

Supplementary Table 2: List of hyper- and hypomethylated DMRs within 4-kb peri-TSS windows in SSA/Ps and cADNs (versus their matched samples of normal mucosa). Within each peri-TSS window, only the closest DMR to the TSS is reported. Lists are filtered for adjusted median P-value. ENSEMBL ID based on GRCh37/hg19 assembly.

SSA/Ps versus normal mucosa - Hypermethylated DMRs

ENSEMBL ID	GENE SYMBOL	Chr	Start	End	Median methylation difference (>0.1)	Adjusted median P-value
ENSG00000006740	ARHGAP44	chr17	12694704	12694746	0.398759503842097	1.36678705576863E-70
ENSG00000134363	FST	chr5	52776342	52776630	0.193572288075039	1.80343281668835E-60
ENSG00000163132	MSX1	chr4	4866047	4866128	0.296010625254475	2.87790801043859E-60
ENSG0000019549	SNAI2	chr8	49834208	49834354	0.220098912497536	1.87221973031946E-59
ENSG00000148704	VAX1	chr10	118897674	118898031	0.279220514684622	3.64663361598461E-59
ENSG00000244578	RP11-548O1.3	chr3	138655917	138656042	0.22084491543558	4.18247895276649E-58
ENSG00000127418	FGFRL1	chr4	996560	997351	0.239842640058552	9.39230721314417E-58
ENSG0000024896	RP11-586D19.1	chr4	6202153	6202808	0.297683300381248	2.70063783601749E-57
ENSG00000164093	PITX2	chr4	111559219	111559237	0.228447526865253	2.0239463136505E-54
ENSG00000243507	RP11-476M19.1	chr12	3600038	3600571	0.245837731883206	5.50546631920413E-54
ENSG00000248935	CTD-2254N19.1	chr5	59190007	59190048	0.313228892681809	5.706787087915E-54
ENSG00000266709	RP11-214O1.2	chr17	14207105	14207152	0.331414327381171	8.41311057847345E-54
ENSG00000196263	ZNF471	chr19	57019137	57019264	0.340886798211631	1.57357417610081E-53
ENSG00000164743	C8orf48	chr8	13424243	13424419	0.290581714750416	2.42114913727849E-53
ENSG00000259312	RP11-522B15.5	chr15	96961054	96961081	0.243381942646938	4.6893340283728E-53
ENSG00000233497	HNRNPA1P60	chr11	110584321	110584327	0.293367276664853	4.8304485938632E-53
ENSG00000144339	TMEFF2	chr2	193060401	193060427	0.28769588343303	8.01675612622283E-53
ENSG00000230500	RP11-360I20.2	chr10	28033713	28033795	0.319499542977845	2.29169276206255E-52
ENSG00000169900	PYDC1	chr16	31227350	31227515	0.105783388549473	3.93942924415758E-52
ENSG00000146374	RSPO3	chr6	127439868	127440104	0.318457989425386	5.89755332391144E-52
ENSG00000155099	TMEM55A	chr8	91997205	91997992	0.3461969397225	9.55529825001097E-52
ENSG00000268438	CTD-2607J13.1	chr19	22018446	22018456	0.246564612781401	1.05493163570267E-51
ENSG00000237838	AC133680.1	chr3	24870657	24870957	0.341931582275015	1.07042724750975E-51
ENSG00000231808	RP11-143M1.4	chr9	112823	112962	0.285342533619388	2.46075071611381E-51
ENSG00000233823	RP3-443C4.2	chr6	152130288	152130402	0.277854066864544	3.81889513514237E-51
ENSG00000136383	ALPK3	chr15	85360193	85360809	0.313828537992442	4.12539941713939E-51
ENSG00000252566	SNORD112	chr4	107958409	107958603	0.28591965208808	4.94522428141437E-51
ENSG00000253125	RP11-459E5.1	chr8	22547509	22548427	0.360514540247651	1.07810552278607E-50
ENSG00000233332	RP4-799P18.2	chr1	234350744	234350823	0.233852626430208	1.60486029770531E-50
ENSG00000112238	PRDM13	chr6	100054664	100054977	0.28375477073754	2.083871003483E-50
ENSG00000182183	FAM159A	chr1	53098630	53099302	0.368927780582395	2.19003249163167E-50
ENSG00000213763	ACTBP2	chr5	77140496	77140682	0.272412568847331	2.7302342335198E-50
ENSG00000226670	BCAS2P3	chr13	79801358	79801368	0.344815580459812	2.88764518793728E-50
ENSG00000106852	LHX6	chr9	124982087	124982611	0.35182840485815	4.17905944484825E-50
ENSG00000074803	SLC12A1	chr15	48483759	48483844	0.285476063090942	1.30748084864484E-49
ENSG00000257609	RP11-275O18.1	chr12	82153256	82153365	0.274358497770487	1.96797732628539E-49
ENSG00000254187	CTB-78F1.1	chr5	167001037	167001057	0.217361328642989	5.95264542104378E-49
ENSG00000257842	NOVA1-AS1	chr14	27067372	27067707	0.324778040683859	1.44939872233617E-48
ENSG00000257458	RP11-473C19.1	chr12	99289324	99289398	0.366210384976002	3.91075618495305E-48
ENSG00000105880	DLX5	chr7	96654340	96654348	0.270773000317042	5.43552261191157E-48
ENSG00000101134	DOK5	chr20	53092182	53092273	0.281588674385525	1.11832377559705E-47
ENSG00000088836	SLC4A11	chr20	3218685	3218820	0.2557663645209	1.34986997944135E-47
ENSG00000250742	RP11-834C11.4	chr12	54520409	54520430	0.353586256487849	1.49226224343112E-47
ENSG00000170577	SIX2	chr2	45232193	45232315	0.311292396744108	1.80612830009197E-47
ENSG00000259725	CTD-3032H12.1	chr16	54971658	54971928	0.274540429808737	2.13647529176472E-47
ENSG00000168280	KIF5C	chr2	149632658	149633400	0.377915532110204	2.95553125874665E-47
ENSG00000179331	RAB39A	chr11	107798861	107799637	0.259433937960956	3.26911548902593E-47
ENSG00000175161	CADM2	chr3	85008061	85008229	0.338036559481896	1.24035618844976E-46
ENSG00000207619	MIR585	chr5	168726817	168726909	0.247113808181926	2.20498964655057E-46
ENSG00000156466	GDF6	chr8	97172552	97173095	0.30544580553164	2.8839510470984E-46
ENSG00000186150	UBL4B	chr1	110672811	110672849	0.255425405678538	2.98326109539268E-46
ENSG00000145248	SLC10A4	chr4	48485193	48486238	0.282756548658614	3.12925354428067E-46
ENSG00000272121	RP4-555D20.4	chr3	44040673	44041099	0.306712748851137	4.18714462095361E-46
ENSG00000143032	BARHL2	chr1	91182769	91182856	0.350590567498793	5.93834498411487E-46
ENSG00000271474	RP11-710C12.1	chr4	96470244	96470378	0.324103928008276	8.8161575399693E-46

ENSG00000232591	RP5-1031D4.2	chr10	7455268	7455316	0.346969936131923	9.88121916733449E-46
ENSG00000179044	EXOC3L1	chr16	67218845	67219218	0.173331687674362	2.0618737661469E-45
ENSG00000250039	RP11-17E2.2	chr4	21950264	21950864	0.31919015153398	2.29568785508932E-45
ENSG00000259711	CTD-3032H12.2	chr16	54968859	54968985	0.29424942525925	3.16692424189053E-45
ENSG00000171303	KCNK3	chr2	26915626	26916241	0.262954584198757	3.36528995943554E-45
ENSG00000165966	PDZRN4	chr12	41582276	41582298	0.304969673994297	3.61167033510142E-45
ENSG00000112319	EYA4	chr6	133561647	133561677	0.345240716480868	3.64352785786295E-45
ENSG00000207562	MIR34C	chr11	111384223	111384249	0.186133260049022	4.86332966183599E-45
ENSG00000144476	ACKR3	chr2	237476527	237476767	0.324367407828087	5.02820182413435E-45
ENSG00000265454	AC012362.1	chr2	209271205	209271230	0.263793121601674	5.73819943290155E-45
ENSG00000046889	PREX2	chr8	68864318	68864472	0.273609004450938	6.38449941169172E-45
ENSG00000183876	ARSI	chr5	149681619	149681655	0.229486785056228	1.45481905949906E-44
ENSG00000081059	TCF7	chr5	133449999	133450040	0.108537970594288	1.45961252390652E-44
ENSG00000184672	RALYL	chr8	85094907	85095019	0.362961673346531	1.51729803998174E-44
ENSG00000254906	RP11-701124.3	chr11	20692012	20692113	0.329557180922001	1.78014849936164E-44
ENSG00000160201	U2AF1	chr21	44495567	44495802	0.277125176896594	2.21663009365289E-44
ENSG00000232789	AC053503.2	chr2	220223283	220223351	0.308745201112711	3.22626184560397E-44
ENSG00000138675	FGF5	chr4	81187458	81187912	0.288386583554908	3.35187704954339E-44
ENSG00000233932	CTXN2	chr15	48483235	48483266	0.229392365350566	4.52050174573147E-44
ENSG00000183098	GPC6	chr13	93878969	93879042	0.291625159596526	5.59812109422973E-44
ENSG00000163378	EOGT	chr3	68981958	68982005	0.320025665587029	5.7529146911604E-44
ENSG00000221219	AC110298.1	chr4	54969849	54969963	0.332806125780199	5.90417436864646E-44
ENSG00000135454	B4GALNT1	chr12	58026711	58026805	0.109976051835723	1.06711940429595E-43
ENSG00000145794	MEGF10	chr5	126626547	126626567	0.216507958605557	1.13362334698333E-43
ENSG00000198542	ITGBL1	chr13	102069378	102069403	0.300450119196531	1.28377223870013E-43
ENSG00000159184	HOXB13	chr17	46802376	46802431	0.144761821081377	1.41667151653606E-43
ENSG00000164318	EGLAM	chr5	38258441	38258485	0.30415544811971	1.59917572713637E-43
ENSG00000259385	RP11-605F22.1	chr15	48484257	48484302	0.295405020585217	1.89316478426018E-43
ENSG00000230863	RP4-595K12.2	chr1	76082888	76082910	0.285267814501673	2.10214499976042E-43
ENSG00000198346	ZNF813	chr19	53970809	53971043	0.272513843880289	3.75991337122666E-43
ENSG00000222072	Y_RNA	chr10	102590366	102590398	0.27195854801042	4.09857852335569E-43
ENSG00000228214	LINC00693	chr3	28616664	28616814	0.293882568357313	4.23728588355899E-43
ENSG00000259669	RP11-643A5.2	chr15	54270549	54270661	0.339815675819342	4.57577512031201E-43
ENSG00000145423	SFRP2	chr4	154709894	154710224	0.289442757395561	5.20666169164042E-43
ENSG00000251573	CTD-2089N3.2	chr5	50265096	50265259	0.238531364338048	5.67144634539916E-43
ENSG00000273213	RP5-998N21.10	chr1	149398840	149399101	0.359662055950014	6.42135120836704E-43
ENSG00000252844	SNORD112	chr10	103044083	103044323	0.34969709693799	9.58596018530749E-43
ENSG00000172005	MAL	chr2	95691255	95691554	0.261831284855664	1.4055429706325E-42
ENSG00000164815	ORC5	chr7	103631095	103631129	0.314308067803078	1.51278877183551E-42
ENSG00000163661	PTX3	chr3	157155279	157155332	0.242474962056672	1.57866133238646E-42
ENSG00000122194	PLG	chr6	161187989	161188022	0.312250140722409	1.72341946252535E-42
ENSG00000184588	PDE4B	chr1	66258240	66258289	0.288212825974478	1.90404889158581E-42
ENSG00000251059	RP11-100N20.1	chr4	82135600	82135607	0.292267850095326	1.98318820616849E-42
ENSG00000200184	RNU1-20P	chr3	192445500	192445533	0.245556363389442	2.70050618276591E-42
ENSG00000239524	RPL32P34	chr19	5294093	5294190	0.295298970595367	2.8398409687268E-42
ENSG00000169509	CRCT1	chr1	152488349	152488396	0.256683895844074	3.06352578160277E-42
ENSG00000171724	VAT1L	chr16	77822278	77822860	0.30320099571943	3.10687427634918E-42
ENSG00000239587	AC018730.4	chr2	105480556	105480748	0.287620906748205	3.47218618075696E-42
ENSG00000174473	GALNTL6	chr4	172733488	172733521	0.276545029323558	3.50730976175617E-42
ENSG00000144119	C1QL2	chr2	119913980	119914029	0.247572091458384	4.1352942033806E-42
ENSG00000273118	AC079610.1	chr2	213403750	213403859	0.301762500553091	4.30913588606935E-42
ENSG00000271776	RP11-52L5.6	chr13	79170093	79170483	0.30364181977625	4.35015749008494E-42
ENSG00000250555	CTC-467M3.2	chr5	87988468	87988507	0.263721208521934	4.5718584322271E-42
ENSG00000154721	JAM2	chr21	27011468	27011523	0.287063785269066	4.82589131628255E-42
ENSG00000213690	RP11-513D4.1	chr1	242686917	242686960	0.321898683687925	6.24472640180439E-42
ENSG00000152785	BMP3	chr4	81951896	81952593	0.303705330623129	6.5804790971412E-42
ENSG00000228983	AC025627.7	chr17	19483193	19483554	0.269551474334089	8.19565461981783E-42
ENSG00000201788	Y_RNA	chr12	45270696	45270828	0.247293910738704	9.67896082511722E-42
ENSG00000271192	RP4-555D20.3	chr3	44038406	44038484	0.314665740730597	1.00216521908245E-41
ENSG00000182645	CCDC172	chr10	118034031	118034196	0.262363528820228	1.08140000211367E-41
ENSG00000175093	SPSB4	chr3	140770193	140770313	0.331163835263734	1.54072253869628E-41
ENSG00000227294	AC016994.2	chr2	107502078	107502107	0.262435394245615	1.70858899320228E-41
ENSG00000198597	ZNF536	chr19	30719299	30719453	0.256855219623437	2.0628169835691E-41
ENSG00000255627	RP11-547L9.1	chr12	22095152	22095356	0.305134160358625	2.66493943926738E-41
ENSG00000259707	RP11-752G15.4	chr15	83349790	83349847	0.296849253062831	3.2382355742807E-41
ENSG00000270859	RP11-435I3.1	chr1	242688469	242688681	0.340489059454445	3.96823614955314E-41
ENSG00000272366	RP11-573G6.10	chr10	22625759	22625874	0.280012618913166	4.00427145407338E-41
ENSG00000120549	KIAA1217	chr10	23983670	23983835	0.302555373330767	4.46141313981161E-41
ENSG00000174279	EVX2	chr2	176948596	176948631	0.264795051392618	4.77401438332694E-41

ENSG00000249122	RP11-227F19.2	chr4	41752970	41753046	0.189039287059718	4.81456660706256E-41
ENSG00000156687	UNC5D	chr8	35092621	35093049	0.377547859840078	5.06187449703485E-41
ENSG00000168505	GBX2	chr2	237073559	237073601	0.302615610063299	5.22307403383958E-41
ENSG00000266760	MIR4464	chr6	91005490	91005829	0.171126262663031	8.82492063079967E-41
ENSG00000139800	ZIC5	chr13	100624052	100624226	0.267511870673649	1.00038111814512E-40
ENSG00000225156	AC012354.6	chr2	45181891	45182099	0.262199378679465	1.12870298421627E-40
ENSG00000203710	CR1	chr1	207669648	207669888	0.286253890920387	1.20445982153611E-40
ENSG00000236485	RP1-156L9.1	chr2	132767801	132767928	0.389437040591474	1.57503510034034E-40
ENSG00000178726	THBD	chr20	23029823	23030361	0.280375167094206	1.77750110238401E-40
ENSG00000155052	CNTNAP5	chr2	124782708	124783022	0.28986863051381	1.8577670198167E-40
ENSG00000180828	BHLHE22	chr8	65492803	65492869	0.297564322819985	2.00939381476564E-40
ENSG00000226953	AC010890.1	chr2	134023662	134023752	0.279088650380058	2.07920072054391E-40
ENSG00000254130	CTB-7E3.1	chr5	166405487	166405514	0.262245752908009	2.42644802592308E-40
ENSG00000213935	AC092610.12	chr7	4921889	4921979	0.300910912930981	2.61688823191299E-40
ENSG00000099869	IGF2-AS	chr11	2161586	2161822	0.254496553586357	2.62227832473524E-40
ENSG00000242600	MBL1P	chr10	81664453	81664633	0.2338942689081	2.79150078684533E-40
ENSG00000131242	RAB11FIP4	chr17	29718735	29719255	0.25921258274405	2.84172816926532E-40
ENSG00000262943	ALOX12P2	chr17	6735307	6735425	0.304093679861345	3.22267888197581E-40
ENSG00000166105	GLB1L3	chr11	134145541	134146951	0.274985605703184	3.24705536597877E-40
ENSG00000165084	C8orf34	chr8	69242921	69243128	0.326489137866292	3.28585089037918E-40
ENSG00000174145	KIAA1239	chr4	37245254	37245877	0.299248495451815	3.5066409353088E-40
ENSG00000132702	HAPLN2	chr1	156594670	156594708	0.126310330923254	3.97628549974869E-40
ENSG00000255737	AGAP2-AS1	chr12	58121635	58121650	0.410395796208363	4.484905094534E-40
ENSG00000229108	AC005550.4	chr7	15727437	15727466	0.317237977998293	5.40435495765385E-40
ENSG00000181965	NEUROG1	chr5	134871539	134872050	0.256343861214235	5.48855781148602E-40
ENSG00000152192	POU4F1	chr13	79177462	79177967	0.245808381311455	6.32088137846759E-40
ENSG00000266580	MIR4254	chr1	32237759	32237947	0.282001838180173	7.12623304400805E-40
ENSG00000257402	KRT126P	chr12	53108031	53108455	0.254397672620294	7.40353463191964E-40
ENSG00000212473	RNU1-101P	chr8	70985047	70985100	0.344983782188744	8.00157807333915E-40
ENSG00000183248	CTD-3193O13.9	chr19	7928411	7928773	0.295404370877138	1.01402845445645E-39
ENSG00000168830	HTR1E	chr6	87647219	87647412	0.264422002447828	1.01909544596904E-39
ENSG00000196159	FAT4	chr4	126237325	126237547	0.261659265324726	1.09553912171057E-39
ENSG00000212206	SNORA69	chr17	8230720	8230923	0.295716015947217	1.30046355745161E-39
ENSG00000189127	ANKRD34B	chr5	79866319	79866382	0.257972488943422	1.41954873487851E-39
ENSG00000248918	CTD-2089N3.3	chr5	50265503	50265531	0.229168603312703	1.55068976514946E-39
LRG_168	LRG_168	chr20	23029655	23029766	0.263177567015894	1.6303485745693E-39
ENSG00000218672	AC008060.7	chr7	155174574	155174754	0.310127311261314	1.70364953572381E-39
ENSG00000166148	AVPR1A	chr12	63544319	63544775	0.275480255714559	1.76478034653418E-39
ENSG00000199492	RNU6-1313P	chr17	48042937	48043063	0.246584823409268	1.80584108412455E-39
ENSG00000204381	LAYN	chr11	111410878	111411128	0.294109336968526	2.37681553075457E-39
ENSG00000273274	ZBTB8B	chr1	32930473	32930736	0.255295017549512	2.45190141304061E-39
ENSG00000260163	RP11-521O16.2	chr2	127782747	127782828	0.290828481593296	2.8378700999475E-39
ENSG00000176406	RIMS2	chr8	104513043	104513212	0.321655365428806	3.15246862969857E-39
ENSG00000261730	RP4-668J24.2	chr6	1384066	1384201	0.282839012974109	3.31269639622306E-39
ENSG00000149972	CNTN5	chr11	98891544	98891910	0.30600700871244	3.42391616557457E-39
ENSG00000236511	RP11-32F11.2	chr9	3181687	3181772	0.256446689829752	3.57361146414977E-39
ENSG00000026559	KCNG1	chr20	49639086	49640143	0.247453693308916	3.66807113766832E-39
ENSG00000174348	PODN	chr1	53527576	53528096	0.288419470587979	5.00462864546883E-39
ENSG00000143515	ATP8B2	chr1	154297836	154297912	0.252637930491486	5.5207292409623E-39
ENSG00000249388	RP11-834C11.6	chr12	54475513	54475704	0.288437969077944	5.72735075418121E-39
ENSG00000222987	RN7SKP68	chr5	101632056	101632365	0.27738401981264	7.66525028088896E-39
ENSG00000235079	ZRANB2-AS1	chr1	71513715	71513843	0.242974035846644	8.15754511204697E-39
ENSG00000260642	RP11-717I24.1	chr15	32639271	32639494	0.333184193678415	8.56969465191527E-39
ENSG00000222071	MIR1915	chr10	21784492	21784558	0.160463170775605	9.29796073145604E-39
ENSG00000215875	ST13P20	chr1	82266003	82266082	0.211355911443424	1.02037471088252E-38
ENSG00000108270	AATF	chr17	35303504	35303555	0.236906395337369	1.14228339845182E-38
ENSG00000272995	RP11-362J17.1	chr4	20985693	20985704	0.27959178847897	1.16519222158408E-38
ENSG00000178573	MAF	chr16	79633769	79634324	0.118375812587237	1.20589980325769E-38
ENSG00000232040	SCAND3	chr6	28521796	28521837	0.217728461911891	1.27797484195538E-38
ENSG00000254348	RP11-1134I14.4	chr8	48100585	48101061	0.258677223915836	1.3426768383832E-38
ENSG00000270412	RP11-92C4.6	chr9	101706453	101706677	0.268785983696893	1.39282881964261E-38
ENSG00000207811	MIR34B	chr11	111383423	111383668	0.194322976148621	1.39747164077874E-38
ENSG00000250372	MARK2P4	chr4	176923822	176923827	0.268700329298941	1.77163791189251E-38
ENSG00000132970	WASF3	chr13	27131569	27132722	0.275060230891703	1.82993795675154E-38
ENSG00000092969	TGFB2	chr1	218520090	218520159	0.251301493874106	1.92636244436213E-38
ENSG00000109445	ZNF330	chr4	142055213	142055260	0.211298440015786	2.09511231261094E-38
ENSG00000269099	LSP1	chr13	25620830	25620833	0.260825603208231	2.13927842152385E-38
ENSG00000263753	LINC00667	chr18	5197538	5197634	0.280885178331322	2.17927193401533E-38
ENSG00000265091	RP11-835E18.5	chr18	5197538	5197634	0.280885178331322	2.17927193401533E-38

ENSG00000183733	FIGLA	chr2	71017105	71017211	0.255804772447041	2.19514330206135E-38
ENSG00000238057	ZEB2-AS1	chr2	145275340	145275377	0.282380565685763	2.44594986957329E-38
ENSG00000101542	CDH20	chr18	59000644	59000869	0.247857218828057	2.60199211785995E-38
ENSG00000223345	HIST2H2BA	chr1	120905985	120906056	0.349265349575296	2.82299694297422E-38
ENSG00000161681	SHANK1	chr19	51162678	51162790	0.310074424356872	3.57351278793014E-38
ENSG00000237798	RP4-792G4.2	chr1	63786767	63786791	0.309058596852239	3.67039107913997E-38
ENSG00000249404	CTD-2234B20.1	chr5	22853484	22853494	0.297271100774171	3.8299141111536E-38
ENSG00000216859	RP11-448N11.1	chr6	62996016	62996227	0.356311052532569	4.03262927828481E-38
ENSG00000143995	MEIS1	chr2	66660462	66660577	0.311243374901375	4.22552873851308E-38
ENSG00000255133	RP11-646J21.2	chr11	33850312	33850334	0.273442136437028	4.30910001135011E-38
ENSG00000148481	FAM188A	chr10	15761436	15762100	0.270420124057576	4.43332348330415E-38
ENSG00000237751	LINC01143	chr2	71114734	71115016	0.293380410518971	4.48135462962688E-38
ENSG00000073150	PANX2	chr22	50609128	50609313	0.23156796421855	4.85195693856422E-38
ENSG00000166086	JAM3	chr11	133938788	133939440	0.259628592260606	5.28333811663746E-38
LRG_446	LRG_446	chr6	134176229	134176328	0.237512947751179	5.32507105486648E-38
ENSG00000129152	MYOD1	chr11	17743610	17743771	0.211217478390383	5.87397528005E-38
ENSG00000250846	RP11-807H7.1	chr4	66535056	66535655	0.310778163346559	6.56434842827507E-38
ENSG00000271631	RP11-408O19.5	chr9	115652779	115652952	0.260665209915649	7.76005262983668E-38
ENSG00000176194	CIDEA	chr18	12254120	12254324	0.277154446417059	7.95467335787825E-38
ENSG00000120937	NPPB	chr1	11919116	11919238	0.177435706572223	8.05292510620665E-38
ENSG00000187821	HELT	chr4	185941508	185941963	0.264500015128405	8.10345182172852E-38
ENSG00000164694	FNDC1	chr6	159590227	159590723	0.289186753583305	9.60137660310562E-38
ENSG00000204176	SYT15	chr10	46971400	46971556	0.291746436262208	1.08755727448991E-37
ENSG00000204103	MAFB	chr20	39317262	39317424	0.184463176805287	1.42917447332468E-37
ENSG00000241202	ZIC4-AS1	chr3	147106025	147106060	0.302249967323258	1.57371477354628E-37
ENSG00000228031	AC078842.3	chr7	137028249	137028292	0.28898353978243	1.72280847268061E-37
ENSG00000216624	GAPDHP72	chr6	166422679	166422732	0.267908678808409	2.07452991221005E-37
ENSG00000235410	RP11-397C18.2	chr10	14215851	14215899	0.231832767783562	2.10747562253649E-37
ENSG00000180318	ALX1	chr12	85673884	85673926	0.280748885814004	2.27036229099485E-37
ENSG00000180616	SSTR2	chr17	71161683	71161956	0.245242079825974	2.48763390893252E-37
ENSG00000237874	RP3-393K13.1	chr6	84419352	84419366	0.331919881629031	2.65298358490524E-37
ENSG00000177294	FBXO39	chr17	6679476	6679709	0.336424344615708	3.31331320431871E-37
ENSG00000131094	C1QL1	chr17	43045428	43045722	0.240470881840064	3.39984552252459E-37
ENSG00000151617	EDNRA	chr4	148402099	148402348	0.247448145563578	3.42947302905871E-37
ENSG00000070886	EPHA8	chr1	22889596	22890289	0.225266227123202	3.55676977559185E-37
ENSG00000230913	NPM1P51	chr6	41621105	41621261	0.410032407544867	3.98468723493635E-37
ENSG00000186838	SELV	chr19	40005649	40005892	0.250123064891828	4.09907968725796E-37
ENSG00000170801	HTRA3	chr4	8271196	8272090	0.231521587427003	4.45230531630658E-37
ENSG00000123360	PDE1B	chr12	54943102	54943250	0.302580425431788	4.55511690269944E-37
ENSG00000167595	C19orf55	chr19	36247920	36248020	0.275664628728025	4.85569962344276E-37
ENSG00000138892	TLL8	chr22	50453159	50453746	0.141957620055751	4.9238584790791E-37
ENSG00000268613	CTD-2620I22.7	chr19	53636112	53636173	0.303309760810178	6.41753835579552E-37
ENSG00000167554	ZNF610	chr19	52839445	52839542	0.279755711727338	6.42333848988541E-37
ENSG00000249710	RP11-588P8.1	chr4	101111105	101111716	0.308765764141059	6.43710098691884E-37
ENSG00000081803	CADPS2	chr7	121957298	121957337	0.249101408394588	7.71202431984762E-37
ENSG00000143632	ACTA1	chr1	229569756	229569902	0.294608668483696	8.82624318297161E-37
ENSG00000242078	RP11-738B7.1	chr7	129423209	129423270	0.289711796876351	9.19451143891723E-37
ENSG00000138135	CH25H	chr10	90967084	90967160	0.190177632375025	9.3085306014003E-37
ENSG00000187398	LUZP2	chr11	24518225	24518589	0.307084629710189	9.59482790617067E-37
ENSG00000171540	OTP	chr5	76935164	76935284	0.289030534177816	9.75602970890221E-37
ENSG00000160838	LRRC71	chr1	156890261	156890488	0.140543926075983	9.96935476739373E-37
ENSG00000230126	FGF12-AS2	chr3	192232580	192232858	0.296759161472958	1.06162809283415E-36
ENSG00000111262	KCNA1	chr12	5018924	5019242	0.271226517447368	1.07156513871823E-36
ENSG00000188227	ZNF793	chr19	37997798	37997936	0.332435745814984	1.07800678444977E-36
ENSG00000038295	TLL1	chr4	166794471	166794507	0.277434488715555	1.16065305715486E-36
ENSG00000249860	MTRNR2L5	chr10	57387406	57387480	0.271265603880765	1.23628808074312E-36
ENSG00000237380	HOXD-AS2	chr2	176986264	176986295	0.257988979782449	1.24262664205742E-36
ENSG00000181656	GPR88	chr1	101004472	101004490	0.287248107150649	1.28151718572078E-36
ENSG00000109738	GLRB	chr4	157997139	157997750	0.287687343117218	1.43341675176264E-36
ENSG00000226717	RP11-87N24.2	chr9	10613092	10613330	0.227892902164249	1.547771912149511E-36
ENSG00000033122	LRRC7	chr1	70033938	70034105	0.301732269248498	1.6543722942899E-36
ENSG00000161513	FDXR	chr17	72856964	72857001	0.289860481121186	1.69928576923549E-36
ENSG00000267072	RP11-165E7.1	chr16	5037934	5038330	0.2614151161693	1.72083585591764E-36
ENSG00000107623	GDF10	chr10	48439022	48439319	0.262868812106102	1.80669551363677E-36
ENSG00000213676	ATF6B	chr6	32065028	32065078	0.273347941498646	2.0286232987198E-36
ENSG00000082556	OPRK1	chr8	54164028	54164442	0.303952647209393	2.06715079762156E-36
ENSG00000002746	HECW1	chr7	43152237	43152492	0.313197294950206	2.26916587656265E-36
ENSG00000152953	STK32B	chr4	5052861	5053806	0.253284780098938	2.31835022098065E-36
ENSG00000259285	CTD-2330J20.2	chr15	58357319	58357488	0.276892049324434	2.32798335960768E-36

ENSG00000250320	CTD-2269F5.1	chr5	83679596	83680284	0.307037981064831	2.35306654725745E-36
ENSG00000148357	HMCN2	chr9	133028661	133028702	0.304717928029311	2.40649259344342E-36
ENSG00000255581	RP11-69M1.4	chr12	8171313	8171463	0.265474614278612	2.5250513538804E-36
ENSG00000254553	RP1-27O5.3	chr1	32930305	32930337	0.253261032212863	2.55500899242828E-36
ENSG00000141449	GREB1L	chr18	18821863	18823043	0.25120379702966	2.66214409332912E-36
ENSG00000249771	RP11-457P14.5	chr4	41884937	41885090	0.14908718841086	2.86592321997111E-36
ENSG00000252576	snR65	chr18	5543187	5544240	0.301277137643899	3.05748419450337E-36
ENSG00000267779	CTC-360P9.3	chr19	32532896	32533012	0.290850609845947	3.27962801985489E-36
ENSG00000113240	CLK4	chr5	178017824	178017949	0.296518814521702	3.50448526168773E-36
ENSG00000271440	RP11-373N24.2	chr6	28602543	28602626	0.270372151299584	3.62284254587339E-36
ENSG00000113396	SLC27A6	chr5	127873696	127873711	0.296003754653957	3.66978047090921E-36
ENSG00000119614	VXS2	chr14	74706164	74706476	0.267541335004107	3.85936736917324E-36
ENSG00000100341	PNPLA5	chr22	44287876	44288060	0.195399878522644	4.05511162538538E-36
ENSG00000267640	CTD-2554C21.2	chr19	38307902	38308190	0.242947827464046	4.18735212193376E-36
ENSG00000230489	VAV3-AS1	chr1	108507054	108507089	0.273347180979241	4.43672419690457E-36
ENSG00000147576	ADHFE1	chr8	67344498	67344588	0.312206344951526	4.55188027968062E-36
ENSG00000167555	ZNF528	chr19	52900956	52901124	0.27359087068451	5.04800983572327E-36
ENSG00000145687	SSBP2	chr5	80690451	80690532	0.338839501121771	5.96232746265796E-36
ENSG00000213655	CTD-2347I17.1	chr5	122620910	122620938	0.228489469315107	5.96359343318491E-36
ENSG00000228778	RP11-129J12.1	chr10	101287810	101287891	0.304195101900684	6.27445538203512E-36
ENSG00000204347	BTBD17	chr17	72352791	72353514	0.247312786795045	6.69466999986513E-36
ENSG00000252623	RNA5SP481	chr20	30582766	30583098	0.255804440033881	7.43535222021322E-36
ENSG00000239022	AC069082.1	chr15	79383924	79384148	0.226440225286445	7.45527177931979E-36
ENSG00000249562	RP11-116O11.2	chr5	24645076	24645110	0.303381278560052	7.57642096018485E-36
ENSG00000249458	RP11-624A4.1	chr4	177713180	177713436	0.311429524987581	8.84563057438837E-36
ENSG00000161055	SCGB3A1	chr5	180017134	180017184	0.267564300790782	8.88785123439825E-36
ENSG00000200626	RNA5SP325	chr10	108923787	108923857	0.305561413243326	9.2821930499352E-36
ENSG00000116983	HPCAL4	chr1	40149437	40149812	0.263021990360489	1.1060772437631E-35
ENSG00000237921	AC004543.2	chr7	19813244	19813261	0.324889588807881	1.20530406678429E-35
ENSG00000175600	SUGCT	chr7	40174843	40175013	0.138684364785267	1.30957989318839E-35
ENSG00000162631	NTNG1	chr1	107682614	107682654	0.289775145485238	1.47701090113403E-35
ENSG00000225174	OSTM1-AS1	chr6	108440861	108440953	0.311450111886448	1.69035712393509E-35
ENSG00000218868	CNN3P1	chr6	6546438	6546862	0.242811984526372	1.78028857634958E-35
ENSG00000202099	RNU6-234P	chr2	239313042	239313066	0.179724537441124	1.82234806629313E-35
ENSG00000157168	NRG1	chr8	31496526	31497231	0.284634590317466	1.97564187821314E-35
ENSG00000228869	COX4I1P2	chr13	46190028	46190098	0.220887129382241	2.02896281550291E-35
ENSG00000169180	XPO6	chr16	28074227	28075295	0.216130593140172	2.12127485539338E-35
ENSG00000250790	RP11-46H11.3	chr12	133485445	133485721	0.318194785429536	2.64353441030128E-35
ENSG00000134438	RAX	chr18	56934895	56935605	0.301257504385783	2.70292366959261E-35
ENSG00000166501	PRKCB	chr16	23847055	23848101	0.305182018194007	3.1676431892852E-35
ENSG00000244604	RP11-713H12.1	chr17	8532781	8532799	0.331535174719771	3.25865773168458E-35
ENSG00000238063	RP11-329N22.1	chr1	38942156	38942403	0.288332877456771	3.3213851249383E-35
ENSG00000251628	RP11-371M22.1	chr5	113391622	113391726	0.302076178516086	3.39862820209416E-35
ENSG00000255020	AF131216.5	chr8	11204799	11205671	0.274488986228944	3.48354273425231E-35
ENSG00000221240	MIR1258	chr2	180725602	180725645	0.247972515960524	3.66037314222746E-35
ENSG00000198453	ZNF568	chr19	37407214	37407284	0.269989328604077	3.82655533025588E-35
ENSG00000152782	PANK1	chr10	91295275	91295905	0.296563814390742	3.99274676145612E-35
ENSG00000188906	LRRK2	chr12	40618375	40618681	0.271518934330622	4.01495846553484E-35
ENSG00000204612	FOXB2	chr9	79634457	79634965	0.267920014676761	4.50555578765167E-35
ENSG00000172315	TP53RK	chr20	45280414	45280449	0.282848385318526	5.32387216806307E-35
ENSG00000268985	CTD-2528A14.1	chr19	17137099	17137127	0.30260691614568	6.47369405141795E-35
ENSG00000176165	FOXG1	chr14	29235049	29235376	0.310892043229354	6.70745697881067E-35
ENSG00000270036	RP11-685G9.4	chr15	76635953	76635988	0.264340937468108	6.77254604812605E-35
ENSG00000127928	GNGT1	chr7	93205100	93205163	0.276204443118264	7.48235922000975E-35
ENSG00000152223	EPG5	chr18	43419341	43419412	0.254148708066419	7.56832566086727E-35
ENSG00000150471	LPHN3	chr4	62066929	62067097	0.312300508618271	7.80662076397162E-35
ENSG00000259439	RP11-89K21.1	chr2	45155175	45155212	0.343671426031823	8.19096187136758E-35
ENSG00000198108	CHSY3	chr5	129240239	129241196	0.222502171534427	8.57436860369889E-35
ENSG00000252784	Y_RNA	chr1	63796338	63796370	0.285752469259286	8.63661897129571E-35
ENSG00000229520	LINC00404	chr13	112760378	112760490	0.267604400587042	8.65310555192361E-35
ENSG00000133104	SPG20	chr13	36872363	36872368	0.315613027117261	8.86703195239168E-35
ENSG00000259803	SLC22A31	chr16	89267401	89268193	0.277775176947695	1.07481126347317E-34
ENSG00000070366	SMG6	chr17	1960966	1962309	0.268896535089892	1.0876881039098E-34
ENSG00000165731	RET	chr10	43600869	43600926	0.163624311075035	1.19218213187843E-34
ENSG00000253553	RP11-586K2.1	chr8	89339011	89339132	0.284648149072315	1.31794898303686E-34
ENSG00000178919	FOXE1	chr9	100615201	100616137	0.326983558458554	1.39948806876902E-34
ENSG00000184221	OLIG1	chr21	34442235	34442636	0.241371392041621	1.6117373585837E-34
ENSG00000162409	PRKAA2	chr1	57110715	57111408	0.301705771261055	1.76921990632339E-34
ENSG00000121068	TBX2	chr17	59477266	59477860	0.242308803419878	1.80187910335031E-34

ENSG00000145147	SLIT2	chr4	20254736	20254921	0.327584856638385	1.8086345314115E-34
ENSG00000139200	PIANP	chr12	6809229	6809618	0.234898021641	1.88660257058743E-34
ENSG00000130590	SAMD10	chr20	62601398	62601662	0.188688353755642	2.1178728980021E-34
ENSG00000136535	TBR1	chr2	162273268	162273461	0.223614858074173	2.29456338273592E-34
ENSG00000166024	R3HCC1L	chr10	99790910	99791093	0.265545070323827	2.3097483788327E-34
ENSG00000259361	LINC00927	chr15	80544029	80544661	0.253597941263627	2.91578637195232E-34
ENSG00000169330	KIAA1024	chr15	79724289	79725126	0.285641537577419	3.23286274322092E-34
ENSG00000152932	RAB3C	chr5	57878287	57878361	0.189675021513493	3.23372105923309E-34
ENSG00000234233	KCNH1-IT1	chr1	211306938	211306986	0.223138338246575	3.46303131820571E-34
ENSG00000176171	BNIP3	chr10	133795332	133795938	0.245595831242787	3.50425370579689E-34
ENSG00000140557	ST8SIA2	chr15	92937081	92937431	0.266927867345522	3.53258710907935E-34
ENSG00000272944	CTD-2308L22.1	chr2	222435709	222435861	0.145883447767818	3.56701810276955E-34
ENSG00000125492	BARHL1	chr9	135457319	135457433	0.213941423689286	3.80148222630155E-34
ENSG00000152208	GRID2	chr4	93225565	93225593	0.27657532275357	3.96681955878742E-34
ENSG00000269707	RP11-13J10.1	chr2	105470550	105470643	0.236192964593745	4.47925144654866E-34
ENSG00000231918	AC007682.1	chr2	51259451	51259525	0.208752790826144	4.88117992183288E-34
ENSG00000143494	VASH2	chr1	213124529	213124637	0.255316802000388	4.91267137308302E-34
ENSG00000143171	RXRG	chr1	165326122	165326327	0.293514818210918	4.93218887510695E-34
ENSG00000258821	AC005041.17	chr2	74726449	74726642	0.18419940105023	4.96202959569337E-34
ENSG00000151650	VENTX	chr10	135049991	135051044	0.186963771098407	5.63298533789647E-34
ENSG00000257005	RP11-972L6.2	chr12	64061794	64061917	0.232828138103136	5.82800740568737E-34
ENSG00000173320	STOX2	chr4	184826200	184826215	0.298160072941894	5.97818015406793E-34
ENSG00000200745	RNU1-31P	chr2	237145106	237145152	0.261072774077466	6.30473576711368E-34
ENSG00000145777	TSLP	chr5	110406483	110406601	0.294963269933516	6.62506702043878E-34
ENSG00000169184	MN1	chr22	28194014	28194051	0.376861412069722	6.70474742913454E-34
ENSG00000253979	RP11-443C10.2	chr5	178772076	178772462	0.291705930372068	6.90669881593188E-34
ENSG00000168875	SOX14	chr3	137483503	137483575	0.268054904772945	7.09904697346369E-34
ENSG00000237852	RP4-630A11.3	chr1	65991331	65991493	0.277851072507186	7.47740769386039E-34
ENSG00000238230	LINC00391	chr13	95355226	95355281	0.26373131331114	7.78551799894142E-34
ENSG00000170419	VSTM2A	chr7	54609901	54610139	0.290234463532844	8.14091038058119E-34
ENSG00000116132	PRRX1	chr1	170630633	170630784	0.243785287773944	8.51577440249214E-34
ENSG00000187952	HS6ST1P1	chr1	21754489	21754868	0.266805850521675	9.04492993597507E-34
ENSG00000252261	RNA5SP262	chr8	32078254	32078304	0.236687230058246	9.41427660132E-34
ENSG00000264674	AP000911.1	chr11	133825595	133825602	0.226183966841075	9.62132536134565E-34
ENSG00000272457	RP11-1070A24.2	chr8	54789207	54789221	0.308708629940407	9.99188952020953E-34
ENSG00000235939	RP11-123B3.2	chr10	50606683	50606718	0.279573642497586	1.066265345664E-33
ENSG00000170989	S1PR1	chr1	101702448	101702744	0.27375250447867	1.09124454045682E-33
ENSG00000171956	FOXB1	chr15	60296555	60296861	0.231777063958345	1.09872717181289E-33
ENSG00000077009	NMRK2	chr19	3933114	3933184	0.145791355124991	1.10413257175513E-33
ENSG00000214176	PLEKHM1P	chr17	62775545	62775588	0.272943176233821	1.10582319180918E-33
ENSG00000198963	RORB	chr9	77111779	77112239	0.294607026618485	1.14550981810936E-33
ENSG00000267045	AC006126.4	chr19	45737485	45738088	0.348437768582275	1.17152839069259E-33
ENSG00000267034	RP11-384O8.1	chr2	223177574	223177624	0.246718706753966	1.3582612941164E-33
ENSG00000271546	RP4-725K1.1	chr1	145075647	145075844	0.229428722458994	1.38971837074429E-33
ENSG00000214336	FOXI3	chr2	88751336	88752426	0.252831778623789	1.53787716475629E-33
ENSG00000227640	SOX21-AS1	chr13	95364982	95365101	0.256655936195254	1.56777371675925E-33
ENSG00000188573	FBLL1	chr5	167956245	167956982	0.270270577006189	1.7413331840274E-33
ENSG00000125813	PAX1	chr20	21686220	21686325	0.298410808525426	1.78668419232662E-33
ENSG00000183114	FAM43B	chr1	20878905	20878930	0.242183712414468	1.8588021265925E-33
ENSG00000226068	HNRNPA3P4	chr6	48036584	48036776	0.317857796758393	1.92337577454308E-33
ENSG00000254667	AP000783.1	chr11	123301030	123302148	0.308226833495374	2.11812231972221E-33
ENSG00000225930	AC026150.5	chr15	30484712	30484822	0.242945077345656	2.18080254374264E-33
ENSG00000144619	CNTN4	chr3	2140254	2140415	0.281701987528646	2.19848639662724E-33
ENSG00000228194	CTA-415G2.2	chr22	33453896	33454485	0.257994246887803	2.29391749076974E-33
ENSG00000165646	SLC18A2	chr10	119000562	119000930	0.267914651137372	2.36813454858858E-33
ENSG00000259981	AF096876.1	chr21	31312489	31312539	0.323207354941434	2.36864691736438E-33
ENSG00000167654	ATCAY	chr19	3880719	3880774	0.261186044411543	2.69856860126622E-33
ENSG00000186448	ZNF197	chr3	44626326	44626400	0.288296193985991	2.76743059847728E-33
ENSG00000198626	RYR2	chr1	237205157	237205976	0.329979409477714	3.15442437793764E-33
ENSG00000250017	RP11-484L7.2	chr5	45695281	45695301	0.328936939807791	3.27582851933978E-33
ENSG00000070748	CHAT	chr10	50817104	50817173	0.278096675657631	3.57637120519181E-33
ENSG00000161914	ZNF653	chr19	11593016	11593181	0.225565185686576	3.84916515147191E-33
ENSG00000150893	FREM2	chr13	39261237	39261730	0.216288395457182	3.88971336490138E-33
ENSG00000181234	TMEM132C	chr12	128751068	128752325	0.32097174730582	4.01080808498317E-33
ENSG00000095777	MYO3A	chr10	26222932	26223387	0.314680692733373	4.07336340668338E-33
ENSG00000119919	NKX2-3	chr10	101292626	101292651	0.215057920271468	4.32869032595124E-33
ENSG00000259041	RP11-167B3.1	chr15	98835831	98835875	0.122286285436871	4.4894896298232E-33
ENSG00000108278	ZNHIT3	chr17	34839287	34839389	0.202164245952317	4.77813091055319E-33
ENSG00000231362	RP11-715I4.1	chr3	13114324	13114343	0.172605683967345	5.19641927421369E-33

ENSG00000106526	ACTR3C	chr7	149918135	149918286	0.332000269760165	5.21609585591026E-33
ENSG00000183798	EMILIN3	chr20	39995131	39995600	0.28409726663972	5.22346506310577E-33
ENSG00000182968	SOX1	chr13	112725915	112726154	0.244893547112289	5.30074436027684E-33
ENSG00000006116	CACNG3	chr16	24266884	24266984	0.229992038538693	5.34465252793467E-33
ENSG00000258197	NKX2-2-AS1	chr20	21492624	21493212	0.233401294632907	5.69890190964503E-33
ENSG00000079950	STX7	chr6	132723129	132723214	0.294731748285333	6.64551086170933E-33
ENSG00000198914	POU3F3	chr2	105471889	105473052	0.26569119948869	7.05504712830622E-33
ENSG00000213626	LBH	chr2	30454013	30454385	0.226224139548644	7.11720092434598E-33
ENSG00000225975	AC074138.3	chr19	37158058	37158138	0.244396143862952	7.11836704179401E-33
ENSG00000219016	CTA-299D3.8	chr22	48970871	48970925	0.2673855060518	7.43110216042857E-33
ENSG00000104059	FAM189A1	chr15	29408181	29408225	0.260520864130776	7.84298201001417E-33
ENSG00000196867	ZFP28	chr19	57049889	57050043	0.288043952014086	8.32975108837707E-33
ENSG00000080224	EPHA6	chr3	96533393	96533530	0.333267316157823	8.52319957794727E-33
ENSG00000114948	ADAM23	chr2	207308153	207308889	0.298349865549121	9.16123430475164E-33
ENSG00000235688	AC116614.1	chr2	945423	945470	0.261011481334436	9.27078707229758E-33
ENSG00000250448	RP11-19O2.2	chr5	16179797	16180454	0.322576826527483	9.47984902617001E-33
ENSG00000151640	DPYSL4	chr10	133999775	134000341	0.273690810173043	9.82769247334314E-33
ENSG00000174611	KY	chr3	134370198	134370231	0.218244718903037	9.8463318096245E-33
ENSG00000180053	NKX2-6	chr8	23559747	23560647	0.22677420011332	1.02577885101559E-32
ENSG00000259881	RP11-830F9.5	chr16	88947161	88947232	0.382296668688086	1.0458457789421E-32
ENSG00000212044	CR812485.1	chr1	149326269	149326334	0.231470043089447	1.13473507357331E-32
ENSG00000226828	RP11-278H7.1	chr1	244080551	244080781	0.288728899564256	1.19311392814308E-32
ENSG00000267473	AC005789.11	chr19	38886845	38886885	0.310813535065657	1.30798428740545E-32
ENSG00000238284	AC027269.2	chr7	42533405	42533453	0.310575155756306	1.34707788215995E-32
ENSG00000182575	NXPH3	chr17	47652900	47653496	0.176877259178868	1.40768049391171E-32
ENSG00000233557	NFU1P2	chr1	98519701	98519739	0.304603366513843	1.55108931034893E-32
ENSG00000166402	TUB	chr11	8040410	8041629	0.240345903591952	1.64504147554875E-32
ENSG00000186479	RGS7BP	chr5	63802099	63802604	0.243577758235785	1.68708413880148E-32
ENSG00000244078	RP11-431I8.1	chr3	159944279	159944430	0.230762577178626	1.71692294641419E-32
ENSG00000249843	RP11-45H22.2	chr5	54179364	54179452	0.311188149698344	1.78444964933074E-32
ENSG00000158473	CD1D	chr1	158150649	158150738	0.226092657615787	1.82092360555788E-32
ENSG00000139209	SLC38A4	chr12	47226253	47226294	0.274498548000591	1.89481134572393E-32
ENSG00000107485	GATA3	chr10	8095382	8095675	0.28231035955398	2.00193767507638E-32
ENSG00000221211	AC078794.1	chr3	122641158	122641354	0.26890720636297	2.04628260332807E-32
ENSG00000237125	HAND2-AS1	chr4	174448302	174448397	0.249220608816287	2.210333288584E-32
ENSG00000112964	GHR	chr5	42423883	42424075	0.24782072301657	2.24439824725244E-32
ENSG00000171435	KSR2	chr12	117799253	117799429	0.256240741561865	2.31839021381112E-32
ENSG00000255686	RP11-227B21.2	chr12	117799253	117799429	0.256240741561865	2.31839021381112E-32
ENSG00000252860	RNU6-570P	chr1	200010740	200010810	0.242725848035405	2.32046187810196E-32
ENSG00000014164	ZC3H3	chr8	144511741	144513003	0.159152725522649	2.40753730122543E-32
ENSG00000267280	RP11-332H18.4	chr17	59473083	59473428	0.248681157753989	2.64804220654033E-32
ENSG00000236117	RP4-754E20_A.5	chr22	43740230	43740265	0.25854699176	2.74097976139544E-32
ENSG00000083168	KAT6A	chr8	41755517	41755543	0.261537515254436	2.81070287365408E-32
ENSG00000112333	NR2E1	chr6	108487308	108487376	0.279249430592899	2.86027311210333E-32
ENSG00000266216	AL359538.2	chr13	25115837	25116491	0.242461328347024	2.94866573772547E-32
ENSG00000237984	PTENP1	chr9	33677102	33677449	0.251306666789365	3.18569981056692E-32
ENSG00000124302	CHST8	chr19	34112594	34113214	0.271485644031137	3.25372739860494E-32
ENSG00000138650	PCDH10	chr4	134070187	134070437	0.323731036664338	3.27585465251625E-32
ENSG00000130270	ATP8B3	chr19	1776028	1776455	0.326926231315261	3.27595934763419E-32
ENSG00000111981	ULBP1	chr6	150285088	150285139	0.131811954560015	3.31647465039902E-32
ENSG00000131508	UBE2D2	chr5	138906050	138906070	0.451890466216336	3.50888150618353E-32
ENSG00000241749	RPSAP52	chr12	66123181	66123314	0.278909235781444	3.57457328190374E-32
ENSG00000230646	KLF2P2	chr2	131185198	131185393	0.238123691693381	3.62574254823929E-32
ENSG00000269383	AC012493.2	chr2	100938289	100939056	0.282233677111068	3.74297405671705E-32
ENSG00000175084	DES	chr2	220283085	220283739	0.281587162943464	3.93903389830449E-32
LRG_380	LRG_380	chr2	220283085	220283739	0.281587162943464	3.93903389830449E-32
ENSG00000197838	CYP2A13	chr19	41595896	41596137	0.276821839429606	4.19575862581911E-32
ENSG00000203877	RIPPLY2	chr6	84562821	84563254	0.288812267872076	4.2193359336271E-32
ENSG00000229299	RP4-583P15.10	chr20	62406347	62406392	0.25847319338518	4.71080672364932E-32
ENSG00000140945	CDH13	chr16	82660432	82660554	0.234715821739881	4.85432484239755E-32
ENSG00000236617	RP11-46H11.12	chr12	133463694	133464392	0.269447215505487	5.23157927774813E-32
ENSG00000139515	PDX1	chr13	28500800	28500899	0.283483515572996	5.61349612238373E-32
ENSG00000177508	IRX3	chr16	54316904	54317129	0.221271872233402	5.80455388403758E-32
ENSG00000225903	RP1-144F13.3	chr1	40105021	40105704	0.234216867304286	5.86523120987534E-32
ENSG00000250105	CTD-3074O7.2	chr11	66326488	66326913	0.277734238353687	6.28700199390949E-32
ENSG00000153563	CD8A	chr2	87015977	87016054	0.285436540763259	6.53779292810413E-32
ENSG00000184985	SORCS2	chr4	7194241	7195002	0.23225756183711	6.72776726166008E-32
ENSG00000168959	GRM5	chr11	88241582	88241626	0.322965079431083	7.83762248976603E-32
ENSG00000255082	GRM5-AS1	chr11	88241582	88241626	0.322965079431083	7.83762248976603E-32

ENSG00000164830	OXR1	chr8	107284006	107284102	0.149804268419256	7.98116613941802E-32
ENSG00000168267	PTF1A	chr10	23481036	23481594	0.298789618301207	8.52968755588812E-32
ENSG00000178814	OPLAH	chr8	145106058	145106503	0.298787047898331	8.79081418255031E-32
ENSG00000222238	RNU2-43P	chr10	103051412	103051685	0.214504532032178	8.84013853949856E-32
ENSG00000235111	RP1-29C18.8	chr22	50025534	50025760	0.12406316886773	8.87916590403042E-32
ENSG00000137872	SEMA6D	chr15	47476241	47476303	0.280726577943838	9.64541190075422E-32
ENSG00000234559	AC079776.4	chr2	130692030	130692086	0.209643064521522	9.87824518385196E-32
ENSG00000257510	RP11-609L23.1	chr12	42984224	42984373	0.257657233413644	9.99619254880646E-32
ENSG00000128253	RFPL2	chr22	32572320	32572344	0.315601530596561	1.07400192048008E-31
ENSG00000052850	ALX4	chr11	44330555	44331672	0.281893356554998	1.07866738572027E-31
ENSG00000036828	CASR	chr3	121902482	121902510	0.314643134161475	1.09319186139916E-31
ENSG00000255242	C14orf169	chr14	73958699	73958922	0.10919640894907	1.19027466650493E-31
ENSG00000270163	RP11-1085N6.6	chr14	57265990	57266056	0.294197824344968	1.30214637459258E-31
ENSG00000136099	PCDH8	chr13	53422555	53422871	0.272022817489723	1.40059304943902E-31
ENSG00000259410	RP11-34F13.3	chr15	68122330	68122560	0.243698749419299	1.41359098042348E-31
ENSG00000154277	UCHL1	chr4	41258511	41258535	0.270939566405026	1.57512117794235E-31
ENSG00000135502	SLC26A10	chr12	58014562	58014590	0.266179853865628	1.61450801084854E-31
ENSG00000253052	U3	chr12	29937497	29937528	0.325366761132137	1.6377096543206E-31
ENSG00000237503	RP5-998N21.3	chr1	149334301	149334349	0.283883440793431	1.8063796630994E-31
ENSG00000238113	RP11-262H14.1	chr9	66457040	66457050	0.174863849536565	1.85627137477879E-31
ENSG00000255537	AP000708.1	chr11	125365138	125365236	0.305151507107916	1.87662930966493E-31
ENSG00000042317	SPATA7	chr14	88793680	88793792	0.219554061576464	2.07740074543507E-31
ENSG00000236924	RP11-390F4.6	chr9	6645295	6645747	0.226568728813331	2.08777922015507E-31
ENSG00000252432	AP001032.1	chr18	5629622	5630462	0.268524623176692	2.13551621125045E-31
ENSG00000144868	TMEM108	chr3	132756991	132757335	0.261004110659674	2.26586594769972E-31
ENSG00000265524	AC134300.1	chr16	19896791	19897150	0.110212995099544	2.62954710265123E-31
ENSG00000119865	CNRIP1	chr2	68547010	68547099	0.315386973745246	2.7105259609337E-31
ENSG00000166573	GALR1	chr18	74961895	74962794	0.276159217272678	2.80557319768398E-31
ENSG00000008196	TFAP2B	chr6	50787291	50787361	0.278058269509335	2.96917306905861E-31
ENSG00000169604	ANTXR1	chr2	69240307	69240373	0.206355635760523	3.30727669133535E-31
ENSG00000136014	USP44	chr12	95943099	95943131	0.253737014842205	3.46028903271917E-31
ENSG00000137501	SYTL2	chr11	85422120	85422168	0.337566210805441	3.49581659070415E-31
ENSG00000238895	snoU13	chr12	128850696	128850754	0.267455735999856	3.55830522145758E-31
ENSG00000117154	IGSF21	chr1	18434312	18434802	0.322141785500329	3.64739725162116E-31
ENSG00000077616	NAALAD2	chr11	89867396	89867420	0.260700675936448	4.05524934336203E-31
ENSG00000226615	AC018696.1	chr2	91635653	91635736	0.391870913258696	4.16795463021707E-31
ENSG00000255280	CTD-2530H12.5	chr11	75378182	75378185	0.162114399657234	4.44118494922505E-31
ENSG00000267472	LOC440461	chr17	66195052	66195066	0.257567517361957	5.10021535278932E-31
ENSG00000250451	HOXC-AS1	chr12	54392857	54392884	0.167495982545705	5.16731645873855E-31
ENSG00000266782	MIR3663	chr10	118927207	118927255	0.195924554894976	5.23146730347956E-31
ENSG00000200275	RNA5SP199	chr5	155109505	155109536	0.328595086441374	5.31916074605437E-31
ENSG00000184530	C6orf58	chr6	127840530	127840575	0.255762028768037	5.50172154360938E-31
ENSG00000234056	AMER2-AS1	chr13	25746581	25746587	0.205163634582866	5.79661192944291E-31
ENSG00000121005	CRISPLD1	chr8	75896529	75896896	0.300786177156128	5.80114313277148E-31
ENSG00000105664	COMP	chr19	18901808	18902273	0.220348047022355	5.89920576107759E-31
ENSG00000255085	AF186192.5	chr8	145925597	145925763	0.31473903699909	5.95422930823265E-31
ENSG00000218582	GAPDHP63	chr6	80657400	80657586	0.272083630909044	6.32075542420398E-31
ENSG00000164117	FBXO8	chr4	175139710	175139755	0.231824899029539	7.70403284142341E-31
ENSG00000265545	RP11-183C12.1	chr18	4456290	4456311	0.247204600632408	7.84187989147228E-31
ENSG00000199620	RNA5SP258	chr8	25909270	25909685	0.257929795032427	7.96087746210898E-31
ENSG00000183580	FBXL7	chr5	15500085	15500917	0.257638121438049	8.14737468203754E-31
ENSG00000135477	KRT121P	chr12	52652019	52652735	0.226843624427814	8.17740415070625E-31
ENSG00000259404	EFTUD1P1	chr15	84748862	84749016	0.282830608277369	8.51064484724233E-31
ENSG00000266355	AL117334.1	chr20	3387997	3388891	0.249686566661618	8.8952548458223E-31
ENSG00000174080	CTSF	chr11	66335539	66336322	0.21348323489806	9.3219737021649E-31
ENSG00000151572	ANO4	chr12	101110756	101111295	0.277718222395733	9.81289042573794E-31
ENSG00000225323	Z84721.4	chr16	216869	216940	0.192881894131829	9.87897177577373E-31
ENSG00000151655	ITIH2	chr10	7709962	7710012	0.254518385510703	1.00938278964581E-30
ENSG00000197265	GTF2E2	chr8	30414014	30414121	0.245092927667238	1.07842076778029E-30
LRG_246	LRG_246	chr2	176981232	176981409	0.290775846178765	1.08979620427648E-30
ENSG00000125851	PCSK2	chr20	17206529	17206744	0.27543640108127	1.13847552709368E-30
ENSG00000184752	NDUFA12	chr12	95267137	95267336	0.271555596010808	1.14858956311734E-30
ENSG00000266439	RN7SL493P	chr16	10277496	10277505	0.230873295177793	1.22781732723673E-30
ENSG00000170500	LONRF2	chr2	100937780	100938166	0.311073344694244	1.24537043354277E-30
ENSG00000246774	AC004051.2	chr4	110224141	110224256	0.301843487959697	1.32320364375671E-30
ENSG00000132842	AP3B1	chr5	77269211	77269363	0.271969270110017	1.34395899325485E-30
ENSG00000134121	CHL1	chr3	238224	238274	0.321923041842836	1.35122862447505E-30
ENSG00000177519	RPRM	chr2	154333946	154333970	0.250239262785797	1.40120827090692E-30
ENSG00000128011	LRFN1	chr19	39798359	39798737	0.363666997330004	1.40708136764322E-30

ENSG00000169877	AHSP	chr16	31540515	31540603	0.332642327961581	1.61559230214848E-30
ENSG00000267454	ZNF582-AS1	chr19	56904815	56905079	0.253469076432836	1.72948247120126E-30
ENSG00000250816	DCAF13P2	chr5	17216627	17216703	0.127920714613884	1.7375581982324E-30
ENSG00000110148	CCKBR	chr11	6280988	6281306	0.236428442887903	1.82850207866023E-30
ENSG00000264698	MIR4255	chr1	37501158	37501196	0.206710222685278	1.82866820785879E-30
ENSG00000227128	LBX1-AS1	chr10	102989376	102989587	0.176992287673924	1.9429000890162E-30
ENSG00000230186	RP5-998N21.7	chr1	149399911	149400028	0.272290594975807	1.99143279202025E-30
ENSG00000122859	NEUROG3	chr10	71331452	71331622	0.279170626183508	2.05290357550986E-30
ENSG00000183662	FAM19A1	chr3	68056900	68056964	0.270643448584447	2.19634117848178E-30
ENSG00000222014	RAB6C	chr2	130737223	130737369	0.239213684928631	2.26089207536739E-30
ENSG00000186895	FGF3	chr11	69633324	69634153	0.241023545201054	2.261035460015E-30
ENSG00000248540	RP11-247C2.2	chr15	74421523	74421584	0.235886194013947	2.26526082085685E-30
ENSG00000188505	NCCRP1	chr19	39687598	39687865	0.256730648419961	2.30022038331256E-30
ENSG00000187984	ANKRD19P	chr9	95571244	95571841	0.150466740770578	2.34991152461711E-30
ENSG00000178860	MSC	chr8	72756710	72756935	0.285404962819027	2.36161756929107E-30
ENSG00000183780	SLC35F3	chr1	234040299	234040781	0.2461821304359	2.46655268338028E-30
ENSG00000144810	COL8A1	chr3	99357581	99357619	0.262678746610751	2.52917086156841E-30
ENSG00000175175	PPM1E	chr17	56833060	56833273	0.164639937425961	2.56612687794853E-30
ENSG00000153266	FEZF2	chr3	62355289	62355321	0.279591823879084	2.59215753825749E-30
ENSG00000182687	GALR2	chr17	74070858	74071168	0.212986473493132	2.7117907431649E-30
ENSG00000226390	RP11-358D14.2	chr20	62079616	62079663	0.23999386380723	2.79275088578293E-30
ENSG00000236333	TRHDE-AS1	chr12	72667707	72667745	0.295716753762948	2.80575782091257E-30
ENSG00000221754	MIR1260A	chr14	77736627	77736682	0.281507626007514	2.90353949598958E-30
ENSG00000215218	UBE2QL1	chr5	6448826	6449090	0.219347622847299	2.92094007527604E-30
ENSG00000196646	ZNF136	chr19	12267441	12267600	0.270528672498399	3.25159622542309E-30
ENSG00000229068	TMPOP1	chr6	30432265	30432318	0.200487324307169	3.42236560215205E-30
ENSG00000159217	IGF2BP1	chr17	47074767	47074955	0.271152784823986	3.64076102967306E-30
ENSG00000076351	SLC46A1	chr17	26708366	26708783	0.291060194842982	3.6893268653867E-30
ENSG00000172782	FADS6	chr17	72889358	72890059	0.156053552772025	3.80221018110347E-30
ENSG00000164532	TBX20	chr7	35226450	35226571	0.282438763588956	3.887010137345731E-30
ENSG00000151702	FLI1	chr11	128556482	128556611	0.303909550530639	3.92003977801127E-30
ENSG00000234215	RP5-942I16.1	chr7	69062204	69062254	0.304381471132184	3.93310716423528E-30
ENSG00000238029	AC012493.1	chr2	101033987	101034295	0.259019273517893	4.45483203578231E-30
ENSG00000234685	NUS1P2	chr13	23489603	23490057	0.204467423735346	4.53995147278161E-30
ENSG00000058804	NDC1	chr1	54204308	54204604	0.231760853391766	4.7549870738333E-30
ENSG00000178125	PPP1R42	chr8	67875668	67875713	0.275529890055708	4.77758873200838E-30
ENSG00000115896	PLCL1	chr2	198670271	198670303	0.12719978739278	4.92252422457804E-30
ENSG00000214263	RPSAP53	chr13	67805624	67805634	0.297516054512524	4.94527517278177E-30
ENSG00000226886	AC093787.1	chr2	132795557	132795759	0.347227904736509	5.31885876356827E-30
ENSG00000249641	HOXC13-AS	chr12	54329877	54329933	0.264375130894672	5.75259881527039E-30
ENSG00000157103	SLC6A1	chr3	11034863	11034907	0.2318725567656	5.78407569043029E-30
ENSG00000144229	THSD7B	chr2	137522856	137523045	0.282851994583393	6.26568884976093E-30
ENSG00000261090	RP11-20G6.2	chr16	22960130	22960216	0.114134700008255	6.51432862129866E-30
ENSG00000224269	AP000697.6	chr21	38069999	38070194	0.204835552539657	6.62502218207531E-30
ENSG00000176383	B3GNT4	chr12	122687955	122688969	0.101347066654537	6.724010963255E-30
ENSG00000212305	RNU6-679P	chr5	11904086	11904731	0.245553013559374	6.9766282516788E-30
ENSG00000270275	RP11-53M11.4	chr8	55382565	55383188	0.296223829453342	7.19679561759514E-30
ENSG00000255583	RP11-415I12.2	chr12	64062940	64063113	0.232798765969559	7.24064090821537E-30
ENSG00000245812	RP11-175K6.1	chr5	158527382	158527608	0.242831664757919	7.34848401306077E-30
ENSG00000175745	NR2F1	chr5	92930499	92930705	0.324729370148818	7.63787849278256E-30
ENSG00000235993	AC007559.1	chr2	230578088	230578216	0.186251834797278	7.66982088834111E-30
ENSG00000202344	RN7SKP208	chr2	56150745	56151179	0.243426196838354	7.87945007501782E-30
ENSG00000197050	ZNF420	chr19	37464667	37464751	0.304811143357703	7.91537630600748E-30
ENSG00000164116	GUCY1A3	chr4	156587884	156587892	0.243969599208701	8.23619881079388E-30
ENSG00000229142	HCG4P8	chr6	29796124	29796206	0.236186851819122	8.39449230003256E-30
ENSG00000269473	CTD-2619J13.19	chr19	58951756	58951895	0.268468133117478	8.60067948390085E-30
ENSG00000142700	DMRTA2	chr1	50883198	50883217	0.288226582466157	9.2533984712888E-30
ENSG00000249041	RP11-21G20.3	chr4	155665970	155665996	0.274258782820936	9.46544296052288E-30
ENSG00000236603	RANP1	chr6	30449898	30449913	0.161684725243454	9.46676046671507E-30
ENSG00000087258	GNAO1	chr16	56224741	56225360	0.286588851283428	9.47432199146058E-30
ENSG00000132518	GUCY2D	chr17	7906529	7907001	0.325268671021875	9.55263833819665E-30
ENSG00000088854	C20orf194	chr20	3220985	3221035	0.243077415318987	9.72094534943427E-30
ENSG00000101438	SLC32A1	chr20	37358018	37358096	0.284555030207332	9.73498432226961E-30
ENSG00000102924	CBLN1	chr16	49311698	49311848	0.236760202615905	9.96179546590371E-30
ENSG00000131459	GFPT2	chr5	179780425	179780663	0.259800482326418	1.01999731980968E-29
ENSG00000137168	PPIL1	chr6	36808764	36808807	0.235621892601104	1.07600025035946E-29
ENSG00000182621	PLCB1	chr20	8112702	8112840	0.23199183076768	1.14519941833178E-29
ENSG00000253642	RP11-317N12.1	chr8	33457822	33457869	0.221561642526237	1.14955514741598E-29
ENSG00000221610	AC107890.1	chr8	114444370	114444527	0.278178650994447	1.18471244238746E-29

ENSG00000164418	GRIK2	chr6	101850163	101850196	0.292737063614359	1.19862777854865E-29
ENSG00000272864	RP11-17E13.2	chr1	75139239	75139398	0.334545655009956	1.23412036721657E-29
ENSG00000201142	RNVU1-8	chr1	146551399	146551536	0.272838781311111	1.28551286113811E-29
ENSG00000063241	ISOC2	chr19	55962825	55963170	0.44146563506937	1.36107618132994E-29
ENSG00000137090	DMRT1	chr9	841539	842216	0.280398620701648	1.49240849083696E-29
ENSG00000265324	AC005020.1	chr7	99178127	99178175	0.2154181185633	1.54806019810141E-29
ENSG00000061918	GUCY1B3	chr4	156680096	156680654	0.27937486072403	1.58681336251344E-29
ENSG00000223973	AC068491.3	chr2	112124457	112124488	0.38052211101379	1.63446325837462E-29
ENSG00000231448	RP11-763B22.9	chr1	148853997	148854052	0.267406843915434	1.66870814468386E-29
ENSG00000162676	GFI1	chr1	92947559	92947643	0.301442889776807	1.70111233880923E-29
ENSG00000223652	AC106786.1	chr5	122422903	122422951	0.274397466825654	1.71062383839121E-29
ENSG00000184486	POU3F2	chr6	99282607	99283106	0.21762542674388	1.76276485817508E-29
ENSG00000229505	RP4-682E18.1	chr1	86620434	86620459	0.242130003925321	1.83270179147576E-29
ENSG00000259961	RP4-597A16.2	chr1	13839711	13839816	0.211368912104196	1.86637988772125E-29
ENSG00000196367	TRRAP	chr7	98467980	98468057	0.278652732263057	1.89838668923854E-29
ENSG00000166833	NAV2	chr11	19368181	19368277	0.251452347852301	1.99310258454796E-29
ENSG00000128989	ARPP19	chr15	52820626	52820668	0.123523265882349	2.04502945357291E-29
ENSG00000082482	KCNK2	chr1	215255213	215255274	0.278542949831263	2.20938951829236E-29
ENSG00000258776	RP11-1085N6.5	chr14	57283968	57284319	0.27627694489875	2.42004899488495E-29
ENSG00000180440	SERTM1	chr13	37247955	37248305	0.29304642674565	2.46091386935908E-29
ENSG00000147596	PRDM14	chr8	70947440	70947562	0.267605049660019	2.48321292687453E-29
ENSG00000226172	RP4-712E4.1	chr1	119542277	119542314	0.2208692230765	2.58795736544831E-29
ENSG00000204624	PTCHD2	chr1	11540227	11540381	0.208041714029455	2.62022292460949E-29
ENSG00000044524	EPHA3	chr3	89156689	89156740	0.20310659984209	2.78201994736802E-29
ENSG00000112164	GLP1R	chr6	39016326	39016807	0.275372010129472	2.99285013380696E-29
ENSG00000254002	RP11-213G6.2	chr8	23583987	23584042	0.246776056048535	3.06873971059374E-29
ENSG00000273312	RP11-425A6.5	chr10	35896968	35897150	0.273302234497611	3.18107866507451E-29
ENSG00000112531	QKI	chr6	163834730	163835157	0.257279807440575	3.37198048802885E-29
ENSG00000188580	NKAIN2	chr6	124125227	124125308	0.22936898170654	3.53713823176799E-29
ENSG00000164236	ANKRD33B	chr5	10563702	10564951	0.167022577956465	3.5560323180645E-29
ENSG00000123407	HOXC12	chr12	54348606	54348629	0.172404301539592	3.58656035542497E-29
ENSG00000260305	NTRK3-AS1	chr15	88798545	88798580	0.2890484796535	3.95398405769248E-29
ENSG00000187323	DCC	chr18	49866361	49866691	0.253028910090611	4.0082617160305E-29
ENSG00000088882	CPXM1	chr20	2780979	2781496	0.31958021075693	4.03962417347701E-29
ENSG00000220008	LINGO3	chr19	2289945	2289958	0.189558601861128	4.09658257727302E-29
ENSG00000158258	CLSTN2	chr3	139653754	139654317	0.238915784089185	4.15375582372466E-29
ENSG00000224905	AP001347.6	chr21	15399712	15399749	0.249074955861687	4.26329636598513E-29
ENSG00000167889	MGAT5B	chr17	74864350	74865092	0.175897054428322	4.51152975135207E-29
ENSG00000227365	AC008060.5	chr7	155302867	155302990	0.266279971649618	4.52653512076322E-29
ENSG00000132975	GPR12	chr13	27334616	27335204	0.242579405822789	4.73732409455055E-29
ENSG00000080845	DLGAP4	chr20	34893806	34894102	0.250363893083707	4.88634666335468E-29
ENSG00000237844	AC092684.1	chr2	164593398	164593498	0.281662242958724	4.91106784215287E-29
ENSG00000196549	MME	chr3	154797399	154797779	0.275192995836283	5.0716957925678E-29
ENSG00000185149	NPY2R	chr4	156129727	156129783	0.272206236696282	5.11873399831071E-29
ENSG00000232903	LINC01166	chr10	134756574	134756806	0.218522994682035	5.14505548710268E-29
ENSG00000236279	CLEC2L	chr7	139208286	139209143	0.248634614491972	5.18632391862429E-29
ENSG00000164736	SOX17	chr8	55370129	55371569	0.254320099243255	5.61787374555607E-29
ENSG00000267388	AF038458.5	chr19	36454614	36454623	0.243488223326571	5.64117922587701E-29
ENSG00000242248	RPL7AP57	chr11	91956492	91956543	0.280128924246488	5.99477346928764E-29
ENSG00000199276	RNA5SP26	chr13	38443104	38443242	0.251316135925168	6.30241733742515E-29
ENSG00000237087	AC068134.6	chr2	233284760	233284791	0.191318565110835	6.81077193437321E-29
ENSG00000203818	HIST2H3PS2	chr1	149400146	149400219	0.258107452239415	7.09427359354411E-29
ENSG00000268898	AC007377.1	chr2	40678173	40678222	0.251702595956326	7.35155371108335E-29
ENSG00000225667	LINC00505	chr1	46932703	46932863	0.136207309120604	7.66170277507411E-29
ENSG00000223741	PSMD4P1	chr21	37914873	37915137	0.187733523821155	7.88197750738167E-29
ENSG00000120664	SPG20OS	chr13	36920264	36920673	0.268356248274521	7.91770815128816E-29
ENSG00000242943	NKAIN1P1	chr1	148864532	148864641	0.24650197455005	8.28001809255885E-29
ENSG00000226500	RP11-196G18.1	chr1	149719831	149719879	0.239620061110544	8.29893972235505E-29
ENSG00000154134	ROBO3	chr11	124735196	124735412	0.204977569086694	8.34403872021652E-29
ENSG00000171310	CHST11	chr12	104850140	104850173	0.285966811625768	8.78437919123998E-29
ENSG00000143340	FAM163A	chr1	179712126	179712749	0.294150181920008	8.93129580806587E-29
ENSG00000221923	ZNF880	chr19	52873085	52873225	0.291727290976356	9.17665669740474E-29
ENSG00000132182	NUP210	chr3	13324450	13324928	0.249313277809203	9.35141446545222E-29
ENSG00000137252	HCRTR2	chr6	55039259	55039297	0.256039489418753	9.78111925681609E-29
ENSG00000253988	RP11-489O18.1	chr8	139095130	139095220	0.367406525762053	1.0026763659511E-28
ENSG00000270479	RP11-369G6.3	chr19	23300233	23300278	0.277811045741667	1.00577283735309E-28
ENSG00000268467	AP000889.3	chr11	107462375	107462771	0.248234133523184	1.0907183762578E-28
ENSG00000185942	NKAIN3	chr8	63161172	63161185	0.207969811695195	1.14208615975856E-28
ENSG00000115295	CLIP4	chr2	29338053	29338766	0.263919218644619	1.22870550110494E-28

ENSG00000151322	NPAS3	chr14	33403740	33404249	0.275753431812521	1.24400872370986E-28
ENSG00000253563	NKX2-1-AS1	chr14	36988021	36988469	0.235988998477825	1.25818361842239E-28
ENSG00000199077	MIR129-2	chr11	43602694	43603214	0.299047334114926	1.29641586011991E-28
ENSG00000239402	CYP4F62P	chr2	131186478	131186495	0.242745589949639	1.31156014385509E-28
ENSG0000026025	VIM	chr10	17271090	17271199	0.170632666193044	1.39596135648307E-28
ENSG00000227432	AC053503.11	chr2	220348182	220348411	0.200176597612821	1.40521309005496E-28
ENSG00000201566	Y RNA	chr7	37488069	37488488	0.358742505061679	1.44548448230667E-28
ENSG00000173110	HSPA6	chr1	161494461	161495036	0.100282555102759	1.5283873989222E-28
ENSG00000157510	AFAP1L1	chr5	148651058	148651589	0.248337483755468	1.59658521519514E-28
ENSG00000233850	AC103563.8	chr2	95690858	95690945	0.249145176237149	1.68033785642938E-28
ENSG00000261949	GFY	chr19	49926494	49926515	0.176398247211352	1.79044718769042E-28
ENSG00000261052	SULT1A3	chr16	30205968	30206202	0.19723155537547	1.83875346216913E-28
ENSG00000064655	EYA2	chr20	45523251	45523761	0.218305057454053	1.86514484660264E-28
ENSG00000268603	RP11-316O14.1	chr2	220362325	220362374	0.179780378127677	2.0494752693588E-28
ENSG00000196218	RYS1	chr19	38924347	38924509	0.250154585655448	2.1372202454169E-28
ENSG00000181291	TMEM132E	chr17	32907772	32907827	0.272584129813966	2.23271572308241E-28
ENSG00000268241	AC018470.1	chr2	175200605	175200758	0.244173161319185	2.24727794434968E-28
ENSG00000171246	NPTX1	chr17	78451388	78451700	0.261920177006905	2.26937055436837E-28
ENSG00000186766	FOXI2	chr10	129535384	129535930	0.27390935711391	2.30550714668264E-28
ENSG00000184408	KCND2	chr7	119913711	119913879	0.312616873831709	2.33486773894708E-28
ENSG00000254102	RP11-21C4.1	chr8	65488120	65488289	0.272354404599663	2.34021154560829E-28
ENSG00000179449	AC124309.1	chr15	23890759	23890798	0.193929599924816	2.36975566839982E-28
ENSG00000206262	C3orf72	chr3	138665754	138666318	0.252174566228411	2.39690137392962E-28
ENSG00000113196	HAND1	chr5	153857690	153857824	0.259486246384696	2.48490618141209E-28
ENSG00000251352	RP11-451H23.2	chr5	180100701	180101227	0.244786316551134	2.6661880267675E-28
ENSG00000117971	CHRNA4	chr15	78913551	78913604	0.236872153331018	2.67610281241074E-28
ENSG00000188803	SHISA6	chr17	11144805	11145157	0.256774553739441	2.84013985163762E-28
ENSG00000125522	NPBWR2	chr20	62734251	62734321	0.290817614175522	2.85216977737246E-28
ENSG00000266329	MIR4281	chr5	176056872	176056991	0.250414837343999	2.90610449457205E-28
ENSG00000132130	LHX1	chr17	35294108	35294247	0.215855659977211	2.94614088555828E-28
ENSG00000201896	RN7SKP153	chr8	120685773	120685823	0.328751273471261	2.99608746388285E-28
ENSG00000163012	ZSWIM2	chr2	187713847	187714014	0.247540034120557	3.07144172653006E-28
ENSG00000182348	ZNF804B	chr7	88388511	88388587	0.282991647795061	3.43794841600289E-28
ENSG00000100987	VSX1	chr20	25062823	25062899	0.255909896665985	3.50493122907423E-28
ENSG00000173868	PHOSPHO1	chr17	47301240	47301287	0.213804382563362	3.60349290575376E-28
ENSG00000203883	SOX18	chr20	62679425	62679946	0.22156185511905	3.65123774150811E-28
ENSG00000268484	AC087477.1	chr15	96904745	96904841	0.286345187287949	3.76564379751156E-28
ENSG00000239513	RP11-2A4.3	chr3	137490663	137490752	0.275248094693055	3.77423278580887E-28
ENSG00000176049	JAKMIP2	chr5	146889085	146889839	0.294590685979184	3.78128229190695E-28
ENSG00000187416	LHFPL3	chr7	103969239	103969268	0.331037131957002	3.9561057688492E-28
ENSG00000138083	SIX3	chr2	45168897	45168924	0.218683296907959	4.44701553752029E-28
ENSG00000152315	KCNK13	chr14	90527712	90529014	0.222649047637591	4.54116917971665E-28
ENSG00000135638	EMX1	chr2	73145623	73145680	0.167075424025742	4.77783941786351E-28
ENSG00000227404	KRT8P20	chr7	38670605	38671049	0.280395173656814	4.97888886671272E-28
ENSG00000261439	CTD-2050B12.2	chr16	56228267	56228592	0.225207190025093	5.01797067189221E-28
ENSG00000254200	RPL7AP33	chr5	172655844	172656018	0.30349521162096	5.03178297076899E-28
ENSG00000236963	LINC01141	chr1	20692649	20692838	0.158910980343444	5.33520413865327E-28
ENSG00000163520	FBLN2	chr3	13590432	13590995	0.219933098437383	5.35863657568402E-28
ENSG00000237404	RP3-471C18.2	chr6	19691911	19692001	0.279665883426187	5.48792735982618E-28
ENSG00000166426	CRABP1	chr15	78632592	78632901	0.172632336287302	5.82956327434454E-28
ENSG00000161031	PGLYRP2	chr19	15580266	15580315	0.255877007989265	5.89602127507487E-28
ENSG00000131097	HIGD1B	chr17	42908052	42908083	0.210753623025845	5.91923769621826E-28
ENSG00000250838	RP11-501C14.5	chr17	47072789	47072952	0.246374968132531	6.39612039637426E-28
ENSG00000267427	CTC-503J8.6	chr19	6199517	6199647	0.107789720518095	6.39702395393157E-28
ENSG00000258073	RP11-1079J22.1	chr12	85307131	85307166	0.279068478519338	6.54689003236709E-28
ENSG00000256824	RP11-21A7A.2	chr11	63803839	63803919	0.182488352827516	6.66406990445301E-28
ENSG00000244280	ECEL1P2	chr2	233252150	233252250	0.283134956788987	7.13973902250585E-28
ENSG00000169031	COL4A3	chr2	228029296	228029750	0.166536477231148	7.15429574975612E-28
LRG_230	LRG_230	chr2	228029296	228029750	0.166536477231148	7.15429574975612E-28
ENSG00000165443	PHYHIPL	chr10	60936355	60936492	0.288185306116208	7.32794994004036E-28
ENSG00000235655	H3F3AP4	chr2	175594591	175594658	0.262199962536819	7.71854144767009E-28
ENSG00000217236	SP9	chr2	175199470	175199921	0.21506084615083	8.247834526944E-28
ENSG00000272927	RP11-1191J2.5	chr4	656916	657151	0.228306761290903	8.3045729918732E-28
ENSG00000018236	CNTN1	chr12	41086274	41086375	0.283003494406328	8.42648076113265E-28
ENSG00000226527	AP000289.6	chr21	34482034	34482169	0.249104874490803	8.52832960297585E-28
ENSG00000259213	CTD-2071N1.1	chr15	78110857	78110989	0.285149338764613	8.54615863557665E-28
ENSG00000151490	PTPRO	chr12	15475322	15475396	0.217985013756556	9.13861325847534E-28
ENSG00000272191	RP11-445F12.2	chr17	35300607	35300874	0.262762806937238	9.32231224999803E-28
ENSG00000125816	NKX2-4	chr20	21376359	21376384	0.238713336494458	9.49816387992546E-28

ENSG00000131668	BARX1	chr9	96714006	96714539	0.257887090100373	9.71834018956908E-28
ENSG00000171551	ECEL1	chr2	233352691	233352815	0.239851539358218	9.83641440169575E-28
ENSG00000134548	C12orf39	chr12	21680409	21680981	0.24868823949891	9.98391256001857E-28
ENSG00000175785	PRIMA1	chr14	94254460	94255513	0.256981753235039	1.07930153123251E-27
ENSG00000223969	AC002456.2	chr7	90226527	90226609	0.263775490136738	1.09337634004451E-27
ENSG00000224863	RP5-1109J22.2	chr1	46914524	46914558	0.250255305864988	1.1183925997356E-27
ENSG00000227987	AC092675.4	chr2	98963099	98963212	0.307566787756102	1.17830789134169E-27
ENSG00000236592	S100A11P2	chr7	35225366	35225431	0.296386591422525	1.18566309929743E-27
ENSG00000252829	SCARNA4	chr2	131720843	131721017	0.245101798393	1.25079654926117E-27
ENSG00000170743	SYT9	chr11	7272548	7272585	0.237392816230844	1.26399102935921E-27
ENSG00000254049	NRG1-IT3	chr8	32405144	32405172	0.299955584851736	1.27128454113096E-27
ENSG00000114416	FXR1	chr3	180587937	180588094	0.293169678794847	1.28088900939905E-27
ENSG00000259575	RP11-39M21.2	chr15	61519625	61519698	0.222898040199579	1.30387848736602E-27
ENSG00000170370	EMX2	chr10	119301956	119302104	0.258575414182707	1.32935512762204E-27
ENSG00000182103	FAM181B	chr11	82444300	82444975	0.26029783967053	1.35426178496361E-27
ENSG00000270419	CAHM	chr6	163834357	163834594	0.259297806637111	1.37637150492666E-27
ENSG00000139364	TMEM132B	chr12	125671789	125671919	0.143532337382715	1.39870447526399E-27
ENSG00000220725	RP11-228O6.2	chr6	55443835	55444072	0.260251772514853	1.49023303774182E-27
ENSG00000268100	ZNF725P	chr19	23654152	23654243	0.246581698280335	1.52961636452943E-27
ENSG00000150627	WDR17	chr4	176986922	176987249	0.239947302712494	1.53386590247445E-27
ENSG00000255353	RP11-382M14.1	chr11	106890150	106890202	0.32356530328749	1.55337560739701E-27
ENSG00000116544	DLGAP3	chr1	35350624	35350656	0.200084292753045	1.57724670311354E-27
ENSG00000112559	MDFI	chr6	41605735	41605782	0.172768405191476	1.62918485041815E-27
ENSG00000130635	COL5A1	chr9	137533705	137534224	0.262436634126544	1.75928259743642E-27
ENSG00000128591	FLNC	chr7	128470217	128471126	0.203731946374697	1.76418964323522E-27
ENSG00000225774	SIRPAP1	chr22	30938313	30938620	0.240925422969094	1.80481899779795E-27
ENSG00000221176	MIR1207	chr8	129103418	129103463	0.285040292074036	1.84722626506731E-27
ENSG00000182747	SLC35D3	chr6	137242330	137242361	0.185796866302631	1.85109772278967E-27
ENSG00000243449	C4orf48	chr4	2048868	2049366	0.238538542653878	1.86394789193389E-27
ENSG00000105669	COPE	chr19	19006378	19007103	0.240335065779297	1.90584237733594E-27
ENSG00000219755	RP1-199J3.5	chr6	100038656	100038719	0.285678116201209	1.91878156160239E-27
ENSG00000223495	RP11-763B22.7	chr1	148853834	148853870	0.257092726414824	1.92087125257012E-27
ENSG00000255015	RP11-716H6.1	chr11	122100992	122101002	0.216906441364189	1.97412070425215E-27
ENSG00000164853	UNCX	chr7	1272418	1272884	0.314668620623296	1.98718179541828E-27
ENSG00000226074	PRSS44	chr3	46853961	46854137	0.16775121985378	2.12241681711861E-27
ENSG00000130711	PRDM12	chr9	133540004	133540513	0.275658702848206	2.1517070575187E-27
ENSG00000223555	GABRA1	chr5	161275568	161275588	0.221235709841169	2.21801916966176E-27
ENSG00000170162	VGLL2	chr6	117586736	117586918	0.262992208652121	2.28144055995559E-27
ENSG00000187848	P2RX2	chr12	133194939	133195588	0.342218304075221	2.35880871444416E-27
ENSG00000100276	RASL10A	chr22	29709306	29709583	0.205880301016547	2.3599374103419E-27
ENSG00000104327	CALB1	chr8	91094933	91095191	0.243980614535817	2.36687203927086E-27
ENSG00000154118	JPH3	chr16	87635299	87635482	0.27854976235941	2.47775193446197E-27
ENSG00000101425	BPI	chr20	36888872	36889065	0.249421175152135	2.49523652807675E-27
ENSG00000106128	GHRHR	chr7	30951821	30951845	0.319787613426479	2.55407294123569E-27
ENSG00000113749	HRH2	chr5	175085022	175085300	0.232511427026773	2.59270314078389E-27
ENSG00000267659	RP11-118B18.1	chr17	66596302	66596442	0.236399409181965	2.61344011194969E-27
ENSG00000107859	PITX3	chr10	103990917	103991057	0.148200451661157	2.64053380150841E-27
ENSG0000010256	UQCRC1	chr3	48632663	48632835	0.179084324222825	2.64973395377303E-27
ENSG00000205018	RP11-830F9.6	chr16	89019325	89019424	0.105236640466899	2.66952129131661E-27
ENSG00000243384	RP11-475O23.2	chr3	58572452	58572902	0.281771976075017	2.83827860387949E-27
ENSG00000129596	CDO1	chr5	115152019	115152119	0.275136085208161	2.83865655067798E-27
ENSG0000022521	AC026956.1	chr15	82336562	82336840	0.232515078165013	2.87339914613542E-27
ENSG00000158321	AUTS2	chr7	69064590	69064884	0.337706164418509	2.94415415801499E-27
ENSG00000229294	RP5-1044H5.1	chr1	65731489	65731848	0.231825351824947	2.96878997755623E-27
ENSG00000168594	ADAM29	chr4	175750760	175750809	0.284903910632061	3.59678988355795E-27
ENSG00000160117	ANKLE1	chr19	17392384	17392438	0.169208334759211	3.73192879653878E-27
ENSG00000273233	RP11-713D19.1	chr2	29033557	29034201	0.25090818163767	3.77583190569548E-27
ENSG00000006283	CACNA1G	chr17	48637155	48637255	0.124566777370772	3.7809599331511E-27
ENSG00000130844	ZNF331	chr19	54024170	54024236	0.259094157302491	3.78156732020479E-27
ENSG00000221288	MIR663B	chr2	133014494	133014742	0.243001226697638	3.78903428745861E-27
ENSG00000196569	LAMA2	chr6	129204361	129204510	0.243352420181448	3.83397589230816E-27
ENSG00000230922	RP4-753M9.1	chr22	45402901	45403283	0.285464945163719	3.86141206245446E-27
ENSG00000260420	LA16c-444G7.2	chr16	88228679	88228814	0.265352272925893	4.20128322319982E-27
ENSG00000237463	RP11-280O1.2	chr1	165414511	165414611	0.269374573444262	4.32987426058197E-27
ENSG00000113430	IRX4	chr5	1877850	1877917	0.25222836163594	4.39011035142054E-27
ENSG00000003137	CYP26B1	chr2	72374849	72374998	0.165372904463855	4.40924431450992E-27
ENSG00000226063	AC009531.2	chr7	35299214	35299243	0.275787407587682	4.71717619604509E-27
ENSG00000221630	MIR1179	chr15	89149090	89149197	0.252967550946857	4.72228195195355E-27
ENSG00000235972	RP11-472G23.10	chr6	150358876	150359333	0.273576341307749	4.73567210376124E-27

ENSG00000176998	HCG4	chr6	29760499	29760909	0.212538464777229	5.05365400494685E-27
ENSG00000230839	RP5-968J1.1	chr20	1784385	1784547	0.320693200293891	5.09826840771503E-27
ENSG00000246100	LINC00900	chr11	115631219	115631389	0.232433005005877	5.10994148094767E-27
ENSG00000126778	SIX1	chr14	61109855	61110133	0.250825096032979	5.16589122392355E-27
ENSG00000213048	OR5S1P	chr2	241035593	241035636	0.222220062588298	5.79463824842628E-27
ENSG00000240225	ZNF542	chr19	56879418	56879975	0.218347046889167	5.88251801999429E-27
ENSG00000184838	PRR16	chr5	119799835	119800143	0.247220314066536	6.05750873821524E-27
ENSG00000229558	SACS-AS1	chr13	24007344	24007464	0.194325353991373	6.42771265793186E-27
ENSG00000230948	AP001331.1	chr8	109096299	109096301	0.25069874803667	6.9758419145729E-27
ENSG00000250377	CTC-467M3.3	chr5	87986860	87987030	0.135330334937538	7.26722489069843E-27
ENSG00000254481	PTP4A2P2	chr11	133994642	133994646	0.28583468576019	7.57570261205706E-27
ENSG00000267642	RP11-258B16.1	chr18	31020414	31021003	0.25137741521543	8.66536875545769E-27
ENSG00000230122	ECCL1P3	chr2	233215982	233216280	0.205278198737259	8.85968409391448E-27
ENSG00000252410	RNU5B-3P	chr3	45077092	45077463	0.239950765750703	8.86383364532145E-27
ENSG00000230453	ANKRD18B	chr9	33523601	33524841	0.223102919618105	9.25930634008459E-27
ENSG00000248550	OTX2-AS1	chr14	57279590	57279669	0.226008495603397	9.498341865427E-27
ENSG00000235131	RP5-1092A11.2	chr1	3634662	3634811	0.168680431497553	9.64904665314208E-27
ENSG00000246863	RP11-325N19.3	chr15	40212877	40212897	0.155889352357114	1.05123469457749E-26
ENSG00000184058	TBX1	chr22	19744205	19744393	0.122734337773769	1.05500000038893E-26
LRG_226	LRG_226	chr22	19744205	19744393	0.122734337773769	1.05500000038893E-26
ENSG00000272311	IFNL4P1	chr19	39755025	39755520	0.236950643549986	1.06376923073935E-26
ENSG00000270705	RP11-736N17.9	chr14	103673774	103674342	0.176902283804086	1.06524685951047E-26
ENSG00000184029	DSCR4	chr21	39289196	39289261	0.19051952707196	1.08858615634543E-26
ENSG00000102539	MLNR	chr13	49794004	49795204	0.238155202875259	1.10078953720052E-26
ENSG00000122254	HS3ST2	chr16	22825343	22826243	0.258522716658478	1.15457015143865E-26
ENSG00000184185	KCNJ12	chr17	21280489	21280720	0.179470612793542	1.17039325435458E-26
ENSG00000120949	TNFRSF8	chr1	12123491	12123781	0.203190555788554	1.18467251696355E-26
ENSG00000179452	RP11-380B22.1	chr1	181286604	181286636	0.201415070880591	1.20158416160884E-26
ENSG00000180613	GSX2	chr4	54965740	54965743	0.230643434135761	1.208053880092E-26
ENSG00000270522	RP11-168P13.1	chr13	44360581	44361688	0.235492319996164	1.23244335098352E-26
ENSG00000236536	AC003986.7	chr7	19158814	19158855	0.296263783633198	1.24572680097641E-26
ENSG00000242320	RPL21P126	chr18	53257417	53257432	0.266570977289965	1.25416583457285E-26
ENSG00000262768	RP11-353N14.1	chr17	77776566	77776746	0.173817300478304	1.26033522622481E-26
ENSG00000205927	OLIG2	chr21	34401522	34401553	0.218305138878562	1.26090004922876E-26
ENSG00000154027	AK5	chr1	77747458	77747821	0.208489014428106	1.27751494654848E-26
ENSG00000197604	AC022532.1	chr10	72200034	72200124	0.211515466689815	1.29211191486643E-26
ENSG00000115507	OTX1	chr2	63285028	63285055	0.269014437062416	1.30931790510519E-26
ENSG00000196358	NTNG2	chr9	135036719	135037844	0.153124964696919	1.32573573859704E-26
ENSG00000221417	MIR1257	chr20	60540388	60540426	0.302705823631014	1.33213998748902E-26
ENSG00000261671	RP11-573G6.6	chr10	22542573	22542718	0.299447246938093	1.36082684440185E-26
ENSG00000260962	LINC00557	chr13	95619777	95620424	0.216995369191013	1.42731719491606E-26
ENSG00000183807	FAM162B	chr6	117086627	117086920	0.305401634030045	1.52039562848807E-26
ENSG00000252049	SNORA40	chr10	23460241	23460251	0.125739281696934	1.5537381585544E-26
ENSG00000228705	LINC00659	chr20	61405002	61405023	0.232751982891384	1.58137761397122E-26
ENSG00000231671	RP11-157N3.1	chr1	101775560	101775602	0.209121727008991	1.59959141840505E-26
ENSG00000242020	RN7SL68P	chr5	140857872	140857990	0.308263301647627	1.60052710684818E-26
ENSG00000185231	MC2R	chr18	13869375	13869507	0.210016778915916	1.62214103206905E-26
ENSG00000169439	SDC2	chr8	97505565	97505593	0.250852412936731	1.6803556467522E-26
ENSG00000188909	BSX	chr11	122852412	122852523	0.226654523931766	1.78062290069696E-26
ENSG00000120659	TNFSF11	chr13	43148235	43148575	0.26309814587466	1.79471684123934E-26
ENSG00000154654	NCAM2	chr21	22370344	22370806	0.296708809112639	2.00119266655522E-26
ENSG00000215252	GOLGA8B	chr15	34806982	34807143	0.271492430809761	2.07233638349287E-26
ENSG00000185046	ANKS1B	chr12	99139387	99139526	0.232206097432905	2.12235739453928E-26
ENSG00000206178	HBZP1	chr16	215326	215675	0.262885137790701	2.20115546647649E-26
ENSG00000112309	B3GAT2	chr6	71666541	71666696	0.232453207365266	2.25906942062156E-26
ENSG00000186326	RGS9BP	chr19	33168053	33168078	0.162237832717141	2.27821930381809E-26
ENSG00000135333	EPHA7	chr6	94129234	94129266	0.261662513006442	2.30951438967399E-26
ENSG00000139352	ASCL1	chr12	103351354	103351493	0.239123996987207	2.34715738951599E-26
ENSG00000267293	RP11-8H2.1	chr18	43608149	43608548	0.181321670009169	2.3687895064495E-26
ENSG00000125533	BHLHE23	chr20	61637364	61638361	0.236255337917195	2.43979949384955E-26
ENSG00000064218	DMRT3	chr9	976586	977504	0.249132912715648	2.51905165023942E-26
ENSG00000173093	CCDC63	chr12	111284496	111284527	0.183095805625222	2.58858977810355E-26
ENSG00000234595	AC013733.3	chr2	182547847	182547973	0.226247799874512	2.62290661665238E-26
ENSG00000125430	HS3ST3B1	chr17	14201820	14201998	0.296237626521084	2.73868017926478E-26
ENSG00000260835	RP11-468115.1	chr16	6623660	6623884	0.216274036341865	2.84803658222825E-26
ENSG00000270863	RP11-434C1.3	chr12	11653882	11653920	0.245246399787467	2.8485882923157E-26
ENSG00000267390	RP11-635N19.1	chr18	61030019	61030059	0.338377645477303	2.94521143517039E-26
ENSG00000180269	GPR139	chr16	20084708	20085465	0.277155011522176	3.26673553917004E-26
ENSG00000176293	ZNF135	chr19	58570557	58570654	0.331387884115678	3.39545911244336E-26

ENSG00000184160	ADRA2C	chr4	3769023	3769833	0.262640576791419	3.40489982552444E-26
ENSG00000151948	GLT1D1	chr12	129337871	129338652	0.229064064042708	3.42168452253574E-26
ENSG0000020181	GPR124	chr8	37655237	37655503	0.220309690892598	3.45135849567349E-26
ENSG00000253521	HPYR1	chr8	133492335	133492942	0.161552562563554	3.60438675092029E-26
ENSG00000235034	C19orf81	chr19	51143332	51143377	0.229588404144448	4.29999778565072E-26
ENSG00000204186	RNU7-114P	chr12	114029663	114029789	0.233611856667558	4.45676919811709E-26
ENSG00000198797	BRINP2	chr1	177140588	177140635	0.28102093888039	4.49312698671368E-26
ENSG00000233994	GDI2P2	chr1	72747978	72748049	0.199913724101272	4.50600611453745E-26
ENSG0000005001	PRSS22	chr16	2899061	2899122	0.301000580270473	4.62343167616938E-26
ENSG00000221673	U3	chr1	220102517	220102564	0.276312610550137	4.73655877729113E-26
ENSG00000186369	LINC00643	chr14	62583680	62584275	0.250231402412737	4.75077544508384E-26
ENSG00000204186	ZDBF2	chr2	207139320	207139799	0.121134260154263	4.83809055233393E-26
ENSG00000198807	PAX9	chr14	37126715	37126948	0.201946734109031	4.85919550099142E-26
ENSG00000079841	RIMS1	chr6	72596297	72596493	0.345129651514497	4.96202391965503E-26
ENSG00000181790	BAI1	chr8	143531994	143532082	0.277299205929046	5.16500412557977E-26
ENSG00000243961	RP5-839B4.8	chr20	9819789	9819860	0.265048612038233	5.36232907567651E-26
ENSG00000185352	HS6ST3	chr13	96743678	96743835	0.23414960985365	5.80515854166722E-26
ENSG00000229981	RP11-215N21.1	chr10	109674202	109674243	0.26885458680145	5.95539150650639E-26
ENSG00000131096	PYY	chr17	42030183	42030268	0.17832836438324	6.06618397869922E-26
ENSG00000201277	Y_RNA	chr5	172673180	172673203	0.206819732214278	6.07190082869147E-26
ENSG00000220758	VN1R10P	chr6	27300780	27300819	0.216217999423386	6.10355477850735E-26
ENSG00000238867	AL136967.1	chr6	41341392	41341451	0.197161776916655	6.24594927531554E-26
ENSG00000241870	CTB-14A14.1	chr5	180487061	180487109	0.280846457577475	6.39684413433109E-26
ENSG00000224076	AC009487.4	chr2	162279290	162279326	0.24526711181199	6.51318819432415E-26
ENSG00000175766	EIF4E1B	chr5	176057267	176057738	0.223494284403512	6.69191332141843E-26
ENSG00000196204	RNF216P1	chr7	4998221	4998897	0.298083222261609	6.91367015266791E-26
ENSG00000136750	GAD2	chr10	26505156	26505285	0.275766468601507	6.94149826088175E-26
ENSG00000219438	FAM19A5	chr22	48884943	48885442	0.261042363258162	6.97453981149787E-26
ENSG00000101200	AVP	chr20	3063107	3063785	0.197783351026594	7.01652678318895E-26
LRG_715	LRG_715	chr20	3063107	3063785	0.197783351026594	7.01652678318895E-26
ENSG00000106483	SFRP4	chr7	37955653	37955965	0.229684230100715	7.22003036387259E-26
ENSG00000258995	RP11-1112J20.1	chr14	63512382	63512970	0.318803134011218	7.31043206608473E-26
ENSG00000166407	LMO1	chr11	8289620	8290321	0.219711896967804	7.56651240635974E-26
ENSG00000261220	RP11-629O1.2	chr8	134583157	134583753	0.171365702572616	7.67792626348436E-26
ENSG00000261493	AC009336.1	chr2	176973275	176973302	0.235186377908438	7.72632052007116E-26
ENSG00000198822	GRM3	chr7	86273242	86273261	0.252068824360457	7.90622570415019E-26
ENSG00000259887	RP11-923I11.5	chr12	52241118	52241209	0.176739354837597	8.45804640568765E-26
ENSG00000089057	SLC23A2	chr20	4803686	4804131	0.260205054151995	8.67396119942954E-26
ENSG00000218689	RPL5P21	chr6	130088499	130088624	0.213335245514096	8.86581852405366E-26
ENSG00000252776	RNU4ATAC10P	chr11	122311359	122311485	0.284394854318153	9.1724824021686E-26
ENSG00000182601	HS3ST4	chr16	25702882	25703230	0.274857232278974	9.25757076235686E-26
ENSG00000224540	RP11-385M4.3	chr1	209381539	209381573	0.227953342091277	9.391876444868684E-26
ENSG00000181449	SOX2	chr3	181429547	181429704	0.135516561258079	9.52509716821671E-26
ENSG00000119283	TRIM67	chr1	231297813	231298479	0.187860269072565	9.81777824056334E-26
ENSG00000267251	AC139100.3	chr18	78003993	78004675	0.148847824027088	9.94357643153862E-26
ENSG00000162699	DNAJA1P5	chr1	102462024	102462060	0.248804225154628	1.0495275372529E-25
ENSG00000142538	PTH2	chr19	49925627	49926011	0.178172884660017	1.076801170760719E-25
ENSG00000185668	POU3F1	chr1	38510074	38510131	0.296793163115918	1.10547142332919E-25
ENSG00000171942	OR10H2	chr19	15833931	15833982	0.252208744890175	1.14227448846672E-25
ENSG00000198216	CACNA1E	chr1	181451753	181452069	0.25929429788173	1.14330222318195E-25
ENSG00000179242	CDH4	chr20	59827067	59828195	0.246998617397959	1.21836248973595E-25
ENSG00000153898	MCOLN2	chr1	85358572	85359168	0.2252387591778	1.29083529797032E-25
ENSG00000239255	RP11-145M9.2	chr3	179169514	179169602	0.298583121622081	1.36791520459211E-25
ENSG00000169760	NLGN1	chr3	173114236	173114306	0.195729454316247	1.37372819941788E-25
ENSG00000180340	FZD2	chr17	42635060	42635134	0.164374897599885	1.3767770669119E-25
ENSG00000107147	KCNT1	chr9	138593528	138593987	0.124741156960508	1.46022787089204E-25
ENSG00000137273	FOXF2	chr6	1390245	1391273	0.262691666159516	1.46529587650501E-25
ENSG00000235436	DPY19L2P4	chr7	89748238	89748810	0.269730429485549	1.53226365080002E-25
ENSG00000230226	RP4-697K14.3	chr20	62131109	62131270	0.213075908173371	1.55717558759041E-25
ENSG00000203808	BVES-AS1	chr6	105584178	105585244	0.252040719369009	1.61546968820062E-25
ENSG00000164066	INTU	chr4	128543995	128544542	0.237488024584662	1.61674628429904E-25
ENSG00000165973	NELL1	chr11	20690580	20691268	0.2920945409808	1.70188259266761E-25
ENSG00000252728	SNORD112	chr1	35395551	35395727	0.260594908576997	1.74579670084767E-25
ENSG00000111799	COL12A1	chr6	75794886	75795073	0.290610001842093	1.76220152059485E-25
ENSG00000186960	C14orf23	chr14	29242792	29242894	0.252919568523851	1.80366847154663E-25
ENSG00000243276	RP11-384F7.1	chr3	117716446	117716563	0.220574096884478	1.83640516268405E-25
ENSG00000124098	FAM210B	chr20	54919288	54919350	0.259112669316169	1.8694501263565E-25
ENSG00000264860	RP11-143K11.5	chr17	71161080	71161405	0.179523190371884	1.94805671280966E-25
ENSG00000243549	RN7SL705P	chr18	60264350	60264392	0.24864189382786	1.97514303466634E-25

ENSG00000250692	CTB-35F21.4	chr5	139227441	139228328	0.131701342531652	2.05266148438726E-25
ENSG0000073861	TBX21	chr17	45810590	45811221	0.194080957155274	2.08435352664528E-25
ENSG00000168148	HIST3H3	chr1	228604065	228604351	0.286744397408583	2.10151849589912E-25
ENSG00000116833	NR5A2	chr1	200003788	200003846	0.200779850082228	2.11181315326143E-25
ENSG00000201822	RNA5SP149	chr3	179755222	179755288	0.264463227617554	2.15720151103473E-25
ENSG00000208032	MIR548A3	chr8	105479450	105479500	0.231293805161903	2.2167728772267E-25
ENSG00000233840	PCDH9-AS4	chr13	67568442	67568588	0.339964664361258	2.39159980359177E-25
ENSG00000154734	ADAMTS1	chr21	28217670	28217743	0.342748066196992	2.47701584818525E-25
ENSG00000121964	GTDC1	chr2	144695287	144695311	0.222155295347157	2.48009298176229E-25
ENSG00000263207	RP11-26L20.4	chr16	55366068	55366130	0.267180200327883	2.49860607786313E-25
ENSG00000260416	RP5-963E22.5	chr20	61747873	61747982	0.314217115176821	2.63324628111758E-25
ENSG00000101336	HCK	chr20	30639925	30640066	0.202418026506458	2.67508764040093E-25
ENSG00000164082	GRM2	chr3	51740998	51741222	0.331747014712221	2.7247902702257E-25
ENSG00000188722	AL391005.1	chr10	129534501	129534879	0.268123176990499	2.81116575320759E-25
ENSG00000183379	SYNDIG1L	chr14	74892467	74893183	0.313306191319976	2.87338559648132E-25
ENSG00000165409	TSHR	chr14	81421508	81421600	0.116103325710214	3.00940010106953E-25
ENSG00000173404	INSM1	chr20	20347649	20347806	0.279737709006984	3.02170140884277E-25
ENSG00000265304	MIR3650	chr5	38557529	38557560	0.244362399176378	3.13192849380564E-25
ENSG00000158220	ESYT3	chr3	138153278	138153763	0.162332826441517	3.26732266381637E-25
ENSG00000273179	RP11-20I20.4	chr4	1164649	1165926	0.221565159302677	3.42121764058628E-25
ENSG00000038427	VCAN	chr5	82767370	82767394	0.238552162383462	3.47472235821495E-25
ENSG00000183242	WT1-AS	chr11	32456189	32457055	0.270777405603503	3.48726291361459E-25
ENSG00000115194	SLC30A3	chr2	27485303	27485468	0.18214100965424	3.7634469655524E-25
ENSG00000167632	TRAPPC9	chr8	140717456	140717514	0.11273340908173	3.83743326291239E-25
ENSG00000174599	TRAM1L1	chr4	118006462	118006849	0.213534693118385	4.09266966337032E-25
ENSG00000238227	C9orf69	chr9	139023831	139023906	0.199275192947919	4.13367343515628E-25
ENSG00000236460	SNX2P2	chr7	32109867	32109917	0.321584038273771	4.1765278200801E-25
ENSG00000151025	GPR158	chr10	25464418	25464592	0.138454353162919	4.24316805124364E-25
ENSG00000131016	AKAP12	chr6	151560942	151560981	0.233863502303628	4.32203085781547E-25
ENSG00000152954	NRSN1	chr6	24126310	24126511	0.224857021602252	4.46145518292773E-25
ENSG00000176761	ZNF285B	chr19	44952663	44952808	0.25421975704269	4.54022251010395E-25
ENSG00000254506	RP11-748H22.1	chr11	101454996	101455012	0.228588020484576	4.5475283131466E-25
ENSG00000235026	DPP10-AS1	chr2	115918758	115919040	0.257315218921838	4.5938048829873E-25
ENSG00000167011	NAT16	chr7	100823454	100823736	0.209002920937719	4.59752853241526E-25
ENSG00000144355	DLX1	chr2	172953639	172953674	0.217090116204436	4.68670389697906E-25
ENSG00000187140	FOXD3	chr1	63788255	63788557	0.193295504974018	4.76386207762201E-25
ENSG00000253591	CTC-265N9.1	chr5	170108234	170108398	0.308280557509686	4.774277079224E-25
ENSG00000144191	CNGA3	chr2	98962874	98962969	0.286653081288483	5.26287531172921E-25
ENSG00000254129	CTD-2647L4.1	chr8	28950200	28950343	0.239435287836122	5.34942892987501E-25
ENSG00000091664	SLC17A6	chr11	22359658	22359667	0.187661923478666	5.42002113499089E-25
ENSG00000106278	PTPRZ1	chr7	121513020	121513333	0.246599444361916	5.6093938111436E-25
ENSG00000163394	CCKAR	chr4	26434164	26434222	0.341254692470056	6.00986602318296E-25
ENSG00000184702	SEPT5	chr22	19705430	19706693	0.107570152522848	6.11034989645648E-25
ENSG00000110675	ELMOD1	chr11	107461708	107462265	0.232030632754694	6.27202861540188E-25
ENSG00000173988	LRRC63	chr13	46785857	46786089	0.226200444703882	6.33679080066036E-25
ENSG00000216863	LY86-AS1	chr6	6320710	6320889	0.195062871212944	6.34672110555856E-25
ENSG00000235934	ACO07405.8	chr2	171671776	171671837	0.183261274394127	6.37881370829423E-25
ENSG00000204231	RXRB	chr6	33160123	33160318	0.13759850020411	6.44963458861739E-25
ENSG00000254703	SENCR	chr11	128561526	128561551	0.19787693632237	6.67495609716719E-25
ENSG00000263873	RP11-334E6.12	chr11	119292690	119292890	0.19232971418049	6.72823045158328E-25
ENSG00000264434	CTD-2006O16.2	chr18	22929063	22929130	0.243135764590284	6.8003392634452E-25
ENSG00000234715	CTB-107G13.1	chr7	103085711	103085765	0.215862708724266	6.84023528600009E-25
ENSG00000158022	TRIM63	chr1	26373184	26373312	0.190923421107643	6.85193053437598E-25
ENSG00000141750	STAC2	chr17	37380695	37380774	0.251726299922198	7.40184919940221E-25
ENSG00000207819	MIR9-3	chr15	89910860	89911234	0.239840660907589	7.51184394901382E-25
ENSG00000187147	RNF220	chr1	44872463	44872611	0.201289543206802	7.68928182223744E-25
ENSG00000028310	BRD9	chr5	850745	850773	0.224976957447618	7.7138368689709E-25
ENSG00000213694	S1PR3	chr9	91606945	91607128	0.232282934293206	7.92601022635697E-25
ENSG00000263966	AP000765.1	chr11	94135006	94135029	0.267868632169761	7.96630749952914E-25
ENSG00000231162	COX11P1	chr6	28414769	28414785	0.219079539919064	8.12907823543922E-25
ENSG00000185888	PRSS38	chr1	227974751	227974801	0.190002191574773	8.42609205148793E-25
ENSG00000166159	LRTM2	chr12	1929491	1929588	0.212760751339273	8.52307728213377E-25
ENSG00000185760	KCNQ5	chr6	73331531	73331555	0.263963513351082	8.73084403186488E-25
ENSG00000087495	PHACTR3	chr20	58152231	58152846	0.290559607047929	8.98343476991647E-25
ENSG00000152661	GJA1	chr6	121757892	121757910	0.229385142106335	9.09524440862763E-25
ENSG00000132639	SNAP25	chr20	10199361	10199564	0.24886689762219	9.10349304987316E-25
ENSG00000230859	YRDCP3	chr21	42219193	42219221	0.283657997846337	9.14661025481967E-25
ENSG00000260833	AC124789.1	chr17	36609710	36610407	0.141099052428613	9.64166063611768E-25
ENSG00000184575	XPOT	chr12	64784237	64784656	0.255534209511024	9.66942288267671E-25

ENSG00000118946	PCDH17	chr13	58205956	58205965	0.281982536366594	9.68854221051779E-25
ENSG00000226740	RP11-31L23.3	chr10	102899422	102899442	0.216819171058117	9.87872378875887E-25
ENSG00000207933	MIR9-1	chr1	156390057	156390124	0.247651863981242	9.96602963601853E-25
ENSG00000164778	EN2	chr7	155250280	155251034	0.240774364654063	1.0454076635343E-24
ENSG00000189337	KAZN	chr1	14924994	14925223	0.248669883115564	1.05977753330096E-24
ENSG00000174469	CNTNAP2	chr7	145813244	145813554	0.261377378672042	1.07678090548262E-24
ENSG00000167637	ZNF283	chr19	44325004	44325054	0.262129356587424	1.10303013773912E-24
ENSG00000258702	RP11-433J8.1	chr14	97058923	97059243	0.271842815360323	1.17850556818028E-24
ENSG00000207157	RNY3P4	chr13	23734271	23734512	0.305388592025512	1.19075995068578E-24
ENSG00000251535	RP11-478C6.1	chr4	330018	330090	0.217201785424622	1.24387992742274E-24
ENSG00000067715	SYT1	chr12	79258372	79258485	0.176007901147912	1.30306399707469E-24
ENSG00000235974	VN2R19P	chr19	58521367	58521433	0.284051107145117	1.33997935922539E-24
ENSG00000092964	DPYSL2	chr8	26370682	26370891	0.20362294268211	1.37863596779006E-24
ENSG00000063515	GSC2	chr22	19136658	19136856	0.201363170110503	1.39291792851689E-24
ENSG00000263545	AC005195.1	chr5	132948569	132948595	0.191713182959742	1.39530604250324E-24
ENSG00000232759	AC002480.3	chr7	22590069	22590088	0.219968859276364	1.40550952214332E-24
ENSG00000115297	TLX2	chr2	74740470	74740561	0.205522390459614	1.42835580000912E-24
ENSG00000248587	GDNF-AS1	chr5	37840319	37840702	0.291996263341433	1.46654527016752E-24
ENSG00000214354	AC133644.3	chr2	87883460	87883547	0.252898534066295	1.49103373596084E-24
ENSG00000215906	LACTBL1	chr1	23279564	23279610	0.234984982338429	1.5612012422237E-24
ENSG00000228626	RP11-495P10.9	chr1	147752860	147753029	0.205528268149996	1.64629435798969E-24
ENSG00000164197	RNF180	chr5	63461449	63462095	0.214711234367066	1.67306338345755E-24
ENSG00000138136	LBX1	chr10	102986793	102986897	0.162999531582835	1.77064741613888E-24
ENSG00000185290	NUPR1L	chr7	56183951	56184153	0.287122728947963	1.82575252287273E-24
ENSG00000211766	TRBJ2-2P	chr7	142494389	142494439	0.283954363074108	1.8441230862709E-24
ENSG00000099910	KLHL22	chr22	20790685	20791024	0.254356298563358	1.88075819610778E-24
ENSG00000146122	DAAM2	chr6	39760077	39760269	0.265202718593109	2.01961744803514E-24
ENSG00000232977	LINC00327	chr13	24040376	24041039	0.183841378074362	2.03515258568739E-24
ENSG00000224717	RP11-576D8.4	chr1	205424892	205425005	0.156932889400962	2.12749675204785E-24
ENSG00000169194	IL13	chr5	131991765	131992225	0.298798641221953	2.21610869246125E-24
ENSG00000251478	CTD-2122P11.1	chr5	41510141	41510165	0.112564269806339	2.2819521898656E-24
ENSG00000252196	AL590482.1	chr6	166402081	166402188	0.200254052830539	2.43654768165963E-24
ENSG00000101098	RIMS4	chr20	43438704	43439439	0.281558884741804	2.44274760826163E-24
ENSG00000141485	SLC13A5	chr17	6616763	6616888	0.270413389481937	2.48980792302935E-24
ENSG00000145824	CXCL14	chr5	134914817	134914980	0.24170073487927	2.59247236595077E-24
ENSG00000226387	SORCS3-AS1	chr10	106440793	106440924	0.224231891690334	2.64128864784549E-24
ENSG00000246095	LINC01096	chr4	13549244	13549607	0.141691100622411	2.64674105586555E-24
ENSG00000154342	WNT3A	chr1	228194286	228194841	0.274108985969043	2.67777912781797E-24
ENSG00000207312	RNU6-429P	chr5	11384682	11384766	0.307215860870153	2.68917982540652E-24
ENSG00000249553	PPP2R2B-IT1	chr5	146258520	146258548	0.252160327399939	2.72037625680278E-24
ENSG00000260442	RP11-22P6.3	chr16	28891134	28891498	0.119701895570124	2.73012858699707E-24
ENSG00000100346	CACNA1I	chr22	39954186	39954233	0.265191536420904	2.75691155742101E-24
ENSG00000267406	CTD-2189E23.2	chr19	14376903	14376960	0.256661168618614	2.860762158235E-24
ENSG00000206557	TRIM71	chr3	32859150	32859484	0.201700333363114	2.96698931352937E-24
ENSG00000203809	LINC00577	chr6	105389265	105389544	0.274721436046332	3.08495643666242E-24
ENSG00000248309	MEF2C-AS1	chr5	88178975	88179111	0.217366631293963	3.08801080713169E-24
ENSG00000144406	UNC80	chr2	210636691	210636748	0.310639509361277	3.18692104818787E-24
ENSG00000163794	UCN	chr2	27531229	27531252	0.291939310687351	3.21242192516088E-24
ENSG00000186790	FOXE3	chr1	47881986	47883002	0.160780477696686	3.23073853155404E-24
ENSG00000257319	RP11-478B9.1	chr12	45444498	45444895	0.242916259814968	3.23190841650594E-24
ENSG00000226767	RP11-328P23.3	chr7	64973648	64973671	0.323912449947201	3.23618244818502E-24
ENSG00000235478	AC006946.15	chr22	17602413	17602597	0.261516962568301	3.24320333979085E-24
ENSG00000237645	RP11-521A24.1	chr3	173303483	173303516	0.255841012049335	3.32855028055527E-24
ENSG00000173338	KCNK7	chr11	65360123	65360381	0.320316811628142	3.42704839355875E-24
ENSG0000009709	PAX7	chr1	18957599	18957806	0.220521793701596	3.46705982478359E-24
ENSG00000149294	NCAM1	chr11	112831993	112832181	0.207375631481288	3.61843435894213E-24
ENSG00000214607	ADAM24P	chr8	17271586	17271623	0.221815252019555	3.68527677905752E-24
ENSG00000176593	CTD-2368P22.1	chr19	58513523	58513553	0.262578572645333	3.72949010391694E-24
ENSG00000267271	RP11-686D22.2	chr17	33672603	33672713	0.227090441740675	3.74694665679403E-24
ENSG00000197106	SLC6A17	chr1	110692996	110693301	0.249834973997259	3.75650719374424E-24
ENSG00000226142	RPL35P8	chr22	49701288	49701335	0.292075123899316	3.80727024956194E-24
ENSG00000132470	ITGB4	chr17	73727491	73727523	0.115773967200655	3.92410495744784E-24
ENSG00000236336	RP3-430A16.1	chr6	4775132	4775183	0.132795626674063	3.96300326424966E-24
ENSG00000147481	SNTG1	chr8	50822271	50822381	0.242795346518357	3.97566573806679E-24
ENSG00000256742	RP13-941N14.1	chr12	122017127	122017414	0.109750870394188	4.03958697779297E-24
ENSG00000243350	RP11-379F12.3	chr10	8094076	8094125	0.250063093554373	4.06829102572174E-24
ENSG00000257398	RP11-554D14.6	chr12	108237440	108237668	0.263045374552105	4.09942160892954E-24
ENSG00000148688	RPP30	chr10	92617011	92618033	0.170254137025831	4.16065256310265E-24
ENSG00000088881	EBF4	chr20	2674115	2674571	0.189131222915195	4.30508630941374E-24

ENSG00000105429	MEGF8	chr19	42828501	42828750	0.159023812693915	4.32933181319415E-24
ENSG00000155275	TRMT44	chr4	8436222	8436317	0.201827944736628	4.33766763058408E-24
ENSG00000230316	FEZF1-AS1	chr7	121943754	121943778	0.197888918324751	4.38781055672692E-24
ENSG00000027644	INSRR	chr1	156829190	156829211	0.153100654088517	4.42087868714773E-24
ENSG00000131943	C19orf12	chr19	30215090	30215130	0.161418085927742	4.58015952085699E-24
ENSG00000228594	C1orf233	chr1	1536016	1536046	0.174614366553447	4.67710350123583E-24
ENSG00000233608	TWIST2	chr2	239755954	239756253	0.243604236588658	4.76625933612623E-24
ENSG00000100196	KDELR3	chr22	38851825	38852090	0.263435151135992	4.82754788144506E-24
ENSG00000163154	TNFAIP8L2	chr1	151118488	151118524	0.114834473263374	4.91793025014668E-24
ENSG00000013306	SLC25A39	chr17	42394037	42394066	0.262621468757053	5.27334718539397E-24
ENSG00000271623	RP11-435I10.5	chr16	28379177	28379554	0.331495096993957	5.33187125738145E-24
ENSG00000267315	RP11-686D22.6	chr17	33701529	33701656	0.260135115155452	5.396999894703E-24
ENSG00000207483	RNU6-1067P	chr10	28957409	28957536	0.192756603133603	5.44335240351052E-24
ENSG00000238358	RP5-1121E10.2	chr7	89747915	89748099	0.289096423365903	5.45186382494028E-24
ENSG00000226289	RP11-571I7.3	chr1	207842806	207843065	0.24308900946422	5.76684929814251E-24
ENSG00000196376	SLC35F1	chr6	118228346	118229030	0.282338506140943	5.81657279403569E-24
ENSG00000152578	GRIA4	chr11	105480737	105480792	0.238293377741547	6.00134445762946E-24
ENSG00000163083	INHBB	chr2	121103651	121104374	0.196639566677256	6.10104086989253E-24
ENSG00000065989	PDE4A	chr19	10530100	10530162	0.173776825921533	6.10526549235852E-24
ENSG00000206850	Y_RNA	chr12	131400818	131400971	0.282650496126325	6.33543288511647E-24
ENSG00000234740	RP11-272P10.2	chr9	13278512	13278977	0.295465370436016	6.37711008192367E-24
ENSG00000158553	POM121L2	chr6	27255956	27255968	0.203321897059246	6.58658000941648E-24
ENSG00000144230	GPR17	chr2	128421726	128422118	0.252068493908429	6.89635918063331E-24
ENSG00000185633	NDUFA4L2	chr12	57630118	57630192	0.202039124612737	6.94833967411608E-24
ENSG00000186635	ARAP1	chr11	72388255	72388368	0.193835846985078	6.99921121385168E-24
ENSG00000136040	PLXNC1	chr12	94542977	94543455	0.167612638467704	7.16490501065373E-24
ENSG00000124224	PPP4R1L	chr20	56804043	56804097	0.223564897039549	8.34226786412338E-24
ENSG00000259462	RP11-752G15.3	chr15	83316445	83316911	0.254539699599558	8.67720758401416E-24
ENSG00000077522	ACTN2	chr1	236849473	236850055	0.26056134694785	8.84070878288663E-24
ENSG00000153234	NR4A2	chr2	157179434	157179450	0.251026840101554	8.94576268264004E-24
ENSG00000141858	SAMD1	chr19	14196410	14196690	0.283016154627312	9.79880385651443E-24
ENSG00000206641	RNU6-449P	chr15	54051661	54051953	0.254144060385532	9.88141405257826E-24
ENSG00000185737	NRG3	chr10	83634934	83635300	0.232331396028863	9.95964536489466E-24
ENSG00000008516	MMP25	chr16	3097405	3097428	0.137560219923625	9.96004049857495E-24
ENSG00000172554	SNTG2	chr2	946506	946773	0.282337146976177	1.05870681695032E-23
ENSG00000221612	AC106775.1	chr5	136834749	136835130	0.200243097411091	1.06605638991667E-23
ENSG00000252837	RN7SKP99	chr14	58331898	58332909	0.246018698224612	1.09522820445395E-23
ENSG00000223612	RP11-289I10.2	chr1	148193178	148193363	0.22648166632053	1.1296735014111E-23
ENSG00000173673	HES3	chr1	6304438	6304478	0.183227094621763	1.14238873333915E-23
ENSG00000009830	POMT2	chr14	77737881	77737905	0.24839779066575	1.17475506302644E-23
ENSG00000156150	ALX3	chr1	110612889	110613298	0.239513908432996	1.18756488366235E-23
ENSG00000120645	IQSEC3	chr12	175884	176189	0.184414245349634	1.18889928647083E-23
ENSG00000142185	TRPM2	chr21	45769831	45770705	0.270336719805211	1.26565719334182E-23
ENSG00000104112	SCG3	chr15	51973534	51973604	0.269530103305929	1.26578514062201E-23
ENSG00000101292	PROKR2	chr20	5296983	5297097	0.282819247884529	1.2779925082104E-23
ENSG00000271824	AC009014.3	chr5	135529341	135529366	0.182979139138917	1.29093300776431E-23
ENSG00000267166	RP11-527L4.5	chr17	41984153	41984162	0.123518081138683	1.29179126989919E-23
ENSG00000117600	LPPR4	chr1	99729769	99729804	0.210174658939488	1.31131595617877E-23
ENSG00000211765	TRBJ2-2	chr7	142494213	142494251	0.276931002737816	1.32688435267349E-23
ENSG00000232301	RP11-132A1.3	chr7	100942959	100942989	0.252006236675883	1.35509953024362E-23
ENSG00000125753	VASP	chr19	46002639	46002680	0.13346272196598	1.36941293783355E-23
ENSG00000157219	HTR5A	chr7	154862021	154862073	0.179186704007188	1.38078465494715E-23
ENSG00000125285	SOX21	chr13	95362730	95362829	0.22044881986337	1.38209985797302E-23
ENSG00000261821	CTD-2311M21.3	chr15	74658039	74658269	0.24408171749708	1.39446737488027E-23
ENSG00000250467	RP11-227F19.1	chr4	41750239	41750282	0.21316849836505	1.39984972187198E-23
ENSG00000238504	AP005638.1	chr11	133402109	133402112	0.225178072167504	1.43011823081254E-23
ENSG00000226239	RP1-310O13.7	chr20	30619214	30619264	0.25339523288289	1.50429084000202E-23
ENSG00000165072	MAMDC2	chr9	72658354	72658490	0.203655608053361	1.57972856859101E-23
ENSG00000171450	CDK5R2	chr2	219826800	219826891	0.26467063888968	1.63615533889256E-23
LRG_13	LRG_13	chr11	14993734	14994003	0.235475092437857	1.80905356626525E-23
ENSG00000183729	NPBWR1	chr8	53851101	53851189	0.27115772792625	1.8126015790723E-23
ENSG00000168447	SCNN1B	chr16	23313042	23313085	0.145508701867662	1.92009584814523E-23
ENSG00000141433	ADCYAP1	chr18	904734	905180	0.269822303903009	1.94936171909385E-23
ENSG00000226252	RP1-18D14.7	chr1	47696505	47696621	0.255728569011101	1.9612420663069E-23
ENSG00000184922	FMNL1	chr17	43298733	43299066	0.138901612334784	1.98973032003825E-23
ENSG00000248626	GAPDHP40	chr5	159399013	159399487	0.229892268662825	2.00802052493445E-23
ENSG00000188373	C10orf99	chr10	85931562	85931653	0.401408282803553	2.04114793872683E-23
ENSG00000188042	ARL4C	chr2	235404738	235404946	0.109000544752465	2.04247214390346E-23
ENSG00000207705	MIR129-1	chr7	127841927	127841976	0.245330675985537	2.17440146185337E-23

ENSG00000204044	RP11-465L10.10	chr20	44642071	44642135	0.156877437308337	2.17928513750659E-23
ENSG00000259369	RP11-291H24.1	chr15	56034563	56035403	0.221178501988893	2.20978620724076E-23
ENSG0000034239	EFCAB1	chr8	49647703	49648006	0.272851429803225	2.59032228882764E-23
ENSG00000229559	RP1-153P14.3	chr6	37504568	37504644	0.25632834605431	2.61792861292867E-23
ENSG00000232825	RP5-896L10.1	chr1	99469722	99469819	0.282737917536593	2.63519701321499E-23
ENSG00000145536	ADAMTS16	chr5	5140406	5140878	0.233820390240541	2.69765187625915E-23
ENSG00000130045	NXNL2	chr9	91150086	91150690	0.25678898662915	2.76011607981106E-23
LRG_523	LRG_523	chr14	81421927	81422204	0.162033755246044	2.79694528151879E-23
ENSG00000267317	CTB-25B13.12	chr19	1457206	1457282	0.181152230874946	2.90798317682383E-23
ENSG00000200711	RNA5SP28	chr13	51417768	51418041	0.275971757399826	2.98517676143402E-23
ENSG00000127914	AKAP9	chr7	91510378	91510447	0.18523653684144	2.9912347774113E-23
ENSG00000253688	RP11-567J20.2	chr8	49468688	49469048	0.245302245998436	2.99852883231065E-23
ENSG00000235198	CTA-109P11.1	chr10	119313166	119313305	0.20750044488249	3.19819211855899E-23
ENSG00000176956	LY6H	chr8	144242289	144242362	0.21671441439208	3.20778843016579E-23
ENSG00000260734	RP11-510M2.4	chr16	71460406	71460451	0.229397540732008	3.23378634878241E-23
ENSG00000183775	KCTD16	chr5	143584754	143584857	0.189057158651409	3.24539963953128E-23
ENSG00000251876	AL035106.1	chr20	47443796	47443872	0.272425106680775	3.3074429904531E-23
ENSG00000185811	IKZF1	chr7	50343212	50344222	0.225298567336983	3.34703079875896E-23
ENSG00000238194	RP4-719C8.1	chr20	58180506	58180786	0.28756577380348	3.38306271269316E-23
ENSG00000211771	TRBJ2-7	chr7	142495136	142495235	0.26882666550764	3.44470716555988E-23
ENSG00000224930	LINC00162	chr21	46438000	46438036	0.213440238600071	3.48510699471091E-23
ENSG00000072840	EVC	chr4	5712817	5713483	0.229999779067042	3.53598615451601E-23
ENSG00000211770	TRBJ2-6	chr7	142494564	142495048	0.283570115436444	3.5956163548893E-23
ENSG00000255273	AF238378.7	chr8	6949647	6950079	0.111474147151512	3.60280292032356E-23
ENSG00000162706	CADM3	chr1	159141367	159141747	0.267768455292023	3.73465085336119E-23
ENSG00000164107	HAND2	chr4	174446156	174446284	0.244229107294847	3.77471081064275E-23
ENSG00000229676	ZNF492	chr19	22817039	22817147	0.288599165369322	3.80500889779269E-23
ENSG00000146555	SDK1	chr7	3340363	3341618	0.205112308522989	3.82962335537713E-23
ENSG00000237325	AP000563.2	chr21	32716379	32716484	0.252313078522702	3.88090319650297E-23
ENSG00000118473	SGIP1	chr1	66999049	66999088	0.220321423337193	3.96424198452728E-23
ENSG00000230725	RP4-738P15.1	chr20	25129583	25129609	0.218524530632388	3.98876012313676E-23
ENSG00000141570	CBX8	chr17	77765967	77766009	0.208703366182487	3.99147140433067E-23
ENSG00000232633	CTD-2201G3.1	chr5	112630684	112630723	0.184543102113481	4.178992008362E-23
ENSG00000164967	RPP25L	chr9	34591434	34591539	0.107093828983175	4.33799421361536E-23
ENSG00000122591	FAM126A	chr7	23053794	23053820	0.143225868257251	4.65917772949401E-23
ENSG00000186654	PRR5	chr22	45064142	45064673	0.170026793450426	4.66361805462709E-23
ENSG00000122679	RAMP3	chr7	45197249	45197780	0.220706519780323	4.67761572849174E-23
ENSG00000236947	RP11-98G7.1	chr1	156406711	156406758	0.200157107783525	4.70140509662724E-23
ENSG00000243914	RPL5P14	chr5	31854493	31854521	0.219041404786976	4.89313964162555E-23
ENSG00000115665	SLC5A7	chr2	108602841	108603339	0.286699410862248	5.19058748009153E-23
ENSG00000269883	AC007375.1	chr14	77606829	77608071	0.18152817843675	5.4309189271976E-23
ENSG00000166025	AMOTL1	chr11	94473405	94473439	0.165018968568101	5.47598616335783E-23
ENSG00000138311	ZNF365	chr10	64133957	64134257	0.17102534291825	5.50532776866827E-23
ENSG00000167968	DNASE1L2	chr16	2286370	2286426	0.189379481409446	5.60441052495366E-23
ENSG00000142698	C1orf94	chr1	34632519	34632585	0.213224186661693	6.02928917279383E-23
ENSG00000109390	NDUFC1	chr4	140200424	140200429	0.239906995188713	6.14631223973916E-23
ENSG00000231453	AC018470.4	chr2	175190787	175190821	0.267017188271445	6.30434621569445E-23
ENSG00000254293	CTB-158E9.1	chr5	153863495	153863530	0.172970616315671	6.56096247833287E-23
ENSG00000249141	RP11-514O12.4	chr6	167275395	167275439	0.218942787448522	6.57957898776997E-23
ENSG00000162344	FGF19	chr11	69517851	69519088	0.182564003637324	6.93203957109418E-23
ENSG00000267369	RP11-1094M14.8	chr17	33825074	33825217	0.317886707590802	7.02687147073449E-23
ENSG00000168818	STX18	chr4	4389403	4389910	0.254237777425108	7.06462002515182E-23
ENSG00000207491	RNU6-423P	chr1	212873604	212874047	0.193757814316212	7.09387947942558E-23
ENSG00000240184	PCDHGC3	chr5	140855469	140855631	0.185747919449174	7.54092439729222E-23
ENSG00000111249	CUX2	chr12	111471679	111471915	0.250232022691432	7.87586853835156E-23
ENSG00000144681	STAC	chr3	36422004	36422201	0.228146177944718	7.98472365647622E-23
ENSG00000078674	PCM1	chr8	17773381	17773397	0.172360881265831	8.02486029168468E-23
ENSG00000139767	SRRM4	chr12	119419249	119419363	0.253412647899233	8.13537694950561E-23
ENSG00000078900	TP73	chr1	3568653	3568633	0.149483538340136	8.4164429488141E-23
ENSG00000265662	AL354981.1	chr9	119722318	119722355	0.191531639603125	9.21775018949003E-23
ENSG00000087510	TFAP2C	chr20	55203204	55203234	0.175556758944092	9.23211530497192E-23
ENSG00000058866	DGKG	chr3	185911316	185911389	0.261581354608648	9.33776275644213E-23
ENSG00000164161	HHIP	chr4	145566866	145567457	0.301214843277399	9.35834624967926E-23
ENSG00000227081	RP11-543P15.1	chr12	3310176	3310269	0.200251376522782	9.49601201688056E-23
ENSG00000131914	LIN28A	chr1	26737328	26737470	0.200849513195968	1.08629713408441E-22
ENSG00000229360	PPP1R2P5	chr2	107504169	107504201	0.262084299320578	1.10786022628792E-22
ENSG00000251621	AC009487.5	chr2	162279836	162280771	0.176096987714847	1.12683014551873E-22
ENSG00000061455	PRDM6	chr5	122424917	122425195	0.247769073879404	1.22610311843503E-22
ENSG00000159753	RLTPR	chr16	67681976	67682014	0.299033200716374	1.25144511262007E-22

ENSG00000244125	AC078882.1	chr2	142888625	142888675	0.175469007177325	1.29605863958035E-22
ENSG00000162951	LRRTM1	chr2	80530765	80530842	0.239696407413413	1.35346040791103E-22
ENSG00000265619	AC093824.1	chr4	186048226	186048253	0.271984588290786	1.41993606753386E-22
ENSG00000227311	RP1-228H13.1	chr1	40782860	40783139	0.164129468931547	1.44158268745028E-22
ENSG00000203900	RP11-261N11.8	chr20	61992402	61992687	0.248497374464616	1.47753143384014E-22
ENSG00000215094	RP11-244K5.7	chr6	150275603	150275734	0.241645485132429	1.48025197942568E-22
ENSG00000201041	RNA5SP242	chr7	128337438	128337521	0.211011248980863	1.49171983616974E-22
ENSG00000168140	VASN	chr16	4421578	4421603	0.119293181842546	1.51006399608876E-22
ENSG00000075891	PAX2	chr10	102495117	102495453	0.263564349128933	1.52712536193935E-22
ENSG00000165379	LRFN5	chr14	42076710	42076759	0.303943631864903	1.59232240019576E-22
ENSG00000232046	AC007392.3	chr2	66803183	66803469	0.262185084940019	1.60083435581951E-22
ENSG00000259286	RP11-696L21.2	chr15	69136253	69136354	0.153214559416673	1.73046682049491E-22
ENSG00000147647	DPYS	chr8	105236222	105236225	0.264603608128005	1.77583675348436E-22
ENSG00000268886	CTD-3099C6.7	chr19	53074018	53074038	0.222147921864517	1.8148266952603E-22
ENSG00000257129	RP11-554D14.1	chr12	108306648	108306682	0.243371803070288	1.89021591117181E-22
ENSG00000266803	RP1-77H15.1	chr17	16472083	16472592	0.174661299726373	1.89146581617025E-22
ENSG00000249257	RP11-75N20.2	chr4	109684526	109684595	0.226072150437484	1.90967080509827E-22
ENSG00000121413	ZSCAN18	chr19	58609339	58609431	0.238551698403079	1.92121067196142E-22
ENSG00000104848	KCNA7	chr19	49575323	49575927	0.245594845525948	1.92902449879591E-22
ENSG00000200738	RNA5SP472	chr19	32715611	32715799	0.179988108087392	2.00510165260166E-22
ENSG00000213996	TM6SF2	chr19	19373502	19373743	0.219670870903351	2.03586777242212E-22
ENSG00000249819	RP11-392C20.1	chr4	158141046	158141076	0.254052717785091	2.04443954970722E-22
LRG_452	LRG_452	chr9	115216	115268	0.23289389088058	2.19212310547196E-22
ENSG00000267021	MIR4321	chr19	2250750	2251293	0.197096770722548	2.19653065316482E-22
ENSG00000215227	RP11-308K19.2	chr10	13932962	13932999	0.204658487053202	2.25100325547283E-22
ENSG00000111727	HCFC2	chr12	104443998	104444017	0.172509758262984	2.33600741799951E-22
ENSG00000152977	ZIC1	chr3	147111066	147111182	0.24193887419074	2.35695679318156E-22
ENSG00000235601	RP11-231K24.2	chr9	96721208	96721701	0.181156963314959	2.42758444918668E-22
ENSG00000127561	SYNGR3	chr16	2041051	2041174	0.112729114312932	2.47719694168155E-22
ENSG00000206052	DOK6	chr18	67067781	67069150	0.247766058917484	2.49571259717332E-22
ENSG00000267188	CTC-512J12.4	chr19	44905432	44905457	0.187485474663959	2.510644506931E-22
ENSG00000178187	ZNF454	chr5	178368185	178368440	0.270176994609158	2.51907317480078E-22
ENSG00000224972	RP11-403H13.1	chr9	7148162	7148183	0.190427316465173	2.52569625891075E-22
ENSG00000249338	HMGB1P47	chr5	50696049	50696061	0.253615114571801	2.57169989205312E-22
ENSG00000270020	RP11-463O9.9	chr16	86550292	86550541	0.200207831700909	2.59122466101583E-22
ENSG00000266496	AC131951.1	chr4	44449477	44451132	0.239855477316908	2.64683595851667E-22
ENSG00000265984	RP11-699A5.2	chr18	18821240	18821290	0.244608611747023	2.66202710186162E-22
ENSG00000178053	MLF1	chr3	158288958	158289068	0.168294976570464	2.73265246542859E-22
ENSG00000224486	HCG19P	chr6	30325790	30325965	0.243503415662942	2.78474980927478E-22
ENSG00000181072	CHRM2	chr7	136553421	136553486	0.281222105532079	2.79352870269867E-22
ENSG00000161243	FBXO27	chr19	39467405	39467465	0.217013527973785	2.83848403072549E-22
ENSG00000123364	HOXC13	chr12	54332701	54333173	0.253816429569446	3.12681490337567E-22
ENSG00000266166	RN7SL557P	chr16	25189580	25189610	0.362089650876881	3.1419321460118E-22
ENSG00000144891	AGTR1	chr3	148415463	148415668	0.22158893600718	3.14298119130202E-22
ENSG00000270628	RP11-26F2.2	chr15	23115395	23115452	0.261044976985418	3.17104362253298E-22
ENSG00000184302	SIX6	chr14	60975733	60975752	0.252918007571276	3.20645825350678E-22
ENSG00000157570	TSPAN18	chr11	44748937	44749800	0.100635666004351	3.25751676768133E-22
ENSG00000164600	NEUROD6	chr7	31376083	31376095	0.218282702585528	3.27310573349739E-22
ENSG00000213762	ZNF134	chr19	58125534	58125867	0.185274219109143	3.300474428736E-22
ENSG00000222436	RN7SKP278	chr10	110672251	110672325	0.268946155633467	3.34922370117298E-22
ENSG00000182631	RXFP3	chr5	33936458	33936615	0.249356113616834	3.43625846093677E-22
ENSG00000260970	RP11-295D22.1	chr9	122132368	122132379	0.259175137573984	3.54060098812694E-22
ENSG00000147889	CDKN2A	chr9	21968199	21968267	0.205606783354491	3.57686175444904E-22
LRG_11	LRG_11	chr9	21968199	21968267	0.205606783354491	3.57686175444904E-22
ENSG00000158169	FANCC	chr9	97855944	97856125	0.341350384003829	3.82274199035349E-22
LRG_497	LRG_497	chr9	97855944	97856125	0.341350384003829	3.82274199035349E-22
ENSG00000238202	AC002465.2	chr7	116962842	116962950	0.246232158335887	3.86874846055227E-22
ENSG00000229771	RP4-644L1.2	chr20	39321485	39321646	0.251964630564098	3.89705675029762E-22
ENSG00000123307	NEUROD4	chr12	55413858	55413895	0.132432424199745	4.30945279823818E-22
ENSG00000111058	ACSS3	chr12	81331660	81331718	0.238614248804306	4.36267573688745E-22
ENSG00000129244	ATP1B2	chr17	7554140	7554413	0.193163813598217	4.37526514467175E-22
ENSG00000102606	ARHGEF7	chr13	111766815	111767155	0.177840857205556	4.47362809374895E-22
ENSG00000125385	RP11-297B17.2	chr9	37037680	37038157	0.205806843647377	4.57878231778227E-22
ENSG00000138646	HERC5	chr4	89378224	89378683	0.124150579639655	4.98884572390599E-22
ENSG00000248485	PCP4L1	chr1	161228478	161228597	0.230673208784272	4.99115349918235E-22
ENSG00000165474	GJB2	chr13	20762958	20762982	0.115509724220262	5.03642905727586E-22
ENSG00000198771	RCSD1	chr1	167599232	167599279	0.24820708493538	5.21551684963333E-22
ENSG00000240419	RP11-545E8.1	chr16	7136998	7137080	0.28877972222092	5.23448407792586E-22
ENSG00000256633	RP11-169D4.2	chr11	72295168	72295866	0.228566739633279	5.24306778562831E-22

ENSG00000117643	MAN1C1	chr1	25944495	25944564	0.137527126923847	5.2873475672835E-22
ENSG00000136110	LECT1	chr13	53313739	53314031	0.234904832436141	5.38784393396881E-22
ENSG00000234394	RP11-561O23.5	chr9	70921191	70921457	0.209848074979088	5.47857817927007E-22
ENSG00000265982	RP11-927P21.4	chr17	62774646	62775302	0.220278503301659	5.6047546866704E-22
ENSG00000206579	XKR4	chr8	56015054	56015785	0.230097939778248	5.63476021130232E-22
ENSG00000153094	BCL2L1	chr2	111876698	111877025	0.179929956797068	5.68867168485138E-22
ENSG00000140600	SH3GL3	chr15	84115969	84116297	0.270145227081713	5.72177901898032E-22
ENSG00000169594	BNC1	chr15	83952935	83953780	0.242855692221789	5.79465583228902E-22
ENSG00000156218	ADAMTSL3	chr15	84322380	84323070	0.226712353268554	6.44200364791414E-22
ENSG00000231149	RP11-10J18.3	chr9	127265182	127265258	0.2604014330669	6.57498931526281E-22
ENSG00000214513	NOTO	chr2	73429407	73429457	0.268100821556626	6.79500164378163E-22
ENSG00000101282	RSPO4	chr20	982753	983238	0.286616863316484	6.90733939892758E-22
ENSG00000156486	KCNS2	chr8	99438884	99439955	0.175962469874925	6.95156899485278E-22
ENSG00000102678	FGF9	chr13	22243780	22243932	0.131563258813438	7.20068113857229E-22
ENSG00000002745	WNT16	chr7	120968781	120968822	0.207195853949766	7.32479229666554E-22
ENSG00000252846	AC090206.1	chr18	24131560	24131604	0.204664032506616	7.80499945216751E-22
ENSG00000171680	PLEKHG5	chr1	6533312	6533372	0.320834897756326	7.8953710842577E-22
LRG_262	LRG_262	chr1	6533312	6533372	0.320834897756326	7.8953710842577E-22
ENSG00000115138	POMC	chr2	25391073	25391852	0.256679012693511	7.92463986775217E-22
ENSG00000183166	CALN1	chr7	71217819	71217851	0.232823400927481	7.96434090958181E-22
ENSG00000103742	IGDCC4	chr15	65669647	65669757	0.249726863938854	8.6969986276814E-22
ENSG00000237410	AP001092.4	chr11	64410186	64410564	0.326370317469574	8.71486753420848E-22
ENSG00000258748	CTD-2223O18.1	chr14	104602302	104603507	0.173425212841757	8.97344797495341E-22
ENSG00000235608	NKX1-1	chr4	1399577	1400691	0.254780284931451	9.07375575583403E-22
ENSG00000272157	CTD-2168K21.2	chr8	24814126	24814294	0.246623347717982	9.16784354588813E-22
ENSG00000261667	RP11-520P18.5	chr8	144162682	144162834	0.194398611350672	9.26824730600229E-22
ENSG00000162931	TRIM17	chr1	228603985	228604010	0.273304812331252	9.4028866062358E-22
ENSG00000227372	TP73-AS1	chr1	3649928	3649962	0.258714232593769	9.44240212953687E-22
ENSG00000144278	GALNT13	chr2	154728370	154728822	0.190636148619702	9.48429667915672E-22
ENSG00000111783	RFX4	chr12	106976678	106976711	0.22444262323817	9.51576653984466E-22
ENSG00000164180	TMEM161B	chr5	87441954	87441993	0.17203274377995	9.68854845547412E-22
ENSG00000258511	RP11-61O1.2	chr14	98629206	98629292	0.219741329848008	9.77280394332139E-22
ENSG00000177875	C12orf68	chr12	48577362	48577805	0.239271129949432	9.87343591348647E-22
ENSG00000155970	MICU3	chr8	16884364	16884716	0.263101462157196	9.94321450566095E-22
ENSG00000089169	RPH3A	chr12	113013033	113013363	0.2456356323609	1.02025210151131E-21
ENSG00000263656	AC105402.1	chr2	149646002	149646021	0.247982260751274	1.07816497727196E-21
ENSG00000172901	AQPEP	chr5	115297895	115298092	0.249990292157636	1.08573413443634E-21
ENSG00000228672	PROB1	chr5	138729262	138729351	0.135437769531006	1.11498476257073E-21
ENSG00000160951	PTGER1	chr19	14584141	14584479	0.203904363562862	1.15461722351462E-21
ENSG00000253304	TMEM200B	chr1	29450360	29450584	0.176903160328865	1.15837745458217E-21
ENSG00000258481	RP11-472N19.3	chr14	92721331	92721383	0.209668070801716	1.19219009310183E-21
ENSG00000163508	EOMES	chr3	27764396	27764437	0.24925832528367	1.21181520375229E-21
ENSG00000176692	FOXC2	chr16	86600857	86602332	0.234413937233793	1.21447570669332E-21
ENSG00000260115	CTC-420A11.2	chr16	62068434	62068578	0.294315995010009	1.22677870446019E-21
ENSG00000105447	GRWD1	chr19	48947629	48947664	0.226150976792263	1.23097996033852E-21
ENSG00000105641	SLC5A5	chr19	17982759	17982802	0.104455077699175	1.27862089029683E-21
ENSG00000222209	RNA5SP56	chr1	118728062	118728086	0.203438995402594	1.32409119579882E-21
ENSG00000241644	INMT	chr7	30722239	30722444	0.286699946888998	1.38110829594826E-21
ENSG00000182156	ENPP7	chr17	77721012	77721058	0.24787854623654	1.39465699071038E-21
ENSG00000171773	NXNL1	chr19	17566508	17566560	0.263618472423877	1.43616623563196E-21
ENSG00000213174	RP11-373E16.1	chr3	170303879	170303917	0.260401369238324	1.43642305011988E-21
ENSG00000115204	MPV17	chr2	27531431	27531458	0.277066582642218	1.46002434243924E-21
ENSG00000086205	FOLH1	chr11	49230164	49230226	0.308857197021607	1.4747732665038E-21
ENSG00000257579	RP11-128P10.1	chr12	107975283	107975304	0.203261106526535	1.48295268443671E-21
ENSG00000109424	UCP1	chr4	141489776	141489859	0.207758017541831	1.48329852836457E-21
ENSG00000125746	EML2	chr19	46105223	46105527	0.152559490680004	1.51265272226251E-21
ENSG00000188730	VWC2	chr7	49812977	49813703	0.256312508520432	1.52632378998235E-21
ENSG00000161940	BCL6B	chr17	6926299	6926334	0.118819868280381	1.5459668651235E-21
ENSG00000258713	C20orf141	chr20	2802263	2802304	0.285974400053143	1.56730078438254E-21
ENSG00000205832	C16orf96	chr16	4588107	4588977	0.213220640449485	1.60523864101433E-21
ENSG00000172803	SNX32	chr11	65601088	65601544	0.190585568002079	1.67997485403258E-21
ENSG00000133401	PDZD2	chr5	31639054	31639194	0.113297810070087	1.70338108157433E-21
ENSG00000183072	NKX2-5	chr5	172659103	172659142	0.235544323488503	1.71960353310129E-21
LRG_474	LRG_474	chr11	61063182	61063259	0.196076626259491	1.72066837836963E-21
ENSG00000233778	RP11-777J24.1	chr8	93115898	93115978	0.225840155219137	1.76016151647145E-21
ENSG00000186417	GLDN	chr15	51633704	51633821	0.249645294626117	1.80262071452863E-21
ENSG00000167969	EC11	chr16	2288932	2288959	0.216347073689176	1.83587048217407E-21
ENSG00000163064	EN1	chr2	119599616	119599748	0.231063715159732	1.84540374158479E-21
ENSG00000142611	PRDM16	chr1	2984743	2985038	0.211829216373173	1.85798733954439E-21

