69606742:69607133-69629680:+	0,5608	0,0759
ENSG00000135778	AL:chr1:233105864-233112048:233112205:233105864-233113909:233119628:+	0,4058	0,0764
ENSG00000135778	AL:chr1:233105864-233112048:233112205:233105864-233113909:233114468:+	0,5808	0,0764
ENSG00000164615	SE:chr5:134074482-134076753:134077213-134079677:+	0,0629	0,0769
ENSG00000258145	A5:chrHSCHR6_MHC_MANN:32768243-32768284:32768243-32768323:-	0,1142	0,0769
ENSG00000160014	AF:chr19:47104331:47104433-47109084:47104493:47104694-47109084:+	-0,2146	0,0774
ENSG00000197734	A5:chr14:78234866-78235741:78234808-78235741:+	0,3156	0,0774
ENSG00000142484	RI:chr17:4685798:4685934-4686149:4686332:+	-0,1553	0,0784
ENSG00000096696	A5:chr6:7581802-7582875:7580005-7582875:+	-0,0960	0,0784
ENSG00000138660	SE:chr4:113182018-113184144:113184242-113186165:+	0,1041	0,0784
ENSG00000174576	SE:chr11:66190412-66190594:66190703-66191049:+	-0,2200	0,0789
ENSG00000240253	SE:chr2:131452907-131453040:131453164-131453915:+	0,2130	0,0789
ENSG00000214253	AF:chr7:100884187-100884407:100884458:100884187-100888179:100888329:-	-0,4919	0,0791
ENSG00000109270	SE:chr4:100813191-100815112:100815157-100815492:-	-0,0695	0,0794
ENSG00000109270	A3:chr4:100806832-100808453:100806811-100808453:-	0,0821	0,0794
ENSG00000180573	A5:chr6:26124977-26138282:26124861-26138282:+	0,1124	0,0794
ENSG00000152932	AF:chr5:57878048:57878241-57913470:57878867:57879059-57913470:+	0,1140	0,0794
ENSG00000110002	A3:chr11:123987387-123988074:123987387-123988204:+	0,1415	0,0794
ENSG00000064489	SE:chr19:19256831-19257082:19257193-19257364:-	0,3104	0,0794
ENSG00000198053	AF:chr20:1875154:1875163-1876085:1875429:1875442-1876085:+	-0,1755	0,0799
ENSG00000198053	A5:chr20:1915412-1917966:1915400-1917966:+	-0,1474	0,0799
ENSG00000099290	SE:chr10:51885939-51886920:51886982-51887343:+	0,1850	0,0802
ENSG00000258986	AL:chr14:104941015:104941062-105061502:105059330:105059995-105061502:-	-0,0595	0,0804
ENSG00000182916	A3:chrX:102585232-102585851:102585232-102585905:+	0,1766	0,0804
ENSG00000169967	AF:chr2:128100770-128145028:128145508:128100770-128145824:128146041:-	-0,1159	0,0809
ENSG00000145293	A5:chr4:83352066-83369073:83352037-83369073:+	0,0790	0,0809
ENSG00000145293	SE:chr4:83369174-83372196:83372398-83375875:+	0,1063	0,0809
ENSG00000117862	RI:chr1:52485803:52486077-52486598:52486684:-	0,1468	0,0809
ENSG00000182180	AL:chr10:75008696:75009076-75011521:75010502:75010749-75011521:-	-0,2309	0,0813
ENSG00000182180	AF:chr10:75011781-75012017:75012162:75011781-75012290:75012392:-	-0,2076	0,0813
ENSG00000182180	A5:chr10:75011781-75012228:75011781-75012290:-	-0,1615	0,0813

ENSG00000148344	SE:chr9:132511016-132511800:132511921-132515166:-	-0,3420	0,0814
ENSG00000172062	SE:chr5:70237335-70238185:70238385-70238545:+	-0,1068	0,0819
ENSG00000172062	A3:chr5:70242003-70247768:70242003-70248266:+	0,1270	0,0819
ENSG00000204463	AF:chr6:31619553-31620024:31620170:31619553-31620201:31620428:-	-0,1652	0,0824