ENSG00000140090	SLC24A4	chr14	92788884	92789242	0.169989061805682	1.87468349475281E-21
ENSG00000143028	SYPL2	chr1	110008973	110009549	0.196968519181309	1.88239876297077E-21
ENSG00000262052	RP11-763E3.1	chr17	53922741	53922884	0.207151849413391	1.90008175907473E-21
ENSG00000167434	CA4	chr17	58227242	58227804	0.160423543241574	1.91219202518945E-21
ENSG00000212308	RNA5SP23	chr1	78956651	78956666	0.238056527913096	1.93556216000802E-21
ENSG00000237371	RP13-152O15.5	chr20	62688435	62688452	0.192281749725948	2.04455352757447E-21
ENSG00000240882	RP11-174O3.1	chr3	120003887	120004425	0.244803636826866	2.06432258770843E-21
ENSG00000261282	SOD1P2	chr16	51147461	51147558	0.22531879997803	2.09153034683253E-21
ENSG00000105737	GRIK5	chr19	42502731	42503490	0.137693808809629	2.11352953835404E-21
ENSG00000133937	GSC	chr14	95236450	95236559	0.198607737470549	2.11507884374219E-21
ENSG00000253356	RP11-90P5.2	chr8	38008250	38008389	0.243316776856557	2.14917861197991E-21
ENSG00000221263	MIR548P	chr5	100236339	100236372	0.2677498666207	2.1496915546232E-21
ENSG00000268785	RPL7P50	chr19	6590890	6591022	0.232416755094982	2.16705170207719E-21
ENSG00000168487	BMP1	chr8	22021809	22021814	0.123890711023929	2.16868839055423E-21
ENSG00000105251	SHD	chr19	4279414	4279771	0.213282158655808	2.18547962522982E-21
ENSG00000169418	NPR1	chr1	153651071	153652365	0.135343934580345	2.22877654622991E-21
ENSG00000249693	THEGL	chr4	57396438	57396926	0.25967762581628	2.39135275603468E-21
ENSG00000260422	RP1-155D22.2	chr6	164393080	164393151	0.119102163478668	2.39502106126439E-21
ENSG00000266517	MIR4715	chr15	26095685	26095749	0.272120787828718	2.51502937311072E-21
ENSG00000236886	AC007563.5	chr2	217559020	217559363	0.191561149633956	2.55743014804232E-21
ENSG00000128594	LRR4	chr7	127672221	127672318	0.229724819303126	2.58834506516366E-21
ENSG00000214295	FOXO1B	chr5	180527421	180527783	0.257950417910761	2.66727918026166E-21
ENSG00000250076	RP11-141P6.1	chr4	33062731	33062752	0.195852364168228	2.69618797212694E-21
ENSG00000214575	CPEB1	chr15	83240569	83240612	0.18454791608458	2.70083343062486E-21
ENSG00000144218	AFF3	chr2	100170720	100170797	0.1503333199565	2.78969564027867E-21
ENSG00000259705	RP11-227D13.1	chr15	48938228	48938283	0.256669326698664	2.79549636451169E-21
ENSG00000105613	MAST1	chr19	12952026	12952157	0.191719098408339	2.84536075196163E-21
ENSG00000125872	LRRN4	chr20	6033413	6033448	0.120077729113034	2.85619224712132E-21
ENSG00000117069	ST6GALNAC5	chr1	77333115	77333323	0.216758544332897	2.88769829538253E-21
ENSG00000185567	AHNAK2	chr14	105399565	105399909	0.152388353844664	2.90117371273866E-21
ENSG00000231538	DPP10-AS3	chr2	115420161	115420247	0.252763292496871	2.92649795433831E-21
ENSG00000179387	ELMOD2	chr4	141419553	141419641	0.207561517508732	3.01298920079985E-21
ENSG00000269515	AL137026.1	chr10	44879444	44879480	0.245245261843457	3.0568615212555E-21
ENSG00000120948	TARDBP	chr1	11073800	11073873	0.180694195691551	3.11966882110911E-21
ENSG00000037042	TUBG2	chr17	40806226	40806294	0.182002749782499	3.12969745211713E-21
ENSG00000230314	ELOVL2-AS1	chr6	11044780	11045000	0.231638418907525	3.12983568352501E-21
ENSG00000162551	ALPL	chr1	21835832	21836033	0.160839335622522	3.19957995349042E-21
ENSG00000221698	MIR548H3	chr17	13503841	13503957	0.214040468191487	3.21983033123827E-21
ENSG00000218336	TENM3	chr4	183063936	183064179	0.183860803045556	3.22682658491366E-21
ENSG00000238803	AL732479.1	chr10	88123036	88123661	0.25392749464449	3.27402352620674E-21
ENSG00000016082	ISL1	chr5	50675114	50675192	0.182305569895493	3.43413631203955E-21
ENSG00000006025	OSBPL7	chr17	45867499	45867743	0.189276092567981	3.48254689742491E-21
ENSG00000188916	FAM196A	chr10	128993830	128994644	0.229366759114481	3.5050353097552E-21
ENSG00000228939	AKT3-IT1	chr1	244012360	244012398	0.158202882583816	3.66476831993727E-21
ENSG00000233384	RP11-100E13.1	chr1	224803833	224804081	0.226010849134162	3.67046941916052E-21
ENSG00000267662	AC007796.1	chr19	31839636	31839781	0.242425326989234	3.82475909487846E-21
ENSG00000186806	VSIG10L	chr19	51830929	51831293	0.206014571183547	3.92428295512333E-21
ENSG00000064195	DLX3	chr17	48070670	48070737	0.174528221279082	4.0240998567414E-21
ENSG00000187667	WHAMMP3	chr15	23207925	23208795	0.135690467034146	4.02738048670461E-21
ENSG00000197217	ENTPD4	chr8	23260699	23261633	0.18231360319707	4.11878038242228E-21
ENSG00000103241	FOXF1	chr16	86544086	86545018	0.241087853722016	4.12169514569982E-21
ENSG00000176399	DMRTA1	chr9	22446834	22447100	0.218338981467046	4.12586204195111E-21
ENSG00000134640	MTNR1B	chr11	92702790	92703217	0.216496762697486	4.32559925002056E-21
ENSG00000228290	RP11-132M7.3	chr6	85471982	85472016	0.226699698047626	4.41494245934685E-21
ENSG00000221446	AC099805.1	chr8	72459499	72459507	0.27436628041309	4.46876553784901E-21
ENSG00000223349	KLF2P3	chr2	131449734	131449788	0.248411120680893	4.48974736630362E-21
ENSG00000233611	AC079135.1	chr2	237076002	237076306	0.238020964339529	4.59109452965065E-21
ENSG00000151917	BEND6	chr6	56819376	56820346	0.118709802819246	4.59966981891465E-21
ENSG00000264194	AC000003.2	chr17	10101035	10101943	0.282212652247377	4.62541255888365E-21
ENSG00000113739	STC2	chr5	172756059	172756098	0.205539213421623	4.6519199819867E-21
ENSG00000148798	INA	chr10	105036611	105036769	0.206553947987427	4.6921508624134E-21
ENSG00000228195	RPL5P27	chr10	118500885	118501034	0.171088486200962	4.81838906511345E-21
ENSG00000232638	RP11-379F12.4	chr10	8093474	8093533	0.214672602227844	4.8366584047427E-21
ENSG00000266389	CTB-4116.1	chr17	8868889	8869356	0.198631810029971	4.88458569288616E-21
ENSG00000069011	PITX1	chr5	134363433	134363472	0.269324441764148	4.89324165765664E-21
ENSG00000252866	RNA5SP243	chr7	128337766	128337823	0.222153910804888	4.93664862276798E-21
ENSG00000115232	ITGA4	chr2	182321762	182321900	0.217310764283097	5.08678658084266E-21
ENSG00000267660	CTC-479C5.17	chr16	67978429	67978471	0.161517623600238	5.09276129395395E-21
ENSG00000134443	GRP	chr18	56887002	56887691	0.226721755543582	5.47485715858386E-21

ENSG00000151079	KCNA6	chr12	4918274	4918393	0.284830274308593	5.53521270054356E-21
ENSG00000262833	RP11-28G8.1	chr17	78821562	78821604	0.201580425784401	5.62084597891644E-21
ENSG00000031823	RANBP3	chr19	5915008	5915287	0.285493581303551	5.80552404445217E-21
ENSG00000172995	ARPP21	chr3	35680574	35680729	0.255474885910601	5.9844978621311E-21
ENSG00000270948	RP11-460N20.7	chr7	64407619	64407936	0.233017644821662	6.01382947822595E-21
ENSG00000242686	RP11-1191J2.2	chr4	645859	645905	0.139267205106018	6.15052036731807E-21
ENSG00000178163	ZNF518B	chr4	10458214	10459163	0.191174746244271	6.20218442511091E-21
ENSG00000119421	NDUFA8	chr9	124889806	124889865	0.189375318005239	6.46831896111492E-21
ENSG00000105278	ZFR2	chr19	3801965	3802000	0.167424777001786	6.54087315943017E-21
ENSG00000164692	COL1A2	chr7	94023825	94023872	0.18862335210591	6.62705705176577E-21
LRG_2	LRG_2	chr7	94023825	94023872	0.18862335210591	6.62705705176577E-21
ENSG00000258316	KLF17P1	chr12	62586188	62586267	0.127307768907644	6.64093727067502E-21
ENSG00000234695	AC002076.10	chr7	93519940	93520181	0.286549700256847	6.67630446974286E-21
ENSG00000254839	AF131215.6	chr8	10916663	10917316	0.147287604543432	6.68924305449302E-21
ENSG00000100985	MMP9	chr20	44638532	44638575	0.248050071304099	6.76199639979272E-21
ENSG00000224700	RP11-697E14.2	chr11	131868529	131868532	0.339423463540987	6.79122091870144E-21
ENSG00000130479	MAP1S	chr19	17798925	17799322	0.135598721775664	6.85865152089325E-21
ENSG00000020633	RUNX3	chr1	25254076	25254231	0.26564994722027	6.88687286866937E-21
ENSG00000259235	RP11-605F22.2	chr15	48470016	48470575	0.160501376406686	6.92771128253877E-21
ENSG00000271956	DLX6-AS2	chr7	96635700	96635992	0.292960689098565	6.96303681214332E-21
ENSG00000164742	ADCY1	chr7	45613771	45614616	0.179299928948453	7.14735977087123E-21
ENSG00000250486	FAM218A	chr4	165878016	165878431	0.245263925126017	7.26651496780311E-21
ENSG00000043591	ADRB1	chr10	115803874	115804197	0.147453186476069	8.10820844813382E-21
ENSG00000255354	RP11-148O21.2	chr8	11421254	11421269	0.128769228432796	8.27674883600932E-21
ENSG00000207261	RNU6-738P	chr5	27038802	27038846	0.227113786124601	8.50413181452479E-21
ENSG00000018607	ZNF806	chr2	133062405	133062425	0.217131315558184	8.56649275880089E-21
ENSG00000185742	C11orf87	chr11	109292789	109293153	0.246440963814467	8.85099699993782E-21
ENSG00000169836	TACR3	chr4	104641033	104641319	0.233365952908798	9.12086189072022E-21
ENSG00000163531	NFASC	chr1	204797630	204797968	0.221905422142325	9.39663708856581E-21
ENSG00000170775	GPR37	chr7	124405137	124405203	0.182011297826637	9.40175015587813E-21
ENSG00000196169	KIF19	chr17	72322042	72322458	0.134932700629552	9.46114717468734E-21
ENSG00000268895	A1BG-AS1	chr19	58858713	58858975	0.222693813360914	9.65912990574111E-21
ENSG00000137124	ALDH1B1	chr9	38395556	38395561	0.203608258099883	9.93423980484046E-21
ENSG00000089116	LHX5	chr12	113900679	113900719	0.117857495281295	1.00471226841608E-20
ENSG00000136404	TM6SF1	chr15	83775955	83776476	0.273230331614844	1.01342152248566E-20
ENSG00000163285	GABRG1	chr4	46125937	46125947	0.190548547788311	1.05001805563392E-20
ENSG00000224945	RP11-82L18.2	chr9	91792434	91792571	0.207991377737382	1.06148138222259E-20
ENSG00000249082	CTC-276P9.1	chr5	134374415	134374559	0.207096492820108	1.07671313262654E-20
ENSG00000261018	LL09NC01-254D11.1	chr9	136474976	136475006	0.26568449938841	1.13714139032353E-20
ENSG00000267570	RP11-773H22.1	chr18	12911027	12912000	0.22569593443959	1.13972454336778E-20
ENSG00000251963	AC090420.1	chr8	18673139	18673303	0.331483468793451	1.16958766885109E-20
ENSG00000132872	SYT4	chr18	40857408	40857514	0.214853087568456	1.20037915531211E-20
ENSG00000171827	ZNF570	chr19	37958426	37958466	0.229644170684854	1.21814191990207E-20
ENSG00000132139	GAS2L2	chr17	34068891	34068930	0.189771299639278	1.22897217957163E-20
ENSG00000269800	PLEKHA3P1	chr19	42028381	42028686	0.198451101634199	1.22978898875884E-20
ENSG00000265986	MIR4735	chr1	196577723	196577841	0.236361552954064	1.23076434063184E-20
ENSG00000267333	RP11-677O4.7	chr18	11751118	11751343	0.208002785742444	1.23574013661291E-20
ENSG00000203805	PPAPDC1A	chr10	122216281	122216514	0.230727174253238	1.2393855193825E-20
ENSG00000204682	CASC10	chr10	21783176	21783264	0.171594132839752	1.27499467162193E-20
ENSG00000121075	TBX4	chr17	59529839	59530183	0.264910293608289	1.28989980160055E-20
ENSG00000196628	TCF4	chr18	52989076	52989277	0.202400809977349	1.29247435718692E-20
ENSG00000100095	SEZ6L	chr22	26565534	26565534	0.219279059660273	1.33529703328051E-20
ENSG00000164604	GPR85	chr7	112726869	112726896	0.236817340617849	1.34044552303698E-20
ENSG00000128274	A4GALT	chr22	43116297	43117096	0.124216329033256	1.34103320628358E-20
ENSG00000181652	ATG9B	chr7	150716366	150716421	0.207902815841591	1.35030070598769E-20
ENSG00000074603	DPP8	chr15	65713479	65713584	0.264865673075493	1.43923074173851E-20
ENSG00000129990	SYT5	chr19	55684858	55685031	0.143252616784258	1.45288763704304E-20
ENSG00000177706	FAM20C	chr7	192458	193732	0.107751217809419	1.47105139480178E-20
ENSG00000137265	IRF4	chr6	391865	392181	0.27870911184214	1.48135050467485E-20
ENSG00000100285	NEFH	chr22	29876165	29876502	0.20224148846303	1.49364487346528E-20
ENSG00000253697	RP11-1081K18.1	chr8	9537322	9537327	0.291936426657972	1.50009414377093E-20
ENSG00000130751	NPAS1	chr19	47522905	47522935	0.134114002594018	1.50074111569254E-20
ENSG00000261766	RP11-22P6.2	chr16	28877514	28877720	0.241591551867313	1.50531883212301E-20
ENSG00000171873	ADRA1D	chr20	4229310	4230011	0.21202382811522	1.56322693890673E-20
ENSG00000231417	IRX1P1	chr13	25319985	25320490	0.235937175803325	1.58651748459734E-20
ENSG00000137203	TFAP2A	chr6	10391002	10391069	0.26321363061759	1.64473257995464E-20
ENSG00000255703	RP11-46H11.2	chr12	133481384	133481414	0.283154919358603	1.65590515783672E-20
ENSG00000235086	FNDC1-IT1	chr6	159655322	159655425	0.236258147113888	1.6739290707349E-20
ENSG00000235119	RP11-9M16.2	chr9	117157871	117157899	0.156530679517745	1.67894364210131E-20

ENSG00000270571	RP11-355F16.1	chr2	75426230	75426259	0.182026110030726	1.6872840220746E-20
ENSG00000160460	SPTBN4	chr19	41018548	41019441	0.231701976041087	1.72184641623012E-20
ENSG00000130287	NCAN	chr19	19322678	19322915	0.26836060432658	1.82279166944647E-20
ENSG00000230221	RP11-173G21.1	chr9	98111365	98111624	0.31075124398428	1.90428147904845E-20
ENSG00000110799	VWF	chr12	6054350	6054731	0.170677900022224	1.91685580868276E-20
ENSG00000184240	FAM115A	chr7	143580048	143580078	0.336051581457037	1.96962047431861E-20
ENSG00000234965	SHISA8	chr22	42310058	42310792	0.110257803142987	1.97271979339954E-20
ENSG00000168348	INSM2	chr14	36004201	36004231	0.211212364399813	2.01404049704301E-20
ENSG00000264489	AC120120.1	chr5	91709913	91709943	0.26874720271164	2.01875760070974E-20
ENSG00000262888	RP11-462G12.2	chr16	3989007	3989347	0.115303893975348	2.02743727774501E-20
ENSG00000167641	PPP1R14A	chr19	38746639	38747378	0.186314563944244	2.17172269122186E-20
ENSG00000184254	ALDH1A3	chr15	101419987	101420559	0.12702293795372	2.18006011633318E-20
ENSG00000271303	SRXN1	chr20	623089	623458	0.220407671144479	2.20254009036226E-20
ENSG00000207816	MIR124-2	chr8	65291703	65291801	0.211189824521256	2.26658170264778E-20
ENSG00000164885	CDK5	chr7	150748208	150748505	0.128520600387838	2.34752306313801E-20
ENSG00000258959	RP11-1017G21.4	chr14	102516311	102516339	0.154110752526448	2.43780799819035E-20
ENSG00000241082	RN7SL259P	chr11	62694977	62695032	0.220525758022441	2.50460177159546E-20
ENSG00000114654	EFCC1	chr3	128720338	128720609	0.189952458249188	2.54306361453628E-20
ENSG00000078295	ADCY2	chr5	7395968	7396497	0.227374663422531	2.56008622338012E-20
ENSG00000086967	MYBPC2	chr19	50931245	50931622	0.210851511708415	2.62428520114192E-20
ENSG00000265964	RP11-293E1.1	chr17	43861016	43861226	0.201239167770626	2.63626302008917E-20
ENSG00000177453	NIM1K	chr5	43192200	43192556	0.173408148708023	2.67856030868895E-20
ENSG00000123119	NECAB1	chr8	91803670	91804358	0.274223706105491	2.68212442003856E-20
ENSG00000237988	OR211P	chr6	29521076	29521162	0.232058129203137	2.68299412621594E-20
ENSG00000207982	MIR548B	chr6	119399175	119399291	0.153227470293839	2.72756203886101E-20
ENSG00000166986	MARS	chr12	57869088	57869225	0.289614663674984	2.74747306572754E-20
ENSG00000187730	GABRD	chr1	1950418	1950598	0.195716490326621	2.80670912572276E-20
ENSG00000122870	BICC1	chr10	60272468	60273059	0.222911758753923	2.83931709932856E-20
ENSG00000108813	DLX4	chr17	48046742	48046798	0.110634950482704	2.87497560959739E-20
ENSG00000256463	SALL3	chr18	76739395	76741343	0.262885660581709	2.87710919615941E-20
ENSG00000159648	TEPP	chr16	58019295	58019466	0.224661545918796	2.89421029584331E-20
ENSG00000235065	RPL24P2	chr20	21087110	21087165	0.22258548722546	2.99888987227367E-20
ENSG00000207598	MIR124-3	chr20	61809932	61810139	0.214033432254868	3.0742386852273E-20
ENSG00000109576	AADAT	chr4	170946845	170947924	0.106352323275591	3.17002089456602E-20
ENSG00000179840	C1orf200	chr1	9712451	9712596	0.22190898868809	3.20272017921288E-20
ENSG00000231156	AC093702.1	chr2	45240376	45240726	0.290858711516229	3.2215046678797E-20
ENSG00000232285	TCEB2P3	chr2	48982920	48982950	0.272608632048121	3.22447563084358E-20
ENSG00000172752	COL6A5	chr3	130064586	130064740	0.180749069502475	3.23798156585528E-20
ENSG00000245067	IGFBP7-AS1	chr4	57975738	57976915	0.132366003026328	3.27694302358113E-20
ENSG00000170703	TTLL6	chr17	46832607	46832631	0.224279344437687	3.32053375389558E-20
ENSG00000188816	HMX2	chr10	124910217	124910550	0.131178057224021	3.35182304459098E-20
ENSG00000060303	RPS17P5	chr6	50819390	50819411	0.176151809019613	3.48400006315128E-20
ENSG00000182158	CREB3L2	chr7	137532359	137532374	0.247491950063546	3.50831921000499E-20
ENSG00000169122	FAM110B	chr8	58906951	58907844	0.220187033145949	3.63816621374862E-20
ENSG00000256982	CTD-2555A7.2	chr16	89114027	89114089	0.189958081221486	3.79133791242348E-20
ENSG00000182938	OTOP3	chr17	72931730	72931842	0.138408773294433	3.84186772750333E-20
ENSG00000167941	SOST	chr17	41832637	41833189	0.152092136029533	3.86134023095896E-20
ENSG00000081138	CDH7	chr18	63417258	63417311	0.207630442472741	3.87524394791578E-20
ENSG00000077327	SPAG6	chr10	22634089	22634634	0.23707306906557	3.87705860879862E-20
ENSG00000063438	AHRR	chr5	320804	320978	0.209025084821815	3.93798689350655E-20
ENSG00000223855	AC147651.3	chr7	560150	560449	0.101663538547847	3.99798020579674E-20
ENSG00000272510	RP4-680D5.8	chr1	15895352	15895391	0.213404482271678	4.04380373531322E-20
ENSG00000163885	CCDC37	chr3	126113784	126113962	0.260656676337334	4.05223491869375E-20
ENSG00000266887	MIR4535	chr22	49139445	49139501	0.211733378117695	4.26045806121901E-20
ENSG00000134516	DOCK2	chr5	169064343	169064564	0.274882918119611	4.50235059350264E-20
ENSG00000246448	RP13-578N3.3	chr4	144620928	144621860	0.249015762954922	4.54053984016782E-20
ENSG00000247775	RP11-67M1.1	chr4	90757533	90757570	0.236408928801306	4.56659134717685E-20
ENSG00000172409	CLP1	chr11	57414908	57414987	0.211615189235869	4.76793098323041E-20
ENSG00000088992	TESC	chr12	117471700	117471731	0.303052953963585	4.78659971589541E-20
ENSG00000221130	AP001482.1	chr11	88798886	88799277	0.187814060034232	4.86211007510402E-20
ENSG00000165661	QSOX2	chr9	139096677	139097066	0.197219439334696	4.92802678735123E-20
ENSG00000205863	C1QTNF9B	chr13	244777221	244777233	0.186427431096809	5.10130979740085E-20
ENSG00000100596	SPTLC2	chr14	77964514	77964517	0.157948810072879	5.105159696911E-20
LRG_371	LRG_371	chr14	77964514	77964517	0.157948810072879	5.105159696911E-20
ENSG00000249778	TRMT112P2	chr5	79330333	79330376	0.258289219340583	5.31213082921345E-20
ENSG00000207960	MIR153-2	chr7	157370633	157370668	0.111132187332484	5.59100283689701E-20
LRG_105	LRG_105	chr11	57365613	57365660	0.129603295483241	5.73226202549926E-20
ENSG00000165300	SLITRK5	chr13	88324514	88324959	0.236257774525483	5.74058740617123E-20
ENSG00000217327	RPS7P5	chr1	240161226	240161607	0.200929376034563	5.8745689522017E-20

ENSG00000162040	HS3ST6	chr16	1967740	1968873	0.169235274698753	5.88390276283012E-20
ENSG00000226903	LINC00354	chr13	112548279	112548369	0.262980673407665	5.94695340696789E-20
ENSG00000181444	ZNF467	chr7	149461520	149461552	0.28871877844307	6.06831701419298E-20
ENSG00000266369	RP11-344E13.4	chr17	20756046	20756132	0.181622502628427	6.25223168987972E-20
ENSG00000180336	C17orf104	chr17	42733662	42733906	0.262980960200678	6.38889435956001E-20
ENSG00000259444	RP11-736N17.8	chr14	103550446	103550918	0.265081673541812	6.71540425598029E-20
ENSG00000244968	LIFR-AS1	chr5	38556233	38557159	0.23093607529977	6.85519184901797E-20
ENSG00000267714	CTD-2540B15.6	chr19	33716324	33716801	0.216484495957233	7.01475984341544E-20
ENSG00000113361	CDH6	chr5	31193859	31193985	0.25634155493425	7.10757407366416E-20
ENSG00000007129	CEACAM21	chr19	42070998	42071043	0.259468944560219	7.24303273674496E-20
ENSG00000237515	SHISA9	chr16	12995473	12996513	0.272045528519819	7.33139517947331E-20
ENSG00000255921	RP11-662113.2	chr12	25101875	25102064	0.213537532574353	7.39145488170015E-20
ENSG00000165588	OTX2	chr14	57270915	57270920	0.234464513221395	7.55762537090064E-20
ENSG00000162722	TRIM58	chr1	248020331	248021113	0.224294065934122	7.69224540085739E-20
ENSG00000261622	RP11-484P15.1	chr15	24123250	24123431	0.223751338347822	7.87867083727059E-20
ENSG00000225510	PCDH8P1	chr13	53776478	53776509	0.241946575686562	7.91843729306587E-20
ENSG00000201623	RNU6-923P	chr5	33892192	33892402	0.21583409785537	7.94149135264882E-20
ENSG00000226695	ANKRD20A10P	chr13	25322015	25322272	0.175530541990801	8.10369147779804E-20
ENSG00000091137	SLC26A4	chr7	107301206	107301361	0.208475585193233	8.23704039951008E-20
ENSG00000253832	CTD-2168K21.1	chr8	24859649	24859675	0.22874692167705	8.41562699800748E-20
ENSG00000199104	MIR346	chr10	88023034	88023243	0.230068111475228	8.44375175239741E-20
ENSG00000171954	CYP4F22	chr19	15619236	15619520	0.199031975343243	8.59887385697977E-20
ENSG00000105877	DNAH11	chr7	21582468	21583081	0.255473191059864	8.71499927367533E-20
ENSG00000233577	RP3-462D8.2	chr22	25678558	25678777	0.207782442217774	8.72515156114007E-20
ENSG00000219041	IGKV1OR2-118	chr2	91669443	91669527	0.2445129210185	8.79459343503782E-20
ENSG00000109625	CPZ	chr4	8594389	8594656	0.14552299157861	8.8056632580371E-20
ENSG00000243509	TNFRSF6B	chr20	62321054	62321258	0.303894167032206	8.80873766250002E-20
ENSG00000103546	SLC6A2	chr16	55689534	55691025	0.218516860797595	9.09111190064131E-20
ENSG00000259055	RP11-1140I5.1	chr14	51559822	51559867	0.19258551909688	9.17654417122433E-20
ENSG00000229162	RP11-84D1.1	chr1	25259106	25259135	0.125567377165958	9.28903711784288E-20
ENSG00000148516	ZEB1	chr10	31608385	31608597	0.106895526419235	9.47164154653304E-20
ENSG00000108309	RUNDC3A	chr17	42386269	42386316	0.118617141772977	9.49176161255109E-20
ENSG00000263948	MIR4785	chr2	161264044	161264510	0.217768967064358	9.52979360518825E-20
ENSG00000125735	TNFSF14	chr19	6659899	6660123	0.223869721637096	9.84659118253284E-20
ENSG00000125485	DDX31	chr9	135465645	135465710	0.206367177948309	9.92059473603757E-20
ENSG00000130037	KCNA5	chr12	5152931	5153054	0.236445421945341	1.02790487633972E-19
ENSG00000110900	TSPAN11	chr12	31079244	31079862	0.208787750689944	1.02882644093675E-19
ENSG00000224517	HTR2A-AS1	chr13	47467981	47468051	0.2000757335495	1.03719900951471E-19
ENSG00000201654	RNU6-7	chr14	32671443	32671589	0.108623451512393	1.06589593787256E-19
ENSG00000271434	RP13-238F13.3	chr10	126136321	126136709	0.216134712611844	1.10275299767207E-19
ENSG00000226819	MEIS1-AS3	chr2	66653999	66654049	0.242138656352241	1.12803010692443E-19
ENSG00000177932	ZNF354C	chr5	178487147	178487410	0.183617573282319	1.14369386956935E-19
ENSG00000160075	SSU72	chr1	1475583	1475863	0.295642949346866	1.26560194592618E-19
ENSG00000166840	GLYATL1	chr11	58672862	58673087	0.190948454307317	1.27618554057584E-19
ENSG00000254669	RP5-945I17.2	chr11	35547870	35547925	0.169411119524229	1.27750682447333E-19
ENSG00000228350	RP11-148G20.1	chr3	48699700	48699802	0.188431107708052	1.35680520490936E-19
ENSG00000187583	PLEKHN1	chr1	906082	906114	0.265185844660066	1.36695932886677E-19
ENSG00000232377	AC016910.1	chr2	144694405	144694809	0.202688131992116	1.37706183492009E-19
ENSG00000090376	IRAK3	chr12	66582780	66583344	0.179794998365144	1.3964015753235E-19
ENSG00000260944	RP11-463O9.5	chr16	86598792	86598888	0.191259289265812	1.40680493301988E-19
ENSG00000196405	EVL	chr14	100437395	100438598	0.219037891462799	1.41934217397724E-19
ENSG00000264101	MIR4689	chr1	5907524	5907585	0.235934933470601	1.54954429389927E-19
ENSG00000259514	RP11-685G9.2	chr15	76632273	76632292	0.187844018607605	1.55601488163668E-19
ENSG00000173269	MMRN2	chr10	88702045	88702092	0.266581736469188	1.55663985954657E-19
ENSG00000149150	SLC43A1	chr11	57250418	57250847	0.244936617989195	1.5890266332081E-19
ENSG00000271782	RP5-850O15.4	chr1	50896178	50896270	0.220931406809008	1.60522464324101E-19
ENSG00000255335	RP11-358H18.2	chr11	17717429	17717766	0.26215516582801	1.64557313628851E-19
ENSG00000259986	RP11-382A20.4	chr15	83875659	83876296	0.188504561897261	1.65471431153653E-19
ENSG00000272915	RP11-62J1.4	chr7	127910878	127911069	0.263362942660303	1.66069605893368E-19
ENSG00000263510	MIR4497	chr12	110271001	110271387	0.163408149036641	1.67219319900761E-19
ENSG00000266636	AC090340.1	chr18	55102455	55103562	0.108364735748438	1.67452512421816E-19
ENSG00000264447	AL445256.1	chr6	72892613	72892876	0.209137731430982	1.68476416326172E-19
ENSG00000183647	ZNF530	chr19	58111230	58111767	0.197402502492174	1.71252293300679E-19
ENSG00000268191	CTD-2396E7.10	chr19	6502108	6502405	0.178299016643965	1.72011603350293E-19
ENSG00000259542	RP11-522B15.4	chr15	96951945	96951982	0.249129283716553	1.76530977939244E-19
ENSG00000170178	HOXD12	chr2	176964502	176964588	0.244141553874042	1.78941400394898E-19
ENSG00000090932	DLL3	chr19	39989768	39989931	0.130201451702503	1.79032531030089E-19
ENSG00000272395	IFNL4	chr19	39737660	39737751	0.234989268178863	1.85711123884621E-19
ENSG00000196132	MYT1	chr20	62793337	62793510	0.203674153348112	1.87416715493411E-19

ENSG00000106538	RARRES2	chr7	150034401	150034440	0.198154534969371	1.92278485221492E-19
ENSG00000226508	AC104655.3	chr2	105760308	105760477	0.145108779186302	1.96703041733044E-19
ENSG00000217874	OR4F7P	chr6	170921650	170921761	0.216523111421662	1.98082814202381E-19
ENSG00000261514	RP11-527L4.2	chr17	42015457	42015706	0.148378889729583	1.98875347702068E-19
ENSG00000229152	ANKRD10-IT1	chr13	111540518	111540583	0.321448274686239	2.03532245764482E-19
ENSG00000171794	UTF1	chr10	135043351	135043727	0.217525357418636	2.0570420862465E-19
ENSG00000081985	IL12RB2	chr1	67773128	67773150	0.226761966175485	2.08499000330846E-19
ENSG00000134853	PDGFRA	chr4	55095226	55095305	0.129857725447313	2.08537894706177E-19
ENSG00000259993	RP11-261B23.1	chr15	30515159	30515317	0.216276822552891	2.08705090647319E-19
ENSG00000255838	RP11-753B7.2	chr12	129460519	129460565	0.194994660420518	2.12345332040992E-19
ENSG00000213199	ASIC3	chr7	150748114	150748130	0.128517839412483	2.16315824036687E-19
ENSG00000101280	ANGPT4	chr20	865683	865759	0.233736959186087	2.17122389539407E-19
ENSG00000270607	RP11-359E10.1	chr11	19735643	19735746	0.177041349456754	2.21959187918509E-19
ENSG00000249808	CTD-2029E14.1	chr5	3197724	3197770	0.222171963703863	2.25263264240319E-19
ENSG00000262343	RP11-353N14.3	chr17	77814198	77814743	0.105125329402872	2.26295538382572E-19
ENSG00000099365	STX1B	chr16	31022164	31022250	0.138290907618085	2.31936277432021E-19
ENSG00000230572	AC027612.3	chr2	91874054	91874524	0.24522261818855	2.38861809224903E-19
ENSG00000230276	RP11-373A6.1	chr9	29213880	29213951	0.345279800904222	2.38919378187885E-19
ENSG00000197503	LINC00477	chr12	24717162	24717206	0.203471492016036	2.43621414057319E-19
ENSG00000102802	MEDAG	chr13	31480283	31481100	0.22661118087678	2.44449171521751E-19
ENSG00000160994	CCDC105	chr19	15121591	15122120	0.245758874420883	2.44499101020961E-19
ENSG00000163623	NKX6-1	chr4	85419205	85419662	0.183607836445435	2.46402181105791E-19
ENSG00000135951	TSGA10	chr2	99553642	99553830	0.211193475925331	2.5017496341484E-19
ENSG00000180044	C3orf80	chr3	159943218	159943985	0.119121516452933	2.53815541502627E-19
ENSG00000165138	ANKS6	chr9	101472291	101472331	0.259394358995134	2.58148327607337E-19
ENSG00000228585	AC073143.1	chr2	5506165	5506280	0.190758792099983	2.64378581580488E-19
ENSG00000255836	RP11-157G21.2	chr12	7592437	7593018	0.261016880094686	2.73661424901316E-19
ENSG00000184492	FOXD4L1	chr2	114256776	114256798	0.388115524004659	2.76138528271479E-19
ENSG00000100167	SEPT3	chr22	42373101	42373211	0.103378454536549	2.77342987636611E-19
ENSG00000267761	CTD-2130O13.1	chr18	44790918	44790937	0.251851751318457	2.86771420125737E-19
ENSG00000152804	HHEX	chr10	94455525	94455586	0.344620611818217	2.87814558841202E-19
ENSG00000258976	CTD-2207P18.2	chr14	75078156	75078960	0.15586942560637	2.97219920981487E-19
ENSG00000253858	CTB-147C13.1	chr5	169930841	169931356	0.244598644295274	2.99112553711523E-19
ENSG00000240803	RN7SL231P	chr19	14320604	14320643	0.167547535510736	2.99593209982889E-19
ENSG00000086506	HBQ1	chr16	230302	230915	0.143975950141021	3.04692853876031E-19
ENSG00000221411	MIR1227	chr19	2234013	2234056	0.190932238087219	3.05326310131796E-19
ENSG00000100314	CABP7	chr22	30115917	30116631	0.152670224369769	3.10258255955928E-19
ENSG00000070882	OSBPL3	chr7	24797839	24797879	0.217521375811447	3.11377910304251E-19
ENSG00000227607	SUMO2P2	chr9	23537355	23537429	0.276843468172429	3.15908142387589E-19
ENSG00000133665	DYDC2	chr10	82117069	82117119	0.252080233412554	3.16238947062888E-19
ENSG00000261081	RP11-1H8.1	chr15	34729005	34729026	0.200674711646841	3.16854089004973E-19
ENSG00000155918	RAET1L	chr6	150336645	150336659	0.161824573383072	3.1853664848789E-19
ENSG00000223302	Y_RNA	chr10	112402954	112402986	0.162177681345377	3.43451307277473E-19
ENSG00000146005	PSD2	chr5	139176091	139176165	0.190679445175524	3.4548352750721E-19
ENSG00000170893	TRH	chr3	129693303	129693635	0.233641626323147	3.49066909512637E-19
ENSG00000178343	SHISA3	chr4	42399491	42400680	0.143379768428843	3.58089949367778E-19
ENSG00000185008	ROBO2	chr3	75955766	75955888	0.215723351349781	3.67743205995958E-19
ENSG00000266224	AL158077.1	chr9	19789381	19789444	0.262575644847653	3.85742870952943E-19
ENSG00000165325	CCDC67	chr11	93063204	93063240	0.202700304840124	3.91284239486373E-19
ENSG00000171124	FUT3	chr19	5843758	5843795	0.173958879882336	3.94760936369977E-19
ENSG00000234736	FAM170B-AS1	chr10	50323825	50323872	0.251259974534613	3.95704366879412E-19
ENSG00000251322	SHANK3	chr22	51112229	51112354	0.243649552423621	3.9733062858731E-19
ENSG00000207387	Y_RNA	chr12	71314436	71314612	0.176507592207808	4.01353630612375E-19
ENSG00000250609	RP11-158C21.2	chr4	155413789	155413917	0.180993209557785	4.09951349156531E-19
ENSG00000221437	AC068058.1	chr10	125651157	125651437	0.231937089632592	4.14175606344928E-19
ENSG00000095596	CYP26A1	chr10	94834100	94834224	0.139338466882877	4.16971907935196E-19
ENSG00000228452	RP5-994D16.9	chr1	43250389	43250440	0.185850893063063	4.21024050745489E-19
ENSG00000141579	ZNF750	chr17	80772917	80773044	0.33666004057744	4.27027296167804E-19
ENSG00000245719	RP11-34F13.2	chr15	68127435	68127629	0.114103631314641	4.45145224069234E-19
ENSG00000254486	RP13-631K18.2	chr11	12030529	12030547	0.200441508580043	4.47185239215192E-19
ENSG00000075461	CACNG4	chr17	64960734	64961647	0.119506357988515	4.49642713475196E-19
ENSG00000261481	RP11-77H9.6	chr16	8960893	8961049	0.207539358437893	4.51384008654001E-19
ENSG00000263746	MIR4277	chr5	1668061	1668080	0.22620745973482	4.92398748854422E-19
ENSG00000163239	TDRD10	chr1	154474405	154474747	0.189229868798885	4.93468334865212E-19
ENSG00000056291	NPFFR2	chr4	72897567	72897571	0.201954757186543	5.11698359313195E-19
ENSG00000075388	FGF4	chr11	69588728	69589070	0.209463534219787	5.15872084223607E-19
ENSG00000267319	CTD-2528L19.3	chr19	38183193	38183326	0.239150418820535	5.23324122697287E-19
ENSG00000158748	HTR6	chr1	19992083	19992186	0.180349997340843	5.45916412236452E-19
ENSG00000258945	RP11-497E19.2	chr14	85995653	85995655	0.248531630170586	5.60212514850377E-19

ENSG00000225498	AC002064.5	chr7	89950241	89950796	0.242530096745519	5.92741673654895E-19
ENSG00000254819	RP11-430L3.1	chr11	26353545	26353811	0.198325607847183	5.93025800370593E-19
ENSG00000234257	SOD2P1	chr1	103572633	103572669	0.273461473056819	5.94173674467091E-19
ENSG00000262521	AJ003147.8	chr16	3233981	3234072	0.209189272327831	6.0306417104286E-19
ENSG00000198685	C3orf27	chr3	128274652	128274795	0.224663686514173	6.36732364293845E-19
ENSG00000183850	ZNF730	chr19	23258221	23258422	0.265295670239984	6.59590370897508E-19
ENSG00000172680	MOS	chr8	57025547	57025805	0.242185510946058	6.72119420758429E-19
ENSG00000077080	ACTL6B	chr7	100253783	100254133	0.31495611776607	6.75098386215605E-19
ENSG00000152784	PRDM8	chr4	81106179	81106410	0.201774762686592	6.83852880793429E-19
ENSG00000177679	SRRM3	chr7	75864383	75864568	0.186065825264013	6.89591834601756E-19
ENSG00000260787	RP11-797A18.4	chr15	77320394	77320455	0.188928800534557	7.01469376449646E-19
ENSG00000146216	TTBK1	chr6	43211115	43211609	0.115772843613728	7.02855359805601E-19
ENSG00000103496	STX4	chr16	31022518	31022533	0.12784468086651	7.03664160620223E-19
ENSG00000111452	GPR133	chr12	131438517	131438573	0.168809544369652	7.09011799312982E-19
ENSG00000088827	SIGLEC1	chr20	3662680	3662958	0.197324090970438	7.32931167434086E-19
ENSG00000135636	DYSF	chr2	71693171	71693432	0.18551306854902	7.42651102691346E-19
ENSG00000164438	TLX3	chr5	170739144	170739424	0.252098795127476	7.50691848521283E-19
ENSG00000267746	RP11-379L18.1	chr18	31802858	31803330	0.245607546858071	7.5574781075535E-19
ENSG00000197308	GATA3-AS1	chr10	8092267	8092442	0.136342143458575	7.70039921774397E-19
ENSG00000165462	PHOX2A	chr11	71954836	71955692	0.219100204623407	7.76757994456171E-19
ENSG00000122585	NPY	chr7	24323658	24324045	0.261465700545152	7.78478405763303E-19
ENSG00000230119	AC123900.2	chr3	33259782	33259830	0.248043075600859	7.95401088485211E-19
ENSG00000223795	RP11-473E2.2	chr9	137393382	137393398	0.223916383508228	8.35913418100371E-19
ENSG00000271930	RP11-44N12.5	chr8	99951978	99952958	0.204341214053947	8.69180442472576E-19
ENSG00000182450	KCNK4	chr11	64058704	64058756	0.155683636398011	8.80883161322948E-19
ENSG00000233508	RP1-269M15.3	chr20	41817999	41818894	0.226770899618023	8.93787605074791E-19
LRG_476	LRG_476	chr21	47518707	47518998	0.202685302779209	9.01064541926377E-19
ENSG00000265374	RP11-57J16.1	chr18	24765880	24765893	0.241309013776843	9.10217515191953E-19
ENSG00000174595	KLF14	chr7	130418390	130418821	0.136730155188732	9.13811725088951E-19
ENSG00000182983	ZNF662	chr3	42947498	42947931	0.26677180208837	9.25717756272939E-19
ENSG00000271184	RP4-800O15.3	chr12	126168521	126168642	0.239612247990826	9.51786183056142E-19
ENSG00000124216	SNAI1	chr20	48626923	48626952	0.232224316338445	9.55023656228759E-19
ENSG00000088320	REM1	chr20	30063129	30063314	0.229237785364404	9.56801743744944E-19
ENSG00000132205	EMILIN2	chr18	2846809	2847547	0.210939408085209	9.88214993853262E-19
ENSG00000177272	KCNA3	chr1	111216711	111217715	0.240293613746229	1.00789046322375E-18
ENSG00000252461	SNORA43	chr16	28892022	28892108	0.209694029061065	1.00879367555108E-18
ENSG00000251247	ZNF345	chr19	37329767	37329795	0.25659449737353	1.04311919432069E-18
ENSG00000066583	ISOC1	chr5	128301655	128301686	0.218179095711754	1.0545163287852E-18
ENSG00000119938	PPP1R3C	chr10	93392644	93393141	0.202785951159255	1.08219810268981E-18
ENSG00000124466	LYPD3	chr19	43968604	43968653	0.127826742766071	1.1035907455406E-18
ENSG00000087250	MT3	chr16	56622894	56623013	0.106846188155318	1.11325259855264E-18
ENSG00000235118	AC010731.4	chr2	207507001	207507296	0.196728715603311	1.15856329390461E-18
ENSG00000080573	COL5A3	chr19	10077032	10077148	0.209730986863192	1.18121087823724E-18
ENSG00000132718	SYT11	chr1	155830201	155830243	0.130654820163729	1.18203084610759E-18
ENSG00000259203	RP11-209K10.2	chr15	53097062	53097082	0.179762225862279	1.19253962069104E-18
ENSG00000249326	CTD-2194D22.4	chr5	1886729	1887731	0.190151784060382	1.2088653560547E-18
ENSG00000121406	ZNF549	chr19	58038573	58039018	0.191579709678687	1.2137470526555E-18
ENSG00000235711	ANKRD34C	chr15	79574863	79575210	0.193635449348146	1.21593829784197E-18
ENSG00000261810	RP11-895K13.2	chr16	10133334	10133339	0.306896460472113	1.24460812981356E-18
ENSG00000253973	RP11-467K18.2	chr11	9025123	9026334	0.148150234497882	1.24629413627169E-18
ENSG00000184261	KCNK12	chr2	47747963	47748407	0.199819905099671	1.27338581554232E-18
ENSG00000144290	SLC4A10	chr2	162282947	162282971	0.233839660982712	1.27674783734264E-18
ENSG00000248633	WRBP1	chr4	113626425	113626531	0.162024895017037	1.3303996260018E-18
ENSG00000257477	LINC01154	chr12	54813590	54813637	0.157366751608258	1.33392022922467E-18
ENSG00000078328	RBFOX1	chr16	6068783	6068835	0.247401043736149	1.33834204028221E-18
ENSG00000066827	ZFAT	chr8	135470156	135470176	0.17517550307569	1.36737010509653E-18
ENSG00000162086	ZNF75A	chr16	3355021	3356011	0.211265785635963	1.40138924511983E-18
ENSG00000238022	RP11-38C18.3	chr1	165204505	165204538	0.198830288278032	1.41905899826903E-18
ENSG00000196581	AJAP1	chr1	4714471	4715957	0.244292962425303	1.4433296221358E-18
ENSG00000253183	RP4-701O16.5	chr7	139168581	139168681	0.239605687382058	1.45612264765511E-18
ENSG00000165794	SLC39A2	chr14	21469368	21469384	0.209659401734342	1.46034501910684E-18
ENSG00000224277	AP000345.2	chr22	23909164	23909177	0.15140405818475	1.50684448499483E-18
ENSG00000055813	CCDC85A	chr2	56411105	56411276	0.153289093305209	1.51913031931919E-18
ENSG00000233542	RP11-547D24.1	chr1	1935538	1935561	0.185149775110528	1.56987966774833E-18
ENSG00000267785	CTD-3194G12.2	chr17	35060405	35060685	0.158254356729979	1.58569746140829E-18
ENSG00000157766	ACAN	chr15	89346686	89346779	0.230274110826467	1.64273839359526E-18
ENSG00000250007	RP11-814P5.1	chr15	35046886	35047473	0.240519441940195	1.64932446538499E-18
ENSG00000164151	KIAA0947	chr5	5494730	5495090	0.141869609344671	1.67780863365853E-18
ENSG00000257935	RP11-82C23.2	chr12	113909918	113909934	0.205244311093351	1.76031257975848E-18

ENSG00000232722	MROH4P	chr8	143591720	143592664	0.303289717231365	1.81544423156351E-18
ENSG00000171798	KNDC1	chr10	134974811	134974880	0.137932443333822	1.87828496279093E-18
ENSG00000216811	RP1-69B13.2	chr6	146755484	146755562	0.228147381104002	1.89469217750494E-18
ENSG00000171608	PIK3CD	chr1	9711748	9712394	0.175497156490807	1.89897239261734E-18
LRG_191	LRG_191	chr1	9711748	9712394	0.175497156490807	1.89897239261734E-18
ENSG00000266765	CTD-2582D11.1	chr17	71948479	71948873	0.142455096348087	1.90652539409311E-18
ENSG00000164129	NPY5R	chr4	164264786	164265363	0.222986183310984	1.9491010818363E-18
ENSG00000157601	MX1	chr21	42799141	42799200	0.171455597174592	1.95947382035016E-18
ENSG00000250711	CTD-2201E18.1	chr5	42954130	42954142	0.175681889023243	1.961819222068662E-18
ENSG00000198838	RYR3	chr15	33603162	33603252	0.261604320155041	2.01332965882868E-18
ENSG00000234546	RP3-510D11.2	chr1	9258581	9258663	0.204687665009949	2.03419206347849E-18
ENSG00000268865	AC026310.1	chr12	25055268	25055310	0.237452823533031	2.10514764365514E-18
ENSG00000244582	RPL21P120	chr17	21414728	21415413	0.123185756557048	2.13544880660573E-18
ENSG00000171291	ZNF439	chr19	11959578	11959601	0.196706279557742	2.14500515772244E-18
ENSG00000141748	ARL5C	chr17	37308072	37308162	0.229886477623341	2.18844659419632E-18
ENSG00000231227	RP11-85O21.4	chr9	126772596	126772661	0.201038274127888	2.26257543892737E-18
ENSG00000224027	RP1-231P7P.1	chr22	28010283	28010582	0.213262669180902	2.3244574139435E-18
ENSG00000226454	RP3-462C17.1	chr6	40567245	40567399	0.233541693572733	2.36107179719977E-18
ENSG00000250309	CTC-345K18.2	chr5	150051796	150052129	0.104220888813546	2.37570229645945E-18
ENSG00000251196	RP11-54F2.1	chr5	10650413	10650457	0.22746536140835	2.39470548614784E-18
ENSG00000236894	RP11-128B16.3	chr10	26856421	26856467	0.252577383210283	2.55584160389643E-18
ENSG00000157851	DPYSL5	chr2	27070621	27071092	0.207885128767632	2.56107906286056E-18
ENSG00000250360	CTD-2089N3.1	chr5	50260346	50260364	0.195403230886065	2.5956485044711E-18
ENSG00000101198	NKAIN4	chr20	61884645	61884735	0.22548566287349	2.60138882789672E-18
ENSG00000256070	RP11-56H16.1	chr12	33592144	33592382	0.266422429996324	2.65374768410047E-18
ENSG00000203684	IBA57-AS1	chr1	228346164	228346237	0.224905396117349	2.74171867608219E-18
ENSG00000268537	AC109583.1	chr3	46924866	46925181	0.147903481561856	2.74480681993691E-18
ENSG00000255295	RP11-745I13.1	chr11	89225014	89225042	0.187057724399515	2.85420289618114E-18
ENSG00000230873	STMND1	chr6	17016468	17016536	0.216222936023317	2.93073101614781E-18
ENSG00000168461	RAB31	chr18	9708032	9708597	0.183527730267352	3.19071162901445E-18
ENSG00000101463	SYNDIG1	chr20	24449916	24450066	0.220502296226167	3.31582800703808E-18
ENSG00000126583	PRKCG	chr19	54387435	54387558	0.228613329292009	3.36402086990792E-18
ENSG00000227482	RP11-18B16.2	chr9	116450146	116450484	0.23261921637237	3.41482496706996E-18
ENSG00000237977	EIF4HP2	chr22	31218721	31218932	0.211752255201913	3.42398471167813E-18
ENSG00000170745	KCNS3	chr2	18059005	18059244	0.20807562890572	3.46425467688792E-18
ENSG00000267254	CTD-2162K18.5	chr19	37288352	37288450	0.281527683816345	3.46785418014875E-18
ENSG00000199836	RNU1-47P	chr14	100413007	100413218	0.185519963450907	3.54186573238197E-18
ENSG00000258662	RP11-588P7.2	chr14	79744904	79744912	0.262735148319218	3.62899227081043E-18
ENSG00000169218	RSPO1	chr1	38100253	38100542	0.154294553835219	3.66078342186042E-18
ENSG00000107862	GBF1	chr10	104001125	104001350	0.107790981003471	3.70682581642822E-18
ENSG00000075429	CACNG5	chr17	64831518	64831573	0.28463093878359	3.91537459800337E-18
ENSG00000013288	MAN2B2	chr4	6564731	6565874	0.164483601440653	4.13986305226194E-18
ENSG00000248439	RP11-402J6.2	chr4	113444632	113444647	0.105119414375398	4.19309605125107E-18
ENSG00000163273	NPPC	chr2	232791766	232791998	0.196507469603665	4.42446888701079E-18
ENSG00000172250	SERHL	chr22	42896822	42896985	0.11889867283431	4.50811295170328E-18
ENSG00000023191	RNH1	chr11	504873	504968	0.222638130647277	4.59104863697653E-18
ENSG00000084674	APOB	chr2	21266670	21266960	0.186215510844204	4.60653002386618E-18
ENSG00000221384	AC023798.1	chr3	21792759	21792887	0.21246961963339	4.63417120240288E-18
ENSG00000231460	RP11-321L2.1	chr9	23830327	23830348	0.2539641560198	4.66606794771409E-18
ENSG00000243836	WDR86-AS1	chr7	151106256	151106308	0.120520846907385	4.74435417545882E-18
ENSG00000142408	CACNG8	chr19	54466297	54466636	0.257250145719298	4.84846563138346E-18
ENSG00000269514	DKFZP779L1853	chr12	48592156	48592214	0.212774649525369	4.87595061104859E-18
ENSG00000261594	TPBGL	chr11	74953082	74953490	0.125605042079103	4.87808486625083E-18
ENSG00000104814	MAP4K1	chr19	39055500	39056297	0.261016154658814	5.02549409524278E-18
ENSG00000251591	CTD-2197M16.1	chr5	36066910	36066972	0.199245618617898	5.08206110578062E-18
ENSG00000226534	KB-1183D5.16	chr22	21715306	21715810	0.271411045005428	5.34717015502601E-18
ENSG00000158555	GDPD5	chr11	75144144	75144157	0.14428938470972	5.38888126844553E-18
ENSG00000232612	RPL31P35	chr7	54731786	54731857	0.207065529165587	5.40565116008696E-18
ENSG00000229743	LINC01159	chr2	105488687	105488710	0.101520179761641	5.6035457099538E-18
ENSG00000259721	RP11-758N13.1	chr15	33009561	33009704	0.177345138142995	5.62349775236284E-18
ENSG00000234688	RP1-293L6.1	chr22	37099472	37099710	0.182713438614803	5.79254827418812E-18
ENSG00000265596	MIR3659	chr1	38600119	38600272	0.208522219791412	5.84017558570719E-18
ENSG00000205899	BHLHA9	chr17	1173618	1173778	0.166807862544343	5.84236019647572E-18
ENSG00000136931	NR5A1	chr9	127240502	127240667	0.242806964969194	5.88368535333279E-18
ENSG00000004139	SARM1	chr17	26699047	26699587	0.146302431695148	5.90426917777552E-18
ENSG00000143869	GDF7	chr2	20866399	20866510	0.190882290877898	6.03237610512942E-18
ENSG00000133640	LRRIQ1	chr12	85430299	85430329	0.153272314014825	6.03720247080765E-18
ENSG00000170469	SPATA24	chr5	138729769	138730227	0.206313984720533	6.09675222130878E-18
ENSG00000251623	RP11-826N14.4	chr5	175560642	175560733	0.213757603660023	6.10403205745886E-18

ENSG00000105696	TMEM59L	chr19	18718519	18718742	0.140114589143687	6.19629656231806E-18
ENSG00000257636	RP11-1103G16.1	chr14	30739824	30739984	0.103357862455912	6.34254995025001E-18
ENSG00000172020	GAP43	chr3	115342418	115342428	0.180660771060317	6.38359653745249E-18
ENSG00000222800	RNU2-62P	chr6	27065139	27065162	0.146841723129008	6.40143643593552E-18
ENSG00000198431	TXNRD1	chr12	104609464	104609731	0.169006776740177	6.48112086239434E-18
ENSG00000248351	HSPD1P18	chr5	135701105	135701184	0.204036324699309	6.48549575384802E-18
LRG_334	LRG_334	chr12	2163424	2163482	0.181297783904434	6.53216783611458E-18
ENSG00000258525	RP11-829H16.3	chr14	31345003	31345084	0.230217529280683	6.56983004018746E-18
ENSG00000144644	GADL1	chr3	30936048	30936259	0.178087480987757	6.70735317665074E-18
ENSG00000166546	BEAN1	chr16	66462125	66462233	0.196013867560501	6.93381818029356E-18
ENSG00000179796	LRRC3B	chr3	26664285	26664331	0.226172012300385	6.9418800901939E-18
ENSG00000253262	RP11-221H10.1	chr8	4852485	4852654	0.19959356504537	6.99491422916634E-18
ENSG00000082293	COL19A1	chr6	70576469	70576490	0.148498563574612	7.35445330545626E-18
ENSG00000250979	RP11-656G20.1	chr8	73163594	73164230	0.212130724725478	7.39145624550854E-18
ENSG00000259676	RP11-343B18.2	chr15	89313056	89313131	0.177201364289741	7.41090099772755E-18
ENSG00000248441	CTD-2536I1.1	chr15	95869958	95870321	0.285893576530253	7.79621564031186E-18
ENSG00000249516	CTD-2201E18.2	chr5	42944090	42944127	0.248454016387264	8.22620347522738E-18
ENSG00000207330	RNU6-73P	chr13	28397193	28397365	0.18138777486004	8.23141529952013E-18
ENSG00000189410	SH2D5	chr1	21043916	21044753	0.103124778079779	8.42476902526233E-18
LRG_524	LRG_524	chr8	30890361	30890802	0.153695639821464	8.48159432242062E-18
ENSG00000257611	RP11-185N2.1	chr12	106532124	106532165	0.101785506619842	8.64457263534984E-18
ENSG00000174951	FUT1	chr19	49250586	49250615	0.229921541102824	8.6610975525446E-18
ENSG00000123094	RASSF8	chr12	26112446	26112468	0.107375716910488	8.71931802986363E-18
ENSG00000163257	DCAF16	chr4	17784108	17784131	0.186997113720976	8.93531986281352E-18
ENSG00000251722	RNU5E-3P	chr4	48655872	48655899	0.282666004016422	8.97830974896526E-18
ENSG00000214253	FIS1	chr7	100881098	100881131	0.224177445948026	9.05108746257729E-18
ENSG00000224130	AP001652.1	chr11	58673138	58673287	0.189015746350984	9.07288927301275E-18
ENSG00000135144	DTX1	chr12	113494417	113494448	0.267136481817503	9.36376707043024E-18
ENSG00000064300	NGFR	chr17	47572881	47572909	0.170720387647304	9.49676418940367E-18
ENSG00000267037	AC005757.7	chr19	45655294	45655748	0.183775776900273	9.75785888231365E-18
ENSG00000230006	ANKRD36BP2	chr2	89064977	89065350	0.218075170073426	9.75919636690394E-18
ENSG00000233082	AC073094.4	chr7	1315051	1315240	0.182234343679947	9.77174202447809E-18
ENSG00000245864	CTC-467M3.1	chr5	87971997	87972056	0.11101437586294	9.964280455578E-18
ENSG00000150961	SEC24D	chr4	119711168	119711185	0.232684844773041	1.01052961783497E-17
ENSG00000179058	C9orf50	chr9	132382276	132383017	0.183868022279113	1.0294339654985E-17
ENSG00000232190	RP11-134D3.1	chr16	87080789	87080813	0.20779457132295	1.04723347552601E-17
ENSG00000250616	RP11-455F5.3	chr16	30106663	30106732	0.106128476384559	1.08998483618229E-17
ENSG00000265498	AL158051.1	chr6	69942859	69942976	0.226362068179142	1.09002778397624E-17
ENSG00000179751	SYCN	chr19	39694705	39694942	0.219376578544866	1.11434202321399E-17
ENSG00000108947	EFNB3	chr17	7608537	7608824	0.16398469848347	1.15915823386597E-17
ENSG00000164616	FBXL21	chr5	135265855	135266516	0.236455685842533	1.16766764619532E-17
ENSG00000254980	RP11-794P6.6	chr11	111385018	111385024	0.202371277888766	1.18779743295441E-17
ENSG00000268297	CLEC4GP1	chr19	7852952	7853111	0.202877349548235	1.20109132264007E-17
ENSG00000265764	AL662890.3	chr6	28762530	28762552	0.199954624342639	1.22452940138576E-17
ENSG00000069020	MAST4	chr5	65892515	65892821	0.122661078485061	1.2299035559538E-17
ENSG00000121454	LHX4	chr1	180198100	180198231	0.11710407797313	1.23478507980537E-17
ENSG00000127920	GNG11	chr7	93550969	93551012	0.159255466475101	1.25978858957142E-17
ENSG00000225337	RP11-561O23.7	chr9	70923023	70923058	0.215691859573903	1.27811533765775E-17
ENSG00000156395	SORCS3	chr10	106400849	106401696	0.235719382842081	1.28121950902046E-17
ENSG00000179855	GIPC3	chr19	3585434	3585855	0.173256193228251	1.29751346524068E-17
ENSG00000249116	CTD-2194D22.3	chr5	1884603	1884684	0.235314473045137	1.30728883127294E-17
ENSG00000263945	MIR548Y	chr14	48145455	48145673	0.255308045679937	1.3090680974181E-17
ENSG00000168610	STAT3	chr17	40464735	40464935	0.145269127515116	1.31237099619738E-17
ENSG00000203268	AL445199.1	chr10	134901165	134902290	0.198975938364704	1.31539953953719E-17
ENSG00000152193	RNF219	chr13	79184156	79184179	0.221451063016393	1.31623296811238E-17
ENSG00000160963	COL26A1	chr7	101005968	101006312	0.245715215510767	1.3312639018221E-17
ENSG00000099864	PALM	chr19	708531	708681	0.237605287417694	1.33190080621295E-17
ENSG00000152284	TCF7L1	chr2	85360548	85360791	0.200388008078483	1.33380551013055E-17
ENSG00000253347	CTD-2026D20.2	chr17	45501245	45501697	0.128276728972092	1.33637205772828E-17
ENSG00000101445	PPP1R16B	chr20	37434207	37434507	0.195305705728668	1.35901146741549E-17
ENSG00000266057	AL607076.1	chr10	132830612	132830656	0.135429029065546	1.36274152405757E-17
ENSG00000224215	RP11-371A19.2	chr10	23632909	23633010	0.284876254262877	1.36568096339017E-17
ENSG00000164199	GPR98	chr5	89854273	89854334	0.194557591919548	1.3755966738291E-17
ENSG00000118162	KPTN	chr19	47960587	47960977	0.202068555075778	1.37712674573538E-17
ENSG00000268108	CTB-60B18.12	chr19	49561540	49561598	0.157088446201911	1.43759695355589E-17
ENSG00000178015	GPR150	chr5	94955816	94956017	0.169288939888739	1.4602518362487E-17
ENSG00000267546	RP11-666A8.8	chr17	74533913	74534565	0.180813295761189	1.47998070880546E-17
ENSG00000197497	ZNF665	chr19	53662190	53662416	0.218907524869606	1.49300320879032E-17
ENSG00000115844	DLX2	chr2	172964926	172965026	0.164078109076024	1.55026183866625E-17

ENSG00000234222	RP11-315I20.1	chr1	145473295	145473774	0.104223713153875	1.5637515308627E-17
ENSG00000214141	ACTN4P2	chr1	38230607	38230887	0.177551224892391	1.5693021998105E-17
ENSG00000231916	AC006033.22	chr7	38350923	38351187	0.316844437836716	1.59968625039767E-17
ENSG00000172731	LRRC20	chr10	72043454	72043826	0.228801904366524	1.67305644367607E-17
ENSG00000230856	AC138649.1	chr15	23157809	23157837	0.210665120988943	1.68462550427235E-17
ENSG00000166569	CPLX4	chr18	56941929	56942066	0.205845843220504	1.70066312532482E-17
ENSG00000189129	PLAC9	chr10	81892223	81892654	0.215931077916519	1.72660235638362E-17
ENSG00000233421	U1	chr1	16862018	16862329	0.174415140869048	1.74721785577018E-17
LRG_118	LRG_118	chr17	76113651	76113739	0.288726044129565	1.75493198341091E-17
ENSG00000160224	AIRE	chr21	45705689	45706036	0.191323126093568	1.77756752679311E-17
ENSG00000234979	CITF22-24E5.1	chr22	37213130	37213333	0.108533955936647	1.80406527101584E-17
ENSG00000236668	RP11-85O21.2	chr9	126770480	126770607	0.166991376953929	1.84772490271651E-17
ENSG00000269186	LINC01082	chr16	86232373	86232560	0.140027637551672	1.848965144696E-17
ENSG00000240498	CDKN2B-AS1	chr9	21994075	21994495	0.157764733068236	1.85549502243562E-17
ENSG00000233216	RP11-414C16.1	chr1	58715319	58715662	0.210227658134521	1.85934925107712E-17
ENSG00000128052	KDR	chr4	55991408	55991882	0.220976140821387	1.86761815003317E-17
ENSG00000262869	CTD-2545H1.1	chr17	1927309	1927540	0.183412860285881	1.87647325638813E-17
ENSG00000165970	SLC6A5	chr11	20620914	20620970	0.183981866717946	1.8836820792355E-17
ENSG00000230805	AL132709.1	chr14	101544201	101544332	0.21354373930551	1.88384423467878E-17
ENSG00000230432	AC114803.3	chr2	220173022	220173100	0.137672253696943	1.90891751530214E-17
ENSG00000240596	KCNAB1-AS2	chr3	156009080	156009099	0.200309710654937	1.91723926343689E-17
ENSG00000245857	GS1-24F4.2	chr8	6692614	6693156	0.166406536577511	1.95628941634032E-17
ENSG00000182752	PAPPA	chr9	118916099	118916132	0.160605773844262	2.03136014853833E-17
ENSG00000136327	NKX2-8	chr14	37051830	37051902	0.162684928877177	2.05939894238945E-17
ENSG00000125895	TMEM74B	chr20	1165344	1165853	0.125715064989922	2.08066375211913E-17
ENSG00000188596	C12orf55	chr12	96883299	96883587	0.181198635979799	2.09382662410337E-17
ENSG00000229051	RP5-952N6.1	chr1	71172119	71172189	0.213247419415117	2.12892538820803E-17
ENSG00000227935	RP6-102O10.1	chr1	57887929	57888313	0.260757607685114	2.14048552541641E-17
ENSG00000152822	GRM1	chr6	146348853	146348913	0.210222283476242	2.1488506592565E-17
ENSG00000256564	RP11-424M22.3	chr12	16757911	16757985	0.189640816138662	2.23442380163222E-17
ENSG00000132010	ZNF20	chr19	12203305	12203490	0.178538025478028	2.28181579685303E-17
ENSG00000265247	MIR4472-1	chr8	143262091	143262272	0.18934973013831	2.38384056014487E-17
ENSG00000142279	WTIP	chr19	34972068	34972525	0.265373756095228	2.41232100981658E-17
ENSG00000089916	GPATCH2L	chr14	76605157	76605333	0.312085063744241	2.44070686701765E-17
ENSG00000104888	SLC17A7	chr19	49931785	49931803	0.126264330626449	2.47867083203064E-17
ENSG00000174407	C20orf166	chr20	61147602	61147683	0.107949010498585	2.52849464081297E-17
ENSG00000229204	PTGES3P3	chr4	170712822	170712982	0.216139903451126	2.53397797550325E-17
ENSG00000234869	RP3-439F8.1	chr22	46932070	46933664	0.104070021686289	2.57964113338743E-17
ENSG00000243234	CTD-2583A14.1	chr19	58459483	58459523	0.21928834227415	2.62994204672455E-17
ENSG00000273116	LLfos-48D6.1	chr19	2360213	2360313	0.122533924508792	2.6340292863736E-17
ENSG00000226017	PRICKLE2-AS3	chr3	64253534	64253622	0.264822124413729	2.6544825603301E-17
ENSG00000187904	AC097382.5	chr4	6986744	6986788	0.149036412901832	2.6658302211881E-17
ENSG00000248896	CTD-2135J3.3	chr8	10586614	10586959	0.215613088798335	2.71962684519907E-17
ENSG00000233723	LINC01122	chr2	58654954	58654992	0.166356467008519	2.72895157423093E-17
ENSG00000269086	CTC-523E23.5	chr19	35329737	35329769	0.275254379051885	2.76425561623676E-17
ENSG00000105419	MEIS3	chr19	47910108	47910190	0.215945191976064	2.81218540904143E-17
ENSG00000215298	FP15737	chr8	23428817	23428878	0.12707071161158	2.82228263876863E-17
ENSG00000232895	RP4-543J13.1	chr1	114698567	114698594	0.195097830660763	2.82997151320727E-17
ENSG00000232973	CYP1B1-AS1	chr2	38302734	38302960	0.136849448080234	2.84180818990207E-17
ENSG00000269751	CTC-273B12.8	chr19	48983525	48983678	0.263835522611167	3.02600970099424E-17
ENSG00000178645	C10orf53	chr10	50887568	50887802	0.194513689587839	3.10669754837097E-17
ENSG00000167996	FTH1	chr11	61722937	61723524	0.23899316887934	3.2117706743582E-17
ENSG00000140274	DUOXA2	chr15	45405363	45405462	0.123480974658581	3.23991992396314E-17
ENSG00000237665	GRM7-AS2	chr3	6904465	6904614	0.21421453032233	3.26337036840875E-17
ENSG00000230778	ANKRD63	chr15	40573509	40573558	0.202669241444997	3.26533812920751E-17
ENSG00000222326	MIR1908	chr11	61594866	61594877	0.245829952190771	3.31498133652928E-17
ENSG00000146910	CNPY1	chr7	155263349	155263399	0.20642316104678	3.3316804405E-17
ENSG00000106829	TLE4	chr9	82185194	82185376	0.197958814378878	3.35095625039954E-17
ENSG00000248564	RP11-478C6.2	chr4	332270	332393	0.117203144644626	3.39812949848719E-17
ENSG00000271876	AC073508.1	chr17	38821403	38821427	0.119107773869	3.54322574787736E-17
ENSG00000230306	BANF1P2	chr10	135150367	135150582	0.176877788077444	3.59208625190785E-17
ENSG00000171695	C20orf201	chr20	62715976	62716025	0.174642169402636	3.73726802102457E-17
ENSG00000125878	TCF15	chr20	590399	591217	0.173455322284907	3.96436508779245E-17
ENSG00000150867	PIP4K2A	chr10	22766861	22767049	0.255073862843633	3.9998658726575E-17
ENSG00000229626	PIGCP2	chr7	107483786	107483853	0.356911567857686	4.00340910547149E-17
ENSG00000256136	RP11-113C12.8	chr12	8548923	8549075	0.110912901357567	4.13302358848055E-17
ENSG00000224557	HLA-DPB2	chr6	33084741	33084814	0.197859479339653	4.15442187509198E-17
ENSG00000149582	TMEM25	chr11	118402474	118402540	0.122043380227993	4.16006081248435E-17
ENSG00000183570	PCBP3	chr21	47063454	47063814	0.15896351749415	4.24260049296773E-17

ENSG00000270112	RP11-742D12.2	chr18	44336184	44336317	0.278832507144983	4.25403535031331E-17
ENSG00000169676	DRD5	chr4	9783036	9784116	0.186093085817334	4.2781743512748E-17
ENSG00000250243	RP11-120A1.1	chr4	21306163	21306181	0.213191341102507	4.45744382176634E-17
ENSG00000254184	TYW1B	chr7	71802184	71802296	0.308697457381	4.46296720527493E-17
ENSG00000145642	FAM159B	chr5	63986193	63986245	0.245151015922542	4.88710006787602E-17
ENSG00000074317	SNCB	chr5	176046980	176047064	0.236715826965544	4.89493727300647E-17
ENSG00000267774	RP11-2N1.2	chr18	57363658	57363841	0.234415386924701	5.02141452398253E-17
ENSG00000228082	RP1-121G13.2	chr6	100894511	100894586	0.240100781161468	5.05457799407335E-17
ENSG00000268266	AC003005.2	chr19	57989046	57989117	0.226309640935201	5.11823546340321E-17
ENSG00000107831	FGF8	chr10	103535396	103535482	0.15982771323747	5.25389224702147E-17
ENSG00000090539	CHRD	chr3	184099096	184099123	0.132332632112986	5.53214976630309E-17
ENSG00000134955	SLC37A2	chr11	124933592	124933697	0.101113192683654	5.64414053097287E-17
ENSG00000144161	ZC3H8	chr2	112939651	112939695	0.235829737460768	5.66005378613658E-17
ENSG00000265403	AC015884.1	chr17	881796	882054	0.159130801608655	5.67488185357069E-17
ENSG00000013016	EHD3	chr2	31456843	31456966	0.199751019212234	5.69162174552098E-17
ENSG00000230393	AC092667.2	chr2	100720932	100721183	0.216099732106901	5.82591139388319E-17
ENSG00000224807	DUX4L9	chr4	190941812	190941861	0.220457355567179	5.92923372050992E-17
ENSG00000237390	RP11-139I14.2	chr1	156358066	156358269	0.181828107498046	6.04687974659747E-17
ENSG00000269037	CTC-523E23.6	chr19	35396054	35396208	0.225003481630609	6.12296215584546E-17
ENSG00000242802	AP5Z1	chr7	4781648	4781767	0.228841206422191	6.20661851927793E-17
ENSG00000114904	NEK4	chr3	52748368	52748388	0.272462582401087	6.36732498971734E-17
ENSG00000266778	hsa-mir-548ba	chr3	8811074	8811272	0.117519366594326	6.41962929956707E-17
ENSG00000186825	C2orf27B	chr2	132558962	132559214	0.151871139160889	6.42035159687914E-17
ENSG00000253796	RP11-1084E5.1	chr8	109799714	109799909	0.200527704968084	6.44713750092125E-17
ENSG00000132688	NES	chr1	156646293	156646973	0.11430988092024	6.45146397382747E-17
ENSG00000159267	HLCS	chr21	38117476	38117491	0.145233277444128	6.49150470219543E-17
ENSG00000075035	WSCD2	chr12	108523612	108523650	0.131775886315673	6.51715559354018E-17
ENSG00000138696	BMPR1B	chr4	95678799	95678918	0.195594066483619	6.82814468353627E-17
ENSG00000215660	MIR1302-1	chr12	113229355	113229436	0.162279887693631	6.83202209982564E-17
ENSG00000229590	MSX2P1	chr17	56234415	56234745	0.228022233271553	6.89653913582995E-17
ENSG00000128310	GALR3	chr22	38221233	38221618	0.160444323872868	7.12697117206731E-17
ENSG00000171703	TCEA2	chr20	62681220	62681324	0.209529697056529	7.62613913802968E-17
ENSG00000265460	RP11-690G19.4	chr17	37382154	37382350	0.212882805971541	7.77110304122826E-17
LRG_234	LRG_234	chr8	1780306	1780324	0.108148325902742	7.79890162385625E-17
ENSG00000214711	CAPN14	chr2	31361757	31361785	0.186780078057053	7.87256059893051E-17
ENSG00000259650	RP11-272D12.1	chr15	73659865	73659894	0.198882161063105	8.10783062841902E-17
ENSG00000134871	COL4A2	chr13	110958478	110958503	0.198942149543732	8.14209458045884E-17
ENSG00000131845	ZNF304	chr19	57862612	57862720	0.1770900296668	8.4862944667012E-17
ENSG00000179342	GS1-124K5.9	chr7	65971211	65971406	0.246610365383421	8.56216733531455E-17
ENSG00000058668	ATP2B4	chr1	203598481	203598539	0.152286340475261	8.67657910945073E-17
ENSG00000008197	TFAP2D	chr6	50682402	50682451	0.22175711691694	8.77339248111117E-17
ENSG00000139514	SLC7A1	chr13	30077246	30077552	0.238980918303852	8.84264516323903E-17
ENSG00000203434	RP11-163F15.1	chr10	110226132	110226488	0.238429008421071	8.92839426471341E-17
ENSG00000104722	NEFM	chr8	24770330	24770493	0.245580969952837	9.03054715481906E-17
ENSG00000236502	SIX3-AS1	chr2	45165495	45165527	0.100974545674363	9.13011557738226E-17
ENSG00000188013	MEIS3P2	chr17	20492481	20492694	0.220208782212823	9.18139211259202E-17
ENSG00000221200	MIR1253	chr17	2652470	2652934	0.117452971195467	9.23816560755755E-17
ENSG00000272920	hsa-mir-1253	chr17	2652470	2652934	0.117452971195467	9.23816560755755E-17
ENSG00000234548	RP11-78H24.1	chr3	186080243	186080281	0.193463735546008	9.53665059983198E-17
ENSG00000257069	RP11-783K16.10	chr11	64058979	64060078	0.122233863342501	9.64735134263316E-17
ENSG00000162510	MATN1	chr1	31157980	31158340	0.168427345862974	9.72264668249432E-17
ENSG00000179399	GPC5	chr13	92050675	92051057	0.105495069208599	9.82965556133737E-17
ENSG00000227051	C14orf132	chr14	96505502	96506401	0.169411840008669	9.96376153974042E-17
ENSG00000175198	PCCA	chr13	100753346	100753385	0.326098633573671	1.00537958496928E-16
ENSG00000130201	EXOC3L2	chr19	45720771	45720964	0.212795539312932	1.0178510872936E-16
ENSG00000149654	CDH22	chr20	44803108	44803686	0.206808721369925	1.02330567859779E-16
ENSG00000244159	RP11-1070A24.1	chr8	54795236	54795384	0.272722067001391	1.03151418602197E-16
ENSG00000261238	AC009166.5	chr16	51183621	51183988	0.23228052928989	1.04002892330776E-16
ENSG00000154553	PDLIM3	chr4	186456565	186456863	0.188695655477915	1.05158439060097E-16
ENSG00000130203	APOE	chr19	45409097	45409121	0.136774520225638	1.07690693598E-16
ENSG00000230507	RPL7AP8	chr10	88391610	88391653	0.162310778409799	1.08006403445849E-16
ENSG00000146856	AGBL3	chr7	134576255	134576439	0.179363374433507	1.0899448033182E-16
ENSG00000100815	TRIP11	chr14	92413543	92413736	0.109179808183755	1.11808220914545E-16
ENSG00000255496	RP11-587D21.4	chr11	27720942	27721131	0.154679416706144	1.12201531830112E-16
ENSG00000186566	GPATCH8	chr17	42462623	42462665	0.106594617196544	1.12832897807508E-16
ENSG00000173473	SMARCC1	chr3	47621079	47621127	0.147902744666937	1.13666636719028E-16
ENSG00000262601	CTC-786C10.1	chr16	85204053	85204087	0.19021020735697	1.17765143045395E-16
ENSG00000229002	RP11-666A1.4	chr1	148527022	148527134	0.213604252365895	1.20666104292885E-16
ENSG00000241449	RP11-545G3.1	chr7	149744303	149744349	0.23915567653311	1.23016476049173E-16

ENSG00000229422	RP11-262H14.5	chr9	66494197	66494562	0.161070561470091	1.23165590820752E-16
ENSG00000170122	FOXD4	chr9	116820	117092	0.189736164946422	1.23436204544737E-16
ENSG00000265179	RP11-672L10.2	chr18	903660	903691	0.22150590396807	1.24545713025258E-16
ENSG00000242793	AC135999.2	chr15	27018936	27018954	0.230923393938289	1.26484523273342E-16
ENSG00000126226	PCID2	chr13	113826805	113826818	0.13072863993497	1.28366229359452E-16
ENSG00000253308	RP1-170O19.17	chr7	27278946	27279276	0.205794492361215	1.30300782802342E-16
ENSG00000180628	PCGF5	chr10	93058516	93058578	0.184687615466528	1.3073477392926E-16
ENSG00000176842	IRX5	chr16	54965797	54965929	0.20442442054701	1.38761683978748E-16
ENSG00000126259	KIRREL2	chr19	36347401	36347453	0.116523061954525	1.45951066439617E-16
ENSG00000258910	RP11-19E11.1	chr2	119592702	119592763	0.212399660450983	1.46977150263071E-16
ENSG00000238871	snoU13	chr1	38219900	38220006	0.138998802071134	1.54836859912657E-16
ENSG00000240771	ARHGEF25	chr12	58004191	58004239	0.166673149752402	1.58270085181279E-16
ENSG00000135452	TSPAN31	chr12	58130323	58130356	0.26988968057693	1.58687370146353E-16
ENSG00000249419	RP11-497K21.1	chr4	163084917	163084965	0.187822577162523	1.59431295875462E-16
ENSG00000161992	C16orf11	chr16	611087	611177	0.107155935373987	1.63147099380742E-16
ENSG00000005381	MPO	chr17	56356511	56357012	0.290308733451985	1.63743945660969E-16
LRG_84	LRG_84	chr17	56356511	56357012	0.290308733451985	1.63743945660969E-16
ENSG00000105376	ICAM5	chr19	10400397	10400758	0.190039960637711	1.63744603548631E-16
ENSG00000179477	ALOX12B	chr17	7975830	7975930	0.24108106591827	1.65001486616521E-16
ENSG00000259460	RP11-128A17.1	chr15	37390178	37390412	0.183307665937073	1.65752479021818E-16
ENSG00000248127	CTC-235G5.3	chr5	75377645	75377687	0.186580476681542	1.67093406632746E-16
ENSG00000230302	MTND3P4	chr9	104500824	104501110	0.213448874857879	1.715968504067E-16
ENSG00000253432	RP11-324F11.1	chr8	139926980	139927001	0.123396126569878	1.71866757140207E-16
ENSG00000107833	NPM3	chr10	103536196	103536487	0.236930380473361	1.75415234322904E-16
ENSG00000267627	RP11-905K4.1	chr18	33529932	33530560	0.18879842927443	1.76051185382102E-16
ENSG00000267886	CTD-2291D10.4	chr19	23257962	23258092	0.25715145193792	1.82384358010461E-16
ENSG00000249748	RP11-79C6.3	chr5	35925111	35925230	0.248227133225582	1.84833230836415E-16
ENSG00000235115	CHCHD2P8	chr13	28675383	28675407	0.219688757289519	1.98288523295445E-16
ENSG00000266120	RP11-354P11.2	chr17	28563106	28563174	0.136101622510217	1.99609904627073E-16
ENSG00000201423	RN7SKP246	chr5	143978344	143978483	0.192619676999429	2.03241321375466E-16
ENSG00000183734	ASCL2	chr11	2288127	2288261	0.234218652538297	2.03512432860329E-16
ENSG00000266223	RN7SL84P	chr19	4197935	4198185	0.203805618183958	2.04064887664052E-16
ENSG00000133116	KL	chr13	33590102	33591427	0.180441787454415	2.0553397434423E-16
ENSG00000180422	LINC00304	chr16	89225562	89225814	0.109020683426495	2.06865041682331E-16
ENSG00000269236	CTD-2619J13.1	chr19	58666810	58666874	0.166111884224617	2.07585502552496E-16
ENSG00000069482	GAL	chr11	68451377	68451747	0.166674279756934	2.08883351591011E-16
ENSG00000160801	PTH1R	chr3	46923068	46923140	0.214104445900121	2.09945553571796E-16
ENSG00000264359	NEK4P2	chr17	16570169	16570608	0.245679215522372	2.1004111429895E-16
ENSG00000144712	CAND2	chr3	12838060	12838210	0.180077133067119	2.15446919897273E-16
ENSG00000182870	GALNT9	chr12	132689858	132690194	0.220791176789298	2.17058410665993E-16
ENSG00000179988	PSTK	chr10	124713888	124714227	0.129776085369505	2.195777144285E-16
ENSG00000136235	GPNUMB	chr7	23287222	23287412	0.238665375239669	2.20229426318921E-16
ENSG00000177468	OLIG3	chr6	137814952	137815036	0.206959173597078	2.29682360985898E-16
ENSG00000136147	PHF11	chr13	50070766	50070786	0.132361920775837	2.35760286383484E-16
ENSG00000135519	KCNH3	chr12	49933435	49933462	0.106979937588202	2.38310478873793E-16
ENSG00000261648	CTD-2014E2.2	chr16	31548583	31549226	0.262017867912773	2.38363005918083E-16
ENSG00000242419	PCDHGC4	chr5	140864701	140864733	0.244968817486599	2.51445378215553E-16
ENSG00000250799	PRODH2	chr19	36288744	36288806	0.288406606261176	2.52620452917233E-16
ENSG00000115266	APC2	chr19	1446934	1447107	0.103495630857597	2.53753011868664E-16
ENSG00000144649	FAM198A	chr3	43020756	43021348	0.150714658116196	2.53835539584594E-16
ENSG00000105290	APLP1	chr19	36360287	36360388	0.10184427632799	2.57978421419025E-16
ENSG00000232709	MARK2P9	chr10	94180699	94180743	0.204438764431635	2.60077101344639E-16
ENSG00000185176	AQP12B	chr2	241612711	241612789	0.192670660904429	2.81390530228964E-16
ENSG00000128683	GAD1	chr2	171669891	171669923	0.102861934331079	2.83973330607843E-16
ENSG00000269047	AC009041.2	chr16	1030228	1030848	0.146264795563151	2.8657620960837E-16
ENSG00000242107	LINC01100	chr3	159756639	159756996	0.216202020811674	2.90413661151723E-16
ENSG00000267004	CTD-2659N19.4	chr19	12832108	12832224	0.224984153084155	2.91993806091607E-16
ENSG00000212853	GHSR	chr3	172166174	172166321	0.213166270482451	2.97771293143981E-16
ENSG00000237941	KCNQ1DN	chr11	2890551	2891360	0.179561680666693	2.98294203573371E-16
ENSG00000234573	RP5-1116H23.1	chr20	4981089	4981114	0.181113101491105	2.98610218955764E-16
ENSG00000094916	CBX5	chr12	54611846	54612037	0.201849892635425	3.02747700030719E-16
ENSG00000255410	RP11-732A19.6	chr11	6651202	6652078	0.366018888351755	3.03366019347115E-16
ENSG00000268678	CTC-444N24.13	chr19	57862402	57862480	0.169349071376774	3.16652770161203E-16
ENSG00000212304	SNORD12	chr20	47934725	47934775	0.255216703521951	3.32892231783927E-16
ENSG00000267574	CTC-525D6.5	chr19	29896287	29896311	0.262498113742615	3.34002924826455E-16
ENSG00000248334	WHAMMP2	chr15	28982675	28983400	0.135757868993767	3.37841675399162E-16
ENSG00000156959	LHFPL4	chr3	9541969	9542052	0.263345668618115	3.40754289824145E-16
ENSG00000203782	LOR	chr1	153233986	153234387	0.215165195080353	3.44552160836461E-16
ENSG00000197177	GPR123	chr10	134844889	134844910	0.233861831261246	3.45117758867783E-16

ENSG00000179059	ZFP42	chr4	188916397	188916984	0.244695310244999	3.47342208322192E-16
ENSG00000182218	HHIPL1	chr14	100111214	100111969	0.162226175089658	3.51253958873012E-16
ENSG00000240048	DDX50P2	chr3	154145779	154145874	0.215740843991979	3.57922226296715E-16
ENSG00000242341	RN7SL646P	chr5	177811175	177811306	0.244618630816164	3.60164640017382E-16
ENSG00000243020	RPL7P39	chr12	65220221	65220366	0.189914696981715	3.62992188641116E-16
ENSG00000248050	RP11-422N16.3	chr8	110703392	110703958	0.153495051843337	3.64338754591198E-16
ENSG00000239542	RN7SL399P	chr17	39889915	39889959	0.139795253204394	3.75131205162106E-16
ENSG00000243753	HLA-L	chr6	30227324	30227363	0.158863894887528	3.81742669525036E-16
ENSG00000180957	PITPNB	chr22	28198477	28198539	0.170263426887341	3.82541918328489E-16
ENSG00000265610	CR536603.1	chr22	46368665	46368725	0.199331351018537	3.91481106387974E-16
ENSG00000100604	CHGA	chr14	93389444	93389922	0.175700247817424	3.9841962408209E-16
ENSG00000134874	DZIP1	chr13	96205853	96205960	0.124009602911011	3.99196628998554E-16
ENSG00000187902	SHISA7	chr19	55952038	55952084	0.226821400733995	4.00720492096988E-16
ENSG00000104918	RETN	chr19	7735109	7735294	0.147595378597526	4.007403715559E-16
ENSG00000124191	TOX2	chr20	42544535	42544604	0.125110420051933	4.09352339051898E-16
ENSG00000131408	NR1H2	chr19	50833819	50833869	0.28489918657724	4.21526474669883E-16
ENSG00000257056	RP11-966I7.2	chr14	29254938	29255119	0.199606020199181	4.24200742485876E-16
ENSG00000203618	GP1BB	chr22	19711327	19712096	0.141825856798976	4.25384321030445E-16
ENSG00000201548	Y_RNA	chr10	90343174	90343208	0.194993699598011	4.34574127375456E-16
ENSG00000267695	RP11-1030E3.1	chr18	47824995	47825382	0.192487962226009	4.36559489185152E-16
ENSG00000172201	ID4	chr6	19837270	19837360	0.21614431272168	4.3948611708943E-16
ENSG00000100842	EFS	chr14	23822236	23822265	0.198278661106922	4.42673900524122E-16
ENSG00000135052	GOLM1	chr9	88651544	88651588	0.287796799707516	4.4480787559331E-16
ENSG00000255399	TBX5-AS1	chr12	114845884	114846068	0.219263087209183	4.74348231506348E-16
ENSG00000253204	RP5-1009N12.1	chr8	30770684	30770763	0.181987398212003	4.7628025711615E-16
ENSG00000234640	RP11-264E18.1	chr10	130085065	130085093	0.231494321395365	4.79515841793199E-16
ENSG00000227778	XXYac-YX155B6.2	chr1	147532531	147532735	0.268920419002272	4.83511227954511E-16
ENSG00000157823	AP3S2	chr15	90358125	90358570	0.16014894716161	4.96525972756954E-16
ENSG00000187094	CCK	chr3	42307694	42307744	0.129443897460279	4.98788710055855E-16
ENSG00000155980	KIF5A	chr12	57943714	57943970	0.217340746052213	5.03986559817331E-16
ENSG00000091513	TF	chr3	133464965	133464987	0.202119527866052	5.08387347148283E-16
ENSG00000174453	VWC2L	chr2	215275704	215275783	0.139096174776418	5.0911400793751E-16
ENSG00000233081	RP11-440G5.2	chr9	94183419	94183681	0.227916963407028	5.32366333052548E-16
ENSG00000006128	TAC1	chr7	97361244	97361321	0.228638305751791	5.32787623322429E-16
ENSG00000109132	PHOX2B	chr4	41746612	41746614	0.208839294063776	5.4895116986033E-16
LRG_513	LRG_513	chr4	41746612	41746614	0.208839294063776	5.4895116986033E-16
ENSG00000106571	GLI3	chr7	41982858	41982876	0.1365951106424	5.55209037143261E-16
ENSG00000178171	AMER3	chr2	131512942	131513035	0.134135089623277	5.69755049998227E-16
ENSG00000206538	VGLL3	chr3	87039900	87040515	0.200947027417319	5.75735703537047E-16
ENSG00000065320	NTN1	chr17	8924168	8924259	0.1033742762143	5.79431220612985E-16
ENSG00000228340	RP5-1043L13.1	chr20	58662434	58662972	0.183707575894232	5.79743485927774E-16
ENSG00000157152	SYN2	chr3	12045449	12045461	0.391939043051111	5.82232816207001E-16
ENSG00000101203	COL20A1	chr20	61927195	61927251	0.134005465144373	5.96588792510485E-16
ENSG00000264449	RP11-945C19.4	chr18	5889806	5889822	0.275967489715896	6.01191319181945E-16
ENSG00000151353	TMEM18	chr2	660809	660908	0.140633025947527	6.04008464038161E-16
ENSG00000171532	NEUROD2	chr17	37764250	37764293	0.120695169208295	6.13650557168415E-16
ENSG00000120669	SOHLH2	chr13	36737988	36738007	0.224562740848503	6.31528615928453E-16
ENSG00000252822	Y_RNA	chr1	236227319	236227324	0.175140284271302	6.42898648459758E-16
ENSG00000188474	ZNF788	chr19	12202997	12203139	0.190900335901977	6.58289318519383E-16
ENSG00000214189	ZNF788	chr19	12202997	12203139	0.190900335901977	6.58289318519383E-16
ENSG00000225950	NTF4	chr19	49561000	49561045	0.133351329364262	6.64912478438713E-16
ENSG00000146109	ABT1	chr6	26577821	26577850	0.125745030378449	6.6561801812512E-16
ENSG00000270999	CH17-132F21.1	chr2	90450638	90450848	0.295806334671648	6.66629135941458E-16
ENSG00000254932	RP11-687M24.8	chr11	125133474	125133671	0.200417572245301	6.73797424820386E-16
ENSG00000184389	A3GALT2	chr1	33772282	33772462	0.19841892774307	6.81375920079695E-16
ENSG00000256706	RP5-1096D14.3	chr12	2017635	2018160	0.135655312906891	6.89171263946602E-16
ENSG00000207965	MIR629	chr15	70381450	70381486	0.306773555198328	6.94107870346572E-16
ENSG00000218358	RAET1K	chr6	150312236	150312362	0.131707434311178	6.94676505567545E-16
ENSG00000257951	RP11-554D14.4	chr12	108258739	108258778	0.207834820025137	7.10935970009943E-16
ENSG00000272268	DKFZP761K2322	chr2	6121374	6121455	0.183393183897633	7.10957813773204E-16
ENSG00000256341	RP11-21A7A.3	chr11	63883569	63883652	0.144422593379467	7.19721365152291E-16
ENSG00000136002	ARHGEF4	chr2	131594720	131594996	0.175531296290979	7.27491270190653E-16
ENSG00000177108	ZDHHC22	chr14	77600103	77600238	0.157571919095778	7.29927394082316E-16
ENSG00000263271	RP11-1055B8.8	chr17	79448219	79448810	0.228967124249903	7.42952152191665E-16
ENSG00000215397	SCRT2	chr20	642686	642883	0.183674546471834	7.62670144372806E-16
ENSG00000224592	RP5-884C9.2	chr1	38511549	38513375	0.137423077612574	7.72986597467997E-16
ENSG00000273483	RP4-671G15.2	chr1	113052116	113052300	0.170643067400845	7.76179001526988E-16
ENSG00000228563	AL133247.2	chr2	31805776	31805891	0.20071871400399	7.7667627486575E-16
ENSG00000139445	FOXN4	chr12	109746886	109747042	0.14598979035785	7.83196331882582E-16

ENSG00000184144	CNTN2	chr1	205012335	205012477	0.177943766759384	7.92530412744966E-16
ENSG00000179454	KLHL28	chr14	45381194	45381787	0.195196659018608	7.95527622572453E-16
ENSG00000128710	HOXD10	chr2	176973652	176973717	0.232688733039476	8.20459382014992E-16
ENSG00000228010	AC073343.13	chr7	6703520	6704061	0.227149599404578	8.26186788169045E-16
ENSG00000248172	RP11-1094H24.3	chr17	48072320	48072653	0.100637973397321	8.26394789154E-16
ENSG00000271811	RP1-79C4.4	chr1	170640588	170640677	0.289933085809772	8.30368750500015E-16
ENSG00000132821	VSTM2L	chr20	36531497	36532130	0.190569613921066	8.42297439231283E-16
ENSG00000260262	RP11-440L14.3	chr4	821133	821145	0.173891002685592	8.4471468741471E-16
ENSG00000166923	GREM1	chr15	33010021	33010553	0.155517916955684	8.54422112666339E-16
ENSG00000122877	EGR2	chr10	64574641	64574777	0.241436421596274	8.7225932218662E-16
ENSG00000167476	JSRP1	chr19	2252069	2252503	0.187645273193729	8.77296496256004E-16
ENSG00000228034	HMG2P21	chr2	71018220	71018258	0.246596768435644	8.82814560957385E-16
ENSG00000271949	RP11-302M6.4	chr1	90099704	90099746	0.117722606106667	8.92246307358966E-16
ENSG00000254535	PABPC4L	chr4	135122475	135122934	0.232498742622436	8.99548821488549E-16
ENSG00000057593	F7	chr13	113763657	113763758	0.152598571646286	9.25198083263555E-16
ENSG00000238430	snoU13	chr1	173638688	173638797	0.197556576587752	9.27562646088688E-16
ENSG00000005961	ITGA2B	chr17	42452402	42452509	0.170342278083711	9.35860938805901E-16
ENSG00000248543	NPM1P41	chr4	82964996	82965117	0.123754912902132	9.5223733123535E-16
ENSG00000235007	RP11-344B5.4	chr9	132020638	132021024	0.184780920399133	9.68217373456364E-16
ENSG00000262231	RP11-960B9.2	chr17	5993746	5993811	0.307639538269596	9.72414873480884E-16
ENSG00000261318	RP11-653J6.1	chr15	66546837	66546980	0.251635593456112	9.745772566706E-16
ENSG00000232728	PHB2P1	chr10	111216805	111217079	0.223395925922779	9.76698836877697E-16
ENSG00000256443	RP11-794G24.1	chr11	61323029	61323049	0.110724427307564	9.92454559611218E-16
ENSG00000095981	KCNK16	chr6	39281786	39282214	0.218907070487937	1.00709015374093E-15
ENSG00000258692	SALL4P7	chr14	60951957	60952945	0.233095909013582	1.01304884104648E-15
ENSG00000140465	CYP1A1	chr15	75018674	75019030	0.10623628947424	1.02301468686225E-15
ENSG00000105143	SLC1A6	chr19	15090023	15090056	0.230489148790029	1.02997770611709E-15
ENSG00000221540	MIR1180	chr17	19247818	19248055	0.287434711061675	1.03520221362613E-15
ENSG00000203995	ZYG11A	chr1	53308372	53308967	0.200862467100545	1.05560680410812E-15
ENSG00000079689	SCGN	chr6	25652381	25652491	0.168041122336215	1.0753861552136E-15
ENSG00000249149	RP11-79P5.3	chr5	72677859	72678420	0.232332971133989	1.07909659822421E-15
ENSG00000213642	RP11-561N12.5	chr7	64030749	64030818	0.24710263302507	1.07991969803383E-15
ENSG00000235411	AC007041.2	chr2	20441822	20441846	0.187748555268949	1.08034166494036E-15
ENSG00000196227	FAM217B	chr20	58508637	58509012	0.170313273995545	1.09485817026337E-15
ENSG00000111186	WNT5B	chr12	1639357	1640749	0.145424749010832	1.09493693455971E-15
ENSG00000267496	FAM215A	chr17	41995255	41995351	0.201350012045881	1.09756779326802E-15
ENSG00000224718	RP11-222A5.1	chr1	175712344	175712389	0.171847632953897	1.12114595631251E-15
ENSG00000095370	SH2D3C	chr9	130503869	130503913	0.281533381248068	1.15455492962794E-15
ENSG00000183921	SDR42E2	chr16	22174058	22174091	0.198563519334939	1.17607405998984E-15
ENSG00000124232	RBPJL	chr20	43935460	43935632	0.174177719767119	1.17988967672935E-15
ENSG00000163714	U2SURP	chr3	142683130	142683267	0.270627179760375	1.1913220255572E-15
ENSG00000233472	RP11-218D6.4	chr10	28288140	28288183	0.207987646786399	1.19425147590702E-15
ENSG00000264908	AC000403.1	chr13	77460926	77461098	0.120792606992333	1.19543328344884E-15
ENSG00000272183	RP11-523H20.3	chr2	74727367	74727408	0.218434711206443	1.19607512517982E-15
ENSG00000159182	PRAC1	chr17	46799645	46799668	0.23031227750151	1.21703071748382E-15
ENSG00000230327	AC009234.1	chr2	50574647	50574816	0.218189553017032	1.2193906268801E-15
ENSG00000164458	T	chr6	166582188	166582225	0.224741862272324	1.2265291229401E-15
ENSG00000234456	MAGI2-AS3	chr7	79082186	79082300	0.266418170138408	1.28363637307477E-15
ENSG00000163864	NMNAT3	chr3	139258867	139259018	0.194581205476373	1.34240053191518E-15
ENSG00000141622	RNF165	chr18	43913000	43913023	0.215029263444498	1.35324124828751E-15
ENSG00000201493	RNU1-141P	chr1	218330093	218330202	0.190794333276634	1.35790757592192E-15
ENSG00000260979	RP11-77H9.8	chr16	9023363	9023391	0.361445698728779	1.40238270986897E-15
ENSG00000118160	SLC8A2	chr19	47933314	47933370	0.11559124723371	1.410334633115329E-15
ENSG00000244486	SCARF2	chr22	20779347	20779482	0.202256352589094	1.41845610812948E-15
ENSG00000104881	PPP1R13L	chr19	45888769	45888798	0.226806093807798	1.43383220589887E-15
ENSG00000207827	MIR30A	chr6	72129526	72129609	0.256636067123647	1.43769485857971E-15
ENSG00000259701	RP11-108K3.3	chr15	51559977	51560018	0.114838686389627	1.44737179134178E-15
ENSG00000233354	LINC00028	chr20	30073458	30073584	0.205524677487339	1.48064561885251E-15
ENSG00000136944	LMX1B	chr9	129375961	129376951	0.166586572631026	1.48661956311234E-15
ENSG00000233551	RP11-335H2.2	chr9	16829043	16829168	0.292050543829442	1.5002345535634E-15
ENSG00000212382	RNU6-159P	chr16	27931936	27932007	0.147713167736876	1.5089986870238E-15
ENSG00000130558	OLFM1	chr9	137967004	137967595	0.213174038558262	1.51960188415492E-15
ENSG00000169515	CCDC8	chr19	46916756	46916861	0.212350511103618	1.54654542031295E-15
ENSG00000131142	CCL25	chr19	8115415	8115502	0.114221405388498	1.54890880526044E-15
ENSG00000223942	RP11-252P19.2	chr6	166218747	166218867	0.202326986671613	1.5765265115482E-15
ENSG00000242590	RP11-54O7.14	chr1	986848	986920	0.187699651515763	1.61368294463304E-15
ENSG00000244953	RP11-613D13.8	chr11	43964808	43965336	0.17350077481231	1.62202642995439E-15
ENSG00000251426	CTD-2247C11.4	chr5	5057475	5057507	0.322883749440782	1.64469228659468E-15
ENSG00000121022	COPS5	chr8	67941061	67941077	0.186287179273581	1.66315844733995E-15

ENSG00000256862	RP11-664D1.1	chr12	4029920	4029930	0.249867852043288	1.68751748356653E-15
ENSG00000120279	MYCT1	chr6	153003685	153003781	0.137608638326771	1.69622712395874E-15
ENSG00000244215	RP11-88121.2	chr3	127056741	127056777	0.324280273819693	1.71997727480222E-15
ENSG00000078549	ADCYAP1R1	chr7	31092854	31092888	0.15942867670961	1.72454056660642E-15
ENSG00000248731	AC090103.1	chr8	25793430	25793539	0.193409641966747	1.7422116106076E-15
ENSG00000255916	DBP	chr19	49129472	49129562	0.295334057956863	1.74325745871103E-15
ENSG00000239857	GET4	chr7	907983	908020	0.142122318812048	1.78026104090368E-15
ENSG00000170430	MGMT	chr10	131194473	131194572	0.234214209988486	1.89611408229048E-15
ENSG00000233476	EEF1A1P6	chr7	22539977	22540006	0.213633729634888	1.89906142076452E-15
ENSG00000163075	PCDP1	chr2	120282171	120282272	0.260701598772502	1.89940506215676E-15
ENSG00000250020	RP11-811115.1	chr5	54550	54571	0.201907689477959	1.93367729395136E-15
ENSG00000255916	RP13-895J2.7	chr12	132905593	132906111	0.214292901773371	1.94116540663762E-15
ENSG00000107187	LHX3	chr9	139089947	139089954	0.175652394487509	1.95263699669408E-15
ENSG00000188778	ADRB3	chr8	37824496	37824529	0.172913715535499	1.97959920147801E-15
ENSG00000249639	CTB-138E5.1	chr5	134824531	134824689	0.160906859573165	2.03620380198738E-15
ENSG00000254427	RP11-430H10.1	chr11	45376948	45377242	0.188551458285717	2.04632869026442E-15
ENSG00000151136	BTBD11	chr12	107714784	107714826	0.119441404100395	2.07514906285385E-15
ENSG00000231848	AC012354.8	chr2	45227520	45227554	0.222038419889677	2.0906687006295E-15
ENSG00000201325	RNA5SP142	chr3	137228433	137228482	0.203309808470898	2.09616897043729E-15
ENSG00000146360	GPR6	chr6	110299472	110299644	0.227034143394218	2.16515740748793E-15
ENSG00000113391	FAM172A	chr5	92939806	92940122	0.215216109269061	2.1835320156715E-15
ENSG00000206852	RNU6-895P	chr8	41164606	41164637	0.153530705574574	2.2200617180947E-15
ENSG00000250366	LINC00617	chr14	96342611	96343553	0.176436699644524	2.2208227322156E-15
ENSG00000225313	RP11-415J8.3	chr1	33772519	33773103	0.193960606365543	2.2407065093977E-15
ENSG00000228835	AC012123.1	chr18	30349696	30349900	0.194257833648323	2.27889003690477E-15
ENSG00000187773	FAM69C	chr18	72123529	72123533	0.195565570764365	2.30035511609877E-15
ENSG00000099326	MZF1	chr19	59073425	59074499	0.140143839736861	2.30349438128968E-15
ENSG00000135049	AGTPBP1	chr9	88138074	88138100	0.215403929811346	2.30934114696919E-15
ENSG00000204851	PNMAL2	chr19	46992788	46992821	0.210096514930406	2.33141576070494E-15
ENSG00000249406	RP11-893F2.5	chr17	48279058	48279080	0.14251346915602	2.35470217435976E-15
ENSG00000256902	RP11-986G18.1	chr12	2861581	2861677	0.127677417821973	2.3884594561842E-15
ENSG00000258661	RP11-964E11.2	chr14	37116189	37116719	0.192272029264821	2.39529369287692E-15
ENSG00000161298	ZNF382	chr19	37095688	37095736	0.192245001839425	2.39688605694527E-15
ENSG00000222416	RNA5SP274	chr8	94508053	94508228	0.218684299664652	2.39931902090161E-15
ENSG00000167945	PRR25	chr16	863220	863975	0.128252138719854	2.42551933221525E-15
ENSG00000247400	DNAJC3-AS1	chr13	96297326	96297376	0.22568950652716	2.48268465201043E-15
ENSG00000103932	RPAP1	chr15	41805391	41805526	0.118781052719465	2.50891799337037E-15
ENSG00000149527	PLCH2	chr1	2359895	2360023	0.185449777597513	2.53072968786145E-15
ENSG00000225280	RP11-227D2.3	chr20	21378409	21378497	0.206450262974678	2.53644322192497E-15
ENSG00000207414	RNU6-768P	chr12	101603124	101603174	0.252641300426575	2.54851523143473E-15
ENSG00000225446	RP4-665J23.2	chr1	91317453	91317490	0.186341978173033	2.5569364460257E-15
ENSG00000226871	AC135178.7	chr17	8219313	8219452	0.243303739871616	2.58570575638845E-15
ENSG00000252405	snoMe28S-Am2634	chr16	7354493	7354700	0.227306091467796	2.61512596285221E-15
ENSG00000183760	PAPL	chr19	39574669	39574716	0.133433378764619	2.63031192202347E-15
ENSG00000229533	AC003986.5	chr7	19183986	19184043	0.231661535619997	2.63331808537123E-15
ENSG00000134138	MEIS2	chr15	37180824	37180891	0.234867894576311	2.67082078395063E-15
ENSG00000135406	PRPH	chr12	49691295	49691472	0.137433583388946	2.73299608648878E-15
ENSG00000269935	RP11-482M8.3	chr16	87622437	87622762	0.147761163826735	2.7613609408654E-15
ENSG00000224940	PRRT4	chr7	127991675	127991779	0.229298378017516	2.77175237472333E-15
ENSG00000237233	RP11-809M12.1	chr10	63212509	63212665	0.211182118238335	2.83403427992225E-15
ENSG00000226478	UPF3AP1	chr17	16650051	16650165	0.221024692991461	2.86613539118101E-15
ENSG00000178403	NEUROG2	chr4	113435544	113435556	0.149883805567038	2.88035583598553E-15
ENSG00000268173	PIK3R2	chr19	18266882	18266882	0.262726737768734	2.903625735259805E-15
ENSG00000107984	DKK1	chr10	54074000	54074037	0.181970792492611	2.94476984019966E-15
ENSG00000242540	AC010729.1	chr2	5836330	5836388	0.265448578624144	3.01050834276753E-15
ENSG00000235494	RP11-498P14.4	chr9	99984846	99984958	0.208307931234954	3.0120120913319E-15
ENSG00000229630	RP11-124O11.2	chr10	43428914	43429070	0.101595755390464	3.02479185736243E-15
ENSG00000226567	LINC00606	chr3	10780668	10780705	0.146721528075857	3.09737866374757E-15
ENSG00000260614	RP11-491F9.1	chr16	49317873	49317915	0.195346159499604	3.09875829737745E-15
ENSG00000256283	RP11-365O10.1	chr12	15374560	15374609	0.164709750282059	3.154000891916E-15
ENSG00000091656	ZFH4	chr8	77593471	77593495	0.2138146978576	3.17233999211338E-15
ENSG00000105371	ICAM4	chr19	10397604	10397676	0.141891134782627	3.17319734352747E-15
ENSG00000137142	IGFBPL1	chr9	38423962	38424724	0.160379368025978	3.18120125239754E-15
ENSG00000233121	VN1R20P	chr3	13922490	13922554	0.158781169503092	3.21497137979576E-15
ENSG00000114405	C3orf14	chr3	62304515	62304818	0.185075971376109	3.24009111259805E-15
ENSG00000084072	PPIE	chr1	40157892	40158055	0.102529161970506	3.30316529991531E-15
ENSG00000132932	ATP8A2	chr13	25946027	25946844	0.216321468645554	3.35545303495338E-15
ENSG00000269404	SPIB	chr19	50922146	50922225	0.101788264653852	3.43123639997975E-15
ENSG00000252416	RNU6-885P	chr10	43331934	43332005	0.230370659455454	3.45297232146237E-15

ENSG00000174576	NPAS4	chr11	66188111	66188951	0.151787983241813	3.45429491126328E-15
ENSG00000206808	Y_RNA	chr11	33199702	33199735	0.218922257076207	3.50120891808909E-15
ENSG00000225849	MKRN7P	chr20	45087968	45088073	0.172951519702834	3.51435586446367E-15
ENSG00000225945	RP3-441A12.1	chr6	37751996	37752109	0.147605556317207	3.55550538019029E-15
ENSG00000263880	RN7SL747P	chr14	76819459	76819497	0.149625915796879	3.55823879014166E-15
ENSG00000270504	RP11-420L9.5	chr6	3751474	3752184	0.100574034966531	3.56160969710788E-15
ENSG00000272347	RP11-43F13.4	chr5	1005626	1005686	0.12812501255339	3.56963681672866E-15
ENSG00000236408	RP11-476H24.1	chr7	154586308	154586335	0.215728127336529	3.66996162237704E-15
ENSG00000143603	KCNN3	chr1	154732823	154732887	0.136852370193589	3.72151339571892E-15
ENSG00000263613	RP11-321A17.5	chr17	27333185	27333229	0.15443981349738	3.76459266274819E-15
ENSG00000187135	VSTM2B	chr19	30017320	30017863	0.205505172886411	3.85553743244691E-15
ENSG00000259077	RP11-804L24.2	chr14	88281009	88281090	0.269196187493491	3.92175103620016E-15
ENSG00000172232	AZU1	chr19	822784	822846	0.229630553166718	4.05842951882157E-15
ENSG00000269934	RP5-1139B12.3	chr1	228464006	228464049	0.125621939424329	4.12219946293522E-15
ENSG00000146352	CLVS2	chr6	123317136	123317212	0.250353464552206	4.18424408410389E-15
ENSG00000255542	RP4-683L5.1	chr11	35440525	35441242	0.213898924211921	4.2451441033695E-15
ENSG00000269563	AC138655.1	chr2	47799500	47799522	0.225811139397047	4.30711589202328E-15
ENSG00000253297	HTR4-IT1	chr5	148033493	148034074	0.201692221738597	4.39277123190633E-15
ENSG00000159387	IRX6	chr16	55357579	55357842	0.215956041591446	4.42258265946429E-15
ENSG00000107736	CDH23	chr10	73156680	73157089	0.132383982842977	4.48133801797115E-15
ENSG00000109705	NKX3-2	chr4	13542571	13542578	0.198021526756319	4.52807964203133E-15
ENSG00000172461	FUT9	chr6	96463870	96464120	0.263917163238915	4.77305385593872E-15
ENSG00000152495	CAMK4	chr5	110559570	110559583	0.192573834453351	4.81052299942958E-15
ENSG00000124507	PACSL1	chr6	34433676	34433834	0.215864776617728	4.81634024412778E-15
ENSG00000113763	UNC5A	chr5	176236975	176237288	0.134808656128014	4.82738052363182E-15
ENSG00000234284	ZNF879	chr5	178450660	178451207	0.182057937328692	4.91069562784591E-15
ENSG00000196131	VN1R2	chr19	53758605	53758653	0.247922504615953	4.933777009136918E-15
ENSG00000259663	CTD-2314G24.2	chr5	50673177	50673241	0.183135190151658	4.96328659702499E-15
ENSG00000120057	SFRP5	chr10	99531180	99531918	0.179665381135525	5.03075024359564E-15
ENSG00000160753	RUSC1	chr1	155290623	155290764	0.177584405748004	5.05056893386308E-15
ENSG00000177586	OR7E149P	chr12	8594636	8594686	0.194383759071213	5.0977304895934E-15
ENSG00000229064	RP11-746P2.5	chr7	64712294	64712639	0.196151555935921	5.11454996547087E-15
ENSG00000125740	FOSB	chr19	45976123	45976234	0.221772922299377	5.13962678684415E-15
ENSG0000043355	ZIC2	chr13	100630746	100630879	0.214436731688898	5.14539156511472E-15
ENSG00000171596	NMUR1	chr2	232394764	232395355	0.195380496384256	5.16636539666642E-15
ENSG00000186660	ZFP91	chr11	58344244	58344294	0.175804018903054	5.36731424138868E-15
ENSG00000154478	GPR26	chr10	125425690	125426161	0.198790149987895	5.57902551777237E-15
ENSG00000143195	ILDR2	chr1	166890024	166890644	0.196402228911715	5.61663175907479E-15
ENSG00000269826	RP11-158I3.3	chr16	86384318	86384393	0.2433923080304	5.7049836560892E-15
ENSG00000107164	FUBP3	chr9	133411226	133411456	0.193407715016403	5.71703803441721E-15
ENSG00000251937	RNU7-129P	chr18	12374558	12374575	0.188000278443739	5.74890111678719E-15
ENSG00000145623	OSMR	chr5	38845779	38845850	0.198529392898777	5.77833163537152E-15
ENSG00000265918	RN7SL543P	chr16	67048678	67048700	0.117813529733958	5.91797346565051E-15
ENSG00000232527	RP11-14N7.2	chr1	148928037	148928339	0.182041540852791	5.93400676599853E-15
ENSG00000235242	AC010982.2	chr2	114880606	114880638	0.300264447892905	5.95881379244582E-15
ENSG00000116852	KIF21B	chr1	200941622	200941754	0.204201468521151	6.01271576187231E-15
ENSG00000235886	RP4-672N11.1	chr3	43899937	43899968	0.301170640965119	6.01772173057414E-15
ENSG00000186897	C1QL4	chr12	49730578	49730614	0.119708213741847	6.02488384184671E-15
ENSG00000230098	TCERG1L-AS1	chr10	132913224	132913271	0.213961480436103	6.1470097753525E-15
ENSG00000201153	RNU6-371P	chr1	62784157	62784208	0.159689047507978	6.41568254933106E-15
ENSG00000143368	SF3B4	chr1	149889430	149889453	0.145838257160668	6.45509873535318E-15
ENSG00000253033	RNU7-191P	chr18	45934197	45934345	0.131441532784161	6.58922258826175E-15
ENSG00000241097	RP11-864N7.1	chr11	74443005	74443037	0.207247462730605	6.65214445496034E-15
ENSG00000215952	MIR921	chr1	166134225	166134410	0.165877692877447	6.77741485159494E-15
ENSG00000271743	CTD-2541M15.3	chr8	6420841	6420858	0.206036015379301	6.80347641396426E-15
ENSG00000178235	SLITRK1	chr13	84456474	84456577	0.216560157330579	6.89308017392546E-15
ENSG00000104415	WISP1	chr8	134202528	134202577	0.131530433480866	6.90493907997862E-15
ENSG00000268262	CTC-246B18.8	chr19	39811146	39811465	0.127692236966769	6.97309777553408E-15
ENSG00000224243	LINC00403	chr13	112761296	112761404	0.173784101450891	7.00836111411327E-15
ENSG00000256761	AL008733.1	chr1	2979276	2979500	0.260171613143127	7.04953122797974E-15
ENSG00000231982	RP11-573D15.1	chr3	186543458	186543478	0.165906670140915	7.06268627882625E-15
ENSG00000248464	FGF10-AS1	chr5	44388972	44389038	0.219979324972019	7.20398768307434E-15
ENSG00000272168	CASC15	chr6	21665725	21665800	0.174406461352451	7.32717259234077E-15
ENSG00000174652	ZNF266	chr19	9517936	9517966	0.246199542932784	7.47671659939769E-15
ENSG00000143847	PPFIA4	chr1	202995839	202995938	0.129616406711476	7.47922145430766E-15
ENSG00000207588	MIR593	chr7	127743508	127743612	0.273860796254136	7.75829328110686E-15
ENSG00000157445	CACNA2D3	chr3	54156204	54156448	0.123264611026828	7.88992782054824E-15
ENSG00000206976	SNORA7	chr11	3950928	3951010	0.161411691950244	7.98968592314881E-15
ENSG00000252256	SNORD112	chr9	86152201	86152222	0.225990776290816	8.07980899302997E-15

ENSG00000137460	FHDC1	chr4	153862964	153862972	0.200417652564952	8.19075805467427E-15
ENSG00000182013	PNMAL1	chr19	46974572	46974946	0.216607810600898	8.25611415082663E-15
ENSG00000133619	KRBA1	chr7	149411652	149411966	0.262808686466466	8.43061405549071E-15
ENSG00000134769	DTNA	chr18	32073212	32073245	0.169446788909929	8.66899027374625E-15
ENSG00000206969	RNU6-1316P	chr14	103294740	103294772	0.190121900486143	8.68167199009667E-15
ENSG00000232783	AC073135.3	chr3	197840575	197840765	0.237669599254137	8.90540957383952E-15
ENSG00000207349	RNVU1-17	chr1	149194116	149194195	0.239520508412403	9.11760839055973E-15
ENSG00000124785	NRN1	chr6	6007240	6007278	0.187160109293936	9.24940293867061E-15
ENSG00000199627	RNU6-1010P	chr7	130726197	130726217	0.158915553550282	9.36674647761337E-15
ENSG00000101180	HRH3	chr20	60794639	60795614	0.10414817527088	9.46027106404207E-15
ENSG00000113231	PDE8B	chr5	76506042	76506155	0.216259492594839	9.75761370448506E-15
ENSG00000241570	RP11-372E1.6	chr3	142681672	142682322	0.199396876497988	9.94771194058004E-15
ENSG00000135312	HTR1B	chr6	78173303	78173372	0.156829570961197	1.00359092506305E-14
ENSG00000235570	LINC00533	chr6	28641622	28641651	0.186965458915176	1.01198945592531E-14
ENSG00000255323	CTD-2140G10.1	chr11	22454796	22454800	0.205933346295563	1.01659649059715E-14
ENSG00000174885	NLRP6	chr11	278912	278918	0.162324737720214	1.04533455303301E-14
ENSG00000165716	FAM69B	chr9	139606275	139606364	0.12016476697013	1.05414226830636E-14
ENSG00000263235	RP11-461A8.4	chr16	3689015	3689054	0.290194162752812	1.07329906241745E-14
ENSG00000244302	PEX5L-AS2	chr3	179660135	179660314	0.183365057453782	1.10118368111359E-14
ENSG00000248994	RP11-259O2.1	chr5	1931828	1931982	0.22524898983888	1.11555468153153E-14
ENSG00000238648	TRNAI6	chr6	27599210	27599262	0.158842901775477	1.11905623819597E-14
ENSG00000197721	CR1L	chr1	207818312	207818423	0.193068458556004	1.13317698490876E-14
ENSG00000201145	RNA5SP175	chr4	190938981	190939273	0.206915596828026	1.14209290505405E-14
ENSG00000236242	MYO16-AS1	chr13	109859478	109859547	0.171092554442567	1.14309409076807E-14
ENSG00000231863	RP3-428L16.1	chr6	161352105	161352241	0.174733060611435	1.14589159665806E-14
ENSG00000272010	CTD-3025N20.3	chr8	66472867	66472988	0.132693742782776	1.14910550981933E-14
ENSG00000223834	RP11-472N13.2	chr10	31892725	31892769	0.199220984086652	1.15311235295935E-14
ENSG00000263716	SLC25A51P2	chr18	7118069	7118240	0.245491683833151	1.17055570153199E-14
ENSG00000267433	CTD-2057D4.2	chr19	30364933	30364955	0.11600649493504	1.18774482924173E-14
ENSG00000163093	BBS5	chr2	170220351	170220413	0.14256534151588	1.21888993698414E-14
ENSG00000265874	MIR4489	chr11	65413910	65414579	0.200582847846118	1.24046019313719E-14
ENSG00000237750	AC007740.1	chr2	163695037	163695060	0.200710635971179	1.27679928716811E-14
ENSG00000176014	TUBB6	chr18	12307451	12307787	0.171569355885215	1.30734078141536E-14
ENSG00000261555	CTD-3229J4.1	chr16	17842074	17842095	0.151599011794522	1.31475721186264E-14
ENSG00000189409	MMP23B	chr1	1567245	1567290	0.204891846892206	1.3183711839101E-14
ENSG00000252109	snoZ178	chr17	50237833	50237870	0.175931238006226	1.32614892587314E-14
ENSG00000200496	U8	chr11	123172326	123172362	0.122098434454823	1.33502553583317E-14
ENSG00000164326	CARTPT	chr5	71014900	71015002	0.19112764831771	1.35749253661724E-14
ENSG00000171476	HOPX	chr4	57521297	57521348	0.166461209612019	1.36070684974373E-14
ENSG00000256484	RP13-507P19.1	chr12	131865300	131865364	0.134541652524527	1.36944934612285E-14
ENSG00000260179	RP5-902P8.12	chr1	1181763	1182452	0.140911245597063	1.39822969407727E-14
ENSG00000242407	CTD-2377D24.4	chr17	46810584	46810705	0.149410401154267	1.40519134836548E-14
ENSG00000160111	CPAMD8	chr19	17007076	17007156	0.241634266471249	1.43336856106622E-14
ENSG00000249430	CTD-2231H16.1	chr5	92008	92433	0.196218908335192	1.4333818204369E-14
ENSG00000234377	RNF219-AS1	chr13	78493786	78493823	0.212583862472176	1.47064440012439E-14
ENSG00000188848	BEND4	chr4	42154840	42154977	0.179260776447786	1.48987615422704E-14
ENSG00000222022	AC112721.1	chr2	238322314	238322334	0.178152276640066	1.50006201971748E-14
ENSG00000135116	HRK	chr12	117319392	117319599	0.113069557536803	1.51536905717922E-14
ENSG00000227339	THRAP3P1	chr3	31494151	31494205	0.210015135619045	1.51610639983575E-14
ENSG00000181201	HIST3H2BA	chr1	228652275	228652332	0.197557978965781	1.53336121120793E-14
ENSG00000212154	RNA5SP377	chr12	132145867	132145963	0.213373167391042	1.54023819852464E-14
ENSG00000257346	RP11-386G11.8	chr12	49483610	49484007	0.156369705523747	1.54231076748103E-14
ENSG00000244128	RP11-85M11.2	chr3	164915194	164915231	0.149957300918321	1.57387568294845E-14
ENSG00000200556	RNU6-103P	chr16	58534596	58534778	0.121987851986501	1.59046196102725E-14
ENSG00000250056	LINC01018	chr5	6582883	6582928	0.187068618631339	1.59574603747469E-14
ENSG00000124140	SLC12A5	chr20	44650362	44650518	0.277078465506048	1.5987914434165E-14
ENSG00000181408	UTS2R	chr17	80333474	80333583	0.167153877237846	1.6175254042201E-14
ENSG00000258882	CTD-2277K2.1	chr14	62278824	62278938	0.190775962080032	1.64594424950231E-14
ENSG00000213438	YBX2P1	chr10	125751205	125751609	0.250994460985712	1.67007766341234E-14
ENSG00000188338	SLC38A3	chr3	50242574	50243116	0.132804552265324	1.72600469027213E-14
ENSG00000227169	RP1-37J18.1	chr1	4577434	4577481	0.176042788255951	1.73606635772646E-14
ENSG00000144935	TRPC1	chr3	142443776	142444000	0.199001342302264	1.80189116009704E-14
ENSG00000199161	MIR126	chr9	139559905	139560119	0.113053722454723	1.81723157620328E-14
ENSG00000205002	AARD	chr8	117950401	117950412	0.22367022571196	1.81770108478548E-14
ENSG00000227509	EIF2B5-IT1	chr3	184231179	184231200	0.107202295963833	1.8291563912856E-14
ENSG00000181690	PLAG1	chr8	57070214	57070241	0.202646604330904	1.88769350199261E-14
ENSG00000131711	MAP1B	chr5	71402893	71403058	0.219608350435088	1.94189849168397E-14
ENSG00000145863	GABRA6	chr5	160975308	160975360	0.201647519802958	1.9505254500856E-14
ENSG00000152669	CCNO	chr5	54523872	54523900	0.10618754042024	1.96623110347654E-14

ENSG00000256717	AP000797.3	chr11	115530304	115530590	0.189137829858714	1.9734830732628E-14
ENSG00000170128	GPR25	chr1	200843068	200843282	0.197662613526902	2.0846394581339E-14
ENSG00000174672	BRSK2	chr11	1410081	1410405	0.117097230338008	2.11929800414199E-14
ENSG00000170175	CHRNA1	chr17	7350186	7350320	0.160951425678852	2.1480262928389E-14
ENSG00000245384	AC004053.1	chr4	105421825	105421847	0.203989637631325	2.1520871828837E-14
ENSG00000240265	RP11-62G11.1	chr3	69591012	69591140	0.135913217618154	2.16714143815293E-14
ENSG00000125869	LAMP5	chr20	9494961	9495010	0.184337124780696	2.21268039089233E-14
ENSG00000206384	COL6A6	chr3	130236520	130236534	0.190304467360808	2.26965666499251E-14
ENSG00000183148	ANKRD20A2	chr9	42367988	42368266	0.157225758969585	2.27638158628464E-14
ENSG00000268706	AC009802.1	chr18	61603552	61603679	0.128146348331816	2.3047306912246E-14
ENSG00000252720	RNU6-1258P	chr14	93897410	93897465	0.262511784233944	2.31926502841734E-14
ENSG00000163497	FEV	chr2	219846292	219846925	0.119748624509093	2.40347799573514E-14
ENSG00000265940	AC103974.1	chr11	18814565	18814602	0.217303067549368	2.43063072456462E-14
ENSG00000185559	DLK1	chr14	101192591	101193668	0.174094436851941	2.43199324027681E-14
ENSG00000225173	XXbac-BPG308K3.5	chr6	28793656	28793672	0.181024322311355	2.57910117358343E-14
ENSG00000252251	RNA5SP348	chr11	104035557	104035606	0.155965011006304	2.60633445154331E-14
ENSG00000183569	SERHL2	chr22	42949598	42949879	0.142171389225531	2.61328847475821E-14
ENSG00000265175	AC092685.1	chr7	64734244	64734265	0.179143834977476	2.62651653772942E-14
ENSG00000211764	TRBJ2-1	chr7	142491131	142491261	0.160402685728712	2.66429217785668E-14
ENSG00000243479	MNX1-AS1	chr7	156810485	156810523	0.146619225271617	2.7051636865573E-14
ENSG00000267778	AC004221.2	chr19	1234944	1235321	0.318510618953715	2.72772315243184E-14
ENSG00000229928	LINC00400	chr13	43702906	43703029	0.194762713929892	2.74412347814701E-14
ENSG00000221479	MIR1251	chr12	97857002	97857023	0.133182788502401	2.74883167972185E-14
ENSG00000241697	TMEFF1	chr9	103235181	103236357	0.119264330621237	2.87405680414176E-14
ENSG00000249167	CTB-118N6.2	chr5	115911471	115911600	0.129046264785561	3.03626545958804E-14
ENSG00000183644	C11orf88	chr11	111385338	111385711	0.199163145096032	3.04054945293807E-14
ENSG00000254558	RP11-81M19.3	chr11	89598477	89598739	0.227745506825335	3.06035764577194E-14
ENSG00000223944	RP5-1180C18.1	chr1	37720924	37720957	0.144339459376831	3.0923215049734E-14
ENSG00000260492	RP11-686F15.3	chr12	54144580	54144638	0.1613245094599	3.2426107165701E-14
ENSG00000270435	RP11-304C12.4	chr11	6302403	6302486	0.203428112151499	3.26493125372242E-14
ENSG00000267223	AC005597.1	chr19	30713773	30713850	0.199995340226453	3.30900992252457E-14
ENSG00000264483	MIR5008	chr1	228135970	228136262	0.114380675843065	3.3095554143417E-14
ENSG00000106536	POU6F2	chr7	39015855	39015928	0.230462604956275	3.3156089917954E-14
ENSG00000163888	CAMK2N2	chr3	183980563	183980630	0.146526875066579	3.43854828585441E-14
ENSG00000261452	RP11-509E16.1	chr2	25354943	25354986	0.164990138738064	3.45045838486384E-14
ENSG00000128573	FOXP2	chr7	113727615	113727794	0.172112825745586	3.63739709797088E-14
ENSG00000100156	SLC16A8	chr22	38476837	38477029	0.104948121126447	3.74706476312799E-14
ENSG00000122735	DNAI1	chr9	34457249	34457644	0.2226495160755	3.76480705201398E-14
ENSG00000205869	KRTAP5-1	chr11	1606401	1606467	0.235108793655936	3.81004937062788E-14
ENSG00000217083	RP1-245M18.2	chr6	24910634	24910750	0.144270606440906	3.96383329351355E-14
ENSG00000269391	RP11-194G10.3	chr3	16555313	16555412	0.224394316126193	3.99217057642308E-14
ENSG00000231666	RP11-404O13.1	chr1	158119501	158119568	0.181093964262698	4.01801793238673E-14
ENSG00000257582	RP11-129J12.2	chr10	101284597	101284626	0.218312749939248	4.07931340074991E-14
ENSG00000207317	Y_RNA	chr5	139422094	139422206	0.104283085874856	4.14004460452056E-14
ENSG00000240533	RN7SL69P	chr12	6165958	6166256	0.164513624171436	4.15229764076779E-14
ENSG00000270665	HNRNPA1P67	chr4	73435547	73435604	0.225012807605621	4.18203628307487E-14
ENSG00000184986	TMEM121	chr14	105996513	105996539	0.177256517567715	4.21096533524167E-14
ENSG00000230223	ATXN8OS	chr13	70681708	70681838	0.182524520400929	4.28579959570228E-14
ENSG00000019186	CYP24A1	chr20	52789954	52790141	0.159524724588561	4.36084404488052E-14
ENSG00000148826	NKX6-2	chr10	134598287	134598655	0.223462660105563	4.37969757629204E-14
ENSG00000198185	ZNF334	chr20	45142001	45142327	0.21067377983187	4.39525955987581E-14
ENSG00000229385	AC010975.1	chr2	79738619	79738652	0.17421487295681	4.40263042867012E-14
LRG_376	LRG_376	chr16	81813925	81813969	0.148959680085346	4.51042774039433E-14
ENSG00000072195	SPEG	chr2	220299493	220300189	0.203319469078557	4.67012091893369E-14
ENSG00000256258	RP11-495K9.9	chr12	132110253	132110335	0.192994826526642	4.73854933055866E-14
ENSG00000130427	EPO	chr7	100318080	100318261	0.234823204954958	4.76237973774912E-14
ENSG00000173137	ADCK5	chr8	145599177	145599295	0.256492872964388	4.81651700391658E-14
ENSG00000171714	ANO5	chr11	22214726	22214854	0.217264852985325	4.85244929267058E-14
ENSG00000101230	ISM1	chr20	13201551	13201848	0.103773339580038	4.90952675744196E-14
ENSG00000254383	RP11-465K16.1	chr8	40756230	40756234	0.138338514261912	4.93209770149572E-14
ENSG00000225670	CTA-134P22.2	chr1	159158439	159158497	0.266836083140945	4.94721312099155E-14
ENSG00000231585	AC034228.2	chr5	131347106	131347775	0.139122284620761	5.02806944520723E-14
ENSG00000273049	RP11-834C11.12	chr12	54379491	54379592	0.184935092843968	5.06851698215523E-14
ENSG00000118094	TREH	chr11	118530262	118530412	0.111021908491102	5.07715764685592E-14
ENSG00000183117	CSMD1	chr8	2960277	2960288	0.147863404482174	5.10663070622587E-14
ENSG00000240366	RPL36AP45	chr15	75471194	75471218	0.108003256247997	5.11642710332308E-14
ENSG00000222808	RNU4-47P	chr17	75160257	75160333	0.382133358318432	5.18499569748063E-14
ENSG00000236296	GUSBP5	chr4	144480542	144480946	0.136245623970341	5.28598796888132E-14
ENSG00000122707	RECK	chr9	36036451	36036514	0.139804317802914	5.35726980773556E-14

ENSG00000112695	COX7A2	chr6	75918081	75918129	0.103799575520391	5.3582810029153E-14
ENSG0000055118	KCNH2	chr7	150644459	150644473	0.213583115472122	5.40974022287758E-14
ENSG00000203867	RBM20	chr10	112403595	112404364	0.121237524103463	5.42527498495572E-14
LRG_382	LRG_382	chr10	112403595	112404364	0.121237524103463	5.42527498495572E-14
ENSG00000253471	RP11-175E9.1	chr8	23563690	23564717	0.200726469123719	5.42742997475722E-14
ENSG00000231290	APCDD1L-AS1	chr20	57090367	57090461	0.173626234375224	5.43229819800459E-14
ENSG00000125731	SH2D3A	chr19	6752577	6752723	0.26040674408531	5.46579263024552E-14
ENSG00000162374	ELAVL4	chr1	50513654	50513935	0.235084882296687	5.47665990588014E-14
ENSG00000119630	PGF	chr14	75418675	75418732	0.315180586176208	5.49399033686811E-14
ENSG00000239167	AC090841.1	chr3	10546913	10546946	0.173746911014531	5.49535705011621E-14
ENSG00000237856	AC062020.2	chr2	123419027	123419060	0.216957429849699	5.59267765706234E-14
ENSG00000214402	LCNL1	chr9	139880136	139880140	0.200419835823466	5.64688948765036E-14
ENSG00000135299	ANKRD6	chr6	90142752	90143081	0.228895582347497	5.80244144895454E-14
ENSG00000231437	RP11-88H9.2	chr1	112531704	112531749	0.133263977709268	5.82278232246542E-14
ENSG00000232866	AL513478.1	chr9	43134666	43134743	0.167164177043514	6.0268227366086E-14
ENSG00000224352	AC132479.4	chr2	131089907	131089996	0.136259333102201	6.11545727083576E-14
ENSG00000203772	SPRN	chr10	135236715	135237189	0.115673279579518	6.22421392071163E-14
ENSG00000184182	UBE2F	chr2	238865209	238865252	0.202416898597949	6.24690635452021E-14
ENSG00000173482	PTPRM	chr18	7566522	7567022	0.174827992746482	6.34141575127419E-14
ENSG00000206671	RNU6-471P	chr6	27561185	27561209	0.160193884078564	6.41082096687373E-14
ENSG00000134375	TIMM17A	chr1	201915950	201916020	0.123585414553729	6.58676963277723E-14
ENSG00000128731	HERC2	chr15	28353035	28353095	0.189498245696168	6.78175698778286E-14
ENSG00000011028	MRC2	chr17	60704559	60704772	0.115821964666803	6.82875107573948E-14
ENSG00000079215	SLC1A3	chr5	36606747	36606756	0.107587572959489	6.97850753462395E-14
ENSG00000267760	CTC-565M22.1	chr19	31210518	31210698	0.141768759727251	7.00761855437554E-14
ENSG00000263569	RN7SL212P	chr7	75911976	75912490	0.125548678256742	7.14158507735678E-14
ENSG00000119946	CNNM1	chr10	101088917	101088944	0.238627380885958	7.19468264387258E-14
ENSG00000206806	Y_RNA	chr11	40315285	40315434	0.224843855714501	7.22800174893864E-14
ENSG00000219738	XXbac-BPG34I8.3	chr6	27526279	27526313	0.228125041271784	7.35755305893746E-14
ENSG00000226440	RP11-506B6.6	chr6	112575160	112575326	0.153334737567864	7.37563291625013E-14
ENSG00000261047	AC137527.2	chr16	51279056	51279068	0.203257795958716	7.4053514978258E-14
ENSG00000259430	RP11-168G16.2	chr15	100913446	100913639	0.271523847952361	7.41483062732733E-14
ENSG00000128609	NDUFA5	chr7	123173130	123173230	0.23031807791853	7.454442444987104E-14
ENSG00000270935	XXbac-BPG34I8.3	chr6	27235815	27235922	0.208211837902276	7.505267967306E-14
ENSG00000271788	CTD-2201E18.5	chr5	42995587	42995637	0.192356562392747	7.50822473385701E-14
ENSG00000225163	LINC00618	chr14	97446004	97446014	0.19870194284395	7.71364353138959E-14
ENSG00000158955	WNT9B	chr17	44918913	44918945	0.188340927157739	7.86635707387377E-14
ENSG00000206120	EGFEM1P	chr3	167967247	167967842	0.131951185979186	8.10435036952598E-14
ENSG00000182636	NDN	chr15	23932370	23932626	0.18283907883193	8.17283447051194E-14
ENSG00000183770	FOXL2	chr3	138663219	138663262	0.130010527559569	8.34802065413311E-14
ENSG00000269855	ACO12313.1	chr19	58908311	58908450	0.242939251060186	8.38238081554057E-14
ENSG00000162373	BEND5	chr1	49242239	49242610	0.142656468651075	8.59298030718688E-14
ENSG00000199347	RNU5E-1	chr1	11959060	11959173	0.191373009485611	8.68809360118098E-14
ENSG00000118432	CNR1	chr6	88875749	88876099	0.101124202633951	8.71000093632301E-14
ENSG00000238662	snoU13	chr2	167233053	167233070	0.101141818447662	8.91033773181501E-14
ENSG00000155016	CYP2U1	chr4	108853442	108853534	0.108218005088189	9.08529136458352E-14
ENSG00000172817	CYP7B1	chr8	65500070	65500164	0.139264345284066	9.1902855375532E-14
ENSG00000169618	PROKR1	chr2	68870382	68871054	0.146932689274549	9.20268859564477E-14
ENSG00000169340	PDILT	chr16	20361014	20361044	0.250425198746932	9.58552598503596E-14
ENSG00000238496	snoU13	chr8	9791385	9791641	0.168576539477464	9.58874154823961E-14
ENSG00000221191	AL662890.1	chr6	28743581	28743844	0.162703361029444	9.63308224141662E-14
ENSG00000266460	RP11-173L6.1	chr18	73627887	73627960	0.190022292821041	9.65711670045755E-14
ENSG00000182247	UBE2E2	chr3	23244248	23244248	0.144433155729929	9.68905748404691E-14
ENSG00000246022	ALDH1L1-AS2	chr3	125932330	125932534	0.100612212163819	9.81071823621692E-14
ENSG00000196711	FAM150A	chr8	53477545	53478722	0.206230186430255	9.98468257456804E-14
ENSG00000258395	RP11-65112.1	chr2	114048845	114049073	0.252289428043148	1.00115910296551E-13
ENSG00000258987	RP11-131H24.4	chr14	94405342	94406219	0.187281302891393	1.00788321251755E-13
ENSG00000224043	CCNT2-AS1	chr2	135477116	135477135	0.235610508721552	1.02709458306014E-13
ENSG00000157927	RADIL	chr7	4843437	4843457	0.141651073834569	1.0527903998938E-13
ENSG00000267577	CTD-2587H24.5	chr19	55673426	55673655	0.234115454398313	1.09126072988493E-13
ENSG00000186907	RTN4RL2	chr11	57232314	57232407	0.194837224041962	1.10893449733189E-13
ENSG00000198003	CCDC151	chr19	11531279	11531313	0.15016054588242	1.11613281595401E-13
ENSG00000199241	Y_RNA	chr1	240855271	240855308	0.175167859735238	1.13648191955398E-13
ENSG00000130643	CALY	chr10	135138986	135139187	0.200471226279882	1.17003781942238E-13
ENSG00000249497	RP11-1079K10.5	chr17	47547353	47547513	0.199009695924063	1.21572981001275E-13
ENSG00000267981	AP003041.2	chr11	129936140	129936145	0.30449136562046	1.22118617763167E-13
ENSG00000185551	NR2F2	chr15	96866092	96866202	0.187867649991569	1.30651322922963E-13
ENSG00000125861	GFRA4	chr20	3641299	3641919	0.192243975862544	1.31935703841277E-13
ENSG00000223626	LINC01044	chr13	112985554	112985732	0.237751090645267	1.32277204887688E-13

ENSG00000107290	SETX	chr9	135116217	135116500	0.139246589148619	1.3245547723272E-13
ENSG00000215475	SIAH3	chr13	46425856	46425904	0.182424556380039	1.32542685314007E-13
ENSG00000252838	RN7SKP23	chr16	23420646	23420666	0.244690972915118	1.34203305211633E-13
ENSG00000248854	HNRNPH1P3	chr5	55117930	55117952	0.199291604489482	1.35130988251757E-13
ENSG00000262209	PCDHGB3	chr5	140749735	140749783	0.196812491789726	1.38263419852228E-13
ENSG00000105705	SUGP1	chr19	19383791	19384171	0.118967444183038	1.42273664860952E-13
ENSG00000006611	USH1C	chr11	17498708	17498819	0.131531847135036	1.43749077305319E-13
ENSG00000182732	RGS6	chr14	72398665	72399591	0.184636994653112	1.45347440011331E-13
ENSG00000101276	SLC52A3	chr20	708903	709289	0.145004258788832	1.45940150373163E-13
ENSG00000186297	GABRA5	chr15	27111435	27111478	0.211043924564822	1.52099061763807E-13
ENSG00000180543	TSPYL5	chr8	98289605	98290403	0.206560807121978	1.53119436769588E-13
ENSG00000107807	TLX1	chr10	102890957	102891088	0.192477427731876	1.55232205049204E-13
ENSG00000113083	LOX	chr5	121414015	121414076	0.1075517309561	1.5578560291205E-13
ENSG00000272282	RP11-222K16.2	chr3	27754351	27754486	0.133783188315525	1.57501470055455E-13
ENSG00000143669	LYST	chr1	235814456	235814479	0.214467074365904	1.59214219272203E-13
ENSG00000132840	BHMT2	chr5	78365310	78365739	0.201679082668793	1.59374386980715E-13
ENSG00000265533	RP11-638L3.1	chr18	65183479	65184001	0.191594593582914	1.61141452574632E-13
ENSG00000146674	IGFBP3	chr7	45961524	45961569	0.203249144523993	1.70262609611409E-13
ENSG00000204791	CTD-3065J16.6	chr8	145103393	145104120	0.102151962032567	1.70685452845578E-13
ENSG00000200303	RNU6-940P	chr12	49366489	49366524	0.117355667053776	1.74681570470794E-13
ENSG00000166949	SMAD3	chr15	67325997	67326290	0.131684708718919	1.75124186516421E-13
ENSG00000234437	RP1-206D15.3	chr1	169396845	169396868	0.211072543026502	1.81172445677735E-13
ENSG00000185274	WBSCR17	chr7	70597148	70597458	0.261624369473459	1.90323173980216E-13
ENSG00000134259	NGF	chr1	115880604	115880873	0.209372549745851	1.90932949325908E-13
ENSG00000267046	RP11-1094M14.9	chr17	33817082	33817212	0.244719078007075	1.91332687431268E-13
ENSG00000142156	COL6A1	chr21	47392781	47392957	0.13061626881484	1.92267706356317E-13
ENSG00000252169	RNA5SP200	chr5	172711131	172711167	0.164582688792278	1.94419096288543E-13
ENSG00000250092	RP11-556G22.3	chr4	21546545	21546565	0.282132251891571	1.96521326771035E-13
ENSG00000266392	MIR4740	chr17	79374309	79374559	0.108166869407026	2.00533548261089E-13
ENSG00000252757	RN7SKP96	chr4	87280816	87280831	0.145625431735616	2.02214095917066E-13
ENSG00000235532	LINC00402	chr13	74707124	74707192	0.134540947210234	2.0400253300277E-13
ENSG00000137478	FCHSD2	chr11	72554159	72554311	0.239831683606517	2.04027033352766E-13
ENSG00000249368	RP11-782K4.1	chr8	15095264	15095284	0.253768242474492	2.04237450478486E-13
ENSG00000118526	TCF21	chr6	134210253	134210279	0.178857809057833	2.04546467886014E-13
ENSG00000253379	RP11-1102P16.1	chr8	72274546	72274613	0.126690016171828	2.11741411451669E-13
ENSG00000261037	CTC-471C19.1	chr5	5887506	5887527	0.124236361420524	2.12000203103985E-13
ENSG00000236665	AC114808.2	chr2	1229223	1229246	0.121554738821098	2.14162147760528E-13
ENSG00000148288	GBGT1	chr9	136039353	136039559	0.15674050742514	2.20381401517557E-13
ENSG00000162490	DRAXIN	chr1	11751994	11752231	0.1148155017428	2.21686215402493E-13
ENSG00000136352	NKX2-1	chr14	36985708	36985711	0.175641411007137	2.27853362103304E-13
ENSG00000258741	RP11-386M24.4	chr15	93257525	93257662	0.119588163273426	2.28972337736336E-13
ENSG00000141052	MYOCD	chr17	12569204	12569334	0.131759996600845	2.29075508498005E-13
ENSG00000212176	RNA5SP207	chr6	41207284	41207334	0.224268387635	2.30013026437905E-13
ENSG00000214077	GNAQP1	chr2	132182304	132182417	0.213222200113005	2.30867695880357E-13
ENSG00000180447	GAS1	chr9	89518511	89518557	0.134945144971946	2.31568009933359E-13
ENSG00000249816	LINC00964	chr8	125861023	125861083	0.23479417122373	2.33594609455654E-13
ENSG00000252138	SNORA40	chr16	7855274	7855276	0.130616726636872	2.34713930226444E-13
ENSG00000260588	RP11-930P14.2	chr8	41686200	41686706	0.111615986941696	2.42418317330933E-13
ENSG00000180376	CCDC66	chr3	56502501	56502814	0.168770865608234	2.48718184358772E-13
ENSG00000250644	RP11-295K3.1	chr11	1769010	1769320	0.214859012174037	2.5096259949624E-13
ENSG00000178752	FAM132B	chr2	239072149	239073038	0.143637186116762	2.51590032743793E-13
ENSG00000115596	WNT6	chr2	219724928	219724996	0.173702244724729	2.5372146534814E-13
ENSG00000253809	RP1-149L1.1	chr6	70992050	70992073	0.20101977440381	2.55814746717648E-13
ENSG00000104321	TRPA1	chr8	72987438	72988012	0.169672699209177	2.58283215251374E-13
ENSG00000243831	RP1-81D8.4	chr6	161100068	161100116	0.226241722565703	2.62608053979938E-13
ENSG00000183765	CHEK2	chr22	29075422	29076237	0.144828510922591	2.64986535657968E-13
ENSG00000223291	AL354680.1	chr6	12750436	12750489	0.210409452167753	2.65679767725251E-13
ENSG00000153347	FAM81B	chr5	94620959	94621115	0.145563990436877	2.73595311312088E-13
ENSG00000244586	WNT5A-AS1	chr3	55522157	55522341	0.137503278289664	2.74612212007153E-13
ENSG00000257704	PRR24	chr19	47778505	47778767	0.167919906357623	2.93434154191116E-13
ENSG00000240774	RP11-359H3.4	chr3	120169416	120169883	0.150809413616874	2.93712753133647E-13
ENSG00000250155	CTD-2353F22.1	chr5	36690228	36690371	0.214119659360004	2.97223274856539E-13
ENSG00000266079	SNORA59B	chr17	19438295	19438336	0.170499330859542	3.05126191374395E-13
ENSG00000135902	CHRND	chr2	233389131	233389160	0.127139683626366	3.08444093940501E-13
ENSG00000140451	PIF1	chr15	65116014	65116557	0.172763789146002	3.09563548297276E-13
ENSG00000158887	MPZ	chr1	161275620	161275682	0.144040761044527	3.11125415420254E-13
LRG_256	LRG_256	chr1	161275620	161275682	0.144040761044527	3.11125415420254E-13
ENSG00000140932	CMTM2	chr16	66613033	66613407	0.193822601164459	3.13258833351243E-13
ENSG00000206895	Y_RNA	chr7	4843999	4844038	0.13954654711156	3.18582616724037E-13