ENSG00000170185	SE:chr4:144124719-144125570:144125685-144127186:+	-0,1370	0,0824
ENSG00000063245	SE:chr19:56200360-56200663:56200737-56201233:+	0,0658	0,0824
ENSG00000063245	A3:chr19:56204162-56204317:56204162-56204320:+	0,0663	0,0824
ENSG00000260952	SE:chrHG75_PATCH:34814155-34814305:34814336-34820183:+	-0,0800	0,0829
ENSG00000124721	SE:chr6:38834453-38834545:38834652-38835838:+	0,0057	0,0829
ENSG00000099290	AF:chr10:51829270:51829471-51838435:51837886:51837912-51838435:+	0,1456	0,0829
ENSG00000125144	A3:chr16:56701292-56701878:56701289-56701878:-	0,2866	0,0829
ENSG00000134258	SE:chr1:117695991-117699196:117699543-117712729:-	0,6147	0,0829
ENSG00000214253	AF:chr7:100884187-100884407:100884458:100884187-100887838:100888012:-	-0,5792	0,0830
ENSG00000105371	A3:chr19:10398082-10398212:10398082-10398289:+	-0,3874	0,0834
ENSG00000204642	SE:chr6:29693340-29693788:29693820-29694660:+	-0,2351	0,0834
ENSG00000204642	A3:chr6:29693083-29693224:29693083-29693229:+	-0,1846	0,0834
ENSG00000095970	A3:chr6:41126844-41127530:41126804-41127530:-	-0,2118	0,0839
ENSG00000226232	A3:chr16:70016448-70016561:70016397-70016561:-	-0,0895	0,0839
ENSG00000226232	AL:chr16:70010291:70010635-70011980:70011509:70011906-70011980:-	-0,0844	0,0839
ENSG00000226232	AF:chr16:70020412-70023859:70023987:70020412-70029972:70030091:-	0,0895	0,0839
ENSG00000122035	AF:chr13:27844464:27845205-27845621:27845314:27845341-27845621:+	0,1466	0,0839
ENSG00000095970	SE:chr6:41126518-41126611:41126804-41127530:-	0,1834	0,0839
ENSG00000181392	A5:chr19:36496339-36499119:36496339-36499456:-	0,3803	0,0839
ENSG00000197442	SE:chr6:136935424-136943986:136944119-136958463:-	-0,1182	0,0844
ENSG00000183160	A5:chr12:108986173-108987940:108986173-108988113:-	-0,2660	0,0847
ENSG00000177045	A3:chr19:46270413-46271300:46269369-46271300:-	-0,2965	0,0849
ENSG00000177045	SE:chr19:46269369-46269608:46270413-46271300:-	-0,1587	0,0849
ENSG00000110107	SE:chr11:60665423-60665573:60665743-60666013:-	0,1282	0,0849
ENSG00000107140	SE:chr9:35606980-35607324:35607406-35607579:+	0,0718	0,0854
ENSG00000107140	A5:chr9:35607406-35607579:35606980-35607579:+	0,0952	0,0854
ENSG00000147044	SE:chrX:41413168-41414853:41414888-41416285:-	-0,5175	0,0857
ENSG00000147044	MX:chrX:41413168-41414853:41414888-41419032:41413168-41416285:41416353-41419032:-	-0,3505	0,0857
ENSG00000105583	A3:chr19:12779431-12779942:12779425-12779942:-	0,0334	0,0859
ENSG00000122641	AF:chr7:41730140-41730787:41732162:41730140-41739585:41740207:-	0,3735	0,0859
ENSG00000080618	SE:chr13:46638876-46641442:46641552-46648008:-	0,4437	0,0859
ENSG00000172922	AL:chr11:65482367:65482788-65487152:65486007:65486240-65487152:-	-0,1824	0,0862
ENSG00000172922	AL:chr11:65482367:65482788-65487152:65486238:65486627-65487152:-	-0,1534	0,0862
ENSG00000178922	SE:chr1:43917990-43918574:43918675-43919084:-	0,1373	0,0864
ENSG00000144229	SE:chr2:138208593-138237045:138237053-138320791:+	-0,5228	0,0869
ENSG00000119523	SE:chr9:101981118-101983261:101983419-101983829:-	-0,0940	0,0869
ENSG00000119523	AF:chr9:101981118-101983261:101983329:101981118-101983829:101984238:-	-0,0683	0,0869
ENSG00000118418	A5:chr6:79911443-79911993:79911443-79912034:-	-0,0498	0,0869
ENSG00000115828	SE:chr2:37571994-37579932:37580078-37586723:+	0,0909	0,0869
ENSG00000011485	SE:chr19:46879831-46886668:46886733-46887037:+	0,1320	0,0869
ENSG00000183145	AF:chr21:38378502:38378533-38380457:38378863:38379176-38380457:+	-0,2968	0,0874

ENSG00000183145	SE:chr21:38380523-38385851:38385918-38390174:+	0,3283	0,0874
ENSG00000110786	A3:chr11:18764976-18765553:18764880-18765553:-	0,4887	0,0874
ENSG00000171189	SE:chr21:30963545-30968846:30968890-30971150:-	0,5215	0,0874
ENSG00000097007	A3:chr9:133589842-133729451:133589842-133729454:+	-0,3292	0,0879
ENSG00000149591	AF:chr11:117070971:117071058-117073718:117072466:117072657-117073718:+	-0,1987	0,0879
ENSG00000149591	AF:chr11:117070110:117070545-117073718:117072466:117072657-117073718:+	-0,1424	0,0879
ENSG00000172115	A5:chr7:25163746-25164615:25163746-25164819:-	0,0877	0,0879
ENSG00000236882	SE:chr5:95188418-95188496:95188630-95192582:+	0,1482	0,0879
ENSG00000172115	A3:chr7:25164463-25164819:25164434-25164819:-	0,2000	0,0879
ENSG00000141560	A5:chr17:80678841-80680680:80678717-80680680:+	0,2698	0,0879
ENSG00000180113	SE:chr6:46665824-46668736:46668799-46669595:+	0,3383	0,0879
ENSG00000139329	A3:chr12:91502777-91505175:91502464-91505175:-	-0,1223	0,0884
ENSG00000139329	A3:chr12:91502464-91505175:91502060-91505175:-	0,0775	0,0884
ENSG00000132475	AF:chr17:73775265-73775623:73775684:73775265-73775738:73775859:-	-0,3202	0,0889
ENSG00000132475	AF:chr17:73775265-73775623:73775684:73775265-73775738:73775839:-	-0,1978	0,0889
ENSG00000132475	AF:chr17:73775265-73775623:73775684:73775265-73775738:73775860:-	-0,0897	0,0889
ENSG00000138085	A5:chr2:27435475-27436045:27435335-27436045:+	0,0422	0,0889
ENSG00000132475	A5:chr17:73775265-73775728:73775265-73775738:-	0,0847	0,0889
ENSG00000099940	AF:chr22:21213271:21213635-21224625:21213771:21213928-21224625:+	0,1057	0,0889
ENSG00000157593	SE:chr6:44223381-44224079:44224233-44224422:-	0,1414	0,0889
ENSG00000132475	AF:chr17:73775265-73775738:73775859:73775265-73781457:73781567:-	0,1591	0,0889
ENSG00000132475	AF:chr17:73775265-73775728:73775861:73775265-73781457:73781567:-	0,1971	0,0889
ENSG00000189423	SE:chr17:20320004-20321496:20321704-20323692:+	0,2736	0,0889
ENSG00000157593	MX:chr6:44223381-44224079:44224233-44225137:44223381-44224422:44224615-44225137:-	0,3107	0,0889
ENSG00000168811	SE:chr3:159710912-159711238:159711279-159711355:+	0,5248	0,0889
ENSG00000265685	AF:chrHG871_PATCH:5077546:5077808-5138602:5136610:5136720-5138602:+	-0,6112	0,0892
ENSG00000265685	AF:chrHG871_PATCH:5077546:5077808-5138602:5135985:5136720-5138602:+	-0,2281	0,0892
ENSG00000153923	SE:chr1:87111837-87112846:87112905-87113000:+	-0,4667	0,0894
ENSG00000164761	SE:chr8:119941168-119942727:119943007-119945170:-	-0,2667	0,0894