ENSG00000263098	RP11-567O16.1	chr17	80757598	80757675	0.290621224729455	3.20345572728962E-13
ENSG00000006377	DLX6	chr7	96634868	96634903	0.242277790958907	3.22902868765495E-13
ENSG00000207695	MIR184	chr15	79502227	79502278	0.159333392151359	3.27474106427606E-13
ENSG00000124831	LRRFIP1	chr2	238535866	238536839	0.215206247740984	3.27595657571749E-13
ENSG00000136732	GYPC	chr2	127413677	127414170	0.211815498116445	3.28425619276008E-13
ENSG00000265977	AL450307.2	chr10	133484590	133484610	0.248995910272596	3.28466934280775E-13
ENSG00000174059	CD34	chr1	208084640	208084669	0.204963270860346	3.3010821630866E-13
LRG_388	LRG_388	chr15	35087835	35087885	0.154854038794599	3.33655472686283E-13
ENSG00000117139	KDM5B	chr1	202679366	202679762	0.180579595010018	3.36256278197304E-13
ENSG00000268573	RP11-158H5.7	chr18	32848001	32848129	0.233981979715084	3.36445694830171E-13
ENSG00000175658	DRD5P2	chr1	148902608	148902716	0.117920957635009	3.39113099469133E-13
ENSG00000200703	RNU6-873P	chr3	87841864	87842047	0.251271187449513	3.39947283475652E-13
ENSG00000056558	TRAF1	chr9	123656751	123657246	0.252382616155463	3.40050500912476E-13
ENSG00000169302	STK32A	chr5	146614253	146614539	0.199446631575722	3.47831224513957E-13
ENSG00000258952	RP11-1042B17.5	chr14	61108130	61108176	0.204714465963535	3.50166316259757E-13
ENSG00000268182	SMIM17	chr19	57149560	57149605	0.187442274277989	3.52084253178613E-13
ENSG00000260500	CTD-3193O13.1	chr19	7983606	7983627	0.22096692821012	3.70718833142808E-13
ENSG00000267909	CCDC177	chr14	70038211	70038925	0.158641852540438	3.73579606278166E-13
ENSG00000223586	RP4-662A9.2	chr6	134175291	134175363	0.186192792265782	3.73828222734678E-13
ENSG00000217289	AC018865.5	chr2	130750344	130750442	0.248912490682221	3.77868160115561E-13
ENSG00000221225	AL138837.1	chr1	33895464	33895514	0.125958168327096	3.79084791090975E-13
ENSG00000124557	BTN1A1	chr6	26501728	26502095	0.160527239007179	3.83032344520504E-13
ENSG00000165630	PRPF18	chr10	13629869	13629909	0.10128997533599	3.85067431385012E-13
ENSG00000261534	RP11-244O19.1	chr9	124578146	124578341	0.146077646248983	3.89880383469834E-13
ENSG00000100324	TAB1	chr22	39784796	39784982	0.266015516243524	3.91953865070875E-13
ENSG00000256714	RP11-73M14.1	chr12	22488318	22488369	0.103131208852906	3.9392472751922E-13
ENSG00000162456	KNCN	chr1	47010105	47010131	0.19121050058242	3.98553148342022E-13
ENSG00000166033	HTRA1	chr10	124220359	124220439	0.11560121863388	3.99413109879E-13
ENSG00000242265	PEG10	chr7	94285608	94285630	0.113277153366016	4.07640801510278E-13
ENSG00000135298	BAI3	chr6	69344939	69345309	0.125637139109502	4.09634276028796E-13
ENSG00000260211	RP13-395E19.2	chr15	32607800	32607932	0.197557597070808	4.10375141501326E-13
ENSG00000206527	PTPLB	chr3	123168220	123168584	0.133766385152949	4.10473059291176E-13
ENSG00000258670	RP11-1042B17.3	chr14	60981499	60982692	0.176088243605883	4.16129485711745E-13
ENSG00000259888	CTD-2540M10.1	chr16	24621838	24621979	0.205123537988069	4.23409082852348E-13
ENSG00000100299	ARSA	chr22	51063647	51063680	0.194948188947317	4.24051032903548E-13
ENSG00000264538	SUZ12P	chr17	29033015	29033325	0.152742185819793	4.36842380906612E-13
ENSG00000267799	CTC-478M6.1	chr19	29284318	29284701	0.235353912360146	4.38355492991282E-13
ENSG00000201026	Y_RNA	chr5	2224982	2225011	0.111329462173369	4.40593308950336E-13
ENSG00000095203	EPB41L4B	chr9	111930197	111930222	0.152962414493938	4.45199953507818E-13
ENSG00000266933	AC005775.2	chr19	496159	496248	0.162315830825932	4.48457023329216E-13
ENSG00000211508	AL359538.1	chr13	25201420	25201543	0.223967517706216	4.48571017604855E-13
ENSG00000179299	NSUN7	chr4	40664305	40664313	0.180781765341781	4.48690159884792E-13
ENSG00000122584	NXPH1	chr7	8473578	8473783	0.202604222318483	4.53473448339313E-13
ENSG00000212297	RNU6-821P	chr3	197808338	197808502	0.107621386404527	4.55011803591955E-13
ENSG00000240760	RPL31P56	chr16	55404824	55405032	0.186323832297224	4.5539305176017E-13
ENSG00000215045	GRID2IP	chr7	6576025	6576319	0.194838120794634	4.60347693035164E-13
ENSG00000268119	CTD-2561J22.5	chr19	21646470	21646525	0.243280628506965	4.64021448935408E-13
ENSG00000183250	C21orf67	chr21	46352475	46352910	0.140297353480126	4.64243476173245E-13
ENSG00000207869	MIR498	chr19	54177107	54177144	0.163655580366486	4.66146532535384E-13
ENSG00000268925	AL161645.2	chr10	135342485	135342540	0.275619844647733	4.66306392283012E-13
ENSG00000245468	RP11-367J11.3	chr4	7104248	7104296	0.142375554937589	4.77216495116589E-13
ENSG00000259869	AL022344.7	chr10	43249176	43249311	0.108277728858715	4.78853423265063E-13
ENSG00000211978	IGHV5-78	chr14	107259880	107259926	0.18266745951885	4.85004039731379E-13
ENSG00000105650	PDE4C	chr19	18336352	18336407	0.140001314230314	5.00955209362897E-13
ENSG00000123243	ITIH5	chr10	7603859	7603876	0.172689616777087	5.06981841410238E-13
ENSG00000151615	POU4F2	chr4	147559956	147560584	0.221070826605447	5.10262910595506E-13
ENSG00000264323	AC093887.1	chr4	147559956	147560584	0.221070826605447	5.10262910595506E-13
ENSG00000225953	SATB2-AS1	chr2	200336105	200336143	0.101893643704455	5.1282290309681E-13
ENSG00000080166	DCT	chr13	95086222	95086233	0.269830414620823	5.16517551765514E-13
ENSG00000233871	DLG5-AS1	chr10	79687257	79687289	0.111244937759333	5.17607316003208E-13
ENSG00000007237	GAS7	chr17	9862893	9862905	0.11923383556448	5.23562867321334E-13
ENSG00000222427	RNA5SP338	chr11	22688715	22688748	0.171887842442301	5.32351491172514E-13
ENSG00000068878	PSME4	chr2	54087469	54087489	0.265146118534544	5.39897904832508E-13
ENSG00000135643	KCNMB4	chr12	70760820	70760972	0.108218992954814	5.4213298045555E-13
ENSG00000253405	EVX1-AS	chr7	27281546	27281581	0.156639637095792	5.466784246346E-13
ENSG00000257198	FAM205B	chr9	34809864	34810275	0.180572327051028	5.48942397391223E-13
ENSG00000188133	TMEM215	chr9	32782713	32783463	0.210363706254214	5.55267158301786E-13
ENSG00000185818	NAT8L	chr4	2060023	2060048	0.203311397410138	5.55561889930296E-13
ENSG00000205710	C17orf107	chr17	4802717	4802864	0.141991768878951	5.68676356642949E-13

ENSG00000240204	SMKR1	chr7	129143372	129143414	0.135095534560068	5.6890835871991E-13
ENSG00000207805	MIR483	chr11	2156193	2156197	0.121160995828325	5.71148933254852E-13
ENSG00000254039	RP11-304F15.6	chr17	47987958	47988098	0.166110527078416	5.74182904063435E-13
ENSG00000174197	MGA	chr15	41913334	41913504	0.143306526771445	5.81308768827137E-13
ENSG00000248419	RP11-136I13.2	chr4	10463874	10463951	0.142832867999891	5.85447133337384E-13
ENSG00000250915	RP11-1338A24.1	chr4	8690516	8690555	0.194731997758035	5.90098790835105E-13
ENSG00000029534	ANK1	chr8	41510959	41511357	0.126147400651373	5.92387102748122E-13
ENSG00000224342	AC007879.1	chr2	208031600	208031849	0.170991355497534	5.93034863880838E-13
ENSG00000124212	PTGIS	chr20	48099140	48099395	0.195809145931543	5.94442935193656E-13
ENSG00000168917	SLC35G2	chr3	136537560	136537592	0.18920209746308	6.03205811549201E-13
ENSG00000175455	CCDC14	chr3	123603384	123603539	0.182185340179179	6.06941752970883E-13
ENSG00000244300	RP11-475N22.4	chr3	128209099	128209165	0.11253171161179	6.12939243999223E-13
ENSG00000238909	AC068643.1	chr12	103695862	103695883	0.19991061640879	6.20062977079152E-13
ENSG00000171649	ZIK1	chr19	58094983	58095150	0.209493647554386	6.34959247579219E-13
ENSG00000132622	HSPA12B	chr20	3713121	3713514	0.227779744811227	6.37127531180519E-13
ENSG00000237424	FOXO2-AS1	chr1	47899561	47899598	0.270972482538303	6.59333392440283E-13
ENSG00000253350	RP11-127H5.1	chr8	105599835	105599857	0.15533071556778	6.77187264962132E-13
ENSG00000265265	RP11-822E23.7	chr17	21415618	21415649	0.106081513782486	6.9555920720627E-13
ENSG00000269516	CYP4F23P	chr19	15662126	15662322	0.159691786047737	7.09527135197671E-13
ENSG00000023902	PLEKHO1	chr1	150123137	150123167	0.124358979519004	7.24233563467552E-13
ENSG00000229950	TFAP2A-AS1	chr6	10416369	10416400	0.158382488659651	7.37746762296386E-13
ENSG00000173391	OLR1	chr12	10306588	10306622	0.134562681137147	7.44768507272898E-13
ENSG00000160883	HK3	chr5	176294051	176294077	0.220994458914156	7.59524276691529E-13
ENSG00000206177	HBM	chr16	204326	204859	0.19343277457595	7.63091306779107E-13
ENSG00000092758	COL9A3	chr20	61447686	61447729	0.117021786176037	7.68180857039361E-13
ENSG00000203335	AC006019.3	chr7	153750493	153750536	0.21224788143552	7.83000909412032E-13
ENSG00000205363	C15orf59	chr15	74044702	74045225	0.183909771782329	7.86361797499629E-13
ENSG00000105640	RPL18A	chr19	17958696	17958825	0.157292264915325	7.89164670009323E-13
ENSG00000122180	MYOG	chr1	203045340	203045389	0.17067478742785	8.13858560111503E-13
ENSG00000197561	ELANE	chr19	847877	848001	0.166817441494147	8.42430582827133E-13
ENSG00000204366	ZBTB12	chr6	31868965	31869043	0.184486039489912	8.46239378440975E-13
ENSG00000143469	SYT14	chr1	210111162	210112037	0.246024221769554	8.50890770435451E-13
ENSG00000174891	RSRC1	chr3	157823392	157823742	0.11629192711451	8.68632427007775E-13
ENSG00000007264	MATK	chr19	3777963	3778031	0.135810429517565	8.90088637634813E-13
ENSG00000259110	RP11-359N5.1	chr14	97684243	97684301	0.154251683164485	9.14962474899476E-13
ENSG00000256951	AC055876.1	chr15	29033879	29034189	0.238921552629958	9.57511621185736E-13
ENSG00000227825	SLC9A7P1	chr12	98850722	98850996	0.108959457950453	9.66511021070326E-13
ENSG00000169758	C15orf27	chr15	76351699	76352532	0.103112482780142	9.71089469964605E-13
ENSG00000273238	RP11-1263C18.1	chr4	568267	568329	0.179704795373679	9.71836888548553E-13
ENSG00000270090	RP11-529E10.7	chr4	3534849	3534893	0.107415359733845	9.91990303136432E-13
ENSG00000187942	LDLRAD2	chr1	22140797	22141310	0.209627454414188	9.94339767624656E-13
ENSG00000271696	RP11-548K12.13	chr7	57927783	57927973	0.327255867507635	9.97928354297427E-13
ENSG00000203685	C1orf95	chr1	226737224	226737411	0.102356736904521	1.02930103638692E-12
ENSG00000270281	CTC-523E23.10	chr19	35263448	35263485	0.114933654635794	1.04286228692753E-12
ENSG00000273172	AC108004.2	chr17	31825	31851	0.139181162611287	1.04373945536254E-12
ENSG00000265122	AC010247.1	chr19	42680531	42680570	0.108304900499016	1.07282772069172E-12
ENSG00000011590	ZBTB32	chr19	36195268	36195455	0.181638468446536	1.07700581076527E-12
ENSG00000175414	ARL10	chr5	175792480	175793191	0.160425065800907	1.09089042397176E-12
ENSG00000172426	RSPH9	chr6	43612715	43612844	0.222929040595861	1.10552501763626E-12
ENSG00000105605	CACNG7	chr19	54412885	54413009	0.295525790530841	1.11134513715849E-12
ENSG00000256152	RP11-463O12.3	chr12	123352734	123352836	0.218480127313132	1.11345344935964E-12
ENSG00000216131	AC025284.1	chr16	77469777	77469816	0.155245723814322	1.13601465576359E-12
ENSG00000226757	AC079341.1	chr4	122685757	122685770	0.211210874050366	1.14179057821516E-12
ENSG00000237357	RP11-475I24.3	chr9	44420059	44420179	0.208314860857346	1.15299546280198E-12
ENSG00000105122	RASAL3	chr19	15563895	15564217	0.25905893387833	1.15863019018739E-12
ENSG00000233991	AC116050.1	chr2	91777482	91777829	0.204963934601967	1.18428607172719E-12
ENSG00000203797	DDO	chr6	110679783	110679832	0.20135217581587	1.19886709967301E-12
ENSG00000249966	CTD-2194D22.1	chr5	1851479	1851555	0.159361026960959	1.26786839419862E-12
ENSG00000171817	ZNF540	chr19	38042138	38042392	0.19962254213318	1.28883205970118E-12
ENSG00000073670	ADAM11	chr17	42836016	42836089	0.173447043853802	1.30785480204729E-12
ENSG00000189316	RP11-797H7.5	chr7	64349042	64349143	0.168549381293262	1.34830313609564E-12
ENSG00000069696	DRD4	chr11	636436	637885	0.179378515544781	1.36548826339686E-12
ENSG00000272239	CTB-108O6.2	chr5	146832172	146832354	0.204121129970666	1.36762709511165E-12
ENSG00000223502	RP11-96B5.3	chr10	52833542	52833590	0.240223464278823	1.38349674403003E-12
ENSG00000037280	FLT4	chr5	180045795	180046052	0.279836061296422	1.38390161236058E-12
ENSG00000260102	LINC01070	chr13	112858714	112858891	0.119388078594248	1.39896266973012E-12
ENSG00000128268	MGAT3	chr22	39852731	39853034	0.191163874465445	1.41336607852992E-12
ENSG00000103310	ZP2	chr16	21214608	21214624	0.228416429188131	1.44840891018928E-12
ENSG00000241527	CA15P1	chr22	19017715	19017888	0.209573781509975	1.4515746271451E-12

ENSG00000164484	TMEM200A	chr6	130686491	130686855	0.140273814512483	1.45684992251733E-12
ENSG00000270581	RP11-811P12.3	chr13	103054838	103054860	0.155735131739772	1.45994925079973E-12
ENSG00000188536	HBA2	chr16	223515	223575	0.223472453477435	1.46050027730984E-12
ENSG00000067057	PFKP	chr10	3108445	3108466	0.163856570525233	1.48454638234889E-12
ENSG00000108771	DXH58	chr17	40224484	40224798	0.120103984908843	1.52365900093791E-12
ENSG00000107872	FBXL15	chr10	104178766	104178938	0.127350386140959	1.52418383395415E-12
ENSG00000105642	KCNN1	chr19	18062935	18063236	0.150204438893078	1.5410348807312E-12
ENSG00000254006	RP11-1D12.2	chr8	65712404	65712412	0.16655861285707	1.54172227688498E-12
ENSG00000229273	RP11-104G3.2	chr9	41936424	41936529	0.101275395345348	1.55303030991651E-12
ENSG00000264241	AL138721.1	chr6	35109042	35109298	0.169771586771172	1.62313414990919E-12
ENSG00000249743	RP11-60A8.1	chr5	72526173	72526496	0.183612828731172	1.64421052667293E-12
ENSG00000037965	HOXC8	chr12	54402796	54402904	0.123084075197335	1.65839509704573E-12
ENSG00000136274	NACAD	chr7	45128418	45128681	0.163771043194842	1.66217539124563E-12
ENSG00000198711	SSBP3-AS1	chr1	54723129	54723177	0.141018595283173	1.76859267839611E-12
ENSG00000263212	LA16c-306E5.3	chr16	3515857	3515895	0.18494999630109	1.77517247490529E-12
ENSG00000267221	CTD-2132N18.2	chr17	40192405	40192443	0.171056256322299	1.81235208987277E-12
ENSG00000169851	PCDH7	chr4	30721951	30722477	0.122499461530795	1.81704881056243E-12
ENSG00000004468	CD38	chr4	15779999	15780086	0.154072134092469	1.81764154227662E-12
ENSG00000251772	AL117380.2	chr20	55588935	55588949	0.18933614216027	1.83347801436528E-12
ENSG00000008130	NADK	chr1	1689553	1689569	0.18646005285769	1.85544182633673E-12
ENSG00000237457	RP11-547I7.2	chr1	190447723	190447756	0.206740350678677	1.86253915772338E-12
ENSG00000252359	SNORD112	chr1	165086757	165086924	0.165533071165839	1.88472182820325E-12
ENSG00000226856	AC093901.1	chr2	118981108	118981150	0.208714261319515	1.88492471615852E-12
ENSG00000182674	KCNB2	chr8	73448876	73449724	0.147163796335396	1.89847699630129E-12
ENSG00000271857	RP1-244F24.1	chr6	45387854	45387950	0.103712501330693	1.90353739775173E-12
ENSG00000229544	NKX1-2	chr10	126135662	126135711	0.203161006282424	1.9136506342675E-12
ENSG00000268240	RP11-678G14.4	chr19	21769749	21769778	0.242764132467282	1.91554708343766E-12
ENSG00000198039	ZNF273	chr7	64337892	64338141	0.199652613382551	1.92922003494063E-12
ENSG00000110696	C11orf58	chr11	16635600	16635674	0.100063136117246	1.94933470488841E-12
ENSG00000166126	AMN	chr14	103389740	103389957	0.106645299101957	1.97963817697583E-12
ENSG00000168490	PHYHIP	chr8	22089501	22089704	0.201556292406853	1.98954646179726E-12
ENSG00000204991	SPIRE2	chr16	89888752	89888876	0.206114789917868	2.01250231952109E-12
ENSG00000258572	RP11-1070N10.3	chr14	95956451	95956455	0.124295798878268	2.04341975935097E-12
ENSG00000070476	ZXDC	chr3	126135283	126135367	0.191081935995209	2.04439500003223E-12
ENSG00000213366	GSTM2	chr1	110210582	110210635	0.255998394913366	2.06478029984056E-12
ENSG00000221398	SNORA11	chr21	35831723	35832028	0.219042642104767	2.12499088511488E-12
ENSG00000159450	TCHH	chr1	152085133	152085202	0.128484338092561	2.17206611156144E-12
ENSG00000252051	RN7SKP276	chr1	229543700	229543758	0.164749749552862	2.1850055865224E-12
ENSG00000232057	AC093390.1	chr2	1858474	1858553	0.13492405335532	2.19405507322899E-12
ENSG00000202067	Y_RNA	chr12	57619202	57619388	0.107836299504455	2.19888902484394E-12
ENSG00000179111	HES7	chr17	8027369	8027536	0.108677095084978	2.26464330104248E-12
ENSG00000177943	MAMDC4	chr9	139745116	139745227	0.141204162407619	2.2765769203288E-12
ENSG00000184709	LRRC26	chr9	140051068	140051729	0.112899511937596	2.3390867731265E-12
ENSG00000172794	RAB37	chr17	72667205	72667394	0.143049378387697	2.38459854594484E-12
ENSG00000261584	RP11-457M11.5	chr6	26689851	26689878	0.136074449752429	2.4021131593414E-12
ENSG00000269908	RP11-1406H17.1	chr4	6224602	6224647	0.164941246483014	2.45683450994889E-12
ENSG00000204278	TMEM235	chr17	76227298	76227348	0.13348737972996	2.47735460840324E-12
ENSG00000229315	MCHR2-AS1	chr6	100441823	100441952	0.208865013180651	2.47762598130568E-12
ENSG00000185585	OLFML2A	chr9	127540214	127540255	0.136698729596052	2.47765292918518E-12
ENSG00000165757	KIAA1462	chr10	30347600	30347670	0.186430302041727	2.48890303785705E-12
ENSG00000008438	PGLYRP1	chr19	46526290	46526367	0.139667444083465	2.50619252681282E-12
ENSG00000076356	PLXNA2	chr1	2081233009	208133116	0.161745123336168	2.5720359077863E-12
ENSG00000214548	MEG3	chr14	101244677	101244723	0.108676728218811	2.57581540605216E-12
ENSG00000204640	NMS	chr2	101087535	101087596	0.229820668240891	2.5825142878515E-12
ENSG00000224174	RP4-798A10.4	chr1	16847080	16847142	0.19231383969127	2.63991824743117E-12
ENSG00000236842	RP11-399K21.10	chr10	77191062	77191145	0.158198125737882	2.65242027042525E-12
ENSG00000160410	SHKBP1	chr19	41074306	41074355	0.228399076534514	2.67897047621823E-12
ENSG00000146926	ASB10	chr7	150864208	150865093	0.152171134381809	2.68897367063907E-12
ENSG00000236772	RP5-1184F4.5	chr20	31068395	31068440	0.190788902734866	2.70909399937053E-12
ENSG00000272808	RP11-66B24.7	chr15	101389836	101390251	0.168252251227912	2.70992665135778E-12
ENSG00000125249	RAP2A	chr13	98082978	98082992	0.349183170266827	2.75040071188759E-12
ENSG00000124721	DNAH8	chr6	38682950	38683264	0.248819340185586	2.76084059243255E-12
ENSG00000263636	AC138304.1	chr16	82117001	82117013	0.176122891766153	2.78747584074539E-12
ENSG00000273010	RP11-96K19.5	chr1	111505856	111506023	0.123214882343919	2.79315177720125E-12
ENSG00000112249	ASCC3	chr6	100917264	100917506	0.163760619318421	2.80880094889994E-12
ENSG00000244703	CD46P1	chr1	207818548	207818643	0.174325513152066	2.82857202556783E-12
ENSG00000054803	CBLN4	chr20	54580175	54580415	0.211517452304515	2.87853268942327E-12
ENSG00000224848	RP11-535M15.1	chr9	99449127	99449384	0.241957652516115	2.89887773756418E-12
ENSG00000263029	RP11-517A5.6	chr16	16357183	16357187	0.253380095500274	2.91963176980298E-12

ENSG00000228223	HCG11	chr6	26522136	26522599	0.103408719271646	2.9597294952538E-12
ENSG00000128739	SNRPN	chr15	25018358	25018532	0.179483373348372	2.97285619314828E-12
ENSG00000225655	RP11-143M1.2	chr9	72961	73647	0.10046144918404	2.99609549996061E-12
ENSG00000261809	CYP3A54P	chr7	4456396	4456439	0.238795613807465	3.01619260165322E-12
ENSG00000187553	CYP26C1	chr10	94820945	94820997	0.226257515217639	3.07057798473995E-12
ENSG00000050555	LAMC3	chr9	133884317	133885058	0.166894307125667	3.13142499892754E-12
ENSG00000173540	GMPPB	chr3	49755624	49755722	0.168249513638131	3.17165953330197E-12
ENSG00000197406	DIO3	chr14	102026427	102027797	0.161919399495278	3.1773179922395E-12
ENSG00000071246	VASH1	chr14	77227485	77228889	0.133262777487957	3.2324334401781E-12
ENSG00000077420	APBB1IP	chr10	26727069	26727177	0.184503753131812	3.28625192156025E-12
ENSG00000198704	GPX6	chr6	28458150	28458228	0.20041475237734	3.31062924197694E-12
ENSG00000180537	RNF182	chr6	13924652	13924676	0.180539301916387	3.37005426672787E-12
ENSG00000125503	PPP1R12C	chr19	55599185	55599221	0.195966601315685	3.66102207962049E-12
ENSG00000125084	WNT1	chr12	49372474	49372502	0.10308855260238	3.67472294399598E-12
ENSG00000143355	LHX9	chr1	197881044	197881072	0.11018187075771	3.68535948149328E-12
ENSG00000166450	PRTG	chr15	55881706	55881725	0.150978628763999	3.74504109194374E-12
ENSG00000130226	DPP6	chr7	153584204	153584443	0.2430009626925	3.75231030642968E-12
ENSG00000105173	CCNE1	chr19	30334461	30334549	0.113951043069942	3.78849338615725E-12
ENSG00000222982	RN7SKP216	chr12	114939034	114939066	0.112431283527861	3.86691362634626E-12
ENSG00000237647	ERICH1-AS1	chr8	686792	688578	0.168652390022606	3.89453202739943E-12
ENSG00000260001	TGFBR3L	chr19	7981140	7981753	0.103983696495167	3.96122934455574E-12
ENSG00000188011	CXXC11	chr2	242808755	242808803	0.175741714253033	3.99622397370255E-12
ENSG00000185924	RTN4RL1	chr17	1820513	1820601	0.230246188283134	4.03361561755927E-12
ENSG00000232021	LEF1-AS1	chr4	109090812	109090828	0.119039304970538	4.03931159420629E-12
ENSG00000253407	RP11-381I15.1	chr8	132054659	132054784	0.185354899728502	4.05996255815099E-12
ENSG00000125657	TNFSF9	chr19	6535005	6535078	0.214783857798631	4.2294017591465E-12
ENSG00000234775	RP11-335O13.7	chr1	203087035	203087110	0.101311041332458	4.27896008618557E-12
ENSG00000197619	ZNF615	chr19	52490120	52490247	0.122264019732891	4.28098014299142E-12
ENSG00000080189	SLC35C2	chr20	44941350	44941420	0.164973092903993	4.30069968173169E-12
ENSG00000205639	MFSD2B	chr2	24232803	24233259	0.155858182225201	4.47659654715755E-12
ENSG00000246820	RP11-379P15.1	chr11	8190531	8190744	0.180020306618418	4.50454517533286E-12
ENSG00000187772	LIN28B	chr6	105405975	105406022	0.21206965680346	4.51572750403207E-12
ENSG00000135625	EGR4	chr2	73520842	73520976	0.108898103791963	4.62122329065334E-12
ENSG00000169840	GSX1	chr13	28368968	28369273	0.188194860077175	4.64149831894332E-12
ENSG00000231440	RP11-467I20.6	chr1	240775050	240775075	0.13739776355925	4.68234502925381E-12
ENSG00000229589	ACVR2B-AS1	chr3	38462707	38462779	0.146244439443526	4.7024298884854E-12
ENSG00000234397	RP11-415K20.1	chr1	22677923	22678007	0.140836849801989	4.74068267751005E-12
ENSG00000105464	GRIN2D	chr19	48917681	48917880	0.176854718824897	4.74099788041906E-12
ENSG00000265546	RN7SL289P	chr13	26042499	26042616	0.206122087742886	4.76482244326508E-12
ENSG00000181585	TMIE	chr3	46742804	46743078	0.135251669730649	4.91504135214186E-12
ENSG00000141084	RANBP10	chr16	67751821	67751834	0.178786213714546	5.031371944720894E-12
ENSG00000154548	SRSF12	chr6	89827610	89827936	0.172384709765178	5.20906006453916E-12
ENSG00000269543	CTD-2291D10.3	chr19	23254297	23254425	0.200808720761806	5.24042466270775E-12
ENSG00000206963	RNU6-675P	chr2	127534449	127534556	0.139278937546305	5.2450533699853E-12
ENSG00000048052	HDAC9	chr7	18126791	18126832	0.217774242435257	5.29613238511295E-12
ENSG00000237438	CECR7	chr22	17517062	17517191	0.222475068565839	5.34585886044275E-12
LRG_442	LRG_442	chr1	78354212	78354235	0.149244097042826	5.37117944720815E-12
ENSG00000132164	SLC6A11	chr3	10857641	10858142	0.191355198852529	5.49865956798594E-12
ENSG00000248766	RP11-61K20.1	chr5	19988288	19988416	0.19685041587036	5.55120413834826E-12
ENSG00000235875	ARHGEF7-AS2	chr13	111766135	111766151	0.158676740865814	5.57410877274676E-12
ENSG00000163959	SLC51A	chr3	195934352	195934502	0.201298209033668	5.64126121060252E-12
ENSG00000070031	SCT	chr11	626583	626624	0.131517970145917	5.80395619543364E-12
ENSG00000254451	RP11-560G2.1	chr12	75603027	75603335	0.190268372862885	6.11403708713963E-12
ENSG00000225314	AC018634.9	chr7	37873270	37873354	0.108219000851954	6.19686673633542E-12
ENSG00000267986	AC130469.2	chr19	8649809	8649923	0.171728198164721	6.21139120004104E-12
ENSG00000256906	RP11-474D1.2	chr12	130554960	130554999	0.165237017949098	6.21875007364951E-12
ENSG00000201680	Y_RNA	chr6	31466720	31466747	0.185753452475711	6.27988597036495E-12
ENSG00000268751	SCGB1B2P	chr19	35068330	35068658	0.176553510040652	6.282472187518E-12
ENSG00000256001	RP11-575F12.2	chr12	127630862	127631189	0.208659953896556	6.49476656116839E-12
ENSG00000252591	RNA5SP468	chr19	18077753	18078040	0.166033767492848	6.55099985959585E-12
ENSG00000220378	KRT8P42	chr6	134638706	134638744	0.184391743247751	6.63165839931165E-12
ENSG00000222055	AC092117.1	chr16	2765620	2765910	0.141505780039359	6.64016861086028E-12
ENSG00000233502	AC104794.4	chr2	10220702	10221007	0.141023401319342	6.78568737262095E-12
ENSG00000228923	AP000355.2	chr22	24891431	24891479	0.112225394107163	6.87365361735321E-12
ENSG00000227708	AC079150.3	chr2	154143685	154143821	0.216568471241511	6.87902090802943E-12
ENSG00000159556	ISL2	chr15	76629027	76629206	0.135955071462352	6.91760680742213E-12
ENSG00000165219	GAPVD1	chr9	128022192	128022294	0.280702029792519	6.96018249551207E-12
ENSG00000004776	HSPB6	chr19	36246876	36246889	0.170032027556316	7.06959139745295E-12
ENSG00000169169	CPT1C	chr19	50194198	50194464	0.144457712233099	7.20045173996481E-12

ENSG00000145692	BHMT	chr5	78407533	78407704	0.213340252386959	7.23622320046213E-12
ENSG00000134253	TRIM45	chr1	117665186	117665235	0.107827059486304	7.32605587644962E-12
ENSG00000253840	RP11-767C6.1	chr8	55162267	55162414	0.210083809874119	7.40725456932255E-12
ENSG00000185988	PLK5	chr19	1524116	1524599	0.197560463631784	7.56979244892694E-12
ENSG00000180176	TH	chr11	2187495	2188266	0.118257842323869	7.68889665979481E-12
ENSG00000152558	TMEM123	chr11	102282031	102282062	0.386793157591203	7.70081736701453E-12
ENSG00000230841	RP5-915N17.3	chr1	228634781	228634806	0.11813500770804	7.74938743861798E-12
ENSG00000183840	GPR39	chr2	133175174	133175212	0.155727851175188	7.93691902004023E-12
ENSG00000228955	RP11-452J6.2	chr1	246810601	246810637	0.243008413300747	7.95942041258485E-12
ENSG00000231291	RP11-445O3.1	chr5	4512352	4512370	0.187904495956519	7.9716966549543E-12
ENSG00000272286	Z83307.3	chr11	31818455	31818582	0.167432400703601	7.98455162718429E-12
ENSG00000159208	C1orf51	chr1	150254849	150254910	0.185263704850536	8.09639437691636E-12
ENSG00000251536	RP11-572C21.1	chr12	130387172	130387211	0.1990150331932	8.1722271395995E-12
ENSG00000232087	HCFC2P1	chr13	109146975	109147083	0.114023163768712	8.26247221352708E-12
ENSG00000161800	RACGAP1	chr12	50368184	50368219	0.170209775172719	8.29810621968884E-12
ENSG00000135925	WNT10A	chr2	219745251	219745445	0.18395450506707	8.38054940227892E-12
ENSG00000119508	NR4A3	chr9	102586696	102586775	0.123405410931093	8.38654733734541E-12
ENSG00000219188	CACYBP3	chr6	158937265	158937573	0.164526200118413	8.56297152084003E-12
ENSG00000270614	CTC-325H20.7	chr19	9473590	9473623	0.155943185797357	8.77093074296672E-12
ENSG00000164818	HEATR2	chr7	752602	752648	0.199142012076369	8.82289962763488E-12
ENSG00000166135	HIF1AN	chr10	102322121	102322421	0.150825060313844	8.91336024926211E-12
ENSG00000253733	LZTS1-AS1	chr8	20159397	20159446	0.138334601908988	9.00195303779923E-12
ENSG00000189375	TBC1D28	chr17	18538170	18538455	0.161041565021878	9.17178398577727E-12
ENSG00000258471	RP11-84C10.4	chr14	21464923	21465024	0.305386255525917	9.17896092741418E-12
ENSG00000263403	MIR4673	chr9	139412531	139412565	0.10860840169697	9.18629241750287E-12
ENSG00000264383	AC068014.1	chr17	80730449	80730489	0.199180360556263	9.28503473119979E-12
ENSG00000224122	POU6F2-AS1	chr7	39453516	39453625	0.149757306030109	9.32976178266177E-12
ENSG00000104725	NEFL	chr8	24799870	24800146	0.19298424018077	9.34027525862466E-12
ENSG00000176678	FOX11	chr16	86609181	86609191	0.130655262737492	9.74040388799466E-12
ENSG00000129194	SOX15	chr17	7492801	7492944	0.124519642932001	9.85494643526918E-12
ENSG00000162849	KIF26B	chr1	245318761	245319021	0.103281240630631	9.87285713389353E-12
ENSG00000087245	MMP2	chr16	55405116	55405261	0.183457590560591	9.92134792154692E-12
ENSG00000083457	ITGAE	chr17	3600677	3600715	0.124585544129974	1.01374891111096E-11
ENSG00000068976	PYGM	chr11	64513659	64513809	0.154514414381826	1.02957618741648E-11
ENSG00000162728	KCNJ9	chr1	160053722	160053972	0.188054776421923	1.07186803399911E-11
ENSG00000253444	AC133633.2	chr8	2178595	2178612	0.1874628439826	1.07932860778636E-11
ENSG00000230695	AC012462.1	chr2	216300912	216300991	0.129205402958863	1.08232526539586E-11
ENSG00000158669	AGPAT6	chr8	41424404	41424478	0.14518659662137	1.08404406090646E-11
ENSG00000116032	GRIN3B	chr19	1000199	1000764	0.117914070283613	1.08738081418615E-11
ENSG00000264972	AL445675.1	chr1	243053757	243054010	0.232351233631938	1.08899551038077E-11
ENSG00000188523	C9orf171	chr9	135285409	135285509	0.139990768953118	1.11924306205565E-11
ENSG0000008226	DLEC1	chr3	38070371	38070420	0.104195878329782	1.14632792708366E-11
ENSG0000023171	GRAMD1B	chr11	123396486	123396593	0.200694117639144	1.15611787974022E-11
ENSG00000266690	MIR4274	chr4	7462316	7462373	0.14439574640354	1.16562096177224E-11
ENSG00000116035	VAX2	chr2	71127692	71127882	0.212555639507195	1.16674000123759E-11
ENSG00000168509	HFE2	chr1	145415412	145415498	0.215801425440438	1.16799297729112E-11
ENSG00000270718	RP11-421H10.2	chr12	39539707	39539730	0.240810052367994	1.17786649066339E-11
ENSG00000083814	ZNF671	chr19	58238706	58238954	0.212747712855737	1.18987624214419E-11
ENSG00000226831	MED15P3	chr2	132152397	132152429	0.140836423974234	1.205052048725E-11
ENSG00000256292	RP11-955H22.1	chr12	127765277	127765504	0.15853925420486	1.22270948499289E-11
ENSG00000232413	RP11-343J18.2	chr9	128799435	128799524	0.179652587898223	1.24094079526515E-11
ENSG00000234773	CTD-2666L21.1	chr19	12305770	12305893	0.260668924394748	1.24698177824456E-11
ENSG00000119772	DNMT3A	chr2	25475724	25475743	0.164806541732978	1.24703723754264E-11
ENSG00000255700	APOOP3	chr12	65515162	65515483	0.166123351717163	1.24912331041309E-11
ENSG00000155066	PROM2	chr2	95939239	95939255	0.151989397038012	1.26661603927397E-11
ENSG00000248921	RP11-774G5.1	chr4	180978802	180978836	0.140655239598034	1.34887482152494E-11
ENSG00000266970	RP11-806H10.4	chr17	76355115	76355441	0.210484330553075	1.37385343937802E-11
ENSG00000146197	SCUBE3	chr6	35181234	35181560	0.142454020384807	1.3773353223017E-11
ENSG00000260650	RP11-403P17.2	chr16	66613582	66613724	0.175031318052257	1.3777921139271E-11
ENSG00000248859	RP11-375B1.3	chr5	176170704	176170795	0.161105126193352	1.40698996508259E-11
ENSG00000233270	SNRPEP4	chr19	5567528	5568149	0.148366650691044	1.43344795719606E-11
ENSG00000250432	RP11-834C11.5	chr12	54484217	54484446	0.208450007563397	1.43373390215144E-11
ENSG00000259942	RP11-292F22.7	chr10	47653937	47653963	0.109585288292285	1.47369466719746E-11
ENSG00000234248	RP11-799O21.2	chr10	69622179	6962201	0.188164765248311	1.51236742018114E-11
ENSG00000163081	CCDC140	chr2	223169922	223169978	0.119136468354329	1.51597244255192E-11
ENSG00000129245	FXR2	chr17	7493042	7493089	0.109188108870506	1.52294070575997E-11
LRG_285	LRG_285	chr17	7493042	7493089	0.109188108870506	1.52294070575997E-11
ENSG00000259500	KRT8P24	chr15	49255472	49255554	0.100935726898208	1.53510737240652E-11
ENSG00000231630	RP11-740P5.3	chr1	2792611	2792748	0.205721774445273	1.54505752754675E-11

ENSG00000177374	HIC1	chr17	1956944	1957462	0.106718718826437	1.55476489293427E-11
ENSG00000155530	LRGUK	chr7	133812006	133812070	0.190402103480386	1.56169379870532E-11
ENSG00000170891	CYTL1	chr4	5021008	5021328	0.166369427246464	1.59034040582276E-11
ENSG00000253267	RP11-666119.2	chr8	1507479	1507517	0.117166219848493	1.59262295009877E-11
ENSG00000235051	RP11-637019.2	chr6	10881902	10882050	0.240551740310284	1.60679583332705E-11
ENSG00000238021	ARMC4P1	chr10	27547679	27548047	0.170510149996259	1.62965641168705E-11
ENSG00000249421	ADAMTS19-AS1	chr5	128795504	128795548	0.141471432193646	1.63847793740665E-11
ENSG00000173302	GPR148	chr2	131484942	131485004	0.10013457634724	1.66770842760523E-11
ENSG00000231062	AC103563.9	chr2	95719357	95719392	0.136815886294375	1.67381357807654E-11
ENSG00000222749	AL021398.1	chr1	177151114	177151156	0.143439016996361	1.70479343614689E-11
ENSG00000157240	FZD1	chr7	90895083	90895376	0.106000819587831	1.73041194554143E-11
ENSG00000189184	PCDH18	chr4	138453350	138453524	0.168421757799084	1.7338459307598E-11
ENSG00000267191	RP11-15A1.2	chr19	44406241	44406330	0.173759200066491	1.78649559061836E-11
ENSG00000172638	EFEMP2	chr11	65639778	65640577	0.188063923438735	1.80248725353827E-11
ENSG00000147852	VLDLR	chr9	2621102	2621245	0.132903138837445	1.86142479060181E-11
ENSG00000184060	ADAP2	chr17	29249454	29249678	0.108114266350931	1.90926923705955E-11
ENSG00000228426	RP11-402L1.11	chr10	44162659	44162699	0.18476964540214	1.94313184121332E-11
ENSG00000145920	CPLX2	chr5	175223513	175223538	0.201681346552779	1.9945531021335E-11
ENSG00000251632	RP11-714L20.1	chr4	138453763	138453793	0.1660052471723	1.99676715380826E-11
ENSG00000237614	AC073257.2	chr2	121280078	121280125	0.164017085417413	1.99914019664563E-11
ENSG00000269110	CTC-513N18.7	chr19	20748176	20748209	0.170824166477576	2.00632743808254E-11
ENSG00000200198	RN7SKP211	chr6	106441968	106442207	0.147097992709292	2.06800122282824E-11
ENSG00000112320	SOBP	chr6	107809609	107809647	0.134452344221149	2.0752015485953E-11
ENSG00000185513	L3MBTL1	chr20	42136057	42136670	0.114977760242716	2.092020695973134E-11
ENSG00000216123	AC012119.1	chr8	23605492	23605663	0.220550818428045	2.0938498009113E-11
ENSG00000136485	DCAF7	chr17	61615857	61616031	0.134983642545193	2.15426708038241E-11
ENSG00000260551	PWRN2	chr15	24346876	24347049	0.195010298890069	2.15849003514012E-11
LRG_249	LRG_249	chr12	119616616	119616647	0.120141761061279	2.17289472884138E-11
ENSG00000236609	ZNF853	chr7	6654756	6654880	0.221798202076228	2.17347919715088E-11
ENSG00000180448	HMHA1	chr19	1070986	1071057	0.190875240920756	2.17740202617059E-11
ENSG00000064692	SNCAIP	chr5	121647301	121647330	0.155355495865109	2.20350342205899E-11
ENSG00000204361	NXPE2	chr11	114760540	114760642	0.226129271582968	2.27765503098704E-11
ENSG00000187714	SLC18A3	chr10	50820723	50820734	0.151234810213227	2.28157932164234E-11
ENSG00000109906	ZBTB16	chr11	113930273	113930806	0.132611614954662	2.2966914057096E-11
ENSG00000185787	MORF4L1	chr15	79103956	79104052	0.103739842691845	2.3127113469999E-11
ENSG00000149451	ADAM33	chr20	3654566	3654606	0.16285944030454	2.36327238825516E-11
ENSG00000171446	KRT27	chr17	38935824	38936077	0.247807074898862	2.39924605145959E-11
ENSG00000076706	MCAM	chr11	119185538	119185612	0.120652415073632	2.43834894397805E-11
ENSG00000265213	MIR3684	chr4	99920253	99920257	0.210284514665092	2.44344105750799E-11
ENSG00000256577	RP11-283I3.2	chr12	312592	312838	0.240623862085771	2.44418871405321E-11
ENSG00000116157	GPX7	chr1	53067933	53068532	0.211526027657104	2.49821196323339E-11
ENSG00000255258	RP11-448P19.1	chr11	133657404	133657530	0.207445651744342	2.5041703334802E-11
ENSG00000229689	AC009237.8	chr2	96192027	96192265	0.187728373882992	2.51380790908297E-11
ENSG00000237425	RPSAP2	chr6	28697951	28697967	0.194370315681183	2.67584677588069E-11
ENSG00000266285	RN7SL682P	chr5	137609920	137610421	0.162257634102729	2.69413090998732E-11
ENSG00000204622	HLA-J	chr6	29975049	29975078	0.104313107995269	2.74008814272588E-11
ENSG00000255545	RP11-627G23.1	chr11	134288532	134288604	0.108289043657019	2.75796764714605E-11
ENSG00000182580	EPHB3	chr3	184299391	184299439	0.151920086564439	2.820882117338E-11
ENSG00000149488	TMC2	chr20	2539148	2539245	0.174691821028979	2.84738369607132E-11
ENSG00000177363	LRRN4CL	chr11	62454887	62454905	0.165689057510012	2.95677609556083E-11
ENSG00000233721	RP11-205K6.1	chr9	129279388	129279416	0.12404256671579	2.96061004074958E-11
ENSG00000124006	OBSL1	chr2	220416881	220416912	0.148396602219021	2.98665536652542E-11
ENSG00000249509	RP11-402J6.1	chr4	113435853	113436637	0.123228569207875	2.99428093622227E-11
ENSG00000072182	ASIC4	chr2	220387323	220387440	0.138545414871212	3.10075478437363E-11
ENSG00000167549	CORO6	chr17	27940221	27940767	0.160547820110282	3.12856016334269E-11
ENSG00000225158	HSPE1P24	chr1	10948525	10948612	0.136988969458814	3.18058060066093E-11
ENSG00000226789	AC110926.4	chr2	127977476	127977890	0.187097965117192	3.2450108569947E-11
ENSG00000140678	ITGAX	chr16	31343361	31343502	0.155744289997431	3.3572122038415E-11
ENSG00000213390	ARHGAP19	chr10	98946342	98946371	0.124094312235792	3.40050307194831E-11
ENSG00000239216	RP4-712E4.2	chr1	119544051	119544086	0.115819236701855	3.42702694550831E-11
ENSG00000222835	RNA5SP100	chr2	91844805	91844820	0.165887593742087	3.4671594046684E-11
ENSG00000269779	CTD-2542C24.2	chr19	20844384	20844411	0.131560176950061	3.481921622234391E-11
ENSG00000164651	SP8	chr7	20823892	20824849	0.135967518649519	3.5169580183527E-11
ENSG00000228478	RP1-290I10.3	chr6	10426205	10426310	0.12800320268251	3.56460544213223E-11
ENSG00000182255	KCNA4	chr11	30038523	30038822	0.200973466156499	3.58451432103855E-11
ENSG00000181803	OR6S1	chr14	21121218	21121282	0.185534000949782	3.58875867958369E-11
ENSG00000164929	BAALC	chr8	104152966	104153389	0.169056648686025	3.62245342685531E-11
ENSG00000121207	LRAT	chr4	155547987	155548321	0.152465920659459	3.62847734704284E-11
ENSG00000179673	RPRML	chr17	45055327	45055369	0.167307033147262	3.63569371987167E-11

ENSG00000200072	SNORD44	chr13	112707710	112707905	0.216936032935867	3.64657331509076E-11
ENSG00000165495	PKNOX2	chr11	125034575	125034643	0.150515844607458	3.65653198743738E-11
ENSG00000232386	RP11-66B24.2	chr15	101389763	101389784	0.164757862705959	3.68862199972713E-11
ENSG00000227817	ARHGAP42P1	chr2	132088685	132088952	0.245992924722359	3.69756914968173E-11
ENSG00000269825	CTD-3099C6.9	chr19	53142146	53142161	0.118693987927081	3.70408945124747E-11
ENSG00000197826	C4orf22	chr4	81256999	81257269	0.104720158229754	3.76390764506304E-11
ENSG00000272219	CTB-181H17.1	chr7	101556621	101556690	0.131921377678882	3.84340142358924E-11
ENSG00000224149	RP11-510C10.3	chr1	75595942	75596001	0.18448950758138	3.87374975254273E-11
ENSG00000173253	DMRT2	chr9	1051476	1052294	0.143276525752377	3.92839853780872E-11
ENSG00000179593	ALOX15B	chr17	7942596	7942628	0.109528525417985	3.96317617836965E-11
ENSG00000125514	LINC00029	chr20	61664540	61664639	0.114918274111169	4.15938486951135E-11
ENSG00000157881	PANK4	chr1	2436214	2436287	0.12515671136488	4.24417409850949E-11
ENSG00000213244	HIST2H3DP1	chr1	120904681	120905075	0.177803673561424	4.31017178750729E-11
ENSG00000176840	MIR7-3HG	chr19	4769093	4769132	0.110973563916493	4.36691025252364E-11
ENSG00000234944	RP11-124O11.1	chr10	43361369	43361409	0.142879697209083	4.42145056541106E-11
ENSG00000013297	CLDN11	chr3	170136539	170136775	0.130365219200076	4.43686711040712E-11
ENSG00000260597	AC012531.25	chr12	54413000	54413172	0.16136997137587	4.44211202736672E-11
ENSG00000266711	RP11-398J5.1	chr17	77133684	77133804	0.145659146813793	4.6245096949343E-11
ENSG00000254708	RP1-145M24.1	chr11	34377618	34377663	0.163186175003818	4.68155587782555E-11
ENSG00000254226	CTB-12O2.1	chr5	151305092	151305204	0.1519278903832	4.72187868629119E-11
ENSG00000236481	AC002331.1	chr16	26657101	26657174	0.179914005638042	4.8417003281609E-11
ENSG00000101146	RAE1	chr20	55923771	55923885	0.134148062045578	4.90704333625512E-11
ENSG00000196312	HIATL2	chr9	99639535	99639982	0.213934651972176	4.92516888003833E-11
ENSG00000232615	CTD-2012J19.1	chr5	1645656	1645700	0.101798460715464	4.93027730433797E-11
ENSG00000155719	OTOA	chr16	21675179	21675618	0.168222157605952	4.99292367805026E-11
ENSG00000182253	SYNM	chr15	99644855	99644899	0.120891084244529	5.059476757142E-11
ENSG00000268658	LINC00664	chr19	21657731	21658053	0.22360692537697	5.17631707127428E-11
ENSG00000271981	RP11-573G6.8	chr10	22622894	22622932	0.13951132859744	5.22164492799978E-11
ENSG00000263082	CTD-2034I21.2	chr16	50913948	50914079	0.229419724605723	5.30270713887976E-11
ENSG00000005882	PDK2	chr17	48154356	48154428	0.125039420151765	5.32276541263748E-11
ENSG00000104774	MAN2B1	chr19	12758957	12759034	0.269603992786481	5.45471360586252E-11
ENSG00000175040	CHST2	chr3	142838082	142838238	0.198445551777407	5.51314079070709E-11
ENSG00000251883	RNU6ATAC17P	chr20	25566515	25566546	0.228573482049536	5.54944744725118E-11
ENSG00000229727	AC013460.1	chr2	7597305	7597336	0.12594162356943	5.64409623731293E-11
ENSG00000101405	OXT	chr20	3052221	3052334	0.13746967430895	5.75652733656823E-11
ENSG00000228549	U1	chr1	17199972	17200077	0.111654646248935	5.76960668071916E-11
ENSG00000237096	RP4-782G3.1	chr1	166853787	166853833	0.124878024603302	5.81350069531911E-11
ENSG00000188487	INSC	chr11	15136059	15136225	0.208805780244682	5.81815053090786E-11
ENSG00000207101	Y_RNA	chr8	41654876	41655259	0.1348310333052	5.86262769213993E-11
ENSG00000207955	MIR219-2	chr9	131159789	131159866	0.148731332815601	5.87068316496074E-11
ENSG00000105675	ATP4A	chr19	36049517	36049670	0.190508557902096	6.04224178602388E-11
ENSG00000152910	CNTNAP4	chr16	76311152	76311184	0.138325429285693	6.07867550914803E-11
ENSG00000186564	FOXD2	chr1	47905407	47905517	0.232335773107297	6.08083213118039E-11
ENSG00000248954	RP11-304F15.4	chr17	47967874	47967906	0.149730606009262	6.1478725151492E-11
ENSG00000236106	AC010729.2	chr2	5896449	5896473	0.174122445414112	6.1635307300358E-11
ENSG00000142549	IGLON5	chr19	51815281	51815318	0.224749892723247	6.34939930287871E-11
ENSG00000260738	LINC00554	chr13	100649323	100649800	0.14876212498256	6.44819449808296E-11
ENSG00000230044	AC110754.3	chr2	11809614	11810305	0.170552313884619	6.45766990836542E-11
ENSG00000234602	MCIDAS	chr5	54516276	54516538	0.154577974190311	6.51951995853799E-11
ENSG00000231768	RP5-855F14.1	chr1	234667461	234667525	0.130925025663984	6.57010613197247E-11
ENSG00000152137	HSPB8	chr12	119616471	119616560	0.114402847018439	6.60699527616117E-11
ENSG00000229435	PIP5K1P2	chr7	158938315	158938491	0.211330872465206	6.69129866261403E-11
ENSG00000144893	MED12L	chr3	150803669	150803711	0.182255717678844	6.74262768730194E-11
ENSG00000188738	FSIP2	chr2	186603398	186603504	0.182623324341261	6.80142199767343E-11
ENSG00000174899	C3orf55	chr3	157261058	157261219	0.162340340312913	6.84975381368972E-11
ENSG00000130529	TRPM4	chr19	49671823	49671986	0.286834322325986	6.86738333005252E-11
ENSG00000269679	AC018445.1	chr18	77278626	77278709	0.132714472978699	6.87462534058095E-11
ENSG00000174521	TTC9B	chr19	40723919	40724388	0.137765684840881	7.0554768152674E-11
ENSG00000255571	LINC00925	chr15	89904823	89904925	0.123787562841302	7.13783838959115E-11
ENSG00000125398	SOX9	chr17	70114568	70114623	0.113804361920042	7.25017094809791E-11
ENSG00000142875	PRKACB	chr1	84544019	84544177	0.110947901413325	7.31928345317458E-11
ENSG00000228810	PABPC1P11	chr9	17905966	17906135	0.153273403253698	7.32061948232869E-11
ENSG00000263631	MIR378D1	chr4	5895979	5895988	0.104764595744004	7.43535240525571E-11
ENSG00000169220	RGS14	chr5	176793941	176794007	0.251978987213198	7.44334085118437E-11
ENSG00000238120	CTA-941F9.9	chr22	45996191	45996279	0.13594501498208	7.49397092729095E-11
ENSG00000164362	TERT	chr5	1245931	1246201	0.169139854286814	7.60178948209321E-11
ENSG00000214359	RPL18P10	chr13	50700932	50701050	0.107458172061266	7.6022551647724E-11
ENSG00000184557	SOCS3	chr17	76354582	76354669	0.21745094197484	7.81955914642932E-11
ENSG00000255562	UNC93B6	chr11	71318679	71319043	0.14798690967396	7.8260332091468E-11

ENSG00000254633	RP11-23J9.7	chr9	100069897	100070377	0.223007827449607	7.88732839847234E-11
ENSG00000269909	RP11-489N22.3	chr9	129467749	129468003	0.140423556315098	7.90498143417451E-11
ENSG00000103196	CRISPLD2	chr16	84852816	84852854	0.109940601630041	7.93397227750007E-11
ENSG00000102977	ACD	chr16	67688626	67688776	0.128810455400184	8.14742424818457E-11
ENSG00000159314	ARHGAP27	chr17	43472528	43472594	0.117227005806235	8.20919226394872E-11
ENSG00000255150	EID3	chr12	104697319	104697754	0.186169348526826	8.27147209493915E-11
ENSG00000182223	ZAR1	chr4	48492118	48493565	0.158670735664711	8.32409617171552E-11
ENSG00000127585	FBXL16	chr16	751603	751625	0.12050576422814	8.37159152437573E-11
ENSG00000103342	GSPT1	chr16	11963621	11963658	0.221426227748215	8.49741614764639E-11
ENSG00000255504	RP11-788M5.3	chr11	101000618	101000655	0.13128865495738	8.55950882578786E-11
ENSG00000240907	BX255923.3	chr9	69178326	69178328	0.141180166983126	8.63971992018657E-11
ENSG00000249481	SPATS1	chr6	44310324	44310501	0.13482588430999	8.66485443136855E-11
ENSG00000170949	ZNF160	chr19	53561706	53561805	0.181726290447088	8.73245384232615E-11
ENSG00000240626	RN7SL150P	chr19	34359825	34359915	0.166768927681589	8.84850344758788E-11
ENSG00000237026	RP11-328P23.2	chr7	64699544	64699590	0.113415524934667	8.85922882604298E-11
ENSG00000087460	GNAS	chr20	57414835	57414867	0.123372789993415	9.0314669372706E-11
ENSG00000230067	HSPD1P6	chr3	36806121	36806213	0.252003219793404	9.12948076519478E-11
ENSG00000225870	LINC00368	chr13	111718937	111719025	0.122771499393585	9.2257585374036E-11
ENSG00000260233	SSSCA1-AS1	chr11	65325048	65325316	0.132505131005592	9.30555236828272E-11
ENSG00000103043	VAC14	chr16	70715136	70715140	0.140399999338748	9.44504715375591E-11
ENSG00000184113	CLDN5	chr22	19510872	19510901	0.135253361029134	9.48967412339418E-11
ENSG00000236325	AC005300.5	chr22	17680545	17680575	0.245512665120689	9.51390900626512E-11
ENSG00000214106	PAXIP1-AS2	chr7	154706456	154706515	0.159245902155176	9.63238243413805E-11
ENSG00000051128	HOMER3	chr19	19042720	19042853	0.173257629226556	9.7096648496193E-11
ENSG00000251166	OR7E163P	chr4	3881778	3881801	0.135435210155208	1.00630827686072E-10
ENSG00000218965	NACAP7	chr6	90122048	90122369	0.168720062433941	1.01359130381579E-10
ENSG00000138433	CIR1	chr2	175208120	175208151	0.151915843614285	1.05501074670875E-10
ENSG00000105679	GAPDHS	chr19	36024183	36024295	0.114043575935928	1.06218868287781E-10
ENSG00000154856	APCDD1	chr18	10454085	10454213	0.169311892987412	1.07786381007659E-10
ENSG00000140386	SCAPER	chr15	76639452	76639822	0.160835691560555	1.08185192860286E-10
ENSG00000170837	GPR27	chr3	71803019	71803248	0.148684477440478	1.08377972717799E-10
ENSG00000202474	RNA5SP283	chr9	66457562	66458639	0.106860530113036	1.09341339683254E-10
ENSG00000224514	LINC00620	chr3	13696904	13697121	0.121132937517614	1.09617721295204E-10
ENSG00000225614	ZNF469	chr16	88496202	88497227	0.22771011302586	1.10763833058438E-10
LRG_287	LRG_287	chr11	2481921	2481965	0.103130218522071	1.11411926946268E-10
ENSG00000252629	AL050316.1	chr20	51648724	51648772	0.151378235983402	1.13232910099437E-10
ENSG00000259603	CTD-2012M11.3	chr5	3600202	3600389	0.211702995639486	1.14531908296266E-10
ENSG00000172350	ABCG4	chr11	119020618	119020779	0.117928987944832	1.17817819895285E-10
ENSG00000256943	RP13-895J2.2	chr12	132822672	132822693	0.132702552901155	1.1846703408847E-10
ENSG00000260577	RP11-615I2.2	chr16	68677978	68678026	0.134573959696979	1.18516894049007E-10
ENSG00000167123	CERCAM	chr9	131171267	131171309	0.190060337085351	1.20373340664415E-10
ENSG00000201413	RNA5SP141	chr3	134514536	134514823	0.107141982995795	1.21429204568612E-10
ENSG00000182170	MRGPRG	chr11	3225205	3225212	0.130994458307004	1.24684455772801E-10
ENSG00000260584	RP11-1166P10.7	chr16	32127982	32128205	0.209347990003689	1.24778389644843E-10
ENSG00000131400	NAPSA	chr19	50861652	50861701	0.167177711178047	1.2877840588562E-10
ENSG00000140682	TGFB1I1	chr16	31487153	31487353	0.158581122365507	1.30594012305527E-10
ENSG00000172482	AGXT	chr2	241772076	241772191	0.157348743512831	1.30960823915621E-10
ENSG00000249550	RP11-438N16.1	chr12	114107723	114107782	0.174402200813891	1.31289196603158E-10
ENSG00000228784	LINC00954	chr2	20068408	20068614	0.105562557902765	1.31747233901401E-10
ENSG00000221033	MIR1272	chr15	65068326	65068351	0.125491963300637	1.32359701902942E-10
ENSG00000135341	MAP3K7	chr6	91320060	91320082	0.189599649101337	1.32846070187191E-10
ENSG00000162992	NEUROD1	chr2	182542717	182542760	0.15469039574701	1.33083052183701E-10
ENSG00000204252	HLA-DOA	chr6	32977203	32977223	0.11632817893751	1.35184150015065E-10
ENSG00000222730	AC092296.1	chr19	36822396	36822558	0.193969040864423	1.36307074336137E-10
ENSG00000232907	RP5-977B1.7	chr20	35064477	35064800	0.180244647668772	1.36697040336258E-10
ENSG00000248473	CTC-338M12.2	chr5	180601196	180601322	0.135228610680207	1.37324639172223E-10
ENSG00000164746	C7orf57	chr7	48075067	48075239	0.107936188568528	1.39701191550731E-10
ENSG00000185052	SLC24A3	chr20	19192783	19193196	0.100365718067122	1.41448274391994E-10
ENSG00000237574	AC079776.3	chr2	130680936	130681080	0.14681093017798	1.42247961693769E-10
ENSG00000065485	PDIA5	chr3	122745513	122745547	0.104426037539669	1.42771289759292E-10
ENSG00000066629	EML1	chr14	100258763	100258773	0.168154382799361	1.43692610175268E-10
ENSG00000183691	NOG	chr17	54671783	54671962	0.128481557176006	1.44159877059944E-10
ENSG00000234299	CDK2AP2P1	chr9	45356721	45357394	0.195936097562925	1.45866785615419E-10
ENSG00000269097	AC003682.17	chr19	58176287	58176305	0.106998523106409	1.45939928723872E-10
ENSG00000103449	SALL1	chr16	51168267	51168848	0.16904221290067	1.54455654046846E-10
ENSG00000185963	BICD2	chr9	95478215	95478306	0.254405402922659	1.55775734764616E-10
ENSG00000119446	RBM18	chr9	124990754	124991212	0.158829698918604	1.58019612882186E-10
ENSG00000154646	TMPRSS15	chr21	19618061	19618104	0.24022120812121	1.59678638859541E-10
ENSG00000213967	ZNF726	chr19	24097612	24097699	0.211893132181138	1.60235132521182E-10

ENSG00000237286	AC004906.3	chr7	2968406	2968595	0.18656183822871	1.62209479147575E-10
ENSG00000243444	PALM2	chr9	112402726	112402944	0.1398193311874	1.63480130899766E-10
ENSG00000171033	PKIA	chr8	79428387	79428804	0.119125606008471	1.65943053420749E-10
ENSG00000185652	NTF3	chr12	5541104	5541338	0.102682062777253	1.66543459223321E-10
ENSG00000253096	Y_RNA	chr14	104193621	104193799	0.150276936701472	1.68914014222785E-10
ENSG00000213435	ATP6V0CP3	chr6	42695393	42695411	0.159827596608899	1.69325263253327E-10
ENSG00000255153	TOLLIP-AS1	chr11	1360038	1360405	0.118211671049005	1.70890215166121E-10
ENSG00000257325	RP11-263E1.1	chr12	101188532	101188576	0.136708668590542	1.73639261855375E-10
ENSG00000100321	SYNGR1	chr22	39745776	39746234	0.11109563737531	1.74455111269036E-10
ENSG00000186994	KANK3	chr19	8398727	8398787	0.201968159883248	1.78688795592172E-10
ENSG00000257415	RP11-626I20.1	chr12	103889487	103889840	0.143819245749293	1.82335089069753E-10
ENSG00000135547	HEY2	chr6	126068822	126069095	0.133332797868387	1.83300481743885E-10
ENSG00000180818	HOXC10	chr12	54378787	54378826	0.141327807972937	1.84997881074262E-10
ENSG00000264735	RP11-498C9.17	chr17	79920530	79920682	0.149084190144579	1.85123205178568E-10
ENSG00000107295	SH3GL2	chr9	17578722	17579849	0.110349628830014	1.91079781448761E-10
ENSG00000198598	MMP17	chr12	132312440	132313095	0.163113252057788	1.92886968606771E-10
ENSG00000248677	CTD-2044J15.1	chr5	6687287	6687457	0.119117231540924	1.97407375374892E-10
ENSG00000259840	LA16c-380A1.1	chr16	751678	751724	0.120714139241945	1.98556099718565E-10
ENSG00000242675	RPS16P9	chr19	45826999	45827158	0.104566627194735	1.98876327241881E-10
ENSG00000164877	MICALL2	chr7	1448092	1448129	0.127218476457982	1.9950564732439E-10
ENSG00000178809	TRIM73	chr7	75024670	75024809	0.2509395361799	1.99769461153343E-10
ENSG00000267424	CTD-2265O21.3	chr19	12936491	12936648	0.141205659768756	2.02453809131387E-10
ENSG00000186268	OR10D4P	chr11	123947022	123947272	0.136603207587595	2.03089551263981E-10
ENSG00000233319	PPIAP32	chr10	131927406	131927550	0.179043485045244	2.07889575351197E-10
ENSG00000223120	RN7SKP181	chr15	97491122	97491287	0.232549283425197	2.08121979528835E-10
ENSG00000091592	NLRP1	chr17	5402387	5402434	0.102000198748746	2.10681804466027E-10
ENSG00000272050	RP13-379O24.3	chr20	61053330	61053390	0.152901333077481	2.1151998847933E-10
ENSG00000250090	RP13-401N8.3	chr20	25834044	25834074	0.163699916041255	2.14112613230121E-10
ENSG00000226954	RP5-983L19.2	chr22	50118056	50118239	0.156571329231134	2.14393642532259E-10
ENSG00000176884	GRIN1	chr9	140032864	140033078	0.169439564135379	2.16266541397484E-10
ENSG00000128602	SMO	chr7	128828765	128829014	0.179541652600844	2.16394899618806E-10
ENSG00000130299	GTPBP3	chr19	17439823	17440203	0.147349859199499	2.19267486602141E-10
ENSG00000160161	CILP2	chr19	19648939	19649244	0.157144890849744	2.20955476831491E-10
ENSG00000132406	TMEM128	chr4	4229910	4229972	0.166150798581124	2.26045861808739E-10
ENSG00000141150	RASL10B	chr17	34059207	34059321	0.143098725329739	2.27043722780767E-10
ENSG00000161610	HCRT	chr17	40332717	40333151	0.112508291683477	2.32481232116895E-10
ENSG00000249216	RP11-227F19.5	chr4	41694736	41694847	0.155625556916712	2.34330242015013E-10
ENSG00000182613	OR2V2	chr5	180596615	180596665	0.123206043100491	2.35898219948417E-10
ENSG00000237172	B3GNT9	chr16	67183225	67184699	0.113486913262624	2.37025498816731E-10
ENSG00000205584	AC005488.11	chr7	72440069	72440429	0.204591660249067	2.58182163435613E-10
ENSG00000224040	HMGNI1P4	chr1	182911430	182911640	0.145740770601809	2.60589241206465E-10
ENSG00000258673	RP4-773N10.6	chr1	110626532	110626868	0.13304352677676	2.61299492207924E-10
ENSG00000181215	C4orf50	chr4	5976063	5976200	0.16540259879565	2.62006230255335E-10
ENSG00000106624	AEBP1	chr7	44143913	44144056	0.209443166467495	2.64843555716631E-10
ENSG00000183145	RIPPLY3	chr21	38378271	38378482	0.182035875680645	2.66195758366973E-10
ENSG00000237058	RP13-436F16.1	chr1	2561013	2561050	0.169914433357409	2.68186110288931E-10
ENSG00000187959	CPSF4L	chr17	71257900	71257940	0.184958569550241	2.70572751987969E-10
ENSG00000231147	ARHGAP42P2	chr2	130763484	130763751	0.193628390220111	2.70673305535324E-10
ENSG00000265225	AL118525.1	chr20	48184421	48184674	0.230501805660799	2.71774367864526E-10
ENSG00000234790	RP11-426L16.7	chr1	113286813	113287171	0.180229537410406	2.73139786594473E-10
ENSG00000100626	GALNT16	chr14	69725966	69725996	0.15064057733022	2.73818614573496E-10
ENSG00000259374	RP11-736N17.4	chr14	103605356	103605464	0.168977642432941	2.76350530485328E-10
ENSG00000242537	RP11-294L13.1	chr3	155838590	155838637	0.142678154017743	2.81576195970458E-10
ENSG00000226468	AC018641.7	chr7	32467440	32467812	0.221061350493328	2.8261318454632E-10
ENSG00000205922	ONECUT3	chr19	1757419	1758069	0.151806118084267	2.84302576317182E-10
ENSG00000260188	CTA-331P3.1	chr6	110798323	110798360	0.220035574053889	2.92668330832351E-10
ENSG00000243818	RP11-372E1.4	chr3	142608187	142608215	0.138004472218877	2.93199118019644E-10
ENSG00000185087	FAM169B	chr15	98971646	98971853	0.12130607467188	2.95955724301425E-10
ENSG00000168779	SHOX2	chr3	157815050	157815093	0.105421738988534	2.99103981571641E-10
ENSG00000186973	FAM183A	chr1	43613416	43613567	0.112486690004076	2.99112135361631E-10
ENSG00000099866	MADCAM1	chr19	480216	480327	0.282993635714651	3.03080336655065E-10
ENSG00000204839	MROH6	chr8	144649303	144649741	0.242568352716136	3.03307001335595E-10
ENSG00000150403	TMCO3	chr13	114190128	114190142	0.268147522649846	3.11252857282995E-10
ENSG00000121871	SLITRK3	chr3	164914437	164914621	0.124620029981163	3.14872907358029E-10
ENSG00000267788	CTD-2534I21.9	chr17	43065049	43065086	0.129545694951928	3.18157081946339E-10
ENSG00000074219	TEAD2	chr19	49843521	49843627	0.146921378874067	3.18635282528226E-10
ENSG00000143954	REG3G	chr2	79221103	79221130	0.176135680820249	3.21902418997451E-10
ENSG00000260945	RP11-916L7.1	chr16	17566206	17566226	0.168808299816443	3.23034169050229E-10
ENSG00000250205	YWHAEP4	chr4	156298264	156298360	0.150750367791373	3.25922561424864E-10

ENSG00000252579	RNU7-117P	chr16	89601819	89601939	0.12833482518857	3.27070027723553E-10
ENSG00000237524	AC114783.1	chr2	127644636	127644686	0.143455189332972	3.34463674611713E-10
ENSG00000141497	ZMYND15	chr17	4648490	4648580	0.134137781457274	3.38941993881341E-10
ENSG00000105509	HAS1	chr19	52227281	52227378	0.201959641486064	3.4108041186753E-10
ENSG00000229414	KCNQ1-AS1	chr11	2858435	2858439	0.200878675754747	3.46353715487317E-10
ENSG00000266996	TCEB3CL2	chr18	44526876	44527166	0.204995899195214	3.47420272465769E-10
ENSG00000123908	AGO2	chr8	141577337	141577522	0.125102430884178	3.48511787330607E-10
ENSG00000124203	ZNF831	chr20	57798364	57798406	0.103960338739699	3.52681179362376E-10
ENSG00000260272	RP11-20123.1	chr16	2542260	2542371	0.287967335772047	3.54991931252535E-10
ENSG00000267142	CTD-3162L10.5	chr19	36912301	36912626	0.182422511441886	3.55208322232497E-10
ENSG00000265628	RN7SL723P	chr18	6415232	6415281	0.213390253950257	3.56707724531219E-10
ENSG00000178394	HTR1A	chr5	63256238	63256319	0.167584415898414	3.57255662398726E-10
ENSG00000201794	RN7SKP130	chr7	3019150	3019161	0.132165978374608	3.58562999833008E-10
ENSG00000251875	RNU5F-2P	chr1	179544737	179545326	0.131607333169179	3.59598705053065E-10
ENSG00000158106	RHPN1	chr8	144467903	144468051	0.105832569290749	3.62756239689873E-10
ENSG00000237532	AC012451.1	chr2	129494407	129494468	0.101795727377659	3.72463306507723E-10
ENSG00000162714	ZNF496	chr1	247511321	247511400	0.188486090301235	3.76918518994363E-10
ENSG00000263612	AF186192.6	chr8	145938455	145938881	0.163935103353357	3.83401137043127E-10
ENSG00000261623	RP11-189E14.4	chr16	49499599	49499613	0.138617660721359	3.86428187993992E-10
ENSG00000256294	ZNF225	chr19	44616148	44616191	0.177048613949497	3.8745776756572E-10
ENSG00000141933	TPGS1	chr19	518884	519340	0.194330045686403	3.90075607449457E-10
ENSG00000143499	SMYD2	chr1	214398552	214398645	0.231945375620205	3.91950626660768E-10
ENSG00000142530	FAM71E1	chr19	50961752	50961813	0.215873448656538	3.98356575703649E-10
ENSG00000238262	NTM-IT	chr11	132177563	132177583	0.141042022241783	3.99179410807661E-10
ENSG00000260184	RP11-42110.3	chr16	48845042	48845353	0.160140655857392	4.00733841705556E-10
ENSG00000200281	RNU6-624P	chr2	229044930	229045020	0.228768396071457	4.02010568368796E-10
ENSG00000186868	MAPT	chr17	43971529	43972028	0.153076747622598	4.25996917438055E-10
ENSG00000216042	MIR922	chr3	197401879	197401945	0.170353585087808	4.26424934719093E-10
ENSG00000236255	AC009404.2	chr2	118593649	118593724	0.185429190619459	4.28468593215071E-10
ENSG00000127564	PKMYT1	chr16	3017902	3018155	0.109999634058715	4.29825304565161E-10
ENSG00000127603	MACF1	chr1	39547870	39547889	0.118627178939853	4.42926979148105E-10
ENSG00000261614	YBX3P1	chr16	31579765	31579855	0.113460259222635	4.48185616901979E-10
ENSG00000257718	RP11-396F22.1	chr12	39300559	39300660	0.134427990921012	4.50384636100787E-10
ENSG00000228222	AC074363.1	chr2	168150605	168150667	0.126391491491668	4.5117479607925E-10
ENSG00000250150	RP11-436A7.1	chr4	168156467	168156481	0.100863821991342	4.62250334778628E-10
ENSG00000232821	AC003986.6	chr7	19151967	19152073	0.228418328725698	4.6368773403982E-10
ENSG00000185056	C5orf47	chr5	173400100	173400177	0.117872581332281	4.68430263087508E-10
ENSG00000104818	CGB2	chr19	49535119	49535163	0.116936699140299	4.69929227813102E-10
ENSG00000182698	RESP18	chr2	220197321	220197513	0.125330436563805	4.82179061136357E-10
ENSG00000125337	KIF25	chr6	168416844	168416887	0.155223214536799	4.84123957040271E-10
ENSG00000230451	RPS29P6	chr1	37784177	37784254	0.166493423916625	4.8485319487554E-10
ENSG00000251461	RP11-501C14.6	chr17	47091038	47091092	0.176015407705007	5.19307614584304E-10
ENSG00000204352	C9orf129	chr9	96108467	96108670	0.227845509584493	5.22980885766038E-10
ENSG00000126216	TUBGCP3	chr13	113098073	113098090	0.123511806504561	5.28004551754573E-10
ENSG00000257119	EEF1B2P4	chr12	107296838	107296882	0.136092871425147	5.3127712342049E-10
ENSG00000137809	ITGA11	chr15	68724410	68724668	0.111457345975559	5.40494315453056E-10
ENSG00000139540	SLC39A5	chr12	56625202	56625236	0.226914912592865	5.41841253001791E-10
ENSG00000100060	MFNG	chr22	37816404	37816473	0.155384276142726	5.43832363010107E-10
ENSG00000256527	AP002833.1	chr11	126873943	126874075	0.15482594819766	5.48371524467424E-10
ENSG00000123388	HOXC11	chr12	54366935	54367094	0.145238705259229	5.48906865924847E-10
ENSG00000107518	ATRNL1	chr10	116852687	116853596	0.106781319750908	5.51277640121591E-10
ENSG00000227958	RP11-399H11.3	chr9	138108675	138108700	0.131618147952302	5.72321417058907E-10
ENSG00000235559	NOL5BP	chr6	28753884	28753968	0.176766503889976	5.75486537560036E-10
ENSG00000187513	GJA4	chr1	35258502	35258790	0.175007844595997	5.81384321072022E-10
ENSG00000133393	FOPNL	chr16	15951981	15952422	0.183834528594167	5.87933432654542E-10
ENSG00000253495	RP11-99I9.2	chr8	120650966	120651069	0.12312711217731	5.89330526578762E-10
ENSG00000178226	PRSS36	chr16	31159510	31160008	0.144889965461727	5.93611483546988E-10
ENSG00000263013	RP11-876N24.5	chr16	11031529	11031572	0.149086069266143	6.05346932878584E-10
ENSG00000006062	MAP3K14	chr17	43339744	43339773	0.100060567372215	6.23815808609573E-10
ENSG00000213719	CLIC1	chr6	31696836	31696867	0.11057939598055	6.25092303951277E-10
ENSG00000148204	CRB2	chr9	126118732	126118806	0.30819071364153	6.27321416140713E-10
ENSG00000254370	RP11-181B11.1	chr8	28268291	28268318	0.110588596858388	6.42109619650897E-10
ENSG00000259094	RP11-77A13.1	chr2	119769144	119769297	0.131094297146289	6.4263936252113E-10
ENSG00000114349	GNAT1	chr3	50230431	50230495	0.139694031371016	6.45895135745646E-10
ENSG00000202515	VTRNA1-3	chr5	140105729	140105811	0.170449030104944	6.51059275600749E-10
ENSG00000238043	RP11-699L21.2	chr3	193698386	193698420	0.191618294870321	6.55158451905317E-10
ENSG00000075043	KCNQ2	chr20	62050378	62050450	0.165939380527458	6.65523666229283E-10
ENSG00000204446	C9orf170	chr9	89763337	89763749	0.20414481734252	6.67920080053177E-10
ENSG00000268654	MIMT1	chr19	57350883	57350929	0.102143719400566	6.72705380160689E-10

ENSG00000088543	C3orf18	chr3	50540221	50540312	0.140740458843934	6.7291227552392E-10
ENSG00000171094	ALK	chr2	29537754	29537793	0.129704892940287	6.86914799049784E-10
LRG_488	LRG_488	chr2	29537754	29537793	0.129704892940287	6.86914799049784E-10
ENSG00000158286	RNF207	chr1	6268613	6268668	0.12439733629296	6.90068458332771E-10
ENSG00000249407	IL20RB-AS1	chr3	136751612	136751682	0.106947586805308	6.91654720017129E-10
ENSG00000259989	CTD-2555A7.1	chr16	89061498	89061686	0.160068604729943	6.92234766793083E-10
ENSG00000258405	ZNF578	chr19	52956674	52956858	0.202140990603144	7.01152194905418E-10
ENSG00000266774	RP11-321M21.1	chr18	73166835	73166840	0.116259754523459	7.02211769077784E-10
ENSG00000178342	KCNG2	chr18	77616894	77616912	0.194924716476182	7.29338779310618E-10
ENSG00000171759	PAH	chr12	103218551	103218681	0.191555514260217	7.40942097300182E-10
ENSG00000145808	ADAMTS19	chr5	128795986	128796097	0.124570746090425	7.40969133415439E-10
ENSG00000232684	ATP11A-AS1	chr13	113427692	113427778	0.114553552966756	7.47683008694202E-10
ENSG00000152760	TCTEX1D1	chr1	67218090	67218292	0.18590234211108	7.48708227378073E-10
ENSG00000104967	NOVA2	chr19	46443556	46443690	0.187757549813061	7.57919546290556E-10
ENSG00000161682	FAM171A2	chr17	42431015	42431635	0.159802157731611	7.71936899924939E-10
ENSG00000243508	RP11-775J23.2	chr3	125075916	125075938	0.246327846218079	7.73511970160523E-10
ENSG00000176887	SOX11	chr2	5832804	5833017	0.208005659612407	7.76503634483984E-10
ENSG00000255989	RP11-711M9.1	chr2	74213690	74213765	0.182449821111281	7.77689213259434E-10
ENSG00000116251	RPL22	chr1	6241179	6241197	0.10782950756665	7.84860489223358E-10
ENSG00000167612	ANKRD33	chr12	52262976	52263072	0.1575747901235	7.85678085846307E-10
ENSG00000188525	AC010969.1	chr2	10146381	10146870	0.214578120017776	7.9581955502381E-10
ENSG00000180592	SKIDA1	chr10	21805201	21805284	0.112684473547543	8.00314865995597E-10
ENSG00000259166	RP11-1029J19.2	chr14	101923130	101923366	0.141370632985512	8.07838218155719E-10
ENSG00000258203	RP1-228P16.3	chr12	48398703	48398723	0.180119389974897	8.15365640446184E-10
ENSG00000225988	RP5-1119D9.4	chr20	9487119	9487155	0.171537236750825	8.18679961710825E-10
ENSG00000265164	MIR2681	chr13	102572393	102572458	0.229515012129005	8.36679859542846E-10
ENSG00000197361	FBXL22	chr15	63889527	63889573	0.131799427353236	8.43345709387932E-10
ENSG00000169717	ACTRT2	chr1	2848203	2848238	0.100102935694935	8.53223123382617E-10
ENSG00000267443	AC010641.1	chr19	384136	384321	0.214882057531764	8.60331770019955E-10
ENSG00000185070	FLRT2	chr14	85996495	85996946	0.232357155492588	8.74567848466455E-10
ENSG00000227512	RP11-413M3.4	chr9	139437409	139437427	0.181460638340165	8.83994286440615E-10
ENSG00000131196	NFATC1	chr18	77157011	77157021	0.10560121220419	8.89088068241575E-10
ENSG00000217576	RP11-248G5.8	chr13	52735075	52735120	0.263071747273906	9.03142037101038E-10
ENSG00000243406	MRPS31P5	chr13	52735075	52735120	0.263071747273906	9.03142037101038E-10
ENSG00000270143	AC004257.3	chr19	15344242	15344349	0.185387149945476	9.14898551499732E-10
ENSG00000183833	MAATS1	chr3	119421858	119421888	0.174837260221344	9.23028923968681E-10
ENSG00000229106	RP11-4M23.2	chr1	24229128	24229667	0.199676753304257	9.30667769063091E-10
ENSG00000221704	AC012305.1	chr2	236578869	236579887	0.140672536088972	9.42703341206877E-10
ENSG00000254367	RP11-211C9.1	chr8	8580340	8580453	0.129280836960265	9.50605215644112E-10
ENSG00000218109	KIRREL3-AS3	chr11	126872760	126872802	0.149126987053104	9.68456936617778E-10
ENSG00000205923	CEMP1	chr16	2574150	2574172	0.195205067626997	9.70489107203724E-10
ENSG00000266998	RP11-936I5.1	chr17	75369456	75369881	0.163292395656679	9.72147412201059E-10
ENSG00000182230	FAM153B	chr5	175487852	175487952	0.195782154409789	9.72216077792449E-10
ENSG00000140807	NKD1	chr16	50583227	50583273	0.175500754487647	9.85465313720921E-10
ENSG00000017373	SRCIN1	chr17	36666205	36666970	0.139468087560719	9.95258764498338E-10
ENSG00000254158	RP11-281O15.5	chr5	178422260	178422336	0.204088525092921	1.01511935477355E-09
ENSG00000233971	RPS20P10	chr2	72079590	72079609	0.151286644284473	1.01579988053255E-09
ENSG00000197134	ZNF257	chr19	22235199	22235321	0.212620472926419	1.03103428512493E-09
ENSG00000148408	CACNA1B	chr9	140771309	140772757	0.174738142051228	1.03229369497598E-09
ENSG00000267992	CTB-189B5.3	chr19	39521997	39522044	0.15075152095445	1.04008471069761E-09
ENSG00000251493	FOXD1	chr5	72740568	72740662	0.176229561821903	1.04395550336957E-09
ENSG00000188766	SPRED3	chr19	38879456	38879544	0.119966728282133	1.05333305413984E-09
ENSG00000109182	CWH43	chr4	48987953	48988534	0.216769207009317	1.07574279223885E-09
ENSG00000232746	RP11-767C1.1	chr3	12917731	12917998	0.108695860070004	1.07964404312347E-09
ENSG00000131435	PDLIM4	chr5	131593065	131593587	0.17795005572832	1.08514057627421E-09
ENSG00000233922	AL133493.2	chr21	47009954	47010061	0.163034926973771	1.08744304257664E-09
ENSG00000253230	LINC00599	chr8	9762616	9762850	0.163082748780049	1.10646349964383E-09
ENSG00000172247	C1QTNF4	chr11	47616170	47616187	0.105623335870362	1.14538369304925E-09
ENSG00000183741	CBX6	chr22	39269237	39269270	0.106601500653228	1.15757789115111E-09
ENSG00000197959	DNM3	chr1	171810490	171811062	0.181835505980252	1.16124255480188E-09
ENSG00000162624	LHX8	chr1	75594230	75594261	0.121160302659303	1.18038364081282E-09
ENSG00000221245	SNORA11	chr4	120502132	120502171	0.16561912803295	1.21018334139266E-09
ENSG00000254418	RP11-21L19.1	chr11	14280742	14281207	0.22664936257793	1.21235887850474E-09
ENSG00000260911	RP11-196G11.2	chr16	31054307	31054432	0.138959427959474	1.21355505973777E-09
ENSG00000228723	SRGAP3-AS2	chr3	9178120	9178188	0.16786709192662	1.22193292803909E-09
ENSG00000157557	ETS2	chr21	40195044	40195086	0.159120453656164	1.22737472915094E-09
ENSG00000257897	RP11-812D23.1	chr12	86658459	86658507	0.142418308240212	1.23059725009669E-09
ENSG00000054116	TRAPPC3	chr1	36591290	36591331	0.144368649076215	1.25463367533341E-09
ENSG00000180806	HOXC9	chr12	54388316	54388396	0.127494085736259	1.27211183915594E-09

ENSG0000059915	PSD	chr10	104169050	104169176	0.144094510885894	1.28016359655343E-09
ENSG00000228818	RP11-567G24.1	chr1	240256749	240257050	0.182903038694183	1.28248520297612E-09
ENSG00000157350	ST3GAL2	chr16	70404223	70404326	0.142720914690037	1.30666721211893E-09
ENSG00000235238	SUMO2P1	chr6	29596840	29596878	0.102316873298198	1.32905080625776E-09
ENSG00000255202	RP4-541C22.5	chr11	33677601	33677662	0.114954902165302	1.33207156463114E-09
ENSG00000271275	AC007326.9	chr22	18985526	18985699	0.203877516886165	1.34289029662885E-09
ENSG00000272327	RP11-1002K11.1	chr8	32504400	32504450	0.109623288823175	1.37372110569979E-09
ENSG00000201939	RNA5SP224	chr6	153453030	153453073	0.10721018866881	1.39377916279599E-09
ENSG00000108010	GLRX3	chr10	132001290	132001404	0.156749169179027	1.39632245571432E-09
ENSG00000235043	TECRP1	chr4	87966301	87966384	0.236834616668583	1.40024258509634E-09
ENSG00000236154	RP11-343J3.2	chr10	71336351	71336411	0.110298612208001	1.41333160621593E-09
ENSG00000214278	CTD-2228K2.2	chr5	373843	374420	0.108598016542175	1.42901746815998E-09
ENSG00000241293	PPATP1	chr3	87138203	87138325	0.175536928293969	1.43612003664105E-09
ENSG00000235749	RP11-634B7.4	chr1	247802762	247803176	0.218667498272623	1.48110510005469E-09
ENSG00000268626	AC103809.2	chr17	72346840	72346918	0.12447934709763	1.50153105319987E-09
ENSG00000146049	KAAG1	chr6	24358185	24358355	0.105487875404426	1.52248071849124E-09
ENSG00000223086	RNA5SP155	chr4	10113765	10113794	0.163831799103471	1.61618807262749E-09
ENSG00000250133	HOXC-AS2	chr12	54387858	54387991	0.144895728999883	1.62362181756495E-09
ENSG00000149557	FEZ1	chr11	125303250	125303255	0.117426106118993	1.65204275803308E-09
ENSG00000268777	CTD-3073N11.9	chr19	52034950	52034978	0.120776521071348	1.65784128243163E-09
ENSG00000179562	GCC1	chr7	127176832	127176849	0.156308836518983	1.69621384121072E-09
ENSG00000259461	ANP32BP3	chr15	81410719	81411066	0.244747705781417	1.70952892911264E-09
ENSG00000134365	CFHR4	chr1	196866436	196866477	0.244257341119325	1.71024521110423E-09
ENSG00000101210	EEF1A2	chr20	62120451	62120605	0.197708676149982	1.76099365178131E-09
ENSG00000162545	CAMK2N1	chr1	20799948	20799973	0.148069952495362	1.76954300354744E-09
ENSG00000162244	RPL29	chr3	52038348	52038397	0.202251942964508	1.77383809272079E-09
ENSG00000157119	KLHL40	chr3	42726970	42727014	0.13687449884752	1.77709916408833E-09
ENSG00000248560	CTB-14A14.2	chr5	180542133	180542401	0.103296229944217	1.79657601174161E-09
ENSG00000090447	TFAP4	chr16	4307789	4307906	0.140873597063314	1.79811066762285E-09
ENSG00000250866	CTD-2297D10.1	chr5	5183447	5183511	0.178869927317167	1.81273070786947E-09
ENSG00000268673	LLNLR-249E10.1	chr19	15871067	15871234	0.146640339781745	1.82277621504909E-09
ENSG00000235338	DUSP5P2	chr3	9595186	9595588	0.18407433590737	1.85326624745529E-09
ENSG00000221972	C3orf36	chr3	133646380	133646711	0.103720552441698	1.85989864698435E-09
ENSG00000105137	SYDE1	chr19	15217960	15217999	0.167614336845109	1.88005715359036E-09
ENSG00000267273	CTC-543D15.3	chr19	9609295	9609342	0.134225555171152	1.88201238488434E-09
ENSG00000164776	PHKG1	chr7	56147257	56147285	0.2456718446288	1.90030363961498E-09
ENSG00000215068	AC025171.1	chr5	43044640	43044733	0.131857512950775	1.90128831047696E-09
ENSG00000250385	RP11-310P5.2	chr5	528519	529012	0.163441555006565	1.90300050594043E-09
ENSG00000146678	IGFBP1	chr7	45928007	45928584	0.122895148692098	1.91333617426263E-09
ENSG00000233363	AC006019.4	chr7	154001965	154002095	0.189598900550231	1.92646305767567E-09
ENSG00000269223	AL158091.1	chr20	62463923	62464079	0.209035564185746	1.93866452173305E-09
ENSG00000185386	MAPK11	chr22	50705407	50705573	0.173700889340236	1.98018348160661E-09
ENSG00000202035	Y_RNA	chr7	72791734	72792075	0.164962900040363	1.98694669840907E-09
ENSG00000226425	RP11-348J12.2	chr10	94820027	94820083	0.232985559657634	1.99131386467051E-09
ENSG00000112562	SMOC2	chr6	168845708	168845736	0.297092400740696	2.00129520480953E-09
ENSG00000157005	SST	chr3	187388148	187388175	0.178306274706228	2.01396091760867E-09
ENSG00000223759	RP11-353N4.4	chr1	149672849	149672949	0.14751941259532	2.01669180141269E-09
ENSG00000144395	CCDC150	chr2	197458416	197458491	0.160882782217925	2.03253754991827E-09
ENSG00000200816	SNORA38	chr6	31590576	31590622	0.126431852921881	2.03542347248095E-09
ENSG00000115041	KCNIP3	chr2	95971735	95971771	0.118449125747847	2.04466951622253E-09
ENSG00000241251	RP11-73B8.1	chr12	43946493	43946539	0.146248414909344	2.10830346861199E-09
ENSG00000153303	FRMD1	chr6	168501903	168501963	0.197497989798054	2.13563067918025E-09
ENSG00000239405	TMED10P2	chr3	128273567	128273598	0.139783777609802	2.14372416610479E-09
ENSG00000115361	ACADL	chr2	211090271	211090321	0.112013451910794	2.16724914131547E-09
ENSG00000241159	RN7SL160P	chr2	71192178	71192460	0.161801099796418	2.16937401721197E-09
ENSG00000254787	CTD-2537O9.1	chr11	84431977	84432211	0.132888763424905	2.25887661323444E-09
ENSG00000225180	AATK-AS1	chr17	79140439	79140486	0.122460361875289	2.27066547010174E-09
ENSG00000080031	PTPRH	chr19	55690678	55690760	0.100544894416584	2.27701377987785E-09
ENSG00000251789	RNU4-57P	chr1	223538555	223538627	0.130491375184369	2.31287139174106E-09
ENSG00000168269	FOXI1	chr5	169532686	169532702	0.112600941611302	2.32228902418167E-09
ENSG00000163421	PROK2	chr3	71834206	71834587	0.103121097220068	2.3565455956892E-09
ENSG00000162461	SLC25A34	chr1	16061542	16061577	0.149118455910824	2.36423645882142E-09
ENSG00000157404	KIT	chr4	55523883	55524712	0.103850420749854	2.36853083617257E-09
ENSG00000164638	SLC29A4	chr7	5278585	5278631	0.199959119486664	2.38906899956939E-09
ENSG00000271707	ATP1B3P1	chr2	60962854	60963051	0.138692132851542	2.45292972400003E-09
ENSG00000146001	PCDHB18	chr5	140614089	140614130	0.142832471250889	2.475377149785E-09
ENSG00000214645	AL162389.1	chr9	110482483	110482489	0.162773086562603	2.50168118016117E-09
ENSG00000232596	RP1-37J18.2	chr1	4645393	4645517	0.189634651525731	2.6249979848562E-09
ENSG00000177354	C10orf71	chr10	50507287	50507308	0.125280908263196	2.63951582762623E-09

ENSG00000257817	RP4-601P9.2	chr12	115135318	115135389	0.116122172479136	2.68093375417168E-09
ENSG00000226861	RP5-1119O21.2	chr10	8338518	8338541	0.199200688328845	2.6926790954892E-09
ENSG00000207071	RNU6-1207P	chr10	45693727	45693777	0.107527870042748	2.72733321739227E-09
ENSG00000254966	RP11-1081L13.4	chr11	18727859	18728137	0.163236751392803	2.73258494186853E-09
ENSG00000115841	RMDN2	chr2	38151569	38151600	0.282125365710622	2.75581905288404E-09
ENSG00000186543	CROCCP5	chr1	21763320	21763401	0.157404067406588	2.78489017083143E-09
ENSG00000268120	CTD-3193O13.11	chr19	7937320	7937351	0.186040914478192	2.80364417559282E-09
ENSG00000213393	RP11-546B8.1	chr5	170764090	170764138	0.135355534633701	2.81259417156808E-09
ENSG00000222020	AC062017.1	chr2	240362490	240362532	0.13946190269345	2.81411829953724E-09
ENSG00000163060	TEKT4	chr2	95537210	95537252	0.179330700008239	2.82819458289018E-09
ENSG00000196502	SULT1A1	chr16	28622126	28622156	0.121839195205332	2.83613211919626E-09
ENSG00000124449	IRGC	chr19	44203819	44203986	0.122419712592882	2.86618972561101E-09
ENSG00000146618	FERD3L	chr7	19184819	19185020	0.185658593899999	2.87076212495283E-09
ENSG00000126790	L3HYPDH	chr14	59930456	59930659	0.163431934807183	2.89409865164412E-09
ENSG00000180739	S1PR5	chr19	10628078	10628200	0.104205844361956	2.93973868784115E-09
ENSG00000177614	PGBD5	chr1	230561104	230561193	0.141075766344518	2.96365985190494E-09
ENSG00000177511	ST8SIA3	chr18	55019185	55019234	0.121063946970809	2.9743797937826E-09
ENSG00000254514	RP11-958J22.3	chr11	45628185	45628269	0.16107658377147	3.00305157917568E-09
ENSG00000116731	PRDM2	chr1	14057521	14057565	0.179481724650912	3.01251427986139E-09
ENSG00000175985	PLEKHD1	chr14	69952036	69952110	0.112077978251368	3.01426256265096E-09
ENSG00000146592	CREB5	chr7	28448071	28448103	0.205118891024034	3.01500279112189E-09
ENSG00000258186	SLC7A5P2	chr16	21528357	21528370	0.174562597601057	3.05080683886065E-09
ENSG00000271959	CTD-3064M3.7	chr8	142446766	142447026	0.180604568579134	3.09923809646628E-09
ENSG00000180822	PSMG4	chr6	3229916	3230089	0.102012231208508	3.11840411084016E-09
ENSG00000258366	RTEL1	chr20	62283517	62284157	0.12794400920098	3.12043381951628E-09
ENSG00000112038	OPRM1	chr6	154360401	154360433	0.164769906888794	3.15304576850117E-09
ENSG00000267069	RP11-64C12.8	chr18	12287624	12287714	0.137627274311712	3.17351869337351E-09
ENSG00000221169	AC013444.2	chr2	143783963	143784053	0.192262291861709	3.18086890198117E-09
ENSG00000248222	RN7SL575P	chr2	95664348	95664423	0.207754782342065	3.19517349837704E-09
ENSG00000261120	RP11-62H20.1	chr14	60336646	60336755	0.10302324541544	3.20175149875666E-09
ENSG00000178031	ADAMTSL1	chr9	18473902	18473959	0.159282759308776	3.21441720702798E-09
ENSG00000187658	C5orf52	chr5	157099197	157099235	0.122792023505658	3.21609014055075E-09
ENSG00000252180	Y_RNA	chr1	17476029	17476162	0.214150364550417	3.25154249577963E-09
ENSG00000228630	HOTAIR	chr12	54355460	54355490	0.169849495656987	3.31311173433749E-09
ENSG00000265859	MIR5704	chr3	131752683	131752709	0.145366920998501	3.33777005495765E-09
ENSG00000265015	RP11-454P7.3	chr18	15197606	15197811	0.188488475316488	3.3894366032471E-09
ENSG00000214273	AGGF1P1	chr4	190962563	190962734	0.143659978686944	3.42018951080949E-09
ENSG00000121743	GJA3	chr13	20716138	20716428	0.191499219892247	3.42856394743528E-09
ENSG00000145708	CRHBP	chr5	76249079	76249094	0.16837377967126	3.48746162965149E-09
ENSG00000214435	AS3MT	chr10	104629142	104629425	0.1422411246166	3.49925883750186E-09
ENSG00000238277	AC068483.1	chr2	129659867	129659938	0.14221097424906	3.53286520662899E-09
ENSG00000250015	CTC-339F2.2	chr5	115697144	115697302	0.260851692893149	3.54996739076261E-09
ENSG00000272405	RP11-284F21.10	chr1	156611640	156611655	0.148949483907047	3.56107135173013E-09
ENSG00000106038	EVX1	chr7	27282094	27282121	0.127252139781483	3.58826415351307E-09
ENSG00000139531	SUOX	chr12	56393879	56393929	0.162935136012673	3.60497853704119E-09
ENSG00000104435	STMN2	chr8	80523373	80523476	0.164967844471865	3.60850831394931E-09
ENSG00000113248	PCDHB15	chr5	140625044	140625089	0.138579815909227	3.70474224478168E-09
ENSG00000216116	AC117479.1	chr3	79815662	79815795	0.153377523824112	3.73454630713996E-09
ENSG00000197891	SLC22A12	chr11	64358265	64358276	0.113628900849878	3.74368828137722E-09
ENSG00000204566	C10orf115	chr10	23492902	23492947	0.140156581649308	3.81620456536354E-09
ENSG00000261696	RP11-354P17.15	chr9	21395929	21396363	0.110881685795323	3.825282548304E-09
ENSG00000137642	SORL1	chr11	121542211	121542262	0.149691396687473	3.85690498695631E-09
ENSG00000268869	ESPNP	chr1	17018684	17018769	0.137784917901893	3.86273185849347E-09
ENSG00000262786	RP11-214O1.1	chr17	14200747	14200988	0.11786699747735	3.87896704145715E-09
ENSG00000167840	ZNF232	chr17	5000872	5001204	0.147869758172949	3.9041473547463E-09
ENSG00000143674	MLK4	chr1	233497871	233497916	0.189915899838816	3.97108456870558E-09
ENSG00000064545	TMEM161A	chr19	19231792	19231829	0.122654604666077	3.98168252648386E-09
ENSG00000105131	EPHX3	chr19	15335096	15335140	0.1329820268187	4.01015953138968E-09
ENSG00000215841	RP11-800A3.2	chr11	72912434	72912448	0.225707715830753	4.0109876258817E-09
ENSG00000261115	TMEM178B	chr7	140773736	140774391	0.163744816726824	4.09027789333203E-09
ENSG00000223764	RP11-54O7.3	chr1	854766	854838	0.103529171172773	4.18482369349865E-09
ENSG00000139304	PTPRQ	chr12	80794649	80794696	0.135297562147025	4.19387329674886E-09
LRG_52	LRG_52	chr16	88712435	88712592	0.154718577576297	4.19555541286282E-09
ENSG00000187260	WDR86	chr7	151078532	151078936	0.141604039405325	4.29501240698352E-09
ENSG00000130332	LSM7	chr19	2308036	2308475	0.138263268098479	4.2988417822807E-09
ENSG00000231752	EMBP1	chr1	121260858	121261237	0.184227289811464	4.30067602618813E-09
ENSG00000175325	PROP1	chr5	177412940	177413021	0.108101525080345	4.30977096522296E-09
ENSG00000179141	MTUS2-AS1	chr13	30062861	30062899	0.180730090092674	4.32166031485549E-09
ENSG00000110092	CCND1	chr11	69452398	69452607	0.102140825700433	4.35943196136637E-09

ENSG00000239608	RUVBL1-AS1	chr3	127795190	127795264	0.1351510773677755	4.37126455328945E-09
ENSG00000159788	RGS12	chr4	3288840	3289014	0.125662688065497	4.38151498301675E-09
ENSG00000154783	FGD5	chr3	14852236	14852865	0.1573938652954	4.46093575893083E-09
ENSG00000242102	RN7SL152P	chr4	141500478	141500775	0.14854098384337	4.47379517860496E-09
ENSG00000239610	RN7SL13P	chr7	97680664	97680734	0.177089475561656	4.49785518154696E-09
ENSG00000241679	RP11-80H8.4	chr3	142840933	142840978	0.10971523694292	4.6661483667596E-09
ENSG00000054598	FOXC1	chr6	1611072	1611216	0.116028067409083	4.67356332885411E-09
ENSG00000236654	AC079780.3	chr7	23514315	23514411	0.114278055603996	4.75629088205049E-09
ENSG00000242169	RP11-219G10.1	chr4	189204296	189204473	0.131098318657757	4.77365221893891E-09
ENSG00000237592	IGKV1OR10-1	chr10	42672476	42672549	0.187996366443109	4.78909978433775E-09
ENSG00000129159	KCNC1	chr11	17755887	17755937	0.113571458679057	4.81839414039128E-09
ENSG00000128610	FEZF1	chr7	121941971	121942010	0.100170159652954	4.84257413864502E-09
ENSG00000271492	MEMO1P5	chr13	96056480	96056539	0.140499362518518	4.88252414807394E-09
ENSG00000183674	LINC00518	chr6	10426397	10426466	0.111800752026956	4.96059782349956E-09
ENSG00000180190	TDRP	chr8	495602	496011	0.235608101915374	5.03153561494832E-09
ENSG00000186891	TNFRSF18	chr1	1136366	1136472	0.14461854314219	5.03635324737584E-09
ENSG00000259111	RP11-280K24.1	chr14	52211628	52211701	0.102090949521661	5.30407336838113E-09
ENSG00000244459	RP11-1398P2.1	chr4	1580273	1580437	0.151563817216589	5.37419067187522E-09
ENSG00000186301	MST1P2	chr1	16975414	16975443	0.134051630915667	5.38104755801814E-09
ENSG00000227659	CLYBL-AS2	chr13	100357062	100357097	0.16329990097896	5.56108471743977E-09
ENSG00000203326	ZNF525	chr19	53868905	53869062	0.104222969207232	5.59760584842869E-09
ENSG00000008735	MAPK8IP2	chr22	51042294	51043095	0.17286453419886	5.61768448477197E-09
ENSG00000236647	RP11-503C24.4	chr6	168665140	168665167	0.160562480782038	5.67422009391219E-09
ENSG00000227265	AC073464.4	chr2	95401381	95401499	0.161068938747534	5.68282467114834E-09
ENSG00000131127	ZNF141	chr4	330829	331338	0.101725027702032	5.76147650092962E-09
ENSG00000138741	TRPC3	chr4	122872156	122872782	0.119605169854975	5.76655362834107E-09
ENSG00000187855	ASCL4	chr12	108168987	108169281	0.163761429552976	5.77559909255285E-09
ENSG00000114841	DNAH1	chr3	52351345	52351384	0.129853270343454	5.82455750749196E-09
ENSG00000125820	NKX2-2	chr20	21491707	21491746	0.231713284976752	5.93659530626382E-09
ENSG00000229332	PGBD4P8	chr1	60539274	60539539	0.140170932759973	6.13970855260172E-09
ENSG00000221544	AL359709.1	chr6	105627407	105628069	0.122813168333549	6.15028268442337E-09
ENSG00000214727	RPL5P35	chr22	50146156	50146246	0.137195557070386	6.24772687749518E-09
ENSG00000154358	OBSCN	chr1	228396098	228396129	0.103268011026752	6.27998889567105E-09
ENSG00000231482	AC141930.2	chr2	1566929	1566953	0.106110538695828	6.36447543398783E-09
ENSG00000230131	RP11-282I1.1	chr10	125117429	125117467	0.113934794737587	6.45046253990232E-09
ENSG00000229409	RP11-494O16.3	chr22	50242149	50242627	0.156581158086815	6.52252989547499E-09
ENSG00000259805	RP11-382A20.5	chr15	83620951	83621715	0.1118346799284	6.53105121246768E-09
ENSG00000263958	RP11-676J15.1	chr18	70535389	70535526	0.181586701843343	6.55402464544935E-09
ENSG00000234104	RP5-1177M21.1	chr20	21000775	21000837	0.145188057184116	6.63559162005895E-09
ENSG00000239775	AC017116.11	chr7	44104584	44104607	0.125249760817934	6.78907383498373E-09
ENSG00000232815	LINC00537	chr9	68414168	68414200	0.114000387058522	6.79606734807483E-09
ENSG00000160298	C21orf58	chr21	47717959	47718058	0.186207008201099	6.86231220806534E-09
ENSG00000254489	RP5-1024C24.1	chr11	30605570	30605799	0.161382078685347	6.87459485174814E-09
ENSG00000163406	SLC15A2	chr3	121612907	121612956	0.154548745814535	6.87615282147207E-09
ENSG00000263159	RP11-462G12.4	chr16	4056768	4056817	0.157218334630142	6.906072715791E-09
ENSG00000232456	RP11-5P18.10	chr1	16353874	16353923	0.128474391920662	6.92086627941472E-09
ENSG00000201825	RNU6-1131P	chr18	44773599	44774313	0.179615380588086	6.9669486520055E-09
ENSG00000229225	RP11-5P4.3	chr1	63540286	63540312	0.138486307843656	6.9820602105619E-09
ENSG00000226409	RP11-735G4.1	chr6	125684945	125684975	0.106902005574057	7.09061075970606E-09
ENSG00000266990	AC004528.4	chr19	1000099	1000113	0.10885866238225	7.15519223413654E-09
ENSG00000188994	ZNF292	chr6	87862243	87862290	0.154318625757008	7.17238697582453E-09
ENSG00000269504	AC003973.4	chr19	22193724	22193759	0.141469897938865	7.22790266265124E-09
ENSG00000167281	RBF0X3	chr17	77093866	77093951	0.113025808395152	7.36248592916367E-09
ENSG00000202167	RNU1-114P	chr1	149146866	149146954	0.138005302655213	7.41869797035577E-09
ENSG00000186350	RXRA	chr9	137228514	137228542	0.122891543763171	7.56260430588484E-09
ENSG00000271180	RP11-665C16.8	chr14	55707692	55707876	0.166474958965228	7.62121951913563E-09
ENSG00000199732	Y_RNA	chr8	97345444	97345539	0.100963018804158	7.67450657258486E-09
ENSG00000269364	CTC-457E21.2	chr19	22715464	22715596	0.164667639705196	7.75239031254283E-09
ENSG00000231990	RP11-53B5.1	chr9	96622426	96622431	0.137467123895369	7.76215487688162E-09
ENSG00000226633	PPIAP28	chr13	20736320	20736406	0.10268735362803	7.84518089958726E-09
ENSG00000167723	TRPV3	chr17	3439179	3439312	0.164150924748479	7.86444600930469E-09
ENSG00000264582	RN7SL326P	chr1	41283841	41283983	0.157382731248375	7.90843258729391E-09
ENSG00000213722	DDAH2	chr6	31696423	31696482	0.10749714772163	7.95452706160142E-09
ENSG00000272279	RP11-157J24.2	chr6	1524532	1524564	0.154485718282379	7.99445922919392E-09
ENSG00000251661	RP11-326C3.11	chr11	315697	316622	0.207162948219726	8.02806229625033E-09
ENSG00000225251	RPL5P25	chr10	13043940	13043967	0.115133615453478	8.13441330143848E-09
ENSG00000152527	PLEKHH2	chr2	43865097	43865118	0.126535045058323	8.25701225666708E-09
ENSG00000229721	RP11-252I14.1	chr5	179634743	179634872	0.118828146342537	8.25911478848236E-09
ENSG00000236651	AC104801.1	chr2	172974726	172974819	0.239991115983689	8.39982706988615E-09

ENSG00000152154	TMEM178A	chr2	39893070	39893622	0.106765418187667	8.60364345481042E-09
ENSG00000259954	IL21R-AS1	chr16	27461206	27461260	0.114610808051167	8.63692816769298E-09
ENSG00000226807	MROH5	chr8	142425441	142425715	0.167085126653796	8.71429422445545E-09
ENSG00000185313	SCN10A	chr3	38691626	38691670	0.118861287772615	8.76896522780494E-09
ENSG00000267790	RP11-316M20.1	chr17	75692482	75692598	0.216486702285675	8.78399679402373E-09
ENSG00000243902	RP1-63G5.5	chr22	37731020	37731034	0.110604505176422	8.89690495747357E-09
ENSG00000229380	AC147651.5	chr7	601585	601728	0.233901399073724	9.08905235920316E-09
ENSG00000266431	MIR5580	chr14	54413931	54413983	0.256787489988668	9.49562573659421E-09
LRG_394	LRG_394	chr20	42744466	42744951	0.127218472119731	9.67239551751634E-09
ENSG00000100473	COCH	chr14	31343356	31344084	0.13242343619305	1.02377680607095E-08
ENSG00000263905	RN7SL555P	chr20	3074185	3074231	0.176238884198787	1.05035151484408E-08
ENSG00000271367	RP3-483K16.4	chr6	53214008	53214042	0.106813176668613	1.06712268452881E-08
ENSG00000109851	DBX1	chr11	20177609	20177692	0.151287403635695	1.11132650275979E-08
ENSG00000266149	RP11-789C17.3	chr18	8367052	8367074	0.175025147904782	1.1160570126742E-08
ENSG00000228643	AC079779.4	chr2	287354	287417	0.148990898731948	1.16837484694299E-08
ENSG00000215942	AP000866.1	chr11	124713057	124713394	0.109588267914668	1.20980290153593E-08
ENSG00000232715	LINC01022	chr7	158363329	158363481	0.143077277472888	1.2158446383912E-08
ENSG00000196557	CACNA1H	chr16	1202325	1202588	0.1442850197889	1.22566958580286E-08
ENSG00000238579	snoU13	chr4	57861927	57861975	0.258797510145796	1.24085099173272E-08
ENSG00000234952	RP11-328K15.1	chr10	119494502	119494822	0.160447048548719	1.29712677240844E-08
ENSG00000228283	KATNBL1P6	chr6	147124860	147124988	0.196335897414105	1.29917348491874E-08
ENSG00000234757	CA15P2	chr22	20484681	20484790	0.216606406241817	1.30223056209459E-08
ENSG00000145332	KLHL8	chr4	87980306	87980345	0.129108807311141	1.32646253167128E-08
ENSG00000233347	ERP29P1	chr20	50721518	50722033	0.132905855271997	1.32764974832688E-08
ENSG00000251359	WWC2-AS2	chr4	184018434	184018460	0.124729050770192	1.34337033671995E-08
ENSG00000263146	RP11-849I19.1	chr18	76736707	76736785	0.145095583244815	1.34465626449628E-08
ENSG00000102854	MSLN	chr16	801820	801989	0.163062668186183	1.346777842763713E-08
ENSG00000137731	FXVD2	chr11	117668235	117668336	0.130120964316952	1.35285629367862E-08
ENSG00000124275	MTRR	chr5	7850922	7851285	0.170878011372993	1.36181409067837E-08
ENSG00000264007	RP11-68I3.10	chr17	27949661	27949930	0.159441019583895	1.3845991855454E-08
ENSG00000260385	RP11-450H6.3	chr13	112730080	112730087	0.106470918273385	1.42128292119505E-08
ENSG00000221186	AC114798.1	chr4	183728201	183728394	0.12965816109953	1.4635290681249E-08
ENSG00000138336	TET1	chr10	70321252	70321395	0.138632038430993	1.46377140640286E-08
ENSG00000162747	FCGR3B	chr1	161591591	161591659	0.174566054865187	1.47429749154801E-08
ENSG00000146221	TCTE1	chr6	44243732	44244232	0.171181322605488	1.47478362974475E-08
ENSG00000081692	JMJD4	chr1	227921578	227921625	0.105104684826836	1.47607454906114E-08
ENSG00000263828	MIR4439	chr2	225906026	225906055	0.117696789922407	1.48509663928018E-08
ENSG00000145063	AC062028.1	chr2	11164513	11164567	0.114352198202885	1.48982123671593E-08
ENSG00000177238	TRIM72	chr16	31225962	31226514	0.133631361508881	1.50351111494054E-08
ENSG00000268379	CTC-360J11.4	chr19	57683693	57683833	0.237140195705123	1.55102842982561E-08
ENSG00000244237	RP11-1046B16.1	chr14	70015542	70015549	0.148820483320785	1.55568564669845E-08
ENSG00000249785	CTD-2061E9.1	chr5	28287516	28287601	0.226480353489872	1.55851781020293E-08
ENSG00000004478	FKBP4	chr12	2903484	2903624	0.117541429027267	1.55995217849136E-08
ENSG00000088756	ARHGAP28	chr18	6729625	6730036	0.10736384273918	1.57182501195339E-08
ENSG00000227700	RP11-301M17.1	chr1	147718713	147718950	0.144782103087059	1.58913408070044E-08
ENSG00000131055	COX4I2	chr20	30225601	30225838	0.180775013484653	1.60363811756683E-08
ENSG00000064225	ST3GAL6	chr3	98451119	98451162	0.109376909104442	1.60503036013345E-08
ENSG00000255509	RP11-445F12.1	chr17	35241821	35241864	0.122230405783593	1.61238334439088E-08
ENSG00000253537	PCDHGA7	chr5	140762402	140762471	0.148756525647037	1.62030349953435E-08
ENSG00000129521	EGLN3	chr14	34269906	34270482	0.172839187334174	1.6205960209485E-08
ENSG00000252240	AC096643.1	chr1	219834537	219834571	0.188999201723093	1.67505320180566E-08
ENSG00000156509	FBXO43	chr8	101118810	101118843	0.111795680073212	1.68227103363302E-08
ENSG00000203878	CHIAP2	chr1	111814117	111814228	0.150050151085911	1.68334110341716E-08
ENSG00000197176	RP11-76E12.1	chr14	98101672	98101758	0.11595011604851	1.68629907927185E-08
ENSG00000130518	KIAA1683	chr19	18344435	18344455	0.132983554054271	1.6875988116609E-08
ENSG00000228653	HNRNPCP7	chr7	63955997	63956089	0.137045952699649	1.69585748937049E-08
ENSG00000171793	CTPS1	chr1	41444642	41444691	0.14133487184658	1.71254448970374E-08
ENSG00000168502	SOGA2	chr18	8708612	8708628	0.100992439716499	1.75275442037853E-08
ENSG00000244153	WWP1P1	chr3	98376317	98376574	0.139063778144158	1.77095666680023E-08
ENSG00000210181	RNU6ATAC4P	chr3	36986158	36986887	0.100322423494877	1.81732940720785E-08
ENSG00000271709	RP11-297J22.1	chr2	121637403	121637419	0.154757993030627	1.82814476978252E-08
ENSG00000255651	RP11-466C23.4	chr11	63533488	63533649	0.129778456181815	1.82942743988299E-08
ENSG00000091428	RAPGEF4	chr2	173600551	173600969	0.130372713504055	1.8414586216178E-08
ENSG00000154237	LRRK1	chr15	101513632	101514306	0.202899591113784	1.84293855557695E-08
ENSG00000130640	TUBGCP2	chr10	135090592	135090621	0.106405156917523	1.88687912701398E-08
ENSG00000270330	RP5-892F13.2	chr1	8002425	8002539	0.147937137632661	1.89192736389168E-08
ENSG00000142149	HUNK	chr21	33247847	33247938	0.188276055014366	1.9015252537564E-08
ENSG00000242553	AP001432.14	chr21	38592996	38593243	0.103070029212915	1.90742115663578E-08
ENSG00000084754	HADHA	chr2	26407109	26407308	0.108389137214901	1.93266455365632E-08

ENSG00000164619	BMPER	chr7	33944284	33944298	0.10223128571888	1.93361155681537E-08
ENSG00000173258	ZNF483	chr9	114287300	114287760	0.120091030253187	1.9544678411542E-08
ENSG00000255965	RP11-408118.9	chr12	124893388	124893418	0.215235641119074	1.95859744096396E-08
ENSG00000161905	ALOX15	chr17	4545218	4545265	0.146686759642285	1.97360537476614E-08
ENSG00000083857	FAT1	chr4	187629919	187629950	0.13268480705279	2.07791882454002E-08
ENSG00000105428	ZNRF4	chr19	5478447	5478566	0.226987160744168	2.08618651271427E-08
ENSG00000178734	C13orf45	chr13	76392745	76392789	0.148755881615119	2.09903446541453E-08
ENSG00000259204	RP11-394B5.2	chr15	51385862	51385970	0.108570399450044	2.11544606824708E-08
ENSG00000185074	OR7E31P	chr9	92984659	92984704	0.109181131302016	2.19925809683063E-08
ENSG00000184956	MUC6	chr11	1029938	1030054	0.100090131728164	2.31219235925988E-08
ENSG00000235154	CTA-280A3_B.2	chr22	48486150	48486199	0.195544676533069	2.3441614619289E-08
ENSG00000197769	MAP1LC3C	chr1	242161771	242161799	0.130986932846565	2.35252759593154E-08
ENSG00000186509	OR9Q1	chr11	57791502	57791611	0.18943481243592	2.39080327177802E-08
ENSG00000068781	STON1-GTF2A1L	chr2	48757653	48757778	0.143465111925994	2.43241864611851E-08
ENSG00000264713	AC106878.1	chr4	170696427	170696480	0.182399046109104	2.44603752306763E-08
ENSG00000266570	MIR5579	chr11	79147737	79147781	0.185321954095215	2.46764323777419E-08
ENSG00000158560	DYNC1I1	chr7	95402245	95402267	0.11480484030138	2.47404369681639E-08
ENSG00000137857	DUOX1	chr15	45421951	45422371	0.128341005611844	2.49118964534141E-08
ENSG00000266494	MIR4641	chr6	41552517	41552550	0.183304832116616	2.50410401247737E-08
ENSG00000271071	RP11-457M11.6	chr6	26613479	26613509	0.135343276731453	2.51454547642907E-08
ENSG00000187642	C1orf170	chr1	917655	917743	0.102282953869608	2.58043215163804E-08
ENSG00000252839	RNU6-419P	chr14	73712633	73712967	0.195177889022341	2.58357606278246E-08
ENSG00000172915	NBEA	chr13	35516421	35517553	0.11339309353987	2.63277598617467E-08
ENSG00000176510	OR10AC1P	chr7	143207996	143208214	0.190748572775208	2.65823000892074E-08
ENSG00000141668	CBLN2	chr18	70208979	70209534	0.206605627959133	2.69029026525337E-08
ENSG00000130433	CACNG6	chr19	54495255	54495297	0.110586976160778	2.75000695542181E-08
ENSG00000169026	MFSDF	chr4	682672	683240	0.13375558761799	2.80675494895614E-08
ENSG00000259910	RP11-616M22.2	chr16	1219409	1219766	0.134406224769453	2.8248732497619E-08
ENSG00000269656	CTD-2571L23.6	chr19	48260355	48260390	0.176407060873575	2.84394812388819E-08
ENSG00000260255	RP11-185O21.1	chr16	25879737	25879779	0.136230169871667	2.97114937318115E-08
ENSG00000264984	MIR5691	chr11	9112174	9112219	0.15962316522518	2.97873233242455E-08
ENSG00000272694	RP1-63G5.8	chr22	37815804	37816030	0.132760573488953	2.98183826779089E-08
ENSG00000232767	RP11-498B4.5	chr10	118429583	118429690	0.187701317613302	3.02048277740296E-08
ENSG00000110066	SUV420H1	chr11	67933294	67933312	0.206546262746804	3.06898115017111E-08
ENSG00000236564	YWHAQP5	chr2	99342986	99343016	0.184655579665652	3.07307426285691E-08
ENSG00000173825	TIGD3	chr11	65123219	65123309	0.162686351756454	3.11847200820795E-08
ENSG00000258611	RP11-368J22.2	chr15	93615041	93615073	0.101797058582697	3.16176154852732E-08
ENSG00000266656	AC104066.1	chr4	53617005	53617893	0.109596520665894	3.18434280689189E-08
ENSG00000205744	DENND1C	chr19	6476698	6477045	0.23003972135411	3.18724727792939E-08
ENSG00000176971	FIBIN	chr11	27015753	27015897	0.104463778967746	3.2100637778815E-08
ENSG00000144045	DQX1	chr2	74743939	74743962	0.159408977808383	3.34860956313508E-08
ENSG00000270755	RP11-138E2.1	chr9	132806098	132806137	0.114737905680948	3.37454875023154E-08
ENSG00000069345	DNAJA2	chr16	46964129	46964201	0.100014865840597	3.38478368037638E-08
ENSG00000260903	XKR7	chr20	30555908	30556196	0.115492064041074	3.39738989574486E-08
ENSG00000249791	CTC-428G20.2	chr5	114514773	114514997	0.140355084218726	3.41852954312592E-08
ENSG00000229473	RGS17P1	chr13	41594891	41594904	0.144418063585814	3.42327541585768E-08
ENSG00000055732	MCOLN3	chr1	85513124	85513178	0.126389087870405	3.45553713123034E-08
ENSG00000235110	RP11-8J23.1	chr3	143566798	143566845	0.166000543228938	3.49539716188404E-08
ENSG00000182759	MAFA	chr8	144502686	144502999	0.14303928359632	3.49781262003554E-08
ENSG00000137204	SLC22A7	chr6	43244198	43244297	0.155094577897328	3.52832316046972E-08
ENSG00000243766	HOTTIP	chr7	27252682	27252719	0.209705107025057	3.55535277372841E-08
ENSG00000105559	PLEKHA4	chr19	49340508	49340521	0.134320799398011	3.5595349769413E-08
ENSG00000070404	FSTL3	chr19	675472	675500	0.10937890547109	3.57559136148587E-08
ENSG00000189238	LINC00943	chr12	127211119	127211582	0.206177855989121	3.57749793843534E-08
ENSG00000116954	RRAGC	chr1	39281952	39282017	0.1441127750953	3.58038332110296E-08
ENSG00000266924	RP11-154H12.2	chr18	77548813	77549037	0.112992182859873	3.58579462847662E-08
ENSG00000167635	ZNF146	chr19	36736187	36736428	0.154474777182573	3.59941539801279E-08
ENSG00000188620	HMX3	chr10	124895246	124895474	0.106124907345664	3.62659492162731E-08
ENSG00000156885	COX6A2	chr16	31439307	31439681	0.127542606863503	3.65750911330619E-08
ENSG00000118257	NRP2	chr2	206550783	206550803	0.122726568196729	3.72351549547093E-08
ENSG00000257859	CASC18	chr12	105917059	105917092	0.129759799892196	3.73057786675389E-08
ENSG00000199520	RNU6-386P	chr3	77089444	77089520	0.107418615980283	3.75220115480248E-08
ENSG00000256391	SDIM1	chr6	166268623	166268649	0.107831317736339	3.88252005122343E-08
ENSG00000144668	ITGA9	chr3	37493419	37494120	0.114303322346226	3.89915004223449E-08
ENSG00000207559	MIR578	chr4	166301016	166301076	0.131749936195013	3.91466033563262E-08
ENSG00000164500	C7orf72	chr7	50132634	50132917	0.129191754184568	3.9943547032695E-08
ENSG00000189057	FAM111B	chr11	58870454	58870494	0.141829868579488	4.07640903157028E-08
ENSG00000184730	APOBR	chr16	28505320	28505346	0.104304766017155	4.08939074488708E-08
ENSG00000225485	ARHGAP23	chr17	36575284	36575744	0.113088050770047	4.11569897712991E-08

ENSG00000261934	PCDHGA9	chr5	140777473	140777611	0.173456024591048	4.22558300560233E-08
ENSG00000230951	RP11-573D15.6	chr3	186490603	186490724	0.136278933571707	4.36368566978313E-08
ENSG00000167077	MEI1	chr22	42095415	42095715	0.139456840380702	4.44380986273933E-08
ENSG00000252717	RNU6-352P	chr1	102312590	102312610	0.16353429890507	4.55010226671341E-08
ENSG00000257096	AE000658.22	chr14	22004983	22005167	0.196909033260884	4.57217712294163E-08
ENSG00000251128	WWC2-AS1	chr4	184129241	184129260	0.161923733548997	4.59422779250275E-08
ENSG00000226416	MRPL23-AS1	chr11	1991932	1991939	0.118938873428655	4.60475917981502E-08
ENSG00000227619	RP11-492E3.2	chr9	132312073	132312298	0.132467656377212	4.61875422910125E-08
ENSG00000252177	AC005513.1	chr19	13409523	13410050	0.162701314419225	4.78773340237522E-08
ENSG00000226742	HSBP1L1	chr18	77713209	77713406	0.24634143279661	4.88426972175353E-08
ENSG00000259764	RP11-299G20.3	chr15	101912407	101912447	0.238949031825134	4.96390222312209E-08
ENSG00000132879	FBXO44	chr1	11714234	11714697	0.117907887852664	4.988923737772E-08
ENSG00000187778	MCRS1	chr12	49943395	49943427	0.160836884923946	5.164441093112E-08
ENSG00000148773	MKI67	chr10	129947736	129947779	0.176359792758768	5.21576502342356E-08
ENSG00000249722	CTC-430J12.2	chr5	173738837	173738960	0.102618939080783	5.25320862770126E-08
ENSG00000258135	RP11-70F11.11	chr12	50297581	50297971	0.1647774948715	5.29578692494389E-08
ENSG00000272426	RP11-108M9.6	chr1	17247657	17247699	0.114779826396812	5.37888058444642E-08
ENSG00000162493	PDPN	chr1	13909794	13909836	0.142772926263621	5.46156837942415E-08
ENSG00000173200	PARP15	chr3	122296385	122296435	0.140280317726165	5.47291206193804E-08
ENSG00000270930	GRAMD4P8	chr2	132404287	132404402	0.14637024705771	5.48109724770735E-08
ENSG00000200815	RNU6-1091P	chr7	50468274	50468334	0.126244371692729	5.64690623896635E-08
ENSG00000252896	AC067957.1	chr2	45028225	45028269	0.150393296130346	5.67600762589074E-08
ENSG00000111832	RWDD1	chr6	116886155	116886412	0.187812392439162	5.73030971557737E-08
ENSG00000253813	COX6B1P4	chr8	26721652	26721870	0.169114673604814	5.73417856118805E-08
ENSG00000110881	ASIC1	chr12	50426885	50426917	0.16549854486412	5.797425257357E-08
ENSG00000158769	F11R	chr1	160951987	160952100	0.139482528978911	5.92276868333328E-08
ENSG00000226334	RP11-217B7.2	chr9	107690846	107690880	0.121572082705482	5.94016645268466E-08
ENSG00000205212	CCDC144NL	chr17	20744010	20744365	0.218602948816223	5.94519684716827E-08
ENSG00000067606	PRKCZ	chr1	1982916	1982996	0.105557416348172	5.95796426548678E-08
ENSG00000204653	ASPDH	chr19	51017219	51017249	0.12486922949095	6.03131586344899E-08
ENSG00000185028	LRRC14B	chr5	191802	192053	0.108365478715785	6.07205151864587E-08
ENSG00000143434	SEMA6C	chr1	151103686	151104055	0.117529820934893	6.1325334060311E-08
ENSG00000105227	PRX	chr19	40904546	40904676	0.148468505481719	6.13521326135224E-08
ENSG00000268061	NAPA-AS1	chr19	47983557	47983716	0.290629871201736	6.19251671906782E-08
ENSG00000174600	CMKLR1	chr12	108733250	108733308	0.110093062278525	6.20166225137019E-08
ENSG00000225611	RP11-70C1.1	chr3	42814700	42814880	0.111761631789915	6.25233092351655E-08
ENSG00000174677	VN1R6P	chr19	53811880	53812031	0.18441972893345	6.26876493629671E-08
ENSG00000079999	KEAP1	chr19	10590239	10590273	0.159031664512173	6.30091966621723E-08
ENSG00000225234	TRAPPC12-AS1	chr2	3487224	3487259	0.128951307061091	6.31489154789912E-08
ENSG00000228376	RP11-520B13.4	chr9	99838858	99838978	0.143239703506478	6.57074385051621E-08
ENSG00000128045	RASL11B	chr4	53727816	53727946	0.137900131463298	6.58732564457111E-08
ENSG00000267344	CTB-39G8.3	chr17	43472925	43473102	0.110658469459574	6.59450510565726E-08
ENSG00000259507	RP11-719C20.1	chr15	99091356	99091448	0.111655981146994	6.61083585583525E-08
ENSG00000233087	AC073869.1	chr2	132121604	132121761	0.114155180789795	6.67515695341402E-08
ENSG00000176381	PRR18	chr6	166720749	166721383	0.126041591121074	6.69835901300052E-08
ENSG00000254377	LINC00966	chr8	65285897	65285925	0.173073603102494	6.80070728537924E-08
ENSG00000249694	RP11-378A12.1	chr8	2480399	2480483	0.282107920963404	6.80357748328715E-08
ENSG00000200645	RNU6-1210P	chr18	14747794	14748560	0.164119677898582	6.82833070030515E-08
ENSG00000271616	RP11-578F21.13	chr15	29077252	29077672	0.155916245920817	0.0000000693631325952
ENSG00000225968	ELFN1	chr7	1715368	1715428	0.116612117212796	7.08351577529644E-08
ENSG00000128298	BAIAP2L2	chr22	38478710	38478868	0.116825233972472	7.24178117628406E-08
ENSG00000233492	RP5-984P4.4	chr20	21503861	21503954	0.107193850256648	7.32605733579915E-08
ENSG00000271702	RP11-63N3.2	chr18	75362800	75363064	0.133257512313617	7.46472860617737E-08
ENSG00000149084	HSD17B12	chr11	43568801	43569296	0.161846636165247	7.59465697400933E-08
ENSG00000147571	CRH	chr8	67090733	67090798	0.107269721861683	7.63709304505617E-08
ENSG00000268079	RP11-157B13.6	chr19	22398260	22398310	0.131269588027902	7.79366258091456E-08
ENSG00000264551	AC099791.1	chr1	61913481	61913521	0.127056212028766	7.80983402051752E-08
ENSG00000124440	HIF3A	chr19	46800198	46800313	0.123677494015113	7.94539669985561E-08
ENSG00000129993	CBFA2T3	chr16	88937854	88937864	0.126342533106544	8.07352014322516E-08
ENSG00000103034	NDRG4	chr16	58496458	58496589	0.162065392709927	8.18875652678731E-08
ENSG00000256281	RP11-136I14.2	chr11	115372827	115372899	0.10484768614226	8.27011755777319E-08
ENSG00000145555	MYO10	chr5	16666827	16666847	0.198971758717747	8.28540882763199E-08
ENSG00000256502	RP11-955H22.2	chr12	127865452	127865480	0.113391086324892	8.33383310717415E-08
ENSG00000179335	CLK3	chr15	74891215	74891263	0.108216015062399	8.34660129416987E-08
ENSG00000264780	MIR4683	chr10	35928954	35929082	0.140496714882314	8.4220808545482E-08
ENSG00000198739	LRRTM3	chr10	68687886	68688014	0.185552412961389	8.43510589892921E-08
ENSG00000101188	NTSR1	chr20	61339819	61340837	0.162286634747064	8.44781426319921E-08
ENSG00000223148	AC011478.1	chr19	30942166	30942180	0.146627711730465	8.54144280459295E-08
ENSG00000168065	SLC22A11	chr11	64323418	64323507	0.100637121810023	8.55577332399406E-08

ENSG00000264527	WI2-1959D15.1	chr9	139141851	139141857	0.110516334029809	9.05611417569578E-08
ENSG00000272259	RP11-305P22.9	chr20	61641687	61641706	0.111281317306715	9.06772340504343E-08
ENSG00000257271	KIRREL3-AS1	chr11	126434315	126434320	0.151232207429945	9.10490956474969E-08
ENSG00000259847	RP11-95H3.1	chr16	65155770	65156003	0.147391964707823	9.13415687937334E-08
ENSG00000221123	AC104417.1	chr8	142984613	142984692	0.130697480842219	9.496829510465E-08
ENSG00000223826	AC092570.2	chr2	102091269	102091318	0.140343491247936	9.85264363403838E-08
ENSG00000167614	TTYH1	chr19	54926376	54926592	0.172564489765256	9.86901027227942E-08
ENSG00000144550	CPNE9	chr3	9745453	9745754	0.100071101896468	9.93112811923207E-08
ENSG00000259848	AC097374.2	chr2	95527193	95527390	0.161694884248736	1.00386213262607E-07
ENSG00000177721	ANXA2R	chr5	43037681	43037724	0.245480806141999	1.01657355922167E-07
ENSG00000259280	RP11-122D10.1	chr15	37170343	37170496	0.150770345467199	1.03127191908487E-07
ENSG00000153162	BMP6	chr6	7726108	7726931	0.111587665764595	1.04223725970289E-07
ENSG00000271231	KRT18P9	chr6	34113877	34113934	0.144233762697092	1.04802719366895E-07
ENSG00000077942	FBLN1	chr22	45898142	45898235	0.149430990352725	1.06431110915559E-07
ENSG00000144857	BOC	chr3	112931276	112931331	0.101903540344685	1.08001429173642E-07
ENSG00000213959	RP5-1100H13.3	chr20	37275493	37275538	0.102906417379719	1.10418049024362E-07
ENSG00000260938	RP4-593C16.3	chr1	178455812	178455846	0.161346318811451	1.10566889457896E-07
ENSG00000213881	NPM1P6	chr8	62052527	62052667	0.100295953567636	1.10621859918473E-07
ENSG00000213445	SIPA1	chr11	65409652	65409889	0.126618133691432	1.13321565423006E-07
ENSG00000258811	CTD-3051D23.1	chr14	105309462	105309466	0.143460284588915	1.1382090236199E-07
ENSG00000261051	RP11-274H2.5	chr3	145736001	145736032	0.106434404659702	1.1900822426004E-07
ENSG00000171815	PCDHB1	chr5	140431039	140431066	0.154339734292697	1.19496536335749E-07
ENSG00000271053	RP11-97F8.1	chr4	117847042	117847586	0.146335371836713	1.27211481863183E-07
ENSG00000262668	AJ003147.9	chr16	3238093	3238192	0.165138973514089	1.27969472155513E-07
ENSG00000202264	RNA5SP77	chr1	227730777	227730820	0.115800315869963	1.28393877924302E-07
ENSG00000213938	SEPHS1P6	chr2	200524007	200524184	0.166042819648477	1.28770403140473E-07
ENSG00000255136	CTD-2562J17.4	chr11	74916485	74916487	0.144511772991229	1.29854582832949E-07
ENSG00000105538	RASIP1	chr19	49232176	49232555	0.174865085150066	1.3004419810118E-07
ENSG00000271090	AC012531.23	chr12	54350209	54350231	0.119714048915304	1.32665173663526E-07
ENSG00000145626	UGT3A1	chr5	35991131	35991234	0.105698280038758	1.33885007846943E-07
ENSG00000169946	ZFPM2	chr8	106331650	106332119	0.130776241447025	1.36419386812078E-07
ENSG00000070729	CNGB1	chr16	57917843	57918384	0.115038031937066	1.38494129627998E-07
ENSG00000257042	RP11-993B23.3	chr12	28122298	28122473	0.110910464349493	1.38811319269007E-07
ENSG00000155760	FZD7	chr2	202899658	202900211	0.104674281127577	1.39006866459092E-07
ENSG00000012822	CALCOCO1	chr12	54089228	54089448	0.125510702918964	1.39301230823002E-07
ENSG00000213721	HMG2P30	chr7	42267304	42267348	0.197030853885704	1.39545785372953E-07
ENSG00000213140	ELK2AP	chr14	106153129	106153363	0.102020005526484	1.40539401015308E-07
ENSG00000259917	HNRNPLP2	chr15	34782707	34782933	0.153756112882239	1.40763568279867E-07
ENSG00000119147	C2orf40	chr2	106681740	106681787	0.180402137901594	1.41615771917579E-07
ENSG00000235361	AC016292.1	chr17	1083920	1083958	0.159464305385991	1.41957703038463E-07
ENSG00000049449	RCN1	chr11	31834102	31834234	0.117806008016084	1.43340570827254E-07
ENSG00000254460	RP11-939C17.4	chr11	75234078	75234087	0.145822522070474	1.45839450504918E-07
ENSG00000162592	CCDC27	chr1	3664024	3664084	0.125136388862302	1.46213904401758E-07
ENSG00000264572	MIR4296	chr10	126712497	126712615	0.142587099992621	1.4625234304009E-07
ENSG00000236856	AC105393.1	chr2	383345	383410	0.163899271158008	1.46309669654735E-07
ENSG00000231173	AC116609.3	chr2	741982	742000	0.144403902268242	1.48691540808678E-07
ENSG00000185518	SV2B	chr15	91642967	91643036	0.1043057599938	1.48731529837626E-07
ENSG00000231335	AC107072.2	chr4	77547296	77547346	0.286999420717081	1.51786407014522E-07
ENSG00000221524	AC074391.2	chr2	66298180	66298247	0.152786355315545	1.52976304396017E-07
ENSG00000185904	LINC00839	chr10	42971159	42971460	0.139559650828625	1.55416413930202E-07
ENSG00000187800	PEAR1	chr1	156846275	156846363	0.125076025874867	1.58074996634193E-07
ENSG00000232520	AC012507.3	chr2	231742761	231742792	0.194983645867441	1.58128545278037E-07
ENSG00000267765	CTD-3193K9.3	chr17	40837004	40837122	0.182915476367541	1.58322960439941E-07
ENSG00000050730	TNIP3	chr4	122078194	122078409	0.147599026035151	1.6080930868717E-07
ENSG00000183186	C2CD4C	chr19	406132	406262	0.119444384974708	1.61513957915151E-07
ENSG00000080709	KCNN2	chr5	113698724	113698763	0.109925117103668	1.62338626146337E-07
ENSG00000224310	AC012317.1	chr16	24682374	24682482	0.153722578840582	1.63051434634382E-07
ENSG00000108839	ALOX12	chr17	6899207	6899689	0.221548407971285	1.63073646707991E-07
ENSG00000205037	RP11-863P13.4	chr16	88134500	88134693	0.13730838345188	1.63594265709175E-07
ENSG00000222761	RNU6-684P	chr14	104888856	104888911	0.134581469457387	1.73717940072907E-07
ENSG00000222826	RN7SKP286	chr2	139538899	139538940	0.177483508312078	1.74356835940052E-07
ENSG00000141639	MAPK4	chr18	48087301	48087588	0.110810563708586	1.75411204082293E-07
ENSG00000256209	RP11-897M7.1	chr12	131930705	131930729	0.137147875613749	1.76530992841853E-07
ENSG00000143105	KCNA10	chr1	111097875	111097894	0.138660013075543	1.77854625956947E-07
ENSG00000090661	CERS4	chr19	8273556	8273583	0.12197433147631	1.79724345100381E-07
ENSG00000222019	URAHF	chr16	90113965	90114218	0.16643396493405	1.79783430472345E-07
ENSG00000179277	MEIS3P1	chr17	15689775	15689985	0.219913152125871	0.0000001801977189038
ENSG00000176435	CLEC14A	chr14	38725611	38725656	0.135775854147977	1.83304968867935E-07
ENSG00000218089	DNAJA1P4	chr6	114664754	114664858	0.106297420464189	1.83634468552241E-07

ENSG00000252260	RNA5SP461	chr18	75611785	75611816	0.190090948112489	1.8395860581827E-07
ENSG00000167912	RP11-25K19.1	chr8	60032926	60033036	0.113375739676212	1.85343966482405E-07
ENSG00000267568	RP11-87G24.3	chr17	74940320	74940344	0.171331422182254	1.86346129006787E-07
ENSG00000166090	IL25	chr14	23835664	23835946	0.126042000899603	1.86402541345434E-07
ENSG00000199263	Y_RNA	chr16	68480899	68481347	0.137918479831096	1.88087426851962E-07
ENSG00000177418	AC006001.1	chr7	66022925	66022973	0.112121450438558	1.89740718298741E-07
ENSG00000228623	ZNF883	chr9	115774398	115774605	0.166582349535369	1.90544730400064E-07
ENSG00000268696	ZNF723	chr19	23015050	23015077	0.15186402232713	1.9121512199505E-07
ENSG00000102575	ACP5	chr19	11689639	11689898	0.118834830781679	1.97281994913062E-07
ENSG00000225286	AC005105.2	chr7	28506325	28506352	0.224599881171269	2.02064041970603E-07
ENSG00000201006	Y_RNA	chr2	121411889	121412314	0.11748175492755	2.02332021532566E-07
ENSG00000230309	RP3-390M24.1	chr6	79339179	79339220	0.184597245412039	2.02499617983383E-07
ENSG00000102452	NALCN	chr13	101803460	101803610	0.171515050968615	2.03184860530258E-07
ENSG00000150456	N6AMT2	chr13	21295561	21296263	0.126643888004844	2.03945057803036E-07
ENSG00000236390	RP11-25B7.1	chr1	201618936	201618967	0.127521268183392	2.07135482848499E-07
ENSG00000224795	AP003039.3	chr11	131557964	131558128	0.10345600614184	2.07241086444555E-07
ENSG00000250400	LINC00977	chr8	130089514	130089549	0.12845738834201	2.08844561557417E-07
ENSG00000204175	GPRIN2	chr10	46993800	46993843	0.114675638557329	2.08924536125966E-07
ENSG00000238129	RP3-410C9.2	chr20	26188846	26189484	0.150133876904819	2.10324947496788E-07
ENSG00000270902	RP11-338O1.3	chr10	125034818	125034927	0.129509297780711	2.12419497974696E-07
ENSG00000152076	CCDC74B	chr2	130901588	130901611	0.111272301986177	2.12904992524751E-07
ENSG00000139537	CCDC65	chr12	49297892	49297921	0.116029287928333	2.13240832999078E-07
ENSG00000119616	FCF1	chr14	75201666	75201709	0.141891572561754	2.13327032817471E-07
ENSG00000257262	RP11-776A13.1	chr12	30353886	30354021	0.14974448743849	2.13962556280226E-07
ENSG00000166780	C16orf45	chr16	15528032	15528133	0.110303065434531	2.1466021321938E-07
ENSG00000233516	RP11-388N2.1	chr9	120177982	120178072	0.118297490850924	2.15472595432193E-07
ENSG00000272135	RP11-107C16.2	chr10	124578105	124578431	0.156792427498039	2.15990921298602E-07
ENSG00000180344	AL035460.1	chr20	2675418	2675487	0.113222603027293	2.16261273439711E-07
ENSG00000174099	MSRB3	chr12	65672344	65672573	0.101616561272282	2.19957243957916E-07
ENSG00000241511	RPS15AP24	chr8	29971214	29971277	0.202723443347424	2.21374437906231E-07
ENSG00000267073	AC005256.1	chr19	1734428	1734498	0.122989779999323	2.22135543343052E-07
ENSG00000187559	FOXDL3	chr9	70917765	70917927	0.524272473496982	2.23334082328643E-07
ENSG00000203688	RP11-351J23.1	chr6	168079746	168079782	0.150931608974255	2.25326795110705E-07
ENSG00000271627	RP11-165D20.1	chr2	91911599	91911642	0.163649796338755	2.28195666073598E-07
ENSG00000240173	RN7SL771P	chr7	140341247	140341278	0.110910252749149	2.30653287166663E-07
ENSG00000214988	RPL7AP26	chr4	83412284	83412299	0.185061792435488	2.33868164562131E-07
ENSG00000231458	RNASEH1P2	chr17	16586749	16586900	0.131681933968712	2.35565602211411E-07
ENSG00000269720	CTD-2521M24.5	chr19	17504648	17504698	0.187835746676671	2.3929609243038E-07
ENSG00000214832	UPF3AP2	chr17	20280053	20280074	0.237511214681663	2.39779317764754E-07
ENSG00000161082	CELF5	chr19	3228915	3228972	0.15852043215657	2.44562826177943E-07
ENSG00000251877	RNU2-45P	chr6	28367864	28367892	0.128796756487564	2.45384740562763E-07
ENSG00000122012	SV2C	chr5	75379671	75379707	0.105221133881413	2.46416177698653E-07
ENSG00000271624	RP11-651K21.1	chr11	131618128	131618158	0.10094515012311	2.46745179186193E-07
ENSG00000165655	ZNF503	chr10	77157442	77157527	0.190285225991237	2.49618078513204E-07
ENSG00000245870	LINC00682	chr4	41879639	41879651	0.106179669164302	2.49997943877053E-07
ENSG00000036672	USP2	chr11	119234096	119234233	0.116572893581276	2.52518164056841E-07
ENSG00000196570	PFN3	chr5	176827084	176827753	0.12193820569051	2.54551375517107E-07
ENSG00000216676	RP1-15D7.1	chr6	27637520	27637548	0.162003265967784	2.56719735585548E-07
ENSG00000226321	AC104809.3	chr2	241855405	241855486	0.103898876378477	2.57505322039035E-07
ENSG00000253711	RP11-787D18.1	chr8	62200743	62200779	0.146171663455916	2.61941039029728E-07
ENSG00000273318	AC018755.2	chr19	52206224	52206337	0.142334069606376	2.62057388707562E-07
ENSG00000109832	DDX25	chr11	125774001	125774527	0.16305117680905	2.66206656888234E-07
ENSG00000172071	EIF2AK3	chr2	88849548	88849666	0.157589540385459	2.68364112321288E-07
ENSG00000198915	RASGEF1A	chr10	43697784	43697827	0.141511803224974	2.69983780558322E-07
ENSG00000233683	RP5-1106H14.1	chr7	101054648	101054672	0.126388973321698	2.72477763445625E-07
ENSG00000183535	COL18A1-AS1	chr21	46856421	46856450	0.141069711238115	2.7527274394966E-07
ENSG00000236822	RP11-137J7.2	chr6	142409474	142409507	0.118414095739874	2.81829665725543E-07
ENSG00000255498	RP11-618K13.2	chr11	45921330	45922229	0.121623918810212	2.87290639360496E-07
ENSG00000166920	C15orf48	chr15	45721575	45721608	0.199935341296753	2.89071207422898E-07
ENSG00000266128	RN7SL366P	chr6	164366033	164366068	0.163089896660251	2.91692291862657E-07
ENSG00000229402	AL162151.4	chr14	99584810	99585009	0.12737709271163	2.91901639426906E-07
ENSG00000162746	FCRLB	chr1	161697142	161697281	0.106290778263692	2.92382514518327E-07
ENSG00000258794	RP11-313F23.5	chr12	34371628	34371673	0.137868620448787	2.96571877415488E-07
ENSG00000146285	SCML4	chr6	107956481	107956692	0.142447261314095	2.9685058921904E-07
ENSG00000105639	JAK3	chr19	17932069	17932369	0.122760744223852	2.98472911811599E-07
ENSG00000137462	TLR2	chr4	154606270	154606283	0.142535328450116	2.98520391551938E-07
ENSG00000232230	TPM4P1	chr10	101874822	101875138	0.163743168001232	2.99306420325644E-07
ENSG00000263571	CTC-304117.5	chr17	32484008	32484125	0.123637622098418	2.99758433219795E-07
ENSG00000177301	KCNA2	chr1	111098404	111098434	0.132256354840788	3.01607935393417E-07

ENSG00000233234	RP11-740P5.2	chr1	2706225	2706931	0.122756017538156	3.02777966147966E-07
ENSG00000227248	FAM155A-IT1	chr13	108518057	108518179	0.175476397546201	3.05371059878665E-07
ENSG00000125531	C20orf195	chr20	62178513	62178688	0.113194959379381	3.08553708506315E-07
ENSG00000264739	RP11-138I1.2	chr17	16310297	16310399	0.105258548083185	3.15149995914342E-07
ENSG00000268231	CTD-2560K21.6	chr19	51069394	51069461	0.119007468780474	3.18952710786068E-07
ENSG00000267764	RP11-484L8.1	chr18	46288070	46288184	0.179334405761236	3.2062537289636E-07
ENSG00000236048	AC013470.6	chr7	12443848	12443886	0.1700072405292	3.20721907550604E-07
ENSG00000253707	RP11-726G23.8	chr8	43136417	43136604	0.138279538939542	3.20782210114682E-07
ENSG00000105997	HOXA3	chr7	27146075	27146369	0.234651223947053	3.2086168137792E-07
ENSG00000233265	MICF	chr6	29818211	29818364	0.148290512813111	3.21716172084086E-07
ENSG00000207611	MIR149	chr2	241394500	241394546	0.107964846250827	3.28801116075888E-07
ENSG00000252925	RNU1-68P	chr1	149670439	149670477	0.108898662680173	3.29555853833132E-07
ENSG00000251448	RP11-71E19.2	chr3	126007510	126007526	0.114773784021225	3.30313458356425E-07
ENSG00000267128	RNF157-AS1	chr17	74136413	74136619	0.148927453365772	3.30968613948314E-07
ENSG00000242595	RP11-648L3.1	chr8	59058124	59058441	0.128976292156673	3.31098720576989E-07
ENSG00000137941	TTL7	chr1	84326800	84326834	0.130524601789856	3.34419991943101E-07
ENSG00000156482	RPL30	chr8	99023998	99024079	0.124732773788836	3.35435087038528E-07
ENSG00000259137	RP11-305B6.1	chr14	44631621	44631674	0.190266141827542	3.3723531378357E-07
ENSG00000182272	B4GALNT4	chr11	369133	370171	0.110088506162229	3.40644796851583E-07
ENSG00000188820	FAM26F	chr6	116783040	116783677	0.150780036121323	3.4179157179889E-07
ENSG00000201723	Y_RNA	chr18	76399380	76399392	0.101060336123799	3.42513247630581E-07
ENSG00000248755	RP11-384D10.1	chr4	172079341	172079363	0.173046075858957	3.42699457971349E-07
ENSG00000253931	RP11-909N17.2	chr8	144489535	144489961	0.100181901212425	3.51851734048069E-07
ENSG00000239212	RPL6P7	chr3	155394092	155394183	0.17857348242675	3.52466647022876E-07
ENSG00000222844	RNU6-321P	chr11	125142732	125142825	0.139537142892652	3.53846866779662E-07
ENSG00000241172	RN7SL70P	chr19	19072775	19072800	0.13144864497288	3.54939933780517E-07
ENSG00000130600	H19	chr11	2017439	2017709	0.100240202722257	3.55946127840561E-07
ENSG00000105996	HOXA2	chr7	27142620	27142713	0.217223046708662	3.60457262994902E-07
ENSG00000232860	SMG7-AS1	chr1	183387624	183387654	0.125319020416513	3.61496486414615E-07
ENSG00000196363	WDR5	chr9	137003637	137003784	0.230038480362113	3.61679239984089E-07
ENSG00000251051	ELL2P2	chr4	133149192	133149213	0.104325692645616	3.72657261025272E-07
ENSG00000252695	MIR2276	chr13	24750164	24750196	0.131239667388381	3.7499725432774E-07
ENSG00000267095	CTD-2319I12.5	chr17	58212939	58213187	0.109552117611689	3.81452300548626E-07
ENSG00000172572	PDE3A	chr12	20522116	20522177	0.122214397700219	3.83845822095145E-07
ENSG00000181666	HKR1	chr19	37803751	37803795	0.102269339469376	4.02523876504965E-07
ENSG00000159212	CLIC6	chr21	36041683	36041852	0.181296152427926	4.1509710041359E-07
ENSG00000163630	SYNPR	chr3	63263990	63264082	0.155626401420978	4.16630765460029E-07
ENSG00000229814	RPL35AP21	chr9	74204769	74204781	0.197040862799556	4.2791095166703E-07
ENSG00000134884	ARGLU1	chr13	107172813	107172856	0.192133064809982	4.33641499603189E-07
ENSG00000231054	AC009236.2	chr2	45397741	45397776	0.182421476860479	4.45242256899058E-07
ENSG00000269038	AP001462.6	chr11	64541730	64541777	0.104972974573661	4.46757700201422E-07
ENSG00000262445	CTD-2545H1.2	chr17	1881102	1881228	0.137465900422949	4.48755961403153E-07
ENSG00000108924	HLF	chr17	53343195	53343319	0.121685036887923	4.49205934495245E-07
ENSG00000213820	RPL13P2	chr20	44728637	44728683	0.118652129600166	4.55530904660071E-07
ENSG00000228334	AC024028.1	chr7	3096486	3096519	0.165217066662559	4.56894063333026E-07
ENSG00000165309	ARMC3	chr10	23216841	23216959	0.155303732958688	4.65389069384591E-07
ENSG00000268589	CTC-457E21.7	chr19	22806061	22806298	0.167440770628494	4.69943825905187E-07
ENSG00000227295	ELL2P1	chr1	158147443	158147736	0.170640077896427	4.73929094877782E-07
ENSG00000225062	AC021016.6	chr2	219233417	219233498	0.103210529951004	4.74097014173329E-07
ENSG00000253552	HOXA-AS2	chr7	27147590	27147687	0.273233058871398	4.7983380719683E-07
ENSG00000112183	RBM24	chr6	17280939	17281126	0.122347297934739	4.82250335903365E-07
ENSG00000085662	AKR1B1	chr7	134143784	134144060	0.117090777668588	4.88927708554154E-07
ENSG00000221053	AC115286.1	chr1	34642209	34642256	0.11824709067479	4.92039126283295E-07
ENSG00000266133	MIR4759	chr21	28337587	28337633	0.133011088134826	5.0579997998551E-07
ENSG00000145087	STXBP5L	chr3	120626087	120626135	0.138147363494065	5.12525522258267E-07
ENSG00000257289	RP11-611O2.6	chr12	69326780	69327449	0.111951300990133	5.17974322920226E-07
ENSG00000168993	CPLX1	chr4	778780	778924	0.164515303474731	5.23720078018238E-07
ENSG00000225493	LINC01107	chr2	239432223	239432354	0.193173780740983	5.29272779876118E-07
ENSG00000197016	ZNF470	chr19	57078747	57079135	0.129060599064554	5.3678769994905E-07
ENSG00000137693	YAP1	chr11	102029941	102029969	0.123385396659599	5.49889926675999E-07
ENSG00000113389	NPR3	chr5	32709828	32709865	0.10988289518655	5.52391323183195E-07
ENSG00000259905	PWRN1	chr15	24722878	24723014	0.177421762133945	5.52401284819302E-07
ENSG00000204793	FOXDL6	chr9	69198271	69198281	0.181255980316088	5.67197352021186E-07
ENSG00000267312	RP11-1094M14.7	chr17	33776773	33776861	0.168507551365005	5.91524529539655E-07
ENSG00000183463	URAD	chr13	28547686	28547702	0.173323386644627	6.09099526679223E-07
ENSG00000269210	AC019171.1	chr2	39186743	39186938	0.130175393817886	6.23567096979627E-07
ENSG00000170017	ALCAM	chr3	105072760	105072815	0.170458172026663	6.30558357777575E-07
ENSG00000106633	GCK	chr7	44184774	44184854	0.129351228009667	6.35188578396527E-07
ENSG00000262855	RP11-46I8.4	chr17	5026858	5027051	0.105578348636648	6.50894089886085E-07