ENSG00000184886	AF:chr17:34890847:34890881-34892943:34891403:34891449-34892943:+	-0,1537	0,0894
ENSG00000162664	A3:chr1:90470803-90472904:90470803-90473171:+	0,1128	0,0894
ENSG00000145365	AF:chr4:113199590-113202837:113202929:113199590-113206796:113207059:-	0,1632	0,0894
ENSG00000184886	A5:chr17:34891449-34892943:34891440-34892943:+	0,1870	0,0894
ENSG00000050555	A3:chr9:133957548-133960911:133957548-133960995:+	0,2916	0,0894
ENSG00000117560	SE:chr1:172628689-172629235:172629280-172633474:+	0,5805	0,0894
ENSG00000013619	SE:chrX:149639762-149641952:149642074-149671544:+	-0,2248	0,0899
ENSG00000197694	SE:chr9:131371563-131371930:131371944-131373993:+	-0,1459	0,0899
ENSG00000254647	A5:chr11:2182218-2182372:2182218-2182398:-	0,1417	0,0899
ENSG00000144837	A5:chr3:119327794-119328315:119327746-119328315:+	0,2006	0,0899
ENSG00000175894	AF:chr21:45987889-45993657:45993693:45987889-46131348:46131495:-	-0,1953	0,0904
ENSG00000174938	AF:chr16:29908442-29909174:29909249:29908442-29910262:29910430:-	-0,4009	0,0909
ENSG00000153446	SE:chr16:5105351-5105688:5105783-5106054:-	-0,3728	0,0909
ENSG00000153446	A3:chr16:5094837-5097879:5094479-5097879:-	-0,2262	0,0909
ENSG00000076248	SE:chr12:109537089-109539707:109539804-109540644:+	0,0908	0,0909

ENSG00000167562	SE:chr19:53073583-53075490:53075621-53077330:+	0,1820	0,0909
ENSG00000177628	SE:chr1:155208441-155209677:155209868-155210421:-	0,2257	0,0909
ENSG00000161583	A3:chr17:34807804-34807948:34807733-34807948:-	0,2294	0,0909
ENSG00000149089	SE:chr11:34916657-34918308:34918402-34937775:-	-0,0824	0,0914
ENSG00000151729	A3:chr4:186066404-186066509:186066404-186066913:+	0,0502	0,0914
ENSG00000149089	SE:chr11:34912099-34916557:34916657-34937775:-	0,0884	0,0914
ENSG00000213079	SE:chr6:155055064-155063090:155063152-155095123:+	-0,1228	0,0919
ENSG00000213079	A3:chr6:155054637-155054929:155054637-155054981:+	0,1436	0,0919
ENSG00000261361	A5:chrHG79_PATCH:136232769-136233246:136232717-136233246:+	0,0884	0,0924
ENSG00000102024	AF:chrX:114795509:114795587-114844555:114827819:114827944-114844555:+	0,4096	0,0924
ENSG00000215513	A3:chr22:20397288-20397878:20397240-20397878:-	-0,2974	0,0929
ENSG00000167088	A3:chr18:19202762-19203709:19202762-19203836:+	-0,1080	0,0929
ENSG00000188612	SE:chr17:73164496-73170847:73170918-73177152:-	-0,0562	0,0929
ENSG00000188612	AF:chr17:73177283-73178477:73178658:73177283-73178909:73179078:-	0,0447	0,0929
ENSG00000188612	AF:chr17:73177283-73178477:73178658:73177283-73178909:73179051:-	0,0632	0,0929
ENSG00000143612	SE:chr1:154187050-154192312:154192413-154192818:-	0,0761	0,0929
ENSG00000143612	SE:chr1:154185100-154186369:154186422-154186933:-	0,0842	0,0929
ENSG00000241399	SE:chr2:160634475-160636516:160636689-160637393:-	0,2226	0,0929
ENSG00000162642	AL:chr1:85715639:85718385-85724207:85723126:85723154-85724207:-	0,3009	0,0929
ENSG00000146938	SE:chrX:5947473-5950732:5950791-6069036:-	0,3051	0,0929
ENSG00000146938	AF:chrX:6069812-6145730:6145888:6069812-6146582:6146904:-	0,3133	0,0929
ENSG00000101638	A3:chr18:44268882-44272132:44268830-44272132:-	-0,2198	0,0934
ENSG00000205078	A3:chr16:77246543-77246744:77246543-77246754:+	0,0829	0,0934
ENSG00000238227	AF:chr9:139008870-139009712:139010120:139008870-139010331:139010731:-	-0,2550	0,0935
ENSG00000238227	AF:chr9:139008870-139009918:139010284:139008870-139010331:139010731:-	-0,2192	0,0935
ENSG00000238227	AF:chr9:139008870-139009918:139010284:139008870-139010331:139010709:-	-0,1991	0,0935
ENSG00000238227	AF:chr9:139008870-139009712:139010120:139008870-139010331:139010709:-	-0,1932	0,0935
ENSG00000172260	AF:chr1:72400994-72566428:72566613:72400994-72748002:72748417:-	-0,2573	0,0937
ENSG00000172260	SE:chr1:72076829-72163691:72163822-72241855:-	0,2935	0,0937
ENSG00000146070	AF:chr6:46690662-46702917:46703079:46690662-46703287:46703430:-	-0,3032	0,0939
ENSG00000143443	AL:chr1:151021328-151022057:151022189:151021328-151022914:151023896:+	-0,0940	0,0939
ENSG00000112308	AF:chr6:24716552-24720088:24720226:24716552-24720446:24720620:-	-0,2541	0,0944
ENSG00000168827	SE:chr3:158402457-158407952:158408112-158408928:+	-0,2203	0,0944
ENSG00000111412	SE:chr12:117158252-117160872:117161028-117175595:-	0,1443	0,0949
ENSG00000111412	AF:chr12:117155698-117157568:117157932:117155698-117175595:117175641:-	0,2634	0,0949
ENSG00000188820	SE:chr6:116782592-116783035:116783617-116784446:+	-0,1842	0,0954
ENSG00000188820	AF:chr6:116782533:116782592-116784446:116783630:116783683-116784446:+	0,3076	0,0954
ENSG00000178233	AL:chr6:44241243-44243140:44247181:44241243-44274680:44275243:+	-0,1913	0,0959
ENSG00000170584	AF:chr5:162884616-162886001:162886496:162884616-162886868:162887061:-	-0,1862	0,0959
ENSG00000170584	AF:chr5:162884616-162886333:162886842:162884616-162886868:162887061:-	-0,1735	0,0959
ENSG00000183495	A3:chr12:132446499-132464239:132446499-132464242:+	-0,1696	0,0959
ENSG00000183495	SE:chr12:132464338-132466034:132466141-132466638:+	-0,1614	0,0959

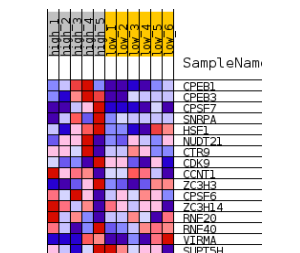
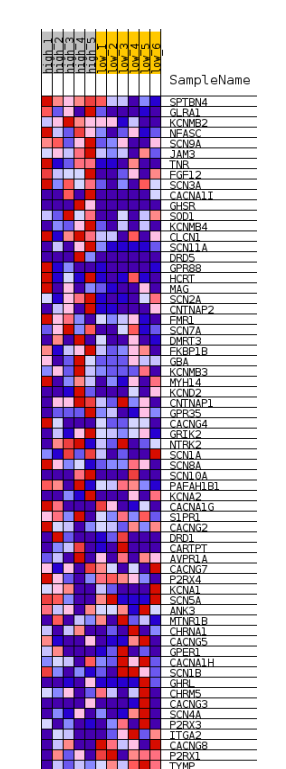
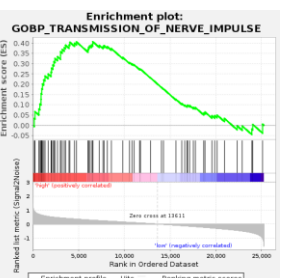
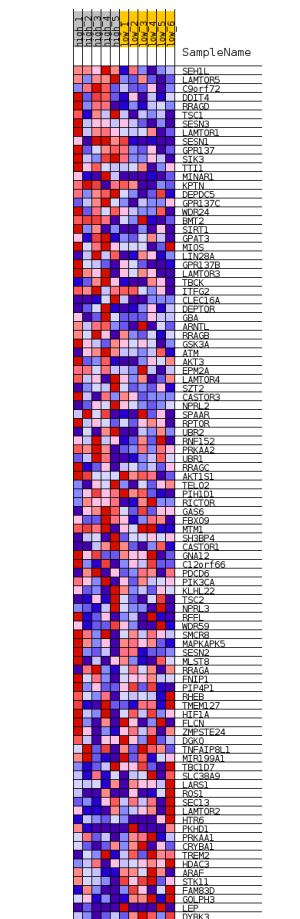
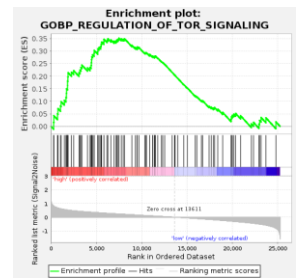
ENSG00000170584	A3:chr5:162884086-162884568:162884011-162884568:-	-0,1326	0,0959
ENSG00000171540	AL:chr5:76924538:76926619-76932646:76931756:76932537-76932646:-	0,0000	0,0959
ENSG00000110700	A3:chr11:17099024-17099166:17099020-17099166:-	0,0714	0,0959
ENSG00000215845	AF:chr1:161007865-161008341:161008519:161007865-161008670:161008767:-	0,1076	0,0959
ENSG00000215845	A3:chr1:161008463-161008670:161007865-161008670:-	0,1371	0,0959
ENSG00000183495	SE:chr12:132504763-132505624:132505866-132508322:+	0,1442	0,0959
ENSG00000215845	SE:chr1:161007865-161008341:161008463-161008670:-	0,1499	0,0959
ENSG00000101134	A5:chr20:53092551-53171472:53092443-53171472:+	-0,2429	0,0964