ENSG00000175445	LPL	chr8	19798061	19798068	0.155727884354153	6.52558113254752E-07
ENSG00000173401	GLIPR1L1	chr12	75728352	75728489	0.117048426815032	6.60970851850994E-07
ENSG00000263819	RN7SL478P	chr7	97627595	97627683	0.143381081941195	6.62198532187778E-07
ENSG00000166869	CHP2	chr16	23766648	23766814	0.124169561106221	6.62699498482179E-07
ENSG00000223402	AC074121.4	chr7	98099886	98100001	0.120745544635253	6.65307915719342E-07
ENSG00000260637	RP11-46C24.5	chr16	89314542	89314962	0.134031023162615	6.77306647368538E-07
ENSG00000263489	CTC-264K15.6	chr17	62038981	62039042	0.233448225240274	6.89621254136594E-07
ENSG00000260377	RP11-646E18.4	chr3	182443989	182444017	0.24217057522732	6.89960444239119E-07
ENSG00000198010	DLGAP2	chr8	1427436	1427528	0.123649537530408	6.93203204483785E-07
ENSG00000214652	RP11-3N2.13	chr7	63505987	63506151	0.178962748400975	7.05653480993707E-07
ENSG00000257482	ZNF727	chr7	63505987	63506151	0.178962748400975	7.05653480993707E-07
ENSG00000235446	RP11-74K19.1	chr1	69778265	69778415	0.130441544371674	7.1329598695225E-07
ENSG00000250632	RP3-513G18.2	chr4	3681498	3681504	0.100134850272456	7.13871362910262E-07
ENSG00000100033	PRODH	chr22	18924800	18924843	0.107132131492875	7.15199912883277E-07
ENSG00000248738	RP11-87E22.2	chr8	22723812	22723825	0.107758727842358	7.32793380830915E-07
ENSG00000143867	OSR1	chr2	19551736	19551960	0.236901063608292	7.47848156789974E-07
ENSG00000169918	OTUD7A	chr15	31775371	31775398	0.135177272883423	7.49193026903127E-07
ENSG00000263017	RP11-356118.1	chr17	855259	855297	0.129570183724777	7.50016279983283E-07
ENSG00000140519	RHCG	chr15	90013442	90013460	0.190078690842106	7.53418744108233E-07
ENSG00000103275	UBE2I	chr16	1350103	1350216	0.120926828733739	7.60040864820253E-07
ENSG00000263689	AC128653.1	chr3	74662769	74662816	0.139690966452835	7.65536922224943E-07
ENSG00000224077	AP000936.4	chr11	116966779	116966815	0.112277618966583	7.79338456463123E-07
ENSG00000260494	AC002310.10	chr16	30553589	30553592	0.197960116561246	7.81965343409207E-07
ENSG00000133313	CNDP2	chr18	72168494	72168499	0.196174013672817	8.00356726212258E-07
ENSG00000197558	SSPO	chr7	149484782	149484843	0.210222844078098	8.01755570128219E-07
ENSG00000165066	NKX6-3	chr8	41503886	41504311	0.106809175401343	8.17325720453708E-07
ENSG00000261342	AC006538.1	chr19	2727148	2727185	0.12945938946526	8.19842989022673E-07
ENSG00000033050	ABCF2	chr7	150901889	150901947	0.130199672999896	8.23658808217819E-07
ENSG00000221619	AC012671.3	chr2	88583793	88583894	0.127082892386876	8.25384991142971E-07
ENSG00000196526	AFAP1	chr4	7774344	7774378	0.152928114437187	8.35856324154555E-07
ENSG00000207691	MIR183	chr7	129417940	129417980	0.141311383727631	8.41834587257308E-07
ENSG00000225214	AC079790.2	chr2	152954600	152954803	0.121488644018676	8.58389705465975E-07
ENSG00000259689	ABCB10P1	chr15	22692687	22693189	0.134661142165982	8.61576082481564E-07
ENSG00000226007	RP11-211N8.2	chr9	46861984	46862009	0.297304338489523	8.64323162662949E-07
ENSG00000242411	CTD-2086L14.1	chr19	56728721	56729143	0.152845651126874	8.68747225146098E-07
ENSG00000249086	AC051649.12	chr11	1891710	1891722	0.108787191064317	8.86664991346589E-07
ENSG00000265690	RP11-5A19.5	chr16	67199514	67199764	0.142594406396285	9.07869867173451E-07
ENSG00000238117	AP004372.1	chr11	131777568	131777572	0.126762051373207	9.14172754503672E-07
ENSG00000111450	STX2	chr12	131237724	131237765	0.131308683482722	9.14754554352819E-07
ENSG00000265061	MIR4419B	chr12	128675426	128675443	0.137838578768477	9.48393979407589E-07
ENSG00000227184	EPPK1	chr8	144948171	144948366	0.144416294977292	9.4860855987247E-07
ENSG00000205035	RP11-707M1.1	chr11	49582375	49582536	0.142079878444986	9.54797710572392E-07
ENSG00000268332	AL035406.1	chr1	6094988	6095032	0.104948559329786	9.58872059345871E-07
ENSG00000261643	RP11-529E10.6	chr4	3496394	3496405	0.175417641976563	9.73791792297296E-07
ENSG00000138685	FGF2	chr4	123747610	123747893	0.120090080109673	9.80928967780406E-07
ENSG00000146247	PHIP	chr6	79620673	79620710	0.122508774457416	9.94985882279538E-07
ENSG00000204850	AC011484.1	chr19	46999055	46999289	0.103050712173608	1.00576692002905E-06
ENSG00000229259	LRR37A12P	chr1	32892571	32892661	0.109353063152737	1.00593557239978E-06
ENSG00000254584	RP1-17K7.2	chr11	32009256	32009295	0.121854425713267	1.01262232307034E-06
ENSG00000105472	CLEC11A	chr19	51231636	51231849	0.137382621173043	1.05353801428251E-06
ENSG00000250523	RP11-756P10.1	chr4	189541174	189541185	0.15405991394776	1.07391714908512E-06
ENSG00000175741	RWDD4P2	chr7	39894612	39894854	0.151517220877259	1.07867200093592E-06
ENSG00000235785	AL109767.1	chr14	99707984	99708014	0.159821358568199	1.08323543953635E-06
ENSG00000237742	RP11-624M8.1	chr6	125855345	125855457	0.167630245821328	1.08809127014206E-06
ENSG00000162873	KLHDC8A	chr1	205312494	205312612	0.139034799096347	1.09240118670044E-06
ENSG00000257495	RP11-641A6.2	chr12	52995127	52995311	0.123085221373038	1.10891211945194E-06
ENSG00000173894	CBX2	chr17	77753268	77753301	0.11457658584165	1.11080750752789E-06
ENSG00000268095	CTC-429C10.2	chr19	52391116	52391267	0.1904603958998	1.12922748611643E-06
ENSG00000179813	FAM216B	chr13	43361084	43361125	0.129641722189784	1.14740210142674E-06
ENSG00000228799	AC113607.2	chr2	882173	882213	0.10344420566242	1.15670104293627E-06
ENSG00000268358	EPB41L4A-AS2	chr5	111756263	111756295	0.104018036427821	1.16653116932891E-06
ENSG00000260710	RP11-616M22.7	chr16	1349395	1349454	0.158391193186308	1.16975267674591E-06
ENSG00000270325	CTC-559E9.12	chr19	19971591	19971631	0.137332809839688	1.18483419882246E-06
ENSG00000255618	RP11-357K6.1	chr12	119212367	119212392	0.180359235225989	1.19162126445804E-06
ENSG00000180875	GREM2	chr1	240656189	240656309	0.168362913911637	1.19852319068629E-06
ENSG00000163840	DTX3L	chr3	122279479	122279532	0.139712516030347	0.0000012016003425696
ENSG00000100647	KIAA0247	chr14	70082360	70082429	0.100666172048545	1.20417491280839E-06
ENSG00000166265	CYYR1	chr21	27945418	27945616	0.184490816907172	1.21174227337286E-06
ENSG00000259218	LINC00928	chr15	90030316	90030353	0.101381943771612	0.0000012385634195948

ENSG00000159398	CES5A	chr16	55867052	55867065	0.176907890533331	1.24206070694749E-06
ENSG00000250397	RP11-1391J7.1	chr11	850694	851048	0.168284508770419	1.24968724200271E-06
ENSG00000236510	AC011284.3	chr7	3762223	3762248	0.185018668681277	1.26586551041509E-06
ENSG00000165985	C1QL3	chr10	16563890	16563937	0.161636681982228	1.27337366832941E-06
ENSG00000230710	LINC00332	chr13	40747162	40747228	0.115579694852188	1.28333715676917E-06
ENSG00000269509	CTB-159G17.2	chr19	22966627	22966648	0.123659649277267	0.0000012944710110749
ENSG00000105750	ZNF85	chr19	21106002	21106069	0.144061081542711	1.30549076779907E-06
ENSG00000200902	RNU6-627P	chr2	164204741	164204829	0.179857973889499	0.0000013071820570817
ENSG00000263825	AL358813.2	chr1	149711798	149711891	0.127315270357616	0.0000013243180400651
ENSG00000227344	HAUS6P1	chr7	53286852	53286921	0.166090581006872	1.32505430751286E-06
ENSG00000182566	CLEC4G	chr19	7794303	7794362	0.10137472373145	1.35990321610543E-06
ENSG00000177542	SLC25A22	chr11	794366	794491	0.100641572878632	1.37848223160054E-06
ENSG00000267277	CTD-2342J14.6	chr19	11473108	11473346	0.10752594868029	0.0000013795460222046
ENSG00000252641	RNU6-678P	chr3	133393119	133393201	0.117674965471576	1.38790283513614E-06
ENSG00000258422	RP11-486O13.2	chr14	70653864	70653880	0.159138754061714	1.40876403121891E-06
ENSG00000136883	KIF12	chr9	116859553	116859685	0.133768608379969	1.43426100394986E-06
ENSG00000118492	ADGB	chr6	146920035	146920125	0.143588763386936	1.44275407940301E-06
ENSG00000256305	AL359757.1	chr13	25711190	25711248	0.120575167686106	1.44296283460893E-06
ENSG00000232197	RP11-302L19.1	chr6	170411550	170411623	0.101118886067019	1.46031952225443E-06
ENSG00000253305	PCDHGB6	chr5	140787629	140787809	0.1389296480897	1.47518767224056E-06
ENSG00000181396	OGFOD3	chr17	80345291	80345396	0.110815386753656	1.48162892933938E-06
ENSG00000180332	KCTD4	chr13	45781698	45781710	0.196759025914417	1.48634368971713E-06
ENSG00000155666	KDM8	chr16	27219604	27219683	0.120651389657234	1.48794624249182E-06
ENSG00000226286	RP1-163G9.2	chr1	3056559	3056640	0.122685038083116	1.49295760827967E-06
ENSG00000229481	CTD-2554C21.3	chr19	38345790	38345819	0.159295941705713	1.50320737782116E-06
ENSG00000068831	RASGRP2	chr11	64482976	64483118	0.10860398989636	1.50826922304228E-06
LRG_100	LRG_100	chr11	64482976	64483118	0.10860398989636	1.50826922304228E-06
ENSG00000252716	RN7SKP260	chr2	207129076	207129122	0.155542495362366	1.50963028914334E-06
ENSG00000152467	ZSCAN1	chr19	58545136	58545896	0.168244911274407	1.55689144284808E-06
ENSG00000224059	HSPA8P16	chr7	84814150	84814184	0.102425281566101	1.57294086274506E-06
ENSG00000251580	RP11-539L10.3	chr4	6666711	6666767	0.180926907442661	1.58018903051415E-06
ENSG00000152102	FAM168B	chr2	131798019	131798116	0.176943168133963	1.58288757636355E-06
ENSG00000235999	RP11-403I13.8	chr1	149287303	149287381	0.103968590874997	1.60376890877084E-06
ENSG00000161652	IZUMO2	chr19	50666238	50666324	0.100453573935249	1.60920650714032E-06
ENSG00000173039	RELA	chr11	65429465	65429505	0.171279463733742	1.60926314424467E-06
ENSG00000225554	RP11-527D7.1	chr1	241587609	241587803	0.13216306230961	1.63242738914247E-06
ENSG00000257886	RP11-61E11.1	chr12	105477705	105477733	0.100523105709104	1.64311505928771E-06
ENSG00000242444	RP11-320N7.1	chr12	4273880	4274011	0.160623227432057	1.65018892035948E-06
ENSG00000088387	DOCK9	chr13	99419949	99419990	0.152455096592909	1.68318108247374E-06
ENSG00000254279	IGHV1-1-1	chr14	106410597	106410721	0.161201990047896	1.68756058139597E-06
ENSG00000173163	COMMD1	chr2	62116625	62116683	0.190989849928906	1.76530732221446E-06
ENSG00000249609	RP11-635L1.3	chr4	169753915	169754521	0.106484016364555	1.76946722029465E-06
ENSG00000078579	FGF20	chr8	16860088	16860152	0.101190560573763	1.77133939504564E-06
ENSG00000259011	RP11-2C7.1	chr15	26108904	26108948	0.141502282480686	1.80782840096803E-06
ENSG00000259863	SH3RF3-AS1	chr2	109647958	109648208	0.115910472571417	1.81762764214031E-06
ENSG00000241032	RN7SL709P	chr8	37758540	37758549	0.136982746750863	1.82534199788964E-06
ENSG00000011083	SLC6A7	chr5	149569501	149569872	0.111297104771236	1.88567861404357E-06
ENSG00000181852	RNF41	chr12	56600349	56600379	0.104255434275981	1.92226541887576E-06
ENSG00000187013	C17orf82	chr17	59485742	59485767	0.167165145157833	1.93662308272367E-06
ENSG00000225208	RP11-107I14.2	chr10	103070299	103070498	0.163691894949284	1.94629883802129E-06
ENSG00000182208	MOB2	chr11	1469112	1469619	0.111968957272036	0.0000019465600023629
ENSG00000266164	RN7SL758P	chr19	41119252	41119350	0.134443847416257	1.96161523840223E-06
ENSG00000258576	CTD-2644I21.1	chr14	101035965	101035976	0.102330236931026	0.000001970366388492
ENSG00000116883	RP11-268J15.5	chr1	36788559	36788574	0.119871777656161	1.98143578604169E-06
ENSG00000104472	CHRA1	chr8	141519270	141519301	0.17069411021808	1.99371696117966E-06
ENSG00000184650	ODF4	chr17	8250424	8250435	0.143388951148879	0.0000020075533081524
ENSG00000197644	AC106870.2	chr2	30142677	30142727	0.109884766243084	2.03126136887149E-06
ENSG00000221259	AC002978.1	chr12	111515154	111515201	0.11693545588827	2.04736712322668E-06
ENSG00000204427	ABHD16A	chr6	31652969	31653009	0.115470595112021	2.04857720002595E-06
ENSG00000186431	FCAR	chr19	55392906	55392937	0.24379679268831	2.07703209599563E-06
ENSG00000264714	RP11-21G15.1	chr18	10726194	10726666	0.178706401916057	2.07872146479515E-06
ENSG00000223336	RNU2-6P	chr13	46962803	46962850	0.192869949640053	2.09268875186001E-06
ENSG00000181418	DDN	chr12	49388399	49388478	0.121046359714122	2.10348094183603E-06
ENSG00000264877	AL603650.2	chr9	137673849	137674025	0.114408592680209	2.12760974712133E-06
ENSG00000096654	ZNF184	chr6	27441860	27441936	0.212149503814042	2.14408380192184E-06
ENSG00000262503	RP11-530N7.2	chr17	6817539	6817606	0.109356654871632	2.17182028682057E-06
ENSG00000186493	C5orf38	chr5	2752242	2752264	0.172664691612527	2.25375130427552E-06
ENSG00000221656	MIR1225	chr16	2140277	2140498	0.127354167931629	2.27398006578385E-06
ENSG00000197140	ADAM32	chr8	38965468	38965513	0.109859514146111	2.27880894962529E-06

ENSG00000170325	PRDM10	chr11	129793188	129793225	0.122942516051445	2.33717067696392E-06
ENSG00000239718	HLTF-AS1	chr3	148804155	148804334	0.122366235924177	2.46885603692896E-06
ENSG00000234303	CLYBL-AS1	chr13	100376892	100376969	0.182269702074585	2.51698445678863E-06
ENSG00000218823	PAPOLB	chr7	4885596	4885664	0.147573656592796	2.51756453394569E-06
ENSG00000204396	VWA7	chr6	31733758	31733799	0.142535049668449	2.52347293513951E-06
ENSG00000163499	CRYBA2	chr2	219855036	219855068	0.123784733932906	2.53295970118614E-06
ENSG00000269051	CTD-2245F17.3	chr19	53700501	53700550	0.185037958763218	2.53681408887307E-06
ENSG00000260532	LA16c-381G6.1	chr16	1162853	1162901	0.115282813072075	2.55071235424344E-06
ENSG00000235363	SNRPGP10	chr1	205312752	205312844	0.119516421216735	2.56244601715559E-06
ENSG00000179950	PUF60	chr8	144902509	144902810	0.106749787696575	2.58527048760211E-06
ENSG00000169045	HNRNPH1	chr5	179036662	179036702	0.152586822232127	2.63117376238946E-06
ENSG00000260640	KB-1000E4.2	chr8	98244624	98244637	0.139958715171371	2.67407514514617E-06
ENSG00000237937	AP000770.1	chr11	116452533	116452538	0.11889373540275	2.67747599324052E-06
ENSG00000111275	ALDH2	chr12	112226009	112226044	0.16666973578666	2.71292577558625E-06
LRG_178	LRG_178	chr9	139258878	139259115	0.103691031589351	2.71793633868129E-06
ENSG00000230014	LINC00709	chr10	9444207	9444299	0.192430566335529	2.74656803802702E-06
ENSG00000251741	RNU4ATAC13P	chr5	112824443	112824454	0.100505323605884	2.76204991369591E-06
ENSG00000231903	AC079354.5	chr2	203036021	203036235	0.199787081533961	2.77591708661076E-06
ENSG00000111181	SLC6A12	chr12	298189	298499	0.182994769259481	2.80424609949429E-06
ENSG00000213536	GNG5P1	chr6	166666184	166666231	0.106922430634587	2.83332189309685E-06
ENSG00000229901	RP11-399E6.4	chr1	41849105	41849189	0.108899115174359	2.84501029155713E-06
ENSG00000124942	AHNAK	chr11	62201168	62201218	0.146594034972321	2.85285507315602E-06
ENSG00000188542	DUSP28	chr2	241497813	241497846	0.108256239944758	2.94600523689135E-06
ENSG00000242281	RN7SL159P	chr9	132114636	132114783	0.140264873302967	2.99667955706106E-06
ENSG00000254910	RP11-326C3.7	chr11	310223	310251	0.155623311982903	3.01359048815567E-06
ENSG00000264139	MIR3667	chr22	49881809	49881843	0.153725414731752	3.02100222678525E-06
ENSG00000167693	NXN	chr17	733747	733779	0.141423109523497	3.02395291933519E-06
ENSG00000235129	FABP7P2	chr2	96013148	96013186	0.1091364348412	3.03392357043766E-06
ENSG00000255835	RP4-559A3.7	chr1	226074424	226074463	0.169949207602246	3.05829244949553E-06
ENSG00000233424	RP11-175I6.5	chr9	44227339	44227458	0.161414753143675	3.07556369124647E-06
ENSG00000231208	RP4-583P15.11	chr20	62423306	62423391	0.116805086656832	3.10978731378162E-06
ENSG00000248530	RP11-517B11.2	chr3	131245703	131246020	0.1286584059717	0.0000031513887049576
ENSG00000248118	LINC01019	chr5	3428595	3428684	0.138533577804233	0.0000032096749749507
ENSG00000266676	MIR4297	chr10	131650713	131650741	0.132453430508807	3.22696782142476E-06
ENSG00000249025	RP11-2H3.2	chr4	380493	380549	0.104583754560987	3.25943729064848E-06
ENSG00000229774	AC018866.1	chr2	121427705	121427740	0.103021612316471	3.28863237895298E-06
ENSG00000173918	C1QTNF1	chr17	77044439	77044488	0.103024322066762	3.29553986343919E-06
ENSG00000264468	MIR4520A	chr17	6558948	6558981	0.224936032332683	0.0000033011088733962
ENSG00000177551	NHLH2	chr1	116371852	116371895	0.10056377801063	3.49650446242823E-06
ENSG00000182853	VMO1	chr17	4688629	4688743	0.151764347409967	3.49760488999041E-06
ENSG00000174963	ZIC4	chr3	147102849	147102856	0.231024465017393	3.50355997169938E-06
ENSG00000184247	AC100791.1	chr17	77924092	77924214	0.119389853242527	3.50530547346476E-06
ENSG00000216157	AL611946.1	chr1	23067453	23067488	0.107068728612031	3.51055349877208E-06
ENSG00000256783	RP11-503G7.1	chr12	132984194	132984342	0.145058075458824	3.53895186603013E-06
ENSG00000248286	RP11-811J10.1	chr5	21165502	21165523	0.192840728791625	3.58529214430248E-06
ENSG00000217646	HIST1H2BPS2	chr6	27831881	27831988	0.16446511131758	3.59661773387961E-06
ENSG00000235029	MNX1-AS2	chr7	156799021	156799095	0.127917895777867	3.61250214587881E-06
ENSG00000186487	MYT1L	chr2	1796286	1796300	0.140940992289378	3.67341583962444E-06
ENSG00000096006	CRISP3	chr6	49681235	49681407	0.177427004346975	0.0000037152404596896
ENSG00000240024	LINC00888	chr3	183145207	183145226	0.103076233029099	3.72016264468752E-06
ENSG00000126106	TMEM53	chr1	45083172	45083278	0.160220964157895	3.72838147159425E-06
ENSG00000213799	KNF845	chr19	53832372	53832560	0.130004125832648	3.81108945715109E-06
ENSG00000170049	KCNAB3	chr17	7826133	7826155	0.107184911956623	3.82812570224402E-06
ENSG00000239247	RN7SL589P	chr4	2321906	2321991	0.12283409325652	0.0000038406464217473
ENSG00000265488	AL359314.1	chr9	79305924	79305954	0.118617817036784	3.90036309236089E-06
ENSG00000224163	RP11-309L24.6	chr7	128555440	128555541	0.160439060924238	3.91201305500985E-06
ENSG00000261744	RP11-21B21.4	chr16	88601362	88601529	0.144197358838623	4.00531915522717E-06
ENSG00000135272	MDFIC	chr7	114562184	114562327	0.113620183401063	4.03584125585996E-06
ENSG00000171421	MRPL36	chr5	1763902	1763937	0.107690620194534	4.17871013410144E-06
ENSG00000169258	GPRIN1	chr5	176023252	176023347	0.109063700655092	4.23699525714957E-06
ENSG00000256988	RP11-234B24.4	chr12	4872929	4872978	0.159510670354791	4.37915207324911E-06
ENSG00000251048	RP11-608B3.1	chr4	18321120	18321157	0.181384915220941	0.0000044092534339308
ENSG00000091010	POU4F3	chr5	145719981	145720080	0.143253154680321	4.41606051941206E-06
ENSG00000272691	RP11-290M5.4	chr1	86043698	86043748	0.127240800280249	4.49273233954303E-06
ENSG00000272822	RP11-302B13.5	chr12	49297502	49297541	0.103801081403382	4.56322913893125E-06
ENSG00000237489	LINC00959	chr10	131845016	131845101	0.108382302216459	4.58156910378156E-06
ENSG00000198768	APCDD1L	chr20	57042181	57042304	0.142914463239328	4.58277859278686E-06
ENSG00000244522	AC092669.1	chr2	66666470	66666594	0.148440961544797	4.61630015731803E-06
ENSG00000036530	CYP46A1	chr14	100142225	100142298	0.130338181538662	0.0000046395130275757

ENSG00000252521	RNU5D-2P	chr9	135317075	135317146	0.109900622781352	4.66249848266849E-06
ENSG00000228733	AC015815.8	chr17	75125857	75125898	0.124680212130563	4.71406918312936E-06
ENSG00000271661	CTB-87J17.2	chr19	23185525	23185570	0.120397285641466	4.75515105535603E-06
ENSG00000121210	KIAA0922	chr4	154391898	154391944	0.119751118536059	4.79420220513274E-06
ENSG00000136861	CDK5RAP2	chr9	123145991	123145999	0.138863678197414	4.79751191439931E-06
ENSG00000112081	SRSF3	chr6	36566714	36566753	0.100006226584702	4.84765026598376E-06
ENSG00000100427	MLC1	chr22	50499348	50499439	0.17371368223701	4.87662716330645E-06
ENSG00000236427	RP11-107M16.2	chr1	152162005	152162041	0.128414722841222	4.92352522951116E-06
ENSG00000221583	RNU6ATAC21P	chr6	10268833	10268867	0.184461192228307	4.92365229399584E-06
ENSG00000261347	AP000439.5	chr11	69278487	69278549	0.146179823180082	4.97754194102645E-06
ENSG00000188779	SKOR1	chr15	68112193	68112302	0.145924231588999	5.00912701969889E-06
ENSG00000185962	LCE3A	chr1	152595404	152595450	0.101283435381907	5.06110845152862E-06
ENSG00000265398	AL139239.1	chr10	99734427	99734471	0.108042298711099	5.06573234038086E-06
ENSG00000253520	RP11-798K23.5	chr5	178957434	178957598	0.109497262326741	5.19941972140283E-06
ENSG00000272077	RP11-348P10.2	chr3	44726891	44727236	0.182365721708693	5.20456353222403E-06
ENSG00000128791	TWSG1	chr18	9333897	9334056	0.12164711921068	5.22986111090592E-06
ENSG00000159023	EPB41	chr1	29213070	29213101	0.102038626200142	5.26655445490187E-06
ENSG00000269978	RP11-338N10.3	chr1	7763354	7763375	0.102226410766972	5.29006805154459E-06
ENSG00000105427	CNFN	chr19	42894401	42894487	0.118203968549856	5.30337955395578E-06
ENSG00000234658	AC013429.4	chr7	138348747	138348846	0.17038911313881	5.34131001838407E-06
ENSG00000101216	GMEB2	chr20	62209388	62209634	0.118178513206348	5.38940658978233E-06
ENSG00000179943	FIZ1	chr19	56097614	56097690	0.120255098424014	5.38997774769308E-06
ENSG00000105549	THEG	chr19	365140	365165	0.117452794619072	0.0000054504968495675
ENSG00000248103	CTC-338M12.9	chr5	180700470	180700655	0.189214844769884	5.46655431640329E-06
ENSG00000227082	AL592494.5	chr1	121138107	121138825	0.163706937246344	5.47204659742816E-06
ENSG00000234921	RP11-85O21.5	chr9	126794642	126794901	0.124829865795148	5.58311949713094E-06
ENSG00000222503	Y_RNA	chr10	105428648	105428690	0.124109380009742	5.62430476150867E-06
ENSG00000198576	ARC	chr8	143680998	143681122	0.134850209716686	5.69610374833898E-06
ENSG00000186009	ATP4B	chr13	114302292	114302558	0.10247344299177	0.0000057030906198152
ENSG00000090857	PDPR	chr16	70151534	70151570	0.18827893934071	5.70718797495937E-06
ENSG00000106236	NPTX2	chr7	98246392	98247266	0.135614275125311	5.77835173799508E-06
ENSG00000228548	ITPKB-AS1	chr1	226867882	226867935	0.175082197626257	6.07860543877654E-06
ENSG00000222012	AC005481.5	chr7	157406448	157406646	0.190239491249939	6.09022227405995E-06
ENSG00000106013	ANKRD7	chr7	117854619	117854720	0.161703630568888	6.10298614942687E-06
ENSG00000170616	SCRT1	chr8	145559665	145560017	0.102798956325517	6.17267036846911E-06
ENSG00000250820	RP11-91H12.4	chr5	175305963	175306107	0.116177105068492	6.173339823173142E-06
ENSG00000267202	RP11-797E24.3	chr18	34854359	34854574	0.111427344271738	6.21356825723516E-06
ENSG00000265644	RP11-451L19.1	chr18	76186350	76186407	0.194213014968556	6.23441047431129E-06
ENSG00000175879	HOXD8	chr2	176997442	176997490	0.199239146388492	6.31102124749666E-06
ENSG00000255524	NPIPB8	chr16	28632986	28633033	0.108515166643928	6.32365003510612E-06
ENSG00000228348	EFCAB14P1	chr1	35586782	35586821	0.124004650617168	6.34555354302163E-06
ENSG00000215146	RP11-313J2.1	chr10	42863495	42863539	0.212074468982374	6.35822924312428E-06
ENSG00000167360	OR51Q1	chr11	5442434	5442458	0.103634537444909	6.46015536099883E-06
ENSG00000226542	AC114814.4	chr2	235962421	235962451	0.106548164532331	6.49655154779684E-06
ENSG00000205277	MUC12	chr7	100612926	100612947	0.135775957621467	6.63846732951218E-06
ENSG00000180929	GPR62	chr3	51989692	51990621	0.110600647744366	6.69287836672996E-06
ENSG00000162399	BSND	chr1	55462704	55462913	0.104396374553844	6.69447102356451E-06
ENSG00000237248	LINC00987	chr12	9392897	9392948	0.19267896979404	6.74511237627558E-06
ENSG00000267336	RP11-773H22.2	chr18	12912150	12912338	0.104591728039862	6.84089171050502E-06
ENSG00000170571	EMB	chr5	49737444	49737492	0.16969791222977	6.84616613705493E-06
ENSG00000179348	GATA2	chr3	128199756	128199788	0.123324614953791	6.86338591566124E-06
ENSG00000221799	AC132068.1	chr16	73025798	73025873	0.128012988943388	7.02596955943476E-06
ENSG00000207153	RNU6-933P	chr11	60775883	60776378	0.162220502496219	7.08398962216185E-06
ENSG00000174353	STAG3L3	chr7	72436316	72436355	0.103788537782392	7.08633644903707E-06
ENSG00000250804	RP11-747H12.3	chr4	8978378	8978441	0.1003987226649	7.21660435230785E-06
ENSG00000261888	AC144831.1	chr17	81058916	81059007	0.129754496694903	7.21806858402136E-06
ENSG00000231726	HMG2P38	chr11	73306436	73306465	0.119256494923933	7.23867798782797E-06
ENSG00000267521	RP11-87G24.6	chr17	74953920	74953945	0.112912127540383	7.30566676104872E-06
ENSG00000225719	NMNAT1P2	chr1	164290516	164290766	0.126563615332151	7.32854285923096E-06
ENSG00000207158	RNU6-929P	chr20	55401903	55401948	0.110044008178106	7.38757581585631E-06
ENSG00000184164	CRELD2	chr22	50322587	50322700	0.129595120286997	7.42590895141315E-06
ENSG00000166183	ASPG	chr14	104551988	104552477	0.14883595582501	7.49266127604859E-06
ENSG00000117877	CD3EAP	chr19	45901649	45901679	0.147259340578962	7.55436158904353E-06
ENSG00000267665	RP11-13K12.2	chr17	75524052	75524093	0.112454100035897	7.55560684223111E-06
ENSG00000243810	RP5-1096J16.1	chr20	20257877	20258008	0.143575901491874	0.0000075834753557934
ENSG00000270698	RP11-568J23.7	chr16	85846163	85846330	0.114371244245511	7.66448651041021E-06
ENSG00000223109	MIR1538	chr16	69603272	69603300	0.22688115591435	7.69485192980158E-06
ENSG00000225905	RP4-758J18.7	chr1	1355194	1355308	0.144396915885333	7.74480989436754E-06
ENSG00000174572	RP11-209A2.1	chr6	27182943	27183007	0.136437180571337	7.78345375587518E-06

ENSG00000139826	ABHD13	chr13	108867108	108867297	0.181439286595368	7.86906651850917E-06
ENSG00000255730	CTC-435M10.3	chr19	41837031	41837229	0.163975576441256	7.90485301821302E-06
ENSG00000112139	MDGA1	chr6	37667468	37667518	0.109835443908539	8.02849481200177E-06
ENSG00000205143	ARID3C	chr9	34623588	34624160	0.134686010059722	8.05032915002134E-06
ENSG00000188263	IL17REL	chr22	50437373	50437417	0.104957751027289	8.26880918459982E-06
ENSG00000269130	SIGLEC28P	chr19	52056541	52056581	0.145748352867648	8.29874693120446E-06
ENSG00000182264	IZUMO1	chr19	49238557	49238682	0.176863119884009	8.29963095582944E-06
ENSG00000197555	SIPA1L1	chr14	71791629	71791671	0.111016125364704	8.40673633604891E-06
ENSG00000223985	AC093326.1	chr2	469790	469816	0.128952671842081	8.43929785196787E-06
ENSG00000268532	RP11-514D23.1	chr16	86319335	86319375	0.153494117503625	8.47415960240724E-06
ENSG00000167741	GGT6	chr17	4464207	4464255	0.147892332524039	8.61034554933402E-06
ENSG00000128709	HOXD9	chr2	176987031	176987167	0.120641755476202	8.64115587952768E-06
ENSG00000206878	SNORA51	chr1	228786295	228786343	0.114235107140898	8.71952738616951E-06
ENSG00000230830	ARPP21-AS1	chr3	35706085	35706176	0.119721498664702	8.72908352164565E-06
ENSG00000223729	RP11-145E17.2	chr9	137186142	137186303	0.11022278817597	8.90524248503624E-06
ENSG00000182256	GABRG3	chr15	27213362	27213395	0.141968242706926	9.04782355186664E-06
ENSG00000176771	NCKAP5	chr2	133428966	133429001	0.120826185068135	9.13489403581698E-06
ENSG00000189275	AL450307.1	chr10	133581834	133581879	0.143213083883343	9.34822091620835E-06
ENSG00000246627	CACNA1C-AS1	chr12	2800116	2800312	0.100837601933515	9.36839893617551E-06
ENSG00000147883	CDKN2B	chr9	22005150	22005163	0.120474182210683	9.45027046671452E-06
ENSG00000261546	CTD-255A7.3	chr16	89189383	89189399	0.12015718871114	9.50103092371841E-06
ENSG00000183470	AC009365.3	chr7	132300097	132300227	0.134420757005629	0.0000096401307475392
ENSG00000124145	SDC4	chr20	43945485	43945652	0.145079550346852	9.78803067702572E-06
ENSG00000268677	CTB-33G10.6	chr19	50193030	50193070	0.108751604678401	9.79484671942519E-06
ENSG00000230244	RAD23BP2	chr7	83277945	83277971	0.112670357289004	9.85489223102992E-06
ENSG00000249077	RP11-478C1.8	chr4	2322054	2322127	0.114106318864713	9.89761468769217E-06
ENSG00000170638	TRABD	chr22	50623165	50623332	0.140331670329923	9.98047537518067E-06
ENSG00000170465	KRT6C	chr12	52867548	52867597	0.114251991940501	0.0000101544166805841
ENSG00000250850	RP11-297B17.3	chr9	37002498	37002911	0.179521767153081	0.0000102097583279282
ENSG00000173421	CCDC36	chr3	49236333	49236362	0.122078054448695	0.000010265392350063
ENSG00000270938	RAP2CP1	chr14	103745508	103746037	0.12006266032556	0.000010288524660222
ENSG00000269154	AC006539.4	chr19	20179295	20179376	0.160147263110483	0.0000103341223707344
ENSG00000102878	HSF4	chr16	67196802	67197932	0.109507872498962	0.0000104736941480689
ENSG00000130559	CAMSAP1	chr9	138662083	138662462	0.118758211071014	0.0000105683865311425
ENSG00000066735	KIF26A	chr14	104605932	104605957	0.108698606956339	0.0000105787757854775
ENSG00000131409	LRRC4B	chr19	51017923	51017947	0.150176261107767	0.000010622952569418
ENSG00000112812	PRSS16	chr6	27206473	27206537	0.13027125225618	0.0000106693152766551
ENSG00000185615	PDIA2	chr16	331694	331921	0.101993708944598	0.0000106772325624068
ENSG00000243155	RP11-46A10.5	chr1	180904914	180904987	0.155657206807559	0.0000106796988485049
ENSG00000196115	ADAM5	chr8	39171986	39172176	0.104301279591523	0.00001069018406057
ENSG00000204583	LRCOL1	chr12	133186985	133187068	0.14837009368807	0.0000107146490573219
ENSG00000234929	AC018685.1	chr2	2617371	2617443	0.13979466624527	0.0000108446662606637
ENSG00000239600	AP000797.2	chr11	115860942	115861034	0.146126789997349	0.0000109893696212309
ENSG00000174945	AMZ1	chr7	2718432	2718551	0.121983226348737	0.000011098611693561
ENSG00000182022	CHST15	chr10	125853748	125853877	0.102114150246815	0.0000111321308740762
ENSG00000164920	OSR2	chr8	99961078	99961122	0.10715672780201	0.0000111486310034012
ENSG00000166961	MS4A15	chr11	60534864	60535128	0.142175825598603	0.0000111505548596808
ENSG00000213530	MTHFD2P5	chr7	82073751	82073799	0.11032936608164	0.0000115175686203632
ENSG00000266109	MIR4440	chr2	239984230	239984273	0.107026363931153	0.000011590218630927
ENSG00000261521	RP11-408H20.1	chr18	28623237	28623264	0.107574494955434	0.0000116116925982319
ENSG00000187185	CTD-2600O9.1	chr16	57832230	57832295	0.105246241516755	0.0000117145728033146
ENSG00000235010	RP11-140A10.3	chr10	133995282	133995359	0.131290675353643	0.00001185064455463617
ENSG00000166106	ADAMTS15	chr11	130316016	130316050	0.166592488911955	0.0000118747966839565
ENSG00000110090	CPT1A	chr11	68579862	68580071	0.147010942459554	0.0000121274820680292
ENSG00000253430	RP11-14117.2	chr8	26276508	26276541	0.116327730877415	0.0000124511372115556
ENSG00000233685	OR6L1P	chr10	135383429	135383505	0.19697849652342	0.0000124702103920135
ENSG00000186197	EDARADD	chr1	236557874	236557922	0.103437312559659	0.0000127080887229486
ENSG00000172116	CD8B	chr2	87037082	87037124	0.124476668733741	0.000012840600237984
ENSG00000263984	AC092380.1	chr16	13155767	13155878	0.210629872692552	0.0000131700146879259
ENSG00000185112	FAM43A	chr3	194408973	194409034	0.185103486819696	0.0000133266841637784
ENSG00000171595	DNAI2	chr17	72270302	72270444	0.130404704811968	0.0000134630179182238
ENSG00000115457	IGFBP2	chr2	217500575	217500624	0.170429233617965	0.0000136041038815432
ENSG00000273266	HOXC4	chr12	54447720	54447766	0.111660161758907	0.000013952653911509
ENSG00000234438	KBTBD13	chr15	65370222	65370452	0.117036203357299	0.0000139561381305871
ENSG00000198242	RPL23A	chr17	27044993	27045030	0.117335702921172	0.0000142930348871738
ENSG00000251652	RP11-20I20.2	chr4	1107126	1107612	0.118490585300593	0.0000144892474664084
ENSG00000272209	RP3-500L14.2	chr6	13860091	13860456	0.106359641087753	0.0000145879482783254
ENSG00000143768	LEFTY2	chr1	226127113	226127694	0.103554448595745	0.0000148320105299506
ENSG00000119547	ONECUT2	chr18	55098537	55098563	0.118047827116543	0.0000148379977245067

ENSG00000171811	TTC40	chr10	134662566	134662628	0.111009079868041	0.0000148974475234365
ENSG00000269476	CTD-2583A14.9	chr19	58399432	58399510	0.142028850466392	0.0000149774852047689
ENSG00000235180	LINC00601	chr10	128078105	128078142	0.153600234145935	0.0000150418767712168
ENSG00000260760	PWRN3	chr15	24672346	24672517	0.186233828572001	0.0000152185409926892
ENSG00000159263	SIM2	chr21	38072921	38072943	0.121106445923647	0.0000152763829263423
ENSG00000264588	RN7SL872P	chr8	3965218	3965269	0.17864425873058	0.0000154643277046605
ENSG00000027075	PRKCH	chr14	61655626	61655737	0.129523185277499	0.0000154847782479119
ENSG00000226348	VN2R10P	chr16	77247150	77247240	0.126720227020127	0.0000157143058122849
ENSG00000273209	RP11-107N15.1	chr2	202860993	202861035	0.152099063026926	0.0000158926791764712
ENSG00000235529	AGAP1-IT1	chr2	236443439	236443461	0.167492049166952	0.0000159002016993511
ENSG00000255628	RP11-313F23.3	chr12	34260749	34261041	0.148378246093578	0.0000161169749005122
ENSG00000231560	AC091814.3	chr12	10096060	10096143	0.154018835676637	0.0000161554873990048
ENSG00000207736	MIR657	chr17	79097211	79097282	0.146869923540724	0.0000164935587346507
ENSG00000238438	snoU13	chr6	1201028	1201096	0.139112940125411	0.0000165208126862898
ENSG00000152454	ZNF256	chr19	58446745	58446799	0.14172512636728	0.0000165562314987678
ENSG00000092978	GPATCH2	chr1	217311982	217312022	0.152061845199457	0.0000165834337929543
ENSG00000238086	PPP1R26P1	chr13	48894409	48894526	0.127144420104808	0.0000166057692635111
ENSG00000259717	LINC00677	chr14	103583066	103583186	0.119878743877547	0.000016643314570419
ENSG00000224550	RP11-270C12.3	chr1	108023195	108023441	0.142365016475924	0.0000167013812201971
ENSG00000183826	BTBD9	chr6	38141469	38141511	0.13669213608992	0.0000167644666966527
ENSG00000180230	NACAP2	chr10	121771256	121771455	0.207600216672408	0.0000167969585559992
ENSG00000272143	FGF14-AS2	chr13	103047859	103047864	0.102362594707557	0.0000168742680237212
ENSG00000215912	TTC34	chr1	2571130	2571161	0.154946840801921	0.0000168940390072891
ENSG00000260426	RP5-912I13.1	chr7	155201907	155201932	0.174394242915689	0.0000175731672514429
ENSG00000259122	TVP23BP1	chr15	27212917	27213192	0.141968089351207	0.0000175829375725378
ENSG00000200298	Y_RNA	chr14	72542521	72542534	0.102817457554638	0.0000176304457601758
ENSG00000260406	RP11-402F9.3	chr15	43585694	43585752	0.123929738607698	0.0000176845502131941
ENSG00000179294	C17orf96	chr17	36828077	36828150	0.120345963385595	0.0000178119410290286
ENSG00000271856	RP11-861A13.4	chr3	107810669	107810697	0.116622518822559	0.0000179638274597982
ENSG00000161509	GRIN2C	chr17	72839726	72839750	0.113606442119589	0.0000180165384299395
ENSG00000229365	RP4-639J15.2	chr7	156871057	156871296	0.172228066763698	0.0000180305860164458
ENSG00000259457	RP11-279F6.2	chr15	69829871	69829907	0.13018725537655	0.0000180557862086895
ENSG00000221112	AP000908.1	chr11	114013794	114013827	0.120950699658861	0.0000181337147279619
ENSG00000266644	RP11-927P21.2	chr17	62893346	62893420	0.157269445208852	0.000018255772154152
ENSG00000267585	RP11-115P21.1	chr18	32173055	32173121	0.110557365477383	0.0000182925166100751
ENSG00000104983	CCDC61	chr19	46504109	46504329	0.104464993353424	0.0000187528517543633
ENSG00000261207	LA16c-361A3.3	chr16	1808201	1808313	0.214625180363478	0.0000192684570327549
ENSG00000250510	GPR162	chr12	6933293	6933475	0.118035463754643	0.0000196738332907459
ENSG00000216802	RP11-390P2.2	chr6	138866865	138866898	0.183977256026754	0.0000198143144715512
ENSG00000269796	AC011516.1	chr19	22605084	22605234	0.120693294289563	0.0000205852469175816
ENSG00000270670	RP11-248C1.3	chr10	91597209	91597300	0.112128319134307	0.0000206317641024618
ENSG00000246350	RP5-1186N24.3	chr6	28557774	28557937	0.100949733006685	0.0000207070154549813
ENSG00000162576	MXRA8	chr1	1289737	1289748	0.108735106186294	0.0000211456629505996
ENSG00000265347	MIR4291	chr9	96588444	96588550	0.145832523486525	0.0000215790011113043
ENSG00000169962	TAS1R3	chr1	1267063	1267137	0.119166644912525	0.0000217351634490096
ENSG00000234427	RP3-413H6.2	chr6	11778987	11779014	0.182843418927883	0.0000221081551672538
ENSG00000133101	CCNA1	chr13	37005489	37006678	0.128598722690549	0.0000224001809189342
ENSG00000188229	TUBB4B	chr9	140133840	140133845	0.164063980595352	0.0000230051444189889
ENSG00000237159	CNTFR-AS1	chr9	34577867	34578153	0.129025410523618	0.0000230500183791078
ENSG00000168967	PMCHL1	chr5	22152065	22152096	0.11806466234132	0.0000233475061062827
ENSG00000237594	AP000251.3	chr21	32931789	32931803	0.102263532928468	0.0000239856393585564
ENSG00000238529	RNU6-599P	chr9	44118138	44118592	0.214728186230884	0.0000239966779605934
ENSG00000188385	JAKMIP3	chr10	133951708	133952011	0.106491279980789	0.0000240951134377118
ENSG00000259200	RP11-718O11.1	chr15	45996813	45996875	0.134953522387964	0.0000247215738577522
ENSG00000237548	TTLL11-IT1	chr9	124676515	124676533	0.14648869781189	0.0000247307786197717
ENSG00000149656	LINC00266-1	chr20	62947373	62947419	0.136352112398951	0.0000250485145960995
ENSG00000261559	RP11-1H8.3	chr15	34787920	34788119	0.132967039543632	0.0000252658923406587
ENSG00000266213	RP11-100K18.1	chr18	76001745	76001782	0.142785768184907	0.0000259293690448138
ENSG00000197576	HOXA4	chr7	27164027	27164069	0.207748582625547	0.0000262762838861095
ENSG00000166770	ZNF667-AS1	chr19	56988285	56988982	0.137522776750129	0.0000263755740976052
ENSG00000230061	AP001065.2	chr21	45811350	45811549	0.148314764670516	0.0000265228530998061
ENSG00000254872	RP13-870H17.3	chr11	1048687	1048690	0.163108693204717	0.0000267805579574005
ENSG00000142347	MYO1F	chr19	8591530	8591831	0.132939002716194	0.0000278595586192746
ENSG00000201966	RNA5-8SP4	chr19	24154487	24154697	0.119929580928596	0.0000281913665337741
ENSG00000270823	hsa-mir-335	chr7	130131359	130131484	0.104928126727087	0.0000283178225391964
ENSG00000260139	CSPG4P13	chr15	78186584	78186828	0.112696672908996	0.0000283828584217043
ENSG00000165802	NSMF	chr9	140348088	140348098	0.159025480686006	0.0000286250927123861
ENSG00000236382	KRTAP10-13P	chr21	46128788	46128830	0.161855300505942	0.0000287107980903913
ENSG00000167701	GPT	chr8	145729537	145729578	0.136227128023554	0.0000290067828311442

ENSG00000259031	CTD-2062F14.3	chr14	101011288	101011328	0.175389396113943	0.0000290406395287494
ENSG00000176845	METRNL	chr17	81042634	81042958	0.121260655524314	0.000029136482631231
ENSG00000119782	FKBP1B	chr2	24272858	24273217	0.120643763966433	0.0000295823335185981
ENSG00000230749	MEIS1-AS2	chr2	66666368	66666417	0.142147047135925	0.0000297295518238661
ENSG00000244565	RP11-222O23.1	chr7	115117482	115117633	0.132226741822072	0.0000298858919258543
ENSG00000255964	RP11-69M1.3	chr12	8167566	8167627	0.18051052522018	0.0000298973545534924
ENSG00000256955	RP11-417L19.2	chr12	132340376	132340512	0.14242231708013	0.0000300511478510725
ENSG00000080854	IGSF9B	chr11	133788762	133788783	0.167098064205701	0.0000301783769441969
ENSG00000234036	TXNP6	chr4	77911086	77911218	0.214566207761455	0.0000304605213843467
ENSG00000188582	PAQR9	chr3	142666178	142666523	0.158834009703192	0.000030849459531842
ENSG00000198821	CD247	chr1	167408515	167408717	0.12804967072713	0.0000312483291641497
LRG_36	LRG_36	chr1	167408515	167408717	0.12804967072713	0.0000312483291641497
ENSG00000143761	ARF1	chr1	228248241	228248334	0.123391295993598	0.0000317282362511554
ENSG00000224516	AC068134.8	chr2	233246214	233246466	0.123881272094493	0.0000318515283307952
ENSG00000158113	LRRC43	chr12	122633170	122633219	0.150048349879917	0.0000334399936831429
ENSG00000249403	CTC-281M20.4	chr5	174487013	174487091	0.123489051053432	0.0000335597591248703
ENSG00000255402	RP11-696P8.2	chr8	110986228	110987019	0.103185485231952	0.0000337153870742541
ENSG00000240210	RP11-204K16.1	chr14	68759604	68759648	0.146424604499435	0.0000343669163942546
ENSG00000260764	RNU7-63P	chr16	8815432	8815466	0.134678595850803	0.0000355769065669603
ENSG00000182667	NTM	chr11	131240385	131240413	0.120733183551201	0.0000357334437334686
ENSG00000088926	F11	chr4	187186949	187186953	0.148940078585398	0.0000357792708585888
ENSG00000222546	RNA5SP251	chr8	3706784	3706821	0.189978612711585	0.0000358208141312657
ENSG00000233123	LINC01007	chr7	101131921	101131986	0.19057946705471	0.0000373964706327622
ENSG00000128714	HOXD13	chr2	176957625	176958174	0.106675747950744	0.0000375034186949955
ENSG00000119973	PRLHR	chr10	120355112	120355150	0.103091088954988	0.0000376324036353691
ENSG00000234779	RP11-62F24.2	chr9	16705316	16705347	0.11287713337237	0.0000380948387602616
ENSG00000102547	CAB39L	chr13	49883230	49883415	0.120142752423798	0.0000381803354016492
ENSG00000165475	CRYL1	chr13	20989023	20989082	0.145177711880982	0.0000382408190626204
ENSG00000196350	ZNF729	chr19	22469191	22469251	0.11230672689332	0.0000385759529825086
ENSG00000177595	PIDD	chr11	795013	795034	0.102629323193911	0.0000388078813118551
ENSG00000130283	GDF1	chr19	18979352	18979563	0.194147924191285	0.0000390225238212303
ENSG00000223802	CERS1	chr19	18979352	18979563	0.194147924191285	0.0000390225238212303
ENSG00000254975	RP11-672A2.3	chr11	76377572	76377612	0.130114365132072	0.0000392504435772926
ENSG00000252068	RNU6-390P	chr5	157001672	157001742	0.100616765097825	0.0000404890331378695
ENSG00000170425	ADORA2B	chr17	15821085	15821122	0.101745981375829	0.0000405928851558123
ENSG00000196071	OR2L13	chr1	248100326	248100614	0.140026745026343	0.000040624506626281
ENSG00000225619	MYT1L-AS1	chr2	2124742	2124857	0.122283172063565	0.0000417928241260001
ENSG00000167280	ENGASE	chr17	77045769	77045800	0.112031095508585	0.0000418423779865598
ENSG00000197540	GZMM	chr19	549111	549158	0.176169908249413	0.0000424013280051182
ENSG00000267137	RP11-15K2.2	chr17	59535135	59535253	0.161162692387092	0.0000424607796898478
ENSG00000199940	RN7SKP75	chr7	71148094	71148142	0.135440808441452	0.000042525152868565
ENSG00000273313	RBAKDN	chr7	5111698	5111916	0.117566593627726	0.0000430506016229747
ENSG00000153495	TEX29	chr13	112063551	112063808	0.146510141264087	0.0000445338016294627
ENSG00000167608	TMC4	chr19	54668159	54668230	0.11062300344507	0.0000446042140163224
ENSG00000101191	DIDO1	chr20	61518970	61519020	0.171912306773174	0.0000448773431569107
ENSG00000235091	WI2-85898F10.1	chr22	46285611	46285825	0.152969123526977	0.0000449404121920281
ENSG00000100664	EIF5	chr14	103799008	103799075	0.178749939276563	0.000045087077227979
ENSG00000198155	ZNF876P	chr4	206339	206442	0.104264846104228	0.000045531689221678
ENSG00000011600	TYROBP	chr19	36394536	36394584	0.112548153153282	0.0000455840023548315
ENSG00000207776	MIR551A	chr1	3450196	3450242	0.169521877287744	0.0000456929897372093
ENSG00000197587	DMBX1	chr1	46959464	46959518	0.106035226381106	0.0000461149490038157
ENSG00000258990	MPPE1P1	chr14	89494735	89494767	0.110088837649881	0.000046328816060725
ENSG00000253771	TPTE2P1	chr13	25506114	25506383	0.109145276912987	0.0000465580861448266
ENSG00000235884	LINC00941	chr12	30976248	30976312	0.100242981555749	0.0000472098190038835
ENSG00000064932	SBNO2	chr19	1112587	1112732	0.117763060968496	0.000047592889909809
ENSG00000213023	SYT3	chr19	51111677	51111712	0.127896105761025	0.0000482158468071333
ENSG00000261377	RP11-578F21.12	chr15	29034664	29034739	0.175285989433682	0.0000485500494576672
ENSG00000197487	GALP	chr19	56686337	56686412	0.135605727599576	0.000048681974076898
ENSG00000237013	AC010987.6	chr2	67921775	67921816	0.139292372261941	0.0000487541959031504
ENSG00000264174	RP11-212E8.1	chr17	32992573	32992623	0.104561258651406	0.0000496970680683122
ENSG00000206678	RNU6-144P	chr8	138333153	138333172	0.122300558605821	0.0000500673783485705
ENSG00000266076	CTD-2535L24.2	chr17	63533843	63533913	0.111751791642793	0.0000503715087495847
ENSG00000167747	C19orf48	chr19	51301229	51301276	0.125996782291782	0.000050489588588538
ENSG00000138152	BTBD16	chr10	123949960	123950002	0.150786209542693	0.0000506799683696873
ENSG00000266508	MIR3201	chr22	48728962	48728997	0.105257173232622	0.0000515269715352867
ENSG00000140853	NLRC5	chr16	57025944	57026029	0.267121501630824	0.000052222195330824
ENSG00000231081	RP4-760C5.3	chr20	25968167	25968188	0.114021754048753	0.0000529100408895378
ENSG00000267036	AC005559.3	chr19	595662	595726	0.105601419054199	0.0000534663525570476
LRG_40	LRG_40	chr20	44746389	44746402	0.109676018865714	0.0000535377760966821

ENSG00000120262	CCDC170	chr6	151814859	151814903	0.103107552512066	0.0000537370472390642
ENSG00000148411	NACC2	chr9	138942617	138942778	0.155925639319825	0.0000537938204803113
ENSG00000197595	C13orf35	chr13	113293094	113293146	0.127130875838957	0.0000539181976476947
ENSG00000243232	PCDHAC2	chr5	140347060	140347087	0.101581196148834	0.0000539576395866831
ENSG00000200034	RNU4-73P	chr2	9865392	9865427	0.133539610679268	0.0000565715766895973
ENSG00000239822	RN7SL754P	chr10	459908	460040	0.110297559562097	0.0000578932220314867
ENSG00000260651	AF213884.2	chr4	103421224	103421310	0.101160887020871	0.0000588028862885295
ENSG00000185499	MUC1	chr1	155152310	155152402	0.159111146515045	0.0000588781834768258
ENSG00000231515	AC006003.3	chr7	157530956	157530995	0.135859834944926	0.0000594101955331152
ENSG00000136574	GATA4	chr8	11534194	11534225	0.110240063885138	0.0000612710231861289
ENSG00000199370	U3	chr7	147960176	147960214	0.1136307745217	0.0000616429352237977
ENSG00000265654	AL513547.1	chr6	170038665	170038733	0.148716932444338	0.000061644297882249
ENSG00000226490	AC138647.1	chr8	142528234	142529028	0.128308487522871	0.000061961829991444
ENSG00000149201	CCDC81	chr11	86085694	86086005	0.100027555240252	0.0000620361223541087
ENSG00000259955	CTD-2547G23.2	chr16	25266461	25266553	0.135776686517261	0.0000628463736027363
ENSG00000240280	TCAM1P	chr17	61926578	61926921	0.107165513408172	0.0000639332748479817
ENSG00000101220	C20orf27	chr20	3733054	3733093	0.176381870016319	0.0000645235190577241
ENSG00000252991	RNU6-1073P	chr9	998317	998413	0.171101382590233	0.0000647773340559064
ENSG00000233133	AC104451.2	chr3	17781806	17781851	0.121115062151217	0.0000657522462463929
ENSG00000160282	FTCD	chr21	47560679	47560729	0.114914735778204	0.0000672330703973773
ENSG00000255387	RP11-23F23.3	chr11	4233387	4233528	0.155764274466761	0.0000681719111777712
ENSG00000255371	OPCML-IT2	chr11	132662650	132662682	0.102913704494381	0.0000682594431363665
ENSG00000165689	SDCCAG3	chr9	139290378	139290489	0.124852041720733	0.0000683839326599483
ENSG00000131584	ACAP3	chr1	1222918	1222975	0.144256606116653	0.0000683919354806282
ENSG00000171777	RASGRP4	chr19	38909068	38909239	0.119850676192884	0.0000686869070190295
ENSG00000204377	C1orf134	chr1	16553356	16553484	0.129342872711562	0.0000687702810056667
ENSG00000180525	PRR26	chr10	696296	696363	0.121969957145755	0.0000687915963789398
ENSG00000233407	RP11-567C20.3	chr1	50717636	50717676	0.116519865061094	0.0000690201415606578
ENSG00000252035	RNU6-397P	chr8	14314835	14314933	0.114663545747876	0.0000699705280946193
ENSG00000254547	RP11-738O11.13	chr11	55641257	55641264	0.111056884966914	0.0000701687677653674
ENSG00000117479	SLC19A2	chr1	169429646	169429824	0.129536875435549	0.0000703923562791787
ENSG00000266136	AL031055.1	chr20	45440228	45440264	0.103411910628755	0.000071645875552706
ENSG00000144152	FBLN7	chr2	112898264	112898303	0.115184872235173	0.0000724918765456336
ENSG00000163545	NUAK2	chr1	205283298	205283327	0.133260408896554	0.0000727290414468722
ENSG00000178691	SUZ12	chr17	30244553	30244563	0.179901148931731	0.0000756103197492019
LRG_495	LRG_495	chr16	89831116	89831232	0.195164597033808	0.0000763157342390564
ENSG00000146090	RASGEF1C	chr5	179588592	179588772	0.114381797741605	0.0000770943459795933
ENSG00000061656	SPAG4	chr20	34190204	34190258	0.105621237653943	0.0000771550540665459
ENSG00000261046	RP11-14K3.4	chr16	34795130	34795133	0.160648907072582	0.0000778952177151521
ENSG00000266192	MIR1260B	chr11	96065844	96065875	0.155247123899682	0.0000793744660154676
ENSG00000204283	FLJ45079	chr17	75798724	75798752	0.153447736897885	0.0000804343993751987
ENSG00000230490	RP11-141M1.3	chr13	33926860	33926908	0.166647689737908	0.0000806285007476424
ENSG00000253915	MAPRE1P1	chr8	136596476	136596496	0.146094884516994	0.0000821861881934962
ENSG00000119559	C19orf25	chr19	1465207	1465702	0.186700368757345	0.0000829803790322393
ENSG00000223214	AC091559.1	chr8	15397637	15398053	0.117722931358817	0.0000830585507385834
ENSG00000139266	MARCH9	chr12	58150733	58150789	0.125333752571663	0.0000845977015073847
ENSG00000258792	RP11-944C7.1	chr14	90092103	90092160	0.111533822478296	0.0000865584168329544
ENSG00000142733	MAP3K6	chr1	27682984	27683020	0.100111238413278	0.0000875463537431528
ENSG00000185527	PDE6G	chr17	79614976	79615252	0.124066278178315	0.0000900474152891487
ENSG00000260009	RP11-65J21.1	chr16	14431290	14431385	0.108009065461431	0.000090203065277793
ENSG00000251408	RP11-586D19.2	chr4	6203560	6203572	0.118055329317531	0.0000905980435289666
ENSG00000254573	AP004550.1	chr11	134454655	134454703	0.135965185175905	0.0000909182729039569
ENSG00000239689	RPL17P46	chr18	48352033	48352041	0.102051636234113	0.0000913744501779549
ENSG00000256576	RP13-977J11.2	chr12	132663873	132663926	0.124088793533668	0.0000916994548624721
ENSG00000224796	RPL32P1	chr6	33048417	33048485	0.188353663099029	0.0000931692637917229
ENSG00000177455	CD19	chr16	28944363	28944391	0.156742032323452	0.0000943926524478514
LRG_35	LRG_35	chr16	28944363	28944391	0.156742032323452	0.0000943926524478514
ENSG00000261330	RP11-281J9.1	chr16	77923235	77923270	0.106947182782509	0.0000953778877633893
ENSG00000271652	RP11-168P6.2	chr13	54740337	54740340	0.1851638487262	0.0000957335000093777
ENSG00000250215	CIR1P2	chr4	115641974	115641984	0.113694716463916	0.0000958432102851933
ENSG00000142694	EVA1B	chr1	36787774	36788365	0.13540873905373	0.000096908495299986
ENSG00000272541	XXbac-BPGBPG55C20.	chr6	58149454	58149473	0.10303404734975	0.0000974374678659528
ENSG00000270666	XXbac-BPGBPG34I8.1	chr6	27483027	27483109	0.118437428808303	0.0000978606296604867
ENSG00000250238	Z95704.3	chr4	107147	107416	0.108529972642498	0.0000994064756972802
ENSG00000273258	RP11-394I13.3	chr2	174877566	174877748	0.103072927591949	0.000100653639334106
ENSG00000232818	RPS2P32	chr7	23530034	23530109	0.107164735523653	0.000101116791990827
ENSG00000242902	RP11-309L24.2	chr7	128482614	128482673	0.103056369215661	0.000102625668108754
ENSG00000124160	NCOA5	chr20	44687676	44687723	0.148646570859514	0.000102718693673951
ENSG00000142794	NBPF3	chr1	21763937	21763994	0.124739838407095	0.000103543835940757

ENSG00000100288	CHKB	chr22	51017121	51017166	0.120153541084751	0.000104063964939814
ENSG00000168824	NSG1	chr4	4341655	4341672	0.110106253037502	0.000106374029518803
ENSG00000169495	HTRA4	chr8	38831681	38831696	0.125946421824094	0.000107052066827455
ENSG00000115255	REEP6	chr19	1496559	1496728	0.138800727657383	0.000107801466062601
ENSG00000221932	HEPN1	chr11	124790827	124791448	0.118613154262254	0.000109810530876086
ENSG00000143850	PLEKHA6	chr1	204195149	204195183	0.154545399066288	0.000110171437733632
ENSG00000265258	MIR4686	chr11	2203525	2203725	0.109099573449306	0.000110749985897009
ENSG00000246084	CTD-2506J14.1	chr14	97925255	97925435	0.127778006978304	0.000112150689557685
ENSG00000261474	RP11-452L6.1	chr16	31453258	31453619	0.127948780531647	0.000112452920971387
ENSG00000259079	RP1-261D10.1	chr14	71803964	71803980	0.1462146809615	0.000112942628084016
ENSG00000229557	LINC00379	chr13	91827207	91827713	0.114169145197433	0.000113230522786621
ENSG00000253873	PCDHGA11	chr5	140800769	140800929	0.114695051147018	0.000114327728525564
ENSG00000123975	CKS2	chr9	91897317	91897861	0.152041511028786	0.000114704137567806
ENSG00000138356	AOX1	chr2	201450506	201450610	0.10464564500735	0.000115016393373496
ENSG00000162975	KCNF1	chr2	11052756	11052804	0.103113615217064	0.000117981584517225
ENSG00000258595	RP11-371E8.2	chr14	93574003	93574075	0.114668479801106	0.000119041942577946
ENSG00000270933	CTD-2227E11.1	chr7	25898644	25898794	0.11526757919338	0.000120029510239645
ENSG00000188512	RP1-273G13.2	chr8	33783699	33783744	0.117474177802177	0.000122573178591608
ENSG00000206636	Y_RNA	chr12	8122800	8122828	0.100788028697606	0.000122668224971844
ENSG00000230998	RP11-14C22.3	chr10	30934410	30934431	0.14479242952813	0.00012317765352942
ENSG00000241439	RP11-666A20.3	chr3	125677112	125677428	0.120019774683497	0.00012369069094473
ENSG00000253695	RP11-177H2.2	chr8	10708127	10708144	0.124018758634804	0.000125409010291443
ENSG00000255986	MT1JP	chr16	56669402	56669726	0.139618442908202	0.000126298628540171
ENSG00000213988	ZNF90	chr19	20188778	20188805	0.121593204048629	0.000126580198420412
ENSG00000167646	DNAAF3	chr19	55669029	55669072	0.100962750041679	0.000127082990921499
ENSG00000268723	CTC-444N24.9	chr19	57828942	57829153	0.122384801644122	0.00012724956990969
ENSG00000251151	HOXC-AS3	chr12	54375998	54376084	0.142480076804226	0.00012993723106139
ENSG00000224982	TMEM233	chr12	120031551	120031649	0.105013666898529	0.000130348657715242
ENSG00000266859	AP000719.1	chr11	71623181	71623252	0.105855926203469	0.000130390506073948
ENSG00000215881	RP11-65D24.1	chr13	112310637	112310663	0.108896923932807	0.000132526595840008
ENSG00000196323	ZBTB44	chr11	130087187	130087260	0.111761835086785	0.000133511215070858
ENSG00000224594	RPL29P19	chr8	49293731	49293780	0.105270075231204	0.000134186094135531
ENSG00000250284	CTB-1121.1	chr5	136071800	136071845	0.163076744287137	0.000134743706778675
ENSG00000169992	NLGN2	chr17	7311588	7311973	0.159975309518472	0.000135950116693693
ENSG00000100055	CYTH4	chr22	37655614	37655816	0.109342548308332	0.000137122415599951
ENSG00000225706	RP11-75C9.1	chr9	8856683	8856695	0.159672997525856	0.000139185921752485
ENSG00000258402	RP11-516J2.1	chr14	76734815	76734858	0.103324042124544	0.000141146064110015
ENSG00000259757	RP11-129I19.2	chr5	2739065	2739131	0.128738118762435	0.000141616685016822
ENSG00000145029	NICN1	chr3	49459799	49459909	0.119722250347477	0.000142594070509059
ENSG00000235261	NICN1-AS1	chr3	49459799	49459909	0.119722250347477	0.000142594070509059
ENSG00000257514	RP11-755O11.2	chr12	102036254	102036458	0.11535573844814	0.000142758558370232
ENSG00000229203	AC103564.7	chr2	132587401	132587698	0.158209866771049	0.00014307333216921
ENSG00000253103	RP11-946L20.4	chr8	112112988	112113031	0.103016848157071	0.000143380002531064
ENSG00000073060	SCARB1	chr12	125262508	125262531	0.128256340546573	0.000145857993744274
ENSG00000232985	RP11-442O18.1	chr10	130829645	130829670	0.121216167283681	0.000147096501531232
ENSG00000171631	P2RY6	chr11	72975577	72975796	0.101918862535984	0.00014769521677366
ENSG00000269690	AC096677.1	chr1	201583481	201583600	0.147821238681575	0.00014937805603354
ENSG00000256802	RP11-680F8.1	chr15	29967477	29967620	0.117199747902501	0.000151775589556861
ENSG00000256323	AL049542.1	chr16	528437	528508	0.136747768392852	0.00015189793876184
ENSG00000255120	OVOL1-AS1	chr11	65557032	65557064	0.112267739222145	0.000152489993420367
ENSG00000168314	MOBP	chr3	39544036	39544270	0.158979074760987	0.000154019196165226
ENSG00000198792	TMEM184B	chr22	38610444	38610954	0.132821381025962	0.000158142956439376
ENSG00000087365	SF3B2	chr11	65816484	65816819	0.109557460030593	0.000158300909646501
ENSG00000181192	DHTKD1	chr10	12088017	12088064	0.151446663238517	0.000161297750158381
ENSG00000111344	RASAL1	chr12	113531366	113531509	0.170861039849587	0.000161829675825207
ENSG00000170549	IRX1	chr5	3595649	3595907	0.124579025447389	0.000163177292271839
ENSG00000256810	RP11-76C10.2	chr12	131519998	131520032	0.170010491075796	0.000164630858743519
ENSG00000102837	OLFM4	chr13	53643428	53643463	0.131132511476653	0.000165005743047839
ENSG00000231579	RPL7P21	chr5	142781817	142781861	0.117997749706183	0.000166082236727911
ENSG00000254399	GLYATL1P4	chr11	58830044	58830285	0.102165669186944	0.000166366760985013
ENSG00000261924	CTD-2561B21.5	chr17	78943274	78943360	0.152637173916422	0.000169188991038542
ENSG00000268179	AL645608.1	chr1	865120	865153	0.107775192666763	0.000170912813035077
ENSG00000172828	CES3	chr16	67008435	67008525	0.115987045529152	0.000172819065062353
ENSG00000230106	AF228730.7	chr8	7016285	7016353	0.126987238965269	0.000173652452876569
ENSG00000238366	Y_RNA	chr10	6297892	6297974	0.138716975064793	0.000173847332022732
ENSG00000249231	CASC16	chr16	52583062	52583084	0.150813711782193	0.000175031232533146
ENSG00000249222	ATP5L2	chr22	43058980	43059025	0.1023545146761	0.000176692284649819
ENSG00000250508	RP11-757G1.6	chr11	68622198	68622360	0.109328395316092	0.00017687026244759
ENSG00000165238	WNK2	chr9	95993004	95993057	0.113626803922011	0.000179949868356883

ENSG00000206841	RNU6-409P	chr22	51143960	51143968	0.102507734579956	0.000181319248712537
ENSG00000116819	TFAP2E	chr1	36042904	36043060	0.137873560960522	0.000182521803282753
ENSG00000111049	MYF5	chr12	81110594	81110641	0.103245398601963	0.000182578941278334
ENSG00000258407	RP11-300J18.2	chr14	88477518	88477525	0.143040927953041	0.000183322208550591
ENSG00000225194	LINC00092	chr9	98782960	98782979	0.102299635659628	0.000185304286811504
ENSG00000253942	KB-1410C5.1	chr8	102236170	102236522	0.122210767692495	0.000190475206758813
ENSG00000224586	GPX5	chr6	28504849	28504955	0.100818785276206	0.000193855493568143
ENSG00000101557	USP14	chr18	165375	165402	0.113033404885647	0.000197688546340245
ENSG00000143627	PKLR	chr1	155264662	155264703	0.101840365231308	0.000197864677446933
ENSG00000226686	AC012309.5	chr19	37742758	37742866	0.120975036016407	0.000200888031288426
ENSG00000213228	RPL12P38	chr17	58498793	58498823	0.102488735861259	0.000201445078679392
ENSG00000167508	MVD	chr16	88715807	88715852	0.147819654617418	0.000207179490488889
ENSG00000146839	ZAN	chr7	100342898	100343083	0.321129010125955	0.000208024870224857
ENSG00000260296	RP11-395I6.3	chr4	40178486	40178544	0.16309500450883	0.000208834340588527
ENSG00000105298	CACTIN	chr19	3617566	3617663	0.132139770286924	0.000212976474498993
ENSG00000066230	SLC9A3	chr5	476386	476734	0.170098333342218	0.000217360920336129
ENSG00000265885	RN7SL783P	chr13	110768394	110768626	0.12990036513069	0.000232480855768459
ENSG00000263891	AC092634.1	chr7	63361449	63361511	0.176399404727792	0.000233908961542661
ENSG00000142609	C1orf222	chr1	1855033	1855079	0.105775249957887	0.00023869574908394
ENSG00000122756	CNTFR	chr9	34554978	34555139	0.130998393875893	0.000240103917048784
ENSG00000262621	NAA60	chr16	3414820	3415189	0.114821522888525	0.000241283835668783
ENSG00000175220	ARHGAP1	chr11	46696168	46696209	0.151093951582131	0.000251234536239039
ENSG00000139865	TTC6	chr14	38066795	38066844	0.12901199230291	0.000254536399267994
ENSG00000214650	RP11-83B20.1	chr12	125028029	125028166	0.117671893399895	0.000260504309428454
ENSG00000243499	RPS6P21	chr12	132166199	132166272	0.161950729077562	0.000260824314065557
ENSG00000180549	FUT7	chr9	139925415	139925643	0.10301979479465	0.000263752906585337
ENSG00000226389	RP11-507K13.4	chr10	50976917	50977136	0.101916572636288	0.000279698096914529
ENSG00000267325	RP11-397A16.2	chr18	53447075	53447211	0.107227117242761	0.000281355099973743
ENSG00000259528	RP5-1066H13.4	chr1	41350215	41350285	0.106132661504648	0.000282041852864839
ENSG00000197355	UAP1L1	chr9	139968562	139968626	0.10492276599588	0.000282631146687721
ENSG00000089094	KDM2B	chr12	121882208	121882283	0.108247565457829	0.000286953838335585
ENSG00000177830	CHID1	chr11	864621	864846	0.118008046676204	0.000287149165389276
ENSG00000163288	GABRB1	chr4	46995532	46995871	0.104404571900913	0.000291285426962138
ENSG00000235628	TNR-IT1	chr1	175568377	175568562	0.118727727804429	0.000292369960299524
ENSG00000237170	RPS7P15	chr4	4509362	4509467	0.102816314545431	0.000296349031219723
ENSG00000255318	RP11-655M14.13	chr11	67383714	67383862	0.117013853689353	0.000304319083927969
ENSG00000268618	AC092316.1	chr19	8618027	8618109	0.163451187368764	0.000304982258956194
ENSG00000168564	CDKN2AIP	chr4	184367311	184367411	0.101830720538496	0.000306730929119879
ENSG00000215067	AC027763.2	chr17	6797554	6797590	0.119105143333277	0.000307978034721621
ENSG00000227589	RP5-1092A11.5	chr1	3583308	3583350	0.111198892247237	0.000310281193314347
ENSG00000261305	RP4-584D14.7	chr7	150038598	150038753	0.185100969271066	0.000311825045415153
ENSG00000247131	RP11-588G21.2	chr12	70093063	70093090	0.17787978400631	0.000312685175411861
ENSG00000182871	COL18A1	chr21	46825224	46826020	0.108049219477852	0.000320276815515341
ENSG00000248383	PCDHAC1	chr5	140306308	140306458	0.12247635540066	0.000324348840177349
ENSG00000204677	FAM153C	chr5	177433803	177433946	0.170907417390363	0.000330226908193536
ENSG00000074047	GLI2	chr2	121492227	121492277	0.119163467510489	0.000334026008632457
ENSG00000100181	TPTEP1	chr22	17082418	17082901	0.144931550384825	0.000334754906011015
ENSG00000153487	ING1	chr13	111376030	111376073	0.113085431087847	0.000337510226220411
ENSG00000235464	AC007652.1	chr7	35494808	35494827	0.119161356191446	0.000339544478809852
ENSG00000249412	CTC-563A5.2	chr5	179393876	179393926	0.217357841282731	0.000344863261999219
ENSG00000267287	RP11-567M16.1	chr18	77336007	77336398	0.101438158022236	0.000349945604472215
ENSG00000231550	PTCHD3P2	chr2	170625346	170625382	0.147116418464036	0.000352089222572863
ENSG00000186354	C9orf47	chr9	91605981	91606140	0.119036258873749	0.000357276891880971
ENSG00000014138	POLA2	chr11	65011269	65011290	0.194325918769495	0.000360553490121689
ENSG00000204099	NEU4	chr2	242749925	242749953	0.167111518241108	0.000361245887010966
ENSG00000230208	IFNNP1	chr9	21031909	21031998	0.128173846460342	0.000369052730137485
ENSG00000234993	CUBNP2	chr10	45720017	45720134	0.102516916586215	0.000370962391975248
ENSG00000173480	ZNF417	chr19	58400425	58400462	0.152019261813485	0.000372602499157406
ENSG00000259088	CTD-2017C7.2	chr14	102247661	102248278	0.116186384347021	0.000372700061847214
ENSG00000105643	ARRDC2	chr19	18119865	18119914	0.129134157603126	0.000386554188080501
ENSG00000250286	RP11-94C24.8	chr17	48616299	48616335	0.108755925575983	0.000386702623645901
ENSG00000260510	AC004381.7	chr16	20756332	20756414	0.138564564088212	0.000392963058405336
ENSG00000244372	RN7SL423P	chr2	161504892	161504962	0.191483592680323	0.00039367373500604
ENSG00000184489	PTP4A3	chr8	142401497	142401769	0.107651620546122	0.000407368050560643
ENSG00000229645	LINC00341	chr14	95875792	95875858	0.107520971882587	0.000408080439693366
ENSG00000205696	ADARB2-AS1	chr10	1602080	1602119	0.120259295486231	0.000409761835846744
ENSG00000206013	IFITM5	chr11	299390	299634	0.119647715942246	0.000415807956490279
ENSG00000172458	IL17D	chr13	21258956	21259061	0.14189641151678	0.000426285489934329
ENSG00000168961	LGALS9	chr17	25959927	25959953	0.102651321238307	0.000427554790350826

ENSG00000250162	CSNK1A1P3	chr5	98175242	98175424	0.173683255439736	0.000433468909081505
ENSG00000111432	FZD10	chr12	130646846	130647817	0.102189306527567	0.000434822234642726
ENSG00000259161	CTD-2017C7.3	chr14	102356845	102356859	0.122771977487986	0.000437813297571114
ENSG00000268352	AC007228.5	chr19	57183116	57183342	0.105736114009986	0.000438144842972012
ENSG00000141101	NOB1	chr16	69776039	69776229	0.133855065209843	0.000438639925698485
ENSG00000176182	MYPOP	chr19	46404541	46404895	0.133430682560087	0.00044087300040453
ENSG00000130695	CEP85	chr1	26552102	26552185	0.104649648448455	0.000441841943505413
ENSG00000258913	RP11-260M19.2	chr14	104689976	104689991	0.149760700703282	0.000449839203557315
ENSG00000267338	KB-7G2.9	chr22	17091006	17091215	0.108012039500779	0.000459644548367963
ENSG00000130487	KLHDC7B	chr22	50985849	50985950	0.11801166910594	0.000460249348054992
ENSG00000261819	RP11-680G24.4	chr16	15083956	15084157	0.194041435510241	0.000460748874513654
ENSG00000225472	RP11-120J1.1	chr9	14350894	14350941	0.121067478873528	0.000467872710187392
ENSG00000235256	BX664724.1	chr9	47049300	47049335	0.317951501299913	0.000468836242585184
ENSG00000267667	RP11-136H19.1	chr17	59312490	59312539	0.142485846321745	0.000469798466491892
ENSG00000136943	CTSV	chr9	99800277	99800314	0.109880730044918	0.000471540697736367
ENSG00000269408	AL390778.1	chr9	138159198	138159383	0.150218009653988	0.000472041066945472
ENSG00000254122	PCDHGB7	chr5	140797166	140797234	0.10135935641378	0.000472426298224015
ENSG00000265275	AF104455.1	chr7	152622355	152622452	0.114908686876391	0.000472489236467364
ENSG00000241878	PISD	chr22	32014345	32014411	0.165767179776666	0.000472772499345341
ENSG00000269349	CTD-3099C6.5	chr19	52996668	52996717	0.103550677265063	0.00047430584387313
ENSG00000181982	CCDC149	chr4	24844164	24844167	0.12137210798853	0.000479538256169492
ENSG00000171843	MLLT3	chr9	20339845	20339847	0.100716381761428	0.000481762572549636
ENSG00000230214	FTLP18	chr1	37051494	37051524	0.115008114108183	0.000481840548477532
ENSG00000235988	RP11-495P10.4	chr1	147790541	147790587	0.101999986486275	0.000483997977866863
ENSG00000127863	TNFRSF19	chr13	24152412	24152445	0.106122659006467	0.0004925886042034
LRG_46	LRG_46	chr19	861752	861942	0.11908708746589	0.000499710200363155
ENSG00000111046	MYF6	chr12	81102648	81102693	0.120061065039883	0.000500581591906029
ENSG00000268754	LINC01081	chr16	86275372	86275423	0.11180435171485	0.000506480965775378
ENSG00000215998	MIR935	chr19	54483176	54483251	0.108590041412837	0.000508955882309873
ENSG00000184545	DUSP8	chr11	1581473	1581476	0.121721637274218	0.00051519845928063
ENSG00000223559	RP11-700P18.1	chr7	56355664	56355789	0.13426063689443	0.000524155058763466
ENSG00000087274	ADD1	chr4	2860728	2860735	0.159947356525921	0.000528304777880237
ENSG00000159247	TUBBP5	chr9	141042347	141042524	0.161943083380641	0.000528374991701149
ENSG00000233930	KRTAP5-AS1	chr11	1597408	1597444	0.128324372421791	0.000540974186484029
ENSG00000267707	RP11-95O2.5	chr18	34823799	34824016	0.143684619505392	0.00054113432051181
ENSG00000176177	ENTHD1	chr22	40082510	40082554	0.116659681916422	0.000550299230158087
ENSG00000129465	RIPK3	chr14	24804675	24804697	0.107250936947208	0.000550382737971322
ENSG00000237624	OXCT2P1	chr1	39981228	39981352	0.288792408382516	0.000550761904734309
ENSG00000148343	FAM73B	chr9	131795430	131795559	0.121422871637009	0.000552396552489542
ENSG00000185920	PTCH1	chr9	98221546	98221728	0.114193171957492	0.000553576751717355
ENSG00000132005	RFX1	chr19	14089510	14089585	0.107579677564452	0.000554032388924846
ENSG00000264203	AC092377.1	chr16	85485631	85485877	0.138305612210486	0.000555884613272023
ENSG00000156575	PRG3	chr11	57144068	57144191	0.119276909331473	0.000558153129508615
ENSG00000249926	RP11-495K9.6	chr12	132146935	132146979	0.11363278323838	0.000559009419479409
ENSG00000254731	CTD-2005H7.1	chr11	86384736	86384754	0.127629797244735	0.000559526555969345
ENSG00000260193	RP11-83N9.5	chr9	138990812	138990917	0.118244970565059	0.000564946914518054
ENSG00000230267	HERC2P4	chr16	32096331	32096599	0.203203551656061	0.000570265083080652
ENSG00000180660	MAB21L1	chr13	36050844	36050930	0.156685789679557	0.000572477002157927
ENSG00000248385	TARM1	chr19	54568285	54568346	0.138163516534567	0.000573310569306233
ENSG00000119686	FLVCR2	chr14	76045918	76045963	0.109510073164683	0.000593370021368848
ENSG00000251543	RP11-60A8.2	chr5	72607850	72607858	0.124311416493387	0.000606434556891326
ENSG00000252369	RNU7-51P	chr14	83558735	83559203	0.10599616558847	0.000616662702094083
ENSG00000204140	CLPSL1	chr6	35754694	35754739	0.150303056080805	0.000620348685437325
ENSG00000233366	ZNF90P2	chr6	28852873	28853113	0.170934770421864	0.000622781695136046
ENSG00000236983	LINC00614	chr10	27235582	27235653	0.10649577757566	0.000624307343445756
ENSG00000175920	DOK7	chr4	3471368	3471402	0.116553106079864	0.000649820387520277
ENSG00000179071	CCDC89	chr11	85393607	85394027	0.174765062707952	0.000656500226058925
ENSG00000272439	U6	chr14	99891696	99891711	0.106779310646281	0.000656787977964375
ENSG00000134202	GSTM3	chr1	110282439	110282931	0.105511991420222	0.000668605499854072
ENSG00000267558	RP11-618K16.4	chr18	43355916	43355989	0.135882002078243	0.000670378684879868
ENSG00000226507	IPMKP1	chr13	23412075	23412119	0.104751173671435	0.000676287892782067
ENSG00000196189	SEMA4A	chr1	156131232	156131289	0.133350020277943	0.000688599612596254
ENSG00000240230	COX19	chr7	949005	949158	0.181475101678698	0.000697896553115652
ENSG00000252319	Y_RNA	chr18	8717905	8717926	0.104077202647984	0.000707951293117487
ENSG00000006015	C19orf60	chr19	18707531	18707558	0.10614823975399	0.00071560586896165
ENSG00000198683	AC012615.1	chr19	1926195	1926240	0.114156095010857	0.000721661251370725
ENSG00000272048	RP11-458N5.1	chr2	25438792	25439202	0.103406560019577	0.000742727953067824
ENSG00000182083	OR6B2	chr2	240940330	240940377	0.143619591755952	0.000751170529103958
ENSG00000172732	MUS81	chr11	65620113	65620250	0.132112866026843	0.000756809129995163

ENSG00000205138	SDHAF1	chr19	36485105	36485227	0.108220377353108	0.000757808914945831
ENSG00000256343	RP11-662M24.1	chr12	131170956	131171031	0.108355455849464	0.000758925504366644
ENSG00000234026	RP11-310E22.4	chr10	96990810	96990923	0.150191951954375	0.00076475843883071
ENSG00000266255	MIR4475	chr9	36818504	36818679	0.114157521442707	0.000789986735892746
ENSG00000137500	CCDC90B	chr11	82972832	82972843	0.166882987394263	0.000793728390120067
ENSG00000186205	MARC1	chr1	220970097	220970133	0.166902624399397	0.000804004042516325
ENSG00000128309	MPST	chr22	37420226	37420754	0.189076524281594	0.000805487203874344
ENSG00000227397	CTD-2526L21.3	chr7	63250756	63250919	0.102004524701552	0.000808686605686662
ENSG00000167513	CDT1	chr16	88868710	88868869	0.162702595821252	0.000816448220516777
ENSG00000251261	OR7H2P	chr5	101119766	101119809	0.113573881778309	0.000835250778972288
ENSG00000253479	RP11-744J10.3	chr8	70241890	70242251	0.128190669111611	0.000840782932128572
ENSG00000068137	PLEKHH3	chr17	40822276	40822458	0.148810655725832	0.000845673061959383
ENSG00000260848	CTD-2009A10.1	chr16	73578279	73578331	0.10685441303818	0.000845779881146651
ENSG00000150873	C2orf50	chr2	11273954	11273972	0.110622330140622	0.00084683529243938
ENSG00000231983	LINC00415	chr13	26626509	26626591	0.110835092920826	0.000859727372286067
ENSG00000252450	Y_RNA	chr1	32741652	32741689	0.106223390736201	0.000911844861810834
ENSG00000237737	DCTN1-AS1	chr2	74601656	74601749	0.109470591262508	0.000918851179968904
ENSG00000249311	TERF1P3	chr4	137316335	137316472	0.113920534703021	0.000919403708412431
ENSG00000204603	RP11-638F5.1	chr12	131622358	131622387	0.125008296471539	0.000926141555117417
ENSG00000238098	ABCA17P	chr16	2392269	2392329	0.137038717650365	0.000930966154925212
ENSG00000074410	CA12	chr15	63613976	63614084	0.108461285861346	0.00094595595883523
ENSG00000270472	IGHV3OR16-9	chr16	32095508	32095552	0.101883622174752	0.000962035312224204
ENSG00000254299	CTB-5411.1	chr5	171960288	171960327	0.12115371902614	0.00098083934681782
ENSG00000261837	RP11-264L1.3	chr16	78585483	78585566	0.128368657975866	0.000981854774554893
ENSG00000253572	RP11-107N7.1	chr5	77253527	77253544	0.130088784798498	0.000989808129159769
ENSG00000226374	RP13-614K11.2	chr1	4015420	4015489	0.227115551966182	0.00100684868704712
ENSG00000231399	SNRPEP8	chr10	54898829	54898853	0.163101446654884	0.00100752398915736
ENSG00000134490	TMEM241	chr18	20749112	20749120	0.218099801847265	0.00104855428568696
ENSG00000184009	ACTG1	chr17	79466073	79466418	0.111744607081586	0.00106410649621377
ENSG00000057663	ATG5	chr6	106676227	106676274	0.152178760239714	0.00107690101508907
ENSG00000185215	TNFAIP2	chr14	103593389	103593922	0.100494004312676	0.00107988622198566
ENSG00000229836	XXbac-BPG248L24.10	chr6	31276242	31276302	0.212477301433121	0.00108587451327696
ENSG00000267980	AC007292.6	chr19	4369954	4369987	0.120215235528733	0.00108654193332419
ENSG00000206913	SNORA7	chr11	73979857	73979888	0.106664809885404	0.00111575884141885
ENSG00000136866	ZFP37	chr9	115821943	115822512	0.189322277523616	0.00112290515109224
ENSG00000228086	RP5-837M10.4	chr1	100928409	100928453	0.144613624268455	0.00116365436521586
ENSG00000252742	Y_RNA	chr2	129077473	129077510	0.100753140737651	0.00118328920639541
ENSG00000267122	AC004490.1	chr19	2214135	2214168	0.117857533712177	0.00118756032192103
ENSG00000244384	RN7SL359P	chr2	233499671	233499726	0.10065283855359	0.00119078820320923
ENSG00000198754	OXCT2	chr1	40236205	40236317	0.116793226813178	0.00121752272087163
ENSG00000271048	CTD-2342N23.2	chr8	135705864	135705913	0.148658874242009	0.00121804777355521
ENSG00000255166	RP11-726G23.11	chr8	43102060	43102736	0.1144839743824	0.00122302882380025
ENSG00000090920	FCGBP	chr19	40360936	40360981	0.177703042840704	0.00123465457187658
ENSG00000204178	TMEM57	chr1	25810674	25810748	0.116342271974122	0.00124279837290576
ENSG00000140506	LMAN1L	chr15	75097877	75097889	0.1168121413324	0.00126891525021268
ENSG00000181781	ODF3L2	chr19	468773	468864	0.100259788783777	0.00129412042637843
ENSG00000264398	AL031601.1	chr10	42737517	42737621	0.163504736292336	0.00130410146610514
ENSG00000272788	RP11-674N23.4	chr18	8786953	8787013	0.190523820475145	0.00134106964400605
ENSG00000254254	RP11-17A4.2	chr8	57358928	57359024	0.100916036853921	0.00134218532851248
ENSG00000112624	GLTSCR1L	chr6	42738942	42739063	0.103237082035716	0.00136406611180771
ENSG00000204960	BLACE	chr7	155151287	155151315	0.101087833926135	0.00136615311833887
ENSG00000202056	RNA5P19	chr1	228743218	228743519	0.126975819552055	0.00139242066165548
ENSG00000142546	NOSIP	chr19	50056032	50056081	0.109854137851933	0.00146950265982076
ENSG00000226581	RP11-340I6.8	chr7	63361127	63361214	0.159191265971476	0.00152162452556122
ENSG00000207614	MIR193A	chr17	29887101	29887347	0.143805972647304	0.00153351273466767
ENSG00000213516	RBMXL1	chr1	89449522	89449569	0.112359429321985	0.00158506425106571
ENSG00000260174	CTD-2022H16.3	chr15	30337839	30337929	0.108448017364099	0.00158764898853372
ENSG00000252469	RNU7-160P	chr14	104010773	104010878	0.169572951901812	0.00160859495387365
ENSG00000266838	AP001634.1	chr21	15352957	15353078	0.208143228771228	0.00161705296309441
ENSG00000207563	MIR23B	chr9	97786835	97786911	0.121510381744741	0.00161921806685454
ENSG00000252233	RN7SKP253	chr4	140696703	140696751	0.149314342535706	0.00162448808017516
ENSG00000136630	HLX	chr1	221058128	221058190	0.118428311683771	0.00163626110582813
ENSG00000150636	CCDC102B	chr18	66389362	66389386	0.131883421862711	0.00166336070285135
ENSG00000257786	RP11-272K23.4	chr12	80907078	80907244	0.116986542657924	0.00174756091294533
ENSG00000139219	COL2A1	chr12	48375668	48375706	0.146013750377808	0.00177031713102759
ENSG00000179981	TSHZ1	chr18	72916604	72917250	0.119568139937637	0.00186967819161909
ENSG00000218265	RPS4XP7	chr6	13512867	13512909	0.143188281418484	0.00194409574263076
ENSG00000132967	HMGB1P5	chr3	22414804	22414847	0.101905381895833	0.0019786367061809
ENSG00000142186	SCYL1	chr11	65290670	65290717	0.102194569888274	0.00198584778827635

ENSG00000259275	RP11-522B15.3	chr15	96895551	96895634	0.128659379525489	0.00198853443020777
ENSG00000251211	RP11-889L3.4	chr5	177592656	177592867	0.106493549188771	0.00201209717133784
ENSG00000189403	HMGB1	chr13	31061047	31061060	0.105541355949408	0.00202497370154883
ENSG00000163870	TPRA1	chr3	127265938	127265986	0.117960351425274	0.00204202159485986
ENSG00000253853	GS1-57L11.1	chr8	2585177	2585758	0.130727036934661	0.00204584691668912
ENSG00000183134	PTGDR2	chr11	60620304	60620542	0.108001097012613	0.00209736045734946
ENSG00000229625	RP11-44N12.2	chr8	99986032	99986292	0.116625468827233	0.00221796949915869
ENSG00000264245	RP11-822E23.4	chr17	21477412	21477425	0.113977743078744	0.00225783816392926
ENSG00000131864	USP29	chr19	57610829	57610932	0.105671992069151	0.00244427297002854
ENSG00000247624	CPEB2-AS1	chr4	14864431	14864863	0.128466468346364	0.00244496466082788
ENSG00000237167	AC128709.2	chr3	19718611	197186156	0.116710704778059	0.00244650877733782
ENSG00000207730	MIR200B	chr1	1096854	1096904	0.101559254900838	0.00246147554470499
ENSG00000149089	APIP	chr11	34881815	34881865	0.101610159086321	0.00247187979432648
ENSG00000237581	AC005538.5	chr2	234847758	234847842	0.129074645413406	0.00247356633088865
ENSG00000230753	RP4-553F4.6	chr20	32358000	32358033	0.113650116226731	0.00250043480618084
ENSG00000253768	CTB-33O18.1	chr5	172984415	172984455	0.147676220995475	0.0025110781944286
ENSG00000185347	C14orf80	chr14	105962159	105962171	0.145939213492197	0.00252754330622324
ENSG00000226040	AC005740.3	chr5	141263002	141263222	0.101495805230203	0.00256942139526504
ENSG00000229107	ABHD17AP4	chr22	21025093	21025367	0.102690441624439	0.00262010286937856
ENSG00000099954	CECR2	chr22	17848565	17848581	0.162575839888039	0.00263333363112201
ENSG00000261728	RP11-307O13.1	chr13	35324658	35324718	0.180807102036891	0.00263507113959655
ENSG00000259870	RP11-753A21.2	chr15	98418823	98418915	0.169478884877555	0.00263551146254334
ENSG00000161835	GRASP	chr12	52401398	52401483	0.100249658307175	0.0026871753917867
ENSG00000271654	RP11-685B14.3	chr8	18245065	18245225	0.102896269449991	0.00273451909003401
ENSG00000196415	PRTN3	chr19	839008	839069	0.116011249424771	0.00274106263783895
ENSG00000162599	NFIA	chr1	61333698	61333719	0.18198498993797	0.0027491613315319
ENSG00000109762	SNX25	chr4	186132412	186132426	0.123022850681058	0.0029143896497405
ENSG00000212063	AC112693.1	chr15	93823607	93823741	0.102905416249639	0.00297315780791652
ENSG00000213337	ANKRD39	chr2	97505228	97505471	0.104460461754898	0.00307777141260992
ENSG00000197991	PCDH20	chr13	61987973	61988054	0.103966783091796	0.00309562669873683
ENSG00000205632	WI2-81516E3.1	chr22	49448229	49448282	0.118064384587888	0.00310952096422507
ENSG00000264592	RN7SL131P	chr1	36644210	36644391	0.105709924626217	0.00311534052845676
ENSG00000134463	ECHDC3	chr10	11784233	11784683	0.119090600769357	0.00311806180955402
ENSG00000119669	IRF2BPL	chr14	77491954	77492005	0.106956322919642	0.00329591302067688
ENSG00000235264	RPL5P28	chr10	134953493	134953585	0.145315240690215	0.00337095175774138
ENSG00000131504	DIAPH1	chr5	140892654	140892677	0.138331410864993	0.00341587499550958
ENSG00000269439	CTD-3131K8.2	chr19	17608386	17608405	0.11988277629756	0.00349695671063855
ENSG00000268475	CTC-435M10.6	chr19	41931719	41931753	0.126313971348856	0.00356419420772804
ENSG00000258420	RP11-403B2.3	chr15	20981344	20981566	0.152805907812482	0.00368609196866913
ENSG00000218416	AC110619.2	chr2	241387006	241387038	0.121124975114119	0.00370730300028265
ENSG00000187715	KBTBD12	chr3	127634018	127634070	0.10477875822005	0.00377544007831795
ENSG00000272729	RP11-387A1.5	chr2	177029428	177029471	0.110690219194377	0.00380119474694364
ENSG00000119185	ITGB1BP1	chr2	9549273	9549329	0.106258906220103	0.0041299016670061
ENSG00000101346	POFUT1	chr20	30804984	30805024	0.14085189515517	0.00424208397061769
ENSG00000261213	RP11-510C10.4	chr1	75590365	75590483	0.101398126247743	0.00425066092079257
ENSG00000153395	LPCAT1	chr5	1446010	1446165	0.112216756714485	0.004368901568493
ENSG00000120742	SERP1	chr3	150238463	150238496	0.104678925618226	0.00460776951214626
ENSG00000224070	HMG1P6	chr2	207118224	207118312	0.125722891711602	0.00463963657336725
ENSG00000239923	RN7SL864P	chr20	14207011	14207024	0.107709178508219	0.00483421366513778
ENSG00000119778	ATAD2B	chr2	23885988	23886033	0.100737525190553	0.00508551953676343
ENSG00000215586	RP5-836E8.1	chr20	7784433	7784559	0.142224536197052	0.00628996408641571
ENSG00000266905	RP11-1058N17.1	chr18	46473672	46473680	0.11383269044622	0.00815408211457695
ENSG00000168071	CCDC88B	chr11	64108369	64108440	0.110686521532878	0.00957214098464908

SSA/Ps versus normal mucosa - Hypomethylated DMRs

ENSEMBL ID	GENE SYMBOL	Chr	Start	End	Median methylation difference (>0.1)	Adjusted median P-value
ENSG00000125089	SH3TC1	chr4	8192975	8193034	-0.29084303810246	7.90301004529618E-51
ENSG00000249678	RP11-619J20.1	chr4	30759285	30759322	-0.310174584699554	1.80696278394197E-46
ENSG00000236495	RP11-7C6.1	chr10	14644188	14644228	-0.37992453644486	1.29744863040026E-45
ENSG00000255188	RP11-507F16.1	chr11	129613831	129613910	-0.348742655830096	5.0430306779744E-45
ENSG00000255823	MTRNR2L8	chr11	10476960	10477025	-0.208185505768511	1.16709957320215E-44
ENSG00000223669	RP11-93B14.4	chr20	61371584	61371658	-0.313632260086045	4.37993928475569E-44
ENSG00000246526	RP11-539L10.2	chr4	6691120	6691122	-0.238708666435797	9.95033925041556E-44
ENSG00000255767	RP13-512J5.1	chr2	3583552	3583576	-0.316431635670255	3.1785402151567E-42

ENSG00000233503	HNRNPLP1	chr6	7468756	7468837	-0.389049562137594	1.03831466211488E-41
ENSG00000205883	DEFB135	chr8	11839764	11839844	-0.258079942069996	2.61458840461605E-41
ENSG00000255014	ARL6IP1P3	chr11	80410526	80410579	-0.47448145632118	1.71949747799293E-40
ENSG00000214324	C3orf56	chr3	126892082	126892114	-0.257911022261188	1.30662042757995E-38
ENSG00000134571	MYBPC3	chr11	47358942	47359115	-0.305793385947389	1.92213639849018E-38
LRG_386	LRG_386	chr11	47358942	47359115	-0.305793385947389	1.92213639849018E-38
ENSG00000125798	FOXA2	chr20	22562466	22562584	-0.358333501800883	3.59251324765343E-38
ENSG00000266382	MIR5703	chr2	228324912	228324952	-0.294985031167149	1.9034283033466E-37
ENSG00000119899	SLC17A5	chr6	74290608	74290651	-0.289649605113505	2.85314204027199E-35
ENSG00000167822	OR8J3	chr11	55904782	55904830	-0.190236003283287	5.76874437184592E-35
ENSG00000139436	GIT2	chr12	110399090	110399167	-0.359515847674388	6.71980012986061E-35
ENSG00000212146	RNU6-910P	chr3	196065567	196065601	-0.267553415005659	2.43028841986432E-34
ENSG00000223243	AC074323.1	chr10	80517008	80517039	-0.306231887767245	8.87060201332458E-34
ENSG00000269810	AC015660.1	chr15	100048479	100048575	-0.323539824429404	1.26267103786715E-33
ENSG00000250173	RP11-661C8.3	chr5	980683	980774	-0.241414637891048	1.42512918648122E-33
ENSG00000235097	LINC00330	chr13	45390044	45390206	-0.25921067396527	2.17664736821727E-33
ENSG00000186222	BLOC1S4	chr4	6732260	6732280	-0.20312529186417	2.55948457278293E-33
ENSG00000248221	STX18-IT1	chr4	4475538	4475555	-0.321324522848644	3.67793263513238E-33
ENSG00000224535	RP11-61J19.2	chr1	212643467	212643549	-0.388140167307556	4.60360451475566E-33
ENSG00000201616	RNU1-91P	chr11	3071167	3071194	-0.340491462886852	5.31886240723063E-33
ENSG00000263999	RN7SL42P	chr11	58984433	58984443	-0.380990687332041	7.18406543723026E-33
ENSG00000259792	RP11-114H24.6	chr15	78286500	78286548	-0.262972977873587	8.36756600501388E-33
ENSG00000261325	AC140542.2	chr16	47882374	47882395	-0.277040884142455	1.69297776012805E-32
ENSG00000222391	AL137118.1	chr13	49323968	49323974	-0.269433321399384	2.17998580854372E-32
ENSG00000261710	RP11-953B20.1	chr8	143201045	143201204	-0.164603865324074	2.96944869959034E-32
ENSG00000237429	RP1-159A19.4	chr1	27849092	27849124	-0.329310473845805	4.75984044823567E-32
ENSG00000265140	MIR4301	chr11	113348138	113348169	-0.270948497000229	4.95808773496713E-32
ENSG00000188559	RALGAPA2	chr20	20433086	20433297	-0.342954267803835	8.78861885961682E-32
ENSG00000140948	ZCCHC14	chr16	87441388	87441670	-0.359212052352315	6.08467123133679E-31
ENSG00000206724	RNU6-756P	chr8	125259763	125259799	-0.39658062767601	7.78936069071845E-31
ENSG00000109943	CRTAM	chr11	122727440	122727467	-0.267411693396087	9.76163991980977E-31
ENSG00000268427	AL022328.1	chr22	50720274	50720318	-0.307929961039629	1.57399201686925E-30
ENSG00000232487	RASA3-IT1	chr13	114875998	114876095	-0.173482000009799	1.67086040832658E-30
ENSG00000136378	ADAMTS7	chr15	79049626	79049674	-0.237672525637999	1.88298445692604E-30
ENSG00000249731	RP11-259O2.3	chr5	1973695	1973733	-0.340178052497535	1.81649738035755E-30
ENSG00000268080	AC016885.1	chr8	94238856	94238878	-0.31028236324623	1.29119321729937E-29
ENSG00000196498	NCOR2	chr12	124773855	124773895	-0.262606467723259	1.45258429158915E-29
ENSG00000145349	CAMK2D	chr4	114367520	114367529	-0.366139285975632	1.50307371908686E-29
ENSG00000268804	RP11-542M13.3	chr16	85981238	85981458	-0.229174991198851	2.198210270844E-29
ENSG00000196951	RP11-425I13.3	chr4	141217573	141217641	-0.25780319523657	2.7642571778337E-29
ENSG00000127191	TRAF2	chr9	139776778	139776793	-0.194286724208948	4.12071939970408E-29
ENSG00000183908	LRRC55	chr11	56949288	56949303	-0.2318548332026	4.70098822381178E-29
ENSG00000140859	KIFC3	chr16	57798273	57798350	-0.317880976345001	5.32768574629877E-29
ENSG00000236155	RP11-231P20.2	chr1	26547313	26547386	-0.126970567423716	5.35799075190942E-29
ENSG00000161888	SPC24	chr19	11253880	11254011	-0.335852754802841	6.04495714531992E-29
ENSG00000226419	SLC16A1-AS1	chr1	113499211	113499324	-0.100325328477076	6.30121965786315E-29
ENSG00000211805	TRAV24	chr14	22573439	22573483	-0.217421152959266	8.50950943525701E-29
ENSG00000117983	MUC5B	chr11	1230098	1230280	-0.175011485260724	8.51997237895049E-29
ENSG00000259252	AC011648.1	chr15	70489055	70489102	-0.329553215695624	8.72392451009368E-29
ENSG00000102908	NFAT5	chr16	69564735	69564749	-0.352223997151903	9.07299259061906E-29
ENSG00000260253	RP4-676L2.1	chr8	29204954	29204978	-0.296841128787867	9.32462880953313E-29
ENSG00000137745	MMP13	chr11	102826570	102826590	-0.140391498562774	1.12255107305159E-28
ENSG00000253198	RP11-643N23.1	chr8	43828052	43828061	-0.168385305964556	1.21535256067399E-28
ENSG00000248884	CTC-537E7.3	chr5	67730071	67730134	-0.395993606480433	1.71951101201855E-28
ENSG00000250390	RP11-338H14.1	chr11	95289891	95289908	-0.236545192255582	1.7642458744964E-28
ENSG00000215182	MUC5AC	chr11	1146470	1146553	-0.323051648085364	1.84120943896426E-28
ENSG00000234519	RP3-495K2.1	chr6	169470773	169470822	-0.247817854472354	3.35145725397574E-28
ENSG00000267393	RP11-691H4.3	chr18	13375443	13375474	-0.331694540606688	3.98643398891544E-28
ENSG00000229915	AC016999.2	chr2	239348115	239348190	-0.385249401601588	5.91780434147843E-28
ENSG00000252179	RNA5SP255	chr8	13373090	13373141	-0.164280103379535	7.91973807416711E-28
ENSG00000177156	TALDO1	chr11	737866	737968	-0.271158908216994	9.14595679676741E-28
ENSG00000253843	RP11-769N21.2	chr8	49037419	49037460	-0.173109546356201	1.29316058847983E-27
ENSG00000260498	RP4-536B24.4	chr16	87796368	87796402	-0.338827729279408	1.41886837643216E-27
ENSG00000263970	RP11-789C17.5	chr18	8406679	8406682	-0.198442669587006	2.27245270819584E-27
ENSG00000230960	RP5-1086L22.1	chr6	170560066	170560126	-0.112566019157569	3.02003956830462E-27
ENSG00000137575	SDCBP	chr8	59467209	59467251	-0.244326891580067	3.25460991851998E-27
ENSG00000255260	CTD-3224I3.3	chr11	11265390	11265429	-0.155560975952704	3.87610521370812E-27
ENSG00000090316	MAEA	chr4	1299072	1299090	-0.238984962261489	4.187203390331E-27
ENSG00000187498	COL4A1	chr13	110802597	110802645	-0.100609579481091	4.34214640242323E-27

ENSG00000224414	AC010886.2	chr2	218354142	218354203	-0.315068524100749	4.60044350033964E-27
ENSG00000263565	MIR4738	chr17	73780263	73780319	-0.131397964421836	4.77296439916124E-27
ENSG00000226756	AC007365.3	chr2	64870595	64870623	-0.320229637495519	5.18621685613696E-27
ENSG00000149305	HTR3B	chr11	113775781	113775821	-0.205633745743197	5.74532889263255E-27
ENSG00000076641	PAG1	chr8	81831084	81831107	-0.339743670929259	6.43010547335864E-27
ENSG00000262185	RP11-462G12.1	chr16	4000385	4000423	-0.315686507855499	7.10923430622894E-27
ENSG00000223174	RN7SKP17	chr14	77371385	77371391	-0.36250509741828	7.70542952894766E-27
ENSG00000272003	RP11-23P13.7	chr15	42187187	42187219	-0.267232023656765	9.13661233584425E-27
ENSG00000255813	AL162497.1	chr13	110425803	110425896	-0.340479521148039	1.06349993410224E-26
ENSG00000261253	AC137932.6	chr16	89382891	89382898	-0.206829021148876	2.17932733434399E-26
ENSG00000215606	KRT18P35	chr3	141174434	141174468	-0.338735068250867	2.66862525606643E-26
ENSG00000018280	SLC11A1	chr2	219246894	219246985	-0.243637488148762	3.00404222649857E-26
ENSG00000260476	RP11-254F7.1	chr2	10156252	10156289	-0.312625334625347	5.34637037377535E-26
ENSG00000150782	IL18	chr11	111991342	111991389	-0.346266656185426	7.55005993651926E-26
ENSG00000250259	RP11-460I19.2	chr4	1032711	1032788	-0.293932221918646	7.95130625614788E-26
ENSG00000260807	RP11-161M6.2	chr16	1024561	1024869	-0.291828710078484	9.16900726063926E-26
ENSG00000224829	CTD-2589O24.1	chr11	76998779	76998857	-0.23905193495904	9.37803821112921E-26
ENSG00000255484	RP11-65M17.1	chr11	112435198	112435237	-0.227634289750227	1.034755988907E-25
ENSG00000254854	CTD-2523D13.2	chr11	119630128	119630144	-0.225990124090647	1.53872299817987E-25
ENSG00000174332	GLIS1	chr1	53992274	53992315	-0.247233841463153	1.70189984919876E-25
ENSG00000260755	RP11-403P17.3	chr16	66545597	66545630	-0.276394621988434	2.12007098876529E-25
ENSG00000151725	CENPU	chr4	185609916	185609972	-0.31022662152083	2.22654137330774E-25
ENSG00000034063	UHRF1	chr19	4910891	4910941	-0.15680082727528	5.54659832288593E-25
ENSG00000239525	RPL30P5	chr4	84429661	84429710	-0.143076610725833	5.6628253395643E-25
ENSG00000214872	SMTNL1	chr11	57308952	57308986	-0.113778214666617	6.66152055743562E-25
ENSG00000262470	TVP23CP2	chr16	14326493	14326565	-0.250236441650773	8.43318620392247E-25
ENSG00000177947	ODF3	chr11	200062	200097	-0.228273691151072	1.26283950391337E-24
ENSG00000248452	RP11-324H7.1	chr4	26041141	26041155	-0.267412537319907	1.31115038382788E-24
ENSG00000260310	RP11-27M24.2	chr16	10652636	10652768	-0.315707681166181	1.67300206136993E-24
ENSG00000170345	FOS	chr14	75748325	75748341	-0.31131912597769	1.80290633986648E-24
ENSG00000036448	MYOM2	chr8	1993975	1993987	-0.165480188433123	2.92391799721018E-24
ENSG00000164949	GEM	chr8	95271502	95271543	-0.250167445584911	2.95226692521812E-24
ENSG00000252568	RNU7-28P	chr11	9878984	9879023	-0.314692498603079	3.26658203487544E-24
ENSG00000253111	RP11-136O12.2	chr8	126525690	126525694	-0.207542087691201	4.35767761049946E-24
ENSG00000239470	RP11-16F15.2	chr11	9682630	9682641	-0.327112348934009	4.88218404272083E-24
ENSG00000174705	SH3PXD2B	chr5	171782172	171782207	-0.319879936804464	5.08920615419014E-24
ENSG00000224367	OACYLP	chr18	56702750	56702794	-0.105989427926994	5.45748253913701E-24
ENSG00000245869	RP11-158I9.5	chr11	118758580	118758639	-0.240274549693748	7.87760881459456E-24
ENSG00000172717	FAM71D	chr14	67653570	67653587	-0.245317115052376	7.90240836054845E-24
ENSG00000255091	RP11-495O11.1	chr11	45674200	45674238	-0.157656043123812	7.91778629837479E-24
ENSG00000234560	OR10G8	chr11	123901005	123901011	-0.119066439952102	8.13410636276501E-24
ENSG00000260877	RP11-211G23.2	chr11	69197177	69197355	-0.272714826945003	9.169234028858E-24
ENSG00000258681	RP11-8L8.1	chr14	101699939	101700027	-0.199469484415729	9.39582550588936E-24
ENSG00000008513	ST3GAL1	chr8	134513309	134513350	-0.314782830522322	1.13942366879782E-23
ENSG00000136717	BIN1	chr2	127822478	127822514	-0.266903518817437	1.18827145144069E-23
ENSG00000181752	OR8K5	chr11	55927697	55927735	-0.182993294436941	1.23817803156334E-23
ENSG00000134107	BHLHE40	chr3	5065165	5065211	-0.358377376929759	1.67258251920652E-23
ENSG00000064270	ATP2C2	chr16	84391022	84391046	-0.256949000410402	1.73340946818158E-23
ENSG00000261633	RP11-405F3.5	chr16	57662541	57662620	-0.20486091761895	1.81096435333035E-23
ENSG00000180316	PNPLA1	chr6	36238164	36238213	-0.213176016058019	2.02983445494663E-23
ENSG00000141519	CCDC40	chr17	78038021	78038042	-0.198684986828148	2.40367880103465E-23
ENSG00000130304	SLC27A1	chr19	117583930	117584027	-0.315596204435783	2.82470026483328E-23
ENSG00000257067	AP000797.4	chr11	115765038	115765072	-0.162692310093332	4.28274324693203E-23
ENSG00000260237	RP11-148M9.1	chr16	80061424	80061446	-0.283657719743279	4.71747384074759E-23
ENSG00000253650	SMARCE1P4	chr8	37005458	37005486	-0.359891162557711	5.25655945333208E-23
ENSG00000164828	SUN1	chr7	853220	853252	-0.282880849686728	5.49601667374492E-23
ENSG00000102743	SLC25A15	chr13	41372641	41372680	-0.292277533128241	5.63367469678469E-23
ENSG00000269821	KCNQ1OT1	chr11	2555687	2555713	-0.22897101242738	5.85708075598469E-23
ENSG00000230479	AP000695.6	chr21	37802314	37802362	-0.232423914882007	6.67364512952592E-23
ENSG00000265249	AC025280.1	chr16	84885217	84885285	-0.339927990431222	6.92045139917096E-23
ENSG00000137747	TMPRSS13	chr11	117749520	117749546	-0.239434110202691	7.35690388228763E-23
ENSG00000215057	PKMP5	chr6	5969228	5969260	-0.197839587648263	1.05102868129743E-22
ENSG00000228420	RP4-735C1.6	chr1	110395177	110395218	-0.256693239600445	1.41082187828379E-22
ENSG00000179583	CIITA	chr16	10971134	10971155	-0.238464907139994	1.6390866512981E-22
LRG_49	LRG_49	chr16	10971134	10971155	-0.238464907139994	1.6390866512981E-22
ENSG00000170959	DCDC1	chr11	30929118	30929155	-0.110801447556548	2.01943870376573E-22
ENSG00000254325	RP11-318K15.2	chr8	56805707	56805725	-0.255738936408946	2.21684243462985E-22
ENSG00000235472	EIF4A1P7	chr13	29149132	29149170	-0.233307224129714	2.28211133521343E-22
ENSG00000255606	AP000439.2	chr11	69251953	69251999	-0.24086271995425	2.57517932048205E-22

ENSG00000091157	WDR7	chr18	54309429	54309442	-0.177772628548979	2.75029674720079E-22
ENSG00000253616	RP11-875O11.3	chr8	22930189	22930205	-0.345566701636967	3.03514977197743E-22
ENSG00000215030	RPL13P12	chr17	17255889	17255920	-0.217703705094945	3.13283536847695E-22
ENSG00000259082	RP11-168L7.3	chr14	101908491	101908561	-0.191066982746866	3.14603388155657E-22
ENSG00000060558	GNA15	chr19	3133553	3133594	-0.269392056791163	3.28636525196515E-22
ENSG00000241834	RN7SL149P	chr8	41693980	41694027	-0.189294776888056	3.67162569928896E-22
ENSG00000140104	C14orf79	chr14	105437094	105437141	-0.268677516782146	4.13004484546413E-22
ENSG00000160654	CD3G	chr11	118214762	118214810	-0.140451876206402	4.19303003366147E-22
LRG_39	LRG_39	chr11	118214762	118214810	-0.140451876206402	4.19303003366147E-22
ENSG00000201861	RNA5SP298	chr10	369958	369977	-0.336298792403902	4.36864323069775E-22
ENSG00000132589	FLOT2	chr17	27201660	27201692	-0.280142697628586	4.63658424716797E-22
ENSG00000209482	SNORD83A	chr22	39712904	39712935	-0.124616926301794	4.88691105451857E-22
ENSG00000130520	LSM4	chr19	18415903	18415966	-0.261882167474045	4.98610294833122E-22
ENSG00000102897	LYRM1	chr16	20890585	20890632	-0.22381483938021	6.51746527445404E-22
ENSG00000252512	RNA5SP206	chr6	32049166	32049235	-0.14194851411954	7.19542399596584E-22
ENSG00000136720	HS6ST1	chr2	129018473	129018588	-0.323500052780219	7.74561612690759E-22
ENSG00000261227	AC140912.1	chr16	73266282	73266341	-0.122512088636457	8.35931718000329E-22
ENSG00000267879	CTB-147C22.9	chr19	51472887	51472926	-0.17688786473339	8.92532150877873E-22
ENSG00000169154	GOT1L1	chr8	37797680	37797690	-0.143600175367249	9.18350872920576E-22
ENSG00000253837	RP11-177H13.2	chr8	23193612	23193743	-0.368523545499186	1.27421339389913E-21
ENSG00000180535	BHLHA15	chr7	97834750	97834873	-0.125603707278721	1.57343710612707E-21
ENSG00000160539	PPAPDC3	chr9	134183677	134183681	-0.10546160928573	1.85202451410492E-21
ENSG00000216135	MIR885	chr3	10436278	10436325	-0.104475984728634	2.39645988678645E-21
ENSG00000267937	AP001421.1	chr21	38919577	38919609	-0.329595902489585	2.54583761521874E-21
ENSG00000126231	PROZ	chr13	113801716	113801746	-0.183786130236771	2.71536234094966E-21
ENSG00000259473	RP11-96C21.1	chr15	70767132	70767242	-0.30732600923117	2.89005890265019E-21
ENSG00000149256	TENM4	chr11	78371046	78371087	-0.251240789044103	3.01241426042128E-21
ENSG00000106012	IQCE	chr7	2609232	2609283	-0.101880895501537	4.12841540061264E-21
ENSG00000242888	RP11-436M15.1	chr14	100441097	100441123	-0.212639560880346	5.67202369973616E-21
ENSG00000171060	C8orf74	chr8	10530036	10530123	-0.228857339426144	5.67962487414084E-21
ENSG00000260089	ADAM3B	chr16	49572227	49572235	-0.196101079795416	5.76764558475349E-21
ENSG00000251485	AC068134.10	chr2	233180434	233180479	-0.330401094532561	5.8034711256333E-21
ENSG00000035862	TIMP2	chr17	76849018	76849097	-0.270024681647132	6.00933222770454E-21
ENSG00000163995	ABLIM2	chr4	7967209	7967275	-0.271534637851042	6.4488272761809E-21
ENSG00000148120	C9orf3	chr9	97486978	97487034	-0.265253504844285	6.57541099895235E-21
ENSG00000267868	RP11-120K24.3	chr13	113613660	113613785	-0.105645249899279	7.14077265041851E-21
ENSG00000247287	RP11-902B17.1	chr14	61822717	61822746	-0.286533074683141	9.03544626952842E-21
ENSG00000185736	ADARB2	chr10	1228318	1228441	-0.18457263023743	9.9773022205724E-21
ENSG00000053254	FOXN3	chr14	89604055	89604062	-0.315702401406841	1.01530375233448E-20
ENSG00000187175	KRTAP12-1	chr21	46101841	46101939	-0.201871659435021	1.04467182224597E-20
ENSG00000267206	LCN6	chr9	139642894	139642998	-0.101105834745904	1.18026253800366E-20
ENSG00000125255	SLC10A2	chr13	103702635	103702677	-0.191445534418742	1.21128448123536E-20
ENSG00000136709	WDR33	chr2	128458240	128458281	-0.176379202680095	1.2152219417386E-20
ENSG00000171302	CANT1	chr17	76989408	76989499	-0.205127185161333	1.75194310520903E-20
ENSG00000097021	ACOT7	chr1	6333643	6333681	-0.306308075129517	2.24918288059928E-20
ENSG00000248927	CTD-2334D19.1	chr5	120191833	120191861	-0.175007850583557	2.34175635827165E-20
ENSG00000248725	RP11-218C23.1	chr4	86276255	86276284	-0.169856890258255	3.03803329679193E-20
ENSG00000148362	C9orf142	chr9	139885129	139885179	-0.290223685738664	3.27143328634303E-20
ENSG00000179219	LINC00311	chr16	85319760	85319871	-0.220757474536978	3.44250777463868E-20
ENSG00000256041	RP11-959F10.4	chr11	62783543	62783573	-0.113891434821279	3.58930594957115E-20
ENSG00000236130	RP11-23B15.1	chr9	100564797	100564818	-0.201717269309095	3.69322889775437E-20
ENSG00000243817	RN7SL189P	chr14	21439000	21439105	-0.287202490606693	4.00846993587038E-20
ENSG00000267685	NTF6B	chr19	49542111	49542169	-0.212929047964235	4.36434478073156E-20
ENSG00000212204	RNA5SP91	chr2	33500863	33500893	-0.371377601882291	4.6855332849045E-20
ENSG00000255414	LINC01059	chr11	123325153	123325175	-0.279933429358854	5.59266383238718E-20
ENSG00000166428	PLD4	chr14	105393167	105393212	-0.272454273674311	5.76946141780847E-20
ENSG00000269753	AL589739.1	chr1	2266087	2266168	-0.113063239381676	6.09802499462148E-20
ENSG00000173621	LRFN4	chr11	66648401	66648426	-0.281364616137202	6.25612841461513E-20
ENSG00000253696	KBTBD11-OT1	chr8	1916258	1916312	-0.348301713262409	7.38827929303398E-20
ENSG00000212160	RNU6-205P	chr4	111205144	111205306	-0.124915631122361	8.01048950822435E-20
ENSG00000250770	RP5-1063M23.1	chr12	3414067	3414137	-0.310947127782107	9.23496116812596E-20
ENSG00000254265	CTD-2336O2.2	chr8	1653636	1653720	-0.129260624518784	1.1783646789047E-19
ENSG00000174093	RP11-1407O15.2	chr17	36348733	36348782	-0.135190191186955	1.3208078133769E-19
ENSG00000254207	RP11-43A14.1	chr8	644822	644901	-0.237740337803887	1.32394104516174E-19
ENSG00000116285	ERRF1	chr1	8064975	8065021	-0.411831706432208	1.60854096072286E-19
ENSG00000269048	Z98049.1	chr6	166944347	166944375	-0.184496740442978	1.6191862058159E-19
ENSG00000252565	SNORD112	chr8	10657514	10657550	-0.294290098149077	1.66249623450504E-19
ENSG00000117868	ESYT2	chr7	158533836	158533875	-0.409687450743163	1.847061672635E-19
ENSG00000251080	RP11-415C15.1	chr4	27102832	27102952	-0.239841161036625	1.9001519592145E-19

ENSG00000188386	PPP3R2	chr9	104357881	104357997	-0.115550715437847	1.95793627759291E-19
ENSG00000260859	RP11-254F19.2	chr16	84871265	84871318	-0.151472771740232	1.97346341458005E-19
ENSG00000110660	SLC35F2	chr11	107711626	107711662	-0.288728585135199	2.00198372456625E-19
ENSG00000262983	AF001550.7	chr16	21199927	21199962	-0.157253535303984	2.05660987556646E-19
ENSG00000105404	RABAC1	chr19	42437227	42437374	-0.274553534083198	2.09802096696108E-19
ENSG00000163993	S100P	chr4	6695115	6695175	-0.23454211297816	2.59409034847598E-19
ENSG00000224387	RP3-395M20.2	chr1	2407255	2407304	-0.142299693569123	3.40006325442872E-19
ENSG00000175764	TTLL11	chr9	124584409	124584527	-0.286489060563807	3.40588011093858E-19
ENSG00000271043	MTRNR2L2	chr5	79947603	79947649	-0.235880608632571	3.70189353316966E-19
ENSG00000137817	PARP6	chr15	72520779	72520804	-0.249142808003998	3.97334323502537E-19
ENSG00000174343	CHRNA9	chr4	40336190	40336217	-0.327444913480931	4.30972363914636E-19
ENSG00000252382	AC108865.1	chr4	187766476	187766514	-0.244397648851632	4.44866484776686E-19
ENSG00000233532	LINC00460	chr13	107028857	107028885	-0.112475507054459	4.57599040384775E-19
ENSG00000074695	LMAN1	chr18	56979041	56979097	-0.131571377221726	4.93948856640973E-19
ENSG00000258871	RP3-514A23.2	chr14	72943452	72943540	-0.187754262118269	5.221149642672E-19
ENSG00000258500	CTD-2062F14.2	chr14	100942997	100943011	-0.340035913266586	5.73079126762424E-19
ENSG00000171557	FGG	chr4	155533883	155533920	-0.199059072422918	5.78791672637081E-19
ENSG00000256814	RP11-158L12.5	chr12	125626633	125626720	-0.187837706961177	6.39059736968767E-19
ENSG00000120318	ARAP3	chr5	141072814	141072884	-0.35133473807842	6.47197689886519E-19
ENSG00000134243	SORT1	chr1	109850095	109850142	-0.167371369349862	6.58746286853435E-19
ENSG00000250954	RP11-79E3.3	chr4	33744878	33744929	-0.154450050910329	7.67580770439602E-19
ENSG00000260413	RP11-231C14.6	chr16	29322375	29322417	-0.216645668716183	8.09539458069642E-19
ENSG00000253960	RP11-388K12.1	chr8	94230235	94230311	-0.322862681845131	8.34838684096964E-19
ENSG00000141522	ARHGDI4	chr17	79816642	79816700	-0.218255142197748	8.53467433381544E-19
ENSG00000262413	RP11-498C9.3	chr17	79816642	79816700	-0.218255142197748	8.53467433381544E-19
ENSG00000181761	OR8H3	chr11	55889755	55889797	-0.151330338095553	9.00107437548419E-19
ENSG00000172900	AP002387.1	chr11	71010525	71010569	-0.333427430969591	9.40821401118062E-19
ENSG00000019144	PHLDB1	chr11	118476995	118477034	-0.165950241526664	1.12505571083057E-18
ENSG00000258642	RP11-219E7.2	chr14	21341954	21342146	-0.240213072142364	1.21203897542821E-18
ENSG00000214353	VAC14-AS1	chr16	70804767	70804779	-0.309795524411672	1.25483216544922E-18
ENSG00000187735	TCEA1	chr8	54857853	54857865	-0.29868352090556	1.3096068988707E-18
ENSG00000068383	INPP5A	chr10	134388537	134388563	-0.196970671156478	1.42596688802399E-18
ENSG00000008853	RHOBTB2	chr8	22844786	22844827	-0.246305268400257	1.44198250334865E-18
ENSG00000174792	C4orf26	chr4	76481269	76481299	-0.182333772444347	1.65604274891999E-18
ENSG00000225050	RP11-349E4.1	chr9	121285322	121285338	-0.210487425208786	1.6786029708115E-18
ENSG00000253781	ZNF317P1	chr8	94573377	94573409	-0.297241244545109	1.69511928461648E-18
ENSG00000251862	MIR1343	chr11	35052312	35052388	-0.227540243603449	1.77241213886264E-18
ENSG00000205464	ATP6AP1L	chr5	81692856	81692903	-0.241109823374811	1.86836812372478E-18
ENSG00000225760	LINC00431	chr13	111658907	111658941	-0.252673457889904	1.96482373751657E-18
ENSG00000263630	AP005271.1	chr18	10035538	10035547	-0.274965896476774	2.02430205239869E-18
ENSG00000226180	AC010536.1	chr16	87701025	87701052	-0.134050668116955	2.04997118012709E-18
ENSG00000228157	AC007952.5	chr17	18996923	18996949	-0.294177280718211	2.14791094185241E-18
ENSG00000249001	RP11-742B18.1	chr4	88451198	88451223	-0.171597748205169	2.24672148923992E-18
ENSG00000164935	DCSTAMP	chr8	105365683	105365724	-0.220865671537983	2.67143084456362E-18
ENSG00000188517	COL25A1	chr4	109812110	109812138	-0.217982767394248	2.82685840113875E-18
ENSG00000249241	AC195454.1	chr4	40310392	40310450	-0.162150405492382	2.87521753807752E-18
ENSG00000267597	RPIAP1	chr18	59564213	59564256	-0.210414054633166	3.11739805497864E-18
ENSG00000231274	SBK3	chr19	56058710	56058742	-0.239734935088048	3.65767283944265E-18
ENSG00000248478	RP11-3G20.2	chr8	122755326	122755358	-0.340617153385258	3.80663162272399E-18
ENSG00000255585	RP11-188C12.2	chr9	140680235	140680351	-0.2158855590473	4.64257439405583E-18
ENSG00000268472	AP002884.2	chr11	112126170	112126301	-0.298754042222631	4.94899588488166E-18
ENSG00000231357	AC006028.11	chr7	2903323	2903400	-0.259520542577369	6.56475412336173E-18
ENSG00000225387	RP11-422P22.1	chr1	18606374	18606414	-0.284794301262135	6.89441217523205E-18
ENSG00000149575	SCN2B	chr11	118045910	118045940	-0.247592261630964	6.94296692633024E-18
ENSG00000242252	BGLAP	chr1	156211409	156211437	-0.172684570445285	7.61061165536397E-18
ENSG00000221330	AC009159.1	chr16	79692457	79692516	-0.246043889330017	7.92895919989329E-18
ENSG00000224821	COL4A2-AS2	chr13	111100674	111100793	-0.138118000547249	8.29121947664397E-18
ENSG00000183020	AP2A2	chr11	921916	921920	-0.158887598918496	8.7156565102274E-18
ENSG00000238572	snoU13	chr2	173061669	173061715	-0.291045067156938	9.43856850862383E-18
ENSG00000028137	TNFRSF1B	chr1	12227595	12227703	-0.121908068743606	1.11654461625226E-17
ENSG00000100450	GZMH	chr14	25075931	25075943	-0.178706862897325	1.15039822788397E-17
ENSG00000041982	TNC	chr9	117826025	117826063	-0.239019703030941	1.30079058561024E-17
ENSG00000162105	SHANK2	chr11	70303534	70303553	-0.142740465357243	1.31013315641916E-17
ENSG00000233183	RP3-468B3.2	chr6	33877404	33877440	-0.248931111416793	1.4147946196651E-17
ENSG00000224376	AC017104.6	chr2	232253149	232253187	-0.375818472646392	1.49882091168118E-17
ENSG00000270313	COX6CP16	chr16	85285103	85285139	-0.124024122703773	1.55114695575545E-17
ENSG00000166741	NNMT	chr11	114127924	114127960	-0.165705819533028	1.66793389235612E-17
ENSG00000254318	C8orf87	chr8	94140538	94140562	-0.145838250977737	1.74680672122052E-17
ENSG00000152969	JAKMIP1	chr4	6030497	6030503	-0.152387808881826	1.7730999398114E-17

ENSG00000146535	GNA12	chr7	2760663	2760806	-0.388913040290965	1.81853365909889E-17
ENSG00000202229	RNU6-1138P	chr14	23624321	23624377	-0.23209119004038	1.87128861300051E-17
ENSG00000259571	BLID	chr11	121986974	121987014	-0.1447189881626	1.90421189280288E-17
ENSG00000218227	RP11-889L3.1	chr5	177505579	177505617	-0.261476830378874	2.03515820585395E-17
ENSG00000131634	TMEM204	chr16	1599230	1599253	-0.240836000108049	2.43634232856077E-17
ENSG00000204706	MAMDC2-AS1	chr9	72735985	72736022	-0.158675938239385	2.44705580681285E-17
ENSG00000205356	TECPR1	chr7	97844466	97844541	-0.108682298530711	2.47881462845862E-17
ENSG00000253632	RP11-486M23.1	chr8	29387652	29387710	-0.300133959505727	2.66190449391929E-17
ENSG00000067221	STOML1	chr15	74249177	74249226	-0.281766574183102	2.74098584597334E-17
ENSG00000268798	AC027307.3	chr19	1440411	1440441	-0.231291431669387	3.03248550983043E-17
ENSG00000174370	C11orf45	chr11	128778432	128778506	-0.338681997371817	3.14454521755741E-17
ENSG00000239390	RN7SL87P	chr5	143425046	143425095	-0.205636954067599	3.16222823068285E-17
ENSG00000139053	PDE6H	chr12	15114387	15114416	-0.200372975206484	3.17777599207616E-17
ENSG00000249631	RP11-281P23.2	chr4	11652332	11652357	-0.278032342954425	3.31986019384074E-17
ENSG00000212387	RNU6-1055P	chr4	187422877	187422912	-0.103467520977638	3.33527241409453E-17
ENSG00000221134	AC007339.1	chr16	49668256	49668334	-0.168810130692963	3.36230081696497E-17
ENSG00000181767	OR8H2	chr11	55872769	55872802	-0.181712152784635	3.85911012774424E-17
ENSG00000260750	RP11-482M8.1	chr16	87551640	87551836	-0.150196319822533	3.9831691476915E-17
ENSG00000271214	RP11-9M16.3	chr9	117264095	117264119	-0.272344761467105	4.29367015654562E-17
ENSG00000271659	RP11-435O5.4	chr9	98274853	98274865	-0.321882921964838	4.43108200135853E-17
ENSG00000211777	TRAV3	chr14	22191961	22191967	-0.18922250981253	4.55890619783671E-17
ENSG00000264788	MIR3148	chr8	29848579	29848651	-0.184525723601868	4.66862393362161E-17
ENSG00000201085	RNU6-173P	chr4	189042690	189042723	-0.138190531648812	4.77113692750433E-17
ENSG00000172487	OR8J1	chr11	56128134	56128137	-0.212180430901781	5.48105363562077E-17
ENSG00000207075	Y_RNA	chr4	37668502	37668528	-0.218345714378101	5.53325226894752E-17
ENSG00000226380	MIR29A	chr7	130582250	130582288	-0.252735471873582	5.69889336150787E-17
ENSG00000254798	TFAMP2	chr11	109785827	109785847	-0.182806008396672	5.84455415096666E-17
ENSG00000237414	RP11-321L2.2	chr9	23914675	23914703	-0.103919072523845	6.16714229740481E-17
ENSG00000189377	CXCL17	chr19	42947117	42947167	-0.163123721138331	6.23895936025291E-17
ENSG00000237654	AP003025.2	chr11	131319498	131319537	-0.170723636104352	6.75051675707443E-17
ENSG00000265359	RP5-1110E20.1	chr17	39010548	39010587	-0.259016208702516	7.3516055444631E-17
ENSG00000259010	RP11-973N13.2	chr14	65095871	65095879	-0.185978809904053	7.64127279144617E-17
ENSG00000262686	AC005356.1	chr16	4373581	4373696	-0.254499094911527	9.09424113256386E-17
ENSG00000272249	KB-1958F4.2	chr8	98036489	98036497	-0.221938632049246	9.83145841104531E-17
ENSG00000232887	AC006466.5	chr7	31146128	31146163	-0.162030347693835	1.01614322115557E-16
ENSG00000188029	CTSL3P	chr9	90407937	90407970	-0.275813091074244	1.03661203550001E-16
ENSG00000170631	ZNF16	chr8	146130052	146130084	-0.178685932569873	1.07829930388559E-16
ENSG00000158062	UBXN11	chr1	26610916	26610960	-0.191766090179737	1.1897726338557E-16
ENSG00000110484	SCGB2A2	chr11	62037634	62037717	-0.218028007253974	1.20056264721101E-16
ENSG00000255208	RP11-794P6.3	chr11	111312495	111312505	-0.240272879966848	1.21052364506507E-16
ENSG00000252497	RPPH1-2P	chr14	65308383	65308427	-0.20620338432344	1.21429415387025E-16
ENSG00000126262	FFAR2	chr19	35940931	35940977	-0.239392554888817	1.29246875791677E-16
ENSG00000253672	RP11-536K17.1	chr8	117457090	117457148	-0.265166104365364	1.35902633048267E-16
ENSG00000264319	MIR4801	chr4	37241257	37241269	-0.289799923635232	1.40452683259098E-16
ENSG00000113721	PDGFRB	chr5	149493008	149493034	-0.125235993316552	1.44684406351277E-16
ENSG00000265514	RP11-92G19.2	chr18	5048000	5048106	-0.13211964086914	1.5461365538844E-16
ENSG00000235280	MCF2L-AS1	chr13	113633347	113633484	-0.142325297625637	1.7187138020692E-16
ENSG00000267159	AC005391.2	chr19	932601	932759	-0.200726031732516	1.75431846547556E-16
ENSG00000239153	snoU13	chr11	115493909	115493934	-0.22818750963167	1.83704976565807E-16
ENSG00000229175	LINC00382	chr13	80623095	80623161	-0.369642493746638	1.84743843663772E-16
ENSG00000251745	RNU7-124P	chr9	38026091	38026097	-0.274255721366871	1.87181076380765E-16
ENSG00000179142	CYP11B2	chr8	143992731	143992775	-0.134329192704616	1.88570719059946E-16
ENSG00000260782	RP11-480G7.2	chr16	46783112	46783193	-0.124280599863536	1.89190835186084E-16
ENSG00000168477	TNXB	chr6	32010270	32010333	-0.108058642293509	1.93853149392929E-16
ENSG00000232849	LINC00363	chr13	93718914	93718961	-0.122661580869773	2.05643595583277E-16
ENSG00000165953	SERPINA12	chr14	94983754	94983863	-0.128470588494163	2.06659853353593E-16
ENSG00000110786	PTPN5	chr11	18747222	18747278	-0.110454637725473	2.33496236675966E-16
ENSG00000232979	SMCR2	chr17	17566816	17566840	-0.21841289186556	2.38820437625806E-16
ENSG00000266307	MIR5093	chr16	85336063	85336080	-0.213181390874992	2.43282772357322E-16
ENSG00000201160	Y_RNA	chr2	25921089	25921137	-0.254820268017675	2.46876618372496E-16
ENSG00000180389	ATP5EP2	chr13	28518317	28518364	-0.144408943802658	2.53253670981114E-16
ENSG00000256691	RP11-476M19.3	chr12	3563897	3563911	-0.233475748359489	2.70314720514166E-16
ENSG00000178928	TPRX1	chr19	48306453	48306551	-0.134004146241678	2.87604919576626E-16
ENSG00000265291	MIR4710	chr14	105144704	105144810	-0.161820292003386	3.07755266511322E-16
ENSG00000178429	RPS3AP5	chr10	86325309	86325366	-0.12629778721113	3.19124318209258E-16
ENSG00000150269	OR5M9	chr11	56230556	56230565	-0.111197812078264	3.23130061831151E-16
ENSG00000236036	LINC00445	chr13	36271766	36271801	-0.255802024217474	3.24930286678134E-16
ENSG00000260162	RP11-863P13.1	chr16	88188604	88188625	-0.204806035452011	3.2582342188416E-16
ENSG00000164056	SPRY1	chr4	124261741	124261865	-0.213188775456086	3.32714786506223E-16

ENSG00000185186	LINC00313	chr21	44876604	44876725	-0.196349426785064	3.36162948004353E-16
ENSG00000253135	RP11-589C21.2	chr8	41981423	41981472	-0.187225505581099	3.4748789015368E-16
ENSG00000216173	AL132819.1	chr14	99829662	99829732	-0.265404248348118	3.60793406483753E-16
ENSG00000251009	RP13-494C23.1	chr4	25886409	25886418	-0.270041372011844	3.86108437849031E-16
ENSG00000255006	TCEB1P22	chr11	120516463	120516555	-0.180892973411559	3.97436378451636E-16
ENSG00000217526	TACC1	chr8	38575306	38575349	-0.26303270683167	4.18531294447798E-16
ENSG00000095932	C19orf77	chr19	3481783	3481808	-0.288925964287386	4.4119262109677E-16
ENSG00000225643	RP11-70P17.1	chr1	25895363	25895412	-0.23198234871511	4.52293180360549E-16
ENSG00000218716	RPL12P23	chr6	170534692	170534740	-0.213116993336432	4.95572136984475E-16
ENSG00000220347	RP11-230C9.1	chr6	157037418	157037434	-0.299819602842873	5.76967889992606E-16
ENSG00000251379	RP11-484O2.1	chr4	15402674	15402686	-0.209057026153198	6.1037680406492E-16
ENSG00000227590	ATP5G1P5	chr13	107335596	107335598	-0.248757673505454	6.42987034279027E-16
ENSG00000169385	RNASE2	chr14	21423686	21423705	-0.14052735709156	6.50179416548156E-16
ENSG00000196224	KRTAP5-3	chr11	1628814	1628861	-0.151382869842558	7.15933184110133E-16
ENSG00000134917	ADAMTS8	chr11	130274096	130274125	-0.133985961533609	7.1923921015423E-16
ENSG00000104324	CPQ	chr8	97654499	97654540	-0.234437868752116	7.45210438592242E-16
ENSG00000263033	RP11-396B14.2	chr16	11295630	11295667	-0.269115357294197	7.6112602940921E-16
ENSG00000260563	RP13-516M14.1	chr17	80260260	80260329	-0.200367332413572	7.80816383604863E-16
ENSG00000178222	RNF212	chr4	1050106	1050172	-0.174908393629987	8.28713527819969E-16
ENSG00000264099	MIR4803	chr5	71475356	71475425	-0.184384062465865	8.85823480971054E-16
ENSG00000250541	RP11-302F12.10	chr4	25789231	25789264	-0.317664114264113	8.89173280909263E-16
ENSG00000259163	RP11-1078H9.5	chr14	91083534	91083536	-0.282800333415409	9.14294995257207E-16
ENSG00000175728	C11orf44	chr11	130505295	130505370	-0.267701338451856	1.02946618450634E-15
ENSG00000089486	CDIP1	chr16	4579336	4579415	-0.217419496992894	1.14156728466222E-15
ENSG00000236981	OR10G9	chr11	123894301	123894339	-0.151396184196453	1.1842811094498E-15
ENSG00000272783	RP13-1016M1.2	chr4	1556451	1556543	-0.201652410169353	1.39772558041042E-15
ENSG00000237816	RPL21P109	chr13	72334395	72334420	-0.30230973558598	1.42936506492181E-15
ENSG00000206730	RNU6-468P	chr17	17465744	17465793	-0.279260963244611	1.49524879108082E-15
ENSG00000255197	RP11-750H9.5	chr11	47396051	47396095	-0.188350832522466	1.57467890909466E-15
ENSG00000232327	RP11-395C17.1	chr4	81309007	81309047	-0.111888285821417	1.65539374105663E-15
ENSG00000267601	RP11-323N12.5	chr17	76858253	76858302	-0.275446056250789	1.7300058210347E-15
ENSG00000228353	RP11-184A2.2	chr10	3805252	3805361	-0.304235436890293	1.73183241243474E-15
ENSG00000252738	RNU6-515P	chr6	45608754	45608780	-0.131465375031245	1.73396998408567E-15
ENSG00000224419	KRT18P27	chr13	90858371	90858411	-0.148495345074283	1.92501081778936E-15
ENSG00000182372	CLN8	chr8	1703989	1704090	-0.230181949580536	1.98062791142291E-15
ENSG00000263657	RP11-82O19.1	chr17	28088032	28088063	-0.113617067542841	1.98124711657665E-15
ENSG00000232150	ST13P4	chr13	50796808	50796853	-0.280937803250436	2.20609217784997E-15
ENSG00000196475	GK2	chr4	80334743	80334763	-0.225136434256665	2.22908651194198E-15
ENSG00000262179	RP1-302G2.5	chr6	44185275	44185344	-0.289955865947966	2.47009788434541E-15
ENSG00000147434	CHRNA6	chr8	42623686	42623771	-0.157599567381788	2.61253383861333E-15
ENSG00000201867	Y_RNA	chr11	34226441	34226461	-0.232393124819144	2.66029189013537E-15
ENSG00000251003	RP11-152P17.2	chr8	106810990	106810999	-0.126334327089214	2.80041538792104E-15
ENSG00000187747	OR52B6	chr11	5601776	5601836	-0.110689838226781	3.0121331685385E-15
ENSG00000221412	AC124861.2	chr2	241243992	241244129	-0.143813055358782	3.10866260993036E-15
ENSG00000077809	GTF2I	chr7	74064549	74064585	-0.108576908333357	3.40840000180745E-15
ENSG00000198517	MAFK	chr7	1560426	1560464	-0.116860317526133	3.48193675601194E-15
ENSG00000134779	TPGS2	chr18	34322550	34322610	-0.125090681490189	3.50686501434844E-15
ENSG00000213865	C8orf44	chr8	67586948	67586962	-0.190549099065815	3.57460649930691E-15
ENSG00000186832	KRT16	chr17	39768733	39768924	-0.202849694325503	3.81567850778838E-15
ENSG00000199299	RNA5SP430	chr16	75964474	75964476	-0.256238401913582	3.92331862483916E-15
ENSG00000180043	FAM71E2	chr19	55870549	55870586	-0.224262648472004	3.94075320606236E-15
ENSG00000227487	NCAM1-AS1	chr11	113135548	113135642	-0.155241113469182	3.94927504646743E-15
ENSG00000212189	RNU6-328P	chr16	7004380	7004402	-0.114081961231959	4.0103416931472E-15
ENSG00000074211	PPP2R2C	chr4	6323914	6323979	-0.133662778095476	4.23043956754664E-15
ENSG00000168748	CA7	chr16	66876872	66876938	-0.182845229083933	4.35991545639822E-15
ENSG00000218565	RP11-12A2.1	chr6	139644902	139644937	-0.238802123196231	4.36462523431991E-15
ENSG00000248713	RP11-766F14.2	chr4	100644314	100644365	-0.219483523873914	4.38888862132802E-15
ENSG00000232192	RP11-62I21.1	chr1	245398067	245398102	-0.262836866488084	4.41627724118631E-15
ENSG00000066427	ATXN3	chr14	92525005	92525017	-0.157456816442445	4.44887503651543E-15
ENSG00000259634	RP11-529H20.5	chr14	92525005	92525017	-0.157456816442445	4.44887503651543E-15
ENSG00000145321	GC	chr4	72608149	72608187	-0.281344688523505	4.65786628421944E-15
ENSG00000126218	F10	chr13	113776252	113776271	-0.143945134125814	4.67714289586466E-15
ENSG00000253849	RP11-759A9.1	chr8	51263489	51263527	-0.124048130707931	5.23256475408623E-15
ENSG00000177338	LINC00469	chr17	71744924	71744957	-0.143404090055316	5.2935232407317E-15
ENSG00000258122	RP11-61A14.1	chr16	66876717	66876741	-0.179715152807773	5.33004762829364E-15
ENSG00000174871	CNIH2	chr11	66048603	66048610	-0.198944029276436	5.43142482825383E-15
ENSG00000156127	BATF	chr14	76002337	76002385	-0.275015012393034	5.74154881143045E-15
ENSG00000147443	DOK2	chr8	21759805	21759838	-0.126269787557291	5.9642884740725E-15
ENSG00000224356	RP11-151A6.4	chr13	101186508	101186537	-0.258716617502878	6.3290065565146E-15

ENSG00000167157	PRRX2	chr9	132436302	132436342	-0.168282599180088	6.58936368253764E-15
ENSG0000048342	CC2D2A	chr4	15480897	15480930	-0.132717365392544	6.6422672985651E-15
ENSG00000104332	SFRP1	chr8	41119723	41119770	-0.183491910918228	6.74483841108926E-15
ENSG00000232627	AC021876.4	chr7	23387308	23387396	-0.179527821541314	7.27515603350853E-15
ENSG00000203614	AL512652.1	chr13	21288175	21288210	-0.193397478230501	7.54071107002818E-15
ENSG00000256980	KHDC1L	chr6	73935080	73935125	-0.130463562789329	7.63576998480033E-15
ENSG00000223530	AC012506.1	chr2	23546218	23546231	-0.114233693062269	8.3289457497686E-15
ENSG00000213876	RPL7AP64	chr17	7037068	7037108	-0.130359657997296	8.40441399273626E-15
ENSG00000255469	RP11-725K16.2	chr11	102746216	102746236	-0.112499063661161	9.233963505767E-15
ENSG00000266909	SLC25A6P4	chr18	77839499	77839541	-0.183847602184421	1.02132045960925E-14
ENSG00000230989	HSBP1	chr16	83869943	83869979	-0.22753268227978	1.08026833195974E-14
ENSG00000261647	IMPDH1P11	chr16	10174526	10174544	-0.227916286289751	1.08212243714561E-14
ENSG00000241464	RPL39P38	chr19	18405615	18405641	-0.195510569274221	1.42898920167213E-14
ENSG00000177300	CLDN22	chr4	184240045	184240052	-0.203098779643149	1.44295039315102E-14
ENSG00000239003	RNU7-88P	chr13	60026399	60026481	-0.223841258109035	1.48581986087251E-14
ENSG00000168081	PNOC	chr8	28174345	28174350	-0.102700346178444	1.48611492303982E-14
ENSG00000177182	CLVS1	chr8	61926409	61926422	-0.186282231750292	1.53211868688314E-14
ENSG00000136612	AGAP3	chr7	150786001	150786082	-0.370079328253611	1.57227347455829E-14
ENSG00000260496	RP11-161M6.3	chr16	1052438	1052843	-0.165211367634238	1.60909663272758E-14
ENSG00000095587	TLL2	chr10	98129682	98129751	-0.176410329370668	1.69949597251236E-14
ENSG00000254453	NAV2-AS2	chr11	20044639	20044685	-0.184949916780227	1.74469869757533E-14
ENSG00000236658	RP11-83J21.3	chr9	133803478	133803483	-0.234168576773237	1.74938007227913E-14
ENSG00000252343	RNU2-34P	chr4	183478468	183478506	-0.21244279860243	1.80674736397881E-14
ENSG00000250493	RP11-640N11.2	chr11	120738309	120738358	-0.163323563422705	1.87684611850222E-14
ENSG00000260456	C16orf95	chr16	87119345	87119385	-0.134729454535286	1.93905886198722E-14
ENSG00000134864	GGACT	chr13	101185572	101185581	-0.223271554467548	2.2097309522464E-14
ENSG00000175229	GAL3ST3	chr11	65806928	65806936	-0.140589818007875	2.24293611440885E-14
ENSG00000255555	AP000857.3	chr11	84635906	84635948	-0.180772365124441	2.34915215210012E-14
ENSG00000207405	SNORA64	chr16	20131020	20131175	-0.164462649169398	2.35963023454958E-14
ENSG00000109927	TECTA	chr11	121016411	121016502	-0.110750295807965	2.46742763821642E-14
ENSG00000118113	MMP8	chr11	102583205	102583226	-0.285551495510898	2.5205914748666E-14
ENSG00000237565	SSU72P5	chr11	4244501	4244546	-0.188851438864653	2.53809040110234E-14
ENSG00000141391	SLMO1	chr18	12404169	12404212	-0.172981714497197	2.58031170529088E-14
ENSG00000090382	LYZ	chr12	69725695	69725733	-0.213090527162403	2.5991086255582E-14
ENSG00000196364	PRSS29P	chr16	1315957	1316023	-0.103188146864729	2.79496785139012E-14
ENSG00000222999	AC105247.1	chr18	20717226	20717301	-0.190049455772635	2.98156630854333E-14
ENSG00000263982	RP11-504I13.3	chr18	74088737	74088827	-0.153969562063571	3.02815738052743E-14
ENSG00000168062	BATF2	chr11	64742882	64742929	-0.137549474532016	3.04920010011253E-14
ENSG00000260969	RP11-190D6.2	chr16	78244381	78244385	-0.260696963160796	3.07544083880324E-14
ENSG00000224361	AC011239.1	chr2	23777236	23777251	-0.226933745336841	3.15640770834401E-14
ENSG00000264108	RP11-357H3.1	chr18	73650495	73650538	-0.149359797400894	3.1763922563697E-14
ENSG00000259789	RP11-1078H9.6	chr14	90967330	90967378	-0.158686935892181	3.26544372789873E-14
ENSG00000158865	SLC5A11	chr16	24856162	24856194	-0.238484574305219	3.30701392245134E-14
ENSG00000228763	AC010095.5	chr2	109229281	109229304	-0.241398715500093	3.45878293657794E-14
ENSG00000176533	GNP7	chr19	2511073	2511109	-0.18735900252275	3.47816130829298E-14
ENSG00000255224	CTD-3065J16.9	chr8	145129222	145129344	-0.190442616973249	3.54674439299372E-14
ENSG00000264989	AL136302.1	chr13	112613543	112613551	-0.153091984824	3.56106311730234E-14
ENSG00000078369	GNB1	chr1	1758687	1758737	-0.156759681769306	3.57759557016016E-14
ENSG00000168884	TNIP2	chr4	2748006	2748036	-0.192308823746392	3.76751988545469E-14
ENSG00000155269	GPR78	chr4	8560973	8561013	-0.210402431424337	3.77959169382181E-14
ENSG00000206858	Y_RNA	chr11	10715532	10715571	-0.111219063445688	3.82015950410525E-14
ENSG00000202398	RNU6-61P	chr13	80934176	80934179	-0.180648920039881	3.92557142971962E-14
ENSG00000259541	RP11-778O17.4	chr11	120119179	120119213	-0.170105710755877	3.94692256283022E-14
ENSG00000188981	MSANTD1	chr4	3265716	3265763	-0.108597961364464	3.97370192887796E-14
ENSG00000253270	RP11-1105O14.1	chr8	19540028	19540034	-0.188749987580374	4.12952794022639E-14
ENSG00000226194	RP1-137D17.1	chr6	169740682	169740734	-0.307545326231882	4.39394228191826E-14
ENSG00000137166	FOXP4	chr6	41515929	41516085	-0.237005282741566	4.42243506102394E-14
ENSG00000260661	RP11-152L20.3	chr15	92613233	92613280	-0.276022867912808	4.5131893718621E-14
ENSG00000267713	RP11-1016.2	chr18	48189530	48189538	-0.229409393477443	4.79559837246764E-14
ENSG00000250611	RP11-339D20.1	chr4	20018245	20018299	-0.148258934983768	4.93837098312366E-14
ENSG00000212933	KRTAP12-4	chr21	46074037	46074075	-0.184332494346429	4.94559958936788E-14
ENSG00000123106	CCDC91	chr12	28283760	28283772	-0.275926175258178	5.00827282490178E-14
ENSG00000100678	SLC8A3	chr14	70466122	70466231	-0.292665854255314	5.09696201694972E-14
ENSG00000255205	MED28P5	chr11	96710888	96710894	-0.125148694170422	5.16222718901349E-14
ENSG00000110057	UNC93B1	chr11	67757449	67757576	-0.12555495906722	5.28134568664409E-14
ENSG00000153066	TXNDC11	chr16	11770310	11770361	-0.115490262314957	5.28661305134324E-14
ENSG00000233321	RP11-482E14.1	chr10	3509614	3509661	-0.294485676970221	5.98429142845067E-14
ENSG00000233021	RP11-490E15.2	chr10	560179	560221	-0.148532371673452	6.25257621023417E-14
ENSG00000143774	GUK1	chr1	228330058	228330094	-0.203429594932234	6.66538473798864E-14