ENSG00000168065	SE:chr11:64329907-64331780:64331900-64332694:+	-0,3563	0,0969
ENSG00000005075	A5:chr7:102114131-102114778:102114131-102114808:-	0,0451	0,0969
ENSG00000165494	SE:chr11:82868673-82872369:82872494-82874721:+	0,1460	0,0969
ENSG00000137574	SE:chr8:56686278-56695307:56695371-56698278:+	0,1500	0,0969
ENSG00000117525	SE:chr1:94996152-94997877:94998036-94998646:-	0,1515	0,0969
ENSG00000168490	SE:chr8:22085899-22086301:22086422-22089309:-	0,2672	0,0969
ENSG00000168995	SE:chr19:51646059-51647663:51647941-51648169:+	0,3893	0,0969
ENSG00000142875	SE:chr1:84640739-84641482:84641490-84644860:+	-0,4134	0,0979
ENSG00000171160	SE:chr10:99376168-99376435:99376544-99376965:-	0,1545	0,0979
ENSG00000107130	AF:chr9:132934857:132935006-132963237:132962872:132962890-132963237:+	0,1893	0,0979
ENSG00000171476	A5:chr4:57522178-57522506:57522178-57522609:-	0,1999	0,0979
ENSG00000171476	A5:chr4:57522178-57522466:57522178-57522609:-	0,2335	0,0979
ENSG00000234495	AL:chrH6_MHC_APD:28879088:28879500-28887794:28882558:28883072-28887794:-	0,2840	0,0979
ENSG00000171476	A5:chr4:57522178-57522510:57522178-57522609:-	0,3137	0,0979
ENSG00000171476	AF:chr4:57522178-57522466:57522673:57522178-57523941:57524072:-	0,4526	0,0979
ENSG00000171476	AF:chr4:57522178-57522466:57522673:57522178-57547421:57548065:-	0,4704	0,0979
ENSG00000229833	SE:chr19:7694746-7695459:7695545-7695709:+	0,0665	0,0982
ENSG00000150459	A3:chr13:21721066-21721306:21721066-21721325:+	-0,0386	0,0984
ENSG00000150459	SE:chr13:21715134-21720944:21721066-21721325:+	0,0517	0,0984
ENSG00000128242	AF:chr22:30953388-30956728:30956763:30953388-30970453:30970565:-	-0,3944	0,0989
ENSG00000133477	AF:chr22:40390953:40391535-40415172:40405692:40406128-40415172:+	-0,1218	0,0989
ENSG00000169710	A3:chr17:80038466-80038568:80038411-80038568:-	-0,0618	0,0989
ENSG00000259785	SE:chr15:82596742-82597088:82597212-82598071:+	0,0000	0,0989
ENSG00000038219	SE:chr4:13571752-13574326:13574466-13578462:-	0,1333	0,0989
ENSG00000117461	SE:chr1:46512297-46521467:46521643-46527601:-	0,1989	0,0989
ENSG00000137731	AF:chr11:117693432-117695369:117695459:117693432-117698710:117698807:-	0,2270	0,0989
ENSG00000117461	A5:chr1:46597628-46598371:46597628-46598456:-	0,4056	0,0989
ENSG00000228049	A3:chr7:102307711-102309362:102306610-102309362:-	-0,0744	0,0994
ENSG00000125931	AF:chrX:71522784-71525675:71525764:71522784-71526327:71526837:-	-0,5359	0,0999
ENSG00000176845	AF:chr17:81037567:81037861-81042814:81038075:81038105-81042814:+	-0,1040	0,0999
ENSG00000166922	AL:chr15:32976870-32983911:32984505:32976870-32988715:32989090:+	0,1865	0,0999
ENSG00000166922	AL:chr15:32976870-32983911:32984505:32976870-32988715:32989289:+	0,2760	0,0999
ENSG00000079263	A5:chr2:231109795-231110578:231109786-231110578:+	0,4186	0,0999
ENSG00000079263	SE:chr2:231110655-231112631:231112780-231113600:+	0,4559	0,0999

Supplemental Table 5. Significant phosphosites protein between QGP-1 *CELF4* silencing cells and its scramble.