ENSG00000164822	DEFA6	chr8	6783407	6783433	-0.108057007709923	6.76741680599586E-14
ENSG00000132000	PODNL1	chr19	14049401	14049442	-0.146235741591758	6.90692100659604E-14
ENSG00000260229	RP11-391L3.5	chr16	81617690	81617778	-0.27820774288754	7.00668190504516E-14
ENSG00000271384	RP11-435O5.7	chr9	98125437	98125461	-0.117387871072818	7.13121742648667E-14
ENSG00000121742	GJB6	chr13	20781092	20781238	-0.178635017573725	7.22385207612886E-14
ENSG00000260336	RP11-395B7.7	chr7	100737953	100738002	-0.16319704088956	7.49375816556928E-14
ENSG00000267737	AC061992.2	chr17	76320884	76320926	-0.273949921327087	7.94522469789239E-14
ENSG00000269120	AL133318.1	chr13	41114929	41114933	-0.259499995556303	8.01561509053776E-14
ENSG00000140795	MYLK3	chr16	46765408	46765474	-0.153360935408777	8.38396301376715E-14
ENSG00000239173	snoU13	chr17	77685585	77685621	-0.230573826971411	8.5702596235524E-14
ENSG00000266207	AL583784.1	chr13	100085254	100085455	-0.297369731798408	8.77321581876132E-14
ENSG00000248281	RP11-174E22.2	chr4	30266152	30266225	-0.123918922321104	9.26550461710455E-14
ENSG00000173156	RHOD	chr11	66800566	66800606	-0.246178248906036	9.37262755918672E-14
ENSG00000163202	LCE3D	chr1	152552219	152552237	-0.111085116771007	9.43324564872444E-14
ENSG00000206867	RNU6-356P	chr8	40951391	40951436	-0.159347549672851	9.83702268704151E-14
ENSG00000207600	MIR598	chr8	10893100	10893109	-0.11452318644424	1.00833644691456E-13
ENSG00000248448	COX5BP1	chr4	82813578	82813597	-0.175605330263487	1.1322959204854E-13
ENSG00000253892	RP11-770E5.2	chr8	49566753	49566820	-0.125796338008754	1.23094531243529E-13
ENSG00000221882	OR3A2	chr17	3181483	3181523	-0.108221430681872	1.23803060119921E-13
ENSG00000259807	RP11-426C22.4	chr16	29200474	29200489	-0.15981291437914	1.37929035677051E-13
ENSG00000204666	CTD-2126E3.1	chr19	50550254	50550284	-0.260491110309263	1.47421438812516E-13
ENSG00000265416	AC017028.7	chr2	240020028	240020073	-0.234616142088949	1.52429229947284E-13
ENSG00000253805	RP11-1049H7.2	chr8	1981764	1981806	-0.110495451493922	1.67412667466306E-13
ENSG00000011275	RNF216	chr7	5648111	5648156	-0.13816905466311	1.71807869746432E-13
ENSG00000245748	RP11-367J11.2	chr4	7036721	7036759	-0.236394839100297	1.75442545035428E-13
ENSG00000238372	snoU13	chr8	102804916	102804961	-0.186071832157609	1.75549970023036E-13
ENSG00000147485	PXDNL	chr8	52282581	52282618	-0.100331260126323	1.76453347477319E-13
ENSG00000247844	CCAT1	chr8	128219398	128219418	-0.223641880006635	1.77347722696703E-13
ENSG00000101161	PRPF6	chr20	62609370	62609416	-0.278538056051513	1.80181986191624E-13
ENSG00000222950	RN7SKP262	chr12	25840407	25840455	-0.141663941837992	1.82803176783885E-13
ENSG00000266006	MIR4488	chr11	61273282	61273384	-0.282538297475545	2.12269518328559E-13
ENSG00000251438	RP11-431M7.2	chr4	36324559	36324571	-0.301324600273189	2.20656273697035E-13
ENSG00000237181	AC147651.4	chr7	680137	680170	-0.203624125380549	2.27069613882948E-13
ENSG00000263933	AL365502.1	chr9	140404737	140404781	-0.161691110463146	2.37417096110073E-13
ENSG00000258249	RP11-497G19.3	chr12	117042903	117042930	-0.244663646537384	2.41129485739938E-13
ENSG00000266703	MIR4490	chr11	90264861	90264892	-0.227178052966548	2.43233132939688E-13
ENSG00000200089	SNORD114-31	chr14	101459539	101459591	-0.161371859615448	2.50209954791057E-13
ENSG00000133466	C1QTNF6	chr22	37572817	37572858	-0.234390397656199	2.61096959612386E-13
ENSG00000259833	RP11-23E19.1	chr16	71071560	71071592	-0.169102971611824	2.63682434584868E-13
ENSG00000217120	RP1-76C18.1	chr6	103369601	103369634	-0.137031344960397	2.75835558533587E-13
ENSG00000143514	TP53BP2	chr1	223936349	223936544	-0.134397733051019	2.92370309718382E-13
ENSG00000229164	TRAC	chr14	23015498	23015544	-0.178406502985246	2.99064633361335E-13
ENSG00000164111	ANXA5	chr4	122632812	122632932	-0.242374744343325	3.15700144189452E-13
ENSG00000252814	RN7SKP233	chr16	76342784	76342806	-0.136010741001762	3.18421479099729E-13
ENSG00000214823	NXT1P1	chr13	39743788	39743804	-0.109815739065974	3.29937571204224E-13
ENSG00000253408	RP11-231D20.2	chr8	42103037	42103068	-0.143500166823947	3.43477289375567E-13
ENSG00000250137	RP11-380P13.1	chr4	23549943	23549992	-0.198866855971551	3.57568120776671E-13
ENSG00000234648	AL162151.3	chr14	99502335	99502439	-0.248064775668474	3.72717945790593E-13
ENSG00000260604	RP1-140K8.5	chr6	3900302	3900342	-0.230331262817647	3.91035479491415E-13
ENSG00000103056	SMPD3	chr16	68407295	68407328	-0.188757639450238	3.95544537030563E-13
ENSG00000235865	GSN-AS1	chr9	124048281	124048308	-0.257371892420965	4.1183321923182E-13
ENSG00000152207	CYSLTR2	chr13	49281343	49281359	-0.132392105038639	4.2696620642237E-13
ENSG00000197067	OR2T32P	chr1	248262790	248262834	-0.118875073203481	4.44053413691825E-13
ENSG00000254480	RP11-23F23.2	chr11	4212471	4212513	-0.14831561327856	4.63641280772208E-13
ENSG00000178732	GP5	chr3	194097359	194097445	-0.120824805098714	4.80100452652089E-13
ENSG00000237553	RP11-140C18.2	chr9	5183866	5183953	-0.246167707091373	4.81977489311799E-13
ENSG00000221693	AL590226.1	chr9	139590452	139590529	-0.165326024958493	4.88766274623544E-13
ENSG00000259159	MFRP	chr11	119217288	119217331	-0.124306118986543	5.05457032093746E-13
ENSG00000206549	PRSS50	chr3	46755840	46755930	-0.151914831451362	5.10460778971015E-13
ENSG00000162337	LRP5	chr11	68097221	68097231	-0.230010222709111	5.247778780695073E-13
ENSG00000260013	APOOP5	chr16	59786279	59786303	-0.200522132279446	5.26197396860815E-13
ENSG00000227604	TOMM22P3	chr13	33514775	33514815	-0.210373962209135	5.31614418556524E-13
ENSG00000163071	SPATA18	chr4	52918624	52918667	-0.107119540913755	5.33998899845967E-13
ENSG00000075240	GRAMD4	chr22	46971602	46971678	-0.247685794551583	5.34274037831196E-13
ENSG00000253420	RP11-642D21.2	chr8	106520928	106520938	-0.216381493324052	5.36282281009303E-13
ENSG00000102934	PLLP	chr16	57294333	57294397	-0.245269077940261	5.73029690382366E-13
ENSG00000232814	COL4A2-AS1	chr13	111159196	111159226	-0.164295290619532	6.07433406121432E-13
ENSG00000229926	RP11-424E7.3	chr9	141012489	141012519	-0.197463412709948	6.1113489373967E-13
ENSG00000149218	ENDOD1	chr11	94841388	94841420	-0.227771840388859	6.30632848002292E-13

ENSG00000265856	AL133153.1	chr14	91841850	91841959	-0.157750571316492	6.518325000916E-13
ENSG00000175505	CLCF1	chr11	67142257	67142268	-0.101825009914797	6.64295097168059E-13
ENSG00000104361	NIPAL2	chr8	99179021	99179061	-0.121629981866045	7.12099008086946E-13
ENSG00000139914	FITM1	chr14	24601909	24601912	-0.208646993138278	7.45421082645458E-13
ENSG00000266268	RP11-172F10.1	chr18	4753041	4753150	-0.123039308124777	7.54408576562196E-13
ENSG00000261218	RP11-960L18.1	chr16	81726114	81726193	-0.121418447016198	8.39645762113718E-13
ENSG00000203581	OR1F2P	chr16	3265396	3265467	-0.159308731578716	8.52231288588494E-13
ENSG00000106003	LFNG	chr7	2548986	2549030	-0.183243831656861	9.11984864413344E-13
ENSG00000266799	AP003356.1	chr8	103750725	103750805	-0.214692173040451	9.22976564822633E-13
ENSG00000167881	SRP68	chr17	74022542	74022584	-0.287770617139439	9.54350712415033E-13
ENSG00000225585	IPPKP1	chr13	21680780	21680829	-0.152084413380817	9.81188914228992E-13
ENSG00000263709	RP11-321A17.4	chr17	27485182	27485209	-0.214836497074903	1.02874364014557E-12
ENSG00000272646	RP11-188P17.2	chr4	183802013	183802063	-0.267740865851221	1.04573686847685E-12
ENSG00000167210	LOXHD1	chr18	44098985	44099028	-0.111586337287001	1.06307663441574E-12
ENSG00000196248	OR10S1	chr11	123847650	123847741	-0.112267714404222	1.09041320478804E-12
ENSG00000160886	LY6K	chr8	143777681	143777723	-0.139272565871288	1.11377957423962E-12
ENSG00000058404	CAMK2B	chr7	44258706	44258737	-0.179635515390837	1.24762204056843E-12
ENSG00000251416	RP11-140M13.1	chr4	178587646	178587655	-0.106839467799633	1.24889768112463E-12
ENSG00000179431	FJX1	chr11	35651712	35651722	-0.226772267463613	1.29773114302692E-12
ENSG00000135697	BCMO1	chr16	81254139	81254209	-0.181061151991672	1.32410422010466E-12
ENSG00000252905	RNA5SP330	chr11	8832860	8832956	-0.142387947849665	1.35449420188316E-12
ENSG00000188076	SCGB1C1	chr11	194509	194549	-0.107516790051338	1.36165831579854E-12
ENSG00000100722	ZC3H14	chr14	89025746	89025824	-0.105715918793118	1.37076388130344E-12
ENSG00000137094	DNAJB5	chr9	34986870	34986905	-0.167463878463508	1.38627538093454E-12
ENSG00000213752	CTA-268H5.9	chr22	45667722	45667757	-0.259705414318912	1.38989818608749E-12
ENSG00000147813	NAPRT1	chr8	144656976	144657058	-0.155741002873562	1.39499994682597E-12
ENSG00000235149	RP11-45I20.1	chr4	186768609	186768646	-0.246635725299223	1.41527622014588E-12
ENSG00000015676	NUDCD3	chr7	44438305	44438384	-0.310685213260381	1.46972776917293E-12
ENSG00000185966	LCE3E	chr1	152538500	152538540	-0.133649248306541	1.47898970197768E-12
ENSG00000248027	CTD-2383M3.1	chr11	100555339	100555351	-0.226760351927238	1.51606280420479E-12
ENSG00000264773	MIR4420	chr1	31242136	31242173	-0.202775403037913	1.53171247698365E-12
ENSG00000240159	RP11-162O12.1	chr4	185139473	185139478	-0.107078026807362	1.56817359761408E-12
ENSG00000250706	RP11-18H21.2	chr4	153091395	153091445	-0.207798427396083	1.58915116159555E-12
ENSG00000167460	TPM4	chr19	16178185	16178253	-0.216063933213096	1.68382380307527E-12
ENSG00000229792	LINC00399	chr13	110132575	110132599	-0.277432306844516	1.76843971130808E-12
ENSG00000260850	RP11-437L7.1	chr16	51360388	51360402	-0.164658950971249	1.84689927604542E-12
ENSG00000184937	WT1	chr11	32408427	32408438	-0.1156591513975	1.87130804446213E-12
ENSG00000183695	MRGPRX2	chr11	19082430	19082456	-0.176899669068451	1.89485718806728E-12
ENSG00000241484	ARHGAP8	chr22	45132730	45132895	-0.207382587959114	1.92570833393444E-12
ENSG00000109771	LRP2BP	chr4	186227397	186227427	-0.21266728296356	1.93862377557843E-12
ENSG00000169085	C8orf46	chr8	67371230	67371252	-0.224336518052435	1.94474422752038E-12
ENSG00000176605	C14orf177	chr14	99180475	99180560	-0.119961050087295	1.97281475199248E-12
ENSG00000256628	ZBTB11-AS1	chr3	101396731	101396767	-0.143442417455983	1.99477877120457E-12
ENSG00000214313	AZGP1P1	chr7	99577030	99577072	-0.15364956221399	2.13543855645769E-12
ENSG00000238824	snoU13	chr9	140022932	140022952	-0.263001866011198	2.2332624556901E-12
ENSG00000150750	C11orf53	chr11	111126682	111126728	-0.126142565357787	2.27888516270686E-12
ENSG00000181323	SPEM1	chr17	7323719	7323741	-0.103935135753619	2.42474483289423E-12
ENSG00000254542	NAV2-AS3	chr11	19940839	19940851	-0.22596842798753	2.49512029346732E-12
ENSG00000272088	RP11-168F9.2	chr1	3399374	3399407	-0.199981198138846	2.56840227183408E-12
ENSG00000115268	RPS15	chr19	1429135	1429302	-0.142296512755852	2.57907538397537E-12
ENSG00000199282	SNORA9	chr13	73211671	73211718	-0.17855909434352	2.61015420310106E-12
ENSG00000118004	COLEC11	chr2	3646335	3646373	-0.227301853601575	2.81008549928509E-12
ENSG00000251129	RP11-734I18.1	chr4	32004189	32004212	-0.116075415115054	2.83564384391507E-12
ENSG00000172236	TPSAB1	chr16	1295048	1295126	-0.119646372803363	3.13427508122281E-12
ENSG00000184999	SLC22A10	chr11	62903717	62903753	-0.191803871285546	3.14360916981224E-12
ENSG00000176697	BDNF	chr11	27672827	27672833	-0.18686400963728	3.20208817716307E-12
ENSG00000260721	AF067845.1	chr8	1325979	1326014	-0.116811234868681	3.22165112120041E-12
ENSG00000266273	RP11-715C4.1	chr18	76523508	76523512	-0.134234675341334	3.29352107845277E-12
ENSG00000066697	MSANTD3	chr9	103191642	103191667	-0.22115037226641	3.30736947699234E-12
ENSG00000149131	SERPING1	chr11	57364100	57364114	-0.15510767665115	3.32651059535884E-12
ENSG00000236608	EIF4A1P6	chr13	61211820	61211841	-0.126167117462616	3.35428581520087E-12
ENSG00000174914	OR9G1	chr11	56467959	56467998	-0.114654497894916	3.52874784564857E-12
ENSG00000253470	RP11-697B24.1	chr8	126797351	126797391	-0.165052161306254	3.55797163390281E-12
ENSG00000166405	RIC3	chr11	8106625	8106656	-0.114114649317197	3.56581838747912E-12
ENSG00000259515	RP11-365N19.2	chr14	103416190	103416227	-0.125380969834493	3.64378820533005E-12
ENSG00000222682	RNA5SP38	chr13	106834900	106834942	-0.262119061139809	3.6484814319705E-12
ENSG00000232926	AC000078.5	chr22	19879170	19879214	-0.176017344173387	3.74421347515153E-12
ENSG00000135363	LMO2	chr11	33886784	33886805	-0.148810881347881	3.85356221738983E-12
ENSG00000176798	OR51L1	chr11	5009450	5009492	-0.106291686673474	3.92415479534702E-12

ENSG00000253438	PCAT1	chr8	127866011	127866047	-0.163477390768207	3.94360712862346E-12
ENSG00000105694	TCEB1P28	chr19	2540912	2540934	-0.325003345540936	4.47917634397144E-12
LRG_460	LRG_460	chr11	67242206	67242215	-0.134219407742329	4.50022754351818E-12
ENSG00000245954	RP11-18H21.1	chr4	152996153	152996200	-0.175591931424151	4.50829349821667E-12
ENSG00000256542	RP13-895J2.3	chr12	132863711	132863860	-0.16608276595148	4.94307177270654E-12
ENSG00000253414	RP11-150O12.6	chr8	37373851	37373894	-0.183414438889779	5.04751565129327E-12
ENSG00000236264	RPL26P30	chr11	2368070	2368095	-0.110964528035566	5.09399655811439E-12
ENSG00000253903	RP11-521M14.2	chr8	26942425	26942439	-0.175151607108638	5.21434997969152E-12
ENSG00000260198	RP11-441F2.2	chr16	56326897	56326905	-0.224636038332534	5.44999303612238E-12
ENSG00000252709	U3	chr11	6676437	66764372	-0.159277281016013	5.53274517810303E-12
ENSG00000183389	OR56A4	chr11	6024266	6024307	-0.153964539155223	5.80787048823641E-12
ENSG00000177992	SPATA31E1	chr9	90499097	90499143	-0.125106565340921	5.82582222211849E-12
ENSG00000232084	LINC01104	chr2	100851628	100851666	-0.202305984856527	5.87861642681115E-12
ENSG00000137713	PPP2R1B	chr11	111589689	111589763	-0.115515063871854	5.95604941526346E-12
ENSG00000019485	PRDM11	chr11	45115595	45115630	-0.139666463880085	6.62530807414013E-12
ENSG00000205184	SLC10A5P1	chr8	82545688	82545704	-0.203477351010442	6.64623514548081E-12
ENSG00000160185	UBASH3A	chr21	43816181	43816197	-0.226575610027565	7.34411755713963E-12
ENSG00000250256	RP11-267A15.3	chr5	174045242	174045291	-0.268984431317485	7.39328685145815E-12
ENSG00000250746	RP11-39C10.1	chr4	165108578	165108602	-0.160971539980896	7.55002080479807E-12
ENSG00000213465	ARL2	chr11	64774152	64774206	-0.115774202362662	7.86485275443466E-12
ENSG00000169427	KCNK9	chr8	140617252	140617293	-0.165352880953941	8.0841853291147E-12
ENSG00000116151	MORN1	chr1	2252729	2252775	-0.113627214025188	8.33636155541804E-12
ENSG00000258758	RP11-613G13.1	chr14	57488048	57488078	-0.150653864698574	9.21899815166817E-12
ENSG00000064201	TSPAN32	chr11	2323236	2323247	-0.118535782711693	9.2482077485009E-12
ENSG00000259420	RP11-307C19.2	chr15	77862098	77862130	-0.190430220814095	9.55579886441954E-12
ENSG00000170390	DCLK2	chr4	151001873	151001973	-0.150596763696074	9.98692692015103E-12
ENSG00000213091	PHBP1	chr6	150363993	150364029	-0.199627135719463	1.02136195884973E-11
ENSG00000255191	RP11-626H12.1	chr11	69813776	69813825	-0.19955790996205	1.05017745487317E-11
ENSG00000258479	LINC00640	chr14	51794989	51795024	-0.203307757947302	1.06791539364118E-11
ENSG00000125734	GPR108	chr19	6712225	6712268	-0.100022040752106	1.12213653607355E-11
ENSG00000165553	NGB	chr14	77730977	77731086	-0.119521316369857	1.1655500337849E-11
ENSG00000108840	HDAC5	chr17	42164354	42164486	-0.305616069485333	1.2216321628978E-11
ENSG00000251644	RP11-442P12.1	chr4	15850070	15850109	-0.138313489318998	1.33613301729279E-11
ENSG00000263974	RN7SL121P	chr19	4559721	4559847	-0.132568370784685	1.35219577328676E-11
ENSG00000146281	PM20D2	chr6	89843702	89843733	-0.148446241979329	1.43320992087363E-11
ENSG00000251234	PSMA2P2	chr8	94944838	94944882	-0.191884657713017	1.4515858666101E-11
ENSG00000070718	AP3M2	chr8	42012386	42012482	-0.215220911127328	1.49115465317584E-11
ENSG00000118972	FGF23	chr12	4489003	4489019	-0.107554407759098	1.54038991868401E-11
ENSG00000257472	RP11-159D23.2	chr14	32396726	32396746	-0.221928148932652	1.55332077077855E-11
ENSG00000228375	RPS20P25	chr9	83989311	83989319	-0.138287621097593	1.61608790323999E-11
ENSG00000199598	RNU6-859P	chr21	45344519	45344557	-0.142855030943052	1.61909218751553E-11
ENSG00000241722	RP11-255I10.1	chr4	112396394	112396444	-0.204338249913707	1.65937723081818E-11
ENSG00000135709	KIAA0513	chr16	85062758	85062776	-0.220891733146965	1.66056169059252E-11
ENSG00000259631	RP11-557C18.4	chr8	123928528	123928548	-0.126829661445484	1.68472041475168E-11
ENSG00000252818	RNU7-146P	chr18	62315678	62315712	-0.222200284158545	1.69696505795583E-11
ENSG00000205126	ACCSL	chr11	44069596	44069638	-0.133994114399322	1.78132949569161E-11
ENSG00000236027	PATE3	chr11	125657651	125657662	-0.205475294968655	1.78380167546084E-11
ENSG00000239705	RP11-65N13.8	chr9	128001489	128001534	-0.157167832766091	1.80144110063121E-11
ENSG00000102755	FLT1	chr13	28882151	28882200	-0.175885924174853	2.00813636688566E-11
ENSG00000115085	ZAP70	chr2	98326557	98326588	-0.17160552840195	2.02650386411838E-11
ENSG00000253523	RP11-1112C15.2	chr8	58926452	58926487	-0.100424716536316	2.23035689196251E-11
ENSG00000181867	FTMT	chr5	121196093	121196120	-0.146525009171827	2.45560690141084E-11
ENSG00000178199	ZC3H12D	chr6	149751288	149751329	-0.119115062011391	2.49104199494044E-11
ENSG00000253000	RNU1-45P	chr4	179086638	179086650	-0.166002039979964	2.50817078860507E-11
ENSG00000260024	MRPS21P7	chr16	49730710	49730743	-0.149176159146152	2.62606062123184E-11
ENSG00000223299	RN7SKP108	chr14	97089534	97089564	-0.110694384355239	2.64688352836312E-11
ENSG00000188163	FAM166A	chr9	140138821	140138829	-0.261751599479288	2.65826954879278E-11
ENSG00000250384	UBE2CP3	chr4	57947859	57947900	-0.160633221459227	2.73900844457555E-11
ENSG00000068078	FGFR3	chr4	1791548	1791597	-0.273586107274055	2.90257317777455E-11
ENSG00000241103	RP11-398J16.1	chr4	95264019	95264036	-0.133896041031704	2.90437047770967E-11
ENSG00000267649	CTD-2587H24.10	chr19	55721063	55721125	-0.197619977424818	2.92835105961037E-11
ENSG00000169223	LMAN2	chr5	176755805	176755841	-0.150900264126438	2.96438376021792E-11
ENSG00000263732	AC012564.1	chr8	105703743	105703772	-0.201690241880248	2.98892146618512E-11
ENSG00000200516	RNA5SP378	chr12	132284604	132284684	-0.147890169639653	3.02165855880233E-11
ENSG00000170967	DDI1	chr11	103905401	103905439	-0.247209591063316	3.06521016679034E-11
ENSG00000158497	HMHB1	chr5	143191742	143191771	-0.122922473567353	3.10397173556618E-11
ENSG00000258798	RP11-895M11.3	chr14	91881557	91881580	-0.257972729143712	3.17152567632188E-11
ENSG00000271538	RP11-326I11.4	chr4	185435573	185435601	-0.212163566195622	3.48303137594518E-11
ENSG00000253564	RP11-956J14.2	chr8	74097866	74097948	-0.195344821075602	3.551491193829E-11

ENSG00000128536	CDHR3	chr7	105603379	105603409	-0.136479176785185	3.56128320947277E-11
ENSG00000265096	C1QTNF1-AS1	chr17	77003152	77003202	-0.155265686829979	3.6221298925948E-11
ENSG00000197599	CCDC154	chr16	1485874	1486048	-0.11931318657832	3.65720158056288E-11
ENSG00000138180	CEP55	chr10	95222921	95222968	-0.178995355859223	3.66315661834378E-11
ENSG00000221539	SNORD99	chr1	28906586	28906613	-0.180190449101186	3.87889670207204E-11
ENSG00000225193	RPS12P26	chr15	90755844	90755871	-0.163441228237972	3.88378373502692E-11
ENSG00000267491	CTD-2373H9.5	chr17	76899226	76899257	-0.127225253082997	3.91519137514196E-11
ENSG00000134775	FHOD3	chr18	33880269	33880303	-0.147140127652362	3.98803549240328E-11
ENSG00000228075	BOD1L2	chr18	54813030	54813067	-0.155764920306616	4.05716745887569E-11
ENSG00000253380	RP11-738G5.1	chr8	50348359	50348403	-0.150716021918225	4.06558303386271E-11
ENSG00000225285	RP4-758J18.10	chr1	1365871	1365953	-0.254966017713572	4.07084027942976E-11
ENSG00000159423	ALDH4A1	chr1	19187300	19187348	-0.11389419291674	4.19432304765415E-11
ENSG00000092051	JPH4	chr14	24048528	24048555	-0.184989669708509	4.22897732191247E-11
ENSG00000070367	EXOC5	chr14	57603561	57603592	-0.162935068879496	4.23414995621759E-11
ENSG00000224764	RP11-54O15.3	chr9	97691806	97691875	-0.212365482008926	4.24658102005617E-11
ENSG00000253789	CTD-2571E19.1	chr8	62940723	62940735	-0.149982961293656	4.47374967930733E-11
ENSG00000256616	RP11-815J4.6	chr18	12073413	12073461	-0.150129356300067	4.51338117690955E-11
ENSG00000213750	KB-1683C8.1	chr8	98610787	98610795	-0.124658351814999	4.54181920536342E-11
ENSG00000237365	RP11-334N17.1	chr1	7028233	7028261	-0.121286556079085	4.56270927385768E-11
ENSG00000253389	RP11-930P14.1	chr8	41523436	41523438	-0.151781417508182	4.61028338475296E-11
ENSG00000253210	RP11-809O17.1	chr8	142163684	142163737	-0.219036592336682	4.66601898109548E-11
ENSG00000264071	RN7SL531P	chr2	4050656	4050845	-0.106812248476772	4.70854064095408E-11
ENSG00000235377	RP11-388B24.4	chr9	84746170	84746237	-0.101656045284125	4.91028878125959E-11
ENSG00000200312	RN7SKP255	chr14	90165664	90165687	-0.259310715323137	4.97995710361827E-11
ENSG00000266699	AL512655.1	chr13	55402583	55402591	-0.114306124825892	4.99951625124585E-11
ENSG00000253576	GS1-5L10.1	chr8	93004261	93004284	-0.12123541703108	5.08643747404224E-11
ENSG00000254885	RP11-802F5.1	chr11	78900896	78900905	-0.18802664216539	5.23076803661023E-11
ENSG00000226423	AC093642.4	chr2	242973898	242973943	-0.143790446388457	5.24604081000162E-11
ENSG00000264102	MIR4688	chr11	46385436	46385477	-0.192091118501685	5.30217371431719E-11
ENSG00000232628	RP11-365O16.3	chr1	224400588	224400637	-0.20945941694383	5.60078256426006E-11
ENSG00000256014	AL031390.1	chr6	144442484	144442526	-0.133624758801629	5.64486777574227E-11
ENSG00000162383	SLC1A7	chr1	53554603	53554640	-0.215068556505024	5.74727469009227E-11
ENSG00000140332	TLE3	chr15	70326383	70326422	-0.228276573681035	5.85183486448909E-11
ENSG00000204876	AC021218.2	chr7	155754630	155754677	-0.315791926174642	5.87983291142706E-11
ENSG00000253388	RP11-150O12.2	chr8	37337035	37337174	-0.227668981934703	6.00398718888923E-11
ENSG00000162496	DHRS3	chr1	12610104	12610128	-0.207726693445885	6.11635274280204E-11
ENSG00000237987	RP11-503C24.2	chr6	168616306	168616353	-0.260268942676162	6.15240876427842E-11
ENSG00000137801	THBS1	chr15	39872043	39872076	-0.179367245822523	6.25603669516441E-11
ENSG00000095637	SORBS1	chr10	97094399	97094417	-0.198976920736138	6.30953206387723E-11
ENSG00000260347	MOCS1P1	chr16	48537863	48537907	-0.119267152967417	6.39478445261692E-11
ENSG00000221365	MIR1228	chr12	57569736	57569932	-0.172105206189321	6.42199568413773E-11
ENSG00000266043	MIR3649	chr12	1742011	1742040	-0.134526736128215	6.42379126457646E-11
ENSG00000174137	FAM53A	chr4	1641975	1642217	-0.120838892943085	6.50423874540477E-11
ENSG00000206811	SNORA10	chr16	2012441	2012453	-0.123824129411646	6.55598428512575E-11
ENSG00000186049	KRT73	chr12	53007492	53007516	-0.104407981792012	6.6514887904898E-11
ENSG00000182261	NLRP10	chr11	7985166	7985183	-0.11217813824286	6.71071455065157E-11
ENSG00000183484	GPR132	chr14	105509446	105509466	-0.122699470978811	7.00087545685531E-11
ENSG00000124391	IL17C	chr16	88703556	88703567	-0.174786924805937	7.04502894877371E-11
ENSG00000220557	HMGB1P13	chr6	133225988	133226033	-0.135614752741083	7.04526761979278E-11
ENSG00000204386	NEU1	chr6	31820760	31820842	-0.158949814258482	7.04809508485972E-11
ENSG00000178412	RP11-567M16.3	chr18	77404778	77404785	-0.230309500367482	7.27645433155706E-11
ENSG00000228599	RPL7P52	chr22	40573042	40573076	-0.170237680686934	7.30518284786487E-11
ENSG00000129235	TXNDC17	chr17	6541545	6541584	-0.158992115112625	7.80104917144178E-11
ENSG00000077498	TYR	chr11	88910913	88910923	-0.176398760969886	7.81530053973782E-11
ENSG00000229657	RP11-494K3.2	chr1	204926851	204926894	-0.156776786605081	7.9525248057832E-11
ENSG00000231894	WDR95P	chr13	31620206	31620211	-0.124682261491118	8.08871157357879E-11
ENSG00000172927	MYEOV	chr11	69061831	69061868	-0.156652792845803	8.12654045295568E-11
ENSG00000255390	RP11-732A19.5	chr11	6643752	6643773	-0.122976521812809	8.52082770355281E-11
ENSG00000200131	RN7SKP77	chr9	109460000	109460039	-0.219077465193533	8.54843422528713E-11
ENSG00000222035	AC079354.3	chr2	202988253	202988268	-0.248150293507001	8.55517704915634E-11
ENSG00000212993	POU5F1B	chr8	128493421	128493465	-0.200021419868763	9.20885267317849E-11
ENSG00000235778	AC130360.8	chr8	7199181	7199356	-0.125795067355806	9.22353931053302E-11
ENSG00000221523	AC079080.1	chr4	185189248	185189403	-0.326517456639249	9.71853801388307E-11
ENSG00000183549	ACSM5	chr16	20421618	20421627	-0.266066807762987	9.80939151821757E-11
ENSG00000233303	XXYL1-AS1	chr3	194826390	194826411	-0.198259047010686	9.92841500039665E-11
ENSG00000101638	ST8SIA5	chr18	44256241	44256337	-0.163523534911665	1.04154359362904E-10
ENSG00000261293	RP11-276H1.2	chr16	12184181	12184307	-0.1956095256889	1.06697952590063E-10
ENSG00000100422	CERK	chr22	47057355	47057389	-0.220908583914616	1.10325176520987E-10
ENSG00000225947	RP11-313E4.1	chr9	75080059	75080066	-0.224927613206945	1.13566089406139E-10

ENSG00000151704	KCNJ1	chr11	128710086	128710122	-0.171162088455844	1.14128284962583E-10
ENSG00000261467	RP11-731K22.1	chr7	73417171	73417188	-0.133615728719776	1.16457236480464E-10
ENSG00000248571	RP11-768B22.2	chr4	153602251	153602285	-0.145766338685628	1.16588824189714E-10
ENSG00000226118	MTND3P1	chr13	22694078	22694121	-0.179740984645756	1.16732217191218E-10
ENSG00000213176	RPL13P6	chr14	103453874	103453908	-0.269709035531673	1.17210696096684E-10
ENSG00000108417	KRT37	chr17	39577614	39577662	-0.107585360324279	1.20108820230772E-10
ENSG00000169876	MUC17	chr7	100660587	100660664	-0.261837072049215	1.21229427869457E-10
ENSG00000102891	MT4	chr16	56598820	56598894	-0.123849148689368	1.21669084057667E-10
ENSG00000265539	MIR3164	chr11	68848139	68848166	-0.133515569481041	1.24568629835677E-10
ENSG00000198948	MFAP3L	chr4	170914520	170914525	-0.106178480002799	1.26184288475287E-10
ENSG00000077238	IL4R	chr16	27367145	27367196	-0.150188667846635	1.28156654405059E-10
ENSG00000258986	TMEM179	chr14	104941987	104942033	-0.136445589032888	1.30527327945796E-10
ENSG00000265768	MIR4506	chr14	94425654	94425665	-0.15123531830425	1.30888836319209E-10
ENSG00000140835	CHST4	chr16	71560187	71560205	-0.254285654009985	1.30935663732759E-10
ENSG00000264371	MIR4425	chr1	25348967	25349006	-0.171614326242456	1.30964528077381E-10
ENSG00000061938	TNK2	chr3	195600680	195600709	-0.122136633717434	1.32772270368172E-10
ENSG00000254519	CTD-2210P24.1	chr11	45724810	45724816	-0.133784894807399	1.36377386650749E-10
ENSG00000166492	FAM86GP	chr11	34415533	34415556	-0.272621738777623	1.41958521218352E-10
ENSG00000105993	DNAJB6	chr7	157180113	157180149	-0.158118786842648	1.44098718394724E-10
ENSG00000255004	RP1-68D18.3	chr11	35288652	35288735	-0.109851680545044	1.46424721241655E-10
ENSG00000173762	CD7	chr17	80267062	80267103	-0.241552639169366	1.48149143045562E-10
ENSG00000239099	RNU7-23P	chr11	66659954	66660055	-0.152298475920704	1.52230021071172E-10
ENSG00000132437	DDC	chr7	50560506	50560618	-0.234541618829132	1.52790491265247E-10
ENSG00000103044	HAS3	chr16	69123244	69123283	-0.264800585191629	1.56397291638146E-10
ENSG00000239078	RNU7-55P	chr8	8932453	8932517	-0.208690250178843	1.57629624888584E-10
ENSG00000110665	C11orf21	chr11	2308579	2308655	-0.108737592037304	1.6244090652191E-10
ENSG00000103145	HCFC1R1	chr16	3072937	3072970	-0.104935674536027	1.66736400469976E-10
ENSG00000239983	RP11-79E3.1	chr4	33969835	33969862	-0.242437109935439	1.74057425899099E-10
ENSG0000023294	SNORD83	chr12	64954563	64954608	-0.221493951183141	1.76336506694537E-10
ENSG00000184566	AC132216.1	chr11	33913069	33913116	-0.11432373126512	1.79837955651651E-10
ENSG00000236041	COX6CP18	chr11	2754001	2754026	-0.1466718268963	1.81120113225553E-10
ENSG00000213120	LIN28AP1	chr2	184159976	184160008	-0.2447081361311	1.8258482329316E-10
ENSG00000258900	HNRNPCP1	chr14	59007027	59007063	-0.132583952161247	1.86968685826707E-10
ENSG00000249859	PVT1	chr8	128808017	128808063	-0.24420382385545	2.00052768281959E-10
ENSG00000272438	RP11-54O7.16	chr1	834330	834358	-0.195992232111079	2.01860759225959E-10
ENSG00000100433	KCNK10	chr14	88700484	88700527	-0.158113536712103	2.07292258107106E-10
ENSG00000104237	RP1	chr8	55528166	55528193	-0.142983497581477	2.08245131026011E-10
ENSG00000251226	RP11-469N6.1	chr11	134651819	134651828	-0.187711560118108	2.08496699102135E-10
ENSG00000112787	FBRSL1	chr12	133100051	133100078	-0.135131213951158	2.08795049940652E-10
ENSG00000175604	RP11-276H1.3	chr16	12183888	12183943	-0.193246484112996	2.09962497393725E-10
ENSG00000104897	SF3A2	chr19	2241089	2241205	-0.235702823837511	2.13545685078483E-10
ENSG00000263427	RP11-599B13.3	chr17	7960424	7960457	-0.118589044205572	2.18579685297014E-10
ENSG00000211854	TRAJ35	chr14	22975656	22975687	-0.123475466139012	2.28529750414559E-10
ENSG00000242795	RP11-3K16.2	chr3	169376298	169376321	-0.229268873388989	2.31026536806517E-10
ENSG00000103194	USP10	chr16	84722926	84722958	-0.222757596037368	2.40428491539902E-10
ENSG00000239038	snoU13	chr16	48720534	48720546	-0.193964497087399	2.50505289002056E-10
ENSG00000151849	CENPJ	chr13	25404145	25404192	-0.239402984807747	2.56357019161142E-10
ENSG00000109854	HTATIP2	chr11	20389049	20389052	-0.264250720441081	2.56434959417933E-10
ENSG00000251488	RP11-404I7.2	chr4	133803535	133803604	-0.104878605378798	2.6640125963433E-10
ENSG00000268280	AC008914.1	chr5	55219469	55219506	-0.179820855875654	2.66991516953198E-10
ENSG00000181499	OR6T1	chr11	123814285	123814296	-0.106377386331402	2.79751675163751E-10
ENSG00000254684	RP11-882I15.1	chr11	85057024	85057045	-0.150186002104233	2.80259494015193E-10
ENSG00000265844	RP11-751H17.1	chr18	74801026	74801048	-0.106243695632322	2.81706079147355E-10
ENSG00000224682	SOC5P2	chr9	138334700	138334771	-0.151138251596306	2.82035273341735E-10
ENSG00000133816	MICAL2	chr11	12187593	12187632	-0.134531519180008	2.85709059824233E-10
ENSG00000203740	METT11B	chr1	170115258	170115302	-0.179272631913131	2.87076272179265E-10
ENSG00000185345	PARK2	chr6	161860223	161860271	-0.268161027454923	2.88543136840657E-10
ENSG00000262663	RP11-497H17.1	chr17	80834192	80834246	-0.179346748543161	2.86860925082733E-10
ENSG00000261707	RP11-264M12.2	chr16	77797452	77797508	-0.138195661759164	2.91424038339462E-10
ENSG00000164591	MYOZ3	chr5	150040863	150040908	-0.123676019717202	2.96954830501588E-10
ENSG00000207083	RNU6-22P	chr16	69200215	69200240	-0.112042181913712	2.97933779730694E-10
ENSG00000236173	RP1-182D15.2	chr6	170201739	170201830	-0.186507705920692	3.0353358510168E-10
ENSG00000154889	MPPE1	chr18	11873068	11873078	-0.146829572029537	3.05198602369455E-10
ENSG00000169327	OR5AU1	chr14	21623659	21623717	-0.109434833346312	3.0672137646202E-10
ENSG00000087299	L2HGDH	chr14	50700786	50700827	-0.204194913238982	3.13911970866118E-10
ENSG00000234768	RP11-503C24.1	chr6	168581570	168581602	-0.100930339388073	3.14863192768181E-10
ENSG00000233496	SYNJ2-IT1	chr6	158460979	158461018	-0.21728047258833	3.15358613836671E-10
ENSG00000137101	CD72	chr9	35616043	35616133	-0.159594385985107	3.15907306337936E-10
ENSG00000270988	RP11-439C15.5	chr8	1924324	1924334	-0.188821802973054	3.19217326566602E-10

ENSG00000266930	CTD-2085J24.4	chr19	33361419	33361467	-0.113159192199478	3.20194796786754E-10
ENSG00000254111	RP11-150O12.5	chr8	37404474	37404497	-0.276189053522456	3.22300552047671E-10
ENSG00000172403	SYNPO2	chr4	119862992	119863047	-0.285704227630539	3.47888998039393E-10
ENSG00000114554	PLXNA1	chr3	126755839	126755878	-0.22351389694094	3.50276663625113E-10
ENSG00000254443	RP11-304C12.3	chr11	6378678	6378725	-0.153100566169578	3.55669127982448E-10
ENSG00000158715	SLC45A3	chr1	205631985	205632052	-0.143289612312283	3.61434873390938E-10
ENSG00000006194	ZNF263	chr16	3306968	3307005	-0.102939775984224	3.68499326698251E-10
ENSG00000163945	UVSSA	chr4	1342076	1342161	-0.15104228798107	3.79455400088816E-10
ENSG00000225138	CTD-2228K2.7	chr5	471485	471507	-0.114649261957265	3.88549252481689E-10
ENSG00000129932	DOHH	chr19	3482608	3482783	-0.199619388052505	4.00205633999674E-10
ENSG00000147604	RPL7	chr8	74203746	74203855	-0.100953943828534	4.1714401401238E-10
ENSG00000164690	SHH	chr7	155592304	155592353	-0.171747497002093	4.18164472186582E-10
ENSG00000115042	FAHD2A	chr2	96055255	96055375	-0.11577312197544	4.31264763612054E-10
ENSG00000264182	AC126763.1	chr16	15308600	15308708	-0.11630705092041	4.34762275695401E-10
ENSG00000249219	RP13-560N11.1	chr4	9892742	9892780	-0.188050619564323	4.4541650173538E-10
ENSG00000237232	ZNF295-AS1	chr21	43442035	43442085	-0.155349595038304	4.45840534987249E-10
ENSG00000229314	ORM1	chr9	117084576	117084602	-0.163094951617467	4.46240608787081E-10
ENSG00000250681	RP3-368B9.2	chr4	3650646	3650856	-0.104007599678328	4.57842393979154E-10
ENSG00000263456	MIR5189	chr16	88528831	88528842	-0.134852170395754	4.677379431302E-10
ENSG00000167656	LY6D	chr8	143862805	143862852	-0.138641612956171	4.67940585819907E-10
ENSG00000214015	RP11-414H17.2	chr10	6104182	6104207	-0.136723612767411	4.79004421674186E-10
ENSG00000266533	MIR3619	chr22	46481243	46481288	-0.155756859554898	4.86413722341727E-10
ENSG00000160202	CRYAA	chr21	44585368	44585410	-0.189201753772727	5.05005989013729E-10
ENSG00000271746	RP1-202O8.3	chr1	6446207	6446243	-0.204859084533608	5.13238316480964E-10
ENSG00000108106	UBE2S	chr19	55918249	55918338	-0.114120066096898	5.17459641319216E-10
ENSG00000252636	RNU6-826P	chr17	47113441	47113477	-0.142595678112613	5.18093412638177E-10
ENSG00000201231	RNU4-50P	chr8	59757290	59757337	-0.102045615975979	5.46711774121931E-10
ENSG00000260953	RP11-426C22.6	chr16	29273311	29273555	-0.141000284948575	5.54918598172834E-10
ENSG00000224025	RP11-274B18.3	chr9	71199964	71199964	-0.110119717428238	5.93085646835087E-10
ENSG00000250670	AC004063.1	chr4	105513135	105513214	-0.230972896029116	6.21179597374329E-10
ENSG00000178718	RPP25	chr15	75248086	75248117	-0.111257351520332	6.38862428157435E-10
ENSG00000226308	RP4-813D12.3	chr20	55837692	55837705	-0.106718696354101	6.61440321500086E-10
ENSG00000232810	TNF	chr6	31545252	31545275	-0.118856455463816	6.64791947121145E-10
ENSG00000168481	LGI3	chr8	22004827	22004842	-0.146733941734412	6.69004989582537E-10
ENSG00000257614	RP11-116N8.2	chr14	36402284	36402334	-0.124032669687168	6.85324697514904E-10
ENSG00000054967	RELT	chr11	73078850	73078854	-0.144020031871947	6.94536364069133E-10
ENSG00000160339	FCN2	chr9	137771596	137771598	-0.116624792243785	7.71536705135216E-10
ENSG00000172183	ISG20	chr15	89193063	89193113	-0.186360605297327	8.19104815994702E-10
ENSG00000254847	RP11-51B23.3	chr11	12578612	12578661	-0.151847764049032	8.22797663158564E-10
ENSG00000169398	PTK2	chr8	141629960	141629989	-0.149015291130605	8.5884459985165E-10
ENSG00000264079	AC079412.1	chr16	54574634	54574744	-0.147165501019334	8.82852225606902E-10
ENSG00000259666	RP11-307C19.3	chr15	77933876	77933921	-0.232197249526484	9.49455621724603E-10
ENSG00000214822	KRT16P3	chr17	20406488	20406537	-0.147214131881867	9.71984055685636E-10
ENSG00000263968	RN7SL381P	chr16	85674139	85674217	-0.109980716830451	9.74014928096475E-10
ENSG00000273188	RP3-402G11.25	chr22	50630028	50630075	-0.123222328955621	1.02846107364314E-09
ENSG00000175315	CST6	chr11	65778218	65778263	-0.101303317947864	1.05107171912436E-09
ENSG00000174837	EMR1	chr19	6857142	6857181	-0.21108763227294	1.06276260205013E-09
ENSG00000261177	RP11-805I24.1	chr16	86122147	86122161	-0.121757422632332	1.09938491633728E-09
ENSG00000166589	CDH16	chr16	66943845	66943891	-0.127253256596455	1.15723701220521E-09
ENSG00000136930	PSMB7	chr9	127148761	127148781	-0.188760674950971	1.16771197191586E-09
ENSG00000223953	C1QTNF5	chr11	119217537	119217580	-0.102641080013972	1.18733230152119E-09
ENSG00000235718	MFRP	chr11	119217537	119217580	-0.102641080013972	1.18733230152119E-09
ENSG00000164035	EMCN	chr4	101440316	101440336	-0.105202747257791	1.23673260292539E-09
ENSG00000101004	NINL	chr20	25479878	25479919	-0.148260019567686	1.24265682469692E-09
ENSG00000236095	RP11-49O14.2	chr9	97671375	97671453	-0.151674359714252	1.3048803072662E-09
ENSG00000229155	RP11-528A4.2	chr3	193587264	193587297	-0.163531747529784	1.30655155953497E-09
ENSG00000208009	MIR130A	chr11	57407604	57407641	-0.155922483160766	1.30959585209806E-09
ENSG00000224194	AC008278.3	chr2	15804920	15805059	-0.121754292649075	1.31857394563995E-09
ENSG00000207858	MIR622	chr13	90920336	90920342	-0.192056756283576	1.33039691204891E-09
ENSG00000215915	ATAD3C	chr1	1380564	1380656	-0.126113635612161	1.34912941537145E-09
ENSG00000204398	RP11-65D24.2	chr13	112225479	112225605	-0.266838220617131	1.41535373803523E-09
ENSG00000229668	RP11-317F20.2	chr10	116307367	116307440	-0.161631856543701	1.43598954700967E-09
ENSG00000167034	NKX3-1	chr8	23543261	23543266	-0.196556824759373	1.51566396278869E-09
ENSG00000260517	RP11-426C22.5	chr16	29140160	29140209	-0.110904930527075	1.54120492300907E-09
ENSG00000272722	snoU13	chr9	140305839	140305998	-0.354563410855209	1.55486290423571E-09
ENSG00000229330	AC006947.1	chr17	64672341	64672389	-0.138374785964581	1.663393001276E-09
ENSG00000227105	PARP1P1	chr13	111574089	111574133	-0.162918965671605	1.68847581916334E-09
ENSG00000075275	CELSR1	chr22	46786832	46786905	-0.203296266631572	1.72342087840612E-09
ENSG00000178773	CPNE7	chr16	89660453	89660490	-0.192479075539358	1.7364212291392E-09

ENSG00000258935	RP11-1078H9.2	chr14	91066628	91066744	-0.185630864553049	1.74820145276751E-09
ENSG00000176299	OR4M1	chr14	20248863	20248893	-0.195717092204365	1.80339065816858E-09
ENSG00000182985	CADM1	chr11	115025745	115025784	-0.117223169840621	1.81427208697135E-09
ENSG00000255362	RP11-619A14.3	chr11	75977514	75977544	-0.2279386937072	1.82473353445253E-09
ENSG00000240820	RN7SL695P	chr18	48650174	48650211	-0.169326956567193	1.83356347995841E-09
ENSG00000085265	FCN1	chr9	137809681	137809689	-0.102004420824164	1.84628824994368E-09
ENSG00000115944	COX7A2L	chr2	42566398	42566435	-0.126767462782182	1.85440105044764E-09
ENSG00000255251	PRR23D1	chr8	7384171	7384185	-0.162653945584207	1.8558880016078E-09
ENSG00000226277	AC105393.2	chr2	442661	442702	-0.137373626982193	1.86275708481667E-09
ENSG00000219023	RP3-340B19.2	chr6	35528117	35528164	-0.152606043475967	1.95134424108539E-09
ENSG00000264548	RP13-516M14.2	chr17	80163091	80163141	-0.214180859677395	1.95151103999038E-09
ENSG00000131370	SH3BP5	chr3	15311154	15311269	-0.187368718212067	1.95257458928824E-09
ENSG00000184647	PRSS55	chr8	10383136	10383156	-0.142269656258683	1.98055170583224E-09
ENSG00000252440	U3	chr9	139472839	139473002	-0.214898248877959	2.01754432830469E-09
ENSG00000252582	SNORA31	chr9	133910140	133910188	-0.118020082828617	2.02006368984457E-09
ENSG00000253266	RP11-128L5.1	chr8	142047998	142048032	-0.232686113304105	2.0415478333094E-09
ENSG00000212994	RPS26P6	chr8	101911929	101911933	-0.106661440114489	2.05202715841718E-09
ENSG00000164168	TMEM184C	chr4	148535253	148535320	-0.101723687061638	2.08599481703694E-09
ENSG00000241022	NIPA2P2	chr3	74927043	74927082	-0.103738670031789	2.12402254576108E-09
ENSG00000181409	AATK	chr17	79071273	79071437	-0.219022106047983	2.13213650202028E-09
ENSG00000130173	C19orf80	chr19	11353993	11354058	-0.104254202180255	2.13264601534573E-09
ENSG00000249013	FTH1P21	chr4	157059332	157059354	-0.14142428157301	2.18192119761594E-09
ENSG00000239794	RN7SL653P	chr1	92270519	92270569	-0.158716817217163	2.26975666847511E-09
ENSG00000232089	AC011233.2	chr2	221969245	221969259	-0.21561300929007	2.2741127607701E-09
ENSG00000248538	RP11-10A14.5	chr8	9045320	9045328	-0.107912303860684	2.28766174584037E-09
ENSG00000248822	APOBEC3AP1	chr4	171012228	171012778	-0.202365192285574	2.31791034612879E-09
ENSG00000241598	KRTAP5-4	chr11	1643266	1643287	-0.135818903317716	2.33618781883232E-09
ENSG00000250571	GLI4	chr8	144347197	144347221	-0.12933072034299	2.34947531090928E-09
ENSG00000253140	RP11-567J20.3	chr8	49438509	49438558	-0.142499576119735	2.35032692304732E-09
ENSG00000258875	CTD-2547L24.3	chr14	91710015	91710072	-0.208991676614576	2.41362968543574E-09
ENSG00000173020	ADRBK1	chr11	67035915	67035993	-0.122951275992311	2.49210682610656E-09
ENSG00000204148	LINC00474	chr9	118687943	118687971	-0.105922430886685	2.5428767707497E-09
ENSG00000225203	TBC1D4-AS1	chr13	75991345	75991389	-0.163147631327059	2.55370020154824E-09
ENSG00000211890	IGHA2	chr14	106041833	106041895	-0.199214474768353	2.55488527789701E-09
ENSG00000177984	LCN15	chr9	139661608	139661617	-0.132236799840432	2.63144064153022E-09
ENSG00000264439	AL136001.1	chr14	104447036	104447120	-0.135948448423313	2.63643858795389E-09
ENSG00000184990	SIVA1	chr14	105206164	105206450	-0.157080579512967	2.686958553798E-09
ENSG00000207166	SNORA68	chr19	17972324	17972370	-0.107606938986896	2.72922514624039E-09
ENSG00000123453	SARDH	chr9	136539326	136539485	-0.111799906045321	2.83903166687141E-09
ENSG00000258685	CTD-2315A10.2	chr14	59565341	59565364	-0.217596124961804	2.83997018051822E-09
ENSG00000260862	RP11-22H5.2	chr16	82735512	82735551	-0.139268725583837	2.86547746684065E-09
ENSG00000199260	RNU6-874P	chr11	129013344	129013364	-0.263837452253083	2.86607123871323E-09
ENSG00000156804	FBXO32	chr8	124529144	124529191	-0.1862667882117	2.95193909262638E-09
ENSG00000184682	C11orf89	chr11	1909670	1909679	-0.183490699104845	3.011747776100262E-09
ENSG00000269963	RP11-73M18.9	chr14	104179720	104179723	-0.100246572052808	3.01785940571063E-09
ENSG00000197249	SERPINA1	chr14	94855990	94856032	-0.116529375306769	3.0544152886317E-09
ENSG00000257503	CYB5AP5	chr14	26676835	26676866	-0.156317519528058	3.06318803484352E-09
ENSG00000184014	DENND5A	chr11	9160866	9160897	-0.170560725310621	3.06860661836104E-09
LRG_37	LRG_37	chr11	118209887	118209964	-0.152281888457467	3.11274937223789E-09
ENSG00000072952	MRVI1	chr11	10627817	10627849	-0.105859642613796	3.14804973322541E-09
ENSG00000184795	UNC93B5	chr11	67482408	67482430	-0.13476464382938	3.20180068362741E-09
ENSG00000218986	RP1-137F1.3	chr6	39399171	39399221	-0.204375152359851	3.22374437049199E-09
ENSG00000197506	SLC28A3	chr9	86796487	86796530	-0.149105464301306	3.28226952399035E-09
ENSG00000243870	RN7SL236P	chr17	76362068	76362111	-0.184174030058514	3.34088344933915E-09
ENSG00000100453	GZMB	chr14	25103289	25103301	-0.123804410872033	3.39266386749597E-09
ENSG00000250192	RP11-300M6.1	chr4	58063449	58063484	-0.128417245795965	3.43702487315493E-09
ENSG00000261151	RP11-332G1.1	chr16	58132435	58132472	-0.145209176960068	3.4376339462561E-09
ENSG00000163612	FAM86KP	chr4	9157041	9157088	-0.212820427494421	3.50587844198794E-09
ENSG00000237197	IGHD1-7	chr14	106374521	106374574	-0.160693802690943	3.54892953781966E-09
ENSG00000271509	RP11-382A18.3	chr8	128306933	128306948	-0.283312207033006	3.59951531400046E-09
ENSG00000102935	ZNF423	chr16	49522446	49522448	-0.117639334923257	3.67963036679229E-09
ENSG00000229556	RP11-363G2.4	chr13	23425603	23425657	-0.142148121614355	3.70200410145823E-09
ENSG00000103222	ABCC1	chr16	16083164	16083225	-0.205525757490511	3.79431570049014E-09
ENSG00000197724	PHF2	chr9	96362041	96362129	-0.171321739647851	3.81883738529246E-09
ENSG00000227399	RP11-118F2.2	chr9	94661397	94661406	-0.158926315671816	3.96025782743398E-09
ENSG00000248869	RP11-138I17.1	chr4	137731995	137732003	-0.12925397946154	3.97912766257579E-09
ENSG00000252955	RNU4ATAC9P	chr4	73798306	73798326	-0.105337221128807	4.01250553454058E-09
ENSG00000254270	ERHP1	chr7	139229189	139229212	-0.102369600136569	4.03758217274255E-09
ENSG00000254880	RP11-687M24.5	chr11	125017462	125017481	-0.112111036476896	4.11507374162412E-09

ENSG0000054796	SPO11	chr20	55904669	55904856	-0.115711555960088	4.14469372247905E-09
ENSG00000260949	KB-1836B5.1	chr8	37914640	37914689	-0.177553788328322	4.14848784970551E-09
ENSG00000258897	EGLN3-AS1	chr14	34532891	34532900	-0.237948663420802	4.17830914817297E-09
ENSG00000129158	SERGEF	chr11	17796470	17796508	-0.108175846781323	4.18547208209048E-09
ENSG00000211574	MIR770	chr14	101319445	101319475	-0.212123468115526	4.21124889156912E-09
ENSG00000258779	RP11-140I24.1	chr16	73467352	73467448	-0.150654770480668	4.29355318644101E-09
ENSG00000254680	RP11-265D17.2	chr11	12279872	12279909	-0.173834232064987	4.35365215202293E-09
ENSG00000254083	RP11-452N4.1	chr8	136245323	136245370	-0.130433751368471	4.3538137504962E-09
ENSG00000254796	RP11-1118M6.2	chr8	7471830	7471873	-0.103710641912186	4.43402824862302E-09
ENSG00000273076	RP3-508I15.22	chr22	39154698	39154741	-0.208383932262102	4.44994367658839E-09
ENSG00000269363	MGC4771	chr2	232549199	232549242	-0.125168454884181	4.45377649307573E-09
ENSG00000231419	LINC00689	chr7	158807960	158808009	-0.11589907176452	4.66956126282049E-09
ENSG00000231226	TRIM31-AS1	chr6	30080368	30080405	-0.248766544216779	4.70941219705082E-09
ENSG00000223624	RP1-125I3.4	chr1	26219165	26219206	-0.186842728142003	4.73452930276482E-09
ENSG00000008283	CYB561	chr17	61512629	61512691	-0.210861554195347	4.77245674747699E-09
ENSG00000231610	AC021021.1	chr2	6634379	6634387	-0.101017181831673	4.81455566936828E-09
ENSG00000251149	MTND5P5	chr4	102875268	102875309	-0.217659777513207	4.83763266604112E-09
ENSG00000256035	AP000619.6	chr11	102669354	102669365	-0.130314122702929	4.86840190411175E-09
ENSG00000268034	AC005795.1	chr19	42007299	42007378	-0.221204712383751	4.88519332004197E-09
ENSG00000253924	RP11-1023P17.2	chr8	53161918	53161949	-0.189129575122183	5.01137636539995E-09
ENSG00000116685	KIAA2013	chr1	11979165	11979208	-0.223756139660078	5.12612168597898E-09
ENSG00000270132	WISP1-OT1	chr8	134224870	134224909	-0.156464508880902	5.22486849003676E-09
ENSG00000198561	CTNND1	chr11	57516443	57516469	-0.171264806421579	5.28483887148804E-09
ENSG00000109684	CLNK	chr4	10498005	10498037	-0.108841548351931	5.31932616564836E-09
ENSG00000235784	HNRNPA1P29	chr13	94207303	94207349	-0.175664769549206	5.6169703247228E-09
ENSG00000199949	Y_RNA	chr16	86304730	86304762	-0.133531679482888	5.67110630731029E-09
ENSG00000164674	SYTL3	chr6	159084032	159084087	-0.197686456084695	5.67327555780163E-09
ENSG00000110076	NRXN2	chr11	64372277	64372316	-0.165567843457938	5.68030280362329E-09
ENSG00000259264	RP11-60L3.1	chr15	74494813	74494861	-0.136667342861109	5.77210492491414E-09
ENSG00000207514	RNU6-385P	chr16	72405329	72405376	-0.131951000919238	6.04642025979816E-09
ENSG00000253557	RP11-1080G15.1	chr8	18925409	18925436	-0.276833801502164	6.05352239408069E-09
ENSG00000170871	KIAA0232	chr4	6753740	6753778	-0.1272737172933	6.11500917661273E-09
ENSG00000196639	HRH1	chr3	11178634	11178683	-0.1790810308295	6.19476804547629E-09
ENSG00000147601	TERF1	chr8	73918017	73918065	-0.14127243095612	6.26151442292124E-09
ENSG00000199985	RNA5SP264	chr8	36602810	36602832	-0.179854538598941	6.26553930092466E-09
ENSG00000047249	ATP6V1H	chr8	54647646	54647662	-0.292101745246933	6.3554052064834E-09
ENSG00000109758	HGFAC	chr4	3439183	3439268	-0.155077167612124	6.44239268272925E-09
ENSG00000228820	RPSAP1	chr20	49708590	49708636	-0.184678041154527	6.50181871410977E-09
ENSG00000261273	LA16c-444G7.1	chr16	88268413	88268461	-0.124550805992273	6.72032889662086E-09
ENSG00000207649	MIR138-2	chr16	56883034	56883053	-0.184335571284967	6.78355201001672E-09
ENSG00000171885	AQP4	chr18	24445240	24445262	-0.10738782605898	6.79432933657951E-09
ENSG00000229484	RP5-888M10.2	chr1	12600348	12600579	-0.171606602544306	6.91316541199805E-09
ENSG00000273100	RP11-302L19.3	chr6	170492859	170492909	-0.180178771944151	7.03979819795513E-09
ENSG00000260932	RP11-483P21.6	chr16	83968811	83968911	-0.180950557729156	7.07934971995899E-09
ENSG00000043039	BARX2	chr11	129310762	129310775	-0.156257113080202	7.18677445415182E-09
ENSG00000137727	ARHGAP20	chr11	110436250	110436286	-0.171735057999508	7.24025744193271E-09
ENSG00000261644	RP11-327F22.2	chr16	50769828	50769852	-0.170892800627417	7.54042372945644E-09
ENSG00000170953	OR8B12	chr11	124413439	124413491	-0.1054633975162	7.56466070365231E-09
ENSG00000158246	FAM46B	chr1	27337630	27337700	-0.300577031998746	7.83747517168787E-09
ENSG00000221864	KRTAP12-2	chr21	46086632	46086674	-0.143195064961178	7.98752600856246E-09
ENSG00000164754	RAD21	chr8	117840340	117840383	-0.125721859498569	8.01560644399606E-09
ENSG00000167207	NOD2	chr16	50715529	50715558	-0.123911728034226	8.17616942446335E-09
ENSG00000013810	TACC3	chr4	1729770	1729975	-0.123729107068375	8.19001842789823E-09
ENSG00000271847	RP4-740C4.8	chr1	2310013	2310092	-0.144253926565097	8.46708598363547E-09
ENSG00000264845	RP11-465I4.3	chr18	67139481	67139578	-0.101015996423294	8.80991591727812E-09
ENSG00000252531	SNORA73	chr2	3633204	3633234	-0.159544375019237	8.90017182193207E-09
ENSG00000182851	GPIHBP1	chr8	144301739	144301762	-0.12981337707084	8.9352948077251E-09
ENSG00000090686	USP48	chr1	21993555	21993603	-0.149463775882279	9.06125390082999E-09
ENSG00000136854	STXBP1	chr9	130407285	130407325	-0.113268549381288	9.5912027986444E-09
ENSG00000256586	AC091171.1	chr8	21961844	21961895	-0.195372994897854	9.65257145309893E-09
ENSG00000225127	LINC00237	chr20	21070787	21070832	-0.185785776330682	9.66532523169447E-09
ENSG00000250344	RP11-647P12.1	chr4	121991398	121991402	-0.133284364201508	9.73866639709951E-09
ENSG00000257275	RP11-164H13.1	chr14	96183369	96183408	-0.15431413863358	9.73984656575224E-09
ENSG00000240914	RPL15P2	chr14	95267479	95267602	-0.109799223709434	9.96952867933334E-09
ENSG00000259799	RP11-554A11.9	chr11	68928793	68928825	-0.115759448589967	9.98282345437885E-09
ENSG00000181220	ZNF746	chr7	149198922	149198985	-0.118909918874559	1.00995699967809E-08
ENSG00000263718	RP11-285E9.6	chr17	75252145	75252179	-0.129649780834646	1.01091061844988E-08
ENSG00000240215	TRBV25OR9-2	chr9	33658977	33659113	-0.100884998063625	1.04139662153689E-08
ENSG00000238781	snoU13	chr7	4751593	4751637	-0.112850467689499	1.07738321594439E-08

ENSG00000250733	C8orf17	chr8	140971143	140971190	-0.221018379542197	1.11291124890352E-08
ENSG00000124019	FAM124B	chr2	225266640	225266690	-0.109125399828952	1.13086850124501E-08
ENSG00000100439	ABHD4	chr14	23083132	23083160	-0.22951108231533	1.14335492955221E-08
ENSG00000259124	RP11-187O7.3	chr14	76960929	76960945	-0.109316601280117	1.17818556980583E-08
ENSG00000254089	RP11-388K12.2	chr8	94257330	94257369	-0.140687087765564	1.18180184096426E-08
ENSG00000250685	RP11-486L19.2	chr16	84232313	84232358	-0.169855934560073	1.18689239562468E-08
ENSG00000255429	RP11-643G5.6	chr11	89322636	89322682	-0.108872070374456	1.19196966992934E-08
ENSG00000201027	RN7SKP107	chr14	90087792	90087825	-0.163479967039857	1.22563330502586E-08
ENSG00000166091	CMTM5	chr14	23846473	23846529	-0.103533622473707	1.22827275879389E-08
ENSG00000255808	RP11-31L22.3	chr11	72364104	72364184	-0.188792413726147	1.22984249112481E-08
ENSG00000263640	AF235103.1	chr8	146094973	146094981	-0.139464231187619	1.27980605993336E-08
ENSG00000251249	RP11-73G16.1	chr4	152875860	152875909	-0.111448881413478	1.2829299619715E-08
ENSG00000050165	DKK3	chr11	12015646	12015672	-0.219161600805515	1.31548846648972E-08
ENSG00000172663	TMEM134	chr11	67231882	67231921	-0.103253322049019	1.31631662902477E-08
ENSG00000215483	LINC00598	chr13	41058697	41058812	-0.100359353166156	1.34726111990694E-08
ENSG00000179403	VWA1	chr1	1369934	1369948	-0.173287511445889	1.36036800873318E-08
ENSG00000258478	RP11-232C2.1	chr14	79220467	79220500	-0.101043264702624	1.38648949480946E-08
ENSG00000254197	RP11-10J21.5	chr8	142287363	142287366	-0.185110328878001	1.405171939033E-08
ENSG00000164303	ENPP6	chr4	185016276	185016290	-0.110871535431826	1.43045389446965E-08
ENSG00000186530	XKR5	chr8	6655978	6656007	-0.175668934294636	1.44439411282496E-08
ENSG00000130311	DDA1	chr19	17423005	17423054	-0.177889212636748	1.44448250113377E-08
ENSG00000085514	PILRA	chr7	99964489	99964537	-0.126432774291418	1.46289561720969E-08
ENSG00000257327	RP11-650K20.3	chr12	104235658	104235684	-0.162117788492801	1.47598363112627E-08
ENSG00000212342	SNORA12	chr8	131368433	131368458	-0.110948225661628	1.51055457912776E-08
ENSG00000253307	RP11-10J21.4	chr8	142255553	142255563	-0.130039330479609	1.51331094770299E-08
ENSG00000103485	QPRT	chr16	29674903	29674984	-0.125919253668714	1.54196196304125E-08
ENSG00000255063	RP11-718B12.1	chr11	82517276	82517333	-0.130180174247178	1.57992846910809E-08
ENSG00000228286	AP000593.5	chr11	71962713	71962762	-0.150203247573283	1.59602761226843E-08
ENSG00000137573	SULF1	chr8	70378740	70378760	-0.108424081176965	1.60843370357087E-08
ENSG00000233901	RP11-65J3.1	chr9	132098220	132098251	-0.201954587536888	1.72428371502567E-08
ENSG00000163673	DCLK3	chr3	36780444	36780485	-0.107051646742728	1.77834974075855E-08
ENSG00000151623	NR3C2	chr4	148928685	148928718	-0.222283118032542	1.78917501324111E-08
ENSG00000240480	RPL29P2	chr17	7677558	7677608	-0.220174639456482	1.79877148088966E-08
ENSG00000167037	SGSM1	chr22	25233619	25233638	-0.151992068991279	1.80509783814165E-08
ENSG00000137509	PRCP	chr11	82529831	82529846	-0.381219301640905	1.87682845154188E-08
ENSG00000252119	ACA64	chr11	119189289	119189297	-0.166396122402169	1.89249384175727E-08
ENSG00000122687	FTSJ2	chr7	2233086	2233135	-0.234483322714115	1.89991174071908E-08
ENSG00000237342	AL132796.1	chr14	99286122	99286126	-0.191786923982187	1.95667354419879E-08
ENSG00000185100	ADSSL1	chr14	105193471	105193501	-0.141717779267565	2.01654383564863E-08
ENSG00000248843	RP11-357G3.1	chr4	3342678	3342704	-0.119625947009676	2.05413928188067E-08
ENSG00000229433	RP11-329B9.1	chr3	184487730	184487758	-0.207874991469978	2.05455537398963E-08
ENSG00000258693	RP11-436M15.3	chr14	100463278	100463282	-0.100567090583732	2.10634926907836E-08
ENSG00000201371	Y_RNA	chr16	27733016	27733029	-0.193415661647191	2.11167159345823E-08
ENSG00000222899	AL110292.1	chr14	27429551	27429584	-0.137826777928098	2.12184418217341E-08
ENSG00000258730	ITPK1-AS1	chr14	93510855	93510895	-0.125307163710192	2.1318488123429E-08
ENSG00000254153	CTA-398F10.2	chr8	8341943	8341958	-0.121068776518174	2.13608874710685E-08
ENSG00000227893	LINC00352	chr13	24062767	24062776	-0.13026234597076	2.18296544612187E-08
ENSG00000253397	RP11-597M17.1	chr8	27765862	27765942	-0.162789715862144	2.21727567329175E-08
ENSG00000261713	SSTR5-AS1	chr16	1096680	1096939	-0.132707113098381	2.25322361107223E-08
ENSG00000168214	RBPJ	chr4	26235102	26235135	-0.159670332991962	2.25416027682426E-08
ENSG00000237879	LINC00398	chr13	31371597	31371618	-0.174232719482019	2.2718044024822E-08
ENSG00000264265	RP11-14P20.1	chr18	519165	519168	-0.147826346925453	2.272263685914744E-08
ENSG00000175619	OR4B1	chr11	48238468	48238490	-0.129451445555352	2.29969040817246E-08
ENSG00000234791	AC108448.3	chr11	3164859	3164940	-0.17824751958233	2.29984723446956E-08
ENSG00000169189	NSMCE1	chr16	27246829	27246902	-0.145092148181195	2.30532849820855E-08
ENSG00000249729	RP11-55C6.1	chr4	44829992	44830018	-0.115193086420351	2.32337587844828E-08
ENSG00000172889	EGFL7	chr9	139555042	139555157	-0.167814051413685	2.34298693925627E-08
ENSG00000151790	TD02	chr4	156787741	156787747	-0.179176149945439	2.37996234002651E-08
ENSG00000006704	GTF2IRD1	chr7	73843814	73843848	-0.133858502303782	2.40324260636543E-08
ENSG00000271118	RP11-175E9.2	chr8	23656105	23656135	-0.125384288283659	2.44885088483352E-08
ENSG00000250230	RP11-855O10.2	chr11	61357612	61357616	-0.17520310905526	2.46997555459085E-08
ENSG00000246339	EXTL3-AS1	chr8	28562787	28562824	-0.151964400354982	2.50278796413729E-08
ENSG00000267244	CTB-31O20.4	chr19	1826830	1826924	-0.126431754114623	2.52093685632272E-08
ENSG00000267455	RP11-78A19.2	chr18	11823881	11823917	-0.154716380031194	2.52110230572933E-08
ENSG00000239426	OR8F1P	chr11	124078517	124078552	-0.121605480973885	2.53498400810546E-08
ENSG00000231137	RBM22P5	chr9	78777754	78777801	-0.151346186446435	2.58173346955539E-08
ENSG00000226917	RP11-328M4.3	chr6	41470836	41470930	-0.19183133994382	2.58360227495706E-08
ENSG00000133398	MED10	chr5	6349430	6349575	-0.164020207150905	2.6608993628687E-08
ENSG00000260067	RP11-98C8.1	chr16	49056798	49056817	-0.191213901310302	2.67622051249471E-08

ENSG00000271201	AB019440.50	chr14	106660241	106660248	-0.134257516966264	2.69892778575687E-08
ENSG00000250381	UNC93B4	chr4	4148294	4148324	-0.150495855014819	2.7783936254168E-08
ENSG00000216014	AL512505.1	chr13	40171456	40171484	-0.197550862759505	2.78025913086053E-08
ENSG00000174807	CD248	chr11	66085958	66085966	-0.16678250666095	2.78931840501646E-08
ENSG00000229421	AC133141.1	chr3	25483074	25483097	-0.12523942311568	2.81130481233473E-08
ENSG00000054938	CHRD12	chr11	74408070	74408131	-0.168724481837373	2.81760159206712E-08
ENSG00000254416	RP11-347E10.1	chr11	110228024	110228063	-0.162515952122862	2.87126517069954E-08
ENSG00000228277	AC112518.3	chr4	74570525	74570539	-0.324746282469388	2.89399181491769E-08
ENSG00000259064	RP11-386M24.5	chr15	93168068	93168104	-0.143842810857805	2.89457887577439E-08
ENSG00000164749	HNF4G	chr8	76318539	76318626	-0.169306128908707	2.93382850486438E-08
ENSG00000215262	KCNU1	chr8	36662976	36662983	-0.13003143265349	3.00604605573574E-08
ENSG00000142599	RERE	chr1	8404031	8404101	-0.180577181307227	3.04422554190335E-08
ENSG00000265281	MIR3935	chr16	56279236	56279245	-0.187330114520391	3.14997568408408E-08
ENSG00000259043	BRD7P1	chr14	24218573	24218604	-0.160799279287209	3.15438381475445E-08
ENSG00000204442	FAM155A	chr13	107869769	107869814	-0.182207621515411	3.19122868632988E-08
ENSG00000207991	MIR601	chr9	126169333	126169388	-0.16566500342775	3.20725979943385E-08
ENSG00000234445	FGF14-AS1	chr13	103019936	103019977	-0.101571498813909	3.22455553900033E-08
ENSG00000197444	OGDHL	chr10	50957830	50957879	-0.124762528702544	3.36818676697543E-08
ENSG00000268473	RP11-158I3.1	chr16	86431906	86431940	-0.155948463421602	3.39166913740286E-08
ENSG00000166839	ANKDD1A	chr15	65207245	65207269	-0.180333456265611	3.42885400631776E-08
ENSG00000183801	OLFML1	chr11	7506940	7507016	-0.131412675188295	3.43203111263676E-08
ENSG00000259067	CTD-3051D23.3	chr14	105368685	105368689	-0.220926471878076	3.48960655637847E-08
ENSG00000137699	TRIM29	chr11	119993702	119993780	-0.11285192096008	3.52330276155815E-08
ENSG00000133083	DCLK1	chr13	36346376	36346426	-0.114823599821495	3.61015554554438E-08
ENSG00000134339	SAA2	chr11	18258323	18258372	-0.1221451699266	3.61115099316428E-08
ENSG00000187955	COL14A1	chr8	121132051	121132054	-0.139048076832959	3.62687464960333E-08
ENSG00000253737	KB-1460A1.3	chr8	102160417	102160467	-0.137155152693892	3.65433432382122E-08
ENSG00000174408	PPIAP24	chr13	107512132	107512194	-0.152396073766441	3.66494043033158E-08
ENSG00000140025	EFCAB11	chr14	90240124	90240130	-0.215702064354703	3.667515045114E-08
ENSG00000200898	RNU6-1243P	chr11	61690927	61690977	-0.147834246553764	3.69764151617313E-08
ENSG00000273485	RP11-225H22.7	chr10	105210857	105210889	-0.164911658352935	3.76265826371261E-08
ENSG00000230997	RAB42P1	chr14	90323691	90323701	-0.298627813665362	3.78917638765325E-08
ENSG00000269375	AL117190.3	chr14	101357687	101357697	-0.101540433403252	3.84091026594169E-08
ENSG00000254943	RP11-664I21.6	chr11	124768814	124768845	-0.112585757210888	4.02320137400234E-08
ENSG00000168994	PXDC1	chr6	3732934	3732949	-0.154267095007248	4.05052139801148E-08
ENSG00000253357	CTB-78F1.2	chr5	167219484	167219531	-0.114609397394702	4.09762095814169E-08
ENSG00000231907	GAPDHP37	chr22	41048487	41048528	-0.295939325897011	4.12786578472376E-08
ENSG00000267780	RP11-154H12.3	chr18	77555488	77555695	-0.182628162760167	4.19088230072405E-08
ENSG00000221579	AC093162.1	chr2	85531408	85531470	-0.172229490137403	4.21608813357674E-08
ENSG00000164821	DEFA4	chr8	6795267	6795282	-0.132324494051577	4.30698640582973E-08
ENSG00000227189	AC092535.3	chr4	1148394	1148524	-0.152358197569768	4.39294965221408E-08
ENSG00000213305	HNRNPCP6	chr11	84732648	84732685	-0.157363489854321	4.39490361279151E-08
ENSG00000188064	WNT7B	chr22	46330780	46330821	-0.17255733541286	4.51591582921987E-08
ENSG00000255418	RP11-266A24.1	chr11	23134518	23134523	-0.168827242328241	4.52370504871476E-08
ENSG00000162104	ADCY9	chr16	4001865	4001902	-0.154428554537283	4.59322525505448E-08
ENSG00000149716	ORAOV1	chr11	69468770	69468991	-0.13063138373985	4.60361852224942E-08
ENSG00000265089	MIR4655	chr7	1980091	1980131	-0.205120804988456	4.68745846870095E-08
ENSG00000133063	CHIT1	chr1	203192605	203192655	-0.117620972928558	4.72101359957768E-08
ENSG00000264862	RN7SL45P	chr17	29852620	29852692	-0.137892479430827	4.8083674558283E-08
ENSG00000224167	RP3-522D1.1	chr1	113392684	113392702	-0.101582727837345	4.81994768003806E-08
ENSG00000244998	CTD-3064M3.4	chr8	142394684	142394719	-0.107907498048538	4.83090622164228E-08
ENSG00000243742	RPLP0P2	chr11	61382055	61382079	-0.141504401399168	4.90753650695082E-08
ENSG00000260443	CTD-3057O21.1	chr16	87958358	87958440	-0.115542235402283	4.91530420342071E-08
ENSG00000228271	RP11-513G11.2	chr3	193983135	193983211	-0.193233219428087	4.94382223802637E-08
ENSG00000141012	GALNS	chr16	88884932	88884970	-0.107225615383973	5.15537530116003E-08
ENSG00000198286	CARD11	chr7	2943992	2944056	-0.124635249014641	5.15682729438313E-08
ENSG00000228485	GRK5-IT1	chr10	120968748	120968786	-0.130016659942265	5.1663083095494E-08
ENSG00000268669	CTB-60B18.17	chr19	49545568	49545590	-0.110582996864609	5.26861768611211E-08
ENSG00000137673	MMP7	chr11	102401427	102401438	-0.132212593103972	5.46733989076954E-08
ENSG00000189319	FAM53B	chr10	126307996	126308034	-0.106899953212548	5.53952912068021E-08
ENSG00000135835	KIAA1614	chr1	180895808	180895848	-0.188385344123761	5.56477297549746E-08
ENSG00000253729	PRKDC	chr8	48678145	48678161	-0.110621259119854	5.99090966915426E-08
ENSG00000266866	AP002761.1	chr11	73076823	73076917	-0.147687984111249	6.00479273578082E-08
LRG_172	LRG_172	chr15	77287791	77287837	-0.124635588302543	6.03239400609289E-08
ENSG00000260417	CTD-2542L18.1	chr16	85626294	85626328	-0.14470563698111	6.12446056234518E-08
ENSG00000253891	RP11-203E8.1	chr8	24062498	24062506	-0.173273477464576	6.20486960732052E-08
ENSG00000207956	MIR579	chr5	32444837	32444964	-0.101048579638502	6.40104960830532E-08
ENSG00000267099	NTF6G	chr19	49533181	49533288	-0.108026110148127	6.54048890287759E-08
ENSG00000163121	NEURL3	chr2	97164048	97164084	-0.152922912963732	6.58729937363952E-08

ENSG00000093010	COMT	chr22	19925258	19925308	-0.179921955211079	6.69732377819921E-08
ENSG00000150261	OR8K1	chr11	56113896	56113928	-0.145723077133883	6.79133123778539E-08
ENSG00000171621	SPSB1	chr1	9377977	9378016	-0.254370801003999	6.84701867803906E-08
ENSG00000234235	BOK-AS1	chr2	242484669	242484705	-0.170496036581777	7.00733513926302E-08
ENSG00000168928	CTRB2	chr16	75240525	75240603	-0.131773668106297	7.13975877472295E-08
ENSG00000162591	MEGF6	chr1	3426527	3426560	-0.105491878395277	7.140772333639E-08
ENSG00000173237	C11orf86	chr11	66724428	66724444	-0.208486535724403	7.18972205760353E-08
ENSG00000249064	KRT18P25	chr4	40022875	40022915	-0.100839033030372	7.3481233814513E-08
ENSG00000138755	CXCL9	chr4	76922939	76922955	-0.15650548610056	7.58243794456026E-08
ENSG00000196730	DAPK1	chr9	90113913	90114074	-0.172375808641311	7.77673715943572E-08
ENSG00000172031	EPHX4	chr1	92494955	92494999	-0.131463547041902	7.81325997958674E-08
ENSG00000264934	MIR4265	chr2	109787962	109787997	-0.164247258197055	7.91398496745662E-08
ENSG00000272620	AFAP1-AS1	chr4	7755201	7755223	-0.153649553135702	7.95143736582838E-08
ENSG00000169550	MUC15	chr11	26594702	26594709	-0.100682018918786	8.35275259199873E-08
ENSG00000220992	AL158151.1	chr9	131986064	131986153	-0.106943998198705	8.61232681930718E-08
ENSG00000268413	AC003043.1	chr17	42345463	42345498	-0.167652202947549	8.67858138070714E-08
ENSG00000252254	Y_RNA	chr1	8393858	8393882	-0.116015151425036	8.74474381857532E-08
ENSG00000238408	snoU13	chr13	39991890	39991901	-0.143439551281049	8.75338129456703E-08
ENSG00000264726	AL162711.1	chr13	113379709	113379770	-0.126808174830469	8.80996513093668E-08
ENSG00000227620	ALG1L8P	chr11	67542663	67542689	-0.127032259252259	8.97231431119785E-08
ENSG00000188306	LRRIQ4	chr3	169540070	169540141	-0.189323392835076	9.09288053219714E-08
ENSG00000172457	OR9G4	chr11	56512503	56512525	-0.130371955675586	9.22146145019283E-08
ENSG00000168484	SFTPC	chr8	22011737	22011824	-0.166200410791313	9.29462730782874E-08
ENSG00000267304	AC004637.1	chr19	3655768	3655860	-0.104227193551796	9.54947479710847E-08
ENSG00000172508	CARNS1	chr11	67186575	67186616	-0.184605906399238	9.62591800496738E-08
ENSG00000170604	IRF2BP1	chr19	46387793	46387808	-0.205228266790546	9.6395382364651E-08
ENSG00000243323	PTPRVP	chr1	202130336	202130377	-0.122118350906998	9.72059246654877E-08
ENSG00000257528	KRT8P19	chr12	62273150	62273186	-0.155162658491526	9.72075760849077E-08
ENSG00000254661	RP11-222N13.1	chr11	15865192	15865231	-0.160481360270553	9.75644939271765E-08
ENSG00000227959	RP11-276H7.2	chr1	16472684	16472728	-0.191627665732271	9.8027479710847E-08
ENSG00000227258	SMIM2-AS1	chr13	44707126	44707133	-0.179873191877561	1.00498741324086E-07
ENSG00000241741	RPL7AP30	chr4	113709433	113709465	-0.153780270865416	1.03314205568965E-07
ENSG00000253282	KB-1410C5.3	chr8	102300334	102300350	-0.177609917400184	1.05537291195075E-07
ENSG00000221261	MIR1208	chr8	129165400	129165455	-0.183476035043121	1.06296219308286E-07
ENSG00000174990	CA5A	chr16	87915396	87915457	-0.112474807419927	1.06651816939339E-07
ENSG00000169344	UMOD	chr16	20338792	20338808	-0.129399627060933	1.07740764285784E-07
ENSG00000166558	SLC38A8	chr16	84027936	84027967	-0.113309266272403	1.09185116261875E-07
ENSG00000251445	RP11-483A20.3	chr4	169952145	169952158	-0.208134207355788	1.10317900881084E-07
ENSG00000253866	TMEM97P2	chr8	20725437	20725452	-0.12525697036309	1.10328176840917E-07
ENSG00000230319	AL022476.2	chr22	43342988	43343009	-0.146933141236278	1.11425951757228E-07
ENSG00000174744	BRMS1	chr11	66104959	66104993	-0.111347892168557	1.121203529041256E-07
ENSG00000132297	HHLA1	chr8	133072537	133072566	-0.119094921563585	1.16778980031899E-07
ENSG00000100448	CTSG	chr14	25045607	25045625	-0.118894520141346	1.20381779249921E-07
ENSG00000249200	RP11-290O12.1	chr4	155312410	155312429	-0.108140007534417	1.21418778291067E-07
ENSG00000222190	MIR1910	chr16	85749587	85749653	-0.161560678495927	1.22265284066869E-07
ENSG00000248206	RP11-739P1.2	chr4	184907054	184907058	-0.125292251761199	1.24541625038213E-07
ENSG00000253701	AL928768.3	chr14	106170956	106170967	-0.13139472955527	1.26455535949821E-07
ENSG00000253606	AFG3L2P1	chr8	43125983	43125995	-0.111415175866134	1.26617896774747E-07
ENSG00000273287	CTA-268H5.14	chr22	45659790	45659822	-0.177407809666296	1.2662385849066E-07
ENSG00000207200	RNU6-45P	chr11	63729119	63729256	-0.153169528622201	1.32330814819791E-07
ENSG00000253164	RP11-563N12.2	chr8	20208197	20208241	-0.1338428791316	1.36521949120643E-07
ENSG00000222719	AC116038.2	chr3	38835448	38835477	-0.10058672341397	1.37896006882993E-07
ENSG00000225960	RP11-360A18.1	chr9	122734622	122734639	-0.214030424980976	1.38326184843511E-07
ENSG00000262339	RP11-1197K16.2	chr17	80944120	80944214	-0.172474700282633	1.38405108207972E-07
ENSG00000196119	OR8A1	chr11	124440111	124440132	-0.138849314507282	1.38762694920266E-07
ENSG00000249868	RP11-63E5.6	chr8	258612	258616	-0.105613640970586	1.39092953107236E-07
ENSG00000165949	IFI27	chr14	94567395	94567408	-0.135322933707457	1.42931945699753E-07
ENSG00000101194	SLC17A9	chr20	61585905	61585933	-0.256036533767138	1.43497482370621E-07
ENSG00000122043	LINC00544	chr13	30510494	30510501	-0.15082772472789	1.44012601983037E-07
ENSG00000271681	RP11-1259L22.2	chr5	177740034	177740069	-0.103136009860976	1.44019450510513E-07
ENSG00000231252	RP11-436K8.1	chr1	61087384	61087424	-0.137326097195688	1.44733816812019E-07
ENSG00000264647	RP11-68I3.7	chr17	27918270	27918422	-0.147073368343911	1.45704541115011E-07
ENSG00000220793	RPL21P119	chr16	9229746	9229776	-0.111088236913175	1.46733964788923E-07
ENSG00000236133	LINC01069	chr13	78544454	78544520	-0.128146978511912	1.50781524336518E-07
ENSG00000186510	CLCNKA	chr1	16346271	16346317	-0.110928628153209	1.50984614455681E-07
ENSG00000205577	SAMD4A	chr14	55028881	55028887	-0.135033142303092	1.5184689304828E-07
ENSG00000250115	AK3P2	chr8	144141729	144141751	-0.118866303158777	1.51967658375505E-07
ENSG00000047578	KIAA0556	chr16	27558781	27558815	-0.129838669587977	1.52865423341298E-07
ENSG00000256315	AP000462.1	chr11	115335092	115335121	-0.10395336373123	1.55618639011832E-07

ENSG00000186998	EMID1	chr22	29598874	29598958	-0.152300226154085	1.58200047442966E-07
ENSG00000184108	TRIML1	chr4	189059487	189059593	-0.107573283716861	1.58443372826623E-07
ENSG00000139832	RAB20	chr13	111210150	111210171	-0.106426083475715	1.62811965700405E-07
ENSG00000213411	RBM22P2	chr13	31102665	31102669	-0.153689372637262	1.64826420456016E-07
ENSG00000264357	MIR4648	chr7	2566925	2567052	-0.169285684002093	1.66520713843088E-07
ENSG00000096872	IFT74	chr9	26936411	26936447	-0.102429890343438	1.68227587504436E-07
ENSG00000235815	RP1-125N5.2	chr6	169238001	169238045	-0.185451278862013	1.68648524111395E-07
ENSG00000240121	RPS27P20	chr11	129486050	129486066	-0.114555920238395	1.69878248768023E-07
ENSG00000099260	PALMD	chr1	100111949	100111993	-0.102535819772676	1.70468232483093E-07
ENSG00000260989	LA16c-395F10.2	chr16	1630430	1630518	-0.196199985870836	1.72072034735932E-07
ENSG00000146666	LINC00525	chr7	47783903	47783949	-0.10509829070374	1.75369012786672E-07
ENSG00000255422	AP002954.4	chr11	118576628	118576678	-0.180028651970322	1.77992314447098E-07
ENSG00000203334	AP003027.1	chr11	108843940	108843988	-0.121327603742836	1.78744422291657E-07
ENSG00000201358	RN7SKP193	chr14	50527945	50527981	-0.112033850845262	1.82000298756532E-07
ENSG00000261231	RP11-523L20.2	chr16	47747378	47747381	-0.102122691768881	1.84175361816386E-07
ENSG00000259891	CTA-204B4.2	chr8	141490176	141490240	-0.121008231359352	1.84506169965823E-07
ENSG00000104368	PLAT	chr8	42054035	42054091	-0.152372944594671	1.85587934840171E-07
ENSG00000259038	CTD-2325P2.4	chr14	69015182	69015258	-0.255454878286226	1.93216139056174E-07
ENSG00000182557	SPNS3	chr17	4337082	4337132	-0.130216901571147	1.93505061444218E-07
ENSG00000120885	CLU	chr8	27450191	27450212	-0.159589636397522	2.00323593787198E-07
ENSG00000250673	RP11-6L6.2	chr4	147138028	147138044	-0.144704686398915	0.0000002026215988824
ENSG00000145782	ATG12	chr5	115154690	115154774	-0.232303135262941	2.05062215955151E-07
ENSG00000264530	RN7SL25P	chr9	6552027	6552115	-0.176058303512491	2.08449728158005E-07
ENSG00000160563	MED27	chr9	134818822	134818869	-0.184143037274283	2.10143817918898E-07
ENSG00000249316	CTC-493P15.2	chr8	11138585	11138594	-0.131904035305697	2.10933276965157E-07
ENSG00000251148	RP11-478C1.7	chr4	2302446	2302622	-0.11414028587191	2.12405672912567E-07
ENSG00000197162	ZNF785	chr16	30584516	30584548	-0.125426367139426	2.12410308852546E-07
ENSG00000230300	STARD13-IT1	chr13	33780078	33780093	-0.141070478109301	2.15902280356741E-07
ENSG00000248669	RP11-489M13.2	chr4	4105806	4105834	-0.104304664780652	2.19628120860157E-07
ENSG00000075239	ACAT1	chr11	107986382	107986390	-0.164559043213656	2.19870139805087E-07
ENSG00000102796	DHRS12	chr13	52360181	52360305	-0.15105629145103	2.20905832612512E-07
ENSG00000267448	AC010649.1	chr19	3290345	3290385	-0.18480587143395	2.21515366530377E-07
ENSG00000186166	CCDC84	chr11	118869816	118869818	-0.106313199048527	2.24097956324095E-07
ENSG00000227564	LINC00376	chr13	63881161	63881188	-0.102639407745829	2.38737132615767E-07
ENSG00000223989	RP11-84A14.5	chr1	9935536	9935562	-0.111901401068992	2.39359861036152E-07
ENSG00000255161	RP11-646J21.7	chr11	33809211	33809249	-0.160515764997576	2.4330828583569E-07
ENSG00000218351	RPS3AP23	chr6	141883484	141883511	-0.111782542296093	2.44781594778587E-07
ENSG00000196796	CTB-134H23.2	chr16	29040679	29040727	-0.125089101399071	2.44888302966754E-07
ENSG00000251364	CTD-2516F10.2	chr11	7436013	7436032	-0.184883075241004	2.46428166711869E-07
ENSG00000215372	ZNF705G	chr8	7214119	7214153	-0.130796005312827	2.46630972696346E-07
ENSG00000229167	RP11-73M7.1	chr1	32014363	32014407	-0.10290190686603	2.5182974402175E-07
ENSG00000268388	FENDRR	chr16	86524519	86524562	-0.118698026343375	2.52827042161463E-07
ENSG00000176715	ACSF3	chr16	89152340	89152420	-0.109530849821841	2.52901471304617E-07
ENSG00000250413	RP11-448G15.1	chr4	10034613	10034623	-0.167494660583978	2.54835359784385E-07
ENSG00000167994	RAB3IL1	chr11	61681558	61681585	-0.150202907894338	2.5784851178611E-07
ENSG00000211897	IGHG3	chr14	106240613	106240642	-0.183160294586039	2.58811748288767E-07
ENSG00000219669	RP1-20N4.1	chr6	71760957	71760986	-0.108355628000963	2.61188703791088E-07
ENSG00000154319	FAM167A	chr8	11279236	11279250	-0.139137368081893	2.61760241292992E-07
ENSG00000064042	LIMCH1	chr4	41365295	41365327	-0.149618764539164	2.61783815383956E-07
ENSG00000227040	RP11-533F5.2	chr4	57624064	57624089	-0.161169144354229	2.62010138214676E-07
ENSG00000205030	OR5L2	chr11	55595115	55595152	-0.124666476567432	2.68644816635317E-07
ENSG00000197272	IL27	chr16	28519647	28519652	-0.158708214912873	2.69914405774819E-07
ENSG00000270160	RP11-264E20.2	chr11	128481058	128481144	-0.117238161726823	2.69936655254581E-07
ENSG00000106992	AK1	chr9	130616941	130617057	-0.13303904286464	2.77965356932141E-07
ENSG00000109618	SEPSECS	chr4	25067287	25067306	-0.188783303785207	2.78811005921868E-07
ENSG00000164050	PLXNB1	chr3	48443867	48443911	-0.207820081869848	2.83293242225572E-07
ENSG00000212054	AL354764.1	chr13	61047882	61048030	-0.215745171564565	2.9084447548696E-07
ENSG00000255506	RP11-203F8.1	chr11	92498655	92498687	-0.183651108657945	2.92469663459638E-07
ENSG00000266995	RP11-703116.3	chr18	12041672	12041693	-0.203472836899248	2.92694319003543E-07
ENSG00000272774	RP11-433A10.3	chr3	72227212	72227260	-0.128056383071057	3.01688676016281E-07
ENSG00000134780	DAGLA	chr11	61443988	61444011	-0.100980398147218	3.04942051108226E-07
ENSG00000146966	DENND2A	chr7	140227168	140227210	-0.18650252387246	3.0551709806039E-07
ENSG00000228521	AC099552.3	chr7	154996989	154997031	-0.169109738436574	3.05559156598482E-07
ENSG00000257058	RP11-864I4.4	chr11	62315320	62315368	-0.1251675766789	3.05904637499466E-07
ENSG00000255458	RP11-539G18.2	chr4	39641752	39641778	-0.222099048609235	3.07196941510915E-07
ENSG00000228295	LINC00392	chr13	74184544	74184580	-0.105417920770022	3.1095032075232E-07
ENSG00000259482	RP11-219B17.2	chr15	60993837	60993874	-0.144148261623639	3.14959993978113E-07
ENSG00000248764	RP11-292D4.2	chr4	147794256	147794298	-0.144727261232898	3.21644123525794E-07
ENSG00000267752	RPS10P27	chr18	21244885	21244910	-0.262744490703421	3.24873017638778E-07

ENSG00000244669	RP11-158O16.1	chr4	65590522	65590565	-0.104944458464278	3.26059025682275E-07
ENSG00000266611	MIR4703	chr13	52098689	52098719	-0.179919240250282	3.27374739385108E-07
ENSG00000230580	AC021016.7	chr2	219220049	219220097	-0.131153733936018	3.32475358660747E-07
ENSG00000185332	TMEM105	chr17	79304594	79304628	-0.147749771253134	3.33350335298425E-07
ENSG00000073067	CYP2W1	chr7	1026268	1026412	-0.141612896077101	3.34464296310947E-07
ENSG00000250180	RP11-138A23.2	chr4	160347544	160347583	-0.126701723353175	3.34918884901314E-07
ENSG00000155926	SLA	chr8	134124191	134124199	-0.152670935695986	3.35142200048989E-07
ENSG00000175262	C1orf127	chr1	11019393	11019422	-0.102553998849869	3.35352826662038E-07
ENSG00000254407	RP11-109E10.2	chr11	123222531	123222566	-0.105331071729895	3.35496196749748E-07
ENSG00000129538	RNASE1	chr14	21270575	21270617	-0.101614462143309	3.36346822044323E-07
ENSG00000156011	PSD3	chr8	18396477	18396502	-0.143743181210542	3.37417982406475E-07
ENSG00000231856	RP11-327P2.5	chr13	52360400	52360434	-0.150152731922447	3.38988495960037E-07
ENSG00000253735	RP11-115J16.3	chr8	9182252	9182308	-0.137133275646779	3.41514174880217E-07
ENSG00000265869	RP11-76K13.2	chr18	7026402	7026448	-0.139155391356091	3.42377204320962E-07
ENSG00000254606	RP11-22P4.2	chr11	28581171	28581187	-0.151895875918312	3.47374069473371E-07
ENSG00000255775	RP3-454B23.1	chr12	6251369	6251461	-0.104841218922052	3.50110820799157E-07
ENSG00000188162	OTOG	chr11	17623131	17623146	-0.179289251312364	3.61509497940709E-07
ENSG00000260362	RP11-297M9.1	chr16	9774191	9774253	-0.106543117867933	3.6193823647153E-07
ENSG00000260090	RP11-292D4.3	chr4	147925247	147925275	-0.128668596161833	3.66111173034688E-07
ENSG00000232643	LINC00385	chr13	30733352	30733388	-0.113522080385745	3.66401105075328E-07
ENSG00000266453	RN7SL142P	chr7	157093330	157093516	-0.103782308729115	3.73384896017751E-07
ENSG00000253248	RP11-149P24.1	chr8	137259955	137259981	-0.120219655954809	3.86718670146303E-07
ENSG00000215991	MIR208B	chr14	23891462	23891485	-0.107058376541801	3.91385784226552E-07
ENSG00000104221	BRF2	chr8	37689070	37689094	-0.112730518432181	3.97038223056511E-07
ENSG00000222009	BTBD19	chr1	45274170	45274221	-0.109829022571351	3.99944691142336E-07
ENSG00000200283	Y_RNA	chr2	29204103	29204142	-0.135351952629906	4.00271304037995E-07
ENSG00000230371	KARSP2	chr13	113793439	113793462	-0.132802412303498	4.01992094944836E-07
ENSG00000261693	RP13-467H17.1	chr8	143491628	143491667	-0.140511889944943	4.18491842007726E-07
ENSG00000202252	SNORD14C	chr11	122935120	122935122	-0.16647103934504	4.35469703681442E-07
ENSG00000172543	CTSW	chr11	65646612	65646668	-0.10030536200383	4.36859657981054E-07
ENSG00000236794	BCRP8	chr22	23523781	23523962	-0.135171581636965	4.37678660083247E-07
ENSG00000223202	RN7SKP297	chr11	74384518	74384530	-0.107857083753248	4.45541641082989E-07
ENSG00000256655	TMEM75	chr8	128938601	128938630	-0.124494261050954	4.49984299826001E-07
ENSG00000136295	TTYH3	chr7	2654530	2654641	-0.164356738157702	4.53313814023925E-07
ENSG00000260682	7SK	chr16	81908322	81908364	-0.101648761813346	4.56418833440266E-07
ENSG00000207574	MIR661	chr8	145020381	145020465	-0.111427250410495	4.62977633195707E-07
ENSG00000259037	RP11-614O9.1	chr14	105053626	105053683	-0.10358890188903	4.65636147004255E-07
ENSG00000138670	RASGEF1B	chr4	82342385	82342389	-0.196441539118444	4.70393966155483E-07
ENSG00000249304	RP11-26P13.2	chr4	114899961	114900050	-0.12092478615789	4.7644328917732E-07
ENSG0000011114	BTBD7	chr14	93706490	93706672	-0.156760935003433	4.80390614594548E-07
ENSG00000130005	GAMT	chr19	1399178	1399238	-0.157266808951467	5.13924623926636E-07
ENSG00000147799	ARHGAP39	chr8	145759815	145759842	-0.134428037297992	5.14353839590575E-07
ENSG00000197745	SCGB1D4	chr11	62063705	62063717	-0.184252388619913	5.14891100901901E-07
ENSG00000130294	KIF1A	chr2	241666245	241666295	-0.122694308125247	5.22351256825538E-07
ENSG00000154146	NRGN	chr11	124592289	124592296	-0.179733756969032	5.23039866964955E-07
ENSG00000167984	NLRC3	chr16	3577616	3577649	-0.169025662116017	5.29877508114936E-07
ENSG00000227875	RP11-426M1.2	chr1	12167141	12167179	-0.135785982666588	5.54213016136334E-07
ENSG00000204584	RP11-304F15.3	chr17	47931149	47931193	-0.111169059111181	5.5571928400336E-07
ENSG00000106701	FSD1L	chr9	108214040	108214055	-0.158599490237893	5.61848016061396E-07
ENSG00000231927	AC102953.6	chr7	1552965	1552985	-0.12266151068976	5.79724704198335E-07
ENSG00000267337	CTC-782O7.1	chr18	41902071	41902100	-0.14804352470169	5.79806200026288E-07
ENSG00000130413	STK33	chr11	8337330	8337531	-0.134907616169818	5.86315486454507E-07
ENSG00000230851	AP006294.2	chr11	3609977	3610117	-0.106744091632947	5.92364781832176E-07
ENSG00000225823	RPL7P45	chr13	105686193	105686210	-0.118039389214296	5.98243163878158E-07
ENSG00000236834	LINC00421	chr13	19921076	19921110	-0.103436309023266	6.07961011663004E-07
ENSG00000255092	RP11-58K22.4	chr11	44629360	44629374	-0.106408395971611	6.18597031969189E-07
ENSG00000157613	CREB3L1	chr11	46313097	46313141	-0.136440557399306	6.21054765731283E-07
ENSG00000171067	C11orf24	chr11	68037157	68037193	-0.128956164607593	6.35787073544505E-07
ENSG00000165478	HEPACAM	chr11	124788965	124789005	-0.169886319686827	6.58676231223801E-07
ENSG00000264236	RP11-861L17.2	chr18	66694242	66694251	-0.156198086177077	6.80720896271743E-07
ENSG00000137507	LRRC32	chr11	76376038	76376064	-0.157552721956963	6.90118624334669E-07
ENSG00000254269	CTD-2281E23.2	chr8	1076879	1076920	-0.142518372033159	6.91588766569048E-07
ENSG00000255397	AC022182.2	chr8	61863623	61863697	-0.154420635139974	6.96609565640026E-07
ENSG00000255856	RP11-87C12.5	chr12	122442301	122442379	-0.148259916479672	6.98245588408421E-07
ENSG00000099625	C19orf26	chr19	1227066	1227094	-0.120587453932927	7.0647861683126E-07
ENSG00000226722	LINC00424	chr13	22447059	22447106	-0.131152320789194	7.07629844451765E-07
ENSG00000249998	RP11-141E13.1	chr4	16773677	16773727	-0.113299979654182	7.22148743202893E-07
ENSG00000177570	SAMD12	chr8	119208364	119208386	-0.135701507624214	7.28034240470743E-07
ENSG00000237119	LINC01056	chr20	61691677	61691714	-0.119934782082424	7.29760118194039E-07

ENSG00000180803	RP11-467D10.2	chr13	26345399	26345424	-0.13622264173293	7.45183265372379E-07
ENSG00000254864	CTD-2516F10.4	chr11	7633619	7633651	-0.188736490894574	7.67713835667407E-07
ENSG00000175356	SCUBE2	chr11	9042489	9042506	-0.119642535057186	8.20992504209787E-07
ENSG00000132938	MTUS2	chr13	29598006	29598047	-0.17571824959489	8.2594662776233E-07
ENSG00000132286	TIMM10B	chr11	6501850	6501879	-0.124527414745943	8.35581273072992E-07
ENSG00000169436	COL22A1	chr8	139594890	139594910	-0.183550109363063	8.52363479073903E-07
ENSG00000185940	KRTAP5-5	chr11	1665207	1665323	-0.116604460769402	8.69301884292985E-07
ENSG00000272349	RP11-397O8.7	chr13	102359175	102359177	-0.212753888179085	8.77477703735465E-07
ENSG00000213995	CARKD	chr13	111228004	111228016	-0.160594222686663	8.77975654783899E-07
ENSG00000211845	TRAJ44	chr14	22963867	22963884	-0.195585673772126	9.17537031784498E-07
ENSG00000149968	MMP3	chr11	102706722	102706747	-0.105790526230351	9.27261520007931E-07
ENSG00000130997	POLN	chr4	2073751	2073761	-0.126274294766216	9.49285769578056E-07
ENSG00000223817	CDH23-AS1	chr10	73225741	73225789	-0.145411054415889	9.75661385287606E-07
ENSG00000260340	RP11-254F19.3	chr16	84975575	84975622	-0.102306413262594	1.02102493322814E-06
ENSG00000103150	MLYCD	chr16	83892830	83892880	-0.135062085807905	1.03724392558358E-06
ENSG00000196636	ACN9	chr7	96745672	96745696	-0.118716019978585	1.03855856260158E-06
ENSG00000255874	LINC00346	chr13	111505879	111505999	-0.100435636712997	1.03940239876133E-06
ENSG00000246792	RP11-68L18.1	chr8	91683243	91683254	-0.207935603403243	1.04190817994429E-06
ENSG00000250986	AC141928.1	chr4	3752308	3752385	-0.130266230767975	0.0000010563601019747
ENSG00000124788	ATXN1	chr6	16320609	16320648	-0.134525138533395	1.06128382446196E-06
ENSG00000166736	HTR3A	chr11	113846879	113846978	-0.113734855977958	1.06198624066977E-06
ENSG00000184602	SNN	chr16	11759359	11759369	-0.148115645280215	1.08485373624462E-06
ENSG00000011347	SYT7	chr11	61280916	61280935	-0.132770335338425	1.09316651780877E-06
ENSG00000153446	C16orf89	chr16	5094222	5094271	-0.102487012112004	1.10822254875473E-06
ENSG00000115468	EFHD1	chr2	233476215	233476258	-0.137006178311665	1.13070089354732E-06
ENSG00000110063	DCPS	chr11	126177731	126177744	-0.170216502727435	1.13329218434866E-06
ENSG00000262995	CTD-2194A8.2	chr16	20451694	20451726	-0.100570978131323	1.16624221927252E-06
ENSG00000239163	AC007056.1	chr14	78869931	78869963	-0.112324946005688	1.16782104794323E-06
ENSG00000171298	GAA	chr17	78060108	78060148	-0.174438752061378	1.18304939660845E-06
ENSG00000224818	RP11-134G8.8	chr1	201431557	201431601	-0.122409159271531	1.19813513094418E-06
ENSG00000242079	RN7SL318P	chr8	5016604	5016630	-0.114378864954597	1.21976177058655E-06
ENSG00000237353	PATE4	chr11	125706998	125707018	-0.211553334816499	1.24716910116931E-06
ENSG00000236709	DAPK1-IT1	chr9	90195867	90195885	-0.178861249283791	1.24732230362963E-06
ENSG00000258584	FAM181A-AS1	chr14	94306819	94306831	-0.175612559144545	1.26019081166978E-06
ENSG00000128805	ARHGAP22	chr10	49652956	49652979	-0.101429670276904	1.26153577929399E-06
ENSG00000099985	OSM	chr22	30662799	30662813	-0.104274360075024	1.26195886400032E-06
ENSG00000229609	LINC01079	chr13	27957820	27957872	-0.136150428567399	1.36925971342125E-06
ENSG00000072274	TFRC	chr3	195749125	195749153	-0.165889220128165	1.37577426648848E-06
ENSG00000065802	ASB1	chr2	239330171	239330237	-0.111167306615007	1.37577853348648E-06
ENSG00000197712	FAM114A1	chr4	38859770	38859820	-0.117159237273837	1.40143177662298E-06
ENSG00000185989	RASA3	chr13	114770014	114770232	-0.118545686863414	1.44699419746166E-06
ENSG00000240853	RN7SL328P	chr9	134609025	134609146	-0.135310957050133	1.45624042327959E-06
ENSG00000239079	snoU13	chr11	122562201	122562248	-0.123700239465256	1.48541040730953E-06
ENSG00000256972	AP000462.3	chr11	115138703	115138751	-0.125900285953133	1.49056986634886E-06
ENSG00000223991	AC104809.2	chr2	241922164	241922205	-0.111922913074776	1.53029577716096E-06
ENSG00000255369	RP11-740D6.3	chr11	128749997	128750088	-0.131815945375276	1.53587115380587E-06
ENSG00000160209	PDXK	chr21	45148458	45148681	-0.193126581314653	0.0000015559078881968
ENSG00000187980	PLA2G2C	chr1	20492739	20492769	-0.165747914337071	1.58052132234654E-06
ENSG00000074370	ATP2A3	chr17	3814777	3814826	-0.196492091689114	1.59000828547699E-06
ENSG00000173638	SLC19A1	chr21	46909187	46909202	-0.133278921443378	1.59553913592729E-06
ENSG00000147364	FBXO25	chr8	354507	354520	-0.175062641199731	1.60648098760973E-06
ENSG00000166471	TMEM41B	chr11	9289922	9289945	-0.12297372615587	1.63425413088605E-06
ENSG00000136840	ST6GALNAC4	chr9	130667120	130667140	-0.201219951232716	1.63570729124044E-06
ENSG00000200980	Y_RNA	chr16	4993543	4993571	-0.175115828553653	1.63747808254581E-06
ENSG00000205682	RP11-798L4.1	chr4	62253214	62253220	-0.207850279282226	1.65899739301863E-06
ENSG00000248332	RP11-236J17.5	chr11	8081447	8081516	-0.106273397625293	1.66326274637445E-06
ENSG00000106018	VIPR2	chr7	158819210	158819278	-0.111399669036007	1.69099104422435E-06
ENSG00000232211	RP11-395D3.1	chr9	89259694	89259722	-0.13607919612184	0.00000173510115128
ENSG00000237436	RP11-312B8.1	chr1	6831583	6831628	-0.145530853592567	1.74248264998078E-06
ENSG00000252327	RNU6-1302P	chr11	47470539	47470562	-0.127659077881424	1.74796569525124E-06
ENSG00000139921	TMX1	chr14	51643683	51643693	-0.16366802718981	1.77108266168837E-06
ENSG00000134827	TCN1	chr11	59634191	59634218	-0.159478626731437	1.80546470773291E-06
ENSG00000167244	IGF2	chr11	2118330	2118470	-0.105230103763361	1.81743081799762E-06
ENSG00000233083	FTH1P6	chr2	52841352	52841387	-0.113570250801074	1.83732394465078E-06
ENSG00000249145	RP11-774O3.2	chr4	8317924	8317932	-0.160439207185963	1.95035981840525E-06
ENSG00000185669	SNAI3	chr16	88748637	88748697	-0.112246784106853	1.95698268194925E-06
ENSG00000198732	SMOC1	chr14	70316848	70317239	-0.17760277412228	2.00384597692176E-06
ENSG00000259084	RP11-1070N10.6	chr14	96132966	96133016	-0.202708208116246	2.02070115873684E-06
ENSG00000174171	RP11-23P13.6	chr15	42185544	42185575	-0.124307085986569	2.04121312110876E-06

ENSG0000015413	DPEP1	chr16	89668870	89668905	-0.142584550718352	0.0000020508812458908
ENSG00000263973	MIR4760	chr21	41515440	41515500	-0.100411523292058	2.05367543500407E-06
ENSG00000125388	GRK4	chr4	2963261	2963358	-0.113897601165078	2.09668062897568E-06
ENSG00000136807	CDK9	chr9	130541215	130541237	-0.109239136187697	2.11473272005497E-06
ENSG00000222895	RNU6-1133P	chr6	31039291	31039319	-0.102452808980244	0.0000021330240136952
ENSG00000212061	AC016543.1	chr14	76816594	76816626	-0.128308100286815	2.18668850711199E-06
ENSG00000155875	FAM154A	chr9	18910001	18910003	-0.116416978071123	0.0000021868867130918
ENSG00000213954	RP11-280O24.1	chr9	14062929	14062931	-0.128455480102784	2.22425195026392E-06
ENSG00000272235	RP11-22L13.1	chr1	3265719	3265769	-0.138792930403353	2.23917764354001E-06
ENSG00000252496	RNA5SP33	chr13	79968132	79968206	-0.145354141016388	2.25909599585855E-06
ENSG00000181610	MRPS23	chr17	55901075	55901119	-0.140008665752729	2.26050214318344E-06
ENSG00000110047	EHD1	chr11	64618782	64618786	-0.187494687945906	2.30143664366162E-06
ENSG00000259303	IGHV2OR16-5	chr16	32859205	32859232	-0.129140840932674	2.30822340866629E-06
ENSG00000222651	MIR1469	chr15	96884877	96884963	-0.128160002768859	2.33916428275448E-06
ENSG00000229043	AC091729.9	chr7	1196313	1196352	-0.165471581108295	2.34001435367779E-06
ENSG00000223134	AL122015.1	chr11	33394325	33394346	-0.135438748648814	2.42053770842047E-06
ENSG00000205560	CPT1B	chr22	50999915	50999985	-0.134358470918211	2.42544241776861E-06
ENSG00000267563	CTC-503J8.4	chr19	6274289	6274320	-0.260383802242398	2.44387252695363E-06
ENSG00000117215	PLA2G2D	chr1	20396853	20396874	-0.105252968878364	2.52514996086543E-06
ENSG00000238666	snoU13	chr11	85773015	85773021	-0.130380557879163	2.57068990960742E-06
ENSG00000233085	XXyac-YX65C7_A.3	chr6	169689751	169689799	-0.119919608720642	0.0000026057912879622
ENSG00000255394	C8orf49	chr8	11619819	11619905	-0.162788738404652	0.0000026484764137645
ENSG00000259289	RP11-798K3.3	chr15	67228675	67228792	-0.100182403017944	2.65079675256573E-06
ENSG00000211882	TRAJ7	chr14	23005996	23006029	-0.138875622635312	2.65976134376345E-06
ENSG00000221473	AL138710.1	chr13	108261619	108261622	-0.142914055093018	2.76557771948083E-06
ENSG00000110315	RNF141	chr11	10531779	10531782	-0.160628873225691	2.79594552721032E-06
ENSG00000260671	RP11-278A23.2	chr16	87756961	87757110	-0.143170180080626	2.87335391721101E-06
ENSG00000236024	RP11-483H20.6	chr9	132472437	132472473	-0.138546375736277	2.89182523042596E-06
ENSG0000023416	RP11-48D4.2	chr8	77712239	77712293	-0.101027405087827	2.90282016289881E-06
ENSG00000263445	MIR4450	chr4	77491762	77491774	-0.193985058079879	2.92588501890316E-06
ENSG00000256298	RP11-474D1.1	chr12	130529394	130529441	-0.128565727136528	2.93578943628077E-06
ENSG00000175393	OR10A6	chr11	7949287	7949293	-0.113859079528513	2.98252389824265E-06
ENSG00000067082	KLF6	chr10	3824115	3824160	-0.1423224733638113	2.98870181121027E-06
ENSG00000145979	TBC1D7	chr6	13274146	13274180	-0.178564431482257	3.11863023347423E-06
ENSG00000261193	RP11-863P13.5	chr16	88048277	88048341	-0.136926718550591	3.17680282199561E-06
ENSG00000197471	SPN	chr16	29674031	29674073	-0.114014826642182	3.23101185843909E-06
ENSG00000134802	SLC43A3	chr11	57192357	57192432	-0.111105560033549	3.26613603545954E-06
ENSG00000227279	AC015933.2	chr18	25570145	25570188	-0.113090402726327	3.36569314538223E-06
ENSG00000256568	RP11-800A3.3	chr11	72897009	72897066	-0.10509673767469	3.39782695102284E-06
ENSG00000130508	PXDN	chr2	1658190	1658272	-0.221663368499273	3.43841975030068E-06
ENSG00000261490	RP11-448G15.3	chr4	10042974	10042978	-0.126951813021358	3.44878816859037E-06
ENSG00000258996	CTD-2315A10.1	chr14	59650878	59650919	-0.11562625902664	3.56090170928435E-06
ENSG00000125122	LRRC29	chr16	67241274	67241345	-0.183981480138386	0.0000035664482916728
ENSG00000147437	GNRH1	chr8	25166304	25166362	-0.214922764136346	3.64214003578228E-06
ENSG00000224104	AC079809.2	chr7	152841509	152841560	-0.118737019872802	0.0000036498083390251
ENSG00000253162	RP11-279L11.1	chr8	3253958	3254000	-0.139202208074029	3.67819186850964E-06
ENSG00000220990	AL450423.1	chr13	54082088	54082123	-0.140789018298611	3.76299409432367E-06
ENSG00000154188	ANGPT1	chr8	108263868	108263875	-0.10665691495979	3.77760573730816E-06
ENSG00000225417	RP5-1178H5.2	chr20	20180469	20180577	-0.109577390314047	3.79770418781953E-06
ENSG00000167658	EEF2	chr19	3970059	3970108	-0.121761791265132	3.84710906462804E-06
ENSG00000263615	MIR4306	chr13	100308186	100308226	-0.118561332457945	3.85103263553821E-06
ENSG00000085117	CD82	chr11	44590783	44590826	-0.121448702971425	3.88908404609893E-06
ENSG00000254142	RP11-53M11.3	chr8	55467159	55467240	-0.134749963715617	3.94539976742261E-06
ENSG00000135241	PNPLA8	chr7	108101273	108101290	-0.173637077075813	3.95269376550695E-06
ENSG00000200756	RNU6-236P	chr5	139090058	139090140	-0.114094384593233	3.97750585240173E-06
ENSG00000258513	RP5-892G5.2	chr14	74681110	74681114	-0.111449258569393	4.00947474173497E-06
ENSG00000154102	C16orf74	chr16	85731172	85731289	-0.10102931801154	4.05260414425878E-06
ENSG00000248848	PPBPP2	chr4	74921023	74921052	-0.110509933253576	4.06423675479057E-06
ENSG00000214770	RP11-544I20.2	chr14	64764267	64764283	-0.101888266408899	4.10847904061312E-06
ENSG00000224812	TMEM72-AS1	chr10	45324896	45324930	-0.115350348957178	4.17777012871617E-06
ENSG00000254607	RP11-115C10.1	chr11	126572448	126572475	-0.163913724222853	4.20991386451268E-06
ENSG00000141441	GAREM	chr18	29719659	29719946	-0.206392054575917	0.0000042128858744445
ENSG00000253855	AC133633.1	chr8	2383514	2383532	-0.105935170470479	4.28635164763813E-06
ENSG00000177103	DSCAML1	chr11	117355246	117355292	-0.123315915969318	4.31256683151409E-06
ENSG00000259914	RP11-298D21.2	chr16	83786564	83786579	-0.103469729025712	4.32741174330884E-06
ENSG00000233970	AC092159.3	chr2	691012	691055	-0.12376059234898	4.33441951299714E-06
ENSG00000100599	RIN3	chr14	92927724	92927763	-0.163231146788425	0.0000043518860824157
ENSG00000165059	PRKACG	chr9	71589469	71589495	-0.145941809595584	4.37463766913809E-06
ENSG00000006534	ALDH3B1	chr11	67776387	67776504	-0.102519694588234	4.39316943465331E-06

ENSG00000204301	NOTCH4	chr6	32191185	32191226	-0.114511831588571	4.40386378048524E-06
ENSG00000133627	ACTR3B	chr7	152524685	152524814	-0.118996513755485	4.44265595971994E-06
ENSG00000230835	AP001187.11	chr11	64642105	64642161	-0.122843514465279	0.0000045072825434048
ENSG00000231980	AC011899.10	chr7	157794494	157794537	-0.156994273192603	0.0000046705858168079
ENSG00000253502	ATP6V1G1P2	chr8	48105612	48105637	-0.124347266420825	4.81471909213942E-06
ENSG00000249201	CTD-3080P12.3	chr5	1140086	1140127	-0.102004206645923	4.82431032119225E-06
ENSG00000132321	IQCA1	chr2	237245421	237245496	-0.121850616657664	5.01898503539435E-06
ENSG00000184451	CCR10	chr17	40825968	40825995	-0.158611929950733	5.02352181529377E-06
ENSG00000272923	RP11-391L3.1	chr16	81439425	81439513	-0.192098627837046	0.0000050706287590072
ENSG00000247270	AC132186.1	chr16	66519337	66519361	-0.115625387215306	5.17861953312642E-06
ENSG00000255840	AC022555.1	chr8	61326412	61326429	-0.126386953559983	5.20636567237546E-06
ENSG00000248546	ANP32C	chr4	165172551	165172597	-0.14559633093016	5.25214753317731E-06
ENSG00000250725	RP11-511B7.1	chr4	166533678	166533691	-0.120751714174885	5.35198167635608E-06
ENSG00000133561	GIMAP6	chr7	150329291	150329321	-0.162821628798623	5.43833039880515E-06
ENSG00000214878	RPL5P31	chr13	51724578	51724624	-0.127103311067328	5.44696159606421E-06
ENSG00000081248	CACNA1S	chr1	201032659	201032684	-0.142464704154591	5.46762232097586E-06
ENSG00000265121	RP11-285E9.5	chr17	75260865	75260903	-0.10948386031177	5.46814478058603E-06
ENSG00000119535	CSF3R	chr1	36948074	36948112	-0.100553697108969	5.55804641354818E-06
LRG_294	LRG_294	chr16	85936011	85936049	-0.103295782568025	5.59309885760157E-06
ENSG00000252556	RNU6-256P	chr11	121612960	121613067	-0.119574754483421	5.76427836757931E-06
ENSG00000110031	LPXN	chr11	58291781	58291816	-0.101686256765937	5.82360331037042E-06
ENSG00000263902	RN7SL437P	chr17	55484558	55484621	-0.141608468866216	5.87702523464494E-06
ENSG00000250393	RP11-480G3.1	chr4	10149762	10149792	-0.107927047530867	5.91858382208424E-06
ENSG00000248484	RP11-375B1.1	chr5	176125380	176125405	-0.241440017841888	5.94445677874044E-06
ENSG00000272945	CTD-3216D2.5	chr20	32886297	32886340	-0.117549459159577	5.99844202909691E-06
ENSG00000255143	RP11-805J14.3	chr11	69988477	69988557	-0.154501477799343	0.0000060581354910147
ENSG00000028277	POU2F2	chr19	42592943	42592983	-0.122105909201747	6.27998158901285E-06
ENSG00000139926	FRMD6	chr14	51954892	51954913	-0.166433582096864	6.28285225277399E-06
ENSG00000254255	CTD-2008O4.1	chr8	132752206	132752232	-0.114383275937345	6.33379438983527E-06
ENSG00000233947	RP11-336N8.2	chr9	80793807	80793889	-0.115167806615548	6.35056591949638E-06
ENSG00000162402	USP24	chr1	55530227	55530254	-0.107052802430113	6.49395782385922E-06
ENSG00000266857	AF186996.2	chr3	125413698	125413739	-0.122290925994469	6.50850731221376E-06
ENSG00000261827	RP11-340F14.5	chr12	121622447	121622486	-0.113099975771659	6.50899198966884E-06
ENSG00000264985	RP11-449L23.2	chr17	71489480	71489530	-0.184870000110052	6.50926479814229E-06
ENSG00000182459	TEX19	chr17	80300333	80300353	-0.103993328603071	6.51259022693672E-06
ENSG00000137714	FDX1	chr11	110297176	110297214	-0.155393728304735	0.0000066593487323557
ENSG00000254989	RP11-469N6.3	chr11	134537671	134537680	-0.116608676149183	6.71296737208335E-06
ENSG00000254550	OMP	chr11	76818702	76818773	-0.111479274744928	0.0000068086439721986
ENSG00000262008	RP11-510M2.8	chr16	71477052	71477068	-0.137593779889859	6.90514061910251E-06
ENSG00000254896	OPCML-IT1	chr11	133208413	133208438	-0.130316731989296	6.95071007543598E-06
ENSG00000263574	CTD-2532D12.4	chr17	71739315	71739404	-0.227205691845513	6.987411925347994E-06
ENSG00000235902	RP11-626E13.1	chr4	186558596	186558617	-0.141137769223645	7.06161029844025E-06
ENSG00000171044	XKR6	chr8	10771301	10771351	-0.107872929985279	7.10613709129887E-06
ENSG00000162430	SEPN1	chr1	26070166	26070200	-0.178319499603913	7.12764195528509E-06
ENSG00000214063	TSPAN4	chr11	841456	841540	-0.122794945907024	7.31606602456631E-06
ENSG00000255253	RP11-303G3.9	chr8	12513057	12513077	-0.125133641452494	0.0000073429178181608
ENSG00000239437	RN7SL752P	chr3	129312864	129312959	-0.140129427552045	7.41456781692042E-06
ENSG00000255016	RP11-481A20.8	chr8	11876646	11876655	-0.14120315162927	0.0000074394819577523
ENSG00000130653	PNPLA7	chr9	140372956	140372990	-0.126440244285159	7.51672628584892E-06
ENSG00000265667	AP003550.1	chr8	104117866	104117895	-0.111038306046976	7.57583006097973E-06
ENSG00000251523	RP11-724M22.1	chr4	99430625	99430634	-0.116035188245285	7.69745715444698E-06
ENSG00000087266	SH3BP2	chr4	2813311	2813350	-0.127552986489124	7.76257503655586E-06
ENSG00000233754	AP001628.7	chr21	44181284	44181307	-0.19262295033064	7.82021127605253E-06
ENSG00000269782	MIR1470	chr19	15547835	15547890	-0.101544560856213	7.88917420560766E-06
ENSG00000254230	RP11-582J16.3	chr8	22414555	22414570	-0.137297120043016	8.11562807819774E-06
ENSG00000228008	CTD-2330K9.3	chr3	49940489	49940534	-0.166566843404591	8.12155845388611E-06
ENSG00000253123	RP11-527N22.1	chr8	37186030	37186114	-0.168377151019748	8.35753365794757E-06
ENSG00000100650	SRSF5	chr14	70178737	70178826	-0.116374822069096	8.41708688614009E-06
ENSG00000253802	CTA-392C11.1	chr8	40180953	40180998	-0.173807540309141	8.57893361867006E-06
ENSG00000156886	ITGAD	chr16	31405148	31405226	-0.164859037628351	0.0000085935829002557
ENSG00000250546	RP11-8L2.1	chr4	84772730	84772826	-0.134553968677997	8.61876760220959E-06
ENSG00000168418	KCNG4	chr16	84268627	84268704	-0.112432744632235	8.62435010688324E-06
ENSG00000132965	ALOX5AP	chr13	31326405	31326440	-0.1002237585242	8.68104971291669E-06
ENSG00000273473	LL09NC01-139C3.1	chr9	137038102	137038134	-0.105038170468932	8.68220575874792E-06
ENSG00000166800	LDHAL6A	chr11	18476112	18476131	-0.16093390535792	8.87929418043592E-06
ENSG00000232082	RPS6KA2-IT1	chr6	166891625	166891650	-0.128153759995992	8.89019030974868E-06
ENSG00000179094	PER1	chr17	8036910	8036950	-0.101366289227115	9.01990908336967E-06
ENSG00000027697	IFNGR1	chr6	137599320	137599360	-0.184761276959958	9.13485602187664E-06
ENSG00000248949	RP11-661C8.2	chr5	957475	957584	-0.113706477272481	9.19066876493152E-06

ENSG00000169499	PLEKHA2	chr8	38770409	38770414	-0.127463834765569	9.19117305963904E-06
ENSG00000253783	CTD-2534J5.1	chr8	140294487	140294505	-0.277925746108832	0.0000093593050161822
ENSG00000233802	TRIM49D2P	chr11	89655056	89655092	-0.132826835992673	0.0000094501626556373
ENSG00000167261	DPEP2	chr16	68016339	68016552	-0.105974246383227	9.59783762320001E-06
ENSG00000254564	RP11-787P24.2	chr11	23462960	23462987	-0.1070755357558	9.62116722979822E-06
ENSG00000198133	FAM98B	chr15	38670594	38670637	-0.12813405868663	9.86295588406963E-06
ENSG00000179577	AP003471.1	chr8	105415460	105415486	-0.101709335551304	9.97939787628196E-06
ENSG00000253505	CTA-398F10.1	chr8	8241852	8241890	-0.140017816831042	0.0000100969105900982
ENSG00000225187	AC073283.7	chr2	47335527	47335602	-0.154286681491245	0.0000102336228636503
ENSG00000261441	RP11-217B1.2	chr15	89876673	89876794	-0.102457001491045	0.0000102993125856673
ENSG00000250456	AC006552.1	chr4	55391930	55391971	-0.136862133160339	0.0000104317376491027
ENSG00000198133	TMEM229B	chr14	67925077	67925137	-0.120127901365878	0.0000104907714663521
ENSG00000205865	FAM99B	chr11	1704496	1704507	-0.120946502598465	0.0000107259345206782
ENSG00000126353	CCR7	chr17	38717200	38717275	-0.130435465197832	0.0000107540704825232
ENSG00000224405	LINC00572	chr13	30476713	30476723	-0.10064336366388	0.0000108491215588652
LRG_261	LRG_261	chr1	156786643	156786723	-0.163351461815657	0.0000108616972962121
ENSG00000227352	ARHGEF7-AS1	chr13	111829350	111829448	-0.123084233161997	0.0000108995405407641
ENSG00000175544	CABP4	chr11	67219995	67220033	-0.102133208997923	0.0000109879350323693
ENSG00000167194	C16orf92	chr16	30034426	30034431	-0.1166429990953	0.0000109920285382478
ENSG00000104522	TSTA3	chr8	144702973	144703022	-0.149015979588878	0.0000110840841145951
ENSG00000141971	MVB12A	chr19	17518698	17518737	-0.201529203843022	0.0000110972697606357
ENSG00000222482	AC005071.1	chr7	99818666	99818709	-0.125934868363697	0.0000111154678647346
ENSG00000116824	CD2	chr1	117306796	117306845	-0.134950459539238	0.000011364567324764
ENSG00000197859	ADAMTSL2	chr9	136390944	136391041	-0.138050747050762	0.0000120293052750031
ENSG00000264312	RN7SL642P	chr7	75292418	75292459	-0.140793945428317	0.0000123230762400778
ENSG00000164292	RHOBTB3	chr5	95047262	95047309	-0.11022101411318	0.0000123641260183656
ENSG00000215306	AL135998.1	chr14	23290798	23290842	-0.124155171186337	0.0000123696110690365
ENSG00000248516	RP11-265O12.1	chr4	4335322	4335394	-0.159097954206543	0.0000125369334251333
ENSG00000242058	RPS4XP19	chr18	9017666	9017748	-0.123205459528997	0.0000125906826654227
ENSG00000179241	LDLRAD3	chr11	35971695	35971736	-0.143862678329969	0.000012776445541945
ENSG00000235770	LINC00607	chr2	216484542	216484582	-0.141992893313094	0.0000127808985738268
ENSG00000266665	MIR4739	chr17	77644649	77644663	-0.113086743868817	0.0000129701399469744
ENSG00000226604	PAPPA-AS2	chr9	119048807	119048892	-0.132835405453264	0.0000130471310346943
ENSG00000157778	PSMG3	chr7	1607313	1607353	-0.17350706517293	0.0000130714056669358
ENSG00000240590	RP11-403P13.1	chr8	111128209	111128241	-0.143001107920233	0.0000131028273003908
ENSG00000269694	AC005197.2	chr19	18988880	18988971	-0.131115839401067	0.000013130277649807
ENSG00000213159	CEND1P1	chr14	104925368	104925411	-0.102083649978543	0.0000131443106116241
ENSG00000149091	DGKZ	chr11	46360707	46360763	-0.265666096056804	0.0000131591660342864
ENSG00000232739	RP11-25G10.2	chr10	15356110	15356149	-0.161927475515442	0.0000132134198911798
ENSG00000251532	CTD-2245E15.3	chr5	1555800	1555887	-0.125353328530502	0.000013358494881465
ENSG00000221556	AC103794.1	chr11	16314413	16314417	-0.215873408962988	0.0000133907956295051
ENSG00000175874	CREG2	chr2	101958965	101958993	-0.108425625992781	0.0000134097024131133
ENSG00000272320	RP11-506K6.4	chr6	3438702	3438737	-0.172605557519928	0.0000134105278889877
ENSG00000186103	ARGFX	chr3	121285833	121285880	-0.134492168804335	0.0000134937966427125
ENSG00000235713	RP4-604G5.3	chr7	99590079	99590116	-0.129528751175235	0.0000136111695504329
ENSG00000221536	AC091643.1	chr18	64271465	64271503	-0.125498421652538	0.0000136683027032439
ENSG00000241123	KRTAP10-5	chr21	46002050	46002080	-0.126496962233492	0.0000138343867701727
ENSG00000258539	RP11-12J10.3	chr10	126254577	126254600	-0.112346808383499	0.0000139751418231972
ENSG00000260042	CTD-2034I21.1	chr16	50879053	50879065	-0.130980917466269	0.0000141568884569057
ENSG00000240687	RP11-521D12.1	chr2	9788909	9788946	-0.13526240805018	0.0000142043084358756
ENSG00000241641	RPS23P6	chr16	12156480	12156517	-0.101388170871225	0.0000142530712295963
ENSG00000251038	AC090958.5	chr3	11952685	11952734	-0.138942322566578	0.0000143088851251812
ENSG00000087253	LPCAT2	chr16	55525729	55525741	-0.116735809913381	0.0000144103725303317
ENSG00000133250	ZNF414	chr19	8580355	8580378	-0.123911293029558	0.0000150428970536944
ENSG00000197408	CYP2B6	chr19	41509926	41509956	-0.120137608884224	0.0000151464799741709
ENSG00000132386	SERPINF1	chr17	1658684	1658752	-0.142503163844942	0.0000153193281232711
ENSG00000237257	MTND2P8	chr9	81359170	81359206	-0.142311595795573	0.0000155632086922153
ENSG00000160683	CXCR5	chr11	118754507	118754565	-0.121016877566538	0.0000156419261710657
ENSG00000237940	AC093642.3	chr2	242927445	242927511	-0.121472049076226	0.0000162219170726117
ENSG00000049540	ELN	chr7	73424973	73425008	-0.110116069830134	0.0000165138802210287
ENSG00000266730	RN7SL773P	chr3	195648538	195648574	-0.134744034509902	0.0000165860812322968
ENSG00000258560	CTD-2376I20.1	chr14	100545496	100545540	-0.119558484525538	0.0000166445740770798
ENSG00000242262	RP11-100N21.1	chr4	47706081	47706128	-0.117179188963363	0.0000167014842161674
ENSG00000238763	snoU13	chr11	65880010	65880059	-0.13818980863257	0.0000170898664130126
ENSG00000259012	CTD-2320B12.2	chr14	84867622	84867664	-0.133622237842693	0.0000175839033622662
ENSG00000132746	ALDH3B2	chr11	67435568	67435577	-0.146291382840238	0.0000176679256470742
ENSG00000250431	RP13-577H12.2	chr4	175899203	175899245	-0.102331006041093	0.0000177132646646788
ENSG00000230207	RPL4P5	chr9	7274452	7274484	-0.114204335923094	0.0000178523479752836
ENSG00000183785	TUBA8	chr22	18597940	18597979	-0.192225818246889	0.0000178833479769167

ENSG00000248599	RP11-302J23.1	chr8	102063914	102063992	-0.12547835855718	0.0000179078845201469
ENSG00000100312	ACR	chr22	51176711	51176749	-0.116066459124367	0.0000181030495016041
ENSG00000225564	RP11-341A22.2	chr9	105951308	105951320	-0.144453132362552	0.0000181454517633493
ENSG00000172270	BSG	chr19	576057	576119	-0.125478801602346	0.0000184927639043717
ENSG00000266855	MIR3910-2	chr9	94520862	94520864	-0.167126608207519	0.000018684971097875
ENSG00000175274	TP53I11	chr11	44899769	44899930	-0.23892173534487	0.000018901340001706
ENSG00000126856	PRDM7	chr16	90124316	90124328	-0.122596936822155	0.0000195702384485767
ENSG00000162745	OLFML2B	chr1	161947980	161948016	-0.103821608290885	0.0000196052533805959
ENSG00000081760	AACS	chr12	125578327	125578387	-0.1408396763571	0.000019825186158091
ENSG00000269190	FBXO17	chr19	39431912	39431981	-0.119434917929446	0.0000200835538006152
ENSG00000262097	CTD-2135D7.5	chr16	14107427	14107465	-0.146262563342775	0.0000200989620601528
ENSG00000138175	ARL3	chr10	104433998	104434031	-0.100278725181802	0.000020564249351918
ENSG00000124225	PMEPA1	chr20	56292875	56292914	-0.127649254236211	0.0000206289413617359
ENSG00000250622	RP11-612J15.3	chr4	157898751	157898799	-0.156527145792309	0.0000207189045068114
ENSG00000233009	NALCN-AS1	chr13	101331257	101331348	-0.113518768220554	0.0000213338811726273
ENSG00000253066	RNU6-709P	chr10	115860260	115860292	-0.141836875605483	0.0000214555209238104
ENSG00000119440	LCN1P1	chr9	136102480	136102511	-0.150082919153784	0.0000218145294964709
ENSG00000245281	CTD-2547L16.1	chr8	17937810	17937853	-0.120922766592417	0.0000221880151126992
ENSG00000205495	OR52J3	chr11	5067999	5068031	-0.115778848192652	0.0000222179880666555
ENSG00000132405	TBC1D14	chr4	6902919	6902932	-0.143172594318845	0.0000225110847392513
ENSG00000168427	KLHL30	chr2	239052170	239052218	-0.14463530282747	0.0000226123147087041
ENSG00000253143	Metazoa_SRP	chr8	71381197	71381216	-0.114308940977876	0.000023412247025646
ENSG00000267604	RP5-905N1.2	chr17	41868088	41868121	-0.144565198238417	0.0000240972621490233
ENSG00000266530	MIR4318	chr18	35150499	35150549	-0.143871831009243	0.000024154973777809
ENSG00000261451	RP11-981G7.1	chr8	10262551	10262628	-0.124985107715213	0.0000246690962069253
ENSG00000204669	C9orf57	chr9	74675240	74675256	-0.106091342965196	0.0000247466514653941
ENSG00000153498	SPACA7	chr13	113050231	113050413	-0.100148876263297	0.0000249491922574841
ENSG00000213480	RP11-364P2.2	chr4	122291550	122291566	-0.123316502345635	0.0000249496811915976
ENSG00000232325	AC093627.7	chr7	65108	65157	-0.146959741558916	0.0000254997379052665
ENSG00000230716	KRT8P7	chr11	119439040	119439090	-0.123355014362568	0.0000256894297955386
ENSG00000164363	SLC6A18	chr5	1228173	1228214	-0.101939518056882	0.0000257454248550396
ENSG00000251019	HIGD1AP13	chr4	79627618	79627663	-0.171929456718428	0.0000262261076543976
ENSG00000266586	CTD-2382H12.2	chr18	76613071	76613102	-0.104741078405899	0.0000263610769759974
ENSG00000187922	LCN10	chr9	139632934	139632951	-0.117851742590667	0.0000264070126545521
ENSG00000204003	LCN6	chr9	139632934	139632951	-0.117851742590667	0.0000264070126545521
ENSG00000233109	RP11-22C8.1	chr8	49826150	49826183	-0.105919208327249	0.0000266559343219678
ENSG00000157368	IL34	chr16	70624321	70624354	-0.120489715179806	0.0000267699911895299
ENSG00000130592	LSP1	chr11	1872753	1872756	-0.125643921283119	0.0000268960186424773
ENSG00000212273	SNORA40	chr8	134646941	134646984	-0.115492651788471	0.0000269371095665679
ENSG00000235159	RP6-109B7.4	chr22	46460398	46460482	-0.151266075090988	0.0000271858211617823
ENSG00000176882	RP11-432M24.4	chr13	50194437	50194488	-0.149854104121088	0.0000277094481994235
ENSG00000127412	TRPV5	chr7	142606668	142606734	-0.12790693204622	0.0000278121184273291
ENSG00000259138	RP11-950C14.7	chr14	75590821	75590896	-0.120418265167541	0.0000279266732734933
ENSG00000185624	P4HB	chr17	79799587	79799623	-0.105753768151951	0.0000280489033968943
ENSG00000176490	DIRAS1	chr19	2700837	2700927	-0.128720748752953	0.0000283050037926654
ENSG00000129667	RHBDP2	chr17	74494210	74494326	-0.157821804566003	0.0000285446998966211
ENSG00000168918	INPP5D	chr2	233916553	233916597	-0.169329863734666	0.0000286638156134989
ENSG00000237687	LINC00686	chr20	61312704	61312746	-0.114355573693657	0.0000286993705481708
ENSG00000216204	AC018607.1	chr8	56832282	56832387	-0.121776233996989	0.0000287307981677145
ENSG00000259845	HERC2P10	chr15	31110105	31110153	-0.109078728275771	0.000029092241911045
ENSG00000243779	RP11-681N23.1	chr18	13916330	13916355	-0.119312847290497	0.0000296181352759039
ENSG00000221321	AC016764.1	chr2	121776445	121776645	-0.160027274258578	0.000029743996574474
ENSG00000255046	RP11-297N6.4	chr8	11656692	11656742	-0.168200374202093	0.0000298767338258978
ENSG00000171345	KRT19	chr17	39680140	39680211	-0.123213323199071	0.0000300279917953516
ENSG00000222231	RNU2-54P	chr8	77108662	77108676	-0.146417784235757	0.0000303293687141188
ENSG00000224347	SCEL-AS1	chr13	78168183	78168218	-0.128925979795204	0.0000304778100239713
ENSG00000241923	RP11-425I13.1	chr4	141266323	141266400	-0.124543609196774	0.0000304950613625413
ENSG00000258777	HIF1A-AS1	chr14	62120422	62120470	-0.104791201280656	0.0000306171970656384
ENSG00000162302	RPS6KA4	chr11	64122678	64122852	-0.132006946321599	0.0000308516144319653
ENSG00000165914	TTC7B	chr14	91010364	91010398	-0.146503191374902	0.0000314132074155693
ENSG00000201289	RN7SKP76	chr16	61846623	61846694	-0.110968420001198	0.0000320017913715036
ENSG00000178209	PLEC	chr8	144973609	144973721	-0.192692035207035	0.0000323630368940716
ENSG00000267769	CTB-50L17.9	chr19	4455167	4455186	-0.105040196316905	0.000032468162101917
ENSG00000176198	OR11H4	chr14	20710881	20710905	-0.101453958050169	0.0000325045699948078
ENSG00000263443	RP11-973F15.2	chr8	123706565	123706575	-0.103726388601112	0.0000326621682286503
ENSG00000204539	CDSN	chr6	31091333	31091383	-0.107146443688661	0.0000331741895620911
ENSG00000107262	BAG1	chr9	33239603	33239657	-0.100200195918392	0.0000334663215188866
ENSG00000108622	ICAM2	chr17	62084322	62084359	-0.101946008400989	0.0000338679438159802
ENSG00000177400	OR7E8P	chr8	12542498	12542536	-0.140660833206456	0.0000339339066775339

ENSG00000232896	RP11-410K21.2	chr9	113343162	113343166	-0.134347256735138	0.0000351821554131526
ENSG00000256225	AL590710.1	chr9	136653463	136653761	-0.125924323374873	0.0000351946506788211
ENSG00000226237	RP11-276H19.1	chr9	89580707	89580715	-0.135154099112061	0.0000354030975386843
ENSG00000258457	RP11-298I3.4	chr14	23448890	23448951	-0.133319539616759	0.0000355523521482737
ENSG00000227170	AF178030.2	chr8	116573823	116573852	-0.124960901237169	0.0000358467339271472
ENSG00000238351	snoU13	chr4	40926711	40926715	-0.121871981244597	0.0000367968395384572
ENSG00000259050	CHORDC2P	chr14	90191033	90191139	-0.136498959877036	0.0000369636341074888
ENSG00000185338	SOCS1	chr16	11347573	11347590	-0.113381732416144	0.0000372567861503669
ENSG00000204011	COL5A1-AS1	chr9	137562442	137562447	-0.12593711433911	0.0000373758246089718
ENSG00000206944	RNU6-708P	chr18	45683770	45683782	-0.11764847489745	0.0000374584220864453
ENSG00000272036	MIR139	chr11	72327765	72327807	-0.14054309424062	0.0000374913282397876
ENSG00000264589	MAPT-AS1	chr17	43912576	43912608	-0.12096181797902	0.0000383479338953858
ENSG00000213606	AKR1B10P1	chr10	69521330	69521402	-0.163395169231817	0.0000388261850849579
ENSG00000260731	KRT8P22	chr16	78083894	78083915	-0.136665235660977	0.0000389977568119591
ENSG00000250698	RP11-392B6.1	chr4	141017399	141017411	-0.127033281049716	0.0000403984834952836
ENSG00000207935	MIR204	chr9	73424974	73425010	-0.112029976855344	0.0000410735513405953
ENSG00000213221	DNLZ	chr9	139243487	139243536	-0.106093491156743	0.0000410994834879016
ENSG00000251410	AC007106.1	chr4	27895582	27895597	-0.153965194550419	0.0000413215164958778
ENSG00000248429	RP11-597D13.9	chr4	159091752	159091894	-0.144096166520596	0.0000414510964321315
ENSG00000155093	PTPRN2	chr7	157347452	157347484	-0.117995003268427	0.0000417226727966388
ENSG00000167992	VWCE	chr11	61017574	61017602	-0.128182068528048	0.0000418901511278733
ENSG00000012232	EXTL3	chr8	28458769	28458813	-0.126813058769803	0.000042106499567861
ENSG00000264429	MIR3183	chr17	943067	943137	-0.183162484348358	0.0000426283161666956
ENSG00000196739	COL27A1	chr9	116913995	116914033	-0.115277774834429	0.000043772785179666
ENSG00000202054	RNA5SP152	chr4	8412322	8412369	-0.103018315171583	0.0000428768213647505
ENSG00000215127	SYT14L	chr4	68930597	68930607	-0.170451062512683	0.0000436599260187136
ENSG00000201847	SNORD31	chr13	107991847	107991871	-0.100956684310232	0.0000439180508317596
ENSG00000268041	CTD-2575K13.6	chr19	42434523	42434561	-0.135175584384721	0.0000451302477016286
ENSG00000252769	RNU6-943P	chr11	7927393	7927440	-0.117104309355618	0.0000454595464797979
ENSG00000126391	FRMD8	chr11	65158321	65158343	-0.123602909547379	0.00004572095896112236
ENSG00000021762	OSBPL5	chr11	3117178	3117236	-0.110137848981724	0.0000472729871363275
ENSG00000253799	LINC01030	chr8	91592157	91592170	-0.134300667305367	0.0000475623458421453
ENSG00000272297	RP11-215A19.2	chr4	187360860	187360869	-0.127380183890308	0.0000476050183563531
ENSG00000265731	RN7SL522P	chr16	11602848	11602866	-0.103070036405977	0.0000478605920432805
ENSG00000251271	ALG1L7P	chr4	3928073	3928213	-0.146493941797848	0.0000479450905503876
ENSG00000208037	MIR320A	chr8	22091739	22091805	-0.10928803935369	0.0000484982462511464
ENSG00000258989	RP11-47I22.4	chr14	61938802	61938827	-0.113363686058612	0.0000490894981827395
ENSG00000260306	RP11-645C24.5	chr16	21771667	21771711	-0.101278667418727	0.0000504764799816869
ENSG00000231674	LINC00410	chr13	91579270	91579293	-0.104957740312732	0.0000505997672675356
ENSG00000228392	RP11-343J18.1	chr9	128981355	128981358	-0.146501450625901	0.0000510673286722172
ENSG00000169744	LDB2	chr4	16609489	16609513	-0.137715131732051	0.0000523363580638727
ENSG00000207583	MIR606	chr10	77258205	77258239	-0.287601827126382	0.0000523432165623798
ENSG00000064012	CASP8	chr2	202093748	202093783	-0.134684141760784	0.0000530544615585727
LRG_34	LRG_34	chr2	202093748	202093783	-0.134684141760784	0.0000530544615585727
ENSG00000140488	CELF6	chr15	72578605	72578641	-0.11677626803543	0.00005318395990819
ENSG00000260729	RP11-106M3.2	chr15	72578605	72578641	-0.11677626803543	0.00005318395990819
ENSG00000110628	SLC22A18	chr11	2920735	2920799	-0.112431653627715	0.0000532543451058216
ENSG00000248693	CTD-2023M8.1	chr5	18746251	18746292	-0.119049961041789	0.0000540698764265307
ENSG00000015592	STMN4	chr8	27089704	27089724	-0.11812620521595	0.0000543022584302175
ENSG00000129946	SHC2	chr19	416113	416145	-0.119467550394737	0.0000544160620605984
ENSG00000273423	OR131P	chr9	107404199	107404235	-0.138978329908839	0.000054796857778824
ENSG00000258943	RP11-696D21.2	chr14	63742925	63742947	-0.15656109548215	0.0000569204407568038
ENSG00000255163	HSPE1P18	chr11	118086770	118086808	-0.133219630588137	0.0000570225798786823
ENSG00000264658	MIR4798	chr4	7333381	7333473	-0.135920344638391	0.0000599569787082574
ENSG00000254581	RP11-303G3.10	chr8	12518735	12518766	-0.123587751975345	0.0000607462624475072
ENSG00000270269	RP11-697H9.4	chr11	63399402	63399475	-0.210081315126473	0.0000608625309501215
ENSG00000115648	MLPH	chr2	238374263	238374303	-0.165158441853673	0.0000613056383688215
ENSG00000249767	ENPP7P10	chr4	9074438	9074474	-0.14492877427848	0.0000615566276853201
ENSG00000250635	CTD-3224K15.2	chr5	139040745	139040824	-0.168712103341389	0.0000618804311128182
ENSG00000260369	CTD-2526A2.2	chr17	78424192	78424202	-0.103022876175905	0.0000621278590856793
ENSG00000266837	Z97055.1	chr22	44293723	44293765	-0.111757827877673	0.0000626436159494076
ENSG00000176912	C18orf56	chr18	635431	635463	-0.117738440299291	0.0000629987669003521
ENSG00000254914	CTD-2537L20.1	chr11	42901466	42901509	-0.153072738088022	0.0000630927980874887
ENSG00000254695	RP11-396O20.1	chr11	15643912	15643957	-0.104689418200839	0.0000631207856495666
ENSG00000262585	RP11-353N14.5	chr17	77864135	77864159	-0.157164891358818	0.0000640519869035188
ENSG00000221172	AC091096.1	chr8	93620150	93620189	-0.150749330988681	0.0000645997313037671
ENSG00000248749	RP11-42A4.1	chr4	85246114	85246175	-0.121457231964257	0.000065790019767331
ENSG00000240371	RPS4XP13	chr11	57338441	57338476	-0.103609472164135	0.000066552795749057
ENSG00000233821	ENOX1-AS1	chr13	44119593	44119630	-0.121707605684645	0.0000686936657244941