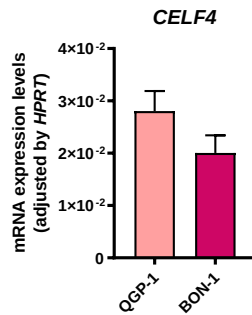
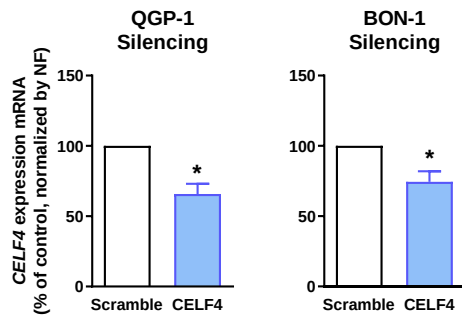
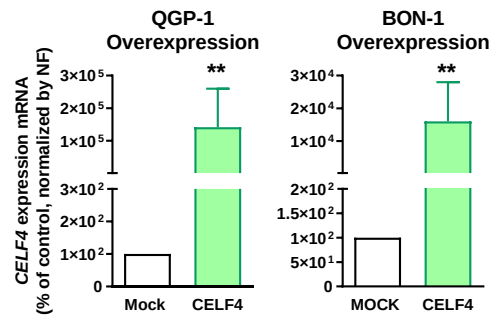
Phosphorilated Protein	q-value
TSC2_T1462	0,0005
RPS6KA1_T573	0,0010
RPS6KB2_S411	0,0010
RPS6KB2_T389	0,0012
BAD_S91	0,0021
RPS6KA1_T359	0,0042
PRKCA_T638	0,0109
AKT1_T474	0,0130
RPS6KB2_T229	0,0142
PTEN_S370	0,0163
BAD_S112	0,0198
PPP2CA_Y307	0,0228
AKT_T308	0,0341
AKT1_Y72	0,0436
RPS6KB2_S423	0,0513

Supplemental Table 6. Significant phosphosites protein between BON-1 *CELF4* silencing cells and its scramble.

Phosphorilated Protein	q-value
BAD_S134	0,0000
AKT1_T474	0,0000
PFKFB2_S483	0,0000
TSC2_T1462	0,0000
PDPK1_S241	0,0000
EIF2S1_S51	0,0003
AKT1S1_T246	0,0007
BAD_S155	0,0009
EIF4EBP1_T36	0,0021
BAD_S136	0,0026
PRKCA_T638	0,0034
RPS6KB2_S418	0,0056
AKT1_S124	0,0092
PRKAB1_S182	0,0121
AKT2_S474	0,0123
RPS6KB2_T421	0,0158
AKT_T308	0,0169
EIF4EBP1_T70	0,0175
EIF4G1_S1108	0,0178
BAD_S91	0,0225
GSK3A_Y216	0,0245
MTOR_S2448	0,0315
PRKCA_Y657	0,0316
AKT1_T450	0,0399
PTEN_S380	0,0445



Supplemental Figure 1. GSEA analysis performed by Gene pattern in Reactome using the TCGA cohort classified by CELF4 expression levels in low and high mRNA expression groups and its corresponded differentially expressed genes in each pathway.

A**B****C**

Supplemental Figure 2. A) *CELF4* mRNA expression levels in BON-1 and QGP-1 cell lines. Data are represented by absolute mRNA levels normalized by *HPRT* expression levels. Data are expressed as a percentage of control (Scramble; set at 100%). **B, C)** mRNA expression levels of *CELF4* silencing and overexpression with specific siRNAs (B) and plasmid (C) in QGP-1 and BON-1. Data are expressed as a percentage of control (Scramble, Mock respectively at 100 %). Asterisks indicate significant differences (*p<0.05; **p<0.01).