ENSG00000106683	LIMK1	chr7	73508574	73508621	-0.113937167640373	0.0000695552097026264
ENSG00000138722	MMRN1	chr4	90816297	90816307	-0.112645000684781	0.0000702020209929241
ENSG00000263926	MIR4462	chr6	37544512	37544552	-0.115751051471443	0.0000705028742843411
ENSG00000242071	RPL7AP6	chr14	70354846	70354862	-0.141852952309756	0.0000707876109550576
ENSG00000123136	DDX39A	chr19	14517276	14517380	-0.103338680633056	0.0000712879219128637
ENSG00000229740	U91324.1	chr2	8422194	8422258	-0.175569641431225	0.0000719064256124169
ENSG00000259854	RP11-211G23.1	chr11	69213768	69213952	-0.106807848363915	0.0000724852449460176
ENSG00000254925	OR4C9P	chr11	48486168	48486173	-0.116218742401416	0.0000749358701516529
ENSG00000258805	ADIPOR1P2	chr14	95090393	95090431	-0.152128487595595	0.0000757841573536249
ENSG00000256481	RP11-21A7A.4	chr11	63849276	63849348	-0.105812796202058	0.0000771113195858469
ENSG00000254330	RP11-1D12.1	chr8	65603565	65603587	-0.186948924496749	0.0000796797671023349
ENSG00000256947	RP11-64D24.2	chr11	114082518	114082594	-0.119264588595934	0.0000800417852655659
ENSG00000213622	AL163952.1	chr14	56424929	56424943	-0.107605411182581	0.0000805432148818924
ENSG00000201176	RNU6-853P	chr4	169798928	169799702	-0.178472464098512	0.0000812034125475996
ENSG00000225637	AP001046.6	chr21	44782557	44782587	-0.127801431810167	0.0000814069854264915
ENSG00000256049	PADI6	chr1	17682571	17682613	-0.104974803339183	0.0000824913824204047
ENSG00000248715	RP11-758B24.1	chr4	132420899	132420920	-0.107095823258836	0.000082796506682601
ENSG00000227304	RP11-791G16.2	chr4	83444525	83444535	-0.113367940818813	0.000084375846212347
ENSG00000126217	MCF2L	chr13	113550860	113550883	-0.10187376072159	0.0000863489264621556
ENSG00000220256	AC093802.1	chr2	240751267	240751299	-0.108356905133054	0.0000871688395486398
ENSG00000261811	RP11-382N13.2	chr16	5262627	5262676	-0.113110161652487	0.0000880725477903501
ENSG00000214128	TMEM213	chr7	138482793	138482874	-0.141900876778355	0.0000881697363122468
ENSG00000254362	RP11-14I17.3	chr8	26323327	26323376	-0.106199798807942	0.00008890599692684
ENSG00000230266	XXYL1-AS2	chr3	194868774	194868798	-0.127527590090514	0.0000892673975102228
ENSG00000133321	RARRES3	chr11	63296738	63296802	-0.163090963292502	0.0000901328934569167
ENSG00000206113	RP11-503N18.1	chr4	2431781	2432327	-0.143956237489677	0.0000941054906101257
ENSG00000252618	RNA5SP441	chr17	38532098	38532227	-0.106305468483892	0.0000943941100472309
ENSG00000226627	SHANK2-AS1	chr11	70484486	70484490	-0.128684564755337	0.0000997391483591579
ENSG00000232307	DAOA-AS1	chr13	106063138	106063213	-0.126712862797911	0.000100479582155212
ENSG00000174992	ZG16	chr16	29789191	29789251	-0.141297983361833	0.00010465411734183
ENSG00000223015	RNU6-1135P	chr11	87270499	87270514	-0.121163129689357	0.000105138866209859
ENSG00000171812	COL8A2	chr1	36574629	36574675	-0.113995420288677	0.000105253054947543
ENSG00000103249	CLCN7	chr16	1491278	1491427	-0.100411048035108	0.00010604825125838
ENSG00000205903	ZNF316	chr7	6682674	6682720	-0.110224330802362	0.000106675376406091
ENSG00000258544	RP11-750I4.2	chr14	90574308	90574310	-0.107177964613566	0.000107886645308107
ENSG00000207688	MIR548AA2	chr17	65487314	65487338	-0.11665555178127	0.000108725761937604
ENSG0000047662	FAM184B	chr4	17710003	17710042	-0.102843672837757	0.000111712258368561
ENSG00000225867	RP5-1177I5.3	chr22	37921592	37921632	-0.199513769235589	0.000112509511266812
ENSG00000118898	PPL	chr16	4942356	4942393	-0.113746137430557	0.00011444226514589
ENSG00000127152	BCL11B	chr14	99645185	99645188	-0.135068887021824	0.00011505493684067
ENSG00000239224	RN7SL546P	chr14	103040852	103040855	-0.119169153040185	0.000115648178702575
ENSG00000252870	ACA59	chr11	114921887	114921894	-0.111137768663276	0.000117162151561942
ENSG00000269365	RP11-380M21.4	chr18	45458805	45458882	-0.131969507584157	0.000119346800951145
ENSG00000263682	RP11-93H10.1	chr18	11248625	11248647	-0.147189255211411	0.000119830319412467
ENSG00000260403	RP11-616M22.1	chr16	1207043	1207208	-0.114625468362544	0.000120097691829846
ENSG00000171992	SYNPO	chr5	149980646	149980690	-0.108232673227409	0.000121404533545195
ENSG00000270171	RP11-338N10.1	chr1	7731219	7731257	-0.110561857065765	0.000121427013480398
ENSG00000143772	ITPKB	chr1	226828563	226828598	-0.130328707704555	0.000122952293899541
ENSG00000154114	TBCEL	chr11	120874889	120874925	-0.145138831911761	0.000124506796615766
ENSG00000235438	ESRRAP2	chr13	21830752	21830755	-0.114523443887987	0.000125009715546922
ENSG00000254024	KB-156D12.1	chr8	102464327	102464353	-0.115935628536093	0.000127057648649713
ENSG00000267324	RP11-411B10.5	chr18	14144698	14144759	-0.106283795117826	0.000128309838317564
ENSG00000204540	PSORS1C1	chr6	31082187	31082237	-0.115353517781719	0.000128349557990969
ENSG00000180891	CUEDC1	chr17	55946181	55946226	-0.109867229273358	0.000129854796201227
ENSG00000110075	PPP6R3	chr11	68178919	68179158	-0.106015332715025	0.00013059436214096
ENSG00000245688	CTB-26E19.1	chr5	177895001	177895027	-0.113715017006038	0.000130738497528182
ENSG00000254183	RP11-953B20.2	chr8	143052787	143052821	-0.112505357898815	0.000130939023205834
LRG_41	LRG_41	chr11	33729258	33729291	-0.111552283075978	0.000134644098560899
ENSG00000226093	RPS28P8	chr13	42585965	42585987	-0.106599212288551	0.000134676298771366
ENSG00000270102	RP11-498E2.8	chr9	125106354	125106374	-0.149220310907697	0.00013510293772242
ENSG00000238595	snoU13	chr8	76823108	76823133	-0.167983631125365	0.000135594464684702
ENSG00000254863	RP11-831A10.2	chr11	119846564	119846592	-0.141676565512126	0.000136267610309187
ENSG00000231799	RP13-93L13.2	chr9	92023875	92023977	-0.162820449017504	0.000137784020883296
ENSG00000161798	AQP5	chr12	50355452	50355839	-0.126284326443054	0.000137995605899074
ENSG00000227630	LINC01132	chr1	234858914	234858997	-0.131846504825416	0.000138244413611749
LRG_307	LRG_307	chr4	55576055	55576079	-0.10696211527139	0.000138436845947315
ENSG00000160172	FAM86C2P	chr11	67570750	67570780	-0.101565285841821	0.000139411071870964
ENSG00000234531	RP11-288G11.3	chr10	134516455	134516498	-0.105798585829713	0.000139665638003149
ENSG00000087077	TRIP6	chr7	100463539	100463619	-0.110334767292019	0.000140152523579651

ENSG00000261532	RP11-304L19.8	chr16	2262802	2262852	-0.108985949393864	0.000141292026478202
ENSG00000241020	RP11-727A23.1	chr11	82931451	82931456	-0.190257991143894	0.000141998912006259
ENSG00000233553	AC108462.1	chr2	1265666	1265776	-0.10501362504394	0.000144863936293867
ENSG00000103126	AXIN1	chr16	375477	375695	-0.105416606718326	0.000145262450639607
ENSG00000258496	RP11-1141N12.1	chr14	87701040	87701042	-0.127997058873955	0.000145504254676391
ENSG00000233016	SNHG7	chr9	139620597	139620617	-0.100290240131428	0.000146825780768906
ENSG00000258416	RP11-526N18.1	chr14	80440771	80440817	-0.13943710373373	0.000146940741662264
ENSG00000272839	RP11-452C13.1	chr7	157660191	157660321	-0.11060648459678	0.000147614739119713
ENSG00000264106	AC116562.2	chr4	4036653	4036719	-0.11425783038691	0.000148349169935168
ENSG00000145439	CBR4	chr4	169770047	169770092	-0.196196205918582	0.00015268371926156
ENSG00000186827	TNFRSF4	chr1	1145858	1145877	-0.106771889642081	0.000152970162593696
ENSG00000244052	RPL5P24	chr8	103937435	103937475	-0.11462835521519	0.000153273897261755
ENSG00000254654	AC068858.1	chr11	44952502	44952541	-0.107933066670064	0.000154789291648228
ENSG00000246889	AP000487.5	chr11	70213437	70213469	-0.119785230529094	0.000156914491523483
ENSG00000271377	RP11-33111.3	chr8	61789710	61789911	-0.190548367016953	0.000158522535272578
ENSG00000265215	MIR4269	chr2	240218482	240218520	-0.104559470269611	0.000158814720014532
ENSG00000273132	RP11-350J20.12	chr6	150174189	150174215	-0.186169752530358	0.000159269297921284
ENSG00000263855	AC105081.1	chr8	95047371	95047421	-0.100433924525876	0.000160106279501897
ENSG00000264233	MIR4456	chr5	539880	539918	-0.115145043390963	0.000162176367000095
ENSG00000140015	KCNH5	chr14	63244897	63244904	-0.149633703273296	0.000163101913722298
ENSG00000254739	RP13-46H24.1	chr11	520940	521143	-0.123760161838759	0.000164887715827334
ENSG00000258947	TUBB3	chr16	89997845	89997921	-0.11566232240175	0.000165421981300452
ENSG00000261742	LINC00922	chr16	65318628	65318677	-0.147212532515186	0.000167370699145768
ENSG00000253656	KB-1568E2.1	chr8	131663355	131663384	-0.108867587585692	0.000173943008886399
ENSG00000236083	OR13E1P	chr9	35844667	35844679	-0.102690960260043	0.000174537496559989
ENSG00000261410	RP11-543N12.1	chr16	83280511	83280551	-0.106543841030408	0.000174742850602143
ENSG00000196166	C8orf86	chr8	38371405	38371413	-0.139592556362085	0.000174935643103187
ENSG00000187678	SPRY4	chr5	141616153	141616199	-0.116466521885207	0.000177319931075519
ENSG00000254334	RP11-24P4.1	chr8	21179380	21179417	-0.102781590416026	0.000177612167644104
ENSG00000259772	RP11-16E12.2	chr15	31515728	31515882	-0.129295105598024	0.000179136989324733
ENSG00000232555	AC104088.1	chr2	173118384	173118470	-0.157698378177739	0.000183739676556862
ENSG00000266944	AC005262.4	chr19	3130683	3130696	-0.187379868417458	0.000184351504991716
ENSG00000168398	BDKRB2	chr14	96661076	96661126	-0.141582782873383	0.000184878872381884
ENSG00000268302	AL035252.1	chr20	25204197	25204230	-0.162843683826751	0.000189756386329564
ENSG00000166562	SEC11C	chr18	56809611	56809649	-0.140152601763674	0.00019129586511096
ENSG00000223116	AL157931.1	chr13	23545811	23545827	-0.108655704506287	0.000192570397286842
ENSG00000151651	ADAM8	chr10	135076574	135076620	-0.121938137346744	0.00019263822221961
ENSG00000122025	FLT3	chr13	28597187	28597227	-0.114981503432087	0.000195150215246178
LRG_457	LRG_457	chr13	28597187	28597227	-0.114981503432087	0.000195150215246178
ENSG00000249105	RP11-25L5.2	chr4	58991085	58991154	-0.105059648124014	0.00019973857704771
ENSG00000260523	RP11-483P21.3	chr16	83829911	83829916	-0.145660802010535	0.000199967962850153
ENSG00000255462	RP11-483L5.1	chr11	11603196	11603214	-0.103146671848409	0.000200232887376261
ENSG00000255237	RP13-317D12.3	chr11	469514	469569	-0.112561376033183	0.000200458162720423
ENSG00000157933	SKI	chr1	2164520	2164586	-0.1115976549331	0.000202354532354115
LRG_195	LRG_195	chr16	30196060	30196096	-0.203684625022524	0.000206334784112189
ENSG00000211840	TRAJ49	chr14	22958482	22958520	-0.11773645703224	0.000207388307500324
ENSG00000169583	CLIC3	chr9	139892449	139892531	-0.227742331524001	0.00021010065006395
ENSG00000248492	ZFAT-AS1	chr8	135612491	135612538	-0.100427138305656	0.000211059581697836
ENSG00000159625	CCDC135	chr16	57727230	57727285	-0.138042251436974	0.000213732455499545
ENSG00000259929	CTA-481E9.4	chr16	18057592	18057622	-0.101028813222539	0.000214194893508657
ENSG00000268583	CTC-453G23.8	chr19	48699973	48700008	-0.15339982938087	0.000216097295385791
ENSG00000224743	TEX26-AS1	chr13	31446420	31446493	-0.114659276948025	0.000220027763761324
ENSG00000222244	RNA5SP431	chr16	79303960	79303991	-0.125018932599439	0.000220360013804281
ENSG00000227012	RP1-97J1.2	chr6	112294504	112294532	-0.192145727783331	0.000220367656847124
ENSG00000099817	POLR2E	chr19	1084269	1084335	-0.161783273502686	0.000223219514495289
ENSG00000232540	RPL36P19	chr13	44000424	44000455	-0.104471169954759	0.000229506241869024
ENSG00000267918	AL117190.2	chr14	101296109	101296112	-0.104225070475566	0.000235075211884769
ENSG00000236115	RP11-62C3.6	chr9	94954351	94954384	-0.19919412224361	0.000242584743165544
ENSG00000140092	FBLN5	chr14	92336107	92336151	-0.129816340830596	0.000242743205954137
ENSG00000221291	AC090660.1	chr18	50335910	50335967	-0.117909373391256	0.000250605109433937
ENSG00000258503	RP11-368P15.1	chr14	53478074	53478112	-0.102924925532641	0.000257212389067272
ENSG00000208017	MIR140	chr16	69939039	69939058	-0.134920481695667	0.000262797220156858
ENSG00000263723	SNORD39	chr2	238814126	238814154	-0.109396303184399	0.000266513920730899
ENSG00000202001	Y_RNA	chr8	101774135	101774167	-0.16006045669412	0.000269518950971346
ENSG00000185519	FAM131C	chr1	16390596	16390641	-0.103151836662118	0.000278050031485496
ENSG00000259026	RP11-907D1.1	chr14	97502302	97502336	-0.136855401390173	0.000285581697098213
ENSG00000157064	NMNAT2	chr1	183187573	183187613	-0.108463291470436	0.00028642596834432
ENSG00000260082	RP11-2C24.5	chr16	30832287	30832595	-0.163178435751457	0.000295400444316775
ENSG00000237200	ZBTB40-IT1	chr1	22854360	22854436	-0.103725389403512	0.000295846600539159

ENSG00000199862	Y_RNA	chr4	127891194	127891202	-0.117394345607078	0.000296568663289069
ENSG00000214259	RP11-568J23.1	chr16	85860011	85860163	-0.133208617753739	0.000300198400641549
ENSG00000182319	SGK223	chr8	8188543	8188548	-0.19807850394189	0.000304003077364573
ENSG00000075643	MOCOS	chr18	33768400	33768432	-0.121083670767083	0.000305556755357372
ENSG00000260404	RP11-384K6.6	chr4	119506755	119506870	-0.154043212532443	0.000306041957920709
ENSG00000101310	SEC23B	chr20	18489610	18489703	-0.158875692877995	0.000309167901028618
ENSG00000256762	STH	chr17	44087557	44087629	-0.100081554748864	0.000312213363223186
ENSG00000252070	RNA5SP341	chr11	57200391	57200433	-0.106042966693806	0.000315723284313379
ENSG00000152591	DSPP	chr4	88529512	88529516	-0.113711378819243	0.00031606651579721
ENSG00000265708	AC027348.1	chr16	49868564	49868713	-0.183156551566272	0.000317143226213158
ENSG00000260795	RP11-107C10.1	chr16	86985993	86986034	-0.132176409802589	0.000320624692486873
ENSG00000227593	RP11-715G18.3	chr11	93819280	93819292	-0.164203919932897	0.000323454572237824
ENSG00000131149	GSE1	chr16	85650283	85650435	-0.119813564015039	0.000325467877372427
ENSG00000207702	MIR211	chr15	31372683	31372731	-0.159441254051583	0.000327640647510248
ENSG00000169926	KLF13	chr15	31599092	31599114	-0.135376242010094	0.000327838247191687
ENSG00000262294	RP11-1260E13.2	chr17	201732	201762	-0.104367619666609	0.000330392410502481
ENSG00000141905	NFIC	chr19	3344251	3344280	-0.151402677419299	0.000331128177302453
ENSG00000258082	RP11-443B7.3	chr1	235116731	235116756	-0.17838193895205	0.000341434232933318
ENSG00000176009	ASCL3	chr11	8959326	8959450	-0.105872537287659	0.000348954520319547
ENSG00000132613	MTSS1L	chr16	70694371	70694453	-0.103291574113594	0.000353590028282663
ENSG00000119408	NEK6	chr9	126943454	126943462	-0.112601794077639	0.00035371066499847
ENSG00000258464	RP11-388E23.2	chr14	24166108	24166158	-0.120171925761359	0.000354217520659038
ENSG00000131236	CAP1	chr1	40507824	40507857	-0.171538461622171	0.000354384637693909
ENSG00000136928	GABBR2	chr9	101079285	101079307	-0.11681687283314	0.000358754894996104
ENSG00000237290	RP11-214L19.1	chr1	38679391	38679426	-0.112501582646312	0.00035940662600588
ENSG00000237061	RP11-956J14.1	chr8	74002638	74002714	-0.13976281395934	0.000363951756962661
ENSG00000224662	ATP6V1G1P3	chr9	139679954	139679963	-0.156677759371534	0.000369328502665746
ENSG00000167257	RNF214	chr11	117110332	117110363	-0.103795189123953	0.000370796025737096
ENSG00000161542	PRPSAP1	chr17	74300496	74300526	-0.101739761873367	0.00038539699550841
ENSG00000160221	C21orf33	chr21	45559767	45559881	-0.120713529520487	0.000386522866562721
ENSG00000266505	RP11-629E24.2	chr13	30626410	30626440	-0.111997181564729	0.00040811937141404
ENSG00000207973	MIR589	chr7	5530965	5531084	-0.123458232247582	0.000411851541779105
ENSG00000255286	RP11-708L7.7	chr11	111831876	111831915	-0.149039077285399	0.000416728824971812
ENSG00000131653	TRAF7	chr16	2207743	2207865	-0.145067028749103	0.000417732350064558
ENSG00000227726	AP001271.3	chr11	70328806	70328867	-0.125240971072904	0.000423495218420866
ENSG00000149571	KIRREL3	chr11	126301120	126301163	-0.153737701429396	0.000439564177122061
ENSG00000235185	RP5-1056L3.1	chr1	19890344	19890390	-0.108702061773788	0.000446752959423942
ENSG00000271977	AC226119.4	chr4	3926846	3926899	-0.125636238070622	0.000450152612957476
ENSG00000220494	YAP1P1	chr6	147769494	147769540	-0.140189636155781	0.000450228425361147
ENSG00000100665	SERPINA4	chr14	95009849	95009929	-0.101071264578272	0.000451428872370291
ENSG00000198106	SNX29P2	chr16	29263314	29263472	-0.106332351103038	0.000454689526896561
ENSG00000040608	RTN4R	chr22	20226815	20226933	-0.115992261348409	0.00045473480825603
ENSG00000271781	CTD-2589H19.6	chr5	674518	674607	-0.126159603811333	0.00045548551105451
ENSG00000205850	AL359736.1	chr13	24895861	24895902	-0.103529758610106	0.000457433152550102
ENSG00000251326	RP11-521E5.1	chr4	131123955	131123992	-0.104750993399692	0.000458475783942199
ENSG00000243498	UBA52P5	chr8	124248237	124248249	-0.163819970731091	0.000458751033115957
ENSG00000264667	AL137224.1	chr11	34517468	34517545	-0.110344899984992	0.00045981066137323
ENSG00000123201	GUCY1B2	chr13	51575013	51575027	-0.117075381027485	0.000464853257019146
ENSG00000250626	RP11-756P10.2	chr4	189742947	189743026	-0.126579459605167	0.000466104702481884
ENSG00000231702	RP11-54O7.10	chr1	942635	942696	-0.142689259359362	0.000475769005476976
ENSG00000188257	PLA2G2A	chr1	20324375	20324422	-0.1197388868596	0.000483239338205883
ENSG00000258866	RP11-991C1.2	chr14	95507600	95507615	-0.117996276941591	0.000510388736274078
ENSG00000143001	TMEM61	chr1	55416921	55416970	-0.10807421354528	0.000516702280768524
ENSG00000270610	RP11-486O13.3	chr14	70692587	70692626	-0.227381169396106	0.000523520814138579
ENSG00000239793	RP11-109G23.1	chr4	79642479	79642506	-0.133352604785112	0.000531014942428409
ENSG00000224413	AP001476.2	chr21	47458560	47458672	-0.101717846109665	0.000533758903337055
ENSG00000252187	AC051649.1	chr11	1944559	1944578	-0.10054815912332	0.00055458587103105
ENSG00000099840	IZUMO4	chr19	2085511	2085540	-0.135273735371709	0.000556475167626458
ENSG00000198788	MUC2	chr11	1074869	1074927	-0.141834059052491	0.000556696501234519
ENSG00000260549	MT1L	chr16	56652550	56652564	-0.132093039287282	0.000567835291684349
ENSG00000232117	LINC00384	chr13	30717350	30717380	-0.112300716906857	0.000589954053013449
ENSG00000133980	VRTN	chr14	74766197	74766220	-0.159552213395853	0.000592197340914195
ENSG00000249347	RP11-747H12.4	chr4	8999451	8999497	-0.150076240219494	0.000598848093791874
ENSG00000255219	RP11-716H6.2	chr11	122179399	122179433	-0.102181145516911	0.000603677347976013
ENSG00000249056	RP11-326I11.1	chr4	185456222	185456230	-0.105439288395717	0.000607835445301108
ENSG00000241081	RP11-488C13.1	chr14	77350013	77350023	-0.111616336766089	0.000609048124905423
ENSG00000113722	CDX1	chr5	149535646	149535695	-0.118879236341501	0.000610777545154849
ENSG00000100767	PAPLN	chr14	73703023	73703142	-0.10613121763349	0.000618416543689122
ENSG00000187054	TMPRSS11A	chr4	68776807	68776835	-0.132347637258252	0.000619378952627261

ENSG00000236081	AC074389.9	chr7	1776175	1776218	-0.102752233075276	0.000629506585672492
ENSG00000259227	RP11-64K10.1	chr15	70897214	70897245	-0.131022493662453	0.00065281988361796
ENSG00000189398	OR7E12P	chr11	3412055	3412059	-0.102135964550163	0.000658003155562613
ENSG00000175573	C11orf68	chr11	65683631	65683675	-0.105858846617833	0.00068301989518617
ENSG00000262154	LA16c-352F10.1	chr16	2875334	2875403	-0.10014242140845	0.000695310545472981
ENSG00000121281	ADCY7	chr16	50285225	50285254	-0.11590898572182	0.00069543608300124
ENSG00000156427	FGF18	chr5	170877640	170878252	-0.101970559617845	0.000695928441642623
ENSG00000253608	RP11-770E5.1	chr8	49456262	49456283	-0.100703543847063	0.000700821456371761
ENSG00000254933	RP11-619A14.2	chr11	75902202	75902226	-0.114379762051237	0.000706980574860085
ENSG00000259058	RP11-488C13.4	chr14	77403587	77403633	-0.124018166604699	0.000708290784241184
ENSG00000255144	RP11-589N15.1	chr8	11747006	11747010	-0.112672615265371	0.000716915141864149
ENSG00000236734	GRIFIN	chr7	2518641	2518741	-0.125855158966017	0.000722103533479786
ENSG00000235389	RP11-134K1.3	chr9	8683833	8683862	-0.129582616148888	0.000772676919044258
ENSG00000174125	TLR1	chr4	38807312	38807337	-0.116794474177375	0.000776555971128498
ENSG00000233329	AC068287.1	chr2	142022616	142022662	-0.114373513583249	0.000785252117111486
ENSG00000230731	RP11-478K15.6	chr13	44818496	44818506	-0.126426519439147	0.000787852720229084
ENSG00000269049	AC092291.2	chr16	14569610	14569628	-0.13323317427577	0.000816927995456901
ENSG00000265206	MIR142	chr17	56408532	56408565	-0.116141961356451	0.000818777278545209
ENSG00000163931	TKT	chr3	53277371	53277406	-0.121818790596604	0.00083050264024153
ENSG00000226590	UBE2V1P10	chr9	87655888	87655988	-0.136355861356608	0.000833047553311399
ENSG00000187239	FNBP1	chr9	132652351	132652639	-0.109582269158015	0.000835673139004148
ENSG00000262172	CTD-2529O21.1	chr17	77975746	77975794	-0.141097718884484	0.000844439145861156
ENSG00000258668	COX6CP11	chr14	78112008	78112042	-0.115587476901202	0.00084581623825901
ENSG00000167791	CABP2	chr11	67283663	67283760	-0.138372831412985	0.000846681119535424
ENSG00000073712	FERMT2	chr14	53295589	53295610	-0.101665397057331	0.000852815230431951
ENSG00000203286	AL365202.1	chr9	3441504	3441530	-0.11557792355251	0.000859286594477358
ENSG00000254938	RP11-688I9.4	chr11	126687947	126687958	-0.134407751283052	0.000860352348342837
ENSG00000225733	FGD5-AS1	chr3	14926391	14926436	-0.120303585889016	0.00086041967571871
ENSG00000142178	SIK1	chr21	44832419	44832451	-0.114141455201896	0.000866880146747487
ENSG00000103257	SLC7A5	chr16	87855264	87855291	-0.259460885202902	0.000868981803943824
ENSG00000240201	RP11-269C4.1	chr14	30552803	30552815	-0.126603583042991	0.00087256151547654
ENSG00000239279	RN7SL184P	chr4	114332700	114332735	-0.145027912146845	0.000886182958792874
ENSG00000238224	RP11-522M21.2	chr1	245769124	245769171	-0.114490287626163	0.000887212189027705
ENSG00000254894	NAV2-AS1	chr11	20134158	20134190	-0.104455234746252	0.000888239142039488
ENSG00000197445	C16orf47	chr16	73186745	73186768	-0.157899827728104	0.000889654358006711
ENSG00000249754	RP11-425I13.2	chr4	141221422	141221450	-0.100066515359159	0.000894943205089289
ENSG00000253373	RP11-21C17.1	chr8	70121401	70121443	-0.218614339081576	0.000902263695034343
ENSG00000164089	ETNPPL	chr4	109663573	109663613	-0.1176642787844	0.000903217556832532
ENSG00000005844	ITGAL	chr16	30484107	30484193	-0.113365369973582	0.000910700875284098
ENSG00000226272	ARHGAP26-AS1	chr5	142344991	142345019	-0.111981988937966	0.000912693331590884
ENSG00000258956	COX4I1P1	chr14	62359648	62359668	-0.125483628602002	0.000938409255659711
ENSG00000260719	AC009133.17	chr16	29757360	29757405	-0.120130655475739	0.000953134773007064
ENSG00000253225	RP11-1057N3.2	chr8	130254545	130254556	-0.101965271000279	0.00096501113937031
ENSG00000271307	AF146191.8	chr4	190901123	190901158	-0.110455439041611	0.000980537917768679
ENSG00000207178	RNU6-1122P	chr2	183731467	183731510	-0.136505184607645	0.00099389682527767
ENSG00000084764	MAPRE3	chr2	27194289	27194315	-0.103968586499952	0.00102052268047947
ENSG00000221519	AL390071.1	chr13	36166629	36166637	-0.100597431893874	0.00102490067959922
ENSG00000238615	snoU13	chr15	25145394	25145422	-0.103619877959096	0.00103420506791538
ENSG00000244551	RPL34P29	chr16	50003393	50003542	-0.116514656457581	0.00105632266673151
ENSG00000231492	AP003774.5	chr11	64183120	64183198	-0.108434832061788	0.00105994820982029
ENSG00000223923	AC010136.2	chr2	218867464	218867514	-0.140738704168641	0.00108233008450089
ENSG00000201815	RNU6-526P	chr8	9223824	9223832	-0.102895593836891	0.00108875993269633
ENSG00000175087	PD1K1L	chr1	26421408	26421450	-0.117443886922656	0.0011005078282054
ENSG00000110987	BCL7A	chr12	122468076	122468157	-0.109198955770442	0.00113572201338868
ENSG00000265971	RP11-269G24.6	chr17	61528101	61528144	-0.108447790719242	0.00114613811297513
ENSG00000265871	MIR3174	chr15	90548024	90548037	-0.122534754784702	0.00114909309872575
ENSG00000238407	snoU13	chr13	98527673	98527721	-0.121591029272143	0.00115473494923677
ENSG00000205084	TMEM231	chr16	75569107	75569110	-0.135267251762202	0.00115515460011693
ENSG00000243049	RN7SL33P	chr17	2451100	2451138	-0.111273106655294	0.0011856341200664
ENSG00000196593	ANKRD20A19P	chr13	24522121	24522141	-0.103386654455764	0.001189620914513
ENSG00000233780	HNRNPA1P30	chr13	21514007	21514020	-0.138924760261971	0.00120178814977439
ENSG00000250075	RP11-584P21.2	chr4	68143060	68143099	-0.116795726439429	0.00122543782465061
ENSG00000171206	TRIM8	chr10	104417099	104417131	-0.102358315783697	0.00124403253345825
ENSG00000199420	RN7SKP170	chr4	15200166	15200182	-0.138532517447522	0.00125711660107533
ENSG00000134020	PEBP4	chr8	22573006	22573144	-0.11882037806186	0.00126450629666675
ENSG00000221631	AP000897.1	chr18	7738828	7738863	-0.101693481747645	0.0012663898183736
ENSG00000269014	CTB-147N14.4	chr19	47333884	47333932	-0.130740539869323	0.00127270100565104
ENSG00000262884	CTD-3060P21.1	chr17	28433270	28433319	-0.147319831986299	0.00127424531193472
ENSG00000253654	CTD-2210A23.1	chr8	49162455	49162501	-0.145269623534223	0.00127927936357778

ENSG00000230637	CTA-246H3.8	chr22	25723232	25723277	-0.111117825023678	0.00128898026956179
ENSG00000212007	AL596329.1	chr13	62274708	62274718	-0.121329805540905	0.00129916475912924
ENSG00000263542	AL157407.1	chr1	68523941	68523963	-0.108281303952437	0.00130230045205591
ENSG00000258383	CTD-2200A16.1	chr14	99786811	99787034	-0.101676041004372	0.00131586775940739
ENSG00000253205	CTD-3046C4.1	chr8	64235275	64235318	-0.102031948931031	0.0013512203899451
ENSG00000236860	RPL39P29	chr13	102925617	102925628	-0.115178464701541	0.00138403513241433
ENSG00000068793	CYFIP1	chr15	22923530	22923553	-0.146837600369619	0.00138552828293332
ENSG00000263795	MIR5100	chr10	43522052	43522092	-0.143054772799461	0.00139133211730839
ENSG00000258033	RP11-350G24.2	chr12	101480415	101480503	-0.103568960965254	0.00139179079351837
ENSG00000257748	RP11-966I7.3	chr14	29273954	29273968	-0.106225457045297	0.00140643083278491
ENSG00000236520	GPC6-AS1	chr13	94822586	94822635	-0.162383068737382	0.0014086358563969
ENSG00000254845	OR8G7P	chr11	124109459	124109522	-0.202984609242044	0.00141144301411643
ENSG00000255108	AP006621.8	chr11	824254	824462	-0.11841190583652	0.00141396659514915
ENSG00000221236	AL137190.1	chr14	96562617	96562667	-0.128177926445185	0.00142775773527837
ENSG00000118046	STK11	chr19	1192594	1192663	-0.120309380425071	0.00144986862299106
ENSG00000242945	RPL29P32	chr18	51220548	51220568	-0.19924833350241	0.00147150194608349
ENSG00000239218	RPS20P22	chr8	38288398	38288425	-0.109263458342023	0.0014861748712082
ENSG00000235513	RP4-756G23.5	chr22	41613624	41613712	-0.112773369573933	0.00151134224578666
ENSG00000149657	LSM14B	chr20	60692965	60692994	-0.107023465715417	0.00153322630829561
ENSG00000204054	LINC00963	chr9	132246969	132247010	-0.109523198373319	0.00153660354486423
ENSG00000249737	RP1-167G20.2	chr5	16436350	16436404	-0.108755210741529	0.00156008770813213
ENSG00000263979	MIR4672	chr9	130638172	130638210	-0.130083606632225	0.00158373007496892
ENSG00000258708	SLC25A21-AS1	chr14	37639855	37639869	-0.102575897874996	0.00159807798441676
ENSG00000217258	AC007249.3	chr2	10634313	10634345	-0.109528181680367	0.00160022196344973
ENSG00000119487	MAPKAP1	chr9	128187742	128187756	-0.126523937974109	0.00162750894569516
ENSG00000268470	DNAH17-AS1	chr17	76495054	76495071	-0.101388744751061	0.00163828681645668
ENSG00000253250	C8orf88	chr8	91953076	91953137	-0.115917269064641	0.00165182464232055
ENSG00000225806	RP1-309F20.3	chr20	57443952	57444022	-0.142317541879737	0.00170110697210193
ENSG00000175463	TBC1D10C	chr11	67174843	67174861	-0.136642029745215	0.00170476960257727
ENSG00000234703	AF015262.2	chr21	36399157	36399246	-0.122003704530278	0.00172201049011196
ENSG00000269640	CTD-2521M24.9	chr19	17516212	17516234	-0.123699297927443	0.00172853877522953
ENSG00000137656	BUD13	chr11	116596621	116596646	-0.111923103976963	0.00192647210414635
ENSG00000223549	MTND5P28	chr2	120973948	120974091	-0.126214488115743	0.00194904152525979
ENSG00000182095	TNRC18	chr7	5342921	5342988	-0.10738257796269	0.00196314233272277
ENSG00000115526	CHST10	chr2	101008280	101008311	-0.106096029025037	0.00197999943950975
ENSG00000232163	RPLP1P13	chr13	23966152	23966201	-0.134580937231272	0.00199030950456947
ENSG00000186918	ZNF395	chr8	28196926	28196990	-0.137802959815216	0.00199990923790398
ENSG00000181939	OR4C15	chr11	55322719	55322753	-0.11093495128473	0.00200057132111645
ENSG00000213908	CYP2A7P1	chr19	41533103	41533123	-0.10695706477347	0.00203640087501878
ENSG00000238629	snoU13	chr13	111048495	111048543	-0.133051010118773	0.0020526990774913
ENSG00000263414	MIR3187	chr19	817783	817811	-0.115009526803872	0.00206055990620427
ENSG00000234796	AC113607.3	chr2	923343	923436	-0.106317266993694	0.002090835797517
ENSG00000148948	LRRC4C	chr11	40243484	40243493	-0.112180596319714	0.00209930791867542
ENSG00000149798	CDC42EP2	chr11	65078845	65078885	-0.122453610042037	0.00211153556800151
ENSG00000163171	CDC42EP3	chr2	37853449	37853493	-0.135818236677262	0.00217830356683665
ENSG00000238808	RNU7-102P	chr8	70014267	70014301	-0.115383516558279	0.00222814933276276
ENSG00000229393	RP3-395M20.3	chr1	2428170	2428347	-0.105845029260578	0.00223591419042868
ENSG00000255475	RP11-687M24.4	chr11	125009657	125009685	-0.104542411541399	0.00230953222193299
ENSG00000170153	RNF150	chr4	141859666	141859672	-0.10302885079319	0.0023288511032316
ENSG00000261003	RP1-140C12.2	chr6	170753179	170753224	-0.180925740089125	0.00233519389188665
ENSG00000205396	LINC00661	chr19	16130666	16130695	-0.103555350827994	0.00242950662278216
ENSG00000259749	CTD-2022H16.2	chr15	30277664	30277749	-0.11508640321823	0.00249944601495648
ENSG00000100298	APOBEC3H	chr22	39496237	39496332	-0.103621475063043	0.00255803766601838
ENSG00000109654	TRIM2	chr4	154058236	154058264	-0.101411835403528	0.00257658394060732
ENSG00000171219	CDC42BPG	chr11	64582200	64582244	-0.106541155055837	0.00268047131769413
ENSG00000252783	RNU6-835P	chr14	88462582	88462612	-0.126266725521718	0.00272969951767839
ENSG00000270347	CTC-339O9.2	chr19	54160970	54161002	-0.10270262495027	0.00277440024266922
ENSG00000211454	AKR7L	chr1	19600250	19600323	-0.120948996876061	0.00285475989131436
ENSG00000164270	HTR4	chr5	147862635	147862727	-0.102078521034139	0.00287681781523529
ENSG00000213697	CTBP2P6	chr11	43537853	43537868	-0.131673949171504	0.00295009571622875
ENSG00000175820	CCDC168	chr13	103386999	103387002	-0.107548936192533	0.00304197079269585
ENSG00000204306	AP002348.1	chr11	120387564	120387634	-0.1451246051904	0.00312050091200104
ENSG00000221273	MIR1237	chr11	64140332	64140413	-0.104737083058319	0.00314730542968147
ENSG00000251878	SNORD79	chr4	185371236	185371274	-0.161307238915824	0.00323592354794163
ENSG00000267614	AC138472.6	chr19	45033539	45033577	-0.112459837670159	0.00329659038397467
ENSG00000249279	CTC-436P18.3	chr5	60541861	60541887	-0.142161243000049	0.00337879615668509
ENSG00000053438	NNAT	chr20	36151215	36151239	-0.100267755047737	0.00375493669843816
ENSG00000199335	RNU6-204P	chr4	3047070	3047106	-0.113779253854352	0.00389700692451497
ENSG00000159692	CTBP1	chr4	1203636	1203641	-0.102207313302375	0.00422916843270408

ENSG00000225879	RP3-495K2.3	chr6	169287262	169287297	-0.103195732005926	0.00478348327842382
ENSG00000101190	TCFL5	chr20	61472073	61472234	-0.152851516058767	0.00525749628368603
ENSG00000101000	PROCR	chr20	33762362	33762471	-0.101995124131471	0.00748200023523832

Conventional adenomas versus normal mucosa - Hypermethylated DMRs

ENSEMBL ID	GENE SYMBOL	Chr	Start	End	Median methylation difference (>0.1)	Adjusted median P-value
ENSG00000252860	RNU6-570P	chr1	200010740	200010810	0.406320597485049	1.93603569637393E-31
ENSG00000102924	CBLN1	chr16	49311698	49311848	0.302437272225304	1.84398891259497E-29
ENSG00000023191	RNH1	chr11	504873	504968	0.362504013419585	2.898838021185E-29
ENSG00000234602	MCIDAS	chr5	54518087	54518168	0.327405046813782	1.31746821720649E-26
ENSG00000174473	GALNTL6	chr4	172733488	172733521	0.297307590426465	1.43261807655851E-25
ENSG00000178814	OPLAH	chr8	145106058	145106503	0.445435202748141	2.43211360697376E-25
ENSG00000162458	FBLIM1	chr1	16084749	16084843	0.422635553597464	1.21244468192893E-24
ENSG00000129596	CDO1	chr5	115152019	115152119	0.385252473969832	1.03614334684311E-23
ENSG00000222436	RN7SKP278	chr10	110672251	110672325	0.342353552050227	5.83525087914754E-23
ENSG00000260642	RP11-717I24.1	chr15	32639271	32639494	0.345688586691137	2.00986431240942E-22
ENSG00000144476	ACKR3	chr2	237476527	237476767	0.329457107622434	3.66200057437576E-22
ENSG00000272311	IFNL4P1	chr19	39755025	39755520	0.286033700001598	4.46547206620209E-22
ENSG00000165973	NELL1	chr11	20690580	20691268	0.40539852394555	2.19018700349032E-21
ENSG00000228426	RP11-402L1.11	chr10	44162659	44162699	0.240649204966559	2.19601207500873E-21
ENSG00000216859	RP11-448N11.1	chr6	62996016	62996227	0.42861493512197	2.33226857335628E-21
ENSG00000232789	AC053503.2	chr2	220223283	220223351	0.239089906611832	7.49873942720667E-21
ENSG00000242020	RN7SL68P	chr5	140857872	140857990	0.418071172307159	1.28690287850353E-20
ENSG00000272457	RP11-1070A24.2	chr8	54789207	54789221	0.356440505687466	1.85918323500991E-20
ENSG00000183733	FIGLA	chr2	71017105	71017211	0.282265131157176	2.33786563997901E-20
ENSG00000268119	CTD-2561J22.5	chr19	21646470	21646525	0.344335426924982	2.54513892175538E-20
ENSG00000144868	TMEM108	chr3	132756991	132757335	0.324738571624538	3.72311465631334E-20
ENSG00000240225	ZNF542	chr19	56879418	56879975	0.287489697505341	4.37912454845207E-20
ENSG00000242419	PCDHGC4	chr5	140864701	140864733	0.396250531427728	5.69477443144188E-20
ENSG00000141433	ADCYAP1	chr18	904734	905180	0.321552276831167	7.16177012601065E-20
ENSG00000168594	ADAM29	chr4	175750760	175750809	0.368987291620241	1.53908734430986E-19
ENSG00000249860	MTRNR2L5	chr10	57387406	57387480	0.32611755712304	1.56254869916584E-19
ENSG00000266998	RP11-936I5.1	chr17	75369456	75369881	0.351838052894419	1.94961537214243E-19
ENSG00000267271	RP11-686D22.2	chr17	33672603	33672713	0.236901234076321	2.02398711498441E-19
ENSG00000242793	AC135999.2	chr15	27018936	27018954	0.285616743599473	2.25390457060179E-19
ENSG00000199620	RNA5SP258	chr8	25909270	25909685	0.329643401454932	2.40526899092774E-19
ENSG00000155052	CNTNAP5	chr2	124782708	124783022	0.368795239782745	2.79461653880411E-19
ENSG00000157103	SLC6A1	chr3	11034863	11034907	0.257681737063336	2.95156059518341E-19
ENSG00000249743	RP11-60A8.1	chr5	72526173	72526496	0.28716455585375	1.08222188772287E-18
ENSG00000221288	MIR663B	chr2	133014494	133014742	0.286696391655557	1.34222320445558E-18
ENSG00000119865	CNRIP1	chr2	68547010	68547099	0.389882218708514	1.38197741109931E-18
ENSG00000266970	RP11-806H10.4	chr17	76355115	76355441	0.361743441352766	1.42508415374771E-18
ENSG00000254906	RP11-701I24.3	chr11	20692012	20692113	0.365318730715269	1.51735900329561E-18
ENSG00000185149	NPY2R	chr4	156129727	156129783	0.328803298171078	1.51960469466038E-18
ENSG00000113430	IRX4	chr5	1877850	1877917	0.346755064211771	1.55613695607335E-18
ENSG00000258197	NKX2-2-AS1	chr20	21492624	21493212	0.390698129099688	2.10455222108555E-18
ENSG00000234695	AC002076.10	chr7	93519940	93520181	0.375119684500691	2.28324243916899E-18
ENSG00000257935	RP11-82C23.2	chr12	113909918	113909934	0.266826411070819	2.48942711204966E-18
ENSG00000069011	PITX1	chr5	134363433	134363472	0.364871774004765	2.80867681531637E-18
ENSG00000230126	FGF12-AS2	chr3	192232580	192232858	0.356077909772251	2.88065979293335E-18
ENSG00000257056	RP11-966I7.2	chr14	29254938	29255119	0.254507974731719	3.57218528356036E-18
ENSG00000186766	FOXI2	chr10	129535384	129535930	0.363864992543773	4.63158891303234E-18
ENSG00000177272	KCNA3	chr1	111216711	111217715	0.366780838920904	5.22266227486434E-18
ENSG00000268626	AC103809.2	chr17	72347936	72348312	0.383722891965244	5.66618808195861E-18
ENSG00000072195	SPEG	chr2	220299493	220300189	0.26658243018386	7.29074057847847E-18
ENSG00000259981	AF096876.1	chr21	31312489	31312539	0.358393876399324	8.6943460874014E-18
ENSG00000231417	IRX1P1	chr13	25319985	25320490	0.302965380192573	9.09913645531726E-18
ENSG00000172794	RAB37	chr17	72667205	72667394	0.185912931620498	9.70337921987959E-18
ENSG00000078549	ADCYAP1R1	chr7	31092854	31092888	0.228610592730191	9.98550166236524E-18
ENSG00000219755	RP1-199J3.5	chr6	100038656	100038719	0.198369407490358	1.00722183939437E-17
ENSG00000236333	TRHDE-AS1	chr12	72667707	72667745	0.378179637763652	1.0086680657819E-17
ENSG00000187553	CYP26C1	chr10	94820945	94820997	0.274741505108591	1.02374459694841E-17
ENSG00000172901	AQPEP	chr5	115297895	115298092	0.312275035162843	1.06819732159107E-17
ENSG00000221698	MIR548H3	chr17	13503841	13503957	0.338480854963304	1.13021691039713E-17

ENSG00000185630	PBX1	chr1	164545541	164545781	0.10912183269733	1.17934466834714E-17
ENSG00000266392	MIR4740	chr17	79374309	79374559	0.172448029117769	1.25348419181026E-17
ENSG00000184557	SOCS3	chr17	76354582	76354669	0.365509684129391	1.26086665200907E-17
ENSG00000259881	RP11-830F9.5	chr16	88947161	88947232	0.348603110451377	1.36598282523789E-17
ENSG00000267004	CTD-2659N19.4	chr19	12832108	12832224	0.381960575102187	1.58379792830095E-17
ENSG00000249516	CTD-2201E18.2	chr5	42944090	42944127	0.282008783174819	1.77298521747521E-17
ENSG00000115232	ITGA4	chr2	182321762	182321900	0.348853625697206	1.78954054401474E-17
ENSG00000141485	SLC13A5	chr17	6616763	6616888	0.314638241812231	1.82538090194574E-17
ENSG00000223214	AC091559.1	chr8	15397637	15398053	0.283557540557933	2.06878946798782E-17
ENSG00000160410	SHKBP1	chr19	41074306	41074355	0.274330815785525	2.1203534927044E-17
ENSG00000137731	FXD2	chr11	117667189	117667328	0.224442042990166	2.32860822298867E-17
ENSG00000143632	ACTA1	chr1	229569756	229569902	0.29134745006196	2.60189748318902E-17
ENSG00000221610	AC107890.1	chr8	114444370	114444527	0.268037544041962	2.67013786593872E-17
ENSG00000246774	AC004051.2	chr4	110224141	110224256	0.374829426641548	3.25427151533909E-17
ENSG00000115295	CLIP4	chr2	29338053	29338766	0.37688376751982	3.46973522551437E-17
ENSG00000164778	EN2	chr7	155258197	155258243	0.350710701605826	5.14511780505146E-17
ENSG00000183098	GPC6	chr13	93878969	93879042	0.33408075831107	5.16438552777116E-17
ENSG00000211765	TRBJ2-2	chr7	142494213	142494251	0.326932618608629	5.3079459153648E-17
ENSG00000228778	RP11-129J12.1	chr10	101287810	101287891	0.273291823985259	5.3866518126183E-17
ENSG00000258945	RP11-497E19.2	chr14	85995653	85995655	0.323647592235039	5.69320563574553E-17
ENSG00000226172	RP4-712E4.1	chr1	119542277	119542314	0.258408871776081	6.08594248540676E-17
ENSG00000264194	AC000003.2	chr17	10101035	10101943	0.390613134965424	6.30935030399352E-17
ENSG00000179058	C9orf50	chr9	132382276	132383017	0.411208572566374	6.37215439049773E-17
ENSG00000105472	CLEC11A	chr19	51231636	51231849	0.233989473489581	6.82727726949425E-17
ENSG00000153266	FEZF2	chr3	62355289	62355321	0.330886836211558	6.97871169946699E-17
ENSG00000118526	TCF21	chr6	134210253	134210279	0.252010705843111	7.08383303796995E-17
ENSG00000230948	AP001331.1	chr8	109096299	109096301	0.300119048053791	8.35841641377105E-17
ENSG00000164326	CARTPT	chr5	71014900	71015002	0.240568364314945	8.46465392306285E-17
ENSG00000226425	RP11-348J12.2	chr10	94820027	94820083	0.274478205137992	8.50880140866013E-17
ENSG00000224807	DUX4L9	chr4	190941812	190941861	0.275409959164183	9.3398868577143E-17
ENSG00000187013	C17orf82	chr17	59485742	59485767	0.284706667089055	9.98633183152075E-17
ENSG00000154654	NCAM2	chr21	22370344	22370806	0.395170219157663	1.00394516912657E-16
ENSG00000120549	KIAA1217	chr10	23983670	23983835	0.365069334599545	1.11774190582482E-16
ENSG00000237425	RPSAP2	chr6	28697951	28697967	0.30934483275182	1.12714680555489E-16
ENSG00000105464	GRIN2D	chr19	48917681	48917880	0.363859996184438	1.2292757632527E-16
ENSG00000249404	CTD-2234B20.1	chr5	22853484	22853494	0.230452560335615	1.36412055265632E-16
ENSG00000146352	CLVS2	chr6	123317136	123317212	0.359148410518869	1.40387052327976E-16
ENSG00000146001	PCDHB18	chr5	140614089	140614130	0.224517352384682	1.42805207689654E-16
ENSG00000268898	AC007377.1	chr2	40678173	40678222	0.285698198494167	1.46092165692238E-16
ENSG00000260233	SSSCA1-AS1	chr11	65325048	65325316	0.190931459392215	1.56074470041463E-16
ENSG00000105447	GRWD1	chr19	48947629	48947664	0.402828035403062	1.6532763926773E-16
ENSG00000159239	C2orf81	chr2	74641973	74642085	0.310210771539158	1.65861407224397E-16
ENSG00000169594	BNC1	chr15	83952935	83953780	0.34033779887545	1.67150939481464E-16
ENSG00000152977	ZIC1	chr3	147111066	147111182	0.302926771474963	1.85630105528539E-16
ENSG00000132819	RBM38	chr20	55967630	55967660	0.221467330784317	2.16977326608392E-16
ENSG00000246448	RP13-578N3.3	chr4	144620928	144621860	0.361405709539727	2.17659777718832E-16
ENSG00000199077	MIR129-2	chr11	43602694	43603214	0.360423277567413	2.32805517616131E-16
ENSG00000234740	RP11-272P10.2	chr9	13278512	13278977	0.326391236284656	2.63990557474454E-16
ENSG00000182631	RXFP3	chr5	33936458	33936615	0.303722887485358	3.02262066142367E-16
ENSG00000176998	HCG4	chr6	29760499	29760909	0.253720998073602	3.36577062304366E-16
ENSG00000161681	SHANK1	chr19	51162678	51162790	0.370572374665872	3.49692180464156E-16
ENSG00000162545	CAMK2N1	chr1	20799948	20799973	0.304387931773088	3.69588667166466E-16
ENSG00000270163	RP11-1085N6.6	chr14	57265990	57266056	0.335808654913235	3.7747166848058E-16
ENSG00000201142	RNVU1-8	chr1	146551399	146551536	0.292308875071441	3.81344597505419E-16
ENSG00000159182	PRAC1	chr17	46799645	46799668	0.341706742685479	3.91900143442403E-16
ENSG00000198797	BRINP2	chr1	177140588	177140635	0.316134047204183	4.44675065453819E-16
ENSG00000188722	AL391005.1	chr10	129534501	129534879	0.344593355238456	4.51215563712344E-16
ENSG00000182255	KCNA4	chr11	30038523	30038822	0.316530224638524	4.88326095465386E-16
ENSG00000125740	FOSB	chr19	45976123	45976234	0.329472313931282	4.95754254237844E-16
ENSG00000268379	CTC-360J11.4	chr19	57683693	57683833	0.375847338135763	5.37901912038404E-16
ENSG00000253125	RP11-459E5.1	chr8	22547509	22548427	0.346212148690376	5.64370573194576E-16
ENSG00000136750	GAD2	chr10	26505156	26505285	0.350098906482366	5.75123686199125E-16
ENSG00000179636	TPPP2	chr14	21491406	21491415	0.173510030363433	5.92269814510124E-16
ENSG00000138650	PCDH10	chr4	134070187	134070437	0.373000569654966	6.14971437528155E-16
ENSG00000249497	RP11-1079K10.5	chr17	47547353	47547513	0.264151037520142	6.98561631925794E-16
ENSG00000211766	TRBJ2-2P	chr7	142494389	142494439	0.33288176613917	7.25723706710854E-16
ENSG00000252837	RN7SKP99	chr14	58331898	58332909	0.335892975162205	7.28212461174743E-16
ENSG00000229520	LINC00404	chr13	112760378	112760490	0.339330356936694	7.44327669407103E-16
ENSG00000267695	RP11-1030E3.1	chr18	47824995	47825382	0.287588472585568	7.7591871596987E-16

ENSG00000259603	CTD-2012M11.3	chr5	3600202	3600389	0.290081970390462	8.33736673822735E-16
ENSG00000134443	GRP	chr18	56887002	56887691	0.278587434347602	8.85676806409604E-16
ENSG00000182674	KCNB2	chr8	73449775	73449795	0.10393904987067	9.0074440247944E-16
ENSG00000250372	MARK2P4	chr4	176923822	176923827	0.303012015015261	9.17989474058505E-16
ENSG00000137203	TFAP2A	chr6	10391002	10391069	0.331179641584277	9.77688576972955E-16
ENSG00000176293	ZNF135	chr19	58570557	58570654	0.388320071354152	1.08053332515861E-15
ENSG00000230119	AC123900.2	chr3	33259782	33259830	0.342094831989431	1.11382100175361E-15
ENSG00000250366	LINC00617	chr14	96342611	96343553	0.325162765838907	1.13007390986251E-15
ENSG00000185760	KCNQ5	chr6	73331531	73331555	0.368657045631024	1.15814060766705E-15
ENSG00000134871	COL4A2	chr13	110958478	110958503	0.256748917535904	1.36986069551084E-15
ENSG00000199276	RNA5SP26	chr13	38443104	38443242	0.284452977220195	1.44750708801128E-15
ENSG00000181072	CHRM2	chr7	136553421	136553486	0.3396625317265	1.49887492685473E-15
ENSG00000249771	RP11-457P14.5	chr4	41884937	41885090	0.123203727993542	1.64992932256511E-15
ENSG00000219438	FAM19A5	chr22	48884943	48885442	0.358571910571902	2.22647681604851E-15
ENSG00000088992	TESC	chr12	117471700	117471731	0.332769251174889	2.23682837211974E-15
ENSG00000267312	RP11-1094M14.7	chr17	33776773	33776861	0.245748901249697	2.37503728617129E-15
ENSG00000235608	NKX1-1	chr4	1399577	1400691	0.355740447375775	2.58066617087122E-15
ENSG00000178235	SLITRK1	chr13	84456474	84456577	0.257818271287318	2.79288276241173E-15
ENSG00000225510	PCDH8P1	chr13	53776478	53776509	0.291199898272333	2.92797786877131E-15
ENSG00000166569	CPLX4	chr18	56941929	56942066	0.260886574102001	2.94017639692365E-15
ENSG00000132840	BHMT2	chr5	78365310	78365739	0.259244441706366	2.99227882363679E-15
ENSG00000234377	RNF219-AS1	chr13	78493786	78493823	0.287684928373979	3.06923042726148E-15
ENSG00000121005	CRISPLD1	chr8	75896529	75896896	0.342574592392378	3.14727435725287E-15
ENSG00000237645	RP11-521A24.1	chr3	173303483	173303516	0.248951587118742	3.17469025478609E-15
ENSG00000258952	RP11-1042B17.5	chr14	61108130	61108176	0.266659556444919	3.19561810772096E-15
ENSG00000271743	CTD-2541M15.3	chr8	6420841	6420858	0.187425699700081	3.41360299113274E-15
ENSG00000077327	SPAG6	chr10	22634089	22634634	0.359387265843299	3.45255293223187E-15
ENSG00000223969	AC002456.2	chr7	90226527	90226609	0.184014951136793	3.5712643218604E-15
ENSG00000110881	ASIC1	chr12	50426885	50426917	0.255077345641299	3.62717297837543E-15
ENSG00000257495	RP11-641A6.2	chr12	52995127	52995311	0.164201936049165	3.68832332127405E-15
ENSG00000224059	HSPA8P16	chr7	84815088	84815103	0.340890541770291	3.74411175423057E-15
ENSG00000170469	SPATA24	chr5	138729769	138730227	0.33157096050219	3.9865416007303E-15
ENSG00000271474	RP11-710C12.1	chr4	96470244	96470378	0.396359086413493	4.11196815127018E-15
ENSG00000181201	HIST3H2BA	chr1	228652275	228652332	0.296992048264755	4.5238992922898E-15
ENSG00000165966	PDZRN4	chr12	41582276	41582298	0.345748669058647	4.6039460217109E-15
ENSG00000115844	DLX2	chr2	172958324	172958353	0.171873045109205	4.87964744134504E-15
ENSG00000136732	GYPC	chr2	127413677	127414170	0.291116569466868	4.98862008108369E-15
ENSG00000232596	RP1-37J18.2	chr1	4645393	4645517	0.244793885646402	5.11114830835104E-15
ENSG00000152578	GRIA4	chr11	105480737	105480792	0.277309091089237	5.53311896367531E-15
ENSG00000188848	BEND4	chr4	42154840	42154977	0.279087481268602	5.65368596975108E-15
ENSG00000179796	LRRC3B	chr3	26664285	26664331	0.316071458870561	6.62024739924445E-15
ENSG00000147481	SNTG1	chr8	50822271	50822381	0.346534189520243	7.90717393683896E-15
ENSG00000147576	ADHFE1	chr8	67344498	67344588	0.450142818987057	7.96221393104175E-15
ENSG00000255399	TBX5-AS1	chr12	114845884	114846068	0.267724152303343	8.00562857056082E-15
ENSG00000060303	RPS17P5	chr6	50819390	50819411	0.231022474078113	8.11307262413707E-15
ENSG00000178860	MSC	chr8	72756710	72756935	0.303975170574926	8.21772392032271E-15
ENSG00000249368	RP11-782K4.1	chr8	15095264	15095284	0.376403560569294	8.29874639153333E-15
ENSG00000242822	RN7SL575P	chr2	95664348	95664423	0.328007944736506	8.56415939278243E-15
ENSG00000130037	KCNA5	chr12	5152931	5153054	0.279829426682127	9.01452553679259E-15
ENSG00000259993	RP11-261B23.1	chr15	30515159	30515317	0.36488693993625	9.21993892347186E-15
ENSG00000146618	FERD3L	chr7	19184819	19185020	0.262119447259748	9.22206235537919E-15
ENSG00000165379	LRFN5	chr14	42076710	42076759	0.33134829947936	9.28260501924468E-15
ENSG00000213174	RP11-373E16.1	chr3	170303879	170303917	0.289986088945089	9.42773390077784E-15
ENSG00000254187	CTB-78F1.1	chr5	167001037	167001057	0.136753941513004	9.91576420163396E-15
ENSG00000174576	NPAS4	chr11	66188111	66188951	0.22512219987456	1.01944979899934E-14
ENSG00000235029	MNX1-AS2	chr7	156799021	156799095	0.274981615608531	1.02352590021852E-14
ENSG00000155970	MICU3	chr8	16884364	16884716	0.329493624174847	1.05305845494332E-14
ENSG00000259430	RP11-168G16.2	chr15	100913446	100913639	0.370983691285232	1.05653666099048E-14
ENSG00000118946	PCDH17	chr13	58205956	58205965	0.386450856382225	1.05728054707392E-14
ENSG00000143469	SYT14	chr1	210111162	210112037	0.311725755650406	1.05818393214328E-14
ENSG00000258995	RP11-1112J20.1	chr14	63512382	63512970	0.356553000178043	1.06296241812252E-14
ENSG00000250846	RP11-807H7.1	chr4	66535056	66535655	0.349346810413388	1.08962413591048E-14
ENSG00000177294	FBXO39	chr17	6679476	6679709	0.387710676238684	1.24990423817781E-14
ENSG00000213366	GSTM2	chr1	110210582	110210635	0.396255960458015	1.28364504829497E-14
ENSG00000223432	RP11-62L18.3	chr10	123355701	123355775	0.325941299345313	1.31943563359914E-14
ENSG00000232046	AC007392.3	chr2	66803183	66803469	0.310455321428108	1.36482720952445E-14
ENSG00000258713	C20orf141	chr20	2802263	2802304	0.236715654852927	1.41497381701567E-14
ENSG00000242107	LINC01100	chr3	159756639	159756996	0.289654597038377	1.41706919288882E-14
ENSG00000270275	RP11-53M11.4	chr8	55382565	55383188	0.366207791225345	1.48380379957469E-14

ENSG00000197050	ZNF420	chr19	37464667	37464751	0.387921183979795	1.53923035235945E-14
ENSG00000267254	CTD-2162K18.5	chr19	37288352	37288450	0.407256866975292	1.67180346947735E-14
ENSG00000178187	ZNF454	chr5	178368185	178368440	0.342078020618407	1.81262178131476E-14
ENSG00000181790	BAI1	chr8	143531994	143532082	0.308595661227098	1.90439704456199E-14
ENSG00000119614	VSX2	chr14	74706164	74706476	0.288647283022679	1.90599892553482E-14
ENSG000000825641	RNU6-678P	chr3	133393119	133393201	0.192070184571528	1.94276211020053E-14
ENSG00000249116	CTD-2194D22.3	chr5	1884603	1884684	0.279924303570191	1.96132860356028E-14
ENSG00000207965	MIR629	chr15	70381450	70381486	0.317323018251131	1.98823345702754E-14
ENSG00000180336	C17orf104	chr17	42733662	42733906	0.331759851563646	2.01051559972626E-14
ENSG00000207819	MIR9-3	chr15	89910860	89911234	0.284342049946416	2.03948319703448E-14
ENSG00000232895	RP4-543J13.1	chr1	114697625	114697740	0.283998333175925	2.09174185961962E-14
ENSG00000082556	OPRK1	chr8	54164028	54164442	0.352529247480414	2.17147866771349E-14
ENSG00000170017	ALCAM	chr3	105072760	105072815	0.284129847136394	2.21145591210641E-14
ENSG00000235559	NOL5BP	chr6	28753884	28753968	0.242124156502977	2.28881452177671E-14
ENSG00000179452	RP11-380B22.1	chr1	181286604	181286636	0.226593423465516	2.38791750294265E-14
ENSG00000130226	DPP6	chr7	153584204	153584443	0.37300412087753	2.45776970387745E-14
ENSG00000205002	AARD	chr8	117950401	117950412	0.327306169540119	2.50951966454058E-14
ENSG00000257319	RP11-478B9.1	chr12	45444498	45444895	0.33536741103639	2.5780830597675E-14
ENSG00000249562	RP11-116O11.2	chr5	24645076	24645110	0.289359141161099	2.6542633607925E-14
ENSG00000206052	DOK6	chr18	67067781	67069150	0.378813463355383	2.73072069150487E-14
ENSG00000243836	WDR86-AS1	chr7	151107229	151107447	0.307851499383045	2.79075856564325E-14
ENSG00000256463	SALL3	chr18	76739395	76741343	0.365969351040727	2.80629362182792E-14
ENSG00000165138	ANKS6	chr9	101472291	101472331	0.292522919802327	3.024353174652E-14
ENSG00000197721	CR1L	chr1	207818312	207818423	0.25683982593182	3.22010685217842E-14
ENSG00000159387	IRX6	chr16	55357579	55357842	0.252074097071928	3.47435279500965E-14
ENSG00000157168	NRG1	chr8	31496526	31497231	0.349590596428733	3.50655111844587E-14
ENSG00000171724	VAT1L	chr16	77822278	77822860	0.310927172565247	3.50800707892023E-14
ENSG00000121743	GJA3	chr13	20716138	20716428	0.295552966755855	3.51767942403225E-14
ENSG00000174951	FUT1	chr19	49249036	49249188	0.295890189309879	3.75942060585205E-14
ENSG00000226534	KB-1183D5.16	chr22	21715306	21715810	0.311194226578589	3.80373766264824E-14
ENSG00000061918	GUCY1B3	chr4	156680096	156680654	0.358254599410825	3.80926479656784E-14
ENSG00000263207	RP11-26L20.4	chr16	55366068	55366130	0.257039639110793	3.9793946224943E-14
ENSG00000269779	CTD-2542C24.2	chr19	20844384	20844411	0.221355030064443	4.07278818854284E-14
ENSG00000229533	AC003986.5	chr7	19183986	19184043	0.276644191056491	4.24068237280103E-14
ENSG00000224243	LINC00403	chr13	112761296	112761404	0.264471557017292	4.31711691896971E-14
ENSG00000111249	CUX2	chr12	111471679	111471915	0.340421587108438	4.35016199303104E-14
ENSG00000226387	SORCS3-AS1	chr10	106440793	106440924	0.161671257683307	4.35871453854404E-14
ENSG00000251536	RP11-572C21.1	chr12	130387172	130387211	0.271331973368783	4.68923290103835E-14
ENSG00000258073	RP11-1079J22.1	chr12	85307131	85307166	0.297596228743229	4.70431395114278E-14
ENSG00000171435	KSR2	chr12	117799253	117799429	0.306583738539988	4.8649019557197E-14
ENSG00000255686	RP11-227B21.2	chr12	117799253	117799429	0.306583738539988	4.8649019557197E-14
ENSG00000180053	NKX2-6	chr8	23559747	23560647	0.32074885204236	4.93305918201021E-14
ENSG00000213438	YBX2P1	chr10	125751205	125751609	0.365376752314912	5.2119492385011E-14
ENSG00000242540	AC010729.1	chr2	5836330	5836388	0.392847826043595	5.4306619162347E-14
ENSG00000262521	AJ003147.8	chr16	3233981	3234072	0.317544693531515	5.5539760929309E-14
ENSG00000181408	UTS2R	chr17	80333474	80333583	0.240988614308983	5.5812847147313E-14
ENSG00000143995	MEIS1	chr2	66660462	66660577	0.316204453748979	5.76310766545356E-14
ENSG00000132518	GUCY2D	chr17	7906529	7907001	0.329475860796792	5.79229238685766E-14
ENSG00000198185	ZNF334	chr20	45142001	45142327	0.285922425088694	5.91530480024286E-14
ENSG00000236717	RP11-100G15.10	chr9	94910216	94910240	0.108671051043305	5.98783426153619E-14
ENSG00000223652	AC106786.1	chr5	122422903	122422951	0.254842909260278	5.99506455371558E-14
ENSG00000211770	TRBJ2	chr7	142494564	142495048	0.327797105201599	6.03633930625605E-14
ENSG00000213967	ZNF726	chr19	24097612	24097699	0.35920962121361	6.43120986218593E-14
ENSG00000240265	RP11-62G11.1	chr3	69591012	69591140	0.198004329426625	6.91853452556007E-14
ENSG00000176194	CIDEA	chr18	12254120	12254324	0.317448565740297	6.93609132980848E-14
ENSG00000270412	RP11-92C4.6	chr9	101706453	101706677	0.286315354825322	6.94430449059832E-14
ENSG00000270325	CTC-559E9.12	chr19	19971591	19971631	0.220139517521485	6.95300399506393E-14
ENSG00000185070	FLRT2	chr14	85996495	85996946	0.320122590424728	6.97906516748884E-14
ENSG00000251352	RP11-451H23.2	chr5	180100701	180101227	0.291082395405316	7.197360155141433E-14
ENSG00000258692	SALL4P7	chr14	60951957	60952945	0.322076013844535	7.20499976342048E-14
ENSG00000148357	HMCN2	chr9	133028661	133028702	0.240099172246459	7.25426829033711E-14
ENSG00000162456	KNCN	chr1	47010105	47010131	0.237258769221925	7.31217101521462E-14
ENSG00000186297	GABRA5	chr15	27111435	27111478	0.269553483360966	7.5248537994514E-14
ENSG00000252049	SNORA40	chr10	23461301	23461409	0.270351462203962	7.53879066805739E-14
ENSG00000233363	AC006019.4	chr7	154001965	154002095	0.261175079451225	7.543897936259E-14
ENSG00000170893	TRH	chr3	129693303	129693635	0.317188084752701	7.67106045711248E-14
ENSG00000237665	GRM7-AS2	chr3	6904465	6904614	0.329692073020236	7.99613826267392E-14
ENSG00000151948	GLT1D1	chr12	129337871	129338652	0.304341510265419	8.62744159721559E-14
ENSG00000131845	ZNF304	chr19	57862612	57862720	0.337314002710835	8.69823876460529E-14

ENSG00000269383	AC012493.2	chr2	100938289	100939056	0.372438488605246	8.77714919802704E-14
ENSG00000235338	DUSP5P2	chr3	9595186	9595588	0.345875620296743	8.85545326206161E-14
ENSG00000170500	LONRF2	chr2	100937780	100938166	0.376391972365692	8.95909053692833E-14
ENSG00000216116	AC117479.1	chr3	79815662	79815795	0.254031851497319	9.41425407151456E-14
ENSG00000271956	DLX6-AS2	chr7	96636774	96636817	0.31209460051145	9.59429447271724E-14
ENSG00000185742	AL662890.1	chr6	28743581	28743844	0.255358655446386	9.83168854669415E-14
ENSG00000164736	SOX17	chr8	55370129	55371569	0.333735174439617	1.02059286717818E-13
ENSG00000160075	SSU72	chr1	1476543	1476582	0.102444989975119	1.04647621252033E-13
ENSG00000166573	GALR1	chr18	74961895	74962794	0.351989839060621	1.04848593051062E-13
ENSG00000263656	AC105402.1	chr2	149646002	149646021	0.324598016151725	1.05636236423725E-13
ENSG00000226828	RP11-278H7.1	chr1	244080551	244080781	0.287498857724323	1.08337044419921E-13
ENSG00000185742	C11orf87	chr11	109292789	109293153	0.30483508468309	1.10117767906989E-13
ENSG00000252720	RNU6-1258P	chr14	93897410	93897465	0.291558889806857	1.11154036647509E-13
ENSG00000237438	CECR7	chr22	17517062	17517191	0.253227552433784	1.17798159006973E-13
ENSG00000203335	AC006019.3	chr7	153750493	153750536	0.293703074406523	1.19609253685292E-13
ENSG00000178726	THBD	chr20	23029823	23030361	0.351551449712352	1.39453372433047E-13
ENSG00000244703	CD46P1	chr1	207818548	207818643	0.236608031217527	1.43401174757561E-13
ENSG00000169836	TACR3	chr4	104641033	104641319	0.278334926687108	1.44958183041792E-13
ENSG00000184986	TMEM121	chr14	105993363	105993394	0.121266982705481	1.51867921837089E-13
ENSG00000207816	MIR124-2	chr8	65291703	65291801	0.256247363395701	1.58234866059823E-13
ENSG00000247775	RP11-67M1.1	chr4	90757533	90757570	0.233087189622575	1.61969013911636E-13
ENSG00000171540	OTP	chr5	76935164	76935284	0.331251691956598	1.62611110126763E-13
ENSG00000212308	RNA5SP23	chr1	78956651	78956666	0.287760712849612	1.7104805067832E-13
ENSG00000137265	IRF4	chr6	391865	392181	0.390641607739434	1.74226595516949E-13
ENSG00000243444	PALM2	chr9	112402726	112402944	0.255076825709034	1.78380084778014E-13
ENSG00000271776	RP11-52L5.6	chr13	79170093	79170483	0.342287974946084	1.7880705959644E-13
ENSG00000125378	BMP4	chr14	54418690	54418910	0.423956973285094	1.7921746099855E-13
ENSG00000235065	RPL24P2	chr20	21087110	21087165	0.27656093209318	1.90147149876503E-13
ENSG00000254489	RP5-1024C24.1	chr11	30605570	30605799	0.244943118253252	1.95140470866891E-13
ENSG00000179477	ALOX12B	chr17	7975830	7975930	0.370658930527527	2.01255442382493E-13
ENSG00000143032	BARHL2	chr1	91182769	91182856	0.365497976630983	2.05613718007909E-13
LRG_168	LRG_168	chr20	23029655	23029766	0.358929651743779	2.05633087796987E-13
ENSG00000235118	AC010731.4	chr2	207507001	207507296	0.240890742150364	2.05721536963435E-13
ENSG00000172554	SNTG2	chr2	946506	946773	0.342449800019577	2.09356208583084E-13
ENSG00000256742	RP13-941N14.1	chr12	122017127	122017414	0.11600434020301	2.20142965876569E-13
ENSG00000259110	RP11-359N5.1	chr14	97685075	97685177	0.318272642577001	2.26376301071429E-13
ENSG00000234952	RP11-328K15.1	chr10	119494502	119494822	0.271711993954441	2.323360533895E-13
ENSG00000101292	PROKR2	chr20	5296983	5297097	0.315391194463582	2.32617825144544E-13
ENSG00000168830	HTR1E	chr6	87647219	87647412	0.274081009975938	2.36892578319712E-13
ENSG00000226289	RP11-57I17.3	chr1	207842806	207843065	0.277191126489301	2.47756229477768E-13
ENSG00000132164	SLC6A11	chr3	10857641	10858142	0.285071628331175	2.54019739796698E-13
ENSG00000154646	TMPRSS15	chr21	19618061	19618104	0.347034787419298	2.55736710396754E-13
ENSG00000252109	snoZ178	chr17	50237833	50237870	0.202273093137734	2.59932757104713E-13
ENSG00000134138	MEIS2	chr15	37180824	37180891	0.261832635890911	2.64406393936965E-13
ENSG00000249819	RP11-392C20.1	chr4	158141046	158141076	0.306498498541102	2.66052531593568E-13
ENSG00000248994	RP11-259O2.1	chr5	1931828	1931982	0.271708982177137	2.67470790409562E-13
ENSG00000244300	RP11-475N22.4	chr3	128209868	128209902	0.159669326535776	2.69219615196114E-13
ENSG00000224149	RP11-510C10.3	chr1	75595942	75596001	0.274436325334409	2.70693954538183E-13
ENSG00000180269	GPR139	chr16	20084708	20085465	0.291908733211194	2.71080838491525E-13
ENSG00000238063	RP11-329N22.1	chr1	38942156	38942403	0.244386266269086	2.71538689518812E-13
ENSG00000229142	HCG4P8	chr6	29796124	29796206	0.264513273872177	2.75298097750067E-13
ENSG00000162551	ALPL	chr1	21835832	21836033	0.160964080878408	2.79617628755306E-13
ENSG00000107984	DKK1	chr10	54068545	54068668	0.211032128016444	2.82048286410493E-13
ENSG00000171759	PAH	chr12	103218551	103218681	0.243853645506773	2.82856880612592E-13
ENSG00000268678	CTC-444N24.13	chr19	57862402	57862480	0.326182339655379	2.91868751736255E-13
ENSG00000226757	AC079341.1	chr4	122685757	122685770	0.278182193334558	2.91927552982892E-13
ENSG00000164853	UNCX	chr7	1272418	1272884	0.335389585219626	3.05603466175489E-13
ENSG00000260305	NTRK3-AS1	chr15	88798545	88798580	0.341124249767903	3.07783560875238E-13
ENSG00000133401	PDZD2	chr5	31644006	31640103	0.208928327601409	3.12072540846567E-13
ENSG00000231538	DPP10-AS3	chr2	115420161	115420247	0.265022279627673	3.32860137857138E-13
ENSG00000232285	TCEB2P3	chr2	48982920	48982950	0.249011320890237	3.33085670396364E-13
ENSG00000172461	FUT9	chr6	96463870	96464120	0.333574069796461	3.465462344298E-13
ENSG00000171649	ZIK1	chr19	58094983	58095150	0.298543182576219	3.67267509590726E-13
ENSG00000259961	RP4-597A16.2	chr1	13839711	13839816	0.265116326615939	3.75858444150741E-13
ENSG00000237921	AC004543.2	chr7	19813244	19813261	0.277554864860058	3.89722568291469E-13
ENSG00000257398	RP11-554D14.6	chr12	108237440	108237668	0.343022627137395	3.90274222562165E-13
ENSG00000263945	MIR548Y	chr14	48145455	48145673	0.349549882440625	3.91721898159133E-13
ENSG00000254102	RP11-21C4.1	chr8	65488120	65488289	0.258625617325488	4.06582732341834E-13
ENSG00000145536	ADAMTS16	chr5	5140406	5140878	0.312626249539349	4.17467723285139E-13

ENSG00000196646	ZNF136	chr19	12267441	12267600	0.314700395192283	4.23939001132071E-13
ENSG00000214077	GNAQP1	chr2	132182304	132182417	0.279718859988486	4.49238267377876E-13
ENSG00000128253	RFPL2	chr22	32572320	32572344	0.317744797884549	4.64140038730987E-13
ENSG00000246820	RP11-379P15.1	chr11	8190531	8190744	0.316679326619362	4.64980886976062E-13
ENSG00000072840	EVC	chr4	5712817	5713483	0.311505256052325	4.74173481970721E-13
ENSG00000152669	CCNO	chr5	54525792	54525837	0.336573383299079	4.76770711071837E-13
ENSG00000245864	CTC-467M3.1	chr5	87973954	87974008	0.288282785436849	4.77685071883774E-13
ENSG00000250007	RP11-814P5.1	chr15	35046886	35047473	0.337966204374698	4.77695126109436E-13
ENSG00000163735	CXCL5	chr4	74864574	74864612	0.181655561942962	4.80708574366951E-13
ENSG00000158321	AUTS2	chr7	69064590	69064884	0.33814944967624	4.81813876420374E-13
ENSG00000166450	PRTG	chr15	55881706	55881725	0.187285456768369	4.86271505656437E-13
ENSG00000249641	HOXC13-AS	chr12	54329877	54329933	0.233668614429729	5.12959935542249E-13
ENSG00000219738	XXbac-BPG34I8.3	chr6	27526279	27526313	0.294082100076041	5.1398753119629E-13
ENSG00000207612	MIR604	chr10	29811626	29811672	0.144783742663945	5.23423066562356E-13
ENSG00000221799	AC132068.1	chr16	72981666	72981686	0.136827331071115	5.31750985652056E-13
ENSG00000262768	RP11-353N14.1	chr17	77775760	77775847	0.119064585005634	5.33392971098626E-13
ENSG00000237233	RP11-809M12.1	chr10	63212509	63212665	0.279890993707087	5.50683153349857E-13
ENSG00000221384	AC023798.1	chr3	21792759	21792887	0.247373053142612	5.60137685979454E-13
ENSG00000111262	KCNA1	chr12	5018924	5019242	0.320242046868537	5.72629810350652E-13
ENSG00000137872	SEMA6D	chr15	47476241	47476303	0.332395416990257	5.74107472010929E-13
ENSG00000123364	HOXC13	chr12	54332701	54333173	0.304474616404709	5.75636679280675E-13
ENSG00000198704	GPX6	chr6	28458150	28458228	0.253450097562749	5.8090577376142E-13
ENSG00000258316	KLF17P1	chr12	62586188	62586267	0.14043797611245	6.0091764931829E-13
ENSG00000136235	GPNMB	chr7	23287222	23287412	0.305980471280828	6.14920472128614E-13
ENSG00000211771	TRBJ2-7	chr7	142495136	142495235	0.302462290387316	6.28488343069698E-13
ENSG00000188133	TMEM215	chr9	32782713	32783463	0.246043532090938	6.50521102968412E-13
ENSG00000157766	ACAN	chr15	89346686	89346779	0.303729461367708	6.69891896123214E-13
ENSG00000249025	RP11-2H3.2	chr4	380608	380713	0.203595437808011	6.86946642510952E-13
ENSG00000254129	CTD-2647L4.1	chr8	28950200	28950343	0.182647685422791	7.00577438628018E-13
ENSG00000165495	PKNOX2	chr11	125035997	125036088	0.279331373628714	7.29871398724773E-13
ENSG00000089169	RPH3A	chr12	113013033	113013363	0.231195147534931	7.45869772916026E-13
ENSG00000103546	SLC6A2	chr16	55689534	55691025	0.296344268600238	7.56437154490879E-13
ENSG00000269543	CTD-2291D10.3	chr19	23254297	23254425	0.294259104624341	7.56512687652351E-13
ENSG00000167840	ZNF232	chr17	5000872	5001204	0.260731757026562	7.6741021289593E-13
ENSG00000245870	LINC00682	chr4	41880150	41880152	0.183938201321513	7.94737492271058E-13
ENSG00000171817	ZNF540	chr19	38042138	38042392	0.314247183042895	8.05461842848682E-13
ENSG00000253858	CTB-147C13.1	chr5	169930841	169931356	0.309660399948181	8.11632251563458E-13
ENSG00000271616	RP11-578F21.13	chr15	29077252	29077672	0.306713395988499	8.33540404141594E-13
ENSG00000266517	MIR4715	chr15	26095685	26095749	0.326502258973824	8.64043394831081E-13
ENSG00000174652	ZNF266	chr19	9517936	9517966	0.251199216618977	8.73787980980093E-13
ENSG00000221176	MIR1207	chr8	129103418	129103463	0.29046098596402	8.79288992940722E-13
ENSG00000265546	RN7SL289P	chr13	26042499	26042616	0.316016482786904	8.92959672813013E-13
ENSG00000256502	RP11-955H22.2	chr12	127940033	127940116	0.326427722086228	9.31619490450814E-13
ENSG00000228034	HMG2P21	chr2	71018220	71018258	0.269145007718331	9.60741788862125E-13
ENSG00000224174	RP4-798A10.4	chr1	16847080	16847142	0.234549663239776	9.64343075306282E-13
ENSG00000268589	CTC-457E21.7	chr19	22806061	22806298	0.203808780949103	9.66459772809404E-13
ENSG00000204381	LAYN	chr11	111410878	111411128	0.326321502669159	9.9845341248939E-13
ENSG00000196581	AJAP1	chr1	4714471	4715957	0.340215666281996	1.02499329069205E-12
ENSG00000117069	ST6GALNAC5	chr1	77333115	77333323	0.289994210019397	1.04919067480314E-12
ENSG00000241527	CA15P1	chr22	19017715	19017888	0.258216102211067	1.09002741744133E-12
ENSG00000109851	DBX1	chr11	20182133	20182136	0.249989880438378	1.09837087198703E-12
ENSG00000269504	AC003973.4	chr19	22193724	22193759	0.183690279576834	1.10043315149368E-12
ENSG00000142700	DMRTA2	chr1	50883198	50883217	0.337507532620292	1.13836411713823E-12
ENSG00000188778	ADRB3	chr8	37824496	37824529	0.19375372834281	1.15196938810026E-12
ENSG00000212304	SNORD12	chr20	47934725	47934775	0.328332143538183	1.22415473323739E-12
ENSG00000267627	RP11-905K4.1	chr18	33529932	33530560	0.21986001695725	1.25550637981983E-12
ENSG00000189337	KAZN	chr1	14924994	14925223	0.353330286346958	1.26602342973074E-12
ENSG00000253471	RP11-175E9.1	chr8	23563690	23564717	0.293530028904079	1.31280683914187E-12
ENSG00000201277	Y_RNA	chr5	172673180	172673203	0.209552937723256	1.33238726481253E-12
ENSG00000202344	RN7SKP208	chr2	56150745	56151179	0.261624579038237	1.33426125178155E-12
ENSG00000152953	STK32B	chr4	5052861	5053806	0.302812103023559	1.33983874961536E-12
ENSG00000231752	EMBP1	chr1	121260858	121261237	0.344492581805034	1.34447413946803E-12
ENSG00000131016	AKAP12	chr6	151560942	151560981	0.255168735092921	1.37497024699418E-12
ENSG00000261238	AC009166.5	chr16	51183621	51183988	0.288554327043841	1.40354218051185E-12
ENSG00000130635	COL5A1	chr9	137533705	137534224	0.299026200931698	1.42200702049096E-12
ENSG00000256717	AP000797.3	chr11	115530304	115530590	0.233134294635588	1.42411124094521E-12
ENSG00000225190	PLEKHM1	chr17	43506829	43507772	0.14750586847021	1.43454404508377E-12
ENSG00000258670	RP11-1042B17.3	chr14	60981499	60982692	0.331025234682726	1.50061526172179E-12
ENSG00000266329	MIR4281	chr5	176056872	176056991	0.145861100863892	1.50659877212978E-12

ENSG00000255703	RP11-46H11.2	chr12	133481384	133481414	0.368945845719835	1.53044940678177E-12
ENSG00000145642	FAM159B	chr5	63986193	63986245	0.300660063725918	1.54587324992717E-12
ENSG00000254158	RP11-281O15.5	chr5	178422260	178422336	0.276160900452066	1.56934295496413E-12
ENSG00000056291	NPFFR2	chr4	72897567	72897571	0.237747726530865	1.62748662321978E-12
ENSG00000178919	FOXE1	chr9	100615201	100616137	0.366356450115239	1.65402549631352E-12
ENSG00000186369	LINC00643	chr14	62583680	62584275	0.280583661841055	1.66565043371019E-12
ENSG00000251628	RP11-371M22.1	chr5	113391622	113391726	0.296547777573446	1.73349955474599E-12
ENSG00000182580	EPHB3	chr3	184301123	184301149	0.311131292321778	1.73849045394664E-12
ENSG00000260577	RP11-615I2.2	chr16	68677431	68677440	0.218360160406686	1.76244698112286E-12
ENSG00000234736	FAM170B-AS1	chr10	50323825	50323872	0.306025948377401	1.76348941508574E-12
ENSG00000252256	SNORD112	chr9	86152201	86152222	0.252720370637369	1.76881288958863E-12
ENSG00000165300	SLITRK5	chr13	88324514	88324959	0.279908370240129	1.81623870624359E-12
ENSG00000151615	POU4F2	chr4	147559956	147560584	0.326103621617569	1.84191077541437E-12
ENSG00000264323	AC093887.1	chr4	147559956	147560584	0.326103621617569	1.84191077541437E-12
ENSG00000136327	NKX2-8	chr14	37049299	37049507	0.255869639408089	1.8533321005402E-12
ENSG00000270614	CTC-325H20.7	chr19	9473590	9473623	0.266529674259968	1.8663215148439E-12
ENSG00000134020	PEBP4	chr8	22562361	22562616	0.22196731092724	1.8973839048405E-12
ENSG00000183114	FAM43B	chr1	20878905	20878930	0.257972613586662	1.94656884470742E-12
ENSG00000251535	RP11-478C6.1	chr4	299526	299555	0.260864962556136	1.96132939946579E-12
ENSG00000176761	ZNF285B	chr19	44952663	44952808	0.346838107520264	2.02423899666533E-12
ENSG00000165970	SLC6A5	chr11	20620914	20620970	0.180818397557077	2.21495844207007E-12
ENSG00000236592	S100A11P2	chr7	35225366	35225431	0.287491343793457	2.2659491642292E-12
ENSG00000254466	RP4-665J23.2	chr1	91301962	91302007	0.30857089538418	2.27326153849127E-12
ENSG00000261318	RP11-653J6.1	chr15	66546837	66546980	0.244099923826642	2.32571074530248E-12
ENSG00000250609	RP11-158C21.2	chr4	155412731	155412733	0.185288709879313	2.33307277991572E-12
ENSG00000110696	C11orf58	chr11	16633101	16633137	0.189790954712313	2.35200560205286E-12
ENSG00000222730	AC092296.1	chr19	36822396	36822558	0.282019379077776	2.36386344676736E-12
ENSG00000178394	HTR1A	chr5	63256238	63256319	0.217780978537322	2.40458531915457E-12
ENSG00000168490	PHYHIP	chr8	22089501	22089704	0.28837319098741	2.43571835321367E-12
ENSG00000157005	SST	chr3	187388148	187388175	0.257772105535766	2.43775409149904E-12
ENSG00000120669	SOHLH2	chr13	36728980	36729360	0.280906117046678	2.47153275145982E-12
ENSG00000121853	GHSR	chr3	172166174	172166321	0.295643235719763	2.58440244300948E-12
ENSG00000233577	RP3-462D8.2	chr22	25678558	25678777	0.291206622766426	2.72135401767559E-12
ENSG00000214176	PLEKHM1P	chr17	62775545	62775588	0.35604995063511	2.81826050518082E-12
ENSG00000267273	CTC-543D15.3	chr19	9609295	9609342	0.205900536750129	2.83709528715739E-12
ENSG00000239216	RP4-712E4.2	chr1	119543295	119543440	0.240552607257677	2.85160101277001E-12
ENSG00000235711	ANKRD34C	chr15	79574863	79575210	0.220519022195267	3.03076238203719E-12
ENSG00000264434	CTD-2006O16.2	chr18	22929063	22929130	0.32237002966317	3.03627901631023E-12
ENSG00000145147	SLIT2	chr4	20254736	20254921	0.328897273637306	3.04446601280875E-12
ENSG00000154478	GPR26	chr10	125425690	125426161	0.283906235085906	3.05064351549978E-12
ENSG00000201145	RNA5SP175	chr4	190938981	190939273	0.300647973776657	3.17587109527256E-12
ENSG00000273266	HOXC4	chr12	54447720	54447766	0.241449909534841	3.17803253223502E-12
ENSG00000174469	CNTNAP2	chr7	145813244	145813554	0.312135109949824	3.22058408904178E-12
ENSG00000089116	LHX5	chr12	113900679	113900719	0.10895952882624	3.27041163518039E-12
ENSG00000164117	FBXO8	chr4	175139710	175139755	0.234886930466375	3.64394330040689E-12
ENSG00000264245	RP11-822E23.4	chr17	21477053	21477257	0.149680055778454	3.83064420667851E-12
ENSG00000249041	RP11-21G20.3	chr4	155665970	155665996	0.293871252526722	3.83341387023814E-12
ENSG00000175766	EIF4E1B	chr5	176057045	176057176	0.121622798168483	3.86366055700691E-12
ENSG00000187147	RNF220	chr1	44872463	44872611	0.217543265406379	3.88300459431959E-12
ENSG00000269473	CTD-2619J13.19	chr19	58951756	58951895	0.319006511791203	3.95589929036835E-12
ENSG00000236822	RP11-137J7.2	chr6	142409474	142409507	0.183449177008764	4.01897675568304E-12
ENSG00000182256	GABRG3	chr15	27215952	27216039	0.189297421966721	4.13547830757768E-12
ENSG00000221630	MIR1179	chr15	89149090	89149197	0.278610874116588	4.26211603537402E-12
ENSG00000002746	HECW1	chr7	43152237	43152492	0.307348726932084	4.2988062385112E-12
ENSG00000184302	SIX6	chr14	60975733	60975752	0.335491802658399	4.44947211652147E-12
ENSG00000180354	MTURN	chr7	30176015	30176168	0.206973807063565	4.53131810619128E-12
ENSG00000166148	AVPR1A	chr12	63544319	63544775	0.315690131760032	4.76506520865638E-12
ENSG00000162086	ZNF75A	chr16	33550121	33560111	0.216419967327493	4.81515256520446E-12
ENSG00000207598	MIR124-3	chr20	61809932	61810139	0.268888421494527	4.83275195401188E-12
ENSG00000225930	AC026150.5	chr15	30484712	30484822	0.270593504683175	4.93757611491493E-12
ENSG00000148408	CACNA1B	chr9	140771309	140772757	0.254405370507447	4.96179923569939E-12
ENSG00000226903	LINC00354	chr13	112548279	112548369	0.288460099278051	4.99973924085288E-12
ENSG00000257198	FAM205B	chr9	34809864	34810275	0.227661935319761	5.04747795435649E-12
ENSG00000224550	RP11-270C12.3	chr1	108023195	108023441	0.311409670966792	5.30230650950576E-12
ENSG00000253262	RP11-221H10.1	chr8	4852485	4852654	0.277222038341666	5.34536765643987E-12
ENSG00000254506	RP11-748H22.1	chr11	101454996	101455012	0.25410065822008	5.36066615123719E-12
ENSG00000134259	NGF	chr1	115880604	115880873	0.298755452405346	5.39675459002068E-12
ENSG00000167635	ZNF146	chr19	36736187	36736428	0.256440872971593	5.49439182595684E-12
ENSG00000184254	ALDH1A3	chr15	101419987	101420559	0.146915636777469	5.71079274052484E-12

ENSG00000095596	CYP26A1	chr10	94834100	94834224	0.119477651465433	5.79851343158843E-12
ENSG00000207691	MIR183	chr7	129417940	129417980	0.251192457023314	5.86448773390986E-12
ENSG00000179242	CDH4	chr20	59827067	59828195	0.342749739634041	5.87399146274479E-12
ENSG00000267570	RP11-773H22.1	chr18	12911027	12912000	0.209833932735928	5.97342970850323E-12
ENSG00000215397	SCRT2	chr20	644181	645199	0.326938759450906	6.08331485992678E-12
ENSG00000200626	RNA5SP325	chr10	108923787	108923857	0.360934140818847	6.3209555134985E-12
ENSG00000221219	AC110298.1	chr4	54969849	54969963	0.308251632183271	6.45660498450588E-12
ENSG00000153234	NR4A2	chr2	157179434	157179450	0.324471234468732	6.66322762724805E-12
ENSG00000248473	CTC-338M12.2	chr5	180601196	180601322	0.195080612536151	6.72069206576924E-12
ENSG00000227935	RP6-102O10.1	chr1	57887929	57888313	0.300391816042393	6.91057000362412E-12
ENSG00000183072	NKX2-5	chr5	172659103	172659142	0.236159350259751	6.9923818090778E-12
ENSG00000156687	UNC5D	chr8	35092621	35093049	0.440025221732294	7.1278734335247E-12
ENSG00000252566	SNORD112	chr4	107958409	107958603	0.290385672858425	7.1436175003632E-12
ENSG00000156395	SORCS3	chr10	106400849	106401696	0.332847986263729	7.20090390103045E-12
ENSG00000269099	LSP1	chr13	25620830	25620833	0.30528687719502	7.37117321562352E-12
ENSG00000134640	MTNR1B	chr11	92702790	92703217	0.281644384531109	7.49434106712076E-12
ENSG00000057593	F7	chr13	113763657	113763758	0.156736643880795	7.54642485812198E-12
ENSG00000203995	ZYG11A	chr1	53308372	53308967	0.282947280168677	7.75372269547512E-12
ENSG00000251493	FOXD1	chr5	72740568	72740662	0.224466362542787	7.8057240546938E-12
ENSG00000122585	NPY	chr7	24323658	24324045	0.356902242332133	7.88564178558008E-12
ENSG00000136352	NKX2-1	chr14	36985708	36985711	0.272122687274505	8.05824542825683E-12
ENSG00000199347	RNU5E-1	chr1	11959060	11959173	0.150731910752828	8.11345290823646E-12
ENSG00000263146	RP11-849I19.1	chr18	76736707	76736785	0.23960886530887	8.130808754516E-12
ENSG00000207705	MIR129-1	chr7	127841927	127841976	0.219979910705272	8.20374006206826E-12
ENSG00000252180	Y_RNA	chr1	17476029	17476162	0.224849432385771	8.3815351327893E-12
ENSG00000252728	SNORD112	chr1	35395551	35395727	0.308100359221606	8.46248751654991E-12
ENSG00000243831	RP1-81D8.4	chr6	161100068	161100116	0.308904452972698	8.51410100994467E-12
ENSG00000216676	RP1-15D7.1	chr6	27647804	27647824	0.293224294965686	8.74692299097466E-12
ENSG00000160994	CCDC105	chr19	15121591	15122120	0.298213034245985	8.89986402013291E-12
ENSG00000180190	TDRP	chr8	495602	496011	0.359190192471254	8.9737200018744E-12
ENSG00000136110	LECT1	chr13	53313739	53314031	0.271813413897435	9.03199655725386E-12
ENSG00000122877	EGR2	chr10	64578303	64578777	0.144148813802134	9.07466836692011E-12
ENSG00000120279	MYCT1	chr6	152957811	152958462	0.225757535512022	9.11626916364794E-12
ENSG00000188013	MEIS3P2	chr17	20492481	20492694	0.216136344288115	9.20371449360648E-12
ENSG00000176635	HORMAD2	chr22	30476186	30476326	0.183109015536733	9.37924966631647E-12
ENSG00000176887	SOX11	chr2	5832804	5833017	0.302592036100077	9.38312815898789E-12
ENSG00000070748	CHAT	chr10	50817104	50817173	0.338301211273388	9.58762641865739E-12
ENSG00000034239	EFCAB1	chr8	49647703	49648006	0.288096341502832	9.61440962618865E-12
ENSG00000253563	NKX2-1-AS1	chr14	36992199	36992456	0.289801802838332	9.69231590487601E-12
ENSG00000144229	THSD7B	chr2	137522856	137523045	0.341083496849513	9.74522306924959E-12
ENSG00000255618	RP11-357K6.1	chr12	119212367	119212392	0.264590334336171	9.92829891979153E-12
ENSG00000228630	HOTAIR	chr12	54355460	54355490	0.257099925738407	1.00389029152593E-11
ENSG00000250448	RP11-19O2.2	chr5	16179797	16180454	0.351099813863605	1.00811194235078E-11
ENSG00000213690	RP11-513D4.1	chr1	242686917	242686960	0.291053900469118	1.02506894640243E-11
ENSG00000232903	LINC01166	chr10	134756574	134756806	0.252440528372334	1.02925040508433E-11
ENSG00000172005	MAL	chr2	95691255	95691554	0.277759395098775	1.03071963393363E-11
ENSG00000204044	RP11-465L10.10	chr20	44641032	44641135	0.183081385534407	1.0638977456981E-11
ENSG00000087495	PHACTR3	chr20	58152231	58152846	0.285629919367036	1.11558323276556E-11
ENSG00000176884	GRIN1	chr9	140032864	140033078	0.208051267738219	1.13882289885062E-11
ENSG00000107833	NPM3	chr10	103536196	103536487	0.254591721578192	1.14366801286359E-11
ENSG00000202099	RNU6-234P	chr2	239313042	239313066	0.142108474777253	1.15571025855052E-11
ENSG00000254451	RP11-560G2.1	chr12	75603027	75603335	0.297511010981223	1.15834835007293E-11
ENSG00000128268	MGAT3	chr22	39852731	39853034	0.250022895534131	1.189563065363E-11
ENSG00000208032	MIR548A3	chr8	105479450	105479500	0.222308954327165	1.19652851012566E-11
ENSG00000233850	AC103563.8	chr2	95690858	95690945	0.273140977047475	1.19900620842458E-11
ENSG00000183729	NPBWR1	chr8	53851101	53851189	0.328580187341463	1.19978865694552E-11
ENSG00000215227	RP11-308K19.2	chr10	13932962	13932999	0.203626657473988	1.2132255462446E-11
ENSG00000163378	EOGT	chr3	68981958	68982005	0.330168261348898	1.22180480613626E-11
ENSG00000271303	SRXN1	chr20	623089	623458	0.288843284662294	1.22309847025149E-11
ENSG00000150471	LPHN3	chr4	62066929	62067097	0.340227833321275	1.24024167705657E-11
ENSG00000181291	TMEM132E	chr17	32907772	32907827	0.315181129888875	1.26208353704894E-11
ENSG00000270020	RP11-463O9.9	chr16	86550292	86550541	0.248231018046765	1.28183979665828E-11
ENSG00000255323	CTD-2140G10.1	chr11	22454796	22454800	0.258747907308919	1.29426492890089E-11
ENSG00000176956	LY6H	chr8	144242289	144242362	0.206198112893491	1.31414260901271E-11
ENSG00000142408	CACNG8	chr19	54466297	54466636	0.322480835128443	1.32402999182063E-11
ENSG00000222826	RN7SKP286	chr2	139538899	139538940	0.194530190833121	1.3283825687168E-11
ENSG00000267046	RP11-1094M14.9	chr17	33817082	33817212	0.223712077864061	1.32870690093666E-11
ENSG00000170425	ADORA2B	chr17	15821197	15821401	0.228360436880698	1.36201561499892E-11
ENSG00000102878	HSF4	chr16	67196793	67197932	0.300507716592675	1.40974053320896E-11

ENSG00000213023	SYT3	chr19	51111677	51111712	0.226947004237063	1.4153003002151E-11
ENSG00000237087	AC068134.6	chr2	233284760	233284791	0.208302047354207	1.42480576886734E-11
ENSG00000266389	CTB-4116.1	chr17	8868889	8869356	0.28504333802725	1.48001725891888E-11
ENSG00000163064	EN1	chr2	119599616	119599748	0.263193906530717	1.48889676729313E-11
ENSG00000137168	PPIL1	chr6	36808764	36808807	0.220534613768585	1.50863272510306E-11
ENSG00000268438	CTD-2607J13.1	chr19	22018446	22018456	0.219008662835501	1.51604836165536E-11
ENSG00000241878	PISD	chr22	32014345	32014411	0.31162145016717	1.51752683057058E-11
ENSG00000105675	ATP4A	chr19	36049517	36049670	0.26465998693801	1.54348573646691E-11
ENSG00000182158	CREB3L2	chr7	137532359	137532374	0.314416122630421	1.55659311398499E-11
ENSG00000268723	CTC-444N24.9	chr19	57828942	57829153	0.248012629018251	1.58832819480252E-11
ENSG00000266636	AC090340.1	chr18	55103625	55104167	0.27358170912166	1.61478130539966E-11
ENSG00000231162	COX11P1	chr6	28414769	28414785	0.287554434402357	1.6359443503217E-11
ENSG00000238803	AL732479.1	chr10	88123036	88123661	0.274526898829463	1.64565759291767E-11
ENSG00000142949	PTPRF	chr1	44031166	44031196	0.26895062914379	1.6652547084632E-11
ENSG00000184160	ADRA2C	chr4	3769023	3769833	0.304421926965865	1.70389552052933E-11
ENSG00000266496	AC131951.1	chr4	44449477	44451132	0.311620488604651	1.72164274463452E-11
ENSG00000130287	NCAN	chr19	19322678	19322915	0.203918166113785	1.7255917206903E-11
ENSG00000267333	RP11-677O4.7	chr18	11751118	11751343	0.272719661153459	1.72719370605775E-11
ENSG00000259041	RP11-167B3.1	chr15	98835831	98835875	0.133060702835337	1.81051179244911E-11
ENSG00000172680	MOS	chr8	57025547	57025805	0.290501999308656	1.88189885527647E-11
ENSG00000268266	AC003005.2	chr19	57989046	57989117	0.240661471873239	1.91673434182127E-11
ENSG00000169840	GSX1	chr13	28368968	28369273	0.247619867004859	1.97352097947188E-11
ENSG00000264582	RN7SL326P	chr1	41283841	41283983	0.25995103310278	1.97861173153947E-11
ENSG00000178645	C10orf53	chr10	50887568	50887802	0.236206310121439	2.06425516913026E-11
ENSG00000263966	AP000765.1	chr11	94135006	94135029	0.294336110520345	2.11343803305015E-11
ENSG00000241644	INMT	chr7	30722239	30722444	0.28391576744358	2.13247967630162E-11
ENSG00000187848	P2RX2	chr12	133194939	133195588	0.237467811243552	2.17299478326319E-11
ENSG00000204352	C9orf129	chr9	96108467	96108670	0.332433403269312	2.20320155516272E-11
ENSG0000029152	MYOD1	chr11	17743610	17743771	0.192027517329372	2.24923082040172E-11
ENSG00000239212	RPL6P7	chr3	155394092	155394183	0.240812765835656	2.25708381707538E-11
ENSG00000180543	TSPYL5	chr8	98289605	98290403	0.303300813005818	2.28508652688962E-11
ENSG00000230451	RPS29P6	chr1	37784177	37784254	0.209322562524406	2.30048826781157E-11
ENSG00000161513	FDXR	chr17	72856964	72857001	0.187585382329293	2.32968604107482E-11
ENSG00000196159	FAT4	chr4	126237325	126237547	0.267723045471106	2.48267170882701E-11
ENSG00000257415	RP11-626120.1	chr12	103889487	103889840	0.236960821698405	2.49682646468109E-11
ENSG00000223795	RP11-473E2.2	chr9	137393382	137393398	0.303500414393642	2.49747079980733E-11
ENSG00000101445	PPP1R16B	chr20	37434207	37434507	0.236274640277791	2.50028857190706E-11
ENSG00000269883	AC007375.1	chr14	77606829	77608071	0.110963219044582	2.54613663163492E-11
ENSG00000162374	ELAVL4	chr1	50513654	50513935	0.277509202244925	2.56844118154682E-11
ENSG00000198838	RYR3	chr15	33603162	33603252	0.306629700696888	2.76954496007082E-11
ENSG00000225988	RP5-1119D9.4	chr20	9487119	9487155	0.276930318922526	2.77601376749324E-11
ENSG00000161055	SCGB3A1	chr5	180017134	180017184	0.256562867197135	2.77640283369027E-11
ENSG0000011347	SYT7	chr11	61284334	61284459	0.112022502913414	2.79743192927662E-11
ENSG00000217289	AC018865.5	chr2	130750344	130750442	0.229726107690864	2.84882775619343E-11
ENSG00000248854	HNRNPH1P3	chr5	55117930	55117952	0.19229304598323	2.85748797343159E-11
ENSG00000268865	AC026310.1	chr12	25055268	25055310	0.239884886086585	3.12794400882157E-11
ENSG00000223626	LINC01044	chr13	112985554	112985732	0.27834625006122	3.24459467561447E-11
ENSG00000173110	HSPA6	chr1	161495216	161495268	0.128326722004681	3.34733591021067E-11
ENSG00000203688	RP11-351J23.1	chr6	168079746	168079782	0.314854719624146	3.36693394109057E-11
ENSG00000235655	H3F3AP4	chr2	175594591	175594658	0.26638780979521	3.39553625056036E-11
ENSG00000246100	LINC00900	chr11	115631219	115631389	0.197079507449608	3.41735895518E-11
ENSG00000250205	YWHAEP4	chr4	156298264	156298360	0.222901130059517	3.56233876558409E-11
ENSG00000226740	RP11-31L23.3	chr10	102899422	102899442	0.259377862678585	3.56885128697929E-11
ENSG00000226067	LINC00869	chr1	149284680	149284710	0.115160822067221	3.5690338629876E-11
ENSG00000164818	HEATR2	chr7	752602	752648	0.278671790203866	3.56998822484117E-11
ENSG00000267799	CTC-478M6.1	chr19	29284318	29284701	0.33805560009602	3.62399030264719E-11
ENSG00000132872	SYT4	chr18	40857408	40857514	0.157114621017769	3.63051492385535E-11
ENSG00000135341	MAP3K7	chr6	91320060	91320082	0.207058821563881	3.704140466505E-11
ENSG00000268660	LETM1P2	chr19	58554466	58554649	0.152297714183025	3.82935456880228E-11
ENSG00000164616	FBXL21	chr5	135265855	135266516	0.274715414533671	3.89073721058665E-11
ENSG00000229590	MSX2P1	chr17	56234415	56234745	0.330721961143326	3.91759059420714E-11
ENSG00000170949	ZNF160	chr19	53561706	53561805	0.231968314537166	3.95670034648206E-11
ENSG00000138675	FGF5	chr4	81187458	81187912	0.260926533674262	3.97259310099971E-11
ENSG00000254542	NAV2-AS3	chr11	19935298	19935336	0.120846234631441	4.00927133261754E-11
ENSG00000168505	GBX2	chr2	237068750	237068823	0.257641700348039	4.03109085756051E-11
ENSG00000215094	RP11-244K5.7	chr6	150275603	150275734	0.226217252921162	4.03480991338344E-11
ENSG00000238230	LINC00391	chr13	95355226	95355281	0.269866672006421	4.10198888260355E-11
ENSG00000236255	AC009404.2	chr2	118593649	118593724	0.240169832370459	4.12634313266603E-11
ENSG00000271053	RP11-97F8.1	chr4	117847042	117847586	0.228193089668162	4.17654751802447E-11

ENSG00000182968	SOX1	chr13	112725915	112726154	0.26833418264095	4.2058339619898E-11
ENSG00000223235	AP003498.2	chr11	71417596	71417657	0.10037752331874	4.2391364459676E-11
ENSG00000182566	CLEC4G	chr19	7794940	7794980	0.192057278457886	4.24363341370631E-11
ENSG00000121454	LHX4	chr1	180202404	180202784	0.233877990203477	4.25102752380012E-11
ENSG00000250377	CTC-467M3.3	chr5	87986504	87986653	0.13763400154566	4.29873889907065E-11
ENSG00000260734	RP11-510M2.4	chr16	71460406	71460451	0.26698632521035	4.60188692176786E-11
ENSG00000164318	EGFLAM	chr5	38258441	38258485	0.283344963895284	4.65903350378418E-11
ENSG00000113396	SLC27A6	chr5	127873696	127873711	0.351861518658489	4.6612047736666E-11
ENSG00000185652	NTF3	chr12	5540316	5540403	0.21318275109225	4.67570381496814E-11
ENSG00000104435	STMN2	chr8	80523373	80523476	0.233967467270293	4.84328197208429E-11
ENSG00000250243	RP11-120A1.1	chr4	21306163	21306181	0.27025329832888	4.84332080885687E-11
ENSG00000164532	TBX20	chr7	35226450	35226571	0.263743856457941	4.95985257491126E-11
ENSG00000181656	GPR88	chr1	101004472	101004490	0.240475455878342	4.96737652218504E-11
ENSG00000267761	CTD-2130O13.1	chr18	44790918	44790937	0.292249037167938	5.09909117101933E-11
ENSG00000077420	APBB1IP	chr10	26727069	26727177	0.236489611171654	5.23399347066441E-11
ENSG00000232301	RP11-132A1.3	chr7	100942959	100942989	0.255135762398025	5.26505770042615E-11
ENSG00000128052	KDR	chr4	55991408	55991882	0.29884237283384	5.33448806635607E-11
ENSG00000226389	RP11-507K13.4	chr10	50976917	50977136	0.18786513963498	5.42084687711572E-11
ENSG00000154237	LRRK1	chr15	101513632	101514306	0.306002753074357	5.47431542790719E-11
ENSG00000200281	RNU6-624P	chr2	229044930	229045020	0.276873789655803	5.48772946611531E-11
ENSG00000256951	AC055876.1	chr15	29033879	29034189	0.270350843663718	5.53714650128324E-11
ENSG00000250017	RP11-484L7.2	chr5	45695281	45695301	0.319368287652996	5.68852796648664E-11
ENSG00000145623	OSMR	chr5	38845779	38845850	0.273153898125286	5.71345329966984E-11
ENSG00000251247	ZNF345	chr19	37329767	37329795	0.282422708230161	5.73395598439242E-11
ENSG00000187942	LDLRAD2	chr1	22140797	22141310	0.332361369975029	5.92623333285401E-11
ENSG00000205869	KRTAP5-1	chr11	1606401	1606467	0.320763532809596	5.98369679101948E-11
ENSG00000224940	PRRT4	chr7	127991675	127991779	0.250478186297081	6.11961761908915E-11
ENSG00000120949	TNFRSF8	chr1	12123491	12123781	0.272931461162793	6.21849868011706E-11
ENSG00000268658	LINC00664	chr19	21657731	21658053	0.305142783099629	6.2333146854517E-11
ENSG00000174677	VN1R6P	chr19	53811880	53812031	0.248961436905624	6.36485670608581E-11
ENSG00000187094	CCK	chr3	42307694	42307744	0.125763876929979	6.36518746954275E-11
ENSG00000254588	RP11-1007G5.2	chr11	128418905	128418971	0.104245304709172	6.38739237260317E-11
ENSG00000103241	FOXF1	chr16	86544086	86545018	0.266437009501439	6.42152687287834E-11
ENSG00000265275	AF104455.1	chr7	152623133	152623271	0.312642673911087	6.50428738026546E-11
ENSG00000166086	JAM3	chr11	133938788	133939440	0.294104071897377	6.55846740531651E-11
ENSG00000265015	RP11-454P7.3	chr18	15197606	15197811	0.283176518618912	6.65089272775412E-11
ENSG00000156466	GDF6	chr8	97172552	97173095	0.33993951707076	6.85120059727024E-11
ENSG00000229676	ZNF492	chr19	22817039	22817147	0.313528678390406	6.89290108640856E-11
ENSG00000197134	ZNF257	chr19	22235199	22235321	0.270350269248887	6.9368228576559E-11
ENSG00000265454	AC012362.1	chr2	209271205	209271230	0.272486074322696	6.94573559430227E-11
ENSG00000234257	SOD2P1	chr1	103573668	103573745	0.247092959258635	6.96426181492062E-11
ENSG00000201825	RNU6-1131P	chr18	44773599	44774313	0.296771525582233	7.00945492245258E-11
ENSG00000133104	SPG20	chr13	36872363	36872368	0.253930881752883	7.08300185137658E-11
ENSG00000251322	SHANK3	chr22	51112229	51112354	0.19936753596417	7.2325131565814E-11
ENSG00000117154	IGSF21	chr1	18434312	18434802	0.350557342592985	7.35559315822808E-11
ENSG00000230489	VAV3-AS1	chr1	108507054	108507089	0.257905322495275	7.37016820696454E-11
ENSG00000258694	RP11-1033H12.1	chr14	52537003	52537013	0.308796271386845	7.43705218158389E-11
ENSG00000112559	MDFI	chr6	41605735	41605782	0.155114334760133	7.51902657399298E-11
ENSG00000111432	FZD10	chr12	130646846	130647817	0.270520644916424	7.87347476422147E-11
ENSG00000232825	RP5-896L10.1	chr1	99469722	99469819	0.358996843713473	7.9507059653162E-11
ENSG00000170178	HOXD12	chr2	176964502	176964588	0.288527789050527	8.17340828696814E-11
ENSG00000018236	CNTN1	chr12	41086274	41086375	0.255437405929915	8.44287410948686E-11
ENSG00000261730	RP4-668J24.2	chr6	1384066	1384201	0.248495574095815	8.44299879394506E-11
ENSG00000157119	KLHL40	chr3	42726970	42727014	0.180661512549033	8.52856245985303E-11
ENSG00000255020	AF131216.5	chr8	11204799	11205671	0.32903644066416	8.54165214808011E-11
ENSG00000272191	RP11-445F12.2	chr17	35300607	35300874	0.256895943653168	8.76766015364762E-11
ENSG00000248550	OTX2-AS1	chr14	57279590	57279669	0.158969812434997	8.97424981254322E-11
ENSG00000265179	RP11-672L10.2	chr18	903660	903691	0.256314485573717	9.27132738748472E-11
ENSG00000187714	SLC18A3	chr10	50820723	50820734	0.181154464671384	9.27205212669437E-11
ENSG00000178125	PPP1R42	chr8	67875668	67875713	0.335245823744324	9.39297402276568E-11
ENSG00000167508	MVD	chr16	88715807	88715852	0.252172199050919	9.56208980226997E-11
ENSG00000248736	RP11-35O7.1	chr5	2915070	2915106	0.140043152933701	9.59915894667371E-11
ENSG00000240048	DDX50P2	chr3	154145779	154145874	0.242288348943903	9.66948225774385E-11
ENSG00000105143	SLC1A6	chr19	15090023	15090056	0.279254498483109	9.69664130135186E-11
ENSG00000207349	RNVU1-17	chr1	149194116	149194195	0.262818480417712	9.8329982811956E-11
ENSG00000227700	RP11-301M17.1	chr1	147718713	147718950	0.157926000256066	9.97385919252933E-11
ENSG00000235238	SUMO2P1	chr6	29595403	29595491	0.189488842950241	1.00512886820523E-10
ENSG00000135312	HTR1B	chr6	78176903	78176934	0.186605568510132	1.01263748905981E-10
ENSG00000176692	FOXC2	chr16	86600857	86602332	0.247810140136504	1.02034691380567E-10

ENSG00000185737	NRG3	chr10	83634934	83635300	0.321110855227341	1.02507880966611E-10
ENSG00000266173	STRADA	chr17	61778607	61778774	0.214132044943964	1.04480256887962E-10
ENSG00000196131	VN1R2	chr19	53758605	53758653	0.286129054767659	1.05341798647391E-10
ENSG00000230859	YRDPC3	chr21	42219193	42219221	0.286989678308499	1.11967852041515E-10
ENSG00000248309	MEF2C-AS1	chr5	88184945	88184983	0.265566291851505	1.14550139007629E-10
ENSG00000259460	RP11-128A17.1	chr15	37390178	37390412	0.268822766270997	1.14854837199258E-10
ENSG00000137090	DMRT1	chr9	841539	842216	0.251286335654899	1.20546128416551E-10
ENSG00000233820	RP11-535M15.2	chr9	99481759	99481871	0.138259506066537	1.21695758745197E-10
ENSG00000250979	RP11-656G20.1	chr8	73163594	73164230	0.300994413709605	1.2257474569144E-10
ENSG00000162493	PDPN	chr1	13909794	13909836	0.147591857423539	1.2273857134445E-10
ENSG00000231147	ARHGAP42P2	chr2	130763484	130763751	0.254379982549192	1.24814955938129E-10
ENSG00000200711	RNA5SP28	chr13	51417768	51418041	0.260318850566227	1.25704487331433E-10
ENSG00000148826	NKX6-2	chr10	134598287	134598655	0.286327109901197	1.30183038973298E-10
ENSG00000228563	AL133247.2	chr2	31805776	31805891	0.27308167088859	1.33139449121201E-10
ENSG00000253873	PCDHGA11	chr5	140800769	140800929	0.222513191187119	1.33629666368964E-10
ENSG00000126778	SIX1	chr14	61109855	61110133	0.258529687653926	1.34874506106978E-10
ENSG00000236502	SIX3-AS1	chr2	45164838	45164876	0.173532945120473	1.36348765229758E-10
ENSG00000262209	PCDHGB3	chr5	140749735	140749783	0.221192209545116	1.42995487313379E-10
ENSG00000149654	CDH22	chr20	44803108	44803686	0.178203758321595	1.43055613896014E-10
ENSG00000128731	HERC2	chr15	28353035	28353095	0.268493856080833	1.446675566881E-10
ENSG00000196204	RNF216P1	chr7	4998221	4998897	0.304836376498121	1.45776042981425E-10
ENSG00000161031	PGLYRP2	chr19	15580266	15580315	0.29647782096927	1.45809406786663E-10
ENSG00000203877	RIPPLY2	chr6	84562821	84563254	0.270241515322435	1.4799614345687E-10
ENSG00000163273	NPPC	chr2	232791766	232791998	0.166061501103942	1.49834356528595E-10
ENSG00000228214	LINC00693	chr3	28616664	28616814	0.284778718681815	1.50515533302964E-10
ENSG00000230302	MTND3P4	chr9	104499852	104500208	0.18680625825419	1.54497132676007E-10
ENSG00000253159	PCDHGA12	chr5	140810109	140810150	0.220526841060534	1.57365569898074E-10
ENSG00000105605	CACNG7	chr19	54412885	54413009	0.305310966056134	1.58367147664367E-10
ENSG00000238529	RNU6-599P	chr9	44118138	44118592	0.373431327773171	1.6008016221778E-10
ENSG00000224982	TMEM233	chr12	120031551	120031649	0.17511872089041	1.60459711640586E-10
ENSG0000046889	PREX2	chr8	68864318	68864472	0.284374592741576	1.62433370148405E-10
ENSG00000145911	N4BP3	chr5	177548943	177548984	0.156701165409957	1.63120938175807E-10
ENSG00000200630	Y_RNA	chr8	12989310	12989417	0.192613015201994	1.64688791393341E-10
ENSG00000251591	CTD-2197M16.1	chr5	36066910	36066972	0.203103223814754	1.69370424533023E-10
ENSG00000258405	ZNF578	chr19	52956674	52956858	0.282073625518015	1.71278877100733E-10
ENSG00000272486	RP11-532M24.1	chr8	125617225	125617303	0.158316462129501	1.73078587681744E-10
ENSG00000187821	HELT	chr4	185941508	185941963	0.295475055110246	1.74853231325173E-10
ENSG00000236564	YWHAQP5	chr2	99342986	99343016	0.226079022623753	1.79723706554306E-10
ENSG00000267409	RP11-567M16.2	chr18	77376471	77376532	0.139618290348385	1.8132570101102E-10
ENSG00000272381	RP11-192P3.4	chr10	31423483	31423530	0.17271121523074	1.8252123585167E-10
ENSG00000261648	CTD-2014E2.2	chr16	31548583	31549226	0.301141142875041	1.843393692621692E-10
ENSG00000189238	LINC00943	chr12	127211119	127211582	0.244402985592887	1.85195222788515E-10
ENSG00000139800	ZIC5	chr13	100624052	100624226	0.23313458132285	1.86371756200019E-10
ENSG00000157851	DPYSL5	chr2	27070458	27070559	0.132406907460026	1.88866009219997E-10
ENSG00000237874	RP3-393K13.1	chr6	84419352	84419366	0.3394689801219	1.91803982184644E-10
ENSG00000197106	SLC6A17	chr1	110692996	110693301	0.298546740302702	1.9644093058172E-10
ENSG00000187583	PLEKHN1	chr1	906082	906114	0.292463104684758	2.096930627090558E-10
ENSG00000074317	SNCB	chr5	176046980	176047064	0.232937055627027	2.12019655086999E-10
ENSG00000143869	GDF7	chr2	20871186	20871279	0.255550597130067	2.12674303946019E-10
ENSG00000232815	LINC00537	chr9	68414168	68414200	0.18987965043129	2.13367251549769E-10
ENSG00000203883	SOX18	chr20	62679425	62679946	0.236523074324028	2.15278782347737E-10
ENSG00000267338	KB-7G2.9	chr22	17091006	17091215	0.226656970536298	2.24722860523697E-10
ENSG00000163257	DCAF16	chr4	17784108	17784131	0.216547090481857	2.26963338360852E-10
ENSG00000099869	IGF2-AS	chr11	2161586	2161822	0.20728054226417	2.2878809197362E-10
ENSG00000144681	STAC	chr3	36422004	36422201	0.236990540588029	2.31214960287414E-10
ENSG00000235999	RP11-403I13.8	chr1	149287303	149287381	0.202203905872523	2.32001303856957E-10
ENSG00000168874	ATOH8	chr2	85980001	85980044	0.155476045607241	2.33613989566698E-10
ENSG00000224269	AP000697.6	chr21	38069999	38070194	0.186743386814322	2.34573132393227E-10
ENSG00000103742	IGDCC4	chr15	65688040	65688530	0.243829312447261	2.35206228108819E-10
ENSG00000268174	CTC-513N18.5	chr19	20607067	20607105	0.270485837124325	2.35295864910959E-10
ENSG00000164651	SP8	chr7	20818913	20818963	0.167843867876203	2.35363946847888E-10
ENSG00000267886	CTD-2291D10.4	chr19	23257962	23258092	0.319120102486627	2.35507836531215E-10
ENSG00000226468	AC018641.7	chr7	32467440	32467812	0.245854481335569	2.36928850015011E-10
ENSG00000228194	CTA-415G2.2	chr22	33453896	33454485	0.309850891726061	2.43513980360524E-10
ENSG00000204969	PCDHA2	chr5	140174554	140174762	0.18786516721865	2.44425507003058E-10
ENSG00000181690	PLAG1	chr8	57070214	57070241	0.30752626091412	2.46626551486029E-10
ENSG00000101134	DOK5	chr20	53092182	53092273	0.27873063371979	2.52967382935633E-10
ENSG00000267142	CTD-3162L10.5	chr19	36912301	36912626	0.269357734028716	2.53114628076035E-10
ENSG00000264674	AP000911.1	chr11	133825595	133825602	0.209038750240084	2.54833247422281E-10

ENSG00000261282	SOD1P2	chr16	51147461	51147558	0.218454489333355	2.55773833752907E-10
ENSG00000265986	MIR4735	chr1	196577723	196577841	0.260346874966152	2.61013879170354E-10
ENSG00000248766	RP11-61K20.1	chr5	19988288	19988416	0.225955851121727	2.69439041356839E-10
ENSG00000272209	RP3-500L14.2	chr6	13860091	13860456	0.243983047944898	2.77271470830305E-10
ENSG00000109390	NDUFC1	chr4	140200424	140200429	0.270799517064077	2.90235967536159E-10
ENSG00000179981	TSHZ1	chr18	72917447	72917450	0.200120667249578	2.92808377994921E-10
ENSG00000268079	RP11-157B13.6	chr19	22398260	22398310	0.174798163698892	2.99455074999237E-10
ENSG00000171450	CDK5R2	chr2	219826800	219826891	0.214869010271551	3.06333233343086E-10
ENSG00000184530	C6orf58	chr6	127840530	127840575	0.173754141086408	3.08163143323997E-10
ENSG00000125735	TNFSF14	chr19	6659899	6660123	0.177885420790295	3.16090297107004E-10
ENSG00000068878	PSME4	chr2	54087469	54087489	0.287122720282264	3.18184647168786E-10
ENSG00000106526	ACTR3C	chr7	149918135	149918286	0.332296072889619	3.19764135572323E-10
ENSG00000169515	CCDC8	chr19	46916756	46916861	0.2651996811204	3.20446385575899E-10
ENSG00000251478	CTD-2122P11.1	chr5	41510141	41510165	0.12435570147184	3.24096289901298E-10
ENSG00000241251	RP11-73B8.1	chr12	43946493	43946539	0.197404430051036	3.25696959475463E-10
ENSG00000215068	AC025171.1	chr5	43044640	43044733	0.154569711346609	3.28962543470711E-10
ENSG00000266782	MIR3663	chr10	118927207	118927255	0.134022195436657	3.44527640548809E-10
ENSG00000261439	CTD-2050B12.2	chr16	56228267	56228592	0.245707740454627	3.45949448891219E-10
ENSG00000265061	MIR4419B	chr12	128675426	128675443	0.226982734839288	3.46868265011756E-10
ENSG00000259011	RP11-2C7.1	chr15	26108904	26108948	0.256089952754951	3.63654241014943E-10
ENSG00000265982	RP11-927P21.4	chr17	62774646	62775302	0.348219864473884	3.6930901036932E-10
ENSG00000229315	MCHR2-AS1	chr6	100441823	100441952	0.231559286255227	3.76641477151056E-10
ENSG00000165462	PHOX2A	chr11	71954836	71955692	0.261883616464413	3.79194792010112E-10
ENSG00000267665	RP11-13K12.2	chr17	75524641	75524771	0.195100507383795	3.8084345288729E-10
ENSG00000233407	RP11-567C20.3	chr1	50717636	50717676	0.31993854229725	3.82254969350427E-10
ENSG00000134516	DOCK2	chr5	169064343	169064564	0.310561302912706	3.92587838346798E-10
ENSG00000202167	RNU1-114P	chr1	149146866	149146954	0.21551143447358	3.93550337663808E-10
ENSG00000254254	RP11-17A4.2	chr8	57358246	57358837	0.223709862743117	3.98248776157152E-10
ENSG00000255408	PCDHA3	chr5	140180845	140180982	0.159150171344694	4.0084340489958E-10
ENSG00000259275	RP11-522B15.3	chr15	96895551	96895634	0.293724884276298	4.08898888009667E-10
ENSG00000266133	MIR4759	chr21	28337587	28337633	0.210930655650914	4.09557278771744E-10
ENSG00000235051	RP11-637O19.2	chr6	10881902	10882050	0.284537385255323	4.11263131396155E-10
ENSG00000254427	RP11-430H10.1	chr11	45376948	45377242	0.227211488961605	4.20085152200529E-10
ENSG00000207827	MIR30A	chr6	72129526	72129609	0.30022733528543	4.20957780112587E-10
ENSG00000115896	PLCL1	chr2	198651707	198651737	0.327834431450577	4.21399661659118E-10
ENSG00000212044	CR812485.1	chr1	149326269	149326334	0.199354473213988	4.34832429977181E-10
ENSG00000089916	GPATCH2L	chr14	76605157	76605333	0.346116944318038	4.35586559182345E-10
ENSG00000170162	VGLL2	chr6	117584800	117584844	0.209433902902861	4.3841022900264E-10
LRG_13	LRG_13	chr11	14995129	14995473	0.102637880387222	4.40596890371991E-10
ENSG00000075388	FGF4	chr11	69588728	69589070	0.222928648774683	4.49109076534809E-10
ENSG00000122254	HS3ST2	chr16	22825343	22826243	0.280178324854175	4.52764953980111E-10
ENSG00000266924	RP11-154H12.2	chr18	77548813	77549037	0.143544434122474	4.58515511682891E-10
ENSG00000269043	CTC-513N18.6	chr19	20607744	20607771	0.251311442959576	4.66653589705403E-10
ENSG00000188909	BSX	chr11	122852412	122852523	0.236698591560941	4.67510692210179E-10
ENSG00000237125	HAND2-AS1	chr4	174448302	174448397	0.230536734719781	4.6825116787316E-10
ENSG00000163012	ZSWIM2	chr2	187713847	187714014	0.224419780349837	4.68353893806736E-10
ENSG00000182230	FAM153B	chr5	175487852	175487952	0.28206872959695	4.79736066645301E-10
ENSG00000151640	DPYSL4	chr10	133999775	134000341	0.307475086726098	4.98915055111647E-10
ENSG00000136404	TM6SF1	chr15	83775955	83776476	0.307655571435743	5.04925997067612E-10
ENSG00000196350	ZNF729	chr19	22469191	22469251	0.195820763608956	5.05715627688958E-10
ENSG00000272864	RP11-17E13.2	chr1	75139239	75139398	0.310585590040197	5.09578332979632E-10
ENSG00000162344	FGF19	chr11	69517851	69519088	0.116382534321264	5.10764533988499E-10
ENSG00000167654	ATCAY	chr19	3880719	3880774	0.182066453150253	5.11405838068811E-10
ENSG00000262943	ALOX12P2	chr17	6735307	6735425	0.2611613110638	5.1220706302813E-10
ENSG00000134874	DZIP1	chr13	96204669	96205515	0.27774054914925	5.23811238533364E-10
ENSG00000239587	AC018730.4	chr2	105480556	105480748	0.296235382968329	5.25012993256398E-10
ENSG00000263612	AF186192.6	chr8	145939166	145939499	0.137219932574126	5.30494782145765E-10
ENSG00000106012	IQCE	chr7	2606666	2606698	0.170537995296145	5.35714326027446E-10
ENSG00000179331	RAB39A	chr11	107799850	107799979	0.217464187482418	5.35875013135522E-10
ENSG00000236536	AC003986.7	chr7	19158814	19158855	0.242688910446707	5.37045798521335E-10
ENSG00000234573	RP5-1116H23.1	chr20	4981089	4981114	0.220390935211045	5.41014294154366E-10
ENSG00000088320	REM1	chr20	30063129	30063314	0.188491415507093	5.50925509250763E-10
ENSG00000113749	HRH2	chr5	175085022	175085300	0.282908515420528	5.57473794284167E-10
ENSG00000204174	NPY4R	chr10	47083355	47083620	0.26172044040909	5.60901353083679E-10
ENSG00000196263	ZNF471	chr19	57019137	57019264	0.350168470253024	5.67573125559537E-10
ENSG00000261559	RP11-1H8.3	chr15	34787920	34788119	0.22557860755205	5.80469373269937E-10
ENSG00000101017	CD40	chr20	44746825	44746989	0.211942327394751	6.02102955514979E-10
ENSG00000162873	KLHDC8A	chr1	205312494	205312612	0.212871105079096	6.16487814669564E-10
ENSG00000119446	RBM18	chr9	124982938	124982984	0.315178185534236	6.16777614477894E-10

ENSG00000119946	CNNM1	chr10	101088917	101088944	0.299036165714343	6.17778220478653E-10
ENSG00000213435	ATP6V0CP3	chr6	42695393	42695411	0.164239377130229	6.3318625197127E-10
ENSG00000171551	ECEL1	chr2	233352691	233352815	0.219300239140255	6.48629006014308E-10
ENSG00000174279	EVX2	chr2	176948596	176948631	0.280677319554668	6.49325746097134E-10
ENSG00000112319	EYA4	chr6	133561647	133561677	0.318738671485072	6.63973397428231E-10
ENSG00000113391	FAM172A	chr5	92939806	92940122	0.255847580227389	6.67718044161357E-10
ENSG00000183850	ZNF730	chr19	23258221	23258422	0.322566866728963	6.71879837306445E-10
ENSG00000123612	ACVR1C	chr2	158453800	158454110	0.162884388011261	6.72099634383872E-10
ENSG00000123360	PDE1B	chr12	54943102	54943250	0.236323142776332	6.90985933003481E-10
ENSG00000153563	CD8A	chr2	87015977	87016054	0.292950310727645	6.97023891833121E-10
ENSG00000167077	MEI1	chr22	42095415	42095715	0.218277002435036	6.98311751524267E-10
ENSG00000198155	ZNF876P	chr4	206339	206442	0.179801129488634	7.05141661501273E-10
ENSG00000215998	MIR935	chr19	54481751	54481954	0.243689379992581	7.18463566978298E-10
ENSG00000236117	RP4-754E20_A.5	chr22	43740230	43740265	0.236648419616311	7.23260813788977E-10
ENSG00000122180	MYOG	chr1	203045340	203045389	0.204673267022528	7.23318018991562E-10
ENSG00000145777	TSLP	chr5	110406483	110406601	0.280326526843703	7.26008752215137E-10
ENSG00000230327	AC009234.1	chr2	50574647	50574816	0.264526065287025	7.26367075252491E-10
ENSG00000254377	LINC00966	chr8	65285897	65285925	0.247063817443066	7.2669250845433E-10
ENSG00000243508	RP11-775J23.2	chr3	125075916	125075938	0.415378135118311	7.27657465097771E-10
ENSG00000251573	CTD-2089N3.2	chr5	50265096	50265259	0.242878583968559	7.34818018928453E-10
ENSG00000238895	snoU13	chr12	128850696	128850754	0.220382954810951	7.40436664573828E-10
ENSG00000187135	VSTM2B	chr19	30017320	30017863	0.332743153913432	7.44829858703918E-10
ENSG00000267095	CTD-2319I12.5	chr17	58217089	58217300	0.133404490813748	7.45119920427708E-10
ENSG00000227778	XXYac-YX155B6.2	chr1	147532531	147532735	0.264341342920031	7.45387793877969E-10
ENSG00000232728	PHB2P1	chr10	111216805	111217079	0.244749633705882	7.5620555520404E-10
ENSG00000175658	DRD5P2	chr1	148902608	148902716	0.141415288928911	7.92636261802337E-10
ENSG00000253910	PCDHGB2	chr5	140739802	140739911	0.173722356359027	7.94168915050551E-10
ENSG00000109738	GLRB	chr4	157997139	157997750	0.31937916305807	8.2110578893604E-10
ENSG00000261671	RP11-573G6.6	chr10	22542573	22542718	0.326704981643272	8.29673179707363E-10
ENSG00000248441	CTD-2536I1.1	chr15	95869958	95870321	0.31663762139388	8.30918169675874E-10
ENSG00000091664	SLC17A6	chr11	22359658	22359667	0.193725742851996	8.40916776556597E-10
ENSG00000184058	TBX1	chr22	19744051	19744078	0.126708070674912	8.55386973532222E-10
LRG_226	LRG_226	chr22	19744051	19744078	0.126708070674912	8.55386973532222E-10
ENSG00000269349	CTD-3099C6.5	chr19	52996668	52996717	0.177304007609373	8.63499477256143E-10
ENSG00000235686	PPIAP20	chr19	12624274	12624466	0.182195318822081	8.81356531767585E-10
ENSG00000231848	AC012354.8	chr2	45227520	45227554	0.214442629235722	8.86421521024405E-10
ENSG00000224592	RP5-884C9.2	chr1	38511549	38512663	0.1349937749541	8.89936676464526E-10
ENSG00000058866	DGKG	chr3	185911316	185911389	0.278597259272866	8.99756094322388E-10
ENSG00000022355	GABRA1	chr5	161275568	161275588	0.204778158273654	9.01990664330183E-10
ENSG00000099365	STX1B	chr16	31022164	31022250	0.14157731666842	9.02166004054689E-10
ENSG00000148481	FAM188A	chr10	15761436	15762100	0.273734334250065	9.16952784676281E-10
ENSG00000196367	TRRAP	chr7	98467980	98468057	0.242100506767464	9.21228022789836E-10
ENSG00000231290	APCDD1L-AS1	chr20	57090367	57090461	0.184572762185296	9.31298246621327E-10
ENSG00000111049	MYF5	chr12	81110726	81110812	0.156709223891442	9.37598805136278E-10
ENSG00000178403	NEUROG2	chr4	113432893	113432964	0.236265633671347	9.43418455325387E-10
ENSG00000235902	RP11-626E13.1	chr4	186560246	186560450	0.191748918906262	9.5674474892607E-10
ENSG00000262339	RP11-1197K16.2	chr17	80922381	80922811	0.101865604451837	9.70374294893658E-10
ENSG00000164023	SGMS2	chr4	108642543	108642574	0.134069837967462	9.72460988185936E-10
ENSG00000201822	RNA5SP149	chr3	179755222	179755288	0.323117177545627	9.92699393578823E-10
ENSG00000162992	NEUROD1	chr2	182542717	182542760	0.200506843437832	1.0050311372552E-09
ENSG00000252068	RNU6-390P	chr5	157001672	157001742	0.144997898945552	1.02164557881617E-09
ENSG00000158406	HIST1H4H	chr6	26299892	26299970	0.166639048013399	1.02456651287136E-09
ENSG00000237463	RP11-280O1.2	chr1	165414511	165414611	0.252302931151544	1.02513048309652E-09
ENSG00000140932	CMTM2	chr16	66613033	66613407	0.324906752358584	1.03320820740781E-09
ENSG00000147596	PRDM14	chr8	70947440	70947562	0.291802313117307	1.04360927354391E-09
ENSG00000124160	NCOA5	chr20	44687676	44687723	0.202348306895559	1.04519904397171E-09
ENSG00000228340	RP5-1043L13.1	chr20	58662434	58662972	0.21251845632985	1.04727862084934E-09
ENSG00000198822	GRM3	chr7	86273242	86273261	0.18967333741475	1.06805329335423E-09
ENSG00000239389	PCDHA13	chr5	140261653	140261700	0.168282764778029	1.07989245838287E-09
ENSG00000240596	KCNAB1-AS2	chr3	156009080	156009099	0.237079525162312	1.10724459331449E-09
ENSG00000249326	CTD-2194D22.4	chr5	1886729	1887731	0.269911689245763	1.12061669641546E-09
ENSG00000267388	AF038458.5	chr19	36450916	36450997	0.22375934959493	1.13364431218361E-09
ENSG00000232087	HCFC2P1	chr13	109146975	109147083	0.11654366969548	1.16143896201308E-09
ENSG00000254184	TYW1B	chr7	71802184	71802296	0.35789999594783	1.18317596549295E-09
ENSG00000164309	CMYA5	chr5	78985680	78985884	0.110514775403784	1.19393872036279E-09
ENSG00000227987	AC092675.4	chr2	98963099	98963212	0.356121697464396	1.19465879182061E-09
ENSG00000184672	RALYL	chr8	85094907	85095019	0.3378554955499	1.20422149187687E-09
ENSG00000220008	LINGO3	chr19	2290209	2290311	0.128098725517892	1.20752838035416E-09
ENSG00000223389	SDCBP2P1	chr6	74024892	74025038	0.192920460860461	1.20979164183267E-09

ENSG00000225174	OSTM1-AS1	chr6	108440861	108440953	0.239619950459554	1.21221248131775E-09
ENSG00000253230	LINC00599	chr8	9762616	9762850	0.25445094316737	1.21559623850948E-09
ENSG00000260184	RP11-42110.3	chr16	48845042	48845353	0.259215528343847	1.23086300217305E-09
ENSG00000170419	VSTM2A	chr7	54609901	54610139	0.326440766608305	1.25650133343793E-09
ENSG00000226819	MEIS1-AS3	chr2	66653999	66654049	0.260068187878346	1.27073785550315E-09
ENSG00000230314	ELOVL2-AS1	chr6	11044780	11045000	0.307380064736705	1.28074262658708E-09
ENSG00000271824	AC009014.3	chr5	135529341	135529366	0.121404933213772	1.29908649334506E-09
ENSG00000182698	RESP18	chr2	220197321	220197513	0.144542635241502	1.30108935875129E-09
ENSG00000119973	PRLHR	chr10	120355112	120355150	0.165389548134131	1.30999213427456E-09
ENSG00000131094	C1QL1	chr17	43045428	43045722	0.152617361781542	1.31537676226804E-09
ENSG00000148798	INA	chr10	105036611	105036769	0.261699610390614	1.3505738152563E-09
ENSG00000225194	LINC00092	chr9	98790132	98790228	0.156195331622875	1.35564045004558E-09
ENSG00000204103	MAFB	chr20	39317262	39317424	0.192802113830786	1.36124689192617E-09
ENSG00000233508	RP1-269M15.3	chr20	41817999	41818894	0.311673993841423	1.36360976081465E-09
ENSG00000077009	NMRK2	chr19	3933474	3933749	0.122730324982938	1.39661123203486E-09
ENSG00000269364	CTC-457E21.2	chr19	22715464	22715596	0.225183278854051	1.41825957122132E-09
ENSG00000112695	COX7A2	chr6	75917514	75917560	0.178059973127276	1.42606436903645E-09
ENSG00000171680	PLEKHG5	chr1	6526116	6526469	0.165194933808669	1.42751916721457E-09
LRG_262	LRG_262	chr1	6526116	6526469	0.165194933808669	1.42751916721457E-09
ENSG00000248351	HSPD1P18	chr5	135701105	135701184	0.226999809573684	1.43492972803173E-09
ENSG00000100918	REC8	chr14	24640822	24641442	0.173429388097176	1.47873211842137E-09
ENSG00000232759	AC002480.3	chr7	22590069	22590088	0.16663179802471	1.48437230232985E-09
ENSG00000198963	RORB	chr9	77112716	77112954	0.176243494552677	1.51156591013189E-09
ENSG00000230432	AC114803.3	chr2	220173612	220173650	0.16183215023721	1.52126261442109E-09
ENSG00000248540	RP11-247C2.2	chr15	74421523	74421584	0.219043109491037	1.54169879607031E-09
ENSG00000184182	UBE2F	chr2	238865209	238865252	0.261462909124505	1.56320061507468E-09
ENSG00000251196	RP11-54F2.1	chr5	10650413	10650457	0.163686868868717	1.58528964511259E-09
ENSG00000104059	FAM189A1	chr15	29408181	29408225	0.215188239791919	1.60198052737812E-09
ENSG00000272050	RP13-379O24.3	chr20	61051667	61051915	0.219218221958417	1.61636812365753E-09
ENSG00000183248	CTD-3193O13.9	chr19	7928411	7928773	0.300792407766692	1.6284100412656E-09
ENSG00000228031	AC078842.3	chr7	137028249	137028292	0.202556811173592	1.65060939440648E-09
ENSG00000259166	RP11-1029J19.2	chr14	101923130	101923366	0.169681503078858	1.66315271718939E-09
ENSG00000213048	OR5S1P	chr2	241035593	241035636	0.20277387111627	1.68303828156953E-09
ENSG00000179562	GCC1	chr7	127176832	127176849	0.164992825441922	1.68705281954006E-09
ENSG00000140451	PIF1	chr15	65116014	65116557	0.346092142643852	1.68908954275856E-09
ENSG00000267417	CTC-239J10.1	chr19	13125226	13125281	0.252356375318369	1.71649111015807E-09
ENSG00000230067	HSPD1P6	chr3	36806121	36806213	0.287613557892953	1.72036539050593E-09
ENSG00000271180	RP11-665C16.8	chr14	55707692	55707876	0.182677241334215	1.75221320152046E-09
ENSG00000136099	PCDH8	chr13	53422555	53422871	0.280640156107172	1.77102472574532E-09
ENSG00000140519	RHCG	chr15	90013442	90013460	0.281950771677325	1.77726012266662E-09
ENSG00000157219	HTR5A	chr7	154862021	154862073	0.18471729173947	1.80061439366909E-09
ENSG00000238202	AC002465.2	chr7	116962842	116962950	0.276106634692141	1.80350541948199E-09
ENSG00000271724	CTC-359M8.3	chr5	145758586	145758710	0.153589219440524	1.8270228571778E-09
ENSG00000248859	RP11-375B1.3	chr5	176170704	176170795	0.125237670943768	1.83491449565971E-09
ENSG00000230006	ANKRD36BP2	chr2	89064977	89065350	0.243784298001103	1.85101669192447E-09
ENSG00000197644	AC106870.2	chr2	30142677	30142727	0.177635468027228	1.89988529586848E-09
ENSG00000175093	SPSB4	chr3	140770193	140770313	0.231082011179829	1.90331473503683E-09
ENSG00000230276	RP11-373A6.1	chr9	29213880	29213951	0.300519917926007	1.90684521508683E-09
ENSG00000091010	POU4F3	chr5	145719981	145720080	0.2414481954628	1.93100659868822E-09
ENSG00000182013	PNMAL1	chr19	46974572	46974946	0.18966557501509	1.93761054885355E-09
ENSG00000266765	CTD-2582D11.1	chr17	71948479	71948873	0.113529664799685	1.98158860309603E-09
ENSG00000259863	SH3RF3-AS1	chr2	109647958	109648208	0.129072440693545	2.00991159123037E-09
ENSG00000161835	GRASP	chr12	52401398	52401523	0.242252604211076	2.06439735474702E-09
ENSG00000165474	GJB2	chr13	20762958	20762982	0.107776285833485	2.09360302473094E-09
ENSG00000181444	ZNF467	chr7	149462671	149463221	0.356453350476138	2.0944699185266E-09
ENSG00000139767	SRRM4	chr12	119419249	119419363	0.272752214226909	2.10688862683707E-09
ENSG00000183258	DDX41	chr5	176937323	176937363	0.117036492569944	2.1186048578367E-09
ENSG00000103496	STX4	chr16	31022518	31022533	0.142675249940146	2.11880815522913E-09
ENSG00000125878	TCF15	chr20	590399	591217	0.259678520853322	2.12117347555147E-09
ENSG00000105131	EPHX3	chr19	15335096	15335140	0.137268605026569	2.12693751658172E-09
ENSG00000251923	RNU6-276P	chr4	56660386	56660581	0.124513613546394	2.13645874469657E-09
ENSG00000248918	CTD-2089N3.3	chr5	50265503	50265531	0.250888244865636	2.1982822056026E-09
ENSG00000252369	RNU7-51P	chr14	83558735	83559203	0.166393681728848	2.2059277019356E-09
ENSG00000226745	RP11-115D7.3	chr1	40598339	40598417	0.149373879782812	2.28057648117876E-09
ENSG00000268597	RP11-157B13.8	chr19	22444454	22444734	0.156527967919241	2.30852372489281E-09
ENSG00000124302	CHST8	chr19	34112594	34113214	0.26127837448876	2.41546379065932E-09
ENSG00000112320	SOBP	chr6	107809609	107809647	0.133167407782539	2.41956346733745E-09
ENSG00000241202	ZIC4-AS1	chr3	147106025	147106060	0.210517857095194	2.44512610228117E-09
ENSG00000244968	LIFR-AS1	chr5	38556233	38557159	0.258774823479498	2.45072868131303E-09

ENSG00000162840	MT2P1	chr4	69239374	69239605	0.212692528240439	2.46785829008463E-09
ENSG00000231863	RP3-428L16.1	chr6	161352105	161352241	0.181378257916692	2.53128405290015E-09
ENSG00000222014	RAB6C	chr2	130737223	130737369	0.238516762463531	2.56646024300591E-09
ENSG00000185988	PLK5	chr19	1524116	1524599	0.23466890411452	2.60401991659435E-09
ENSG00000198003	CCDC151	chr19	11532175	11532209	0.14910900714346	2.60450806992646E-09
ENSG00000259312	RP11-522B15.5	chr15	96961054	96961081	0.214722335837733	2.62455068148193E-09
LRG_394	LRG_394	chr20	42744466	42744951	0.139540514534009	2.62603085827821E-09
ENSG00000229625	RP11-44N12.2	chr8	99985734	99986292	0.214270232018596	2.62651149430825E-09
ENSG00000214273	AGGF1P1	chr4	190962563	190962734	0.147930978617113	2.64591434372734E-09
ENSG00000163885	CCDC37	chr3	126113784	126113962	0.261685186599309	2.64633896902518E-09
ENSG00000254916	RP11-529A4.12	chr11	89784904	89785082	0.151428199559737	2.65445704542455E-09
ENSG00000167614	TTYH1	chr19	54926376	54926592	0.249344424555336	2.68362010379221E-09
ENSG00000265940	AC103974.1	chr11	18814565	18814602	0.214501453530367	2.70207090058573E-09
ENSG00000257458	RP11-473C19.1	chr12	99289324	99289398	0.342422731442517	2.75753717562548E-09
ENSG00000264698	MIR4255	chr1	37501158	37501196	0.202354572428627	2.78094169731512E-09
ENSG00000243914	RPL5P14	chr5	31854493	31854521	0.163533644128249	2.80473343388322E-09
ENSG00000249808	CTD-2029E14.1	chr5	3197724	3197770	0.195891504371689	2.81325493614478E-09
ENSG00000137252	HCRT2	chr6	55039259	55039297	0.267516078153515	2.83294060755049E-09
ENSG00000163040	CCDC74A	chr2	132286493	132286516	0.125665165982212	2.83486210289665E-09
ENSG00000186566	GPATCH8	chr17	42462115	42462195	0.112464335527638	2.8862719870845E-09
ENSG00000099954	CECR2	chr22	17849937	17850039	0.100226652232818	2.93069927850599E-09
ENSG00000100346	CACNA1I	chr22	39954186	39954233	0.226985164675723	2.93087091156269E-09
ENSG00000144339	TMEFF2	chr2	193060401	193060427	0.217185210307645	2.95321389555859E-09
ENSG00000144191	CNGA3	chr2	98962874	98962969	0.329917479093397	2.98683135886396E-09
ENSG00000187855	ASCL4	chr12	108168987	108169281	0.266660328090817	3.0038304897225E-09
ENSG00000240419	RP11-545E8.1	chr16	7136998	7137080	0.254426098890213	3.00657185782289E-09
ENSG00000223759	RP11-353N4.4	chr1	149672849	149672949	0.226284441730786	3.09718292739153E-09
ENSG00000262147	RP13-638C3.3	chr17	80549621	80549660	0.193301289121108	3.13813647101993E-09
ENSG00000137211	HMG2P30	chr7	42267304	42267348	0.252352687665999	3.14410164661557E-09
ENSG00000252051	RN7SKP276	chr1	229543700	229543758	0.237626290272908	3.14938847805528E-09
ENSG00000163071	SPATA18	chr4	52942932	52943247	0.179449515942154	3.15897290057508E-09
ENSG00000004139	SARM1	chr17	26699047	26699587	0.153002603384726	3.17758535934479E-09
ENSG00000169676	DRD5	chr4	9783036	9784116	0.232938266086137	3.19464731790272E-09
ENSG00000227344	HAUS6P1	chr7	53286852	53286921	0.240483705492112	3.29444800512652E-09
ENSG00000233216	RP11-414C16.1	chr1	58715319	58715662	0.296290915272687	3.30149775462627E-09
ENSG00000082482	KCNK2	chr1	215255213	215255274	0.240637255109166	3.31981447710472E-09
ENSG00000111981	ULBP1	chr6	150285088	150285139	0.115558912117527	3.39328584072762E-09
ENSG00000204278	TMEM235	chr17	76227518	76227559	0.163820409468264	3.44484392011814E-09
ENSG00000235363	SNRPGP10	chr1	205312752	205312844	0.175630348998017	3.51327426693713E-09
ENSG00000172995	ARPP21	chr3	35680574	35680729	0.270420081734258	3.52056160795586E-09
ENSG00000238194	RP4-719C8.1	chr20	58180506	58180786	0.270629923901686	3.54543134395479E-09
ENSG00000151702	FLI1	chr11	128556482	128556611	0.211642904928171	3.54728558242507E-09
ENSG00000272259	RP11-305P22.9	chr20	61639351	61639394	0.181315119701075	3.64739541654267E-09
ENSG00000228672	PROB1	chr5	138729068	138729114	0.137717948872301	3.66144479427341E-09
ENSG00000120664	SPG20OS	chr13	36920264	36920673	0.286328351133969	3.7231131353524E-09
ENSG00000162490	DRAXIN	chr1	11751994	11752231	0.103075779526673	3.73142471320066E-09
ENSG00000168779	SHOX2	chr3	157813670	157813715	0.256710456493456	3.76276863715917E-09
ENSG00000130844	ZNF331	chr19	54024170	54024236	0.248595159438175	3.7681085189753E-09
ENSG00000267642	RP11-258B16.1	chr18	31020414	31021003	0.284492445695074	3.81170360343653E-09
ENSG00000272824	RP6-74O6.6	chr1	147826639	147826789	0.126499620113811	3.81722786978323E-09
ENSG00000188582	PAQR9	chr3	142666178	142666523	0.221463999762273	3.87238515443814E-09
ENSG00000183662	FAM19A1	chr3	68056900	68056964	0.22832288934157	3.91841277314004E-09
ENSG00000038427	VCAN	chr5	82767370	82767394	0.207059197819227	3.94679434385479E-09
ENSG00000130711	PRDM12	chr9	133540004	133540513	0.265597941748649	3.96471167604061E-09
ENSG00000236963	LINC01141	chr1	20669597	20670002	0.253416048418528	4.03265859509312E-09
ENSG00000171246	NPTX1	chr17	78451388	78451700	0.221045574914687	4.03290340347733E-09
ENSG00000077080	ACTL6B	chr7	100253783	100254133	0.286084039710198	4.04569711462362E-09
ENSG00000110900	TSPAN11	chr12	31079244	31079862	0.242924586179636	4.09736242377203E-09
ENSG00000255191	RP11-626H12.1	chr11	69830570	69830683	0.236940899224967	4.10436725636083E-09
ENSG00000099910	KLHL22	chr22	20791697	20792557	0.10485889388001	4.13327802621078E-09
ENSG00000255921	RP11-662I13.2	chr12	25101875	25102064	0.197131520957425	4.14418800547759E-09
ENSG00000203710	CR1	chr1	207669648	207669888	0.274988370552305	4.16858810188304E-09
ENSG00000112139	MDGA1	chr6	37673321	37673458	0.191185761416754	4.1952341496818E-09
ENSG00000078900	TP73	chr1	3568563	3568633	0.105861221522004	4.23600939815192E-09
ENSG00000271440	RP11-373N24.2	chr6	28602543	28602626	0.258531935907104	4.2926988878772E-09
ENSG00000163958	ZDHHC19	chr3	195897789	195897812	0.107203054677937	4.31293519878023E-09
ENSG00000174059	CD34	chr1	208084640	208084669	0.256575010359568	4.36866565170939E-09
ENSG00000228478	RP1-290I10.3	chr6	10426205	10426310	0.195881861118429	4.37034421836432E-09
ENSG00000244280	ECEL1P2	chr2	233252150	233252250	0.297512013912259	4.44601278458491E-09

ENSG00000198039	ZNF273	chr7	64337892	64338141	0.248761284546437	4.47223780401201E-09
ENSG00000172409	CLP1	chr11	57414908	57414987	0.205481611055259	4.51407468917139E-09
ENSG00000185008	ROBO2	chr3	75955766	75955888	0.281599501226886	4.62932722250443E-09
ENSG00000106013	ANKRD7	chr7	117854619	117854720	0.282530677148268	4.63016735034533E-09
ENSG00000152192	POU4F1	chr13	79171385	79171654	0.292950563729131	4.63272412181294E-09
ENSG00000146374	RSPO3	chr6	127439868	127440104	0.29335721097019	4.67364651624116E-09
ENSG00000214402	LCNL1	chr9	139880136	139880140	0.225517878126247	4.80546618174561E-09
ENSG00000173673	HES3	chr1	6304438	6304478	0.170741275031264	4.81412887795508E-09
ENSG00000238909	AC068643.1	chr12	103695862	103695883	0.264828583437795	4.83265992190787E-09
ENSG00000259650	RP11-272D12.1	chr15	73659865	73659894	0.121822552745213	4.8478679868837E-09
ENSG00000230316	FEZF1-AS1	chr7	121947045	121947120	0.24309486574847	4.86078222724333E-09
ENSG00000100095	SEZ6L	chr22	26565796	26565879	0.169412615191698	4.8965906284704E-09
ENSG00000213642	RP11-561N12.5	chr7	64030749	64030818	0.294845008268869	5.03104128167482E-09
ENSG00000204524	ZNF805	chr19	57751776	57751806	0.12078438897184	5.05445903182379E-09
ENSG00000152102	FAM168B	chr2	131798019	131798116	0.272385945986175	5.30681532604122E-09
ENSG00000256391	SDIM1	chr6	166268623	166268649	0.157891848191951	5.37023721684216E-09
ENSG00000183145	RIPPLY3	chr21	38378271	38378482	0.198143162572525	5.38198262518734E-09
ENSG00000267304	AC004637.1	chr19	3687816	3687883	0.144780283235545	5.38284903120372E-09
ENSG00000231918	AC007682.1	chr2	51259451	51259525	0.180055291544397	5.49565136859133E-09
ENSG00000196312	HIATL2	chr9	99639535	99639982	0.302325633150485	5.52008691101049E-09
ENSG00000258026	RP11-543H12.1	chr12	81472097	81472118	0.229788993411102	5.57550332089779E-09
ENSG00000253407	RP11-381I15.1	chr8	132054659	132054784	0.273183357153335	5.61415746725543E-09
ENSG00000172731	LRRC20	chr10	72043454	72043826	0.292012682051996	5.64580471804674E-09
ENSG00000216624	GAPDHP72	chr6	166422679	166422732	0.253706918560827	5.65069116428695E-09
ENSG00000237581	AC005538.5	chr2	234847758	234847842	0.258037965082294	5.68714666193414E-09
ENSG00000133101	CCNA1	chr13	37005489	37006678	0.306100502466448	5.7229753607876E-09
ENSG00000258811	CTD-3051D23.1	chr14	105310991	105311173	0.195986125688788	5.77169581746961E-09
ENSG00000248464	FGF10-AS1	chr5	44388972	44389038	0.21634047911788	5.81917496627696E-09
ENSG00000268067	OR5AH1P	chr19	57276634	57276879	0.182277390869936	5.8891292773784E-09
ENSG00000177468	OLIG3	chr6	137814952	137815036	0.264943494936095	5.93720660235398E-09
ENSG00000161298	ZNF382	chr19	37095688	37095736	0.276762215977446	5.95245163395962E-09
ENSG00000106538	RARRES2	chr7	150034401	150034440	0.168252902526802	6.0174651427343E-09
ENSG00000268532	RP11-514D23.1	chr16	86320857	86320980	0.224403595521723	6.11199902399621E-09
ENSG00000259392	RP11-758N13.3	chr15	33154235	33154257	0.148337296904639	6.16198055030643E-09
ENSG00000213244	HIST2H3DP1	chr1	120904681	120905075	0.283058531794902	6.1843633181102E-09
ENSG00000165084	C8orf34	chr8	69242921	69243128	0.328462426137321	6.19807217169972E-09
ENSG00000235119	RP11-9M16.2	chr9	117157871	117157899	0.176030099921713	6.24836248834787E-09
ENSG00000259663	CTD-2314G24.2	chr5	50673177	50673241	0.186814703836975	6.37614506359074E-09
ENSG00000203900	RP11-261N11.8	chr20	61992402	61992687	0.250016009613887	6.39722618595658E-09
ENSG00000260650	RP11-403P17.2	chr16	66613582	66613724	0.2827767967241	6.61803640518084E-09
ENSG00000197083	ZNF300P1	chr5	150325919	150325998	0.123838103128002	6.6325395482854E-09
ENSG00000264359	NEK4P2	chr17	16570169	16570608	0.273326089440537	6.6406453332171E-09
ENSG00000252844	SNORD112	chr10	103044083	103044323	0.269900609696088	6.67087898452959E-09
ENSG00000146122	DAAM2	chr6	39760077	39760269	0.199071414407303	6.69131512358495E-09
ENSG00000268785	RPL7P50	chr19	6590890	6591022	0.240145797213026	6.84393639440576E-09
ENSG00000205143	ARID3C	chr9	34623588	34624160	0.241868108213745	7.00253311320244E-09
ENSG00000243507	RP11-476M19.1	chr12	6000038	6300571	0.219664165662589	7.11939397297053E-09
ENSG00000250850	RP11-297B17.3	chr9	37002498	37002911	0.299662585172285	7.12561416671786E-09
ENSG00000231453	AC018470.4	chr2	175190787	175190821	0.132309626363197	7.14728967562261E-09
ENSG00000214607	ADAM24P	chr8	17271586	17271623	0.248897244068036	7.19469832856271E-09
ENSG00000271661	CTB-87J17.2	chr19	23185525	23185570	0.174897538759707	7.38510017824317E-09
ENSG00000163508	EOMES	chr3	27764396	27764437	0.166552436090843	7.43907925049079E-09
ENSG00000218672	AC008060.7	chr7	155174574	155174754	0.248707853622945	7.5416931053592E-09
ENSG00000182853	VMO1	chr17	4688629	4688743	0.274931568029647	7.69994823717787E-09
ENSG00000174292	TNK1	chr17	7287063	7287153	0.194360497437687	7.81099208291367E-09
ENSG00000223291	AL354680.1	chr6	12750436	12750489	0.274308079543457	7.83651616113833E-09
ENSG00000225667	LINC00505	chr1	46932703	46932863	0.103924972387392	7.99984688069335E-09
ENSG00000179840	C1orf200	chr1	9712451	9712596	0.187380126206232	8.07038641780123E-09
ENSG00000255583	RP11-415I12.2	chr12	64062940	64063113	0.195486479440643	8.23159538251445E-09
ENSG00000143499	SMYD2	chr1	214360694	214360954	0.209577865264278	8.28766786823023E-09
ENSG00000006116	CACNG3	chr16	24266884	24266984	0.186283780430508	8.36501184133219E-09
ENSG00000152284	TCF7L1	chr2	85361465	85361735	0.189111687949751	8.44153453329731E-09
ENSG00000259462	RP11-752G15.3	chr15	83316445	83316911	0.274552924754122	8.46971003510253E-09
ENSG00000027644	INSRR	chr1	156814378	156814561	0.137880519681652	8.53024215868154E-09
ENSG00000251580	RP11-539L10.3	chr4	6665672	6666189	0.209639278218316	8.67405089253246E-09
ENSG00000147488	ST18	chr8	53012452	53012636	0.131093483386119	8.72120042404172E-09
LRG_40	LRG_40	chr20	44746389	44746402	0.221160344735507	8.85518454348916E-09
ENSG00000259707	RP11-752G15.4	chr15	83349790	83349847	0.269622836450618	8.8814491790177E-09
ENSG00000163714	U2SURP	chr3	142683130	142683267	0.296096034212507	8.97550437774429E-09

ENSG00000147889	CDKN2A	chr9	21968199	21968267	0.264183903267658	9.04644461035768E-09
LRG_11	LRG_11	chr9	21968199	21968267	0.264183903267658	9.04644461035768E-09
ENSG00000221053	AC115286.1	chr1	34642209	34642256	0.147877318900504	9.09867668014678E-09
ENSG00000256564	RP11-424M22.3	chr12	16757911	16757985	0.231563034876458	9.10711894560847E-09
ENSG00000146674	IGFBP3	chr7	45961524	45961569	0.219798248285473	9.23267251908786E-09
ENSG00000250821	RP11-345F18.1	chr4	56686245	56686282	0.169643031485976	9.34092043022995E-09
ENSG00000187902	SHISA7	chr19	55952038	55952084	0.192424584627733	9.50134778550649E-09
ENSG00000128594	LRR4	chr7	127672221	127672318	0.218883149832108	9.66330289035377E-09
ENSG00000228723	SRGAP3-AS2	chr3	9178120	9178188	0.2362920160113	9.81995378846515E-09
ENSG00000162654	GBP4	chr1	89663574	89663649	0.145643436245858	9.88563255907017E-09
ENSG00000212297	RNU6-821P	chr3	197808556	197808580	0.124078931484042	9.89329308894924E-09
ENSG00000208037	MIR320A	chr8	22090360	22090372	0.100066098087196	1.00436288643241E-08
ENSG00000249082	CTC-276P9.1	chr5	134374415	134374559	0.205520994637942	1.01205805293568E-08
ENSG00000238183	RPS27P5	chr1	226925174	226925323	0.169691873647751	1.03560150832987E-08
ENSG00000252925	RNU1-68P	chr1	149670439	149670477	0.142580212504237	1.05409605253384E-08
ENSG00000237647	ERICH1-AS1	chr8	686792	688578	0.270867401958027	1.06001038521457E-08
ENSG00000198739	LRR4	chr10	68687886	68688014	0.190963032037517	1.06383000093951E-08
ENSG00000131446	MGAT1	chr5	180231054	180231064	0.144626083789639	1.07280491385043E-08
ENSG00000200184	RNU1-20P	chr3	192445500	192445533	0.209646665931467	1.07955017732747E-08
ENSG00000263670	MIR4457	chr5	1295915	1295969	0.12923856182774	1.08345130008357E-08
ENSG00000170577	SIX2	chr2	45232193	45232315	0.269069953971233	1.09222695286692E-08
ENSG00000179044	EXOC3L1	chr16	67218845	67219218	0.113988874519789	1.10022895691043E-08
ENSG00000151617	EDNRA	chr4	148402099	148402348	0.263862110581149	1.10792911350383E-08
ENSG00000166090	IL25	chr14	23835664	23835946	0.157866557903017	1.11973673872208E-08
ENSG00000221739	MIR1203	chr17	46233714	46233777	0.112112977984225	1.12493418237076E-08
ENSG00000114790	ARHGEF26	chr3	153839743	153839790	0.121297279918329	1.12952109369248E-08
ENSG00000179364	PACS2	chr14	105760523	105760556	0.132615354832675	1.1430178596837E-08
ENSG00000189375	TBC1D28	chr17	18538170	18538455	0.203914661406728	1.14336399868293E-08
ENSG00000064545	TMEM161A	chr19	19217132	19217259	0.248825306747906	1.14645583996354E-08
ENSG00000258422	RP11-486O13.2	chr14	70653864	70653880	0.222193606279548	1.16787416312319E-08
ENSG00000143515	ATP8B2	chr1	154297836	154297912	0.118187177245375	1.17050385719956E-08
ENSG00000254039	RP11-304F15.6	chr17	47987958	47988098	0.197336404463081	1.17526195788951E-08
ENSG00000205212	CCDC144NL	chr17	20744010	20744365	0.262222209580093	1.17947433731249E-08
ENSG00000259439	RP11-89K21.1	chr2	45155175	45155212	0.305733675225501	1.19506095701706E-08
ENSG00000221612	AC106775.1	chr5	136834749	136835130	0.182481703087822	1.21642101706173E-08
ENSG00000260211	RP13-395E19.2	chr15	32607800	32607932	0.293219505984999	1.23115443817398E-08
ENSG00000165588	OTX2	chr14	57270915	57270920	0.249743987071506	1.23215262163691E-08
ENSG00000134438	RAX	chr18	56934895	56935605	0.273082805715408	1.23244905086316E-08
ENSG00000170743	SYT9	chr11	7272548	7272585	0.246116430535088	1.23351532156757E-08
ENSG00000101438	SLC32A1	chr20	37358018	37358096	0.227538052617571	1.24488020791886E-08
ENSG00000113763	UNC5A	chr5	176236975	176237288	0.129098610681945	1.26256918077758E-08
ENSG00000227265	AC073464.4	chr2	95401381	95401499	0.311609917398339	1.26294188332386E-08
ENSG00000008438	PGLYRP1	chr19	46526290	46526367	0.12456335141179	1.27063399473921E-08
ENSG00000169184	MN1	chr22	28194014	28194051	0.215357653913531	1.28298467709673E-08
ENSG00000231291	RP11-445O3.1	chr5	4512352	4512370	0.240467331118933	1.28468234155738E-08
ENSG00000260188	CTA-331P3.1	chr6	110798323	110798360	0.233071884850861	1.29505032730048E-08
ENSG00000240184	PCDHGC3	chr5	140855796	140855873	0.138355784592558	1.31124704792617E-08
ENSG00000140678	ITGAX	chr16	31343361	31343502	0.157280431718994	1.31186425063299E-08
ENSG00000261305	RP4-584D14.7	chr7	150038598	150038753	0.295660388880972	1.3120223190588E-08
ENSG00000233840	PCDH9-AS4	chr13	67568442	67568588	0.229696281617258	1.3348850566546E-08
ENSG00000237750	AC007740.1	chr2	163695037	163695060	0.241397557521634	1.33786248282051E-08
ENSG00000081853	PCDHGA2	chr5	140718600	140718682	0.146096085461641	1.34471312341371E-08
ENSG00000213694	S1PR3	chr9	91606945	91607128	0.215011734804929	1.35468560809437E-08
ENSG00000081059	TCF7	chr5	133449905	133449921	0.100031191514361	1.37249846810949E-08
ENSG00000125753	VASP	chr19	46002639	46002680	0.106674805642357	1.39637860913988E-08
ENSG00000200645	RNU6-1210P	chr18	14747794	14748560	0.268235223229737	1.39738028510471E-08
ENSG00000162624	LHX8	chr1	75594230	75594261	0.138996824612585	1.39968384402575E-08
ENSG00000265225	AL118525.1	chr20	48184421	48184674	0.247020831647231	1.40866498442541E-08
ENSG00000152784	PRDM8	chr4	81106179	81106410	0.226305548095289	1.41448200628203E-08
ENSG00000235972	RP11-472G23.10	chr6	150358876	150359333	0.249040053209179	1.42478377861233E-08
ENSG00000253553	RP11-586K2.1	chr8	89339011	89339132	0.21702235502106	1.43776002378727E-08
ENSG00000258776	RP11-1085N6.5	chr14	57283968	57284319	0.245006368588664	1.44246506455447E-08
ENSG00000172315	TP53RK	chr20	45280414	45280449	0.191887637584762	1.45060751481545E-08
ENSG00000269796	AC011516.1	chr19	22605084	22605234	0.160013312414063	1.46312732742593E-08
ENSG00000165072	MAMDC2	chr9	72658354	72658490	0.23415676891222	1.47581991356713E-08
ENSG00000134121	CHL1	chr3	238224	238274	0.265286412595872	1.49400003373161E-08
ENSG00000135622	SEMA4F	chr2	74875075	74875561	0.197720917984831	1.50065009295766E-08
ENSG00000198242	RPL23A	chr17	27044993	27045030	0.293251706336381	1.52348973463434E-08
ENSG00000198482	ZNF808	chr19	53038707	53038753	0.188880128347563	1.52990501368503E-08

ENSG00000261810	RP11-895K13.2	chr16	10133334	10133339	0.308539044925123	1.54607868875537E-08
ENSG00000234473	ZNF101P2	chr1	192956061	192956181	0.103322499581466	1.56469932465568E-08
ENSG00000237651	C2orf74	chr2	61372112	61372316	0.230233457799135	1.56766396870514E-08
ENSG00000183691	NOG	chr17	54674874	54675216	0.244446287034823	1.5720435092409E-08
ENSG00000225173	XXbac-BPG308K3.5	chr6	28793656	28793672	0.231671605296348	1.58924062830631E-08
ENSG00000146592	CREB5	chr7	28448071	28448103	0.161508144636521	1.59503078428863E-08
ENSG00000263527	MIR4526	chr18	13611400	13611481	0.175218765768978	1.62399843855681E-08
ENSG00000269509	CTB-159G17.2	chr19	22966627	22966648	0.199313237826284	1.65432411519178E-08
ENSG00000164093	PITX2	chr4	111563124	111563132	0.144902504856916	1.65702174578095E-08
ENSG00000164830	OXR1	chr8	107284006	107284102	0.133510522855086	1.67040373829283E-08
ENSG00000119547	ONECUT2	chr18	55102785	55103562	0.132173266009063	1.67102919577496E-08
ENSG00000203797	DDO	chr6	110679783	110679832	0.262228100594047	1.67813756042325E-08
ENSG00000248172	RP11-1094H24.3	chr17	48071988	48072128	0.119599961528938	1.68060604418835E-08
ENSG00000266774	RP11-321M21.1	chr18	73167403	73167946	0.281707684344417	1.68652374718768E-08
ENSG00000199492	RNU6-1313P	chr17	48042937	48043063	0.2118523079981	1.69516493795727E-08
ENSG00000267166	RP11-527L4.5	chr17	41984153	41984162	0.10897094707564	1.69720314574313E-08
ENSG00000106624	AEBP1	chr7	44143913	44144056	0.189956868493764	1.73157328901113E-08
ENSG00000237503	RP5-998N21.3	chr1	149334301	149334349	0.250626973760043	1.73702435588695E-08
ENSG00000252461	SNORA43	chr16	28892022	28892108	0.168769046822483	1.73906014233328E-08
ENSG00000227404	KRT8P20	chr7	38670605	38671049	0.317401738748714	1.79890537342086E-08
ENSG00000263053	RP11-1055B8.6	chr17	79366143	79366191	0.13159352939636	1.79923310391198E-08
ENSG00000267454	ZNF582-AS1	chr19	56904815	56905079	0.287247942901557	1.82761219823648E-08
ENSG00000267223	AC005597.1	chr19	30713773	30713850	0.201015423602923	1.83829475977727E-08
ENSG00000226615	AC018696.1	chr2	91635653	91635736	0.308151937373445	1.84419090705542E-08
ENSG00000259404	EFTUD1P1	chr15	84748862	84749016	0.240785170226843	1.85958555809437E-08
ENSG00000221130	AP001482.1	chr11	88798886	88799277	0.232801644125848	1.87614104075062E-08
ENSG00000174611	KY	chr3	134370198	134370231	0.208859715018791	1.8922208099663E-08
ENSG00000204566	C10orf115	chr10	23492902	23492947	0.211348280998879	1.89456519653493E-08
ENSG00000212154	RNA5SP377	chr12	132145867	132145963	0.297201829847602	1.91363880165354E-08
ENSG00000109705	NKX3-2	chr4	13542571	13542578	0.187539852972725	1.91579702604107E-08
ENSG00000231666	RP11-404O13.1	chr1	158119501	158119568	0.198057774272333	1.93592589906983E-08
ENSG00000221932	HEPN1	chr11	124790344	124790365	0.172357809981997	1.93822010678242E-08
ENSG00000233557	NFU1P2	chr1	98519701	98519739	0.244667734921194	1.94802357135685E-08
ENSG00000152454	ZNF256	chr19	58446745	58446799	0.231404990963496	1.9543457941823E-08
ENSG00000212206	SNORA69	chr17	8230720	8230923	0.231326476330417	1.97568866503115E-08
ENSG00000183876	ARSI	chr5	149681619	149681655	0.228959372623784	1.98735728505557E-08
ENSG00000168875	SOX14	chr3	137483503	137483575	0.230486211199515	1.98930633502576E-08
ENSG00000227213	SPATA13-AS1	chr13	24798133	24798368	0.125358084849059	1.99046053008583E-08
ENSG00000237988	OR21P	chr6	29521076	29521162	0.305908354302173	1.99961699242437E-08
ENSG00000221411	MIR1227	chr19	2234013	2234056	0.206178445034259	2.00064595570123E-08
ENSG00000231804	RP11-317B17.3	chr9	91091489	91091556	0.112428286559888	2.0272105607861E-08
ENSG00000198754	OXCT2	chr1	40236205	40236317	0.238449867697633	2.04632603751468E-08
ENSG00000257262	RP11-776A13.1	chr12	30353886	30354021	0.21383395212916	2.10148077489378E-08
ENSG00000131711	MAP1B	chr5	71404116	71404187	0.11293481166471	2.12549064224594E-08
ENSG00000135925	WNT10A	chr2	219744622	219744672	0.111591708109528	2.1335245038589E-08
ENSG00000252228	SNORA48	chr6	30095546	30095631	0.163638695128152	2.13848949510839E-08
ENSG00000253432	RP11-324F11.1	chr8	139926676	139926742	0.100945993616005	2.14460146662359E-08
ENSG00000130270	ATP8B3	chr19	1776028	1776455	0.27605994603962	2.17557162748666E-08
ENSG00000231149	RP11-10J18.3	chr9	127265182	127265258	0.228811338215892	2.19317544734803E-08
ENSG00000207619	MIR585	chr5	168726817	168726909	0.156861544919394	2.20404295880425E-08
ENSG00000176435	CLEC14A	chr14	38725611	38725656	0.177728832158666	2.20966939241113E-08
ENSG00000186838	SELV	chr19	40005649	40005892	0.14150969810409	2.21781889362432E-08
ENSG00000136457	CHAD	chr17	48546111	48546461	0.174809207910518	2.2349049329161E-08
ENSG00000180440	SERTM1	chr13	37247955	37248305	0.284843100925081	2.23561144966388E-08
ENSG00000170549	IRX1	chr5	3595649	3595907	0.276965733117723	2.24955363940445E-08
ENSG00000167476	JSRP1	chr19	2252069	2252503	0.15140233101326	2.25142685302261E-08
ENSG00000008735	MAPK8IP2	chr22	51042294	51043095	0.221047523958801	2.28567181426477E-08
ENSG00000252896	AC067957.1	chr2	45028225	45028269	0.222087920954735	2.3057250568431E-08
ENSG00000106536	POU6F2	chr7	39015855	39015928	0.264475900150894	2.32282722324807E-08
ENSG00000064300	NGFR	chr17	47572995	47573074	0.109241672427614	2.34382220998747E-08
ENSG00000241293	PPATP1	chr3	87138203	87138325	0.187100080662307	2.36815667794232E-08
ENSG00000249843	RP11-45H22.2	chr5	54179364	54179452	0.262302192484058	2.44826196327473E-08
ENSG00000241749	RPSAP52	chr12	66123181	66123314	0.229003491411281	2.46205993367788E-08
ENSG00000253572	RP11-107N7.1	chr5	77253527	77253544	0.223493251525931	2.47087201074987E-08
ENSG00000123407	HOXC12	chr12	54348606	54348629	0.175285857862651	2.48047585085374E-08
ENSG00000080224	EPHA6	chr3	96533393	96533530	0.21973105185795	2.48438352920838E-08
ENSG00000244237	RP11-1046B16.1	chr14	70015542	70015549	0.150269775249069	2.50198796401561E-08
ENSG00000268120	CTD-3193O13.11	chr19	7938474	7938551	0.177933488477152	2.50965098347896E-08
ENSG00000182348	ZNF804B	chr7	88388511	88388587	0.253181097120584	2.56325391226184E-08

ENSG00000125657	TNFSF9	chr19	6535005	6535078	0.223827644012297	2.58272699106833E-08
ENSG00000244578	RP11-548O1.3	chr3	138655917	138656042	0.161645536119546	2.59025859045506E-08
ENSG00000080845	DLGAP4	chr20	34893806	34894102	0.244191312097556	2.62814598403646E-08
ENSG00000185668	POU3F1	chr1	38510074	38510131	0.250323350928762	2.77432071820707E-08
ENSG00000170989	S1PR1	chr1	101702448	101702744	0.20294555207406	2.79264136469642E-08
ENSG00000230186	RP5-998N21.7	chr1	149399911	149400028	0.321622071914195	2.79278134551322E-08
ENSG00000107831	FGF8	chr10	103535396	103535482	0.106521816989168	2.80327863432537E-08
ENSG00000153395	LPCAT1	chr5	1446445	1446517	0.229459260119893	2.81214450842999E-08
ENSG00000206878	SNORA51	chr1	228786295	228786343	0.20935289671577	2.81466790863762E-08
ENSG00000106236	NPTX2	chr7	98248972	98249051	0.24991608751547	2.82905632986255E-08
ENSG00000235464	AC007652.1	chr7	35494808	35494827	0.182810856007865	2.8936790059679E-08
ENSG00000144891	AGTR1	chr3	148415463	148415668	0.217305021769602	2.92971474031601E-08
ENSG00000242281	RN7SL159P	chr9	132114636	132114783	0.182713105650721	2.98311992295812E-08
ENSG00000226063	AC009531.2	chr7	35299214	35299243	0.228267418973663	2.98983754367615E-08
ENSG00000234104	RP5-1177M21.1	chr20	21000775	21000837	0.184865113737097	2.99140621570547E-08
ENSG00000203818	HIST2H3PS2	chr1	149400146	149400219	0.313946538529637	2.99943808664124E-08
ENSG00000180613	GSX2	chr4	54967423	54967797	0.233878567286758	3.01253357452691E-08
ENSG00000171310	CHST11	chr12	104850140	104850173	0.12826675817627	3.04906916253579E-08
ENSG00000204961	PCDHA9	chr5	140228143	140228264	0.152434821476235	3.07922393112414E-08
ENSG00000233081	RP11-440G5.2	chr9	94183419	94183681	0.311405332298416	3.08993444187867E-08
ENSG00000050820	BCAR1	chr16	75267706	75267775	0.10669266077316	3.09024288529386E-08
ENSG00000269037	CTC-523E23.6	chr19	35396054	35396208	0.228421568156798	3.17512669383642E-08
ENSG00000239545	RN7SL822P	chr4	56024106	56024227	0.223531637348979	3.18135102313943E-08
ENSG00000226040	AC005740.3	chr5	141263002	141263222	0.207265048777922	3.19666473000099E-08
ENSG00000252784	Y_RNA	chr1	63796338	63796370	0.252016610596419	3.19968207015736E-08
ENSG00000187984	ANKRD19P	chr9	95569940	95570277	0.117345685573861	3.20642854380297E-08
ENSG00000261614	YBX3P1	chr16	31579765	31579855	0.100477072273007	3.21028540186159E-08
ENSG00000125851	PCSK2	chr20	17206529	17206744	0.208445131857793	3.23092825891955E-08
ENSG00000268673	LLNLR-249E10.1	chr19	15871067	15871234	0.151348113057244	3.27388474875661E-08
ENSG00000213655	CTD-2347117.1	chr5	122620910	122620938	0.195219215870227	3.3261183767373E-08
ENSG00000272405	RP11-284F21.10	chr1	156611640	156611655	0.165195234499544	3.3479907551115E-08
ENSG00000223345	HIST2H2BA	chr1	120905985	120906056	0.290941609143188	3.36619135003835E-08
ENSG00000263571	CTC-304117.5	chr17	32484008	32484125	0.182559129993233	3.40184233970936E-08
ENSG00000197587	DMBX1	chr1	46958863	46958896	0.117794653301251	3.42288713005324E-08
ENSG00000226480	OR7H1P	chr19	9394120	9394248	0.197621270734906	3.42392498394729E-08
ENSG00000258604	AL161668.5	chr14	21494019	21494310	0.121429012068399	3.46153121255058E-08
ENSG00000141748	ARL5C	chr17	37321168	37321211	0.175175852865038	3.49486018329707E-08
ENSG00000242407	CTD-2377D24.4	chr17	46811393	46811424	0.221268932119932	3.54035819321671E-08
ENSG00000229727	AC013460.1	chr2	7571081	7571152	0.227415812092599	3.54274212961236E-08
ENSG00000107872	FBXL15	chr10	104178529	104178591	0.100367915370293	3.5523946938081E-08
ENSG00000246350	RP5-1186N24.3	chr6	28555067	28555118	0.215282019981494	3.56929806094724E-08
ENSG00000166159	LRTM2	chr12	1929491	1929588	0.157320038401014	3.56985880437891E-08
ENSG00000110848	CD69	chr12	9892690	9892712	0.245550425069607	3.57235099575348E-08
ENSG00000135454	B4GALNT1	chr12	58026042	58026068	0.118035324256007	3.63644573258707E-08
ENSG00000106852	LHX6	chr9	124982087	124982611	0.302470467969121	3.66090751459011E-08
ENSG00000259410	RP11-34F13.3	chr15	68122330	68122560	0.237854786731095	3.69672703066902E-08
ENSG00000237844	AC092684.1	chr2	164593398	164593498	0.250258955416033	3.72605985284899E-08
ENSG00000052850	ALX4	chr11	44330555	44331672	0.234739305664719	3.75983456743122E-08
ENSG00000142185	TRPM2	chr21	45769831	45770705	0.308982174311595	3.78545855680504E-08
ENSG00000253052	U3	chr12	29937497	29937528	0.264689370617159	3.80524168807527E-08
ENSG00000255258	RP11-448P19.1	chr11	133657404	133657530	0.209461862188355	3.81781004375065E-08
ENSG00000228653	HNRNPCP7	chr7	63955997	63956089	0.15761803348369	3.84567826880976E-08
ENSG00000256779	RP11-60C6.5	chr11	94770607	94771141	0.130091034075729	3.89881376525634E-08
ENSG00000100987	VSX1	chr20	25062823	25062899	0.312137168124659	3.92190676762445E-08
ENSG00000145423	SFRP2	chr4	154709894	154710224	0.273889217246068	3.95105859719332E-08
ENSG00000091592	NLRP1	chr17	5403149	5403252	0.177954987226971	3.95665302809465E-08
ENSG00000112249	ASCC3	chr6	100917264	100917506	0.179033334159515	3.98034781674473E-08
ENSG00000101542	CDH20	chr18	59000644	59000869	0.261237256587682	4.02560706709202E-08
ENSG00000238284	AC027269.2	chr7	42533405	42533453	0.238425021659513	4.0915172556421E-08
ENSG00000181234	TMEM132C	chr12	128751068	128752325	0.267345045241169	4.10336159697312E-08
ENSG00000237039	AC018738.2	chr2	232093080	232093129	0.100289074714094	4.10737293817118E-08
ENSG00000270479	RP11-369G6.3	chr19	23300233	23300278	0.237758820578654	4.11428017731135E-08
ENSG00000136883	KIF12	chr9	116859553	116859685	0.119274836414575	4.15907781542505E-08
ENSG00000259986	RP11-382A20.4	chr15	83875659	83876296	0.179941240924441	4.16175961103577E-08
ENSG00000235026	DPP10-AS1	chr2	115918758	115919040	0.291084128209349	4.1848452973325E-08
ENSG00000226490	AC138647.1	chr8	142528234	142529028	0.230684159922312	4.19139098103248E-08
ENSG00000186431	FCAR	chr19	55392906	55392937	0.215270871482022	4.2795497737377E-08
ENSG00000221923	ZNF880	chr19	52873085	52873225	0.308984938265828	4.29644171621179E-08
ENSG00000086205	FOLH1	chr11	49230164	49230226	0.248727366812542	4.33892286065437E-08

ENSG00000144290	SLC4A10	chr2	162282947	162282971	0.226573290922208	4.42803895246468E-08
ENSG00000166770	ZNF667-AS1	chr19	56988285	56988982	0.24574181398705	4.44197796776735E-08
ENSG00000119147	C2orf40	chr2	106681740	106681787	0.170724548765814	4.54204291436751E-08
ENSG00000159648	TEPP	chr16	58019295	58019466	0.21185695664706	4.56395617476248E-08
ENSG00000230932	RP5-947P14.2	chr1	106623420	106623481	0.103527954673952	4.60281657986873E-08
ENSG00000120149	MSX2	chr5	174158336	174158386	0.210802336035861	4.62957890552126E-08
ENSG00000101336	HCK	chr20	30640128	30640327	0.106078885725837	4.68248379085728E-08
ENSG00000258481	RP11-472N19.3	chr14	92721331	92721383	0.188576395717429	4.72423094177189E-08
ENSG00000204970	PCDHA1	chr5	140165976	140166075	0.118847202594378	4.76690412731776E-08
ENSG00000232818	RPS2P32	chr7	23530034	23530109	0.178147734232899	4.77152563794361E-08
ENSG00000261471	RP11-61F12.1	chr16	84628832	84629079	0.19952050470732	4.78357126043513E-08
ENSG00000164694	FNDC1	chr6	159590227	159590723	0.280253159343459	4.80718434775363E-08
ENSG00000244522	AC092669.1	chr2	66666470	66666594	0.228241121967297	4.85021838225708E-08
ENSG00000250742	RP11-834C11.4	chr12	54520409	54520430	0.242126834962418	4.85367297880993E-08
ENSG00000241570	RP11-372E1.6	chr3	142681672	142682322	0.23948849391542	4.87753265229542E-08
ENSG00000261018	LL09NC01-254D11.1	chr9	136474976	136475006	0.22944998875396	4.9023485099541E-08
ENSG00000198420	FAM115A	chr7	143582481	143582609	0.246558640769434	4.90665294549665E-08
ENSG00000225337	RP11-561O23.7	chr9	70923023	70923058	0.198727380871204	4.9333346671823E-08
ENSG00000243479	MNX1-AS1	chr7	156812873	156812915	0.184233095205957	4.96161266826837E-08
ENSG00000242943	NKAIN1P1	chr1	148864532	148864641	0.155544143323174	4.96658436672329E-08
ENSG00000229981	RP11-215N21.1	chr10	109674202	109674243	0.299728091836401	4.97163328533666E-08
ENSG00000186354	C9orf47	chr9	91605744	91605930	0.186593194691461	4.97277295212906E-08
ENSG00000182613	OR2V2	chr5	180591145	180591215	0.172392177509922	4.98815245775222E-08
ENSG00000144119	C1QL2	chr2	119913980	119914029	0.108719376814328	5.06019679272377E-08
ENSG00000143674	MLK4	chr1	233497871	233497916	0.182790033178831	5.09337607797621E-08
ENSG00000253771	TPTE2P1	chr13	25506114	25506383	0.209560942320347	5.10526437014331E-08
ENSG00000268467	AP000889.3	chr11	107462375	107462771	0.156165872348733	5.15260173429922E-08
ENSG00000232638	RP11-379F12.4	chr10	8093474	8093533	0.176156133356275	5.16708447123394E-08
ENSG00000229891	Z83851.1	chr22	42760765	42760814	0.146391863576237	5.17257362895389E-08
ENSG00000261842	RP11-143I21.1	chr7	149112284	149112519	0.161350100055617	5.28332916473264E-08
ENSG00000082701	GSK3B	chr3	119529054	119529158	0.210158293841943	5.29810943450289E-08
ENSG00000230500	RP11-360I20.2	chr10	28033713	28033795	0.196620267981625	5.31743393836705E-08
ENSG00000176182	MYPOP	chr19	46404541	46404895	0.247760325997717	5.39252380364078E-08
ENSG00000234921	RP11-85O21.5	chr9	126783614	126783650	0.181200689299364	5.46163779040808E-08
ENSG00000235086	FNDC1-IT1	chr6	159655322	159655425	0.218671925838827	5.51796453128736E-08
ENSG00000108278	ZNHT3	chr17	34820560	34820745	0.156322286618619	5.55899022646434E-08
ENSG00000105997	HOXA3	chr7	27146075	27146369	0.261754548005484	5.58603924701085E-08
LRG_476	LRG_476	chr21	47518707	47518998	0.211466718449516	5.60631128556428E-08
ENSG00000178343	SHISA3	chr4	42400738	42400799	0.102794366643828	5.66557536714833E-08
ENSG00000164600	NEUROD6	chr7	31376083	31376095	0.20131187991157	5.71061358227813E-08
ENSG00000234595	AC013733.3	chr2	182547847	182547973	0.287619337302282	5.814163081168E-08
ENSG00000239513	RP11-2A4.3	chr3	137490663	137490752	0.247014202877467	5.81589551525792E-08
ENSG00000185290	NUPR1L	chr7	56183951	56184153	0.268980098002977	5.86820193235357E-08
ENSG00000207611	MIR149	chr2	241393792	241393833	0.127101458220325	5.86860541764994E-08
ENSG00000225156	AC012354.6	chr2	45181891	45182099	0.166723955935235	5.90625529991377E-08
ENSG00000235601	RP11-231K24.2	chr9	96716665	96717623	0.26301548609915	5.94389569880245E-08
ENSG00000265175	AC092685.1	chr7	64734244	64734265	0.189748904537403	6.0679539101325E-08
ENSG00000216811	RP1-69B13.2	chr6	146755484	146755562	0.269523595030836	6.08964728672444E-08
ENSG00000197702	PARVA	chr11	12462992	12463020	0.109430861054608	6.1032167856816E-08
ENSG00000125249	RAP2A	chr13	98082978	98082992	0.247866230293594	6.10439080206494E-08
ENSG00000232973	CYP1B1-AS1	chr2	38302734	38302960	0.162251940788126	6.15883544539795E-08
ENSG00000125533	BHLHE23	chr20	61637364	61638361	0.258819863172588	6.18038303051343E-08
ENSG00000250120	PCDHA10	chr5	140235586	140235607	0.119925367462049	6.19401397034046E-08
ENSG00000111452	GPR133	chr12	131438517	131438573	0.150625869256266	6.31558949354564E-08
ENSG00000227372	TP73-AS1	chr1	3649928	3649962	0.222980867339096	6.34285057159589E-08
ENSG00000131242	RAB11FIP4	chr17	29718735	29719255	0.157830424830267	6.35887375352735E-08
ENSG00000137513	NARS2	chr11	78176004	78176093	0.12212190664106	6.44675451381839E-08
ENSG00000054803	CBLN4	chr20	54580175	54580415	0.280629148704732	6.45856693122835E-08
ENSG00000068976	PYGM	chr11	64513130	64513283	0.109613806684487	6.45955199447092E-08
ENSG00000249609	RP11-635L1.3	chr4	169753915	169754521	0.184592113823971	6.53855221796214E-08
ENSG00000106266	SNX8	chr7	2298596	2298628	0.11256278151161	6.57765888034685E-08
ENSG00000113209	PCDHB5	chr5	140514907	140514944	0.1357638441451	6.60831488874933E-08
ENSG00000233502	AC104794.4	chr2	10220702	10221007	0.137223971434485	6.64765670203771E-08
ENSG00000043355	ZIC2	chr13	100624791	100624965	0.186276832813126	6.65767080170477E-08
ENSG00000038295	TLL1	chr4	166794471	166794507	0.166470351159612	6.84066559710905E-08
ENSG00000185274	WBSCR17	chr7	70597148	70597458	0.321066357680647	6.85510885806353E-08
ENSG00000230223	ATXN8OS	chr13	70681276	70681317	0.123284047556078	6.90369708337853E-08
ENSG00000268895	A1BG-AS1	chr19	58858713	58858975	0.223791439042954	6.96569994861903E-08
ENSG00000206969	RNU6-1316P	chr14	103294740	103294772	0.166117644202726	6.98961906072391E-08

ENSG00000163132	MSX1	chr4	4866047	4866128	0.237562376827697	6.9918307203976E-08
ENSG00000154134	ROBO3	chr11	124735196	124735412	0.140270829764462	6.99388445887147E-08
ENSG00000260597	AC012531.25	chr12	54413000	54413172	0.1564782794498	7.00532630174839E-08
ENSG00000172817	CYP7B1	chr8	65500070	65500164	0.160120893842329	7.04063594766825E-08
ENSG00000069696	DRD4	chr11	639298	640670	0.249775080590682	7.09384255519993E-08
ENSG00000103043	VAC14	chr16	70715136	70715140	0.138218971671402	7.12175050308335E-08
ENSG00000166265	CYYR1	chr21	27945418	27945616	0.248879323098375	7.20541504561808E-08
ENSG00000112038	OPRM1	chr6	154360401	154360433	0.196008245809877	7.2347315560525E-08
ENSG00000265596	MIR3659	chr1	38600119	38600272	0.215534193697799	7.2782465120668E-08
ENSG00000229771	RP4-644L1.2	chr20	39321485	39321646	0.174503760185659	7.31221129784368E-08
ENSG00000258913	RP11-260M19.2	chr14	104689976	104689991	0.288457820783282	7.39802080920887E-08
ENSG00000266550	AP002958.1	chr11	78673270	78673324	0.184078165524091	7.42390442132037E-08
ENSG00000229422	RP11-262H14.5	chr9	66494197	66494562	0.152950398515727	7.42735588559924E-08
ENSG00000238830	RNU7-46P	chr2	99439728	99439848	0.109914225806316	7.44174246563383E-08
ENSG00000235478	AC006946.15	chr22	17602413	17602597	0.128299326162061	7.49572468618201E-08
ENSG00000236460	SNX2P2	chr7	32109867	32109917	0.304944049346245	7.52771927203138E-08
ENSG00000170175	CHRNA1	chr17	7350186	7350320	0.162214269281834	7.57164592911077E-08
ENSG00000254049	NRG1-IT3	chr8	32405144	32405172	0.244945236743433	7.83873553728934E-08
ENSG00000196557	CACNA1H	chr16	1202325	1202588	0.104377290149903	7.84838880435006E-08
ENSG00000233421	U1	chr1	16862018	16862329	0.163295749497583	7.93800812322288E-08
ENSG00000250692	CTB-35F21.4	chr5	139283328	139283421	0.150432464222034	8.0691079257023E-08
ENSG00000134802	SLC43A3	chr11	57194352	57194649	0.202166458243287	8.10529560413617E-08
ENSG00000257005	RP11-972L6.2	chr12	64061794	64061917	0.162304123267096	8.15173703755778E-08
ENSG00000232527	RP11-14N7.2	chr1	148928037	148928339	0.188438196028523	8.23059838551931E-08
ENSG00000203805	PPAPDC1A	chr10	122216281	122216514	0.12030329255441	8.24652168486102E-08
ENSG00000268964	ERVV-2	chr19	53540993	53541032	0.153557442861049	8.28084946922107E-08
ENSG00000265304	MIR3650	chr5	38557529	38557560	0.219754083644463	8.54637377700546E-08
ENSG00000179751	SYCN	chr19	39694705	39694942	0.216611553782558	8.57042431249743E-08
ENSG00000235934	AC007405.8	chr2	171671776	171671837	0.159343259676619	0.0000000858118723026
ENSG00000253688	RP11-567J20.2	chr8	49468688	49469048	0.171410710957227	8.59696454607773E-08
ENSG00000170128	GPR25	chr1	200843068	200843282	0.195476534451195	8.61221613868193E-08
ENSG00000273312	RP11-425A6.5	chr10	35896968	35897150	0.293068393373031	8.67229481430859E-08
ENSG00000249421	ADAMTS19-AS1	chr5	128795504	128795548	0.112267410367626	8.9117146018052E-08
ENSG00000248118	LINC01019	chr5	3428595	3428684	0.246216085674981	8.98473990834012E-08
ENSG00000269707	RP11-13J10.1	chr2	105461630	105461769	0.240218196206052	8.99225708491511E-08
ENSG00000142733	MAP3K6	chr1	27677728	27678015	0.259404089081635	9.12994542605107E-08
ENSG00000141750	STAC2	chr17	37366056	37366525	0.205253840482404	9.13562867827981E-08
ENSG00000268484	AC087477.1	chr15	96904745	96904841	0.267270178568585	9.15446543785756E-08
ENSG00000243350	RP11-379F12.3	chr10	8094076	8094125	0.212707711583066	9.38078189440049E-08
ENSG00000229002	RP11-666A1.4	chr1	148527022	148527134	0.183768052012815	9.41492789050937E-08
ENSG00000143171	RXRG	chr1	165324618	165324871	0.183537933649036	9.46678452593638E-08
ENSG00000111641	NOP2	chr12	6665542	6665566	0.187672992292006	9.52900089536593E-08
ENSG00000101282	RSPO4	chr20	982753	983238	0.218527730184851	9.56855068916723E-08
ENSG00000218089	DNAJA1P4	chr6	114662754	114662766	0.127481392831622	9.5850585098431E-08
ENSG00000018607	ZNF806	chr2	133062405	133062425	0.196476549205459	9.6137265095103E-08
ENSG00000163794	UCN	chr2	27531229	27531252	0.248044187353532	9.62691720055346E-08
ENSG00000165309	ARMC3	chr10	23216841	23216959	0.276586875016286	9.65365221864881E-08
ENSG00000215475	SIAH3	chr13	46425856	46425904	0.17131460090006	9.82451689228748E-08
ENSG00000182938	OTOP3	chr17	72931730	72931842	0.106330988999706	1.00561639450833E-07
ENSG00000174572	RP11-209A2.1	chr6	27181545	27181584	0.214201550512728	1.01510826124018E-07
ENSG00000164116	GUCY1A3	chr4	156587884	156587892	0.20385918848411	1.01663939008614E-07
ENSG00000135299	ANKRD6	chr6	90143497	90143616	0.137145333363955	1.01958608450643E-07
ENSG00000106484	MEST	chr7	130130548	130130588	0.116596893133906	1.02492916525484E-07
ENSG00000112699	GMD5	chr6	1624277	1624442	0.130018869821761	1.0314302371355E-07
ENSG00000230749	MEIS1-AS2	chr2	66666368	66666417	0.224920553712266	1.04964321785578E-07
ENSG00000266460	RP11-173L6.1	chr18	73627887	73627960	0.241913893844962	1.05228817373767E-07
ENSG00000205927	OLIG2	chr21	34401522	34401553	0.122867123326789	1.05711907640179E-07
ENSG00000165731	RET	chr10	43600869	43600926	0.127859720772438	1.06099153585606E-07
ENSG00000248935	CTD-2254N19.1	chr5	59190007	59190048	0.236240127516507	1.07066896948523E-07
ENSG00000258910	RP11-19E11.1	chr2	119592702	119592763	0.187853880470475	1.07149651307169E-07
ENSG00000184985	SORCS2	chr4	7194241	7195002	0.183683437909872	1.07177832892337E-07
ENSG00000237248	LINC00987	chr12	9392897	9392948	0.261403098659878	1.07320944232234E-07
ENSG00000112309	B3GAT2	chr6	71666541	71666696	0.178902317214866	1.07673877924494E-07
ENSG00000059915	PSD	chr10	104170193	104170222	0.15121062588517	1.09423895466786E-07
ENSG00000260637	RP11-46C24.5	chr16	89314542	89314962	0.167277159879131	1.10409241869969E-07
ENSG00000254445	HSPB2-C11orf52	chr11	111783422	111783640	0.137594007052191	1.10603655257638E-07
ENSG00000234056	AMER2-AS1	chr13	25746581	25746587	0.173859450071462	1.11358610934325E-07
ENSG00000125813	PAX1	chr20	21686220	21686325	0.229829686912767	1.13129895392365E-07
ENSG00000100285	NEFH	chr22	29876165	29876502	0.225537886910539	1.14000325197827E-07

ENSG00000254383	RP11-465K16.1	chr8	40755165	40755446	0.25994194751151	1.14060830962892E-07
ENSG00000092964	DPYSL2	chr8	26370682	26370891	0.168310774153699	1.15346708519175E-07
ENSG00000157388	CACNA1D	chr3	53529233	53529285	0.105768035190189	1.18372562056523E-07
ENSG00000267336	RP11-773H22.2	chr18	12912150	12912338	0.109096415259932	1.18726689398438E-07
ENSG00000264972	AL445675.1	chr1	243053757	243054010	0.224192302903843	1.19528688904366E-07
ENSG00000263753	LINC00667	chr18	5196244	5196819	0.274109036020529	1.21798059759491E-07
ENSG00000265091	RP11-835E18.5	chr18	5196244	5196819	0.274109036020529	1.21798059759491E-07
ENSG00000126562	WNK4	chr17	40935965	40936019	0.158308974283623	1.25213237947052E-07
ENSG00000257842	NOVA1-AS1	chr14	27067372	27067707	0.283200417205569	1.25460036613728E-07
ENSG00000136014	USP44	chr12	95943099	95943131	0.262218239461528	1.25921373053719E-07
ENSG00000197406	DIO3	chr14	102029963	102030164	0.220507896190818	1.30670013592538E-07
ENSG00000201623	RNU6-923P	chr5	33892192	33892402	0.205406374476078	1.30836666290487E-07
ENSG00000134398	ERN2	chr16	23706081	23706165	0.135187615233839	1.30959479354764E-07
ENSG00000221437	AC068058.1	chr10	125651157	125651437	0.206591025276957	1.31709762081567E-07
ENSG00000239022	AC069082.1	chr15	79383924	79384148	0.228104366476855	1.3247772619909E-07
ENSG00000090932	DLL3	chr19	39997620	39997645	0.116372473777245	1.32887694299268E-07
ENSG00000077522	ACTN2	chr1	236849473	236850055	0.230051752627046	1.33155169438462E-07
ENSG00000254703	SENCR	chr11	128561929	128562003	0.161585645498891	1.33577312876077E-07
ENSG00000188157	AGRN	chr1	969898	970104	0.182421020431812	1.33708723471114E-07
LRG_198	LRG_198	chr1	969898	970104	0.182421020431812	1.33708723471114E-07
ENSG00000249966	CTD-2194D22.1	chr5	1851479	1851555	0.146403123820306	1.34972105513688E-07
ENSG00000112333	NR2E1	chr6	108487308	108487376	0.254135981092588	1.37986427062877E-07
ENSG00000259122	TVP23BP1	chr15	27212917	27213192	0.184100441493177	1.38351348515768E-07
ENSG00000233608	TWIST2	chr2	239755954	239756253	0.21525730654559	1.39311669203199E-07
ENSG00000135951	TSGA10	chr2	99553642	99553830	0.137361746860027	1.40647476936384E-07
ENSG00000171794	UTF1	chr10	135043351	135043727	0.253593851694516	1.40753510575013E-07
ENSG00000236382	KRTAP10-13P	chr21	46125978	46126022	0.201679907124448	1.41105854675555E-07
ENSG00000241679	RP11-80H8.4	chr3	142840933	142840978	0.149667438249703	1.41738825225024E-07
ENSG00000130479	MAP1S	chr19	17798925	17799322	0.133637394497242	0.000000144329867663
ENSG00000102539	MLNR	chr13	49794004	49795204	0.182679081950506	0.0000001446508774441
ENSG00000232230	TPM4P1	chr10	101874822	101875138	0.203214923675968	1.45124925108224E-07
ENSG00000167034	NKX3-1	chr8	23541027	23541064	0.101366297745511	0.0000001454052078365
ENSG00000268696	ZNF723	chr19	23015050	23015077	0.15518069609133	1.47232533605419E-07
ENSG00000260588	RP11-930P14.2	chr8	41675628	41675653	0.10701778850319	1.47277034284356E-07
ENSG00000229380	AC147651.5	chr7	601585	601728	0.250360039851959	1.48724085292957E-07
ENSG00000138336	TET1	chr10	70321252	70321395	0.208535559514882	1.51066963225104E-07
ENSG00000259757	RP11-129I19.2	chr5	2739065	2739131	0.232587187151832	1.52585745121393E-07
ENSG00000115204	MPV17	chr2	27531431	27531458	0.230381061945628	1.53651886846285E-07
ENSG00000106460	TMEM106B	chr7	12151456	12151558	0.184269173545915	1.54160909667788E-07
ENSG00000253485	PCDHGA5	chr5	140743969	140744032	0.131406974658458	1.54273460034136E-07
ENSG00000162522	KIAA1522	chr1	33219305	33219327	0.226326306666655	1.54414370617769E-07
ENSG00000184588	PDE4B	chr1	66258240	66258289	0.239882742399907	1.54459026157302E-07
ENSG00000165802	NSMF	chr9	140348088	140348098	0.202636429561734	1.55201384353428E-07
ENSG00000257951	RP11-554D14.4	chr12	108258739	108258778	0.209023243636332	1.56585593360254E-07
ENSG00000215788	TNFRSF25	chr1	6520681	6520713	0.102036816221648	1.56963076980304E-07
ENSG00000267746	RP11-379L18.1	chr18	31740047	31740096	0.192631418132438	1.57270776903521E-07
ENSG00000188523	C9orf171	chr9	135285409	135285509	0.108460868085094	1.58960229688111E-07
ENSG00000250711	CTD-2201E18.1	chr5	42954130	42954142	0.166624274522102	1.59165389751478E-07
ENSG00000131096	PYY	chr17	42030345	42030541	0.118969474730728	1.59507997441584E-07
ENSG00000199836	RNU1-47P	chr14	100413007	100413218	0.139542023278394	1.6001817156163E-07
ENSG00000186895	FGF3	chr11	69633324	69634153	0.246336240977266	1.60604069860914E-07
ENSG00000261934	PCDHGA9	chr5	140782688	140782793	0.143730481865286	1.62441694459088E-07
ENSG00000207312	RNU6-429P	chr5	11384682	11384766	0.309654083443945	1.66441178541807E-07
ENSG00000196189	SEMA4A	chr1	156131232	156131289	0.284197614709332	1.66805497854398E-07
ENSG00000130590	SAMD10	chr20	62601398	62601662	0.152596451452142	1.67349922218106E-07
ENSG00000131914	LIN28A	chr1	26737328	26737470	0.161750458638467	1.69862332083779E-07
ENSG00000160963	COL26A1	chr7	101005968	101006312	0.19453946480249	1.70146280303701E-07
ENSG00000226675	RP11-666A1.3	chr1	148598782	148598881	0.135504606236481	1.71118175211732E-07
ENSG00000248587	GDNF-AS1	chr5	37840319	37840702	0.260326180559816	1.72532465590115E-07
ENSG00000175868	CALCB	chr11	14926444	14927044	0.198970955550103	1.72757580145693E-07
ENSG00000226631	SLC9A3P3	chr10	51784720	51784809	0.151992872297627	1.7365807897172E-07
ENSG00000234559	AC079776.4	chr2	130692030	130692086	0.140769482355243	1.74653293773858E-07
ENSG00000167889	MGAT5B	chr17	74864350	74865092	0.133703985292655	1.75495863283279E-07
ENSG00000222838	RNA5SP136	chr3	72704533	72704603	0.170271857108522	1.76262562744141E-07
ENSG00000226686	AC012309.5	chr19	37742758	37742866	0.226563573529368	1.77853112801444E-07
ENSG00000235410	RP11-397C18.2	chr10	14215851	14215899	0.154683410082083	1.78213596863832E-07
ENSG00000238129	RP3-410C9.2	chr20	26188846	26189484	0.223748430801349	1.78269392665279E-07
ENSG00000230322	RP3-323N1.2	chr10	11207952	11207979	0.184425833674798	1.81816686331279E-07
ENSG00000242802	AP5Z1	chr7	4781648	4781767	0.213113427521449	1.82192379637314E-07

ENSG00000188596	C12orf55	chr12	96883299	96883587	0.192512169826612	1.86239929967757E-07
ENSG00000220758	VN1R10P	chr6	27300780	27300819	0.221812087823251	1.87852473464011E-07
ENSG00000144406	UNC80	chr2	210636691	210636748	0.289662781081792	1.8998517116742E-07
ENSG00000261584	RP11-457M11.5	chr6	26689851	26689878	0.183554490736589	1.91930585117193E-07
ENSG00000251876	AL035106.1	chr20	47443796	47443872	0.195708149623228	1.93623866897745E-07
ENSG00000177380	PPFIA3	chr19	49636225	49636436	0.298757609955382	1.93674325496808E-07
ENSG00000255236	CTD-2655K5.1	chr11	67885679	67885729	0.102468653461181	1.94328395281434E-07
ENSG00000125385	RP11-297B17.2	chr9	37037680	37038157	0.135971601229695	1.94358390447792E-07
ENSG0000009830	POMT2	chr14	77737881	77737905	0.245198304266976	1.95092420838202E-07
ENSG00000186479	RGS7BP	chr5	63802099	63802604	0.231231003682077	1.95809213311146E-07
ENSG00000268537	AC109583.1	chr3	46924463	46924550	0.11420576103163	1.99785212609696E-07
ENSG00000259453	RP11-815J21.1	chr15	86233207	86233279	0.163585379831802	2.06528316807311E-07
ENSG00000122735	DNAI1	chr9	34457249	34457644	0.242679049648192	2.07437813911154E-07
ENSG00000230805	AL132709.1	chr14	101544201	101544332	0.219094000185468	2.07865484747669E-07
ENSG00000254245	PCDHGA3	chr5	140723622	140723899	0.107565043501733	2.12075684183375E-07
ENSG00000259764	RP11-299G20.3	chr15	101861044	101861120	0.21756644599952	2.12625524927536E-07
ENSG00000230798	RP4-792G4.2	chr1	63786767	63786791	0.198305578666022	2.14676345912867E-07
ENSG00000173482	PTPRM	chr18	7567077	7568159	0.126023987143672	2.16382274584288E-07
ENSG00000266369	RP11-344E13.4	chr17	20755241	20755285	0.10193702428221	2.17739770296571E-07
ENSG00000128683	GAD1	chr2	171670826	171670868	0.112877272596728	2.19305115743824E-07
ENSG00000148688	RPP30	chr10	92616825	92616951	0.207750189407225	2.19515169636009E-07
ENSG00000253308	RP1-170O19.17	chr7	27278946	27279276	0.203903342363092	2.1994195382265E-07
ENSG00000203434	RP11-163F15.1	chr10	110226132	110226488	0.226066483234323	2.20162190821363E-07
ENSG00000117020	AKT3	chr1	243646402	243646705	0.169224407066331	2.20884004705195E-07
ENSG00000140600	SH3GL3	chr15	84115969	84116297	0.247726669661668	2.20986980457652E-07
ENSG00000256705	CTD-2017C7.1	chr14	102290503	102290512	0.176415696646727	2.22788868298296E-07
ENSG00000187398	LUZP2	chr11	24518225	24518589	0.25463930628133	2.22835850343822E-07
ENSG00000188779	SKOR1	chr15	68112193	68112302	0.161651182861383	2.23657515297527E-07
ENSG00000065320	NTN1	chr17	8925586	8926903	0.23586221427231	2.27422921719471E-07
ENSG00000166402	TUB	chr11	8040410	8041629	0.183183373110228	2.28842674998306E-07
ENSG00000168065	SLC22A11	chr11	64322220	64322242	0.101451490373112	2.29743048954869E-07
ENSG00000198765	SYCP1	chr1	115397409	115397525	0.124131943936145	2.29884531287201E-07
ENSG00000105996	HOXA2	chr7	27142620	27142713	0.319886271613183	2.30455499717332E-07
ENSG00000269047	AC009041.2	chr16	1031007	1031273	0.118458678057561	2.31346253462497E-07
ENSG00000271184	RP4-800O15.3	chr12	126346048	126346530	0.111129547750789	2.31615383910093E-07
ENSG00000268352	AC007228.5	chr19	57183116	57183342	0.234160767142718	2.32065415591894E-07
ENSG00000262756	AC009133.21	chr16	29796362	29796497	0.18792756790029	2.33378682208202E-07
ENSG00000260962	LINC00557	chr13	95619777	95620424	0.225332199400873	2.33634563420173E-07
ENSG00000272498	RP11-415F23.3	chr3	16379834	16379856	0.19847214630349	2.3466169003261E-07
ENSG00000241186	TDGF1	chr3	46618283	46618325	0.124431730791435	2.36875789532798E-07
ENSG00000119630	PGF	chr14	75418675	75418732	0.26602861977937	2.37121905282041E-07
ENSG00000101463	SYNDIG1	chr20	24449916	24450066	0.246041215696705	2.37924651241381E-07
ENSG00000122679	RAMP3	chr7	45197249	45197780	0.204961387417239	2.40821011504756E-07
ENSG00000183780	SLC35F3	chr1	234040299	234040781	0.239005277963946	2.43316474326296E-07
ENSG00000182687	GALR2	chr17	74070858	74071168	0.116647326679634	2.45155053440816E-07
ENSG00000100526	CDKN3	chr14	54687275	54687325	0.154708128085013	2.46536147225477E-07
ENSG00000234437	RP1-206D15.3	chr1	169396845	169396868	0.237284904636169	2.46627402147571E-07
ENSG00000167555	ZNF528	chr19	52900956	52901124	0.274292814634728	2.49242401055241E-07
ENSG00000227080	CTD-2021A8.3	chr7	51539041	51539074	0.120221677728218	2.52866287349625E-07
ENSG00000189134	NKAPL	chr6	28226980	28227210	0.133716992296999	2.52889818585656E-07
ENSG00000225670	CTA-134P22.2	chr1	159158439	159158497	0.224861294913035	2.55358911520817E-07
ENSG00000178038	ALS2CL	chr3	46718477	46718516	0.10468365957497	2.5613288982056E-07
ENSG00000187772	LIN28B	chr6	105405975	105406022	0.252365997672697	2.56690287642498E-07
ENSG00000187952	HS6ST1P1	chr1	21754489	21754868	0.282921835356969	2.58235608313646E-07
ENSG00000272395	IFNL4	chr19	39737660	39737751	0.174902395059187	2.59662032323698E-07
ENSG00000123119	NECAB1	chr8	91803670	91804358	0.248112422149427	2.59973543877028E-07
ENSG00000115665	SLC5A7	chr2	108602841	108603339	0.240513685406215	2.61054395345814E-07
ENSG00000234944	RP11-124O11.1	chr10	43393135	43393228	0.176098570727488	2.62026480900208E-07
ENSG00000168461	RAB31	chr18	9707860	9707978	0.147896951619727	2.6255191432674E-07
ENSG00000226717	RP11-87N24.2	chr9	10613092	10613330	0.158195524609204	2.64419345649629E-07
ENSG00000250555	CTC-467M3.2	chr5	87988468	87988507	0.124507278023836	2.64467974876851E-07
ENSG00000236262	SHANK2-AS2	chr11	70507799	70508032	0.179082603260636	2.67510175473482E-07
ENSG00000255737	AGAP2-AS1	chr12	58121635	58121650	0.272044598685269	2.68327642729441E-07
ENSG00000173926	MARCH3	chr5	126204982	126205165	0.163648308698989	2.71248128249222E-07
ENSG00000104722	NEFM	chr8	24770330	24770493	0.237595402338241	2.73385507284361E-07
ENSG00000213719	CLIC1	chr6	31696627	31696729	0.106955423327979	2.76787639032773E-07
ENSG00000259483	RP11-930O11.2	chr14	56740814	56740889	0.107490041631575	2.78824473609246E-07
ENSG00000233685	OR6L1P	chr10	135383429	135383505	0.224552459561978	2.8035422825659E-07
ENSG00000238121	LINC00426	chr13	30948103	30948114	0.143994068435916	2.8332117999219E-07

ENSG00000103343	ZNF174	chr16	3463888	3464152	0.17975194347799	2.83680299538443E-07
ENSG00000218823	PAPOLB	chr7	4885596	4885664	0.206143179050922	2.85059275627911E-07
ENSG00000220920	RP3-525L6.2	chr6	18019856	18020102	0.156501022872687	2.87961498794724E-07
ENSG00000166501	PRKCB	chr16	23847055	23848101	0.243320399406064	2.88154030680412E-07
ENSG00000183242	WT1-AS	chr11	32456189	32457055	0.233219787937944	2.89374624584193E-07
ENSG00000105679	GAPDHS	chr19	36024434	36024517	0.112216016253506	3.02460450183923E-07
ENSG00000266152	RN7SL550P	chr17	12877286	12877321	0.191566541740608	3.02575601916253E-07
ENSG00000253549	RP11-317J10.2	chr8	86350869	86351190	0.155272620849888	3.03148585276586E-07
ENSG00000204396	VWA7	chr6	31733758	31733799	0.187313367738757	3.05854869966709E-07
ENSG00000258976	CTD-2207P18.2	chr14	75078156	75078960	0.117617061258845	3.05927110209362E-07
ENSG00000218582	GAPDHP63	chr6	80657400	80657586	0.149795354432463	3.14415709938964E-07
ENSG00000272541	Xbac-BPGBPG55C20.	chr6	58180155	58180323	0.183942228604297	3.18979824105809E-07
ENSG00000142552	RCN3	chr19	50030982	50031285	0.231833708241836	3.20284352096332E-07
ENSG00000175325	PROP1	chr5	177412940	177413021	0.151028404003709	3.20861507418126E-07
ENSG00000227128	LBX1-AS1	chr10	102989376	102989587	0.117197490854423	3.2206661799635E-07
ENSG00000152467	ZSCAN1	chr19	58545136	58545896	0.248749780421499	3.26693861792251E-07
ENSG00000268751	SCGB1B2P	chr19	35068330	35068658	0.15168610185081	3.28700565255477E-07
ENSG00000124098	FAM210B	chr20	54919288	54919350	0.226131842852584	3.28984254104198E-07
ENSG00000188505	NCCRP1	chr19	39687598	39687865	0.15885373532189	3.31126943774876E-07
ENSG00000134905	CARS2	chr13	111329151	111329182	0.107475589044096	3.31441731562724E-07
ENSG00000216204	AC018607.1	chr8	56852056	56852063	0.188733814802294	3.31497761943147E-07
ENSG00000272950	RP11-307C18.1	chr7	97952933	97953018	0.100192865429584	3.33892302652685E-07
ENSG00000229743	LINC01159	chr2	105488386	105488487	0.10509818510372	3.36348185479639E-07
ENSG00000169439	SDC2	chr8	97505565	97505593	0.240378566536986	3.37307543678816E-07
ENSG00000131408	NR1H2	chr19	50833819	50833869	0.174168117115009	3.37633071171582E-07
ENSG00000105664	COMP	chr19	18901641	18901751	0.101694978337755	3.42151312165436E-07
ENSG00000108270	AATF	chr17	35303504	35303555	0.187643697684873	3.42537922233028E-07
ENSG00000265164	MIR2681	chr13	102572393	102572458	0.229923176392926	3.44364796783419E-07
ENSG00000249643	RP11-436H11.6	chr5	124080146	124080227	0.134308717801827	3.45551217605173E-07
ENSG00000171815	PCDHB1	chr5	140431039	140431066	0.218181527107087	3.47844948254567E-07
ENSG00000267325	RP11-397A16.2	chr18	53447265	53447841	0.250031438166766	3.48619706306736E-07
ENSG00000270859	RP11-435I3.1	chr1	242688469	242688681	0.22157074461624	3.51455222034106E-07
ENSG00000081842	PCDHA6	chr5	140207760	140207889	0.145019424918344	3.52386052930357E-07
ENSG00000156959	LHFPL4	chr3	9541969	9542052	0.216873420134755	3.52684155108991E-07
ENSG00000231579	RPL7P21	chr5	142784585	142784697	0.121996172516961	3.54036858990939E-07
ENSG00000258048	RP11-530C5.1	chr12	80104594	80104827	0.136121760202344	3.61316998684973E-07
ENSG00000157240	FZD1	chr7	90895083	90895376	0.118145503472707	3.62388549791923E-07
ENSG00000151655	ITIH2	chr10	7709962	7710012	0.203723178982445	3.62480120800203E-07
ENSG00000111344	RASAL1	chr12	113541698	113541838	0.175935340555631	3.64141321989903E-07
ENSG00000229108	AC005550.4	chr7	15727437	15727466	0.263257185908902	3.65177676834889E-07
ENSG00000253517	XRCC6P4	chr8	63614431	63614659	0.120027485210244	3.67723727072122E-07
ENSG00000132975	GPR12	chr13	27334616	27335204	0.178653554172002	3.7202160356816E-07
ENSG00000253813	COX6B1P4	chr8	26721652	26721870	0.225855371667051	3.75409309810178E-07
ENSG00000185176	AQP12B	chr2	241612711	241612789	0.208067525039243	3.78003024192276E-07
ENSG00000233516	RP11-388N2.1	chr9	120175254	120175421	0.16166779953391	3.80731029273737E-07
ENSG00000221265	MIR1255A	chr4	102258624	102258631	0.114023061619578	3.82146383162935E-07
ENSG00000163630	SYNPR	chr3	63263990	63264082	0.241780605720338	3.8234949854293E-07
ENSG00000183770	FOXL2	chr3	138659079	138659095	0.158259155623933	3.87720974377201E-07
ENSG00000125503	PPP1R12C	chr19	55599185	55599221	0.297474197430408	3.91561990458393E-07
ENSG00000246095	LINC01096	chr4	13548236	13548243	0.165265026239658	3.92706099583352E-07
ENSG00000116833	NR5A2	chr1	200003788	200003846	0.241167225651971	3.93824299219269E-07
ENSG00000135480	KRT7	chr12	52626794	52626818	0.211892980631982	4.00936586734001E-07
ENSG00000135625	EGR4	chr2	73518221	73518231	0.191399257351428	4.04449338844065E-07
ENSG00000186806	VSIG10L	chr19	51830929	51831293	0.226893737754918	4.06960840739472E-07
ENSG00000176177	ENTHD1	chr22	40082510	40082554	0.139167414467747	4.09983109744415E-07
ENSG00000251831	RNU6-1114P	chr6	16217039	16217269	0.151996898631824	4.10553216362575E-07
ENSG00000230839	RP5-968J1.1	chr20	1784385	1784547	0.207100372072664	4.11219485542161E-07
ENSG00000254535	PABPC4L	chr4	135122475	135122934	0.216871825926236	4.13320987607077E-07
ENSG00000230208	IFNNP1	chr9	21031909	21031998	0.264017118711896	4.13361226946353E-07
ENSG00000233472	RP11-218D6.4	chr10	28288140	28288183	0.128297032615294	4.16288442524277E-07
ENSG00000164418	GRIK2	chr6	101846767	101846797	0.147015892785796	4.17403674855042E-07
ENSG00000057935	MTA3	chr2	42720147	42720479	0.155347987990768	4.23875052975818E-07
ENSG00000101188	NTSR1	chr20	61339819	61340837	0.248185100739418	4.24542218265854E-07
ENSG00000273213	RP5-998N21.10	chr1	149398840	149399101	0.328918893048805	4.27400009933448E-07
ENSG00000233991	AC116050.1	chr2	91777482	91777829	0.222532575572913	4.27781496952248E-07
ENSG00000272927	RP11-1191J2.5	chr4	656916	657151	0.193059941337049	4.2838645171234E-07
ENSG00000259705	RP11-227D13.1	chr15	48938228	48938283	0.219650197204218	4.37666186812981E-07
ENSG00000109132	PHOX2B	chr4	41746612	41746614	0.179826838697459	4.40763931818825E-07
LRG_513	LRG_513	chr4	41746612	41746614	0.179826838697459	4.40763931818825E-07

ENSG00000222182	RNA5SP156	chr4	11428816	11428822	0.153159288338895	4.44029785377957E-07
ENSG00000253591	CTC-265N9.1	chr5	170108234	170108398	0.18367242397585	4.50598359030146E-07
ENSG00000270863	RP11-434C1.3	chr12	11653882	11653920	0.266741931445726	4.5269301524641E-07
ENSG00000213762	ZNF134	chr19	58125534	58125867	0.16889169883676	4.53206722861157E-07
ENSG00000250855	RP11-269F21.1	chr4	112709279	112709446	0.206320296238389	4.55889078760441E-07
ENSG00000227365	AC008060.5	chr7	155302867	155302990	0.19607883709584	4.6289807871434E-07
ENSG00000152760	TCTEX1D1	chr1	67218090	67218292	0.274094415561303	4.68077352514042E-07
ENSG00000223942	RP11-252P19.2	chr6	166218747	166218867	0.248871420304273	4.69837715524816E-07
ENSG00000251543	RP11-60A8.2	chr5	72607850	72607858	0.215196293036031	4.70900610185884E-07
ENSG00000238448	AL121652.2	chr2	32029092	32029136	0.110936940401987	4.71298250758951E-07
ENSG00000270581	RP11-811P12.3	chr13	103053643	103053649	0.187002985428809	4.78902414874464E-07
ENSG00000020181	GPR124	chr8	37655237	37655503	0.12405302417309	4.79602210743359E-07
ENSG00000233922	AL133493.2	chr21	47009954	47010061	0.223787893236176	4.81606183751673E-07
ENSG00000166126	AMN	chr14	103390010	103390247	0.133906863510162	4.84947993156895E-07
ENSG00000113231	PDE8B	chr5	76506042	76506155	0.199734042388342	4.88880171603539E-07
ENSG00000109832	DDX25	chr11	125774001	125774527	0.27451157995262	4.89377500438585E-07
ENSG00000253520	RP11-798K23.5	chr5	178957434	178957598	0.137497533535472	4.94769222602671E-07
ENSG00000008197	TFAP2D	chr6	50682402	50682451	0.238158832117369	4.9586930086456E-07
ENSG00000204176	SYT15	chr10	46971400	46971556	0.220161634325617	4.99330728450481E-07
ENSG00000226508	AC104655.3	chr2	105760760	105760900	0.155030981960925	5.03089295993037E-07
ENSG00000253767	PCDHGA8	chr5	140772386	140772474	0.120051369241906	5.03231137190467E-07
ENSG00000067715	SYT1	chr12	79258372	79258485	0.156884398273642	5.05057261973399E-07
ENSG00000238358	RP5-1121E10.2	chr7	89747915	89748099	0.247272652018584	5.07262286565537E-07
ENSG00000121068	TBX2	chr17	59475550	59475665	0.113285345602321	5.10001361304088E-07
ENSG00000236485	RP1-156L9.1	chr2	132767801	132767928	0.269635736986184	5.13944625240253E-07
ENSG00000183833	MAATS1	chr3	119421858	119421888	0.172582928958681	5.1889194749438E-07
ENSG00000179059	ZFP42	chr4	188916397	188916984	0.243029318892121	0.0000005219314015189
ENSG00000251664	PCDHA12	chr5	140255069	140255107	0.148283068037708	5.22838165576765E-07
ENSG00000254584	RP1-17K7.2	chr11	32009256	32009295	0.16261763819265	5.23613781681009E-07
ENSG00000263628	MIR3155A	chr10	6213976	6214060	0.171426397585223	5.24295827350074E-07
ENSG00000238277	AC068483.1	chr2	129659867	129659938	0.175484403187639	5.25527505534042E-07
ENSG00000203782	LOR	chr1	153233986	153234387	0.215262452823982	5.29010194867599E-07
ENSG00000163239	TDRD10	chr1	154474405	154474747	0.123777804998744	5.31310070274313E-07
ENSG00000258843	RP11-286O18.1	chr14	51290136	51290169	0.11556939040775	5.31330584130678E-07
ENSG00000265460	RP11-690G19.4	chr17	37382154	37382350	0.156472767089048	5.38442773121487E-07
ENSG00000257346	RP11-386G11.8	chr12	49484882	49485177	0.184044641415295	5.40149457091369E-07
ENSG00000255537	AP000708.1	chr11	125365138	125365236	0.154086413971156	5.4915913703515E-07
ENSG00000171303	KCNK3	chr2	26915626	26916241	0.149383684640878	5.53898679083253E-07
ENSG00000204791	CTD-3065J16.6	chr8	145104176	145105829	0.166178122200155	5.63792302959683E-07
ENSG00000205922	ONECUT3	chr19	1757419	1758069	0.206594975120251	5.64482663710931E-07
ENSG00000161509	GRIN2C	chr17	72839726	72839750	0.103475015786714	5.7243707820061E-07
ENSG00000128610	FEZF1	chr7	121940432	121940618	0.287411439016704	5.82553564243346E-07
ENSG00000263958	RP11-676J15.1	chr18	70535389	70535526	0.24543449244608	5.87655073669802E-07
ENSG00000173338	KCNK7	chr11	65360123	65360381	0.269647431778432	5.93690967434632E-07
ENSG00000139515	PDX1	chr13	28500800	28500899	0.29840057385225	5.96731525376885E-07
ENSG00000259689	ABCB10P1	chr15	22692687	22693189	0.133909795502995	6.02133267312832E-07
ENSG00000182667	NTM	chr11	131241354	131241402	0.114191446508963	6.06588982601405E-07
ENSG00000229481	CTD-2554C21.3	chr19	38345790	38345819	0.212166976403518	6.10820547250694E-07
ENSG00000272198	RP11-309G3.3	chr1	181098462	181098504	0.105615479235138	6.15683726122822E-07
ENSG00000268473	RP11-158J3.1	chr16	86477561	86477570	0.133795366370109	6.1774735960955E-07
ENSG0000023902	PLEKHO1	chr1	150123692	150123753	0.151916109161112	6.24231268704298E-07
ENSG00000238113	RP11-262H14.1	chr9	66457040	66457050	0.108709046333159	6.2537784688569E-07
ENSG00000111783	RFX4	chr12	106976678	106976711	0.129972174044336	6.25496845885411E-07
ENSG00000100341	PNPLA5	chr22	44287876	44288060	0.170797520661726	6.29111582872205E-07
ENSG00000170891	CYTL1	chr4	5021008	5021328	0.121789234476738	6.51356948804583E-07
ENSG00000125820	NKX2-2	chr20	21491707	21491746	0.225039306474058	6.55764169596369E-07
ENSG00000213763	ACTBP2	chr5	77140496	77140682	0.169103866035543	6.5666733442983E-07
ENSG00000250039	RP11-17E2.2	chr4	21950264	21950864	0.27582309014833	6.59808143957533E-07
ENSG00000189916	FAM196A	chr10	128993126	128993204	0.1322666666653196	6.71797836854225E-07
ENSG00000112599	GUCA1B	chr6	42145825	42146044	0.126753942021675	6.73228632041986E-07
ENSG00000261052	SULT1A3	chr16	30205968	30206202	0.172260042156357	6.90149866390399E-07
ENSG00000241097	RP11-864N7.1	chr11	74443005	74443037	0.152116060297303	6.90630569501363E-07
ENSG00000260420	LA16c-444G7.2	chr16	88228679	88228814	0.169286230241542	6.93295587069235E-07
ENSG00000196782	MAML3	chr4	140656623	140656794	0.134460917461065	7.09686218978441E-07
ENSG00000254574	RP11-429J17.4	chr8	144789878	144790260	0.111153695488111	7.0973957948867E-07
ENSG00000187140	FOXD3	chr1	63790320	63790380	0.22531174419311	7.11673650205843E-07
ENSG00000198453	ZNF568	chr19	37407214	37407284	0.251345493996175	7.19161693169973E-07
ENSG00000249149	RP11-79P5.3	chr5	72677859	72678420	0.234042229495987	7.28065205351791E-07
ENSG00000201413	RNA5SP141	chr3	134515143	134515179	0.202688388765167	7.29220267041874E-07

ENSG00000252623	RNA5SP481	chr20	30582766	30583098	0.191362952221026	7.33767971448101E-07
ENSG00000188573	FBLL1	chr5	167956245	167956982	0.22502279345401	7.36476378719333E-07
ENSG00000267315	RP11-686D22.6	chr17	33701529	33701656	0.194207266032678	7.3768897060103E-07
ENSG00000180042	OR1R1P	chr17	3289448	3290100	0.136571301448736	7.44363324105687E-07
ENSG00000164438	TLX3	chr5	170736245	170736971	0.278621082411954	7.51099207921711E-07
ENSG00000185204	HHEX	chr10	94455525	94455586	0.278821885646567	7.51345360693013E-07
ENSG00000233424	RP11-175I6.5	chr9	44227339	44227458	0.184206921185673	7.54206253814916E-07
ENSG00000166105	GLB1L3	chr11	134145541	134146951	0.25406859411122	7.55071123574502E-07
ENSG00000109113	RAB34	chr17	27039382	27039460	0.138891666948913	7.59020629291112E-07
ENSG00000113248	PCDHB15	chr5	140625044	140625089	0.170997789667084	7.61991501991935E-07
ENSG00000004468	CD38	chr4	15779999	15780086	0.16373665382015	7.62747152252029E-07
ENSG00000148231	MC2R	chr18	13869375	13869507	0.231455915373248	7.66096255762919E-07
ENSG00000207387	Y_RNA	chr12	71314436	71314612	0.164375169772013	7.68112216540316E-07
ENSG00000118231	CRYGD	chr2	208989160	208989307	0.185353398496689	7.68802224451826E-07
ENSG00000255885	RP11-815D16.1	chr12	8025365	8025756	0.154751534376587	7.74567008331018E-07
ENSG00000227248	FAM155A-IT1	chr13	108518057	108518179	0.243393952335749	7.80596524477288E-07
ENSG00000137273	FOXF2	chr6	1390245	1391273	0.206831253666008	7.84326386230737E-07
ENSG00000242411	CTD-2086L14.1	chr19	56728721	56729143	0.252230590106689	7.91158114501572E-07
ENSG00000184185	KCNJ12	chr17	21280489	21280720	0.1212058388195	7.94258301250939E-07
ENSG00000179399	GPC5	chr13	92051154	92051715	0.139746192665162	7.9826149648091E-07
ENSG00000239178	RNU6-671P	chr12	46004977	46005046	0.1866649395764	7.99675332189851E-07
ENSG00000266580	MIR4254	chr1	32237759	32237947	0.122928392175948	8.03165353064137E-07
ENSG00000147571	CRH	chr8	67090909	67090922	0.105912429929563	8.07942384510645E-07
ENSG00000144810	COL8A1	chr3	99357581	99357619	0.17740983188812	8.12884840738007E-07
ENSG00000204963	PCDHA7	chr5	140214100	140214179	0.11490514246255	8.22907169607031E-07
ENSG00000138685	FGF2	chr4	123747542	123747552	0.113978937401513	8.28419865598002E-07
ENSG00000164107	HAND2	chr4	174446156	174446284	0.17325856538491	8.31466221506105E-07
ENSG00000267909	CCDC177	chr14	70039613	70040294	0.157524835864338	8.32482042798717E-07
ENSG00000204385	SLC44A4	chr6	31831912	31831937	0.123141255614409	8.35708034572867E-07
ENSG00000200338	RNU1-49P	chr4	41798484	41798561	0.103036085477659	8.41150254898143E-07
ENSG00000254200	RPL7AP33	chr5	172655844	172656018	0.235616236000943	8.49365863654023E-07
ENSG00000146909	NOM1	chr7	156741802	156741992	0.121945045092924	8.56229144215201E-07
ENSG00000235480	RP11-363D14.1	chr2	97193612	97193633	0.206030584127063	8.6238031079917E-07
ENSG00000008196	TFAP2B	chr6	50787291	50787361	0.241211506614472	8.62493635288147E-07
ENSG00000170775	GPR37	chr7	124404993	124405057	0.112919124804525	8.68695577338571E-07
ENSG00000213722	DDAH2	chr6	31696423	31696482	0.102060872357092	8.6874063559369E-07
ENSG00000269563	AC138655.1	chr2	47799500	47799522	0.221963431926579	8.70826128597583E-07
ENSG00000188620	HMX3	chr10	124895583	124895886	0.150102328735919	0.0000008756111055718
ENSG00000176842	IRX5	chr16	54965797	54965929	0.194904035427816	8.78096865530865E-07
ENSG00000148288	GBGT1	chr9	136039626	136039648	0.10848068838995	8.79851897540182E-07
ENSG00000181652	ATG9B	chr7	150710028	150710074	0.144384336950438	8.84055439219006E-07
ENSG00000214455	RCN1P2	chr13	45961523	45961554	0.112718936034562	8.99003461288681E-07
ENSG00000169900	PYDC1	chr16	31228427	31228444	0.174308727509493	9.07097335087002E-07
ENSG00000033122	LRRC7	chr1	70033938	70034105	0.140022560841373	9.13838163426535E-07
ENSG00000115297	TLX2	chr2	74741699	74741922	0.114142207247854	9.19429304649196E-07
ENSG00000229700	RP1-130G2.1	chr6	20032535	20032968	0.114915549554315	9.2089604903457E-07
ENSG00000270059	RP11-88H12.2	chr3	65342697	65342867	0.161741145134033	9.23255524485173E-07
ENSG00000163520	FBLN2	chr3	13590432	13590995	0.132333140970432	9.30625212595787E-07
ENSG00000232821	AC003986.6	chr7	19151967	19152073	0.253691158601459	9.41285875268672E-07
ENSG00000258135	RP11-70F11.11	chr12	50297581	50297971	0.288979342233566	9.47626543924147E-07
ENSG00000176771	NCKAP5	chr2	133426668	133426849	0.141882921917683	9.49255313372089E-07
ENSG00000154118	JPH3	chr16	87635299	87635482	0.113701426342458	9.56036573906798E-07
ENSG00000169918	OTUD7A	chr15	31775371	31775398	0.230398903105446	9.59633415693571E-07
ENSG00000012223	LTF	chr3	46506162	46506404	0.175151610354931	9.60357021475862E-07
ENSG00000271353	RP11-179H18.8	chr10	121301436	121301485	0.124632009786254	9.60782295144399E-07
ENSG00000229558	SACS-AS1	chr13	24007344	24007464	0.153313533092426	9.71219266873928E-07
ENSG00000124134	KCNS1	chr20	43726520	43727371	0.168138616833372	9.74573591342809E-07
ENSG00000259200	RP11-718O11.1	chr15	45996813	45996875	0.242527744699297	9.83057308204271E-07
ENSG00000162706	CADM3	chr1	159141367	159141747	0.190052254180186	9.99990354415716E-07
ENSG00000180828	BHLHE22	chr8	65492803	65492869	0.144280666889201	1.05139490290737E-06
ENSG00000058804	NDC1	chr1	54204308	54204604	0.169073004022868	1.06414331687707E-06
ENSG00000125285	SOX21	chr13	95360507	95360581	0.183288194363741	1.06714014091504E-06
ENSG00000256294	ZNF225	chr19	44616148	44616191	0.103647969968942	1.06792590520813E-06
ENSG00000188816	HMX2	chr10	124907457	124907763	0.161128314554614	1.08673162575927E-06
ENSG00000155099	TMEM55A	chr8	91997205	91997992	0.234839955892757	1.08747531817434E-06
ENSG00000087274	ADD1	chr4	2847040	2847089	0.127403451233878	1.08841935045259E-06
ENSG00000129244	ATP1B2	chr17	7554140	7554413	0.138544434010612	1.08924328423927E-06
ENSG00000222521	AC026956.1	chr15	82336562	82336840	0.223263472424794	1.09868390876942E-06
ENSG00000124610	HIST1H1A	chr6	26018015	26018127	0.142442447239045	1.10512872913881E-06

ENSG00000230835	AP001187.11	chr11	64642453	64642622	0.115913960118856	1.10588873570552E-06
ENSG00000121406	ZNF549	chr19	58038573	58039018	0.245769554494446	1.11675957724699E-06
ENSG00000180340	FZD2	chr17	42636425	42636793	0.115092875524024	1.11875910516544E-06
ENSG00000233288	RP11-760D2.5	chr7	56605798	56605874	0.117906268070384	1.12430365490845E-06
ENSG00000107862	GBF1	chr10	104000829	104000865	0.114255310234574	1.13406783813658E-06
ENSG00000228548	ITPKB-AS1	chr1	226867882	226867935	0.242433396308879	0.0000011402455371811
ENSG00000250486	FAM218A	chr4	165878016	165878431	0.187765872016604	1.14057042569991E-06
ENSG00000264060	MIR4316	chr17	75385330	75385380	0.104562214492421	1.14927270279175E-06
ENSG00000100299	ARSA	chr22	51063647	51063680	0.150905330380613	0.0000011512092742582
ENSG00000256481	RP11-21A7A.4	chr11	63828672	63828816	0.266125239713716	1.15134144248671E-06
ENSG00000177875	C12orf68	chr12	48577859	48577884	0.117025201467693	1.16191474089675E-06
ENSG00000147647	DPYS	chr8	105342214	105342549	0.194083979004533	0.0000011686027804556
ENSG00000237404	RP3-471C18.2	chr6	19691911	19692001	0.259046651317141	1.16893425575232E-06
ENSG00000164403	SHROOM1	chr5	132158543	132158560	0.155175818419206	1.17624422403658E-06
ENSG00000262576	PCDHGA4	chr5	140734747	140734786	0.116126640422144	1.17848381017989E-06
ENSG00000130427	EPO	chr7	100318080	100318261	0.136437471702597	1.18096567255516E-06
ENSG00000161798	AQP5	chr12	50355250	50355839	0.267774359788333	1.18877925761191E-06
ENSG00000266709	RP11-21A01.2	chr17	14207105	14207152	0.211530242457172	1.19185313737392E-06
ENSG00000152208	GRID2	chr4	93225565	93225593	0.189873288422861	1.19872404354989E-06
ENSG00000077942	FBLN1	chr22	45899186	45899349	0.165399223074982	1.21105553302888E-06
ENSG00000258959	RP11-1017G21.4	chr14	102516311	102516339	0.103083779226872	1.21493364651657E-06
ENSG00000185046	ANKS1B	chr12	99139387	99139526	0.217737795724794	1.21708324952362E-06
ENSG00000248896	CTD-2135J3.3	chr8	10586614	10586959	0.164806579556677	1.22061887035594E-06
ENSG00000261377	RP11-578F21.12	chr15	29034664	29034739	0.231442946235519	1.23987207517992E-06
ENSG00000243276	RP11-384F7.1	chr3	117716101	117716360	0.13484428711285	1.25314175304593E-06
ENSG00000237253	RP11-666A1.5	chr1	148598330	148598725	0.140333736268321	1.25834774422831E-06
ENSG00000102678	FGF9	chr13	22243173	22243338	0.115378635470969	1.25842653665054E-06
ENSG00000266714	MYO15B	chr17	73583839	73584309	0.216797614127933	1.26131553200576E-06
ENSG00000105655	ISYNA1	chr19	18545001	18545119	0.115545941368665	1.26457233163785E-06
ENSG00000146648	EGFR	chr7	55086122	55086221	0.105322914370169	1.27450993686274E-06
ENSG00000252560	RNU4-18P	chr6	131956868	131956909	0.102863588845302	1.27670609811868E-06
ENSG00000160801	PTH1R	chr3	46923068	46923140	0.118471008347588	1.27695404533453E-06
ENSG00000125485	DDX31	chr9	135463966	135464162	0.111653729566082	1.27809370951983E-06
ENSG00000138152	BTBD16	chr10	123924220	123924250	0.157721951273689	1.28351148173028E-06
ENSG00000100181	TPTEP1	chr22	17082418	17082901	0.230197366074335	1.28378300326469E-06
ENSG00000249553	PPP2R2B-IT1	chr5	146258520	146258548	0.22976258031266	1.29263794625514E-06
ENSG00000267659	RP11-118B18.1	chr17	66596302	66596442	0.159541919352953	1.31336850181119E-06
ENSG00000200275	RNA5SP199	chr5	155109505	155109536	0.209026548499328	1.32128861979777E-06
ENSG00000182621	PLCB1	chr20	8112702	8112840	0.165649261635874	1.32853559283878E-06
ENSG00000257609	RP11-275O18.1	chr12	82153256	82153365	0.193776942856936	0.0000013427745554342
ENSG00000183570	PCBP3	chr21	47062343	47063046	0.198007738621933	1.34443773966627E-06
ENSG00000225280	RP11-227D2.3	chr20	21378409	21378497	0.259606394711689	1.34487178699528E-06
ENSG00000233611	AC079135.1	chr2	237078619	237078785	0.116941927462808	1.34775143932514E-06
ENSG00000234757	CA15P2	chr22	20484681	20484790	0.185906935966013	1.35373611868248E-06
ENSG00000269235	HCCAT3	chr19	52452317	52452532	0.126535397267193	0.000001353762242672
ENSG00000188763	FZD9	chr7	72838658	72838814	0.143106121326414	1.35941382376449E-06
ENSG00000182752	PAPPA	chr9	118917650	118917661	0.18679773662224	0.0000013656462144921
ENSG00000171956	FOXB1	chr15	60296555	60296861	0.172077545082722	1.36736003616197E-06
ENSG00000270475	CTC-451A6.5	chr19	22891847	22892070	0.128406860403226	1.37346830132368E-06
ENSG00000235198	CTA-109P11.1	chr10	119311976	119312052	0.14798368879374	1.38737362198607E-06
ENSG00000269236	CTD-2619J13.1	chr19	58666810	58666874	0.11690163316146	1.40658377345474E-06
ENSG00000152193	RNF219	chr13	79182706	79182747	0.10938502676795	1.40912583024134E-06
ENSG00000252435	snoU13	chr3	128787582	128787648	0.194374680656556	1.41270810006296E-06
ENSG00000248530	RP11-517B11.2	chr3	131245703	131246020	0.198915281713051	1.41816503330762E-06
ENSG00000184897	H1FX	chr3	129024512	129024601	0.157436736133008	1.42361973830769E-06
ENSG00000237013	AC010987.6	chr2	67921775	67921816	0.178511959255	0.0000014465178571694
ENSG00000244144	RP11-757F18.3	chr3	111904560	111904765	0.174642723499781	1.45300695907677E-06
ENSG00000243549	RN7SL705P	chr18	60264350	60264392	0.187843555684685	1.46030672512778E-06
ENSG00000170370	EMX2	chr10	119301339	119301489	0.1598267722017	1.46104658694235E-06
ENSG00000259917	HNRNPLP2	chr15	34782707	34782933	0.166564732228939	1.46559633746541E-06
ENSG00000234215	RP5-942I16.1	chr7	69062204	69062254	0.20286017128652	1.48367998633411E-06
LRG_52	LRG_52	chr16	88711556	88711621	0.111395001472137	1.48690916810084E-06
ENSG00000149294	NCAM1	chr11	112831993	112832181	0.128710132520405	1.48700688569071E-06
ENSG00000171714	ANO5	chr11	22214726	22214854	0.157714346362694	1.50206242993714E-06
ENSG00000259711	CTD-3032H12.2	chr16	54968859	54968985	0.2298803239527	1.50613124661737E-06
ENSG00000182156	ENPP7	chr17	77721012	77721058	0.18609592020511	1.51203424866478E-06
ENSG00000226454	RP3-462C17.1	chr6	40567245	40567399	0.202325826221974	1.51295256170184E-06
ENSG00000088882	CPXM1	chr20	2780979	2781496	0.177411063296628	1.51438837102808E-06
ENSG00000233960	RP11-153N17.1	chr7	52156453	52156489	0.129722122108868	1.51568785922703E-06

ENSG00000144355	DLX1	chr2	172955426	172955531	0.115091323274814	1.51882597328128E-06
ENSG00000145332	KLHL8	chr4	87980306	87980345	0.139598886984298	1.52999178441487E-06
ENSG00000147883	CDKN2B	chr9	22005150	22005163	0.186211305923155	1.53021605554616E-06
ENSG00000168280	KIF5C	chr2	149632658	149633400	0.184077782431294	1.54239414995242E-06
ENSG00000182601	HS3ST4	chr16	25702882	25703230	0.227148533312325	0.000001546120998105
ENSG00000249481	SPATS1	chr6	44310324	44310501	0.157002292686139	0.0000015632503640392
ENSG00000267808	AC018755.17	chr19	52104419	52104993	0.210056274232135	1.57973630919729E-06
ENSG00000221598	MIR1249	chr22	45609376	45609450	0.100445521923427	1.58514362305513E-06
ENSG00000255387	RP11-23F23.3	chr11	4233387	4233528	0.224237588896215	1.59946243708139E-06
ENSG00000176399	DMRTA1	chr9	22446834	22447100	0.148193200473773	1.60137168128086E-06
ENSG00000235628	TNR-IT1	chr1	175568377	175568562	0.147971607094063	0.0000016145634836383
ENSG00000224163	RP11-309L24.6	chr7	128555440	128555541	0.192354496071606	1.62214385698004E-06
ENSG00000179348	GATA2	chr3	128200612	128200648	0.29948935238597	1.62853371425697E-06
ENSG00000267497	NFE2L3P1	chr18	57636670	57637172	0.105113214032852	1.62895945082632E-06
ENSG00000180448	HMHA1	chr19	1068439	1068561	0.16129126925531	1.64284035504459E-06
ENSG00000067191	CACNB1	chr17	37331704	37331773	0.104445917041421	1.64419627392527E-06
ENSG00000175084	DES	chr2	220283085	220283739	0.185429368832315	0.0000016657426621742
LRG_380	LRG_380	chr2	220283085	220283739	0.185429368832315	0.0000016657426621742
ENSG00000132182	NUP210	chr3	13324450	13324928	0.209004948936021	1.67123098104165E-06
LRG_112	LRG_112	chr17	40489542	40489584	0.140299406428199	1.67945732158146E-06
ENSG00000124449	IRGC	chr19	44203819	44203986	0.249935129267938	1.70095989568138E-06
ENSG00000117707	PROX1	chr1	214153215	214153604	0.157413348092356	1.70338616667071E-06
ENSG00000263905	RN7SL555P	chr20	3074185	3074231	0.171263784973531	1.70442449552142E-06
ENSG00000126583	PRKCG	chr19	54387435	54387558	0.193093891311542	1.70539784791114E-06
ENSG00000237159	CNTFR-AS1	chr9	34577867	34578153	0.170296888586197	1.71174293769093E-06
ENSG00000230490	RP11-141M1.3	chr13	33926860	33926908	0.190072613001849	1.73555905311021E-06
ENSG00000136147	PHF11	chr13	50070766	50070786	0.132944841251611	1.73829931252935E-06
ENSG00000257607	RP11-449P15.1	chr7	1094952	1095054	0.107324311000741	1.73874694014648E-06
ENSG00000250320	CTD-2269F5.1	chr5	83679596	83680284	0.242252894763874	1.74835453349115E-06
ENSG00000267137	RP11-15K2.2	chr17	59535135	59535253	0.251132070487174	1.75628019775517E-06
ENSG00000231227	RP11-85O21.4	chr9	126772596	126772661	0.114372592202597	1.75693402230864E-06
ENSG00000237457	RP11-547I7.2	chr1	190447723	190447756	0.129662446608947	1.76322527863144E-06
ENSG00000076356	PLXNA2	chr1	208133009	208133116	0.241570429303075	1.76343323536857E-06
ENSG00000235034	C19orf81	chr19	51143332	51143377	0.15337883963693	1.77650016041804E-06
ENSG00000154721	JAM2	chr21	27011468	27011523	0.19178648848537	1.77711224566696E-06
ENSG00000172232	AZU1	chr19	822784	822846	0.190919552884044	1.77800008022365E-06
ENSG00000116035	VAX2	chr2	71127692	71127882	0.236265977746519	1.78211084727831E-06
ENSG00000255700	APOOP3	chr12	65515736	65515905	0.127321874333847	1.78496334461353E-06
ENSG00000214652	RP11-3N2.13	chr7	63505987	63506151	0.217306904891049	1.78501389921766E-06
ENSG00000257482	ZNF727	chr7	63505987	63506151	0.217306904891049	1.78501389921766E-06
ENSG00000087460	GNAS	chr20	57415144	57415425	0.153131831082402	0.0000018349915713453
ENSG00000124145	SDC4	chr20	43945485	43945652	0.155862210330882	1.84407522499049E-06
ENSG00000252456	RNA5P434	chr17	3977358	3977387	0.116264903210169	1.85213118630627E-06
ENSG00000224077	AP000936.4	chr11	116966779	116966815	0.140973224499968	1.87636681020837E-06
ENSG00000267765	CTD-3193K9.3	chr17	40837004	40837122	0.156070502820684	1.88140762563715E-06
ENSG00000168421	RHOH	chr4	40197782	40197912	0.163999398440533	1.88237977410033E-06
ENSG00000115507	OTX1	chr2	63285028	63285055	0.115554611285098	1.88546051280682E-06
ENSG00000203878	CHIAP2	chr1	111814117	111814228	0.197792772871914	1.93706749114766E-06
ENSG00000134853	PDGFRA	chr4	55097425	55097523	0.23660311851519	1.93864329995336E-06
ENSG00000249109	RP11-1026M7.2	chr5	177209350	177209493	0.129040580366315	1.93910251064296E-06
ENSG00000141449	GREB1L	chr18	18821863	18823043	0.219044413220553	2.00411043640601E-06
ENSG00000137078	SIT1	chr9	35650510	35650526	0.126082890447071	2.00465914350915E-06
ENSG00000090661	CERS4	chr19	8273556	8273583	0.14368594972568	2.01643176960517E-06
ENSG00000135144	DTX1	chr12	113494417	113494448	0.24058061697525	2.02004384980305E-06
ENSG00000122859	NEUROG3	chr10	71331452	71331622	0.221606595988083	2.02031368932451E-06
ENSG00000253537	PCDHGA7	chr5	140762402	140762471	0.172314216036219	2.02280657091021E-06
ENSG00000113240	CLK4	chr5	178017824	178017949	0.246868741387454	2.04640791401784E-06
ENSG00000100842	EF3	chr14	238221763	23822179	0.115115016422399	2.04846038576034E-06
ENSG00000170638	TRABD	chr22	50623528	50623966	0.113720644518571	2.05233131964249E-06
ENSG00000083814	ZNF671	chr19	58238706	58238954	0.259997922885921	2.05291800102356E-06
ENSG00000015676	NUDCD3	chr7	44364049	44364093	0.131418194590703	2.05796985666969E-06
ENSG00000141150	RASL10B	chr17	34059207	34059321	0.131859523688372	2.08119126147191E-06
ENSG00000213881	NPM1P6	chr8	62052527	62052667	0.101020425098581	2.11619436152511E-06
ENSG00000105429	MEGF8	chr19	42827772	42827877	0.144206673696235	2.13941123573206E-06
ENSG00000020633	RUNX3	chr1	25254076	25254231	0.191683573046628	0.0000021576881949065
ENSG00000170616	SCRT1	chr8	145559665	145560017	0.157170972877631	2.18039903295698E-06
ENSG00000164692	COL1A2	chr7	94024052	94024099	0.124100269500137	2.20018064284889E-06
LRG_2	LRG_2	chr7	94024052	94024099	0.124100269500137	2.20018064284889E-06
ENSG00000268613	CTD-2620I22.7	chr19	53636112	53636173	0.257913489598089	2.20223296123977E-06

ENSG00000130643	CALY	chr10	135139292	135139701	0.124248758265553	2.20619357223938E-06
ENSG00000264984	MIR5691	chr11	9112174	9112219	0.189945428418789	2.21192923263696E-06
ENSG00000198807	PAX9	chr14	37127179	37127404	0.13551315967633	2.22512090490883E-06
ENSG00000253480	RP11-39H3.1	chr5	179517117	179517232	0.128191797409683	2.26525301272025E-06
ENSG00000235115	CHCHD2P8	chr13	28674034	28674106	0.16318008632255	2.26808045615718E-06
ENSG00000256761	AL008733.1	chr1	2980010	2980038	0.238964261321827	2.27846123236976E-06
ENSG00000118257	NRP2	chr2	206549555	206549608	0.111281300656534	2.27883500006107E-06
ENSG00000106633	GCK	chr7	44185148	44185501	0.159701043845136	2.28727308097971E-06
ENSG00000159184	HOXB13	chr17	46802376	46802431	0.116054489858905	2.30528828540453E-06
ENSG00000255986	MT1JP	chr16	56669402	56669726	0.22536509808759	2.30696587159315E-06
ENSG00000083168	KAT6A	chr8	41755517	41755543	0.191926839571346	2.31969407017507E-06
ENSG00000229638	RPL4P4	chr3	185081267	185081312	0.167772235015848	2.32267370592634E-06
ENSG00000099840	IZUMO4	chr19	2094327	2094340	0.166197645440102	2.32293431613259E-06
ENSG00000140090	SLC24A4	chr14	92788884	92789242	0.104004021118025	0.000002360677683698
ENSG00000265708	AC027348.1	chr16	49872366	49872838	0.225772426887018	0.000002365463251368
ENSG00000163661	PTX3	chr3	157155279	157155332	0.182006999367584	2.39595886097023E-06
ENSG00000134028	ADAMDEC1	chr8	24241694	24241730	0.137727008203779	2.40219788989627E-06
ENSG00000230787	PSAT1P3	chr1	79472523	79472558	0.122279589510145	2.42126177070529E-06
ENSG00000261347	AP000439.5	chr11	69278487	69278549	0.149210212156225	2.42744381381575E-06
ENSG00000253552	HOXA-AS2	chr7	27147590	27147687	0.274179517292077	0.0000024296810674299
ENSG00000188677	PARVB	chr22	44420759	44420789	0.106620344509794	2.45504884839932E-06
ENSG00000139200	PIANP	chr12	6809081	6809108	0.135530207180746	2.47456330265456E-06
ENSG00000261622	RP11-484P15.1	chr15	24142851	24143006	0.13643771087961	2.47791078647385E-06
ENSG00000204793	FOXD4L6	chr9	69198271	69198281	0.182532426130387	2.48021033796437E-06
ENSG00000165661	QSOX2	chr9	139096677	139097066	0.14750358520825	2.48109384393523E-06
ENSG00000133665	DYDC2	chr10	82117069	82117119	0.213248913704261	2.49018440008542E-06
ENSG00000248419	RP11-136I13.2	chr4	10463874	10463951	0.162956691586434	2.52824395228028E-06
ENSG00000236516	KLF2P4	chr2	132058031	132058087	0.135032835670568	0.0000025557164142589
ENSG00000270076	AF131215.8	chr8	11058966	11059415	0.258256828131752	2.57366569181992E-06
ENSG00000075429	CACNG5	chr17	64831518	64831573	0.15803269564523	2.58135748691958E-06
ENSG00000138136	LBX1	chr10	102986793	102986897	0.106047998166092	2.59023074211921E-06
ENSG00000237058	RP13-436F16.1	chr1	2561013	2561050	0.133016803061326	2.59348588098802E-06
ENSG00000255150	EID3	chr12	104697319	104697754	0.241020892935481	2.59889016267631E-06
ENSG00000079841	RIMS1	chr6	72596297	72596493	0.251751873110913	2.63330401924635E-06
ENSG00000161277	THAP8	chr19	36524019	36524066	0.108368533100596	2.65588280516956E-06
ENSG00000204612	FOXB2	chr9	79634457	79634965	0.165494934825222	0.0000027117738487459
ENSG00000088836	SLC4A11	chr20	3218685	3218820	0.172346275803909	2.75850836160882E-06
ENSG00000164776	PHKG1	chr7	56147257	56147285	0.2524089670347	2.76011365240083E-06
ENSG00000221447	AL591415.1	chr1	48059073	48059214	0.184818937704246	2.77372025868089E-06
ENSG00000269154	AC006539.4	chr19	20179295	20179376	0.259945525774557	2.78826788797085E-06
ENSG00000235688	AC116614.1	chr2	945423	945470	0.174366364097585	2.80013800998414E-06
ENSG00000176171	BNIP3	chr10	133795332	133795938	0.213544255492301	2.82012466979031E-06
ENSG00000162931	TRIM17	chr1	228603985	228604010	0.242080297574	2.82988981104693E-06
ENSG00000136535	TBR1	chr2	162273268	162273461	0.164452080135801	2.83142238041604E-06
ENSG00000269471	RP11-15H20.2	chr19	23386857	23387058	0.132122793265057	2.84354202502093E-06
ENSG00000250339	CXCL1P	chr4	74809870	74810081	0.255539906744935	2.85285891177254E-06
ENSG00000227640	SOX21-AS1	chr13	95364982	95365101	0.199654615046004	2.85746550775438E-06
ENSG00000011566	MAP4K3	chr2	39455859	39455909	0.10308438071065	2.87313133799675E-06
ENSG00000229225	RP11-5P4.3	chr1	63540286	63540312	0.147393049059064	2.88119092232534E-06
ENSG00000271981	RP11-573G6.8	chr10	22622894	22622932	0.119775946429427	2.88683385657144E-06
ENSG00000166024	R3HCC1L	chr10	99790910	99791093	0.217377523963973	2.92064415502739E-06
ENSG00000165646	SLC18A2	chr10	119000562	119000930	0.190037508563231	2.92518484924876E-06
ENSG00000150627	WDR17	chr4	176986922	176987249	0.196180036576236	2.96289487833996E-06
ENSG00000188487	INSC	chr11	15136059	15136225	0.188348250997942	2.97213844131375E-06
ENSG00000270938	RAP2CP1	chr14	103740684	103740810	0.137845572276381	3.04798182773348E-06
ENSG00000227352	ARHGEF7-AS1	chr13	111837556	111837606	0.102149213238287	3.05967041656998E-06
ENSG00000125430	HS3ST3B1	chr17	14201820	14201998	0.202255945141237	3.07438378626248E-06
ENSG00000255571	LINC00925	chr15	89905605	89906098	0.100497394178224	3.10826066002377E-06
ENSG00000158195	WASF2	chr1	27729928	27729971	0.111543320242381	3.15866289512675E-06
ENSG00000235131	RP5-1092A11.2	chr1	3634867	3634949	0.108796222107581	3.16198973794068E-06
ENSG00000196405	EVL	chr14	100437395	100438598	0.230423758536939	3.16902183498893E-06
ENSG00000254558	RP11-81M19.3	chr11	89598477	89598739	0.227227062827569	3.18125079031361E-06
ENSG00000125816	NKX2-4	chr20	21376359	21376384	0.207378489186616	3.19674271999527E-06
ENSG00000133619	KRBA1	chr7	149411652	149411966	0.261736905133078	3.22164067559516E-06
ENSG00000235988	RP11-495P10.4	chr1	147790028	147790074	0.112123267293168	3.23836791889693E-06
ENSG00000200815	RNU6-1091P	chr7	50467921	50468115	0.13051432196122	3.25109393400444E-06
ENSG00000237357	RP11-475I24.3	chr9	44420059	44420179	0.182565482059558	3.27120642545828E-06
ENSG00000186493	C5orf38	chr5	2755166	2755475	0.243521385089094	0.000003275147758047
ENSG00000116954	RRAGC	chr1	39270363	39270399	0.15502143040103	3.29669409911722E-06

ENSG00000227817	ARHGAP42P1	chr2	132088685	132088952	0.265762424538313	3.30122519432474E-06
ENSG00000152661	GJA1	chr6	121758965	121759032	0.118698423697261	3.31262353808196E-06
ENSG00000270607	RP11-359E10.1	chr11	19735889	19735991	0.124342720509847	3.31511421769254E-06
ENSG00000251211	RP11-889L3.4	chr5	177592656	177592867	0.14832264021295	3.32177308568359E-06
ENSG00000120937	NPPB	chr1	11918750	11918817	0.104745842791333	3.36218372542708E-06
ENSG00000207719	MIR623	chr13	100008568	100008591	0.115657024977233	3.38263018138133E-06
ENSG00000222072	Y_RNA	chr10	102642706	102642786	0.113634607267668	3.38710208570004E-06
ENSG00000261448	CTD-2576D5.4	chr16	17228330	17228482	0.127474143993806	3.39482217127092E-06
ENSG00000261667	RP11-520P18.5	chr8	144162682	144162834	0.158647917786004	3.39500561963039E-06
ENSG00000219240	RP11-63K6.5	chr6	90597591	90597630	0.17530913265787	3.46667016677464E-06
ENSG00000177839	PCDHB9	chr5	140568217	140568238	0.129194258012377	3.48245366303638E-06
ENSG00000242795	RP11-3K16.2	chr3	169377712	169377747	0.180897606184891	3.48891737859228E-06
ENSG00000230733	AC092171.4	chr7	5518392	5518434	0.103044549716134	3.52885046653948E-06
ENSG00000128591	FLNC	chr7	128471478	128471555	0.138131774954	3.53069601434375E-06
ENSG00000122591	FAM126A	chr7	23052586	23052621	0.10267789750443	3.55132734309178E-06
ENSG00000266101	RP5-906A24.2	chr17	37322051	37322124	0.118181899025089	3.57188821465049E-06
ENSG00000183092	BEGAIN	chr14	101001167	101001169	0.144029061081075	3.57955763837585E-06
ENSG00000206262	C3orf72	chr3	138668767	138668829	0.169504170973598	3.58318104089047E-06
ENSG00000120327	PCDHB14	chr5	140605164	140605330	0.140842472684505	3.63361614934583E-06
ENSG00000177511	ST8SIA3	chr18	55019185	55019234	0.139258734307117	3.63843201647153E-06
ENSG00000196711	FAM150A	chr8	53477545	53478722	0.226501537552342	3.68407633451577E-06
ENSG00000223586	RP4-662A9.2	chr6	134175291	134175363	0.146110080328875	3.71659777838431E-06
ENSG00000165795	NDRG2	chr14	21485782	21485900	0.101798111375262	3.74329140384587E-06
ENSG00000270930	GRAMD4P8	chr2	132404287	132404402	0.172389351190059	3.80521607112326E-06
ENSG00000152822	GRM1	chr6	146348853	146348913	0.147087165917199	3.81554018209071E-06
ENSG00000253711	RP11-787D18.1	chr8	62200743	62200779	0.148832233966924	3.81726565896058E-06
ENSG00000164604	GPR85	chr7	112726869	112726896	0.184680831454433	0.0000038856804883983
ENSG00000114904	NEK4	chr3	52748368	52748388	0.262348079637374	3.92266997043582E-06
ENSG00000264564	RP11-61D1.2	chr18	52057542	52057578	0.193210203833078	3.92900771403897E-06
ENSG00000129159	KCNC1	chr11	17758164	17758285	0.127230074191149	3.94001670605876E-06
ENSG00000255628	RP11-313F23.3	chr12	34260749	34261041	0.210214497755552	3.94642939140355E-06
ENSG00000234456	MAGI2-AS3	chr7	79082186	79082300	0.218306517707383	3.94645008175133E-06
ENSG00000235785	AL109767.1	chr14	99713546	99713567	0.144249923327355	3.95974626111853E-06
ENSG00000116157	GPX7	chr1	53067933	53068532	0.19868295700333	3.96420197217478E-06
ENSG00000233622	CYP2T2P	chr19	41317793	41318017	0.166870532976548	4.03926900361011E-06
ENSG00000260944	RP11-463O9.5	chr16	86598792	86598888	0.153108208102919	4.06261696350819E-06
ENSG00000204347	BTBD17	chr17	72352791	72353514	0.194287971722461	4.06760679200176E-06
ENSG00000075891	PAX2	chr10	102495117	102495453	0.179737824951256	4.09402899830518E-06
ENSG00000183674	LINC00518	chr6	10426528	10426657	0.14532000741722	4.10708921264405E-06
ENSG00000233110	RP11-301L8.2	chr4	186509028	186509070	0.17389836396662	4.13553529589352E-06
ENSG00000255335	RP11-358H18.2	chr11	17717429	17717766	0.146169881077458	4.20629484394963E-06
ENSG00000262198	RP11-124N19.3	chr13	23500054	23500101	0.115103075964198	4.21216007082044E-06
ENSG00000229557	LINC00379	chr13	91827207	91827713	0.171163746958982	4.26294221802111E-06
ENSG00000163462	TRIM46	chr1	155147263	155147297	0.10004421792798	4.29238754094365E-06
ENSG00000250451	HOXC-AS1	chr12	54392857	54392884	0.119498896052196	4.30550670309655E-06
ENSG00000172020	GAP43	chr3	115231501	115231576	0.131380167185439	4.31264699702195E-06
ENSG00000261809	CYP3A54P	chr7	4383639	4383684	0.236284570833084	4.31677093925922E-06
ENSG00000219133	RP11-203F10.6	chr1	204328822	204328866	0.121607734582781	4.32953620008645E-06
ENSG00000273248	RP11-399K21.13	chr10	77168491	77168560	0.166845939957871	4.34255757065328E-06
ENSG00000238867	AL136967.1	chr6	41341392	41341451	0.186054509735322	4.38083204230127E-06
ENSG00000113389	NPR3	chr5	32711118	32711166	0.102588669414541	4.40260985288645E-06
ENSG00000119919	NKX2-3	chr10	101293032	101293134	0.101729198984674	4.40955024662725E-06
ENSG00000236511	RP11-32F11.2	chr9	3181687	3181772	0.155124612318274	4.44028985026319E-06
ENSG00000268182	SMIM17	chr19	57154331	57154400	0.146023838152592	4.44172706178465E-06
ENSG00000267202	RP11-797E24.3	chr18	34854148	34854300	0.130911795303941	4.48118828885872E-06
ENSG00000226527	AP000289.6	chr21	34482034	34482169	0.10769948755009	4.49801816379621E-06
ENSG00000259369	RP11-291H24.1	chr15	56033969	56034022	0.126116245240319	4.62341205391775E-06
ENSG00000206557	TRIM71	chr3	32859150	32859484	0.211242295947351	4.65074987195225E-06
ENSG00000262096	PCDHB19P	chr5	140621430	140621691	0.109256137253843	4.66253513940139E-06
ENSG00000253204	RP5-1009N12.1	chr8	30770684	30770763	0.182221253838616	4.70095413406308E-06
ENSG00000242265	PEG10	chr7	94285397	94285438	0.105769153761742	4.72788799715244E-06
ENSG00000135519	KCNH3	chr12	49937983	49938143	0.186907525836563	4.73326208951007E-06
ENSG00000246084	CTD-2506J14.1	chr14	97879619	97879656	0.20933676569653	4.77114524038589E-06
ENSG00000204956	PCDHGA1	chr5	140710509	140710560	0.134082019923927	4.78385479461778E-06
ENSG00000188730	VWC2	chr7	49812977	49813703	0.258532169616829	4.78570257311432E-06
ENSG00000135477	KRT121P	chr12	52652019	52652735	0.187302135944527	4.79081929904464E-06
ENSG00000077616	NAALAD2	chr11	89867396	89867420	0.204033150634668	4.85067850672394E-06
ENSG00000128609	NDUFA5	chr7	123173130	123173230	0.170432153022758	4.87630788523583E-06
ENSG00000267660	CTC-479C5.17	chr16	67978429	67978471	0.128743586889713	4.89843928330914E-06

ENSG00000264860	RP11-143K11.5	chr17	71161080	71161405	0.105333396815923	4.92635055765881E-06
ENSG00000095777	MYO3A	chr10	26222932	26223387	0.263963577841842	4.94273684821497E-06
ENSG00000140945	CDH13	chr16	82660432	82660554	0.178168037594832	5.00137214620917E-06
ENSG00000123388	HOXC11	chr12	54366935	54367094	0.196616719793014	5.01213795713427E-06
ENSG00000258702	RP11-433J8.1	chr14	97058923	97059243	0.215671405893374	5.08689588297416E-06
ENSG00000080573	COL5A3	chr19	10077032	10077148	0.179514267725893	5.12881870656582E-06
ENSG00000169122	FAM110B	chr8	58906951	58907844	0.189657749523689	5.15672014075955E-06
ENSG00000237592	IGKV1OR10-1	chr10	42672476	42672549	0.175191898582607	5.16240394846363E-06
ENSG00000213644	RP11-165H4.3	chr7	63643298	63643344	0.102748061566337	5.16937543404891E-06
ENSG00000248702	RP11-294J22.5	chr17	48858639	48858937	0.147686482717158	0.0000051926276023747
ENSG00000184575	XPOT	chr12	64784237	64784656	0.201843981935445	5.21058174946361E-06
ENSG00000103449	SALL1	chr16	51168911	51169109	0.140028720663593	5.26591298168276E-06
ENSG00000013306	SLC25A39	chr17	42394037	42394066	0.141829275594785	5.38760685964942E-06
ENSG00000254348	RP11-1134I14.4	chr8	48100585	48101061	0.174060839902444	5.42034027922231E-06
ENSG00000222611	AL355388.1	chr1	156046490	156046682	0.103855153756633	5.60852109215624E-06
ENSG00000259422	RP11-593F23.1	chr15	76484102	76484186	0.115796544150158	5.61265626452516E-06
ENSG00000268985	CTD-2528A14.1	chr19	17137099	17137127	0.197399966569879	5.65311914219657E-06
ENSG00000164197	RNF180	chr5	63462187	63462358	0.116834187629094	5.72040081443468E-06
ENSG00000272143	FGF14-AS2	chr13	103047859	103047864	0.129068051264751	5.72328730876779E-06
ENSG00000124275	MTRR	chr5	7850390	7850431	0.116318925486432	5.72340689664418E-06
ENSG00000257275	RP11-164H13.1	chr14	96180209	96180581	0.108221322401232	5.73491409175699E-06
ENSG00000174407	C20orf166	chr20	61148086	61148218	0.109987161868222	0.0000057419524539495
ENSG00000230856	AC138649.1	chr15	23157809	23157837	0.212027510947712	5.83444768343332E-06
ENSG00000231983	LINC00415	chr13	26626509	26626591	0.245229857779342	5.85045017376792E-06
ENSG00000180616	SSTR2	chr17	71161683	71161956	0.115998959561554	5.85942579557048E-06
ENSG00000214141	ACTN4P2	chr1	38230607	38230887	0.118906446809017	5.88558221314609E-06
ENSG00000105880	DLX5	chr7	96654340	96654348	0.170173251051247	5.92648288659752E-06
ENSG00000135049	AGTPBP1	chr9	88138074	88138100	0.22671749544457	5.92973563813252E-06
ENSG00000230148	HOXB-AS1	chr17	46619825	46619923	0.254204537919324	5.95237061770893E-06
ENSG00000116819	TFAP2E	chr1	36042433	36042576	0.230325579033134	5.97514024028973E-06
ENSG00000161958	FGF11	chr17	7341544	7341829	0.155124310798563	6.06886507959643E-06
ENSG00000196358	NTNG2	chr9	135039634	135039836	0.161661134307498	6.08802042408185E-06
ENSG00000157450	RNF111	chr15	59157416	59157451	0.140746355620052	6.13808036493659E-06
ENSG00000221552	MIR1303	chr5	154070997	154071158	0.13257666992449	6.22013769109561E-06
ENSG00000186868	MAPT	chr17	43973434	43973635	0.110978487372978	6.23271896811821E-06
ENSG00000251877	RNU2-45P	chr6	28367864	28367892	0.221934563769795	6.24689164147648E-06
ENSG00000214645	AL162389.1	chr9	110501953	110502099	0.157468570297967	6.33203080647746E-06
ENSG00000110675	ELMOD1	chr11	107461708	107462265	0.109702518573266	6.34492951985963E-06
ENSG00000226789	AC110926.4	chr2	127976400	127976483	0.196168645801679	6.36732109896385E-06
ENSG00000186301	MST1P2	chr1	16975414	16975443	0.131685820774135	6.38668166226763E-06
ENSG00000226742	HSBP1L1	chr18	77723308	77723354	0.144385838449754	6.40665042040747E-06
ENSG00000223495	RP11-763B22.7	chr1	148853834	148853870	0.194225811182504	6.41805160951237E-06
ENSG00000179766	ATP8B5P	chr9	35406713	35406868	0.157864445095751	6.45517536980471E-06
ENSG00000176165	FOXG1	chr14	29235049	29235376	0.213837373847753	6.51731825180585E-06
ENSG00000179097	HTR1F	chr3	88050170	88050196	0.158788326456111	0.0000065908030328734
ENSG00000183798	EMILIN3	chr20	39995131	39995600	0.213331852981041	6.60686897122085E-06
ENSG00000267037	AC005757.7	chr19	45655294	45655748	0.113270858695576	6.69895689169734E-06
ENSG00000224043	CCNT2-AS1	chr2	135477116	135477135	0.176640501205247	6.78173591997014E-06
ENSG00000130529	TRPM4	chr19	49658322	49658356	0.110653551975129	6.78758449892522E-06
ENSG00000264880	RP11-805F19.1	chr18	15165110	15165339	0.145065030453472	6.82546397175339E-06
ENSG00000259055	RP11-1140I5.1	chr14	51559822	51559867	0.189735771787151	6.83148073065539E-06
ENSG00000249509	RP11-402J6.1	chr4	113441555	113441626	0.20638543549298	6.84918030803213E-06
ENSG00000198626	RYR2	chr1	237205157	237205976	0.223174074735934	0.0000068577650403301
ENSG00000260163	RP11-521O16.2	chr2	127782747	127782828	0.119962068567335	0.0000068983206341114
ENSG00000226767	RP11-328P23.3	chr7	64973648	64973671	0.149980115627263	6.96060255575151E-06
ENSG00000207258	Y_RNA	chr8	38627879	38627989	0.160998251876809	7.02457280782805E-06
LRG_142	LRG_142	chr11	2402247	2402285	0.157403060551987	7.02952868671119E-06
ENSG00000203809	LINC00577	chr6	105388313	105388473	0.150281620898263	7.07513025439108E-06
ENSG00000257704	PRR24	chr19	47778505	47778767	0.17277924365591	7.10960779989823E-06
ENSG00000062524	LTK	chr15	41795054	41795304	0.176344158002285	7.15426358053731E-06
ENSG00000202146	Y_RNA	chr12	54500141	54500184	0.162469887534178	7.15684550413557E-06
ENSG00000250432	RP11-834C11.5	chr12	54484217	54484446	0.247609541442071	7.18417932820249E-06
ENSG00000259738	ZNF444P1	chr15	59157014	59157352	0.141845042889434	7.23858395861034E-06
ENSG00000264572	MIR4296	chr10	126704078	126704128	0.102079580342331	7.25362216231704E-06
ENSG00000225313	RP11-415J8.3	chr1	33772519	33773103	0.219848879350733	7.26144285750302E-06
ENSG00000181803	OR6S1	chr14	21121218	21121282	0.130408742023155	7.27148623452743E-06
ENSG00000187323	DCC	chr18	49866361	49866691	0.153873116968374	7.30194821492222E-06
ENSG00000271631	RP11-408O19.5	chr9	115652779	115652952	0.216008240321806	7.30698899482829E-06
ENSG00000198915	RASGEF1A	chr10	43725275	43725603	0.129875394918511	7.34137628577157E-06

ENSG00000259669	RP11-643A5.2	chr15	54270549	54270661	0.216489051634726	0.000007365300231359
ENSG00000137166	FOXP4	chr6	41528178	41528224	0.142845180490387	7.40377564528818E-06
ENSG00000176971	FIBIN	chr11	27015753	27015897	0.159752135583281	7.41067093982028E-06
ENSG00000215218	UBE2QL1	chr5	6448826	6449090	0.198739269645839	7.49435255548369E-06
ENSG0000043039	BARX2	chr11	129242486	129242688	0.170508505074936	7.55174924593251E-06
ENSG00000233028	RP4-725G10.4	chr7	56243072	56243315	0.150345936305823	7.60883117827411E-06
ENSG00000225323	Z84721.4	chr16	216869	216940	0.126025659102356	7.62499457512322E-06
ENSG00000166135	HIF1AN	chr10	102322121	102322421	0.106384819546556	7.63044646124793E-06
ENSG00000255581	RP11-69M1.4	chr12	8171313	8171463	0.236768139130666	7.64359717339264E-06
ENSG00000273118	AC079610.1	chr2	213403275	213403542	0.111943466610444	7.64527489397898E-06
ENSG00000229051	RP5-952N6.1	chr1	71172119	71172189	0.121946076356346	7.66796039796685E-06
ENSG00000080189	SLC35C2	chr20	44941350	44941420	0.142067526284421	0.0000076878652215994
ENSG00000178982	EIF3K	chr19	39108630	39108672	0.112846391576722	7.79518455325335E-06
ENSG00000235079	ZRANB2-AS1	chr1	71513300	71513544	0.129638530462027	7.79868931134286E-06
ENSG00000255286	RP11-708L7.7	chr11	111809971	111810005	0.103244951374465	7.83810663484172E-06
ENSG00000177508	IRX3	chr16	54316904	54317129	0.155973987144178	7.89314039721586E-06
ENSG00000267188	CTC-512J12.4	chr19	44905432	44905457	0.217264582721248	7.92126333811317E-06
ENSG00000008710	PKD1	chr16	2132730	2132740	0.100237687001131	8.01971928690757E-06
ENSG00000218336	TENM3	chr4	183063936	183064179	0.171126729024953	8.04356426245751E-06
ENSG00000196963	PCDHB16	chr5	140563609	140563687	0.106280899502351	8.07932161827763E-06
ENSG00000250644	RP11-295K3.1	chr11	1769010	1769320	0.171818369391567	8.09080767021552E-06
ENSG00000137809	ITGA11	chr15	68724410	68724668	0.105828873599443	8.12657889883761E-06
ENSG00000242330	RN7SL683P	chr14	72053041	72053064	0.105229723893145	8.21290011523106E-06
ENSG00000252866	RNA5SP243	chr7	128337766	128337823	0.148173838378287	8.24124577710078E-06
ENSG00000251600	RP11-673E1.1	chr4	144833126	144833511	0.208409857600894	8.25631997316121E-06
ENSG00000003137	CYP26B1	chr2	72374219	72374261	0.100781235986687	8.25741336739897E-06
ENSG00000148704	VAX1	chr10	118897674	118898031	0.1929091126663	8.26682582211801E-06
ENSG00000183580	FBXL7	chr5	15500085	15500917	0.208908627182004	8.34809776198827E-06
ENSG00000268603	RP11-316O14.1	chr2	220362325	220362374	0.10987092152866	8.36660639144828E-06
ENSG00000252776	RNU4ATAC10P	chr11	122311359	122311485	0.206526305582126	8.41031366778117E-06
ENSG00000252893	RNU7-58P	chr11	59323318	59323509	0.10406741413855	0.0000084646986945608
ENSG00000232709	MARK2P9	chr10	94180699	94180743	0.195328930477758	0.0000084726023958998
ENSG00000239327	RP11-14J7.1	chr14	21093522	21093593	0.105052890455127	8.47627538382068E-06
ENSG00000168967	PMCHL1	chr5	22212785	22212847	0.176859941939993	8.55864964616173E-06
ENSG00000112983	BRD8	chr5	137474799	137474943	0.103147894833492	8.60228829171192E-06
ENSG00000229116	RP11-20J15.3	chr10	44789077	44789114	0.156468669385923	8.60983567666038E-06
ENSG00000230863	RP4-595K12.2	chr1	76082888	76082910	0.117242387828017	8.63573142169632E-06
ENSG00000233551	RP11-335H2.2	chr9	16829043	16829168	0.259440905814066	8.75135919028425E-06
ENSG00000255496	RP11-587D21.4	chr11	27741820	27741829	0.176461525621937	8.76406846142236E-06
ENSG00000223120	RN7SKP181	chr15	97491122	97491287	0.173138121638171	0.0000087888454651427
ENSG00000188610	FAM72B	chr1	120837864	120837992	0.23397483080204	8.83877138759756E-06
ENSG00000170161	RP11-262H14.4	chr9	66571101	66571175	0.141605976646738	8.85110433900269E-06
ENSG00000219041	IGKV1OR2-118	chr2	91669443	91669527	0.11119362000014	0.0000089195757472328
ENSG00000164742	ADCY1	chr7	45613771	45614616	0.19885938324359	8.92641166801273E-06
ENSG00000197576	HOXA4	chr7	27164027	27164069	0.260699709543345	8.94339011048234E-06
ENSG00000147852	VLDLR	chr9	2623062	2623076	0.124592373399572	8.94826778826077E-06
ENSG00000260738	LINC00554	chr13	100649886	100650216	0.126842870416567	8.95185548137437E-06
ENSG00000132010	ZNF20	chr19	12203305	12203490	0.184541687985288	8.96601170882609E-06
ENSG00000202264	RNA5SP77	chr1	227748544	227748643	0.134042507983609	8.99075165758437E-06
ENSG00000171608	PIK3CD	chr1	9711748	9712394	0.104996303892809	9.06682448880724E-06
LRG_191	LRG_191	chr1	9711748	9712394	0.104996303892809	9.06682448880724E-06
ENSG00000184650	ODF4	chr17	8250424	8250435	0.185581382369829	9.14999222821345E-06
ENSG00000146285	SCML4	chr6	107956481	107956692	0.163752634918324	9.23851621396645E-06
ENSG00000144045	DQX1	chr2	74743939	74743962	0.211826773712961	9.34648743090704E-06
ENSG00000105278	ZFR2	chr19	3801965	3802000	0.103705544470779	9.39263771501398E-06
ENSG00000197308	GATA3-AS1	chr10	8089587	8089664	0.191223638128596	9.48685547191911E-06
ENSG00000201041	RNA5SP242	chr7	128337438	128337521	0.122474177923409	9.50045074795066E-06
ENSG00000229365	RP4-639J15.2	chr7	156871057	156871296	0.260039282767032	9.64742524846586E-06
ENSG00000245812	RP11-175K6.1	chr5	158527382	158527608	0.142926555148865	9.65981308765335E-06
ENSG00000231448	RP11-763B22.9	chr1	148853997	148854052	0.193902308896521	9.68243740762724E-06
ENSG00000171532	NEUROD2	chr17	37753159	37753246	0.129086693925098	9.68953898693247E-06
ENSG00000215045	GRID2IP	chr7	6571145	6571195	0.116628271729029	9.73413085162185E-06
ENSG00000230756	RHOQP3	chr2	130970940	130971155	0.131307317782741	9.74176726048141E-06
ENSG00000250439	FGD5P1	chr3	13974401	13974772	0.163212071489453	9.82603488701246E-06
ENSG00000239405	TMED10P2	chr3	128273567	128273598	0.134733016037261	9.84450153585071E-06
ENSG00000254293	CTB-158E9.1	chr5	153859970	153860002	0.177569424448842	9.90802944307715E-06
ENSG00000257851	HNRNPA3P10	chr12	52115424	52115674	0.161656592530659	9.92438012705417E-06
ENSG00000107485	GATA3	chr10	8096573	8096669	0.125854868017097	9.96577644930322E-06
ENSG00000265984	RP11-699A5.2	chr18	18821240	18821290	0.145609823490972	0.0000101585480271674

ENSG00000188474	ZNF788	chr19	12202997	12203139	0.18511157009993	0.0000101662574183347
ENSG00000214189	ZNF788	chr19	12202997	12203139	0.18511157009993	0.0000101662574183347
ENSG00000249550	RP11-438N16.1	chr12	114107723	114107782	0.20884131173643	0.0000101797380164989
ENSG00000146360	GPR6	chr6	110299472	110299644	0.16870051312591	0.0000101925092526029
ENSG00000110148	CCKBR	chr11	6280988	6281306	0.157015189301846	0.0000102132556358478
ENSG00000269210	AC019171.1	chr2	39186743	39186938	0.134744473018898	0.0000103058367254918
ENSG00000258788	RP11-404P21.9	chr14	96686351	96686387	0.113112984445896	0.0000103153088886583
ENSG00000240774	RP11-359H3.4	chr3	120170437	120170518	0.11672750029525	0.0000104039762097247
ENSG00000229107	ABHD17AP4	chr22	21024918	21025367	0.133675114699002	0.0000104127321919118
ENSG00000249338	HMGB1P47	chr5	50696049	50696061	0.210585349925077	0.0000104307924294233
ENSG00000221619	AC012671.3	chr2	88583793	88583894	0.109520051761379	0.0000104420848524914
ENSG00000198597	ZNF536	chr19	30719299	30719453	0.169618968509804	0.0000104875288990234
ENSG00000222612	RNU2-52P	chr20	39598048	39598076	0.134231654633382	0.0000105001677071362
ENSG00000110446	SLC15A3	chr11	60718397	60719046	0.179027819368354	0.0000105515294021996
ENSG00000219891	ZSCAN12P1	chr6	28058802	28058918	0.125791790409266	0.0000105843439568121
ENSG00000250155	CTD-2353F22.1	chr5	36692962	36693004	0.100431642417212	0.0000107707600188676
ENSG00000263029	RP11-517A5.6	chr16	16357183	16357187	0.190941635822501	0.0000107831593123448
ENSG00000168267	PTF1A	chr10	23481036	23481594	0.199911666407493	0.000010808019966666
ENSG00000196115	ADAM5	chr8	39171986	39172176	0.103176552919728	0.0000108355181827113
ENSG00000187630	DHRS4L2	chr14	24438915	24439289	0.151014553978421	0.0000108986152560986
ENSG00000088881	EBF4	chr20	2674115	2674571	0.122886148757492	0.00001090168820194
ENSG00000230122	ECEL1P3	chr2	233215982	233216280	0.172823925007334	0.0000109416637799444
ENSG00000176903	PNMA1	chr14	74178853	74178855	0.128856986926845	0.0000110778606071119
ENSG00000132932	ATP8A2	chr13	25946027	25946844	0.212344223272089	0.0000111284861670405
ENSG00000253731	PCDHGA6	chr5	140753531	140753570	0.106003785830055	0.0000111335096117846
ENSG00000129521	EGLN3	chr14	34269906	34270482	0.190928333185522	0.0000111889167305268
ENSG00000133315	MACROD1	chr11	63766608	63766965	0.133885592606931	0.0000113681096394899
ENSG00000188536	HBA2	chr16	223515	223575	0.204740996089011	0.0000114446117178207
ENSG00000186448	ZNF197	chr3	44626326	44626400	0.205880774212839	0.0000115360900108688
ENSG00000226507	IPMKP1	chr13	23412075	23412119	0.181549273925794	0.0000115612925832483
ENSG00000267558	RP11-618K16.4	chr18	43355916	43355989	0.226583747129868	0.000011644759166043
ENSG00000124785	NRN1	chr6	6007240	6007278	0.18849843463546	0.0000116977442249834
ENSG00000259203	RP11-209K10.2	chr15	53093405	53093494	0.171473641082602	0.000011702263060812
ENSG00000229950	TFAP2A-AS1	chr6	10416369	10416400	0.174584262759775	0.000011746094091046
ENSG00000235570	LINC00533	chr6	28616693	28616743	0.168492744299835	0.000011807325207998
ENSG00000213316	LTC4S	chr5	179221030	179221072	0.161147132482816	0.0000118694977574151
ENSG00000164815	ORC5	chr7	103631095	103631129	0.139884538033804	0.0000119193055288487
ENSG00000158258	CLSTN2	chr3	139653754	139654317	0.143713696708575	0.0000119799810244835
ENSG00000229068	TMPOP1	chr6	30432265	30432318	0.102712953125184	0.0000120251974933658
ENSG00000130558	OLFM1	chr9	137967004	137967595	0.214163139407426	0.0000120416534009867
ENSG00000222238	RNU2-43P	chr10	103051135	103051342	0.102478303169502	0.000012060788931487
ENSG00000221697	MIR1275	chr6	33943843	33943929	0.183465675927126	0.0000123227820990037
ENSG00000165794	SLC39A2	chr14	21469368	21469384	0.153451302279261	0.0000123640419287592
ENSG00000238117	AP004372.1	chr11	131779583	131779604	0.107986636158746	0.0000124528336876557
ENSG00000179071	CCDC89	chr11	85393607	85394027	0.222740090259919	0.0000125327665809655
ENSG00000270823	hsa-mir-335	chr7	130132822	130133110	0.123641242087327	0.0000125340946439721
ENSG00000228350	RP11-148G20.1	chr3	48699700	48699802	0.179558426417293	0.0000125489889224841
ENSG00000265130	CTB-58E17.2	chr17	36734838	36735082	0.192414644955214	0.0000125614058933578
ENSG00000168993	CPLX1	chr4	778780	778924	0.176992020668821	0.0000127150369045822
ENSG00000230044	AC110754.3	chr2	11809614	11810305	0.183403786977738	0.0000128467017201244
ENSG00000229961	RP11-71G12.1	chr1	157164509	157164753	0.103898283758863	0.0000129353133875493
ENSG00000099864	PALM	chr19	708531	708681	0.114591027979693	0.0000130845793331503
ENSG00000120029	C10orf76	chr10	103603982	103604019	0.117411319728987	0.0000131396358712194
ENSG00000174672	BRSK2	chr11	1410081	1410405	0.10810561933309	0.000013193670750901
ENSG00000125775	SDCBP2	chr20	1293682	1293701	0.104418070691166	0.0000132556472651521
ENSG00000172789	HOXC5	chr12	54425039	54425156	0.106408717631164	0.0000132658883030355
ENSG00000241852	C8orf58	chr8	22458046	22458115	0.116630399797357	0.0000132697766975472
ENSG00000180739	S1PR5	chr19	10624665	10624754	0.204994560757239	0.0000136837964101447
ENSG00000080493	SLC4A4	chr4	72062002	72062018	0.101519032160728	0.0000137212603303218
ENSG00000173917	HOXB2	chr17	46618919	46618982	0.264129919993318	0.0000138725597246295
ENSG00000175785	PRIMA1	chr14	94254460	94255513	0.160928856004519	0.0000139869987823604
ENSG00000235414	AC016737.1	chr2	174913179	174913276	0.139389047699111	0.0000139920797553817
ENSG00000238351	snoU13	chr4	40859344	40859387	0.188999446393007	0.0000142390161815573
ENSG00000178163	ZNF518B	chr4	10458214	10459163	0.130221621828423	0.000014240429672678
ENSG00000244953	RP11-613D13.8	chr11	43965464	43965721	0.108083639595356	0.0000142485735646189
ENSG00000223559	RP11-700P18.1	chr7	56355664	56355789	0.236771749465684	0.0000144742875561319
ENSG00000218109	KIRREL3-AS3	chr11	126870820	126870844	0.140021647027704	0.0000144962783332505
ENSG00000222987	RN7SKP68	chr5	101632056	101632365	0.112599728231539	0.0000145394492407121
ENSG00000243961	RP5-839B4.8	chr20	9819789	9819860	0.176235502075916	0.0000146929146645149

ENSG00000119778	ATAD2B	chr2	23886193	23886365	0.217455697226992	0.0000147169731022032
ENSG00000272330	AC002044.4	chr16	73067498	73067525	0.110373219876951	0.0000147211310425815
ENSG00000151322	NPAS3	chr14	33403740	33404249	0.147874855574017	0.0000148116716073429
ENSG00000204625	HCG9	chr6	29943088	29943114	0.148429815366226	0.0000148364458650688
ENSG00000184838	PRR16	chr5	119799835	119800143	0.181549405371795	0.0000149196397759411
ENSG00000213626	LBH	chr2	30453730	30453871	0.159331508231189	0.0000150103971265395
ENSG00000196083	IL1RAP	chr3	190251414	190251464	0.10044686973119	0.0000150234915215001
ENSG00000259999	RP11-252K23.1	chr16	75353798	75353806	0.140564114819842	0.000015042704978092
ENSG00000248626	GAPDHP40	chr5	159399013	159399487	0.191265591755409	0.0000150973625185224
ENSG00000185904	LINC00839	chr10	42971159	42971460	0.171418029142297	0.0000151647340563683
ENSG00000268654	MIMT1	chr19	57351775	57352053	0.105825417096514	0.0000152365172715985
ENSG00000224486	HCG19P	chr6	30325790	30325965	0.16847417433022	0.0000153258493849504
ENSG00000259144	RANBP20P	chr14	21191587	21191859	0.211495522203583	0.0000154193886178163
ENSG00000150893	FREM2	chr13	39261237	39261730	0.146337727875958	0.0000155006279829625
ENSG00000156218	ADAMTSL3	chr15	84322380	84323070	0.205781470937771	0.0000156283593008937
ENSG00000176678	FOXL1	chr16	86608861	86608957	0.105980064431921	0.0000156489010719889
ENSG00000255085	AF186192.5	chr8	145925597	145925763	0.201539689344329	0.0000160209441328495
ENSG00000213799	ZNF845	chr19	53832372	53832560	0.141871674705432	0.0000160608184430064
ENSG00000152954	NRSN1	chr6	24126310	24126511	0.169654582390958	0.00001612747703216
ENSG00000250799	PRODH2	chr19	36288744	36288806	0.164726092009517	0.0000162014608966608
ENSG00000066923	STAG3	chr7	99775336	99775578	0.100911199425408	0.0000162459859199474
ENSG00000172803	SNX32	chr11	65601088	65601544	0.144150918304026	0.0000163366034148105
ENSG00000250385	RP11-310P5.2	chr5	528519	529012	0.146914864339578	0.0000164403136000071
ENSG00000131504	DIAPH1	chr5	140893163	140893188	0.320451685551424	0.0000166747714920089
ENSG00000261115	TMEM178B	chr7	140773736	140774391	0.124187037741517	0.0000168970626098217
ENSG00000223148	AC011478.1	chr19	30942166	30942180	0.108014612868561	0.0000170405682507771
ENSG00000124721	DNAH8	chr6	38682950	38683264	0.233534489147614	0.0000170492131954742
ENSG00000251165	F11-AS1	chr4	187219172	187219176	0.117317139432053	0.000017068744101653
ENSG00000218689	RPL5P21	chr6	130088499	130088624	0.129050467277892	0.000017069579893965
ENSG00000254122	PCDHGB7	chr5	140797321	140797464	0.158224006418587	0.0000171209508091467
ENSG00000063438	AHRR	chr5	320804	320978	0.104597953698596	0.0000171822844761363
ENSG00000174697	LEP	chr7	127880824	127881372	0.106401904801323	0.0000172459672654429
ENSG00000256902	RP11-986G18.1	chr12	2862152	2862469	0.130972927003112	0.0000173474864496639
ENSG00000207811	MIR34B	chr11	111383423	111383668	0.191104572928465	0.0000173784563310449
ENSG00000181965	NEUROG1	chr5	134871539	134872050	0.129113949017485	0.0000174012734794361
ENSG00000272135	RP11-107C16.2	chr10	124578105	124578431	0.158325667375959	0.0000174372011905046
ENSG00000229294	RP5-1044H5.1	chr1	65731489	65731848	0.195221133758146	0.0000175580319228113
ENSG00000134548	C12orf39	chr12	21680409	21680981	0.156638959838896	0.0000176139448559019
ENSG00000172752	COL6A5	chr3	130064586	130064740	0.123132349755239	0.0000176779645288684
ENSG0000026025	VIM	chr10	17271090	17271199	0.115353474948737	0.0000177364947838385
ENSG00000224070	HMG1P6	chr2	207118224	207118312	0.196629840528674	0.00001776810509904029
ENSG00000111046	MYF6	chr12	81101653	81101689	0.108653399095893	0.000017779076843426
ENSG00000184389	A3GALT2	chr1	33772282	33772462	0.201440676159216	0.000017882404372342
ENSG00000162631	NTNG1	chr1	107682614	107682654	0.176346410421411	0.0000179353634864835
ENSG00000197506	SLC28A3	chr9	86886722	86886746	0.194174072343282	0.0000179836948212488
ENSG00000267045	AC006126.4	chr19	45737485	45738088	0.263965104151919	0.0000182172041009302
ENSG00000252359	SNORD112	chr1	165086757	165086924	0.150600666648062	0.0000184156196512811
ENSG00000134291	TMEM106C	chr12	48336651	48336694	0.108632778251799	0.0000184547983671459
ENSG00000164929	BAALC	chr8	104152966	104153389	0.191609016689941	0.000018458873193908
ENSG00000242590	RP11-54O7.14	chr1	986848	986920	0.160892954497648	0.000018644900762152
ENSG00000130487	KLHDC7B	chr22	50987219	50987524	0.1308127984646	0.0000187142975484612
ENSG00000238430	snoU13	chr1	173638688	173638797	0.161801618080918	0.0000187769064286607
ENSG00000169026	MFS17	chr4	682672	683240	0.217577456612894	0.0000189008465363887
ENSG00000199130	MIR365A	chr16	14403004	14403040	0.10752079271416	0.0000189855472648361
ENSG00000175463	TBC1D10C	chr11	67171191	67171200	0.145332110752783	0.000019112122052735
ENSG00000172116	CD8B	chr2	87037082	87037124	0.179574300299013	0.0000191534424254327
ENSG00000271192	RP4-555D20.3	chr3	44038406	44038484	0.195717506900463	0.0000192392314980607
ENSG00000272183	RP11-523H20.3	chr2	74727367	74727408	0.239841858265631	0.0000192426257704146
ENSG00000171773	NXNL1	chr19	17566508	17566560	0.159701890606906	0.0000192655044945744
ENSG00000180592	SKIDA1	chr10	21799252	21799472	0.127099516244668	0.0000192685984089367
ENSG00000182183	FAM159A	chr1	53098630	53099302	0.162307785579739	0.0000194219996573431
ENSG00000113739	STC2	chr5	172757205	172757249	0.125611774601008	0.0000196205149128562
ENSG00000151490	PTPRO	chr12	15475322	15475396	0.158261814430554	0.0000198354073386353
ENSG00000161281	COX7A1	chr19	36643480	36643572	0.10666323746856	0.0000200014354099034
ENSG00000248682	ARHGAP22-IT1	chr10	49731449	49731490	0.169700908553788	0.0000200122500037889
ENSG00000168610	STAT3	chr17	40464735	40464935	0.178368857612278	0.0000200912790949483
ENSG00000038382	TRIO	chr5	14259230	14259273	0.151123050356225	0.0000202888300430921
ENSG00000186350	RXRA	chr9	137236462	137236492	0.133098969200591	0.0000203449890726718
ENSG00000164236	ANKRD33B	chr5	10563702	10564951	0.1025004628939	0.0000203986671136554

ENSG00000227481	RP11-89N17.2	chr7	33767832	33767867	0.105661698239321	0.0000206341742551385
ENSG00000264714	RP11-21G15.1	chr18	10726194	10726666	0.229721911633809	0.0000210942973354379
ENSG00000087258	GNAO1	chr16	56224741	56225360	0.130105193178952	0.0000212415690081209
ENSG00000234640	RP11-264E18.1	chr10	130085065	130085093	0.210883649937222	0.0000212649590571281
ENSG00000170043	TRAPPC1	chr17	7833046	7833163	0.114674203228152	0.0000213334138791362
ENSG00000228909	AC008281.1	chr2	220717043	220717088	0.112001333617823	0.0000214014065399405
ENSG00000130518	KIAA1683	chr19	18344435	18344455	0.126922669027624	0.0000216613978716296
ENSG00000255363	RP11-672A2.5	chr11	76340765	76340847	0.13849517303197	0.0000217145601145188
ENSG00000136859	ANGPTL2	chr9	129885075	129885146	0.100508992470756	0.0000217701677563493
ENSG00000252591	RNA5SP468	chr19	18077753	18078040	0.171105981126908	0.0000219299886292675
ENSG00000149972	CNTN5	chr11	98891544	98891910	0.163082402446559	0.0000221692476586261
ENSG00000230572	AC027612.3	chr2	91874054	91874524	0.220274125760261	0.0000222405098798339
ENSG00000188906	LRRK2	chr12	40618375	40618681	0.122760905777272	0.0000222613883126148
ENSG00000168509	HFE2	chr1	145415412	145415498	0.111555249620671	0.0000223440798769782
ENSG00000258794	RP11-313F23.5	chr12	34371628	34371673	0.198822472140956	0.0000224283490190981
ENSG00000256906	RP11-474D1.2	chr12	130554960	130554999	0.116754000753149	0.0000224314170330145
ENSG00000227491	CCNJP1	chr7	56297433	56297661	0.133908146879782	0.000022473744593253
ENSG00000230221	RP11-173G21.1	chr9	98111365	98111624	0.229295397270053	0.0000226020040646005
ENSG00000185811	IKZF1	chr7	50343212	50344222	0.171278494254956	0.0000227374735480734
ENSG00000267507	CTD-2587H24.1	chr19	55630209	55630260	0.133587919518539	0.0000228012356846049
ENSG00000087365	SF3B2	chr11	65816935	65816993	0.150030768829607	0.0000230454576333693
ENSG00000198914	POU3F3	chr2	105471889	105473052	0.220866080357642	0.0000230859604517425
ENSG00000235436	DPY19L2P4	chr7	89748238	89748810	0.180153091307523	0.0000232621502298198
ENSG00000166780	C16orf45	chr16	15528032	15528133	0.12476107940962	0.0000232825928105527
ENSG00000184574	LPAR5	chr12	6729349	6730096	0.106599843543795	0.0000233835774680492
ENSG00000183486	MX2	chr21	42741744	42741785	0.181610772945965	0.0000234100482081314
ENSG00000236279	CLEC2L	chr7	139208286	139209143	0.150175195094925	0.0000234244573194563
ENSG00000170801	HTRA3	chr4	8271224	8272090	0.120941292002715	0.00002353132199465
ENSG00000259143	CTD-2240H23.2	chr14	95652039	95652065	0.120166079051306	0.0000239228284153755
ENSG00000158555	GDPD5	chr11	75144144	75144157	0.142368862159341	0.0000239546247826522
ENSG00000182871	COL18A1	chr21	46825224	46826020	0.170541952130846	0.0000239793079753915
ENSG00000253809	RP1-149L1.1	chr6	70992050	70992073	0.150190351706384	0.0000239808913067004
ENSG00000264780	MIR4683	chr10	35928954	35929082	0.171375506649487	0.00002401112622200536
ENSG00000061455	PRDM6	chr5	122424014	122424070	0.143341868960831	0.0000244431419975846
ENSG00000272366	RP11-573G6.10	chr10	22625759	22625874	0.144523644291429	0.0000244664979451501
ENSG00000223349	KLF2P3	chr2	131449734	131449788	0.198348983652298	0.0000245044857589395
ENSG00000129204	USP6	chr17	5019735	5019761	0.153521921579801	0.0000245416614351896
ENSG00000091656	ZFH4	chr8	77593471	77593495	0.19397644557507	0.0000245792857218336
ENSG00000119714	GPR68	chr14	91696240	91696261	0.131084481720211	0.0000246159226703179
ENSG00000237838	AC133680.1	chr3	24870657	24870957	0.22258046309477	0.0000246934761680644
ENSG00000234688	RP1-293L6.1	chr22	37099095	37099193	0.101000341332683	0.0000247490835658351
ENSG00000214711	CAPN14	chr2	31361459	31361692	0.120124165230001	0.0000248887992710692
ENSG00000215447	BX322557.10	chr21	46706968	46707056	0.134822717287419	0.0000251380291331358
ENSG00000264474	MIR4656	chr7	4832119	4832198	0.280187852869661	0.0000251651782424731
ENSG00000063515	GSC2	chr22	19136658	19136856	0.193367400177801	0.0000251930869001735
ENSG00000253846	PCDHGA10	chr5	140792918	140793053	0.217536959356577	0.000025473789879659
ENSG00000261868	RP11-104O19.2	chr17	4235124	4235146	0.102351283506894	0.0000254867100060904
ENSG00000272544	CTA-357J21.1	chr7	101688616	101688730	0.133988200020082	0.0000257472072339978
ENSG00000121871	SLITRK3	chr3	164913602	164913641	0.101259412901337	0.0000258987950713384
ENSG00000107957	SH3PD2A	chr10	105344174	105344992	0.167422307382165	0.0000259933111184449
ENSG00000236603	RANP1	chr6	30449064	30449254	0.102316900802644	0.0000260447426448546
ENSG00000265213	MIR3684	chr4	99920253	99920257	0.145348621989932	0.000026302417300713
ENSG00000156150	ALX3	chr1	110612889	110613298	0.165809073380541	0.0000264328408576819
ENSG00000237856	AC062020.2	chr2	123419027	123419060	0.184934019663456	0.0000264371846171507
ENSG00000256305	AL359757.1	chr13	25711190	25711248	0.174865208487445	0.0000264780267066019
ENSG00000078295	ADCY2	chr5	7396550	7396814	0.114454610295713	0.0000267886200772858
ENSG00000264101	MIR4689	chr1	5907524	5907585	0.130438795466993	0.0000268595348292023
ENSG00000116544	DLGAP3	chr1	35350900	35350937	0.114962715310598	0.0000269694942030238
ENSG00000131668	BARX1	chr9	96714006	96714539	0.101890371725841	0.0000272641549638664
ENSG00000107159	CA9	chr9	35675904	35676056	0.164152778491548	0.000027702441057198
ENSG00000183853	KIRREL	chr1	157963279	157963481	0.104985257704536	0.0000278202592447654
ENSG00000230106	AF228730.7	chr8	7016285	7016353	0.158536636583816	0.0000280855432095882
ENSG00000172071	EIF2AK3	chr2	88849548	88849666	0.12991354587086	0.0000281382045776729
ENSG00000219553	RP1-281H8.3	chr6	149803439	149803478	0.191213334376452	0.0000284342091984703
ENSG00000172350	ABCG4	chr11	119020841	119020941	0.111712941662807	0.0000285850275158215
ENSG00000100288	CHKB	chr22	51017121	51017166	0.100770418337952	0.0000286386730514344
ENSG00000188738	FSIP2	chr2	186603398	186603504	0.237850351827398	0.0000287592879098172
ENSG00000214295	FOXO1B	chr5	180527421	180527783	0.197570815133023	0.0000292157216522302
ENSG00000255166	RP11-726G23.11	chr8	43102060	43102736	0.203378718246344	0.0000292188829654396

ENSG00000109445	ZNF330	chr4	142055213	142055260	0.107199540313186	0.0000292639572567678
ENSG00000136059	VILL	chr3	38035554	38035601	0.220155008270477	0.0000293799961639762
ENSG00000240230	COX19	chr7	948328	948482	0.1665820665673	0.0000294417196718896
ENSG00000272278	AL121932.1	chr6	28615973	28616022	0.165010330619275	0.0000299612195176218
ENSG00000169851	PCDH7	chr4	30723057	30723403	0.217651672511527	0.0000299897877686584
ENSG00000104881	PPP1R13L	chr19	45888769	45888798	0.240504859716228	0.0000301242683269358
ENSG00000142549	IGLON5	chr19	51815281	51815318	0.212775124296722	0.0000301483539358464
ENSG00000237852	RP4-630A11.3	chr1	65991331	65991493	0.215413511324783	0.0000303163677346562
ENSG00000151846	PABPC3	chr13	25670024	25670530	0.153514492326752	0.0000305091722835402
ENSG00000162399	BSND	chr1	55462704	55462913	0.111030917204415	0.0000306233946664549
ENSG00000216141	MIR941-2	chr20	62549359	62549383	0.107793476842085	0.0000307019032161392
ENSG00000264443	RP4-594110.3	chr1	24861703	24861919	0.119856384915498	0.00003088423751031
ENSG00000153347	FAM81B	chr5	94620959	94621115	0.108282128280295	0.0000311666423984055
ENSG00000273014	RP11-225B17.2	chr7	32801142	32801209	0.138026459219316	0.0000312104464971035
ENSG00000161914	ZNF653	chr19	11593016	11593181	0.118627630026934	0.0000312777762437757
ENSG00000249896	RP11-586D19.1	chr4	6202153	6202808	0.198285826381278	0.0000316549567165971
ENSG00000143355	LHX9	chr1	197879700	197879766	0.127588891882967	0.0000320351763717857
ENSG00000250309	CTC-345K18.2	chr5	150051353	150051492	0.104111789120956	0.0000320622189506162
ENSG00000127928	GNGT1	chr7	93205100	93205163	0.152765400593546	0.0000321924938696378
ENSG00000268950	AC114494.1	chr1	31896459	31896541	0.135862242668806	0.0000324639736037723
ENSG00000271174	RP11-814M22.2	chr3	66633438	66633462	0.112731985599948	0.000032665252868366
ENSG00000169495	HTRA4	chr8	38831681	38831696	0.195356529712934	0.0000327363845399094
ENSG00000175175	PPM1E	chr17	56833060	56833273	0.122788009707475	0.0000330343793274116
ENSG00000106038	EVX1	chr7	27289832	27289854	0.193702620972156	0.0000331987541481812
ENSG00000185551	NR2F2	chr15	96866549	96866763	0.169574427012974	0.000033379101638726
ENSG00000131864	USP29	chr19	57618117	57618447	0.166863888319079	0.0000335305013793522
ENSG00000156413	FUT6	chr19	5829148	5829199	0.177394363073915	0.0000335369325215058
ENSG00000198382	UVRAG	chr11	75528485	75528534	0.116515681439183	0.0000335677898381745
ENSG00000215146	RP11-313J2.1	chr10	42863495	42863539	0.230602703079722	0.0000336152855825605
ENSG00000250238	Z95704.3	chr4	107147	107416	0.124689055057014	0.0000339505166232238
ENSG00000259676	RP11-343B18.2	chr15	89313056	89313131	0.150081572507118	0.0000340076948857691
ENSG00000237738	RNF216-IT1	chr7	5735112	5735158	0.156275996524713	0.0000340762193363592
ENSG00000270504	RP11-420L9.5	chr6	3752725	3752752	0.10333439961764	0.0000341108728722984
ENSG00000237513	RP11-325F22.2	chr7	104581560	104581614	0.178624201455606	0.0000342528730273081
ENSG00000120049	KCNIP2	chr10	103589646	103589684	0.134284685192817	0.0000347554501274157
ENSG00000231428	LINC00396	chr13	110699357	110699386	0.117847980022385	0.0000350508221409508
ENSG00000227509	EIF2B5-IT1	chr3	184210158	184210188	0.201845161953292	0.0000351175750947429
ENSG00000042317	SPATA7	chr14	88793680	88793792	0.183203784838033	0.0000353207014440378
ENSG00000228623	ZNF883	chr9	115774398	115774605	0.209042768136759	0.0000354746896176219
ENSG00000255642	PABPC1P4	chr12	64215517	64215989	0.123296565837216	0.0000358968100834536
ENSG00000120324	PCDHB10	chr5	140573451	140573865	0.111775111417001	0.0000362545692119058
ENSG00000124140	SLC12A5	chr20	44650362	44650518	0.16418364886144	0.0000365736619015161
ENSG00000235494	RP11-498P14.4	chr9	99984846	99984958	0.19128086675614	0.0000368770206845517
ENSG00000243384	RP11-475O23.2	chr3	58572452	58572902	0.244299807755832	0.0000369922396918041
ENSG00000182463	TSHZ2	chr20	51589708	51589802	0.1455983997551	0.0000370925492908094
ENSG00000207562	MIR34C	chr11	111384223	111384249	0.157283970220818	0.0000377232941718609
ENSG00000244125	AC078882.1	chr2	142888280	142888397	0.102150109387848	0.00003773099191761
ENSG00000259204	RP11-394B5.2	chr15	51385862	51385970	0.125757661944541	0.0000379296635145218
ENSG00000219992	RP11-420L9.2	chr6	3752900	3752936	0.117973323562937	0.000038063406813292
ENSG00000237566	AC090955.5	chr3	5137722	5137900	0.158201822859047	0.0000382055965333332
ENSG00000188290	HES4	chr1	933640	933776	0.122524606904003	0.0000382547922193318
ENSG00000264468	MIR4520A	chr17	6558948	6558981	0.215773582540458	0.0000383028701658391
ENSG00000188425	NANOS2	chr19	46405065	46405290	0.116514919083737	0.000038436585435613
ENSG00000256283	RP11-365O10.1	chr12	15374560	15374609	0.124664385259944	0.0000388530283122264
ENSG00000250790	RP11-46H11.3	chr12	133485445	133485721	0.206786727333089	0.000039851784782674
ENSG00000175745	NR2F1	chr5	92930499	92930705	0.18920052257424	0.0000401490963312647
ENSG00000165443	PHYHIPL	chr10	60936355	60936492	0.204307433588611	0.0000402119442388685
ENSG00000259869	AL022344.7	chr10	43250393	43250909	0.144022204045222	0.0000404301707295707
ENSG00000268240	RP11-678G14.4	chr19	21769749	21769778	0.206784023535843	0.0000408508298179502
ENSG00000213996	TM6SF2	chr19	19373502	19373743	0.115740578421545	0.0000412556480471158
ENSG00000101098	RIMS4	chr20	43439700	43439724	0.111880603114193	0.0000414188766192611
ENSG00000265295	AC084125.3	chr8	145792766	145792886	0.142767525366948	0.0000415934901894353
ENSG00000168959	GRM5	chr11	88241582	88241626	0.247103945791331	0.0000416184016787852
ENSG00000255082	GRM5-AS1	chr11	88241582	88241626	0.247103945791331	0.0000416184016787852
ENSG00000254396	RP11-56F10.3	chr9	27093769	27093838	0.134567563322334	0.0000418006411100269
ENSG00000162989	KCNJ3	chr2	155555246	155555347	0.177124817982786	0.0000418727661499962
ENSG00000187559	FOXDL3	chr9	70917765	70917927	0.337520938870348	0.0000419708657720868
ENSG00000158473	CD1D	chr1	158150649	158150738	0.146398803019894	0.0000426816331432801
ENSG00000154277	UCHL1	chr4	41258511	41258535	0.115284957541421	0.0000427178527462193

ENSG00000163923	RPL39L	chr3	186856928	186857004	0.215189340033353	0.0000431525180163636
ENSG00000258376	RP4-647C14.2	chr14	73709539	73709550	0.136536193902996	0.0000432938779789025
ENSG00000254226	CTB-12O2.1	chr5	151305092	151305204	0.106826725490505	0.0000433612414537278
ENSG00000085662	AKR1B1	chr7	134143784	134144060	0.189164638512387	0.0000435351883168361
ENSG00000101115	SALL4	chr20	50418800	50418976	0.100605528290132	0.0000435835830097228
ENSG00000229427	ANKRD26P4	chr13	31926625	31926681	0.157524447908587	0.0000438012160017751
ENSG00000173253	DMRT2	chr9	1047220	1047350	0.144187278209189	0.0000438880046613579
ENSG00000270948	RP11-460N20.7	chr7	64403036	64403191	0.125946092056909	0.0000440857474806125
ENSG00000139874	SSTR1	chr14	38680855	38680980	0.192239168781269	0.0000440858640557913
ENSG00000177363	LRRN4CL	chr11	62454887	62454905	0.169606650708103	0.0000449359025469473
ENSG00000105643	ARRDC2	chr19	18119865	18119914	0.174603442355815	0.0000451870431966591
ENSG00000159263	SIM2	chr21	38072100	38072389	0.105166427817544	0.0000457942636939925
ENSG00000142698	C1orf94	chr1	34632519	34632585	0.130555992937198	0.0000458596673289867
ENSG00000214106	PAXIP1-AS2	chr7	154706456	154706515	0.135267207952668	0.0000459763357746652
ENSG00000149488	TMC2	chr20	2539148	2539245	0.175624322310232	0.0000461051247875226
ENSG00000166106	ADAMTS15	chr11	130297088	130297200	0.112262535112601	0.0000463233520820557
ENSG00000226017	PRICKLE2-AS3	chr3	64253534	64253622	0.199521472702662	0.0000466102937443425
ENSG00000249505	RP11-434H6.2	chr3	128764685	128764857	0.153080167761887	0.0000467975891267806
ENSG00000266570	MIR5579	chr11	79147737	79147781	0.192405712658351	0.0000471473946450914
ENSG00000159212	CLIC6	chr21	36041683	36041852	0.208240320107092	0.0000472783453326693
ENSG00000132671	SSTR4	chr20	23016201	23016264	0.103751242257787	0.0000473195464656085
ENSG00000118160	SLC8A2	chr19	47923331	47923360	0.132957395251725	0.000047351466801112
ENSG00000133937	GSC	chr14	95236450	95236559	0.121051727839104	0.0000477423829655311
ENSG00000226567	LINC00606	chr3	10780531	10780569	0.107107058063678	0.000047818897528735
ENSG00000265545	RP11-183C12.1	chr18	4456290	4456311	0.18590903069039	0.0000478510416196917
ENSG00000267369	RP11-1094M14.8	chr17	33825074	33825217	0.194680840044618	0.0000480257889787572
ENSG00000188820	FAM26F	chr6	116783040	116783677	0.188490895037708	0.0000480799653761741
ENSG00000177932	ZNF354C	chr5	178487147	178487410	0.191395509108186	0.0000481752490855147
ENSG00000262786	RP11-214O1.1	chr17	14200747	14200988	0.133946340546969	0.0000483544648271516
ENSG00000162373	BEND5	chr1	49242239	49242610	0.148127643418042	0.0000484513733623081
ENSG00000125144	MT1G	chr16	56696705	56697292	0.173818052345199	0.0000484944908918862
ENSG00000177455	CD19	chr16	28944363	28944391	0.160516779422189	0.0000487677597374387
LRG_35	LRG_35	chr16	28944363	28944391	0.160516779422189	0.0000487677597374387
ENSG00000257129	RP11-554D14.1	chr12	108306648	108306682	0.160163096298765	0.0000491542622395933
ENSG00000253953	PCDHGB4	chr5	140767460	140767479	0.15635976512759	0.0000492088604839683
ENSG00000160161	CILP2	chr19	19650684	19650699	0.108765474951826	0.0000493757606260103
ENSG00000250020	RP11-811I15.1	chr5	54550	54571	0.168559019082574	0.0000496325203801991
ENSG00000252261	RNA5SP262	chr8	32078254	32078304	0.161087801748492	0.0000501607292348152
ENSG00000237742	RP11-624M8.1	chr6	125855345	125855457	0.136964283915493	0.0000502314793474981
ENSG00000261719	RP11-67H24.1	chr16	32822669	32823334	0.101856720823092	0.0000503256378998626
ENSG00000253616	RP11-875O11.3	chr8	22928784	22928826	0.113250227416307	0.0000511422624957644
ENSG00000265070	AC006115.1	chr19	57230479	57230548	0.127233252307057	0.0000511865411781883
ENSG0000013016	EHD3	chr2	31456843	31456966	0.170020424525018	0.000051300093391288
ENSG00000228509	AC006460.2	chr2	191625626	191626064	0.1648633031106	0.0000517441892120678
ENSG00000230453	ANKRD18B	chr9	33523601	33524841	0.144795565117767	0.0000519668737630602
ENSG00000213820	RPL13P2	chr20	44728637	44728683	0.152360449273042	0.0000522296681128336
ENSG00000215237	RP11-54D18.2	chr9	14993131	14993788	0.135249528933616	0.0000523072801725972
ENSG00000238057	ZEB2-AS1	chr2	145275340	145275377	0.199728606807057	0.0000535567222684336
ENSG00000198771	RCSD1	chr1	167599232	167599279	0.142236906857125	0.0000535817904202331
ENSG00000197479	PCDHB11	chr5	140580900	140581087	0.102334915062741	0.0000536083178575236
ENSG00000111701	APOBEC1	chr12	7792360	7792844	0.17645216086	0.0000536432245192641
ENSG00000189409	MMP23B	chr1	1565655	1566047	0.115759491983831	0.0000538793446266721
ENSG00000236409	NRADDP	chr3	47051393	47051533	0.165168637999485	0.0000540208895353869
ENSG00000244215	RP11-88I21.2	chr3	127056741	127056777	0.222640307113825	0.0000540424048950687
ENSG00000140557	ST8SIA2	chr15	92937081	92937431	0.150930674206411	0.0000540712126634878
ENSG00000175414	ARL10	chr5	175793316	175793492	0.133494837280199	0.0000541538649838546
ENSG00000272622	RP11-395N3.2	chr2	227663590	227663602	0.104306114501011	0.0000541754908588923
ENSG00000139352	ASCL1	chr12	103351354	103351493	0.127248466387392	0.0000542008085159032
ENSG00000201006	Y_RNA	chr2	121411889	121412314	0.11313861423265	0.0000544732197453309
ENSG00000158863	FAM160B2	chr8	21943990	21944559	0.150849891949667	0.0000545468455200511
ENSG00000260833	AC124789.1	chr17	36609710	36610407	0.103514739819613	0.000054674823104091
ENSG00000168348	INSM2	chr14	36004201	36004231	0.102849522075898	0.0000547013560806235
ENSG00000259088	CTD-2017C7.2	chr14	102247661	102248278	0.263485686909628	0.000054949369738972
ENSG00000232739	RP11-25G10.2	chr10	15296783	15296787	0.13796067069812	0.000055230920197475
ENSG00000133393	FOPNL	chr16	15951981	15952422	0.100933899695994	0.000055676623216374
ENSG00000128739	SNRPN	chr15	25093192	25093581	0.111189527512796	0.0000559093324579192
ENSG00000002745	WNT16	chr7	120968781	120968822	0.113850269834004	0.0000559455100950372
ENSG00000155980	KIF5A	chr12	57943714	57943970	0.106231525702536	0.0000560379340644135
ENSG00000265859	MIR5704	chr3	131752683	131752709	0.108996098659972	0.0000561751539276633

ENSG00000135638	EMX1	chr2	73147038	73147134	0.156058223021045	0.000056406559163423
ENSG00000222982	RN7SKP216	chr12	114918703	114918728	0.138242142864163	0.0000567906885334563
ENSG00000112852	PCDHB2	chr5	140474137	140474187	0.128937930139341	0.0000569107250552113
ENSG00000162069	CCDC64B	chr16	3079348	3079423	0.153910823793494	0.0000572993517824174
ENSG00000266123	RN7SL114P	chr11	64815580	64815721	0.102505423026898	0.0000574799317036485
ENSG00000158669	AGPAT6	chr8	41425365	41425414	0.106098640210725	0.0000580243120491718
ENSG00000043591	ADRB1	chr10	115803874	115804197	0.134087465284947	0.0000583654762170017
ENSG00000253884	RP11-726G23.2	chr8	43101622	43102008	0.146232401952459	0.0000584477348923663
ENSG00000251623	RP11-826N14.4	chr5	175560642	175560733	0.131140730369868	0.0000586144790842718
ENSG00000261819	RP11-680G24.4	chr16	15083956	15084157	0.260516146890801	0.0000586615577750866
ENSG00000142611	PRDM16	chr1	2985112	2985728	0.128563426035205	0.0000586884833972288
ENSG00000240882	RP11-174O3.1	chr3	120003887	120004425	0.153270395862001	0.00005893886335388
ENSG00000223612	RP11-289I10.2	chr1	148193178	148193363	0.147641235551342	0.0000595378054409147
ENSG00000081138	CDH7	chr18	63417258	63417311	0.222618227094042	0.0000596576227104242
ENSG00000228549	U1	chr1	17198627	17198645	0.111859710683997	0.0000597777633340519
ENSG00000166025	AMOTL1	chr11	94473405	94473439	0.194354762346236	0.0000604678307226117
ENSG00000263154	RP11-1055B8.2	chr17	79316390	79316774	0.142845878489362	0.0000605719024458205
ENSG00000240189	RN7SL621P	chr8	33423216	33423227	0.10062102595355	0.0000606773139026183
ENSG00000259461	ANP32BP3	chr15	81426512	81426693	0.215877557056119	0.0000613146957592929
ENSG00000072182	ASIC4	chr2	220388041	220388074	0.136089288892284	0.0000614113989565595
LRG_424	LRG_424	chr1	112058195	112058223	0.124442569201757	0.0000614199815787337
ENSG00000272121	RP4-555D20.4	chr3	44040673	44041099	0.159597066575115	0.0000615803893553929
ENSG00000224863	RP5-1109J22.2	chr1	46914524	46914558	0.114757166702296	0.0000620169587027165
ENSG00000267343	CTC-499B15.4	chr19	11785250	11785272	0.112770657382561	0.0000626397865176912
ENSG00000185818	NAT8L	chr4	2060023	2060048	0.106013734687175	0.0000628025516820651
ENSG00000089057	SLC23A2	chr20	4803686	4804131	0.1480375441826	0.0000638385972706202
ENSG00000132639	SNAP25	chr20	10199361	10199564	0.123067070690323	0.0000646431319010273
ENSG00000189127	ANKRD34B	chr5	79866319	79866382	0.136987313882522	0.0000647486273726822
ENSG00000213866	YBX1P10	chr9	35972104	35972445	0.154699603761959	0.0000653435675914056
ENSG00000231990	RP11-53B5.1	chr9	96622912	96622922	0.120938371618751	0.0000657668254145047
ENSG00000230690	AC013402.5	chr2	105275601	105275969	0.152690275511766	0.0000657801672756764
ENSG00000233332	RP4-799P18.2	chr1	234350744	234350823	0.117417643776026	0.0000658027002396969
ENSG00000255133	RP11-646J21.2	chr11	33850312	33850334	0.123799240467905	0.0000659754000959337
ENSG00000160201	U2AF1	chr21	44495567	44495802	0.11388116765498	0.0000667994783573291
ENSG00000250360	CTD-2089N3.1	chr5	50260346	50260364	0.139013638373808	0.0000668349423013504
ENSG00000119139	TJP2	chr9	71788637	71789187	0.195534390667095	0.0000669599754659243
ENSG00000224586	GPX5	chr6	28504849	28504955	0.20333516419707	0.0000675034371710087
ENSG00000162594	IL23R	chr1	67600644	67600698	0.122573314851957	0.0000677582596192223
ENSG00000200108	RNU6-774P	chr4	84991732	84991797	0.126507340673069	0.0000683209136925299
ENSG00000184979	USP18	chr22	18640353	18640388	0.11475057945413	0.0000690974163887811
ENSG00000272286	Z83307.3	chr11	31817739	31817888	0.104556196363157	0.0000691472949698944
ENSG00000143768	LEFTY2	chr1	226127113	226127694	0.103265850389855	0.0000694195440118325
ENSG00000178732	GP5	chr3	194118779	194118987	0.150935842763625	0.0000695904509083102
ENSG00000130283	GDF1	chr19	18979352	18979563	0.234541663108053	0.0000698293733151582
ENSG00000223802	CERS1	chr19	18979352	18979563	0.234541663108053	0.0000698293733151582
ENSG00000268869	ESPNP	chr1	17018684	17018769	0.139115645731855	0.0000700590845473333
ENSG00000253235	RP11-434I12.4	chr8	74282708	74283007	0.15517898792609	0.0000706336174516531
ENSG00000249122	RP11-227F19.2	chr4	41752970	41753046	0.101780425538374	0.0000711841010087151
ENSG00000116132	PRRX1	chr1	170630633	170630784	0.206404229541419	0.0000712324733185164
ENSG00000176593	CTD-2368P22.1	chr19	58513523	58513553	0.119578339406334	0.0000715135477051797
ENSG00000221704	AC012305.1	chr2	236514447	236514473	0.103309637533246	0.0000726626602020143
ENSG00000183807	FAM162B	chr6	117086627	117086920	0.21222440226133	0.0000731501491630799
ENSG00000257514	RP11-755O11.2	chr12	102036254	102036458	0.1968716067534	0.0000737266739950113
ENSG00000101146	RAE1	chr20	55923771	55923885	0.1045243693813	0.00007385400375116
ENSG00000224437	PIGUP1	chr9	73736511	73736643	0.146221627885546	0.0000742922379012339
ENSG00000256802	RP11-680F8.1	chr15	29967477	29967620	0.191903407214398	0.0000749371977576537
ENSG00000168066	SF1	chr11	64531737	64531743	0.123162946584696	0.0000750868042320834
ENSG00000183647	ZNF530	chr19	58111230	58111767	0.136178057560177	0.0000752490718697997
ENSG00000154027	AK5	chr1	77747458	77747821	0.165174557877949	0.0000754931280307594
ENSG00000163075	PCDP1	chr2	120282171	120282272	0.204893564475234	0.0000773663828471074
ENSG00000240760	RPL31P56	chr16	55404824	55405032	0.112629075495219	0.0000774289330908044
ENSG00000238487	RNU7-114P	chr12	114075796	114076073	0.156486115366456	0.000077879799153699
ENSG00000177283	FZD8	chr10	35928416	35928539	0.191831672689218	0.0000784688415614238
ENSG00000257119	EEF1B2P4	chr12	107296838	107296882	0.120909352815327	0.0000784735055080625
ENSG00000257703	RP11-328J6.1	chr12	103437861	103437900	0.163067843230573	0.0000787473182777307
ENSG00000132139	GAS2L2	chr17	34068891	34068930	0.105743819636033	0.000078786264132155
ENSG00000231073	RP11-316M1.3	chr1	150948024	150948108	0.102226764597476	0.0000789458518712256
ENSG00000169314	C22orf15	chr22	24105640	24105658	0.123218268028634	0.0000791890964530455
ENSG00000250467	RP11-227F19.1	chr4	41750239	41750282	0.149817940661609	0.0000793048609610506

ENSG00000211530	AL354933.1	chr6	72298275	72298424	0.1116468240717	0.00007949350952291
ENSG00000253796	RP11-1084E5.1	chr8	109799714	109799909	0.153724704646454	0.0000795562420060848
ENSG00000198783	ZNF830	chr17	33289464	33289549	0.161339470624124	0.0000797269483347942
ENSG00000228067	RP11-61J19.3	chr1	212687842	212687851	0.118040897230832	0.0000799032038450448
ENSG00000102935	ZNF423	chr16	49518365	49518544	0.135842079777825	0.000079999305136144
ENSG00000205899	BHLHA9	chr17	1174860	1174889	0.117189342670963	0.0000803497174583748
ENSG00000227914	RP11-130C19.3	chr9	707037	707419	0.162542501961893	0.0000804849113036102
ENSG00000264713	AC106878.1	chr4	170696427	170696480	0.166804346879453	0.0000804971666094294
ENSG00000158553	POM121L2	chr6	27251856	27251867	0.164356544610409	0.0000811901899552436
ENSG00000222427	RNA5SP338	chr11	22688715	22688748	0.138360350753841	0.0000831013008220224
ENSG00000225556	C2CD4D	chr1	151810439	151811415	0.161562152835134	0.0000835049303455516
ENSG00000258989	RP11-47I22.4	chr14	61938802	61938827	0.133367069126231	0.0000836741033700213
ENSG00000232866	AL513478.1	chr9	43134666	43134743	0.145938994297845	0.0000839356714213141
ENSG00000236750	AC009237.16	chr2	96315090	96315221	0.158556601059188	0.0000839884607394187
ENSG0000020577	SAMD4A	chr14	55036007	55036043	0.100622234082295	0.0000843329636057847
ENSG00000144031	ANKRD53	chr2	71206502	71206528	0.121561964857004	0.0000844963013964746
ENSG00000206671	RNU6-471P	chr6	27561185	27561209	0.167350137438364	0.0000846925972226597
ENSG00000268133	AC003002.4	chr19	57875281	57875295	0.106749285803627	0.0000848523349612767
ENSG00000260455	CASC14	chr6	22147355	22147383	0.111937507705421	0.0000852192733796712
ENSG00000155755	TMEM237	chr2	202483887	202483951	0.107789886272722	0.0000860636337213443
ENSG00000125869	LAMP5	chr20	9496493	9496680	0.197235448711769	0.0000874695162339893
ENSG00000196376	SLC35F1	chr6	118228346	118229030	0.169868321145401	0.000087766962874205
ENSG00000127914	AKAP9	chr7	91510378	91510447	0.143339432066817	0.0000883559249787545
ENSG00000258380	RP11-33N16.2	chr14	89866206	89866249	0.129330222942918	0.0000885850385524162
ENSG00000271546	RP4-725K1.1	chr1	145075647	145075844	0.12359197236373	0.0000887342446002686
ENSG00000253992	RP11-737F9.1	chr8	131961536	131961538	0.101005159194697	0.0000889715400520186
ENSG00000229203	AC103564.7	chr2	132587401	132587698	0.191765255388737	0.0000890761953114867
ENSG00000105509	HAS1	chr19	52227281	52227378	0.181959886616775	0.0000892078216566688
ENSG00000262580	RP11-334C17.5	chr17	78169955	78169993	0.140844527421193	0.0000899686618217888
ENSG00000239552	HOXB-AS2	chr17	46633198	46633228	0.217914533480905	0.0000903264702212156
ENSG00000237751	LINC01143	chr2	71114734	71115016	0.185745462554463	0.0000909001791571216
ENSG00000006025	OSBPL7	chr17	45855573	45856011	0.125017855394089	0.0000910247239475701
ENSG00000128710	HOXD10	chr2	176977288	176977319	0.187950917098556	0.000091459096546049
ENSG00000254019	RP11-10J21.3	chr8	142276217	142276435	0.115639415628678	0.000092510363377732
ENSG00000251460	RP11-1258F18.1	chr4	8073649	8073823	0.102430417012575	0.0000938125623787854
ENSG00000200198	RN7SKP211	chr6	106429122	106429191	0.156823060593988	0.0000943920790502069
ENSG00000226695	ANKRD20A10P	chr13	25321419	25321438	0.102839567624937	0.0000944673224906126
ENSG00000242111	RP11-86L19.2	chr9	107021465	107021501	0.14747447276464	0.0000950570159591677
ENSG00000146555	SDK1	chr7	3341670	3341751	0.120569936247846	0.0000950980692370845
ENSG00000270143	AC004257.3	chr19	15344242	15344349	0.171925827761382	0.00009525512585524
ENSG00000220725	RP11-228O6.2	chr6	55443835	55444072	0.179451307273464	0.0000962833444194964
ENSG00000221263	MIR548P	chr5	100236568	100236608	0.108390081003456	0.0000964923648292615
ENSG00000136944	LMX1B	chr9	129375961	129376951	0.135578632311191	0.0000967199081442506
ENSG00000174963	ZIC4	chr3	147102849	147102856	0.24476223289761	0.0000968635416139713
ENSG00000253214	RP11-1149M10.2	chr8	82042883	82042886	0.106718081127268	0.0000978216680130989
ENSG00000265964	RP11-293E1.1	chr17	43861016	43861226	0.121532595623037	0.0000978470555586144
ENSG00000231814	LINC00210	chr1	218098606	218098650	0.12241400319284	0.000101284071194005
ENSG00000264986	MIR5092	chr3	124861485	124861521	0.173688451481565	0.000101749990412015
ENSG00000270419	CAHM	chr6	163834357	163834594	0.149169725685259	0.000102386876801875
ENSG00000167549	CORO6	chr17	27940221	27940767	0.22760839855887	0.000102574309021708
ENSG00000124191	TOX2	chr20	42544659	42544877	0.110684393699375	0.000103800481148521
ENSG00000205035	RP11-707M1.1	chr11	49579933	49580310	0.123401427447882	0.000104248178368958
ENSG00000169180	XPO6	chr16	28074227	28075295	0.147767851796072	0.000104910929431009
ENSG00000256884	RP11-64B16.3	chr12	119591986	119592145	0.11931968645369	0.000105623704240667
ENSG00000120645	IQSEC3	chr12	175884	176189	0.130523876265021	0.000106469060044632
ENSG00000216131	AC025284.1	chr16	77469538	77469589	0.120940717424343	0.00010706873836418
ENSG0000024048	UBR2	chr6	42521832	42522111	0.135642387217835	0.000108844610320722
ENSG00000262920	RP11-1260E13.1	chr17	154407	154435	0.173401577095963	0.000109822210270256
ENSG00000140274	DUOXA2	chr15	45403935	45404217	0.138076018069331	0.000109906865089987
ENSG00000271811	RP1-79C4.4	chr1	170636438	170636450	0.134697720767162	0.000110047437593552
ENSG00000188227	ZNF793	chr19	37997798	37997936	0.227515997874981	0.000110161924625879
ENSG00000204962	PCDHA8	chr5	140221008	140221120	0.106449136856934	0.000110295649862107
ENSG00000252613	RNU7-168P	chr21	18827049	18827149	0.192897043712221	0.000110746981364547
ENSG00000204618	RNF39	chr6	30038882	30039476	0.118209491201143	0.000111043429212682
ENSG00000164180	TMEM161B	chr5	87440239	87440338	0.146273781131777	0.000111391195219633
ENSG00000187416	LHFPL3	chr7	103969239	103969268	0.151433453880728	0.00011218747553848
ENSG00000228082	RP1-121G13.2	chr6	100894511	100894586	0.116311607648125	0.000112882589579834
ENSG00000167011	NAT16	chr7	100823454	100823736	0.100638475921257	0.000113127496214609
ENSG00000266901	RP11-567M16.5	chr18	77468416	77468572	0.104644593670798	0.000113467110916796

ENSG00000164743	C8orf48	chr8	13424243	13424419	0.12820168709025	0.000114385174310241
ENSG00000202252	SNORD14C	chr11	122935120	122935122	0.130771825088264	0.000115239109227026
ENSG00000207330	RNU6-73P	chr13	28397193	28397365	0.158915400013097	0.000115615451529471
ENSG00000186417	GLDN	chr15	51633704	51633821	0.169164380701706	0.000116103722320284
ENSG00000107537	PHYH	chr10	13330317	13330347	0.12624590366561	0.000116143776462151
ENSG00000267662	AC007796.1	chr19	31839636	31839781	0.163712155800903	0.000116209924610271
ENSG00000237207	RP11-24B13.1	chr9	43860880	43861331	0.120981175721297	0.000117014149299997
ENSG00000179855	GIPC3	chr19	3585434	3585855	0.159368096825391	0.000117304991409005
ENSG00000112183	RBM24	chr6	17200717	17200762	0.123755675795009	0.000119628054875879
ENSG00000227953	RP11-439E19.3	chr1	246952229	246952539	0.137681681209265	0.000120070866760088
ENSG00000229150	CRYGEP	chr2	208977121	208977137	0.10018366479506	0.000120235424603508
ENSG00000252177	AC005513.1	chr19	13409523	13410050	0.138429899513392	0.000120251463886338
ENSG00000136630	HLX	chr1	221058128	221058190	0.137011677372226	0.000121447184585018
ENSG00000254002	RP11-213G6.2	chr8	23584188	23584847	0.133160508223986	0.000121848008339411
ENSG00000164161	HHIP	chr4	145566866	145567457	0.10496236925949	0.000121859674364776
ENSG00000160570	DEDD2	chr19	42703609	42703645	0.137932792892635	0.000121867647549163
ENSG00000178996	SNX18	chr5	53942289	53942314	0.153842507992506	0.000122537390357804
ENSG00000241082	RN7SL259P	chr11	62694977	62695032	0.132580236642609	0.000123489872244053
ENSG00000171827	ZNF570	chr19	37958426	37958466	0.130630335828102	0.000124015339136984
ENSG00000145708	CRHBP	chr5	76248711	76248754	0.113023825352011	0.000124076733189596
ENSG00000228431	ARL5AP3	chr1	68517258	68517433	0.119933883979105	0.000124173959780642
ENSG00000215840	RP11-122G18.7	chr1	161391899	161391927	0.19585621504766	0.000124349272989544
ENSG00000177757	FAM87B	chr1	753358	753379	0.13947097186739	0.000124510806324549
ENSG00000092969	TGFB2	chr1	218520090	218520159	0.101184509932998	0.000124923680488377
ENSG00000255509	RP11-445F12.1	chr17	35241821	35241864	0.104592613386286	0.000125254342149984
ENSG00000258186	SLC7A5P2	chr16	21528357	21528370	0.143606560492441	0.000125503364406675
ENSG00000132406	TMEM128	chr4	4229910	4229972	0.187903027520258	0.000126225594818252
ENSG00000259280	RP11-122D10.1	chr15	37170343	37170496	0.135218851097856	0.000126999840029955
ENSG00000254130	CTB-7E3.1	chr5	166405487	166405514	0.198339559659438	0.000127598668825953
ENSG00000242248	RPL7AP57	chr11	91956492	91956543	0.160877181393202	0.00012781232993243
ENSG00000186660	ZFP91	chr11	58344244	58344294	0.152886876398009	0.000128303308105904
ENSG00000007129	CEACAM21	chr19	42070998	42071043	0.150583901552596	0.00012922612839275
ENSG00000131055	COX4I2	chr20	30225601	30225838	0.138447773445236	0.000129702410683549
ENSG00000180316	PNPLA1	chr6	36209676	36209774	0.155835362630846	0.000131128010529704
ENSG00000145908	ZNF300	chr5	150284504	150284634	0.205918623779221	0.000131779594824568
ENSG00000131634	TMEM204	chr16	1583697	1583716	0.123314106270612	0.00013337626015287
ENSG00000259848	AC097374.2	chr2	95527193	95527390	0.141507910768236	0.000133655917477832
ENSG00000243810	RP5-1096J16.1	chr20	20257877	20258008	0.188019690229593	0.000134836475389725
ENSG00000199263	Y_RNA	chr16	68481484	68481570	0.10710853461336	0.000136828645555959
ENSG00000205584	AC005488.11	chr7	72440069	72440429	0.174734295449786	0.000137174409258248
ENSG00000180318	ALX1	chr12	85673884	85673926	0.130424799459023	0.000138130882641715
ENSG00000184060	ADAP2	chr17	29249870	29249918	0.11011934987313	0.000138926930844761
ENSG00000261192	RNF126P1	chr17	55122806	55122891	0.164286313153836	0.000139009054586737
ENSG00000259687	RP11-293M10.5	chr14	75800599	75800751	0.104623035335483	0.000139313440632004
ENSG00000236654	AC079780.3	chr7	23509128	23509699	0.120287734332935	0.00013936027356352
ENSG00000264929	RN7SL348P	chr15	65186441	65186525	0.149701881802644	0.000140531771431501
ENSG00000257042	RP11-993B23.3	chr12	28123995	28124037	0.120787878089033	0.000141397852952303
ENSG00000009709	PAX7	chr1	18957599	18957806	0.135779045675042	0.000143975340797651
ENSG00000207716	MIR572	chr4	11370230	11370923	0.114505675276514	0.000145374285541532
ENSG00000231460	RP11-321L2.1	chr9	23850911	23851210	0.250132552472459	0.000145608502089592
ENSG00000200745	RNU1-31P	chr2	237123016	237123555	0.132818714481494	0.000146013466764523
ENSG00000264449	RP11-945C19.4	chr18	5890617	5891558	0.13847435890127	0.000146459116179483
ENSG00000139304	PTPRQ	chr12	80794649	80794696	0.128186523378612	0.000147306106730423
ENSG00000154342	WNT3A	chr1	228194286	228194841	0.149386190531623	0.000147343341292101
ENSG00000178809	TRIM73	chr7	75024670	75024809	0.203557449997124	0.000149382451226717
ENSG00000239557	RP11-168J18.6	chr3	52407352	52407402	0.114945437305645	0.000150642680761674
ENSG00000187773	FAM69C	chr18	72123529	72123533	0.131017554450185	0.00015068728334989
ENSG00000263613	RP11-321A17.5	chr17	27331943	27331978	0.128693660613903	0.000150953763886708
ENSG00000236924	RP11-390F4.6	chr9	6645295	6645747	0.187195588799132	0.000151710289376921
ENSG00000110090	CPT1A	chr11	68517668	68518176	0.154075015939558	0.000154305540198919
ENSG00000266355	AL117334.1	chr20	3389030	3389069	0.12776516928187	0.000155253444208388
ENSG00000257817	RP4-601P9.2	chr12	115138558	115138594	0.111539054500563	0.000155857070282007
ENSG00000114416	FXR1	chr3	180587937	180588094	0.142422062812087	0.000156202672355829
ENSG00000233786	CDC27P1	chr2	133025380	133025424	0.12003331897868	0.000156454924649292
ENSG00000128645	HOXD1	chr2	177054496	177054584	0.145795780361148	0.000157369762773699
ENSG00000267034	RP11-384O8.1	chr2	223177574	223177624	0.138344174577196	0.000157562448703542
ENSG00000163870	TPRA1	chr3	127265938	127265986	0.214054506849044	0.000157888499981584
ENSG00000095203	EPB41L4B	chr9	111930197	111930222	0.100104383233142	0.000157895980786704
ENSG00000225293	ABCD1P4	chr22	16867378	16867465	0.164811083977377	0.000158141517935557

ENSG00000236106	AC010729.2	chr2	5896449	5896473	0.11177817312228	0.000158166806295877
ENSG00000234548	RP11-78H24.1	chr3	186080243	186080281	0.118997702090591	0.000158223496102211
ENSG00000225163	LINC00618	chr14	97446004	97446014	0.131264081853608	0.000159933292752437
ENSG00000255974	CYP2A6	chr19	41354496	41354708	0.153030994506855	0.000160425789374312
ENSG00000217083	RP1-245M18.2	chr6	24910634	24910750	0.102661013791093	0.000160564100328478
ENSG00000177200	CHD9	chr16	53105637	53105654	0.135377742599376	0.000162334943210446
ENSG00000253099	RNU2-60P	chr11	111249726	111249750	0.101233784698409	0.000162791867380432
ENSG00000162804	SNED1	chr2	241932519	241932552	0.121652716019116	0.000163029843680113
ENSG00000233155	HMG1A1P8	chr2	74643306	74643349	0.11866070023352	0.000163538675471309
ENSG00000265690	RP11-5A19.5	chr16	67199514	67199764	0.19054466154697	0.000163753500217981
ENSG00000137204	SLC22A7	chr6	43253058	43253416	0.148697011920844	0.000164168893841797
ENSG00000138061	CYP1B1	chr2	38265646	38265674	0.183756561488277	0.00016643400729838
ENSG00000175161	CADM2	chr3	85008061	85008229	0.161425838321551	0.000166697995178733
ENSG00000125492	BARHL1	chr9	135457319	135457433	0.105684428481224	0.000167106117238463
ENSG00000139826	ABHD13	chr13	108867108	108867297	0.15688411043069	0.000167366182831207
ENSG00000146910	CNPY1	chr7	155263349	155263399	0.146462940964637	0.000167804483730156
ENSG00000273049	RP11-834C11.12	chr12	54379491	54379592	0.152086652413579	0.000168058880238207
ENSG00000273274	ZBTB8B	chr1	32930473	32930736	0.11459018193408	0.000168412424043835
ENSG00000156486	KCNS2	chr8	99438495	99438569	0.11261754609441	0.000170456093984219
ENSG00000145920	CPLX2	chr5	175223513	175223538	0.152994925081791	0.000172263627255907
ENSG00000271782	RP5-85O015.4	chr1	50893781	50893830	0.135559658387851	0.000172506094176271
ENSG00000233319	PPIAP32	chr10	131927406	131927550	0.152776948624992	0.000174501092643087
ENSG00000259831	LINC00567	chr13	111465045	111465129	0.140676669624076	0.000174733109659607
ENSG00000128714	HOXD13	chr2	176957063	176957185	0.15902927070796	0.000175241032615305
ENSG00000105426	PTPRS	chr19	5139534	5139581	0.186856693500444	0.000177081420500906
ENSG00000257859	CASC18	chr12	105917059	105917092	0.120581561219004	0.000177357020335496
ENSG00000130201	EXOC3L2	chr19	45720771	45720964	0.147713491083265	0.000178006561571618
ENSG00000204839	MROH6	chr8	144649303	144649741	0.25683395453663	0.000178298227966413
ENSG00000254553	RP1-27O5.3	chr1	32930305	32930337	0.1195562237711	0.000179762275895368
ENSG00000226500	RP11-196G18.1	chr1	149719831	149719879	0.113928207003285	0.00018090558120365
ENSG00000254275	RP11-89M16.1	chr8	129552914	129552936	0.12429416932726	0.000182978517183325
ENSG00000132970	WASF3	chr13	27131569	27132722	0.149962878470659	0.000183241356418784
LRG_495	LRG_495	chr16	89831116	89831232	0.235105590968808	0.000183500365969888
ENSG00000198346	ZNF813	chr19	53970809	53971043	0.190488436034111	0.000183595211252547
ENSG00000163083	INHBB	chr2	121103651	121104374	0.107485647524386	0.000183964110662199
ENSG00000268573	RP11-158H5.7	chr18	32848001	32848129	0.150042463049865	0.000184363339764404
ENSG00000186197	EDARADD	chr1	236559438	236559478	0.102985442754062	0.00018579051421775
ENSG00000126259	KIRREL2	chr19	36351835	36351959	0.104087651752983	0.00018623526521871
ENSG00000087510	TFAP2C	chr20	55203497	55203751	0.112289376004334	0.000187061025782138
ENSG00000160460	SPTBN4	chr19	41018548	41019441	0.163014667082179	0.000187818415803984
ENSG00000132967	HMG1P5	chr3	22414804	22414847	0.123671467950338	0.000188383999720228
ENSG00000237899	RP4-739H11.3	chr1	41119914	41119934	0.10573060944696	0.00018912150465454
ENSG00000154978	VOPP1	chr7	55516749	55516791	0.103690429524969	0.000191635701741269
ENSG00000238208	RP11-112N13.1	chr9	107953122	107953143	0.108617902904608	0.000191823489784002
ENSG00000117600	LPPR4	chr1	99729769	99729804	0.133002759519034	0.000191885879765311
ENSG00000068137	PLEKHH3	chr17	40822276	40822458	0.216049435929637	0.000192766245954534
ENSG00000213536	GNG5P1	chr6	166666184	166666231	0.121276103897057	0.000194767269228144
ENSG00000258821	AC005041.17	chr2	74726449	74726642	0.154879460551795	0.00019589991999199
ENSG00000169330	KIAA1024	chr15	79724289	79725126	0.203800179263329	0.000197611888046935
ENSG00000182747	SLC35D3	chr6	137242145	137242191	0.117442400207816	0.000199914195106171
ENSG00000233101	HOXB-AS3	chr17	46627374	46627409	0.15198916611814	0.000203089547980403
ENSG00000198792	TMEM184B	chr22	38610444	38610954	0.249207949079994	0.000203163121566322
ENSG00000180917	CMTR2	chr16	71265020	71265028	0.188116091255372	0.000204887574817817
ENSG00000259575	RP11-39M21.2	chr15	61519625	61519698	0.122894346667827	0.000208435611424188
ENSG00000151025	GPR158	chr10	25464850	25464937	0.10546112597123	0.000208790237172483
ENSG00000225899	FRG2B	chr10	135436330	135436602	0.161425436194192	0.000208809912209891
ENSG00000259970	AC099668.5	chr3	49723144	49723171	0.104945815781058	0.000210539750759652
ENSG00000214223	HNRNPA1P10	chr19	11785043	11785069	0.109626741271082	0.000211128105163859
ENSG00000243753	HLA-L	chr6	30227639	30227736	0.107078086985228	0.000212340382812803
ENSG00000158955	WNT9B	chr17	44918913	44918945	0.166420508647437	0.000213841666388953
ENSG00000236698	EIF1AXP1	chr1	17012513	17012732	0.179028463311478	0.000214318886867257
ENSG00000248731	AC090103.1	chr8	25793430	25793539	0.152088234165042	0.000216262559641395
ENSG00000197959	DNM3	chr1	171810490	171811062	0.178765396258382	0.000218016245016274
ENSG00000163081	CCDC140	chr2	223162892	223163090	0.167781109040816	0.000220672491600645
ENSG00000173320	STOX2	chr4	184826200	184826215	0.129753616521416	0.00022088413723139
ENSG00000143954	REG3G	chr2	79221103	79221130	0.111596394317983	0.000221226826161073
ENSG00000230873	STMND1	chr6	17016468	17016536	0.173566952969253	0.00022423711088749
ENSG00000229953	RP11-284F21.7	chr1	156616535	156616930	0.142377974827838	0.000224319195757916
ENSG00000235880	RP11-59O6.3	chr9	273027	273074	0.155978415685015	0.000224612932038991

ENSG00000138083	SIX3	chr2	45169506	45169679	0.103272916659266	0.00022611838865707
ENSG00000120093	HOXB3	chr17	46625332	46625393	0.218196290420037	0.000228979500071596
ENSG00000258987	RP11-131H24.4	chr14	94405342	94406219	0.151460169050242	0.00022929978993682
ENSG00000100644	HIF1A	chr14	62166054	62166083	0.160069011791468	0.000229915640752465
ENSG00000252233	RN7SKP253	chr4	140684538	140684596	0.117248680219018	0.000231622761795224
ENSG00000081803	CADPS2	chr7	121956553	121956740	0.112934534222976	0.000231898917752214
ENSG00000184261	KCNK12	chr2	47748971	47748985	0.101008307895334	0.00023375006031604
ENSG00000253973	RP11-467K18.2	chr11	9026409	9026424	0.130236690616785	0.000237536092387826
ENSG00000177570	SAMD12	chr8	119120071	119120084	0.127078399226169	0.000240951580702177
ENSG00000126790	L3HYPDH	chr14	59930456	59930659	0.143401369959292	0.000242681362929404
ENSG00000129465	RIPK3	chr14	24804826	24804898	0.10232214631129	0.000243009415568897
ENSG00000184492	FOXDL1	chr2	114256776	114256798	0.204767192623383	0.000244014540488216
ENSG00000157152	SYN2	chr3	12045449	12045461	0.216792218004804	0.00024467660302133
ENSG00000182636	NDN	chr15	23932370	23932626	0.164140722044285	0.000245531508915272
ENSG00000254710	CTD-2216M2.1	chr11	123066394	123066693	0.112216502837254	0.000247907558787823
ENSG00000207298	RNU6-83P	chr13	99651231	99651249	0.147479756068484	0.000247966521921245
ENSG00000200902	RNU6-627P	chr2	164204741	164204829	0.173597469913898	0.000251097227624192
ENSG00000237181	AC147651.4	chr7	644182	644227	0.124219652742104	0.000251524801458331
ENSG00000112531	QKI	chr6	163834730	163835157	0.103648084831293	0.000252610055180571
ENSG00000104472	CHRA1	chr8	141519270	141519301	0.162248190173775	0.0002550642949299
ENSG00000189184	PCDH18	chr4	138453350	138453524	0.105813332295477	0.000255208878280047
ENSG00000225217	HSPA7	chr1	161575747	161576034	0.10238027690577	0.000255288289358928
ENSG00000083844	ZNF264	chr19	57702768	57702864	0.144581376239856	0.000255874812933097
ENSG00000267280	RP11-332H18.4	chr17	59473083	59473428	0.106201209616936	0.000257093749472426
ENSG00000251632	RP11-714L20.1	chr4	138453688	138453700	0.10042967674032	0.000257988406120718
ENSG00000258395	RP11-65112.1	chr2	114033360	114033414	0.149794413848889	0.00025944677229893
LRG_294	LRG_294	chr16	85937095	85937141	0.103005404800809	0.000259934149307916
ENSG00000101405	OXT	chr20	3052221	3052334	0.124394999263632	0.00026020225694153
ENSG00000267970	AC004899.1	chr7	48887520	48887575	0.127081754313418	0.000260714027833552
ENSG00000163623	NKX6-1	chr4	85418584	85418991	0.144427570572634	0.00026289413036451
ENSG00000131459	GFPT2	chr5	179780425	179780663	0.136528273636965	0.000263769034629873
ENSG00000165671	NSD1	chr5	176543904	176544227	0.128964769230993	0.000264552750568136
ENSG00000234026	RP11-310E22.4	chr10	96990810	96990923	0.199210941398959	0.000265764458510342
ENSG00000221826	PSG3	chr19	43202100	43202301	0.133313939193101	0.000265888334137723
ENSG00000249388	RP11-834C11.6	chr12	54475513	54475704	0.146087416853101	0.000272949000647175
ENSG00000224718	RP11-222A5.1	chr1	175712344	175712389	0.147739659174472	0.000274682597524695
ENSG00000229928	LINC00400	chr13	43702694	43702796	0.100493215927796	0.000275865559070836
ENSG00000201966	RNA5-8SP4	chr19	24154487	24154697	0.232638519072843	0.00027898386854986
ENSG00000122584	NXPH1	chr7	8473994	8474025	0.102563750993383	0.000279344618206468
ENSG00000269800	PLEKHA3P1	chr19	42028381	42028686	0.12002469944735	0.000279859719531488
ENSG00000136213	CHST12	chr7	2445331	2445403	0.112478566137101	0.000280525050663729
ENSG00000005961	ITGA2B	chr17	42447480	42447526	0.100289041415246	0.00028200379231426
ENSG00000244486	SCARF2	chr22	20779347	20779482	0.167340080853614	0.00028275537504971
ENSG00000227496	RP11-145A3.1	chr1	225865467	225865515	0.101617824981947	0.00028375501122502
ENSG00000187239	FNBP1	chr9	132650532	132650588	0.121117218999218	0.000284876236401665
ENSG00000145824	CXCL14	chr5	134914817	134914980	0.177633069571421	0.0002877288900048
ENSG00000256655	TMEM75	chr8	128930136	128930199	0.174788423972848	0.000289598550429668
ENSG00000184845	DRD1	chr5	174871060	174871399	0.119602846489673	0.000289961627270379
ENSG00000164920	OSR2	chr8	99962317	99962347	0.12545987739333	0.000290374666227475
ENSG00000168314	MOBP	chr3	39544036	39544270	0.20304632329536	0.000292473385370311
ENSG00000233656	RP11-716O23.1	chr6	11382414	11382444	0.149679681213683	0.000293828457945048
ENSG00000249778	TRMT112P2	chr5	79330333	79330376	0.142476341243103	0.000294129795897663
ENSG00000238262	NTM-IT	chr11	132182616	132182675	0.116448280269702	0.000296733188646834
ENSG00000182983	ZNF662	chr3	42947498	42947931	0.188108366406302	0.000297255831179738
ENSG00000237977	EIF4HP2	chr22	31218721	31218932	0.156811712901828	0.000297287371300317
ENSG00000187118	CMC1	chr3	28242317	28242362	0.124805089362768	0.00030132858652364
ENSG00000261803	RP11-434E6.2	chr16	54407931	54408028	0.165152896168158	0.00030157098754288
ENSG00000137501	SYTL2	chr11	85422120	85422168	0.15501352591107	0.000302130735856552
ENSG00000159692	CTBP1	chr4	1196091	1196200	0.120969871420661	0.000303166824447676
ENSG00000227082	AL592494.5	chr1	121138107	121138825	0.195696878435742	0.000303908323557051
ENSG00000241159	RN7SL160P	chr2	71192178	71192460	0.10844814385263	0.000304873179865685
ENSG00000144893	MED12L	chr3	150802951	150803135	0.13881180774119	0.000307543191854809
ENSG00000229589	ACVR2B-AS1	chr3	38462707	38462779	0.105783409086549	0.000308588463055953
ENSG00000196218	RYR1	chr19	38924347	38924509	0.110296030816905	0.000308641206480071
ENSG00000119772	DNMT3A	chr2	25475724	25475743	0.108930464588282	0.000310634082596638
ENSG00000202360	RN7SKP249	chr8	102149991	102150017	0.102829924649121	0.00031452721203016
ENSG00000184292	TACSTD2	chr1	59041920	59042557	0.132566974656705	0.000315658498773264
ENSG00000162699	DNAJA1P5	chr1	102462024	102462060	0.135088166655151	0.000315889598352561
ENSG00000197497	ZNF665	chr19	53662190	53662416	0.140390937906855	0.000316637211391682

ENSG00000248631	RP11-425E13.1	chr5	124536222	124536267	0.128633336509843	0.000320191261341168
ENSG00000138311	ZNF365	chr10	64133957	64134257	0.12189153925513	0.000320214902024819
ENSG00000207588	MIR593	chr7	127743508	127743612	0.141848364347235	0.000321229318134529
ENSG00000128709	HOXD9	chr2	176989545	176989586	0.100308306371274	0.000322474246177432
ENSG00000150347	ARID5B	chr10	63627692	63627796	0.151524275027872	0.0003234345260900557
ENSG00000269766	AL356215.1	chr11	35105199	35105208	0.103852142343803	0.000325524520741499
ENSG00000231550	PTCHD3P2	chr2	170624913	170625199	0.153545086819546	0.000327694320322034
ENSG00000159753	RLTPR	chr16	67683582	67683923	0.138571011291414	0.000327729924237945
ENSG00000270670	RP11-248C1.3	chr10	91597957	91597985	0.120191199953297	0.000328159162649075
ENSG00000168899	VAMP5	chr2	85811341	85811669	0.138139877682945	0.000329174112504969
ENSG00000170703	TTL6	chr17	46832607	46832631	0.195672072911048	0.000331491959276123
ENSG00000145248	SLC10A4	chr4	48485470	48486238	0.132597130557234	0.000331584334445338
ENSG00000184486	POU3F2	chr6	99283765	99283821	0.118453958011984	0.000333661100601573
ENSG00000235180	LINC00601	chr10	128078105	128078142	0.174590753311134	0.000335473253949885
ENSG00000134365	CFHR4	chr1	196866436	196866477	0.168587766712956	0.000336788603302395
ENSG00000249694	RP11-378A12.1	chr8	2480399	2480483	0.252758256085609	0.000339651994443394
ENSG00000167595	C19orf55	chr19	36247920	36248020	0.112577424044946	0.000340530670093958
ENSG00000150867	PIP4K2A	chr10	22766861	22767049	0.175764242329882	0.000343878436591954
ENSG00000118473	SGIP1	chr1	66999049	66999088	0.111885226118014	0.00034542783970792
ENSG00000115596	WNT6	chr2	219723659	219723846	0.142435628556766	0.000345555016546648
ENSG00000111727	HCFC2	chr12	104443998	104444017	0.140000959227618	0.000347810536533655
ENSG00000223403	MEG9	chr14	101538070	101538088	0.100002653828115	0.0003478823252803
ENSG00000184408	KCND2	chr7	119913711	119913879	0.178802181341902	0.000348469657273421
ENSG00000184281	TSSC4	chr11	2410879	2410893	0.127418800132572	0.000351923294536052
ENSG00000265610	CR536603.1	chr22	46368665	46368725	0.125288263653864	0.000353034963169963
ENSG00000232063	RP11-307E17.8	chr9	97094627	97094874	0.105418967466579	0.000354601447534243
ENSG00000267472	LOC440461	chr17	66195052	66195066	0.1271312116761	0.00035535920032237
ENSG00000258882	CTD-2277K2.1	chr14	62278824	62278938	0.125968616247637	0.000360111226232015
ENSG00000263334	RP11-217B7.2	chr9	107690846	107690880	0.103658710426706	0.000360703001503274
ENSG00000179454	KLHL28	chr14	45381194	45381787	0.198393442331052	0.000361538048479326
ENSG00000233384	RP11-100E13.1	chr1	224804149	224804269	0.116957230205149	0.000362411156597484
ENSG00000270698	RP11-568J23.7	chr16	85845626	85845905	0.10771697589328	0.000363778584723247
ENSG00000231808	RP11-143M1.4	chr9	112823	112962	0.122971661310409	0.000366931463606673
ENSG00000252579	RNU7-117P	chr16	89600682	89600731	0.116957690226846	0.000367457730685964
ENSG00000251387	CTB-35F21.3	chr5	139144041	139144223	0.134791676619101	0.00036950655745254
ENSG00000205710	C17orf107	chr17	4803560	4803688	0.117549473422766	0.000370913565678067
ENSG00000145687	SSBP2	chr5	80690451	80690532	0.202679779517502	0.000375995690574479
ENSG00000144278	GALNT13	chr2	154728370	154728822	0.157477299364758	0.000376022482108832
ENSG00000216915	RP1-97D16.1	chr6	27688885	27688968	0.118428961807313	0.000377465725828041
ENSG00000236772	RP5-1184F4.5	chr20	31045138	31045159	0.130074905452857	0.000377489993543851
ENSG00000092978	GPATCH2	chr1	217313928	217313978	0.101411359749652	0.000384085571027806
ENSG00000111275	ALDH2	chr12	112200645	112200694	0.119302689795347	0.000385616514329991
ENSG00000131969	ABHD12B	chr14	51338729	51339145	0.147902898913576	0.000386191509008178
ENSG00000254547	RP11-738O11.13	chr11	55641257	55641264	0.1219171604598	0.000391105746769968
ENSG00000230309	RP3-390M24.1	chr6	79339179	79339220	0.142425524408311	0.000393656798459659
ENSG00000225057	AC096574.4	chr2	239139956	239140369	0.136840731693562	0.000394606294694285
ENSG00000176406	RIMS2	chr8	104513043	104513212	0.143967229512178	0.000396346874911155
ENSG00000148204	CRB2	chr9	126118732	126118806	0.192713761365789	0.000399572807916911
ENSG00000237286	AC004906.3	chr7	2968406	2968595	0.129347494427231	0.000405066206019386
ENSG00000162951	LRRTM1	chr2	80530604	80530635	0.107699650886889	0.000405580235758254
ENSG00000259283	RP11-26L20.3	chr16	55224022	55224182	0.125301843987211	0.00040975371538181
ENSG00000222020	AC062017.1	chr2	240302791	240302855	0.118449609964748	0.000409983549083106
ENSG00000237325	AP000563.2	chr21	32716379	32716484	0.175570294626193	0.000410100916885369
ENSG00000110172	CHORDC1	chr11	89954601	89954614	0.101174381359164	0.00041237991180145
ENSG00000263400	CTC-297N7.5	chr17	10632857	10632934	0.103900145075225	0.000416317433243627
ENSG00000163499	CRYBA2	chr2	219855036	219855068	0.130484511913475	0.000423947765034573
ENSG00000119938	PPP1R3C	chr10	93392644	93393141	0.112248637375345	0.000424246775277857
ENSG00000189332	RP11-113D6.10	chr11	18230620	18231058	0.100339733566523	0.000424680897052999
ENSG00000119283	TRIM67	chr1	231297813	231298479	0.10784657881261	0.000430348134924833
ENSG00000108262	GIT1	chr17	27899761	27900047	0.133732531503001	0.000435616820807985
ENSG00000124212	PTGIS	chr20	48099140	48099395	0.137979580430405	0.000435716791174707
ENSG00000006555	TTC22	chr1	55246753	55246810	0.103170087078881	0.000435828289236805
ENSG00000225830	ERCC6	chr10	50649978	50650021	0.107391800888741	0.000435842114736093
ENSG00000250508	RP11-757G1.6	chr11	68622198	68622360	0.123672291486298	0.000436351670006047
ENSG00000157601	MX1	chr21	42799141	42799200	0.132293053958063	0.000439841624231533
ENSG00000156509	FBXO43	chr8	101118923	101118934	0.126450287688901	0.000444110943513812
ENSG00000258611	RP11-368J22.2	chr15	93616322	93616655	0.115050609077662	0.000444435345483672
ENSG00000212305	RNU6-679P	chr5	11904086	11904731	0.150776432311883	0.000445016273123476
ENSG00000137434	C6orf52	chr6	10660506	10660544	0.112633727065549	0.000445702768078218

ENSG00000196503	ARL9	chr4	57372294	57372518	0.120828599850694	0.000448320183747861
ENSG00000230982	DSTNP1	chr21	48081257	48081402	0.148050676662073	0.000448337023398339
ENSG00000244381	RP11-3K16.1	chr3	169384703	169384743	0.150034875975484	0.00044993330029872
ENSG00000217643	PTGES3P2	chr2	26045101	26045301	0.125448351259648	0.000451605496900732
ENSG00000218233	NEPNP	chr6	117869098	117869517	0.135098337845875	0.000456358633175288
ENSG00000233823	RP3-443C4.2	chr6	152130149	152130188	0.116809319872946	0.000457530479729956
ENSG00000148331	ASB6	chr9	132387587	132387625	0.106418979243693	0.000459303750734421
ENSG00000134825	TMEM258	chr11	61530605	61530674	0.101031141476781	0.000460733065098014
ENSG00000264398	AL031601.1	chr10	42737517	42737621	0.195186726692421	0.000463096916623595
ENSG00000227397	CTD-2526L21.3	chr7	63250756	63250919	0.131631298097715	0.000464366212562236
ENSG00000116983	HPCAL4	chr1	40149437	40149812	0.140244024551858	0.000464712884482722
ENSG00000135333	EPHA7	chr6	94129234	94129266	0.121311142514702	0.000465092649010771
ENSG00000270666	XXbac-BPGBPG34I8.1	chr6	27483027	27483109	0.138249593446781	0.000467389708764138
ENSG00000262061	RP11-1260E13.4	chr17	183892	184020	0.100762181843454	0.000471703312323958
ENSG00000236335	RP4-591L5.1	chr1	30815754	30815768	0.128562739656293	0.000473794983576843
ENSG00000070366	SMG6	chr17	1960966	1962239	0.189039067077525	0.000475041563669556
ENSG00000267125	CTB-31O20.6	chr19	1851928	1852178	0.138586692206491	0.000476822265735913
ENSG00000223677	OR2AD1P	chr6	28982878	28983273	0.13525622437865	0.000477794978135698
ENSG00000237693	IRGM	chr5	150226243	150226323	0.127566488037812	0.000478412672699117
ENSG00000197971	MBP	chr18	74767932	74767997	0.109708890802335	0.000478560595238785
ENSG00000113211	PCDHB6	chr5	140529672	140529718	0.110377750636281	0.000489877909391118
ENSG00000142235	LMTK3	chr19	48995030	48995079	0.12488548380001	0.000494471998849481
ENSG00000235446	RP11-74K19.1	chr1	69778265	69778415	0.106631059275514	0.000495355577604014
ENSG00000211978	IGHV5-78	chr14	107259880	107259926	0.132586711897113	0.000500010940120497
ENSG00000236651	AC104801.1	chr2	172973986	172974146	0.14853525675327	0.000500378738513329
ENSG00000249167	CTB-118N6.2	chr5	115912090	115912188	0.101507915011669	0.000501401616881619
ENSG00000100276	RASL10A	chr22	29707967	29707998	0.159105266428669	0.000501967958446746
ENSG00000037042	TUBG2	chr17	40806226	40806294	0.110378623368299	0.000503032267691388
ENSG00000240964	RN7SL751P	chr3	79067721	79067771	0.120381860089685	0.00050467073211172
ENSG00000234509	AP000253.1	chr21	33027553	33027589	0.104045393215818	0.000506370164052267
ENSG00000263179	HNRNPCP4	chr16	11327284	11327385	0.129494329021055	0.000507295794897515
ENSG00000224957	AC090044.1	chr3	577731	577970	0.166425264055023	0.000508710556949276
ENSG00000229544	NKX1-2	chr10	126135662	126135711	0.116862285937803	0.00051124154260722
ENSG00000108813	DLX4	chr17	48050394	48050512	0.105750700428979	0.000511457215246413
ENSG00000222503	Y_RNA	chr10	105428648	105428690	0.14033873673857	0.000513028175143762
ENSG00000240764	PCDHGC5	chr5	140871074	140871152	0.146818544445708	0.000513232513761677
ENSG00000158816	VWA5B1	chr1	20617452	20617490	0.128465552549901	0.000513941042918033
ENSG00000214513	NOTO	chr2	73429407	73429457	0.132759297447993	0.0005146229899981
ENSG00000226856	AC093901.1	chr2	119067532	119067579	0.118044435729849	0.000516115155742367
ENSG00000165985	C1QL3	chr10	16563890	16563937	0.148211830563673	0.000519670599205297
ENSG00000257048	RP11-476M19.2	chr12	3474991	3475644	0.103532764377805	0.000520174250131906
ENSG00000147872	PLIN2	chr9	19128655	19128695	0.151067344648055	0.000522557400896262
ENSG00000206850	Y_RNA	chr12	131400818	131400971	0.136755434016267	0.000527647599668462
ENSG00000266079	SNORA59B	chr17	19438295	19438336	0.104155500829866	0.000531489955473871
ENSG00000171903	CYP4F11	chr19	16022800	16022932	0.217343012281625	0.000531871214308736
ENSG00000238705	MIR1976	chr1	26872325	26872416	0.135954140981444	0.000534295602006005
ENSG00000257786	RP11-272K23.4	chr12	80907078	80907244	0.137466702921004	0.000534314543243277
ENSG00000184029	DSCR4	chr21	39287954	39287982	0.116555454276633	0.000537044202520369
ENSG00000239539	HMG1N1P20	chr10	19777920	19778008	0.119320494447594	0.000538706183232841
ENSG00000222985	RNU2-14P	chr14	65623577	65623617	0.127805734304046	0.000539162560718046
ENSG00000260938	RP4-593C16.3	chr1	178455812	178455846	0.114971478351429	0.000539983998231264
ENSG00000268433	RP11-420K14.2	chr19	21860793	21861015	0.12150365835093	0.000540647254630255
ENSG00000243232	PCDHAC2	chr5	140346470	140346906	0.147193385735562	0.000541539020508116
ENSG00000070886	EPHA8	chr1	22889596	22890289	0.119127286666445	0.000543904921909126
ENSG00000130517	PGPEP1	chr19	18455447	18455481	0.145397183322164	0.000557342745823627
ENSG00000261623	RP11-189E14.4	chr16	49498899	49499259	0.108942946070008	0.000563847545656033
ENSG00000105419	MEIS3	chr19	47910108	47910190	0.137787257566583	0.000566800143089184
ENSG00000171476	HOPX	chr4	57522149	57522702	0.143885607583295	0.000572917138133169
ENSG00000251883	RNU6ATAC17P	chr20	25565460	25565532	0.116766667225094	0.000581931044092423
ENSG00000106436	MYL10	chr7	101257561	101257603	0.135037787200409	0.000587037549108006
ENSG00000224116	INHBA-AS1	chr7	41739715	41739730	0.133674907771808	0.000588487886094321
ENSG00000259864	RP11-370P15.1	chr16	63651200	63651662	0.189233740115963	0.000596484218790159
ENSG00000187513	GJA4	chr1	35258502	35258790	0.133991331067659	0.000602283239482563
ENSG00000215023	AC114730.5	chr2	242742868	242743476	0.15314417292914	0.000602919298391979
ENSG00000213935	AC092610.12	chr7	4901649	4901752	0.108298212925787	0.000603814523911286
ENSG00000091622	PITPNM3	chr17	6358415	6358517	0.141158902802396	0.000604102389828406
ENSG00000176273	SLC35G1	chr10	95676902	95676972	0.172513156772777	0.000607629559146846
ENSG00000233672	RNASEH2B-AS1	chr13	51467022	51467037	0.102961360452084	0.000607938913583397
ENSG00000228829	AC005077.5	chr7	75779629	75779986	0.111357530186768	0.00061233120218942

ENSG00000100324	TAB1	chr22	39784796	39784982	0.143411763618718	0.00061567930879534
ENSG00000105750	ZNF85	chr19	21106002	21106069	0.131033704230654	0.000617156966899388
ENSG00000090920	FCGBP	chr19	40360936	40360981	0.128193854297745	0.00061835724990945
ENSG00000244203	FOXP1-AS1	chr3	71276334	71276431	0.128165260404484	0.000620785996457785
ENSG00000262052	RP11-763E3.1	chr17	53922741	53922884	0.1342700457113	0.000622264373822427
ENSG00000139797	RNF113B	chr13	98824327	98824427	0.125609598271785	0.000622548611471131
ENSG00000121964	GTDC1	chr2	144695287	144695311	0.14856844246905	0.00062325655538313
ENSG00000110987	BCL7A	chr12	122467157	122467188	0.114494147391446	0.000623814066047762
ENSG00000013297	CLDN11	chr3	170137099	170137147	0.102314606175527	0.00062727060473064
ENSG00000142279	WTIP	chr19	34972109	34972525	0.102174062640609	0.000628490810576203
ENSG00000255989	RP11-711M9.1	chr2	74213690	74213765	0.168386771838225	0.000628596397310038
ENSG00000228452	RP5-994D16.9	chr1	43250680	43250871	0.11440397300571	0.000630769013413724
ENSG00000234658	AC013429.4	chr7	138348747	138348846	0.145956901515248	0.000637486441996279
ENSG00000243020	RPL7P39	chr12	65219632	65219720	0.111680765654324	0.00063766875734339
ENSG00000255162	RP11-358N4.3	chr11	89520090	89520512	0.136363319595189	0.000638960386737779
ENSG00000182732	RGS6	chr14	72399809	72399846	0.130759484201777	0.000639906511992425
ENSG00000070882	OSBPL3	chr7	24797839	24797879	0.13481649041394	0.000648303846617891
ENSG00000207986	AC136932.1	chr16	33962569	33962922	0.126458863303045	0.000654985566969728
ENSG00000252405	snoMe28S-Am2634	chr16	7364246	7364333	0.111350580672833	0.000662498650652713
ENSG00000249693	THEGL	chr4	57396438	57396926	0.105555056490309	0.000671622548753526
ENSG00000206583	RNU6-1292P	chr11	85195163	85195256	0.133931303885955	0.000678191672053099
ENSG00000157110	RBPMS	chr8	30244523	30244569	0.149061435568038	0.000683766130391402
ENSG00000228053	RP11-151F5.2	chr9	112810400	112810643	0.121530290125749	0.000686490712676524
ENSG00000158220	ESYT3	chr3	138154356	138154438	0.11225236396449	0.000688737016576529
ENSG00000104848	KCNA7	chr19	49575323	49575927	0.122194435859281	0.000690466097852101
ENSG00000078403	MLLT10	chr10	21824272	21824409	0.147898862152643	0.000694921065433937
ENSG00000056558	TRAF1	chr9	123656751	123657246	0.208822570976392	0.000701228017977375
ENSG00000151079	KCNA6	chr12	4918274	4918393	0.189466130399813	0.000715728196793046
ENSG00000048052	HDAC9	chr7	18126791	18126832	0.1207176056934	0.000716318239014897
ENSG00000117971	CHRNA4	chr15	78913551	78913604	0.13360210694537	0.000724907713293945
ENSG00000130177	CDC16	chr13	114965427	114965826	0.110220743215726	0.000728144609344328
ENSG00000143340	FAM163A	chr1	179712232	179712749	0.142374349257279	0.000729420634393688
ENSG00000196369	SRGAP2B	chr1	143913506	143913552	0.124360684069212	0.000734676867979773
ENSG00000146856	AGBL3	chr7	134576255	134576439	0.114361068185241	0.000734762941418605
ENSG00000184384	MAML2	chr11	95779383	95779454	0.11946013111193	0.000735441953028001
ENSG00000124831	LRRFIP1	chr2	238535866	238536839	0.128648634470801	0.000735873513788528
ENSG00000235974	VN2R19P	chr19	58521367	58521433	0.186880827490511	0.00073923824675679
ENSG00000228010	AC073343.13	chr7	6703520	6704061	0.188492369236281	0.00074098919280306
ENSG00000241313	WWTR1-AS1	chr3	149374710	149374980	0.157226897747772	0.00074386221671422
ENSG00000256739	RP11-45F15.1	chr11	72044843	72044893	0.129311246449483	0.000747153839570313
ENSG00000076513	ANKRD13A	chr12	110449175	110449223	0.100600546627984	0.000748977653349842
ENSG00000225521	AC005237.4	chr2	241976556	241976626	0.183200813489477	0.000760426322935543
ENSG00000188525	AC010969.1	chr2	10146381	10146870	0.142908200055044	0.00076495589517693
ENSG00000269964	MEI4	chr6	78360149	78360386	0.127591454305505	0.000765594154908548
ENSG00000231458	RNASEH1P2	chr17	16586749	16586900	0.142839286577415	0.000772081524981144
ENSG00000223741	PSMD4P1	chr21	37914873	37915137	0.10295760439058	0.000773004623651767
ENSG00000256577	RP11-283I3.2	chr12	312592	312838	0.176506866986707	0.000779716552043863
ENSG00000249710	RP11-588P8.1	chr4	101111105	101111716	0.146367433990088	0.0007800014376599
ENSG00000272157	CTD-2168K21.2	chr8	24814126	24814294	0.190569081650475	0.00078685976922832
ENSG00000230452	AC012457.2	chr2	25427104	25427372	0.112797116160857	0.000793805385376905
ENSG00000237380	HOXD-AS2	chr2	176986264	176986295	0.154394815092563	0.000794219139339004
ENSG00000105559	PLEKHA4	chr19	49340508	49340521	0.145354852370416	0.000800933243877745
ENSG00000171033	PKIA	chr8	79428387	79428804	0.123055142942281	0.0008049940093057185
ENSG00000130433	CACNG6	chr19	54495255	54495297	0.102065950368625	0.000806710799379669
ENSG00000229162	RP11-84D1.1	chr1	25258390	25258568	0.103607479680261	0.000808325306438567
ENSG00000163947	ARHGEF3	chr3	56789050	56789163	0.121120279419388	0.000808667728337419
ENSG00000119559	C19orf25	chr19	1466638	1466697	0.130207508387979	0.000810559850340735
ENSG00000169760	NLGN1	chr3	173115941	173115981	0.101463800523362	0.000811968584040554
ENSG00000228869	COX411P2	chr13	46190028	46190098	0.122401943000105	0.000814441495784959
ENSG00000261047	AC137527.2	chr16	51279056	51279068	0.111311306418395	0.000820455430028664
ENSG00000138356	AOX1	chr2	201450506	201450610	0.134988739120612	0.000822604121478757
ENSG00000178229	ZNF543	chr19	57831754	57831858	0.160116326061695	0.000826990179390893
ENSG00000131389	SLC6A6	chr3	14466379	14466438	0.137044585713884	0.000830039810001661
ENSG00000186715	MST1L	chr1	17084996	17085027	0.112465870237794	0.000833693763599896
ENSG00000267353	CTD-2162K18.3	chr19	37266714	37266817	0.110465613209399	0.000840159009394284
ENSG00000127528	KLF2	chr19	16437958	16437998	0.107752669636004	0.000844284494617661
ENSG00000184344	GDF3	chr12	7848074	7848139	0.101675317603228	0.000845522444570056
ENSG00000036828	CASR	chr3	121902482	121902510	0.141268621223361	0.000848757576332971
ENSG00000215875	ST13P20	chr1	82266003	82266082	0.105153837444759	0.000849188546768799

ENSG00000185962	LCE3A	chr1	152595842	152596079	0.100704798049148	0.000855527460781867
ENSG00000228376	RP11-520B13.4	chr9	99838858	99838978	0.138783533341362	0.000857809191635922
ENSG00000121075	TBX4	chr17	59529051	59529651	0.204467544003083	0.000866870147587649
ENSG00000127419	TMEM175	chr4	930466	930481	0.114098745290784	0.000871028953470199
ENSG00000137642	SORL1	chr11	121335316	121335331	0.108709079091006	0.000872514277305626
ENSG00000204850	AC011484.1	chr19	46996840	46996868	0.11203545295286	0.000873787002127372
ENSG00000143412	ANXA9	chr1	150951737	150951787	0.101783518839618	0.000874502550923848
ENSG00000263426	RN7SL471P	chr6	28945471	28945565	0.145550307551594	0.000874998433143804
ENSG00000175879	HOXD8	chr2	176993046	176993089	0.101000325339714	0.000876367627511315
ENSG00000232520	AC012507.3	chr2	231742761	231742792	0.136833053066226	0.000877443492339681
ENSG00000111962	UST	chr6	149069666	149069774	0.104845133117676	0.000878837862463167
ENSG00000189316	RP11-797H7.5	chr7	64349982	64350150	0.100744325349071	0.000882580817560967
ENSG00000170837	GPR27	chr3	71803019	71803248	0.111462836769119	0.000882797333254723
ENSG00000261546	CTD-2555A7.3	chr16	89189467	89189471	0.10059791746888	0.000885589514787589
ENSG00000250090	RP13-401N8.3	chr20	25848142	25848222	0.119126279690359	0.000890906122450157
ENSG00000228692	RP5-826L7.1	chr6	164051549	164051696	0.125455572652735	0.000892124597206467
ENSG00000265764	AL662890.3	chr6	28762530	28762552	0.106682749438227	0.000902886430829237
ENSG00000128011	LRFN1	chr19	39798566	39798737	0.160716779803709	0.000915688135647508
ENSG00000180447	GAS1	chr9	89517724	89517863	0.148483266663903	0.000918330006459345
ENSG00000189120	SP6	chr17	45924730	45925019	0.128096585158643	0.000919000950500879
ENSG00000149201	CCDC81	chr11	86085694	86086005	0.112301516157228	0.00092144227093689
ENSG00000236834	LINC00421	chr13	19918725	19919220	0.117316253281405	0.000924909951795234
ENSG00000268925	AL161645.2	chr10	135342485	135342540	0.238121985223651	0.000925904975110463
ENSG00000231817	RP11-189B4.6	chr13	47012103	47012437	0.112684518443194	0.000927463269836052
ENSG00000136866	ZFP37	chr9	115821943	115822326	0.171248967503558	0.000934253343114517
ENSG00000234299	CDK2AP2P1	chr9	45356721	45357394	0.139245191670044	0.00093782607514794
ENSG00000197619	ZNF615	chr19	52489708	52489726	0.10069118539634	0.00093884086581622
ENSG00000242600	MBL1P	chr10	81664453	81664633	0.103800377194585	0.00094257721596114
ENSG00000236325	AC005300.5	chr22	17680545	17680575	0.152154697485611	0.000943245375176848
ENSG00000214253	FIS1	chr7	100881098	100881131	0.198970458612228	0.000946584579968171
ENSG00000172985	SH3RF3	chr2	109746231	109746449	0.104721690826274	0.000946635776509582
ENSG00000272154	AC005754.7	chr5	140479979	140480050	0.140889202159315	0.000959142300348041
ENSG00000250835	LSM3P4	chr4	143323988	143324037	0.123151222078433	0.000961319431601017
ENSG00000202308	RNU6-996P	chr9	110398396	110398439	0.11134013995737	0.000962973806088922
ENSG00000181449	SOX2	chr3	181430112	181430317	0.130728790295602	0.000967200270452735
ENSG00000271788	CTD-2201E18.5	chr5	42995587	42995637	0.135757808990174	0.000980719250912472
ENSG00000260835	RP11-468I15.1	chr16	6623660	6623884	0.165051824724482	0.000984777293041355
ENSG00000132205	EMILIN2	chr18	2848328	2848404	0.104085562838505	0.000989127099155858
ENSG00000238099	RP11-12A2.3	chr6	139861060	139861093	0.144535217782753	0.000989369932411717
ENSG00000158560	DYNC111	chr7	95402717	95402788	0.142992857091036	0.000995720889818133
ENSG00000105877	DNAH11	chr7	21582468	21583081	0.161139319045551	0.000998570580473112
ENSG0000016082	ISL1	chr5	50678785	50678946	0.121449450767007	0.00100141956945872
ENSG00000265324	AC005020.1	chr7	99177576	99177609	0.107196892972697	0.00100543652704338
ENSG00000254363	CTB-131B5.5	chr5	139525946	139526218	0.109043169191138	0.00100809696921325
ENSG00000197503	LINC00477	chr12	24717162	24717206	0.143416478146007	0.00101248041841757
ENSG00000265391	AC112504.1	chr3	141516139	141516242	0.170283367380195	0.00101425294918723
ENSG00000156885	COX6A2	chr16	31439307	31439681	0.110987610464881	0.00102986441025001
ENSG00000269751	CTC-273B12.8	chr19	48983525	48983678	0.234603596908679	0.0010338994374848
ENSG00000166848	TERF2IP	chr16	75685258	75685308	0.22814968035369	0.00104274382997498
ENSG00000224186	C5orf66	chr5	134367354	134367429	0.123770358714571	0.00104347641711569
ENSG00000132130	LHX1	chr17	35294108	35294247	0.116749514819712	0.0010449543748376
ENSG00000222012	AC005481.5	chr7	157406448	157406646	0.175584522451297	0.001046877100916
ENSG00000253988	RP11-489O18.1	chr8	139095130	139095220	0.177101856653871	0.00104760421428853
ENSG00000125845	BMP2	chr20	6750677	6750932	0.19686657453913	0.00104762581631072
ENSG00000101210	EEF1A2	chr20	62120451	62120605	0.126690575730761	0.00104918392448134
ENSG00000144712	CAND2	chr3	12838060	12838210	0.108651081267609	0.00105088285571043
ENSG00000179564	LSMEM2	chr3	50313139	50313298	0.108470953070414	0.00105933100342492
ENSG00000169194	IL13	chr5	131991765	131992225	0.135741657474356	0.00106164426007143
ENSG00000245857	GS1-24F4.2	chr8	6693247	6693379	0.119734349493472	0.00106223679430862
ENSG00000163060	TEKT4	chr2	95537210	95537252	0.142897897942101	0.00106565024910047
ENSG00000261213	RP11-510C10.4	chr1	75590365	75590483	0.120561321173162	0.00109007628103996
ENSG00000214336	FOXI3	chr2	88751336	88752426	0.130107280249251	0.00111211353011802
ENSG00000256298	RP11-474D1.1	chr12	130527212	130527285	0.17955059410139	0.0011125168353688
ENSG00000104903	LYL1	chr19	13207532	13207673	0.117795649897469	0.00111341983407903
ENSG00000262668	AJ003147.9	chr16	3238093	3238192	0.171885668255412	0.0011257459466546
LRG_246	LRG_246	chr2	176981232	176981409	0.166269540350121	0.0011305282668003
ENSG00000257378	RP11-469H8.8	chr12	50349518	50349549	0.122011248486786	0.00114087289317825
ENSG00000218358	RAET1K	chr6	150311279	150311428	0.101890124840786	0.00114218925732243
ENSG00000175741	RWDD4P2	chr7	39894612	39894854	0.154743411935429	0.00114714111187124

ENSG00000233347	ERP29P1	chr20	50723351	50723401	0.109014785682552	0.00114898012154229
ENSG00000171729	TMEM51	chr1	15482697	15482728	0.127938113064935	0.00115242017767801
ENSG00000182502	ABHD17AP5	chr22	22472360	22472743	0.135319592661815	0.00115737308384803
ENSG00000255627	RP11-547L9.1	chr12	22094553	22094595	0.110858333165596	0.00116606411597756
ENSG00000224945	RP11-82L18.2	chr9	91792663	91793139	0.11038956835014	0.00117149762067134
ENSG00000214359	RPL18P10	chr13	50701147	50701429	0.106585839656101	0.00117417936951265
ENSG00000254006	RP11-1D12.2	chr8	65712404	65712412	0.107707595970336	0.0011785733359898
ENSG0000049449	RCN1	chr11	31835453	31835929	0.100933293655701	0.00118090244877319
ENSG00000162747	FCGR3B	chr1	161591591	161591659	0.206910947238716	0.00121469295974696
ENSG00000184247	AC100791.1	chr17	77924278	77924422	0.103550851345418	0.00121598777464951
ENSG00000154734	ADAMTS1	chr21	28217670	28217743	0.167992100760407	0.00121860651079082
ENSG00000267789	CTD-2526M8.3	chr18	54789242	54789321	0.104500391026864	0.00121926641522691
ENSG00000249158	PCDHA11	chr5	140248790	140248881	0.114306941623996	0.00122189287672324
ENSG00000227294	AC016994.2	chr2	107502078	107502107	0.141693958236456	0.00123824469415637
ENSG00000105371	ICAM4	chr19	10398582	10398740	0.107593814328503	0.00124241057149158
ENSG00000257953	RP11-620J15.1	chr12	58246602	58246616	0.174541951416812	0.0012503430400788
ENSG00000152782	PANK1	chr10	91295275	91295905	0.151822875573697	0.00125797751165864
ENSG00000117877	CD3EAP	chr19	45901649	45901679	0.156405464497375	0.00125868246377204
ENSG00000178248	AP000345.1	chr22	23799091	23799133	0.101137071429585	0.00126030445797279
ENSG00000137124	ALDH1B1	chr9	38395556	38395561	0.109841456646207	0.00126062897169187
ENSG00000108479	GALK1	chr17	73749587	73749953	0.177174323376966	0.00129213552641118
ENSG00000256070	RP11-56H16.1	chr12	33591851	33592078	0.114991725495704	0.00129530959959648
ENSG00000203318	AC015815.5	chr17	75033413	75033440	0.118616310776951	0.00129925857026612
ENSG00000120328	PCDHB12	chr5	140590067	140590693	0.103431598158471	0.00130968151616838
ENSG00000111832	RWDD1	chr6	116886155	116886412	0.187013469963215	0.00131549907775797
ENSG00000270718	RP11-421H10.2	chr12	39538799	39538875	0.136104274309675	0.00131570050727424
ENSG00000266192	MIR1260B	chr11	96072700	96072761	0.111791466644443	0.00132222065708042
ENSG00000249403	CTC-281M20.4	chr5	174487013	174487091	0.125464815300264	0.00133782317411785
ENSG00000203378	KRT8P42	chr6	134638706	134638744	0.157552515456482	0.0013437472356503
ENSG00000214560	RPL21P41	chr3	66848540	66848563	0.111406848326437	0.00134925282300601
ENSG00000263013	RP11-876N24.5	chr16	11031529	11031572	0.12425144118545	0.00135094498535111
ENSG00000143494	VASH2	chr1	213124688	213125091	0.109664331752635	0.0013558028533968
ENSG00000205978	NYNRIN	chr14	24872323	24872366	0.107742197548301	0.001357747776106657
ENSG00000107187	LHX3	chr9	139089947	139089954	0.107163633716327	0.00136936910617061
ENSG00000181982	CCDC149	chr4	24802312	24802387	0.154707493797469	0.00136985977226295
ENSG00000235043	TECRP1	chr4	87966301	87966384	0.127181934103964	0.00137801271725604
ENSG00000224127	RP11-510C10.2	chr1	75591317	75591343	0.125086345225312	0.00138151809330827
ENSG00000136574	GATA4	chr8	11534194	11534225	0.169594705763493	0.00138704110646458
ENSG00000188542	DUSP28	chr2	241497813	241497846	0.139124636149677	0.00139397881409395
ENSG00000204967	PCDHA4	chr5	140186793	140186965	0.140796065129062	0.0013963411758597
ENSG00000225460	RP13-93L13.1	chr9	92098971	92099067	0.131454139154191	0.00140812759683168
ENSG00000175040	CHST2	chr3	142838082	142838238	0.118789599663109	0.00141108493268766
ENSG00000169876	MUC17	chr7	100661991	100662031	0.173331728002134	0.00141419752704604
ENSG00000248485	PCP4L1	chr1	161228478	161228597	0.126049852410961	0.00141555906015544
ENSG00000265374	RP11-57J16.1	chr18	24765880	24765893	0.140115642503854	0.00141607764979218
ENSG00000132622	HSPA12B	chr20	3713121	3713514	0.108596466737311	0.00141633062051054
ENSG00000198327	HIST1H4F	chr6	26240505	26240543	0.183211061720222	0.00141883023189111
ENSG0000034063	UHRF1	chr19	4916532	4916688	0.136214805167225	0.00141986100986165
ENSG00000270902	RP11-338O1.3	chr10	125034818	125034927	0.149115538939049	0.00142832166506247
ENSG00000143368	SF3B4	chr1	149889430	149889453	0.106821322328248	0.00144403238688068
ENSG00000163864	NMNAT3	chr3	139258408	139258754	0.125562455163079	0.00144970038479524
ENSG00000235361	AC016292.1	chr17	1083920	1083958	0.117670086393874	0.00145723566099016
ENSG00000099617	EFNA2	chr19	1287709	1287960	0.103965718332232	0.00148605396858961
ENSG00000226886	AC093787.1	chr2	132795557	132795759	0.159983701266433	0.00148654390549388
ENSG00000218208	RP11-367G18.2	chr6	113886304	113886345	0.107045060480997	0.00149306054218191
ENSG00000196549	MME	chr3	154797399	154797779	0.112372576497988	0.00149308101340881
ENSG00000167981	ZNF597	chr16	3481920	3482164	0.114625231986739	0.00149394078243073
ENSG00000136840	ST6GALNAC4	chr9	130674720	130674833	0.10608911428297	0.00151947470863113
ENSG00000130813	C19orf66	chr19	10197727	10197854	0.120271137663247	0.00152653053619008
ENSG00000214263	RPSAP53	chr13	67805624	67805634	0.115477371529777	0.00152994421241659
ENSG00000157823	AP3S2	chr15	90357585	90357695	0.103331133680485	0.00154099726411847
ENSG00000231081	RP4-760C5.3	chr20	25968167	25968188	0.151030988843401	0.00155531028939465
ENSG00000154760	SLFN13	chr17	33760283	33760316	0.155355493084128	0.00155715525990117
ENSG00000268049	CTD-2619J13.9	chr19	58868267	58868430	0.167990100928512	0.00156794922771166
ENSG00000196242	OR2C3	chr1	247694041	247694079	0.104088091905705	0.00156807033255664
ENSG00000250015	CTC-339F2.2	chr5	115697144	115697302	0.207637673728737	0.00157329870899054
ENSG00000141858	SAMD1	chr19	14196410	14196690	0.167289536330037	0.00157569021755391
ENSG00000232377	AC016910.1	chr2	144694405	144694809	0.131614335768764	0.00160725619212635
ENSG00000132821	VSTM2L	chr20	36531497	36532015	0.103823259024421	0.00161347068238092

ENSG00000225554	RP11-527D7.1	chr1	241587099	241587223	0.105074321129876	0.00161763447056491
ENSG00000249936	RAC1P2	chr4	46726392	46726595	0.133232133906423	0.00162483446125192
ENSG00000206636	Y_RNA	chr12	8122800	8122828	0.123398898382098	0.00163230096025582
ENSG00000132274	TRIM22	chr11	5712466	5712475	0.176091234280588	0.0016403212695727
ENSG00000134201	GSTM5	chr1	110254685	110254720	0.102049987999013	0.0016425404882292
ENSG00000006062	MAP3K14	chr17	43339827	43339872	0.160086701332984	0.00164294138985778
ENSG00000254495	AP000487.4	chr11	70211268	70211274	0.111478216302636	0.0016474466023083
ENSG00000105991	HOXA1	chr7	27127942	27128169	0.112544258030912	0.00165234348474232
ENSG00000273267	RP11-338K13.1	chr4	8037173	8037266	0.113295558413177	0.00166150979001227
ENSG00000261692	RP1-168P16.1	chr16	89488858	89488913	0.110569622576423	0.00166265349727458
ENSG00000112238	PRDM13	chr6	100054664	100054977	0.126019704064681	0.00166455425990787
ENSG00000119522	DENND1A	chr9	126135408	126136182	0.133492584862935	0.00166641695388526
ENSG00000100985	MMP9	chr20	44638532	44638575	0.120301889622119	0.00167468832538196
ENSG00000248597	RP11-259O2.2	chr5	1952941	1952975	0.103554040252133	0.00168332875094328
ENSG00000260911	RP11-196G11.2	chr16	31053865	31053977	0.10238449533623	0.00168843888385201
ENSG00000144724	PTPRG	chr3	61550347	61550382	0.177990107283404	0.00169905244025431
ENSG00000174348	PODN	chr1	53527576	53528096	0.136430919483479	0.00170507504973757
ENSG00000249231	CASC16	chr16	52583062	52583084	0.12714777301834	0.001714985199426
ENSG00000252738	RNU6-515P	chr6	45630987	45631385	0.176230142029955	0.00171924023997244
ENSG00000224739	AC016735.1	chr2	43188729	43188768	0.100344764790675	0.00173851851961181
ENSG00000164066	INTU	chr4	128543995	128544542	0.104366159841476	0.00174873700126218
ENSG00000147862	NFIB	chr9	14081508	14081555	0.116576431905818	0.00175427782320798
ENSG00000227508	RP5-894D12.3	chr6	170581261	170581355	0.109306720454539	0.00176394688614533
ENSG00000237594	AP000251.3	chr21	32931060	32931725	0.118010572228608	0.00177695377016139
ENSG00000139865	TTC6	chr14	38071167	38071209	0.153598859040099	0.00178016460824741
ENSG00000267640	CTD-2554C21.2	chr19	38307902	38308175	0.183809944426666	0.00178950529746461
ENSG00000231799	RP13-93L13.2	chr9	92023875	92023977	0.154892694597056	0.00179322065948489
ENSG00000200434	RNA5-8SP2	chr16	33964023	33964096	0.106582802181929	0.00180303132113511
ENSG00000204377	C1orf134	chr1	16554892	16554941	0.132355267962483	0.00180603298103767
ENSG00000227589	RP5-1092A11.5	chr1	3583308	3583350	0.125269070309311	0.00180632613325945
ENSG00000265028	MIR4792	chr3	24563679	24563701	0.140943709381545	0.00181219414490129
ENSG00000130299	GTPBP3	chr19	17439877	17440203	0.14978036212697	0.00182162356976382
ENSG00000183379	SYNDIG1L	chr14	74892467	74893183	0.140176052038259	0.00182383079383061
ENSG00000259077	RP11-804L24.2	chr14	88281009	88281090	0.134516041875697	0.001832378665782
ENSG00000114405	C3orf14	chr3	62304515	62304818	0.15111356703928	0.00185610135292037
ENSG00000227896	RP11-77P6.2	chr10	88296443	88296489	0.101654149735403	0.00185859274236507
ENSG00000228290	RP11-132M7.3	chr6	85471982	85472016	0.108725393288877	0.00185959695252057
ENSG00000245532	NEAT1	chr11	65185684	65185714	0.112085604331275	0.00187654652879588
ENSG00000237328	RAI1-AS1	chr17	17628656	17628703	0.141538022646274	0.00188173108335218
ENSG00000259813	RP5-1142A6.5	chr16	88766920	88767117	0.103353835154258	0.00188633229250335
ENSG00000137656	BUD13	chr11	116574279	116574335	0.111050066252968	0.00190637421759889
ENSG00000091513	TF	chr3	133464965	133464987	0.126506793920745	0.0019190250037754
ENSG00000225684	FAM225B	chr9	115851881	115852035	0.134371426468952	0.0019205149436651
ENSG00000006377	DLX6	chr7	96633233	96633402	0.163923977161983	0.00193103372585408
ENSG00000263897	MIR4669	chr9	137298689	137298705	0.152161837321571	0.00193795297160892
ENSG00000257438	RP11-114F10.3	chr12	106477622	106477662	0.129710059057535	0.00194100422739678
ENSG00000249056	RP11-326I11.1	chr4	185456222	185456230	0.115980880831447	0.00194430267830039
ENSG00000259805	RP11-382A20.5	chr15	83620951	83621539	0.10234115283463	0.00195396680743164
ENSG00000108389	MTMR4	chr17	56565434	56565590	0.111111009128817	0.00198133083273256
ENSG00000248383	PCDHAC1	chr5	140306308	140306458	0.173842823597694	0.00199536042328412
ENSG00000157510	AFAP1L1	chr5	148650921	148650977	0.114908292517163	0.00203308915623929
ENSG00000174891	RSRC1	chr3	157821364	157821585	0.125547783845479	0.00204402488072618
ENSG00000160323	ADAMTS13	chr9	136285704	136285720	0.101189273954392	0.002065642855944
ENSG00000124216	SNAI1	chr20	48626923	48626952	0.142235384575646	0.00207384670638292
ENSG00000185112	FAM43A	chr3	194408973	194409034	0.219087711033626	0.00209067430052119
ENSG00000156052	GNAQ	chr9	80524371	80524401	0.12615332732535	0.00211693003861748
ENSG00000254221	PCDHGB1	chr5	140729682	140729723	0.124871498760441	0.00212657306627489
ENSG00000251977	RNU6-991P	chr1	8354266	8354340	0.132813915806761	0.00213110173648679
ENSG00000226816	AC005082.12	chr7	23245562	23245624	0.115515122088382	0.00214401662822218
ENSG00000256542	RP13-895J2.3	chr12	132862589	132862748	0.100719346185856	0.00217724778924575
ENSG00000270628	RP11-26F2.2	chr15	23115395	23115452	0.101524784317219	0.00217942235852043
ENSG00000237624	OXCT2P1	chr1	39981412	39981544	0.108101546619466	0.00219886384334559
ENSG00000225472	RP11-120J1.1	chr9	14350894	14350941	0.105399635715455	0.00226718348732025
ENSG000000064218	DMRT3	chr9	976586	977504	0.119362420920699	0.00227743005652745
ENSG00000113196	HAND1	chr5	153857907	153857931	0.1041457703117	0.00229866068661175
ENSG00000113205	PCDHB3	chr5	140480200	140480241	0.112792502556825	0.0023091888363128
ENSG00000241870	CTB-14A14.1	chr5	180487061	180487109	0.102385981770704	0.00233993738151912
ENSG00000243766	HOTTIP	chr7	27253116	27253187	0.126995177158313	0.00234253130824578
ENSG00000250056	LINC01018	chr5	6583765	6583806	0.1047586576381	0.00235425041292301

ENSG00000229323	RP11-175B12.2	chr13	51168619	51168711	0.116849949366168	0.00236685107102468
ENSG00000116396	KCNC4	chr1	110754284	110754752	0.10411068182341	0.00237874877339731
LRG_524	LRG_524	chr8	30890108	30890170	0.11327837208597	0.00241709248118427
ENSG00000239255	RP11-145M9.2	chr3	179169514	179169602	0.101295635100742	0.00241858314109699
ENSG00000260641	RP11-1299A16.3	chr4	99584991	99585010	0.133444907282903	0.00243489225262008
ENSG00000223855	AC147651.3	chr7	555468	555518	0.116853983190659	0.00245543400848953
ENSG00000207933	MIR9-1	chr1	156390057	156390124	0.134618859828037	0.00245848241728443
ENSG00000071575	TRIB2	chr2	12858468	12858616	0.115213741734319	0.00246157664716579
ENSG00000164458	T	chr6	166582188	166582225	0.114169287843073	0.00247288872300158
ENSG00000108839	ALOX12	chr17	6899207	6899689	0.186656017150128	0.0024735400071847
ENSG00000271627	RP11-165D20.1	chr2	91911227	91911370	0.113578837596813	0.00249223410950717
ENSG00000271275	AC007326.9	chr22	18985609	18985699	0.10304991437286	0.00250994566516772
ENSG00000252335	RNU6-62P	chr13	95655071	95655633	0.15647959732629	0.00252214482348335
ENSG00000140254	DUOXA1	chr15	45409221	45409266	0.102661621650308	0.00253343927105842
ENSG00000231054	AC009236.2	chr2	45397741	45397776	0.14231075868353	0.00254347669549252
ENSG00000169340	PDILT	chr16	20360259	20360286	0.143875295235149	0.00254625722910463
ENSG00000181666	HKR1	chr19	37795126	37795142	0.144007031763227	0.00257861326088353
ENSG00000205413	SAMD9	chr7	92672790	92673015	0.162386641350946	0.00258316675971723
ENSG00000238502	snoU13	chr15	102216151	102216174	0.125236848779175	0.00258704354609532
ENSG00000270891	RP11-499P1.1	chr2	231714962	231714995	0.114511708763122	0.002601647386466
ENSG00000079950	STX7	chr6	132723129	132723214	0.149799726406375	0.00262839499167157
ENSG00000201176	RNU6-853P	chr4	169798928	169799702	0.174571052347173	0.00264790728518402
ENSG00000270935	Xbac-BPGBPG24O18.	chr6	27235815	27235922	0.13264514233048	0.00265021176761863
ENSG00000111679	PTPN6	chr12	7060128	7060169	0.102467364086845	0.00266399699222787
ENSG00000221222	AL139139.1	chr1	87617145	87617198	0.132682495020332	0.00267662102244309
ENSG00000109762	SNX25	chr4	186132412	186132426	0.135087591321214	0.00269810780271041
ENSG00000175592	FOSL1	chr11	65661461	65661607	0.133050200794772	0.002700625534171
ENSG00000267473	AC005789.11	chr19	38886845	38886885	0.13820015599991	0.0027171526621191
ENSG00000253919	PRKRIRP7	chr8	79674585	79674802	0.193438620490291	0.00272066528497821
ENSG00000196071	OR2L13	chr1	248100326	248100614	0.1639080317113	0.00272693483680941
ENSG00000231621	AC013264.2	chr2	198063662	198063679	0.150124005928125	0.00275500723534453
ENSG00000143816	WNT9A	chr1	228075694	228075789	0.102926340235989	0.00276125053411278
ENSG00000232783	AC073135.3	chr3	197840575	197840765	0.181348153889686	0.00279784388941351
ENSG00000266887	MIR4535	chr22	49139445	49139501	0.111708066348288	0.0028015782603819
ENSG00000242902	RP11-309L24.2	chr7	128482614	128482673	0.101115650698611	0.00282100382720812
ENSG00000259116	RP11-973N13.4	chr14	64989948	64989990	0.104113185532921	0.00284064030071572
ENSG00000213445	SIPA1	chr11	65408345	65408651	0.109208980069447	0.00287602403295077
ENSG00000259803	SLC22A31	chr16	89267401	89268193	0.130760623639096	0.00292762097593194
ENSG00000124222	STX16	chr20	57224925	57225436	0.189578900048319	0.00293658885867145
ENSG00000114654	EFCC1	chr3	128720338	128720609	0.137068817778514	0.00293778836909657
ENSG00000180818	HOXC10	chr12	54378890	54378908	0.10138599964864	0.00297442383776316
ENSG00000129194	SOX15	chr17	7492801	7492843	0.112175936392457	0.0029853476959535
ENSG00000107623	GDF10	chr10	48439022	48439319	0.144857360120666	0.00300585298216834
ENSG00000173230	GOLGB1	chr3	121379695	121379709	0.105328118982105	0.00301128261255565
ENSG00000134531	EMP1	chr12	13431221	13431373	0.143594182479412	0.00303225307213349
ENSG00000169583	CLIC3	chr9	139889090	139889464	0.167180021966634	0.00309987206412151
ENSG00000250247	SEPHS2P1	chr5	14993138	14993175	0.113314491638493	0.00310316861927333
ENSG00000235939	RP11-123B3.2	chr10	50606683	50606718	0.11259766791655	0.003125543905113
ENSG00000177238	TRIM72	chr16	31225962	31226514	0.10924438711521	0.00313721626408961
ENSG00000226133	RP4-683M8.2	chr1	48450306	48450323	0.100376951973346	0.00314499056266828
ENSG00000176510	OR10AC1P	chr7	143207996	143208214	0.165139402448009	0.00315599921095156
ENSG00000141644	MBD1	chr18	47794261	47794302	0.178500690985051	0.00322611779547724
ENSG00000230646	KLF2P2	chr2	131185198	131185393	0.130989007014908	0.00322794138269297
ENSG00000201788	Y_RNA	chr12	45269027	45269062	0.104510678275651	0.00324105931929398
ENSG00000075234	TTC38	chr22	46659279	46659321	0.129493654954102	0.00329253056555209
ENSG00000139514	SLC7A1	chr13	30077246	30077552	0.167024681112033	0.0033260977494722
ENSG00000186897	C1QL4	chr12	49726661	49726842	0.129933809112919	0.00334164580604142
ENSG00000207071	RNU6-1207P	chr10	45693829	45693842	0.100767399301009	0.00337080481654927
ENSG00000170571	EMB	chr5	49737444	49737492	0.196437890111847	0.00337227164971728
ENSG00000258740	RP11-293M10.1	chr14	75689002	75689085	0.111239230416495	0.00341244656483711
ENSG00000215252	GOLGA8B	chr15	34806982	34807143	0.109219268171077	0.00346992381156651
ENSG00000240484	RP11-386M24.1	chr15	93277172	93277184	0.179943947968276	0.0034735441619632
ENSG00000180660	MAB21L1	chr13	36049859	36050005	0.188295938267949	0.0035250278968769
ENSG00000251772	AL117380.2	chr20	55588935	55588949	0.102567460018856	0.00353219000896091
ENSG00000238851	snoU13	chr21	37618783	37618817	0.156629026688513	0.00353649176671615
ENSG00000232860	SMG7-AS1	chr1	183387624	183387654	0.111224516436948	0.00361265747247927
ENSG00000137478	FCHSD2	chr11	72554159	72554311	0.106491031016961	0.0036560866921854
ENSG00000227184	EPPK1	chr8	144947518	144947796	0.12484536244855	0.00367478864753355
ENSG00000173421	CCDC36	chr3	49236818	49236855	0.124857103987938	0.00370800469503284

ENSG00000266494	MIR4641	chr6	41552517	41552550	0.111204171114799	0.00372682397300276
ENSG00000206579	XKR4	chr8	56015054	56015785	0.12127244445922	0.00375762428924948
ENSG00000247400	DNAJC3-AS1	chr13	96297326	96297376	0.107231324411666	0.00376871752999351
ENSG00000149150	SLC43A1	chr11	57249384	57249421	0.103024593499976	0.00377884326890738
ENSG00000174197	MGA	chr15	41914158	41914392	0.10478156744321	0.00383906833942235
ENSG00000238648	TRNAI6	chr6	27599210	27599262	0.103465158884264	0.00387877484145769
ENSG00000182197	EXT1	chr8	118676019	118676025	0.1209679354349	0.00389780910358266
ENSG00000212916	MAP10	chr1	232941066	232941288	0.143654094396378	0.0039919547291573
ENSG00000271071	RP11-457M11.6	chr6	26614545	26614734	0.1402580038655	0.00403486931779429
ENSG00000256633	RP11-169D4.2	chr11	72295168	72295866	0.115176232265605	0.00418112959098616
ENSG00000214671	RPL6P12	chr4	170075889	170075913	0.118577391693028	0.00418582947681654
ENSG00000250523	RP11-756P10.1	chr4	189541174	189541185	0.134011339933452	0.00418656430524933
ENSG00000184221	OLIG1	chr21	34444301	34444516	0.135839350436961	0.00421765459200873
ENSG00000253096	Y_RNA	chr14	104193902	104194477	0.115594281314838	0.00422840328514874
ENSG00000255143	RP11-805J14.3	chr11	69981472	69981482	0.121013334170195	0.00425338431811455
ENSG00000231916	AC006033.22	chr7	38350923	38351187	0.151756776567954	0.00426086780032163
ENSG00000231373	RP11-466A17.1	chr9	80104468	80104470	0.115634826490948	0.00429199523989569
ENSG00000197358	BNIP3P1	chr14	28733594	28733780	0.113816711391266	0.00432146609361738
ENSG00000112812	PRSS16	chr6	27206022	27206053	0.133517121238381	0.00433899889373522
ENSG00000136698	CFC1	chr2	131356166	131356202	0.116055701740099	0.0043851647544034
ENSG00000162676	GF11	chr1	92946641	92946803	0.195381770464112	0.00444633396656061
ENSG00000259725	CTD-3032H12.1	chr16	54972716	54972983	0.129698939175727	0.00451470180114629
ENSG00000173540	GMPPB	chr3	49756157	49756222	0.100282738932594	0.00451849400333166
ENSG00000238021	ARMC4P1	chr10	27548583	27548601	0.110368937825003	0.00456331300390192
ENSG00000189057	FAM111B	chr11	58869502	58869536	0.105762028740088	0.00464871065551482
ENSG00000266996	TCEB3CL2	chr18	44526876	44527166	0.14875286693283	0.00465236964637974
ENSG00000230104	AC018712.2	chr2	173539465	173539630	0.11209125335503	0.0047612419518887
ENSG00000182022	CHST15	chr10	125853006	125853263	0.113671537435526	0.00477065087033664
ENSG00000188803	SHISA6	chr17	11145118	11145157	0.167576806265661	0.00486225244444664
ENSG00000254667	AP000783.1	chr11	123302218	123302250	0.10778821089884	0.00488563746965803
ENSG00000108179	PPIF	chr10	81003621	81003681	0.130722941835546	0.00490190854577325
ENSG00000238753	snoU13	chr4	55015475	55015921	0.194443130498392	0.00490977529256517
ENSG00000171766	GATM	chr15	45670237	45670386	0.108817470682515	0.00491288493333981
ENSG00000204677	FAM153C	chr5	177433803	177433946	0.26480449349168	0.00496803493474775
ENSG00000166183	ASPG	chr14	104552234	104552477	0.141871281620332	0.00504762724341116
ENSG00000236617	RP11-46H11.12	chr12	133463589	133463627	0.128225589264742	0.00506610762960391
ENSG00000250162	CSNK1A1P3	chr5	98175242	98175424	0.215156008268517	0.00508864506176478
ENSG00000103034	NDRG4	chr16	58496516	58496589	0.131494471212387	0.00516207440139795
ENSG00000231934	RP4-610C12.1	chr20	29551398	29551562	0.110522903440239	0.0051980877081809
ENSG00000248663	LINC00992	chr5	116742836	116742882	0.148018873959577	0.00522733330089789
ENSG00000230393	AC092667.2	chr2	100721725	100721866	0.1380910660038	0.0052304600973247
ENSG00000172238	ATOH1	chr4	94755492	94755556	0.119363253116076	0.00525958512672144
ENSG00000200325	Y_RNA	chr20	29550850	29550865	0.120629572700122	0.00538249934793104
ENSG00000269915	AP006621.9	chr11	726255	726496	0.11645145681053	0.0053992130228003
ENSG00000186564	FOX2	chr1	47910466	47910555	0.121276549678343	0.00542572958750758
ENSG00000237568	RP4-620F22.2	chr1	89738187	89738225	0.1022251994749	0.0055803487549437
ENSG00000202070	RNU6-1175P	chr11	69920003	69920149	0.111695324426234	0.00565008559092083
ENSG00000198860	TSEN15	chr1	184005360	184005419	0.101357603427038	0.00579983848904239
ENSG00000233354	LINC00028	chr20	30073458	30073584	0.129445056742495	0.00583192172561195
ENSG00000234284	ZNF879	chr5	178451057	178451207	0.137048665050178	0.00600703448413955
ENSG00000163285	GABRG1	chr4	46125937	46125947	0.115374640783862	0.00601337760095198
ENSG00000213676	ATF6B	chr6	32064732	32064972	0.108590693693453	0.00602217872976468
ENSG00000144619	CNTN4	chr3	2141461	2141563	0.125695118322399	0.00609656882302185
ENSG00000224189	HOXD-AS1	chr2	177036368	177036375	0.1088223133523	0.00610421412838203
ENSG00000107807	TLX1	chr10	102890957	102891088	0.116316243647654	0.00613569898406486
ENSG00000134463	ECHDC3	chr10	11783816	11783839	0.145073578630309	0.00617222519606201
ENSG00000271696	RP11-548K12.13	chr7	57927783	57927810	0.227192686170534	0.00622601704802734
ENSG00000265774	AC098870.1	chr4	86852566	86852589	0.121571437642356	0.00656366009907635
ENSG00000252822	Y_RNA	chr1	236227319	236227324	0.105738036351504	0.00674622276881974
ENSG00000204314	PRRT1	chr6	32116213	32116232	0.108541278273745	0.00679917555427016
ENSG00000239402	CYP4F62P	chr2	131186478	131186495	0.143849185894318	0.00684654148394552
ENSG00000162714	ZNF496	chr1	247496157	247496190	0.130485171934299	0.00708510642739973
ENSG00000253305	PCDHGB6	chr5	140787629	140787809	0.144202354398868	0.00715296031403688
ENSG00000238086	PPP1R26P1	chr13	48893695	48893903	0.101268696646931	0.00729600188976358
ENSG00000204335	SP5	chr2	171573891	171573903	0.118048980400995	0.00739208322878279
ENSG00000226308	RP4-813D12.3	chr20	55841869	55842032	0.105024634763619	0.00753967355550529
ENSG00000124224	PPP4R1L	chr20	56803354	56803401	0.104831437846164	0.00761443296165825
ENSG00000102802	MEDAG	chr13	31480979	31481100	0.132474532990885	0.0077812971340008
ENSG0000011083	SLC6A7	chr5	149569501	149569560	0.138800508935102	0.00822706920584499

ENSG00000104321	TRPA1	chr8	72917791	72917851	0.119350627859423	0.00884323375251414
ENSG00000139675	HNRNPA1L2	chr13	53173898	53173909	0.120119610851994	0.0088713139284634
ENSG00000250312	ZNF718	chr4	125259	125351	0.103878971986393	0.0091055207447673
ENSG00000212473	RNU1-101P	chr8	70985047	70985100	0.133000888918761	0.00946951199359151

Conventional adenomas versus normal mucosa - Hypomethylated DMRs

ENSEMBL ID	GENE SYMBOL	Chr	Start	End	Median methylation difference (>0.1)	Adjusted median P-value
ENSG00000134571	MYBPC3	chr11	47358942	47359115	-0.566618930660512	5.03202047119509E-57
LRG_386	LRG_386	chr11	47358942	47359115	-0.566618930660512	5.03202047119509E-57
ENSG00000258500	CTD-2062F14.2	chr14	100942997	100943011	-0.570154190850904	1.30408467870204E-55
ENSG00000137745	MMP13	chr11	102826570	102826590	-0.199092017012427	1.28595551414911E-48
ENSG00000231171	LINC01098	chr4	178649880	178649926	-0.189216704155945	3.79500068698474E-45
ENSG00000157554	ERG	chr21	39748739	39748781	-0.482538021783278	8.18937790058621E-45
ENSG0000018280	SLC11A1	chr2	219246894	219246985	-0.354783689085108	2.24255057394913E-41
ENSG00000176533	GNF7	chr19	2511073	2511109	-0.42581283327487	4.16038431330422E-41
ENSG0000009335	UBE3C	chr7	156917719	156917762	-0.299202477360763	4.18207968095664E-41
ENSG00000261293	RP11-276H1.2	chr16	12184181	12184307	-0.327961850503724	9.8953283514111E-40
ENSG00000175604	RP11-276H1.3	chr16	12183888	12183943	-0.320906343308712	5.75371506040213E-39
ENSG00000266799	AP003356.1	chr8	103750725	103750805	-0.24408424811376	1.31557314246536E-38
ENSG00000272003	RP11-23P13.7	chr15	42187187	42187219	-0.305247518201211	4.40940807130496E-38
ENSG00000236102	RP4-639J15.1	chr7	156837852	156837871	-0.206396745849444	3.77095157164048E-36
ENSG00000273087	RP11-566J3.4	chr14	101203843	101203980	-0.20582999486964	3.82924938524551E-36
ENSG00000135697	BCMO1	chr16	81254139	81254209	-0.281113852498127	1.32611926517605E-35
ENSG00000246526	RP11-539L10.2	chr4	6691120	6691122	-0.23445910194104	1.40520949875271E-34
ENSG00000260476	RP11-254F7.1	chr2	10156252	10156289	-0.532431400871303	1.53738380026159E-33
ENSG00000189410	SH2D5	chr1	21050584	21050727	-0.297435821901159	2.27774714653763E-32
ENSG00000133398	MED10	chr5	6349430	6349575	-0.413620792755433	3.21291555173295E-32
ENSG00000271043	MTRNR2L2	chr5	79947603	79947649	-0.368290962386703	5.62968374333452E-32
ENSG00000171262	FAM98B	chr15	38670594	38670637	-0.259883689880227	8.0361221157253E-32
ENSG00000166579	NDEL1	chr17	8311651	8311700	-0.211541657073148	1.10575653365014E-31
ENSG00000179431	FJX1	chr11	35651712	35651722	-0.404022078625868	1.65805656146022E-31
ENSG00000260413	RP11-231C14.6	chr16	29322375	29322417	-0.288269885818137	2.98514709893919E-31
ENSG00000229137	RP11-101P17.11	chr13	21864037	21864076	-0.181207570523666	3.12585357904033E-31
ENSG00000223243	AC074323.1	chr10	80517008	80517039	-0.359126941129983	1.14119435595902E-30
ENSG00000251364	CTD-2516F10.2	chr11	7436013	7436032	-0.329548755703363	1.55393973884169E-30
ENSG00000255188	RP11-507F16.1	chr11	129613831	129613910	-0.444887594440298	1.58733052669501E-30
ENSG00000264548	RP13-516M14.2	chr17	80163091	80163141	-0.26526037806559	9.38618088920863E-30
ENSG00000231894	WDR95P	chr13	31620206	31620211	-0.31832497237178	1.54311324251418E-29
ENSG00000251501	RP11-466J24.1	chr4	43539316	43539419	-0.299146424191633	2.97717624236445E-29
ENSG00000258336	RP11-410B16.1	chr12	61976589	61976615	-0.136457047020452	4.32874955741593E-29
ENSG00000239983	RP11-79E3.1	chr4	33969835	33969862	-0.389578789221359	1.17338735093624E-28
ENSG00000247287	RP11-902B17.1	chr14	61822717	61822746	-0.34305460130461	1.48347202927458E-28
ENSG00000126266	FFAR1	chr19	35843323	35843368	-0.179960291374834	2.08290836395338E-28
ENSG00000226968	LINC00423	chr13	33455152	33455187	-0.206400291386619	2.41749519550031E-28
ENSG00000171872	KLF17	chr1	44584492	44584524	-0.332651041082383	2.55473747916905E-28
ENSG00000172717	FAM71D	chr14	67653570	67653587	-0.330380515303993	4.51822241734751E-28
ENSG00000258122	RP11-61A14.1	chr16	66876717	66876741	-0.199515631914583	6.02882948312235E-28
ENSG00000118004	COLEC11	chr2	3646335	3646373	-0.421146569908658	6.83715091171094E-28
ENSG00000256691	RP11-476M19.3	chr12	3563897	3563911	-0.281950177988897	7.22467529916624E-28
ENSG00000168748	CA7	chr16	66876872	66876938	-0.204928401546433	7.35622630459712E-28
ENSG00000260604	RP1-140K8.5	chr6	3900302	3900342	-0.389521720334714	8.83625457477433E-28
ENSG00000184014	DENND5A	chr11	9160866	9160897	-0.362812482856424	1.80933627621556E-27
ENSG00000167941	SOST	chr17	41836131	41836178	-0.161041828660533	2.94909901591432E-27
ENSG00000132589	FLOT2	chr17	27201660	27201692	-0.409932412711388	2.98642750154838E-27
ENSG00000188981	MSANTD1	chr4	3265716	3265763	-0.25672961224777	3.14179944585662E-27
ENSG00000225387	RP11-422P22.1	chr1	18606374	18606414	-0.427336304965722	3.28222949498667E-27
ENSG00000265249	AC025280.1	chr16	84885217	84885285	-0.519028125009433	3.57650145168925E-27
ENSG00000245748	RP11-367J11.2	chr4	7036721	7036759	-0.349799166833986	4.38300958092669E-27
ENSG00000134107	BHLHE40	chr3	5065165	5065211	-0.419714583563471	5.09524129956156E-27
ENSG00000254270	ERHP1	chr7	139229189	139229212	-0.180690397951023	7.15819360347564E-27
ENSG00000163993	S100P	chr4	6695115	6695175	-0.376539940962127	9.07130648359386E-27
ENSG00000036448	MYOM2	chr8	1993975	1993987	-0.247910104517541	1.13247666605691E-26
ENSG00000148362	C9orf142	chr9	139885129	139885179	-0.45802795930044	3.30853700023953E-26
ENSG00000110484	SCGB2A2	chr11	62037634	62037717	-0.406752800065589	5.19522380380727E-26
ENSG00000233321	RP11-482E14.1	chr10	3509614	3509661	-0.372441180503729	6.05557072704307E-26

ENSG00000267685	NTF6B	chr19	49542111	49542169	-0.348342264325013	7.50780830060881E-26
ENSG00000136717	BIN1	chr2	127822478	127822514	-0.291525172501103	7.68014956021267E-26
ENSG00000116251	RPL22	chr1	6206387	6206435	-0.317805361729822	9.64056552258927E-26
ENSG00000179342	GS1-124K5.9	chr7	65970025	65970120	-0.143062798379536	1.08925819728926E-25
ENSG00000215182	MUC5AC	chr11	1146470	1146553	-0.346492341430269	1.21138085304291E-25
ENSG00000267393	RP11-691H4.3	chr18	13375443	13375474	-0.313462553502528	1.49362429825481E-25
ENSG00000182095	TNRC18	chr7	5343660	5343772	-0.3119563981353	1.60747558791546E-25
ENSG00000197253	TPSB2	chr16	1280441	1280471	-0.20544096574035	3.24766740708387E-25
ENSG00000232722	MROH4P	chr8	143648558	143648788	-0.284472361293631	4.4263089302174E-25
ENSG00000141527	CARD14	chr17	78151884	78151932	-0.22162433716154	5.97451308559255E-25
ENSG00000235865	GSN-AS1	chr9	124048281	124048308	-0.361281239098476	6.74939506173231E-25
ENSG00000249631	RP11-281P23.2	chr4	11652332	11652357	-0.391774041688499	8.62825187884617E-25
ENSG00000254442	AP00859.4	chr11	134176776	134176888	-0.186802630045665	8.78104895175266E-25
ENSG00000248725	RP11-218C23.1	chr4	86276255	86276284	-0.265274217180962	9.55516060973626E-25
ENSG00000134827	TCN1	chr11	59634191	59634218	-0.35945870504219	1.12305124797018E-24
ENSG00000124159	MATN4	chr20	43926613	43926705	-0.210374183079083	1.30553312265561E-24
ENSG00000110169	HPX	chr11	6435085	6435089	-0.194210251255705	1.46218478337935E-24
ENSG00000222244	RNA5SP431	chr16	79346441	79346451	-0.414272787303031	1.51859540078096E-24
ENSG00000260198	RP11-441F2.2	chr16	56326897	56326905	-0.470139759795724	2.11854205730241E-24
ENSG00000119899	SLC17A5	chr6	74290608	74290651	-0.302724364102161	2.43156321101255E-24
ENSG00000201616	RNU1-91P	chr11	3071167	3071194	-0.320600891866787	2.48077816017534E-24
ENSG00000216173	AL132819.1	chr14	99829662	99829732	-0.413374392466688	2.57169860767328E-24
ENSG00000110315	RNF141	chr11	10531779	10531782	-0.347367970619091	4.18105904515588E-24
ENSG00000140948	ZCCHC14	chr16	87441388	87441670	-0.465635593342196	4.87582850847862E-24
ENSG00000053254	FOXN3	chr14	89604055	89604062	-0.316908967225064	5.45509925935818E-24
ENSG00000241464	RPL39P38	chr19	18405615	18405641	-0.270415557542448	6.42679131219868E-24
ENSG00000252382	AC108865.1	chr4	187766476	187766514	-0.34903383153206	9.3171287432675E-24
ENSG00000229421	AC133141.1	chr3	25483074	25483097	-0.259832829819534	9.32957514529192E-24
ENSG00000264319	MIR4801	chr4	37241257	37241269	-0.338551723114005	1.44774090376898E-23
ENSG00000152591	DSPP	chr4	88529512	88529516	-0.338193790155713	1.52528275684725E-23
ENSG00000263718	RP11-285E9.6	chr17	75252145	75252179	-0.306161189349414	1.61568148173202E-23
ENSG00000174093	RP11-1407O15.2	chr17	36348733	36348782	-0.283574366974069	1.63434504273123E-23
ENSG00000237412	PRSS56	chr2	233384521	233384546	-0.328279616851684	1.74840584619651E-23
ENSG00000205784	ARRDC5	chr19	4891192	4891265	-0.240285865041289	2.09041195697445E-23
ENSG00000035862	TIMP2	chr17	76849018	76849097	-0.378633488234844	2.22675702847611E-23
ENSG00000008853	RHOBTB2	chr8	22844786	22844827	-0.396249708439092	2.27764263098184E-23
ENSG00000148120	C9orf3	chr9	97486978	97487034	-0.335133520181313	2.69662707294343E-23
ENSG00000264127	SCML2P1	chr18	6928878	6928952	-0.342257467084049	3.22324770474089E-23
ENSG00000263999	RN7SL42P	chr11	58984433	58984443	-0.347418083541888	3.64630265443888E-23
ENSG00000199260	RNU6-874P	chr11	129013344	129013364	-0.395776602599799	4.72041449338691E-23
ENSG00000184647	PRSS55	chr8	10383136	10383156	-0.299479514661594	5.14997489606583E-23
ENSG00000130520	LSM4	chr19	18415903	18415966	-0.275790620099861	7.94510003289398E-23
ENSG00000204054	LINC00963	chr9	132252216	132252231	-0.307279608091984	8.86982370225318E-23
ENSG00000229740	U91324.1	chr2	8422194	8422258	-0.392793163067969	1.45721815423529E-22
ENSG00000140795	MYLK3	chr16	46765408	46765474	-0.405710661974306	1.55773927883105E-22
ENSG00000169085	C8orf46	chr8	67371230	67371252	-0.434419604279464	1.71191676211789E-22
ENSG00000097021	ACOT7	chr1	6333643	6333681	-0.459574943391363	1.88900669214077E-22
ENSG00000242014	RN7SL26P	chr6	33489782	33489795	-0.14039263943484	2.27443273399772E-22
ENSG00000253524	RP11-89M20.2	chr8	35886352	35886411	-0.10999570928481	2.33539317846681E-22
ENSG00000260229	RP11-391L3.5	chr16	81526929	81526976	-0.249908034913555	2.33543885530921E-22
ENSG00000185163	DDX51	chr12	132617418	132617457	-0.306936985880744	2.3615430662099E-22
ENSG00000146966	DENND2A	chr7	140227168	140227210	-0.414337022574806	2.41277703587247E-22
ENSG00000133063	CHIT1	chr1	203192605	203192655	-0.337965202966181	2.43810971792101E-22
ENSG00000173295	FAM86B3P	chr8	8076622	8076636	-0.256638831129928	2.52024405381778E-22
ENSG00000141441	GAREM	chr18	29719659	29719946	-0.487987494885566	2.62950282100139E-22
ENSG00000231635	ATP5BP1	chr2	98852895	98852938	-0.286316900976646	2.69062837130208E-22
ENSG00000233503	HNRNPLP1	chr6	7468756	7468837	-0.442522385734711	2.83915168712399E-22
ENSG00000215030	RPL13P12	chr17	17255889	17255920	-0.286666762537146	2.85435179270628E-22
ENSG00000255197	RP11-750H9.5	chr11	47396051	47396095	-0.256264444015244	3.06992150998139E-22
ENSG00000224535	RP11-61J19.2	chr1	212643467	212643549	-0.414498591979751	3.39556411316802E-22
ENSG00000221536	AC091643.1	chr18	64271465	64271503	-0.333745158696693	3.44333814772912E-22
ENSG00000255014	ARL6IP1P3	chr11	80410526	80410579	-0.556723558549105	3.59497308873268E-22
ENSG00000164251	F2RL1	chr5	76115744	76115810	-0.1093732864505	3.70957408043572E-22
ENSG00000253735	RP11-115J16.3	chr8	9182252	9182308	-0.245848532496448	4.07585023073527E-22
ENSG00000258512	RP11-796G6.2	chr14	102198657	102198689	-0.26432909492715	4.75512128110313E-22
ENSG00000225404	RPL26P34	chr13	25292715	25293077	-0.141532763082267	6.53170989831557E-22
ENSG00000011275	RNF216	chr7	5648111	5648156	-0.275385167530634	6.87497630314657E-22
ENSG00000250986	AC141928.1	chr4	3752308	3752385	-0.290717336085339	6.9893143582765E-22
ENSG00000199299	RNA5SP430	chr16	75964474	75964476	-0.47283699658835	7.81491825450547E-22

ENSG00000172900	AP002387.1	chr11	71010525	71010569	-0.365203795471738	8.12282857543968E-22
ENSG00000262185	RP11-462G12.1	chr16	4000385	4000423	-0.39636593299867	8.43918826577266E-22
ENSG00000205832	C16orf96	chr16	4606507	4606544	-0.268757608629103	9.8612515775416E-22
ENSG00000095587	TLL2	chr10	98129682	98129751	-0.28846366273009	1.03548569499387E-21
ENSG00000183389	OR56A4	chr11	6024266	6024307	-0.22722611072041	1.04111093461824E-21
ENSG00000188517	COL25A1	chr4	109812110	109812138	-0.279531185522316	1.1587514023373E-21
ENSG00000155269	GPR78	chr4	8560973	8561013	-0.347701601053711	1.20279167824525E-21
ENSG00000239470	RP11-16F15.2	chr11	9682630	9682641	-0.402877341598845	1.23745571902838E-21
ENSG00000255091	RP11-495O11.1	chr11	45674200	45674238	-0.269621161099159	1.45600760578832E-21
ENSG00000090382	LYZ	chr12	69725695	69725733	-0.320341494903107	1.4791018878891E-21
ENSG00000266431	MIR5580	chr14	54405352	54405403	-0.410843895997782	1.63685587998772E-21
ENSG00000233644	ARHGEF7-IT1	chr13	111773995	111774170	-0.202282646751197	1.72410937020106E-21
ENSG00000254330	RP11-1D12.1	chr8	65603565	65603587	-0.472558027301387	1.8242461934865E-21
ENSG00000261003	RP1-140C12.2	chr6	170753179	170753224	-0.472679679560143	1.84002156699648E-21
ENSG00000256947	RP11-64D24.2	chr11	114082518	114082594	-0.371758478534035	2.51264341198149E-21
ENSG00000148814	LRRC27	chr10	134115471	134115493	-0.193019577657013	2.52121522023914E-21
ENSG00000100312	ACR	chr22	51176711	51176749	-0.321610983317671	2.66247576945889E-21
ENSG00000141562	NARF	chr17	80415420	80415469	-0.134654992874408	2.69622343440413E-21
ENSG00000265712	RP11-440L16.1	chr18	49223143	49223168	-0.210327100179449	3.05164221520124E-21
ENSG00000260237	RP11-148M9.1	chr16	80061424	80061446	-0.298771644322899	3.38166462909763E-21
ENSG00000250976	RP11-94C24.11	chr17	48649244	48649364	-0.176113160405328	3.46198306587927E-21
ENSG00000253672	RP11-536K17.1	chr8	117457090	117457148	-0.417929340443579	3.65264687928288E-21
ENSG00000260750	RP11-482M8.1	chr16	87551640	87551836	-0.209850379767648	3.78400707253067E-21
ENSG00000151725	CENPU	chr4	185609916	185609972	-0.396992308156421	3.82046623318097E-21
ENSG00000171421	MRPL36	chr5	1794535	1794572	-0.143316723808327	3.92166496957251E-21
ENSG00000266703	MIR4490	chr11	90264861	90264892	-0.341297029640605	4.36207135321493E-21
ENSG00000263559	RP5-1110E20.1	chr17	39010548	39010587	-0.317927269652553	4.52040162645107E-21
ENSG00000263732	AC012564.1	chr8	105703743	105703772	-0.403101172549873	4.82725015277304E-21
ENSG00000204706	MAMDC2-AS1	chr9	72735985	72736022	-0.300541956052014	5.29644194002892E-21
ENSG00000254854	CTD-2523D13.2	chr11	119630128	119630144	-0.265236931149363	5.72056192048849E-21
ENSG00000212054	AL354764.1	chr13	61047882	61048030	-0.339063425344066	5.84927548903603E-21
ENSG00000145782	ATG12	chr5	115154690	115154774	-0.411399959088961	6.01004635022997E-21
ENSG00000222101	AC091705.2	chr7	25608634	25608756	-0.305197258361385	6.28411964780308E-21
ENSG00000255916	RP13-895J2.7	chr12	132908418	132908464	-0.219190294919006	6.58244475342778E-21
ENSG0000025072	OR7E116P	chr9	92990098	92990104	-0.269238104911366	6.69160117256597E-21
ENSG00000108840	HDAC5	chr17	42164354	42164486	-0.390336642468418	6.7553482932567E-21
ENSG00000255775	RP3-454B23.1	chr12	6251662	6251795	-0.165940081846845	8.67225607188664E-21
ENSG00000255414	LINC01059	chr11	123325153	123325175	-0.342264444875526	8.70368301093146E-21
ENSG00000147854	UHRF2	chr9	6411019	6411045	-0.252013705051989	8.88918682107409E-21
ENSG00000212146	RNU6-910P	chr3	196065567	196065601	-0.39473719712938	9.41249489190983E-21
ENSG00000157542	KCNJ6	chr21	38939370	38939404	-0.337775952380318	9.7056159783369E-21
ENSG00000269753	AL589739.1	chr1	2259071	2259170	-0.22355817642898	1.02757144161963E-20
ENSG00000164056	SPRY1	chr4	124261741	124261865	-0.27688078726917	1.04504991365664E-20
ENSG00000213184	RP11-335F8.2	chr11	122887730	122887796	-0.158916257177517	1.06950989141713E-20
ENSG00000160360	GPSM1	chr9	139228623	139228656	-0.297969615706264	1.09498962428287E-20
ENSG00000102908	NFAT5	chr16	69564735	69564749	-0.283884457413878	1.34953386286107E-20
ENSG00000228353	RP11-184A2.2	chr10	3805252	3805361	-0.482355599740206	1.47056159783369E-20
ENSG00000223134	AL122015.1	chr11	33394325	33394346	-0.284950420625562	1.53872906278978E-20
ENSG00000267324	RP11-411B10.5	chr18	14143635	14143718	-0.213731549315552	1.67179350310702E-20
ENSG00000236027	PATE3	chr11	125657651	125657662	-0.280671226230896	1.91321449545293E-20
ENSG00000160883	HK3	chr5	176307796	176307839	-0.157759423895953	2.00034340273066E-20
ENSG00000231702	RP11-54O7.10	chr1	943578	943619	-0.212778450450395	2.03552882036617E-20
ENSG00000178222	RNF212	chr4	1050106	1050172	-0.199923824494231	2.24731703728661E-20
ENSG00000196700	ZNF512B	chr20	62593799	62593819	-0.147157835591398	2.30348047890845E-20
ENSG00000105767	CADM4	chr19	44128238	44128279	-0.423956623790589	2.37887026530529E-20
ENSG00000019485	PRDM11	chr11	45115595	45115630	-0.241650490772887	2.41479217286386E-20
ENSG00000211898	IGHD	chr14	106307491	106307623	-0.292261462609254	2.47185009573121E-20
ENSG00000263630	AP005271.1	chr18	10035538	10035547	-0.426284731852627	2.48245906575002E-20
ENSG00000231852	CYP21A2	chr6	32007063	32007101	-0.222327151047616	2.51206470256481E-20
ENSG00000145321	GC	chr4	72608149	72608187	-0.390189319319365	2.91277086403679E-20
ENSG00000187537	POTEM	chr14	19979467	19979494	-0.124809701414325	2.99583183380533E-20
ENSG00000251491	OR7E28P	chr2	159722673	159722721	-0.194892095309398	3.49140698918563E-20
ENSG00000204187	LINC00619	chr10	44341939	44341982	-0.339200439445127	3.93106432914057E-20
ENSG00000261451	RP11-981G7.1	chr8	10283163	10283247	-0.100585444644762	3.97083332917186E-20
ENSG00000267601	RP11-323N12.5	chr17	76858253	76858302	-0.380027871594798	5.01278824282861E-20
ENSG00000207075	Y_RNA	chr4	37668502	37668528	-0.219161271581174	5.4989186844892E-20
ENSG00000206549	PRSS50	chr3	46755840	46755930	-0.245731141180042	6.31598692546146E-20
ENSG00000212007	AL596329.1	chr13	62274708	62274718	-0.328247219482004	6.48971022583797E-20
ENSG00000199107	MIR409	chr14	101531617	101531806	-0.100662280739081	6.57131471362983E-20

ENSG00000197701	ZNF595	chr4	58618	58650	-0.176082157553573	6.87197267972928E-20
ENSG00000268413	AC003043.1	chr17	42345463	42345498	-0.341847607615747	7.35511862700837E-20
ENSG00000125122	LRRC29	chr16	67241274	67241345	-0.277258827209163	8.03247742162131E-20
ENSG00000269706	CTB-60B18.15	chr19	49553659	49553692	-0.22308386267887	8.32922291320748E-20
ENSG00000254629	RP11-160H12.3	chr11	83502232	83502316	-0.113576615934648	8.59950023795271E-20
ENSG00000231743	RP11-89K18.1	chr10	2992150	2992189	-0.289437972762098	8.94185293717807E-20
ENSG00000165553	NGB	chr14	77730977	77731086	-0.238961262969715	1.02490838301262E-19
ENSG00000185736	ADARB2	chr10	1228318	1228441	-0.327826879899607	1.02982041034889E-19
ENSG00000199773	RNU1-76P	chr5	7983749	7983851	-0.206934966589197	1.04217002961249E-19
ENSG00000118785	SPP1	chr4	88896193	88896208	-0.177263404856011	1.0938910731425E-19
ENSG00000134339	SAA2	chr11	18258323	18258372	-0.247199927688637	1.11972461214407E-19
ENSG00000178522	AMBN	chr4	71457880	71457896	-0.227679283487749	1.13539224137102E-19
ENSG00000152969	JAKMIP1	chr4	6030497	6030503	-0.368114759813593	1.16066673578792E-19
ENSG00000162408	NOL9	chr1	6566480	6566539	-0.184257132389505	1.26824420617518E-19
ENSG00000188765	TMSB4XP2	chr2	3660935	3660961	-0.192323197283753	1.30982660310046E-19
ENSG00000269153	CTD-3193O13.10	chr19	7944930	7944989	-0.44113801830674	1.32778795680756E-19
ENSG00000100678	SLC8A3	chr14	70466122	70466231	-0.431488661531119	1.33593768691543E-19
ENSG00000223764	RP11-54O7.3	chr1	853794	853850	-0.187528010133495	1.36585633790617E-19
ENSG00000085265	FCN1	chr9	137809681	137809689	-0.261193917049569	1.37625569432838E-19
ENSG00000265398	AL139239.1	chr10	99695968	99696076	-0.127062663450782	1.48029878272952E-19
LRG_149	LRG_149	chr1	196778279	196778301	-0.162116860268759	1.5494521000033E-19
ENSG00000170967	DDI1	chr11	103908746	103908787	-0.127632819493156	1.82395165507775E-19
ENSG00000110427	KIAA1549L	chr11	33563524	33563720	-0.248573416858628	2.08834607941104E-19
ENSG00000132297	HHLA1	chr8	133072537	133072566	-0.234363656305465	2.09735356654995E-19
ENSG00000255208	RP11-794P6.3	chr11	111312495	111312505	-0.346483596684598	2.1212859166337E-19
ENSG00000248927	CTD-2334D19.1	chr5	120191833	120191861	-0.259205499179952	2.51569518178519E-19
ENSG00000219619	RP11-126M14.1	chr6	115562100	115562132	-0.15290361308225	2.58091456873922E-19
ENSG00000249064	KRT18P25	chr4	40022875	40022915	-0.208262450287015	2.9061720807244E-19
ENSG00000239038	snoU13	chr16	48720534	48720546	-0.263754195652382	3.20831750976508E-19
ENSG00000258698	RP11-589M4.3	chr14	53256938	53256960	-0.285303122171139	3.2986160751926E-19
ENSG00000223817	CDH23-AS1	chr10	73225741	73225789	-0.328303716742935	3.38206368760536E-19
ENSG00000225960	RP11-360A18.1	chr9	122734622	122734639	-0.380363146400352	3.69839571738558E-19
ENSG00000165496	RPL10L	chr14	47153058	47153069	-0.323156553766208	3.95343371246794E-19
ENSG00000260523	RP11-483P21.3	chr16	83829911	83829916	-0.37007998831793	4.07047597511857E-19
ENSG00000166428	PLD4	chr14	105393167	105393212	-0.321176900994013	4.55239973934821E-19
ENSG00000230960	RP5-1086L22.1	chr6	170560066	170560126	-0.191926680015425	4.5739242330469E-19
ENSG00000226080	RP11-345J13.1	chr2	11245372	11245411	-0.316499384105021	4.58340456074144E-19
ENSG00000110665	C11orf21	chr11	2315326	2315506	-0.205112872011063	4.951835568977E-19
ENSG00000224812	TMEM72-AS1	chr10	45324896	45324930	-0.140301500184852	5.53524262877397E-19
ENSG00000168481	LG13	chr8	22004827	22004842	-0.287224644302611	5.79899164837273E-19
ENSG00000141506	PIK3R5	chr17	8814777	8814856	-0.230212706991591	5.89239517373485E-19
ENSG00000116285	ERRFI1	chr1	8064975	8065021	-0.497171264223901	5.99423143339957E-19
ENSG00000231357	AC006028.11	chr7	2903323	2903400	-0.187373960901735	6.01429332063287E-19
ENSG00000253564	RP11-956J14.2	chr8	74097866	74097948	-0.325731463556793	6.64034861589661E-19
ENSG00000239173	snoU13	chr17	77685585	77685621	-0.343040453945372	6.69455287230003E-19
ENSG00000217776	RP11-156F23.2	chr6	87769970	87770009	-0.148817511393555	7.58099596979352E-19
ENSG00000206724	RNU6-756P	chr8	125259763	125259799	-0.369521628337473	8.373115584469E-19
ENSG00000240820	RN7SL695P	chr18	48638163	48638316	-0.11569896402899	8.58927250867244E-19
ENSG00000226321	AC104809.3	chr2	241858199	241858251	-0.218533038006432	8.63910060048687E-19
ENSG00000130304	SLC27A1	chr19	17583930	17584027	-0.402349656383585	9.48701010796236E-19
ENSG00000248478	RP11-3G20.2	chr8	122755326	122755358	-0.447857003482139	9.96960120198251E-19
ENSG00000196364	PRSS29P	chr16	1315957	1316023	-0.300614002718075	1.06180519541957E-18
ENSG00000152595	MEPE	chr4	88732885	88732954	-0.116430219812266	1.17294181337305E-18
ENSG0000012232	EXTL3	chr8	28458769	28458813	-0.247269093949708	1.1909273317493E-18
ENSG00000268804	RP11-542M13.3	chr16	85981238	85981458	-0.226165945808318	1.2326903081854E-18
ENSG00000181513	ACBD4	chr17	43200068	43200097	-0.282830256567994	1.23465394182989E-18
ENSG00000187922	LCN10	chr9	139632934	139632951	-0.284428616235709	1.23719733406072E-18
ENSG00000204003	LCN6	chr9	139632934	139632951	-0.284428616235709	1.23719733406072E-18
ENSG00000236562	RP11-396M11.1	chr4	66959817	66959824	-0.171778107090726	1.26026993606461E-18
ENSG00000166634	SERP1B12	chr18	61223519	61223564	-0.347930964048286	1.28286181732781E-18
ENSG00000261776	RP11-358L22.2	chr16	78092771	78092800	-0.323632448479909	1.34496540265989E-18
ENSG00000256980	KHDC1L	chr6	73935080	73935125	-0.268951510958722	1.37182657949081E-18
ENSG00000169877	AHSP	chr16	31538946	31538966	-0.152369181254585	1.3742925650589E-18
ENSG00000075884	ARHGAP15	chr2	143846446	143846496	-0.119609042621861	1.3828146271207E-18
ENSG00000213221	DNLZ	chr9	139252231	139252293	-0.306258388123365	1.45122556778942E-18
ENSG00000138696	BMP1B	chr4	95818408	95818515	-0.432874383514088	1.5989625066154E-18
ENSG00000264589	MAPT-AS1	chr17	43912576	43912608	-0.260217071490854	1.77639609683295E-18
ENSG00000214259	RP11-568J23.1	chr16	85849489	85849537	-0.122064176334404	1.99802785274922E-18
ENSG00000050555	LAMC3	chr9	133888826	133888871	-0.232445732333715	2.00815720155993E-18

ENSG00000242320	RPL21P126	chr18	53260811	53260821	-0.358687822820177	2.24323415938798E-18
ENSG00000250316	RP11-618M23.1	chr8	19026764	19026804	-0.233748326092152	2.26785147686169E-18
ENSG00000251129	RP11-734I18.1	chr4	32004189	32004212	-0.342753428213277	2.48203457215728E-18
ENSG00000205883	DEFB135	chr8	11839764	11839844	-0.414388151847136	2.51597937588892E-18
ENSG00000205682	RP11-798L4.1	chr4	62253214	62253220	-0.354643871183658	2.56327242798936E-18
ENSG00000213091	PHBP1	chr6	150363993	150364029	-0.286943225758971	2.68321263015331E-18
ENSG00000249678	RP11-619J20.1	chr4	30759285	30759322	-0.306502075416172	2.73185507156488E-18
ENSG00000205464	ATP6AP1L	chr5	81692856	81692903	-0.291337765793762	2.77982426154814E-18
ENSG00000064201	TSPAN32	chr11	2323236	2323247	-0.184261686550685	2.84941021697093E-18
ENSG00000116649	SRM	chr1	11107082	11107122	-0.144357823435051	2.8945602127687E-18
ENSG00000243312	RP11-397E7.1	chr4	87770744	87770779	-0.217383066143974	2.89742739776054E-18
ENSG00000234711	TUBB8P11	chr1	808909	808946	-0.176527597462542	2.96395926707938E-18
ENSG00000248332	RP11-236J17.5	chr11	8081447	8081516	-0.244622719926399	3.11115333531651E-18
ENSG00000258842	RP11-355I22.5	chr14	62522818	62522891	-0.124300951826093	3.18507979272903E-18
ENSG00000259473	RP11-96C21.1	chr15	70767132	70767242	-0.400252492736458	3.31296040132601E-18
ENSG00000184350	MGRPRE	chr11	3250676	3250690	-0.279799502903113	3.34083713669537E-18
ENSG00000115750	TAF1B	chr2	9960899	9960913	-0.258237880398374	3.35235263958988E-18
ENSG00000169436	COL22A1	chr8	139594890	139594910	-0.343658943311239	3.53530915990778E-18
ENSG00000203740	METTL11B	chr1	170115258	170115302	-0.385906673856314	3.55626874587401E-18
ENSG00000222391	AL137118.1	chr13	49323968	49323974	-0.273390830712457	4.03037720779069E-18
ENSG00000198384	TPTE2P3	chr13	53061834	53061850	-0.336094321407862	4.0330376948597E-18
ENSG00000244471	RP11-78J21.4	chr13	53061834	53061850	-0.336094321407862	4.0330376948597E-18
ENSG00000076641	PAG1	chr8	81831084	81831107	-0.350118767514087	4.34564288091852E-18
ENSG00000233778	RP11-777J24.1	chr8	93150727	93150831	-0.322064546992191	4.4740906007544E-18
ENSG00000189052	CGB5	chr19	49547223	49547272	-0.223739617715319	5.04881039437946E-18
ENSG00000179813	FAM216B	chr13	43336400	43336440	-0.357112550563606	5.30854390648804E-18
ENSG00000230989	HSBP1	chr16	83869943	83869979	-0.241318230565282	5.51202784914361E-18
ENSG00000230479	AP000695.6	chr21	37802314	37802362	-0.189421021965192	5.67277690885904E-18
ENSG00000183908	LRRC55	chr11	56949288	56949303	-0.256696188592458	5.71093009108689E-18
ENSG00000233021	RP11-490E15.2	chr10	518220	518301	-0.366243296827571	5.94395049610187E-18
ENSG00000262983	AF001550.7	chr16	21199927	21199962	-0.128116072380855	5.96961704900901E-18
ENSG00000157778	PSMG3	chr7	1607313	1607353	-0.312178565288442	6.03727180995178E-18
ENSG00000188827	SLX4	chr16	3617165	3617233	-0.257192047895578	6.7335916615233E-18
ENSG00000261938	RP11-461A8.1	chr16	3617165	3617233	-0.257192047895578	6.7335916615233E-18
LRG_503	LRG_503	chr16	3617165	3617233	-0.257192047895578	6.7335916615233E-18
ENSG00000216179	MIR541	chr14	101530833	101530856	-0.159491018539085	7.15548483269355E-18
ENSG00000267614	AC138472.6	chr19	45033539	45033577	-0.280003885405473	7.20002703729805E-18
ENSG00000261227	AC140912.1	chr16	73265842	73265971	-0.120792286195998	7.2107575742526E-18
ENSG00000160185	UBASH3A	chr21	43816181	43816197	-0.32464692722122	7.38703721175755E-18
ENSG00000267918	AL117190.2	chr14	101296109	101296112	-0.304338687469333	7.56668057608794E-18
ENSG00000254879	AC103828.1	chr11	48040750	48040772	-0.28558912253874	8.37917581049008E-18
ENSG00000259571	BLID	chr11	121986974	121987014	-0.256718371011201	1.01785017731066E-17
ENSG00000230710	LINC00332	chr13	40762431	40762567	-0.307106314261577	1.03119684426388E-17
LRG_289	LRG_289	chr3	38648255	38648292	-0.137041326877886	1.03885957174627E-17
ENSG00000258693	RP11-436M15.3	chr14	100463278	100463282	-0.272009600040167	1.14688814648622E-17
ENSG00000199104	MIR346	chr10	88024517	88024598	-0.197914036196188	1.18305242461169E-17
ENSG00000221771	MIR1205	chr8	128972717	128972734	-0.191517278694	1.19851316474559E-17
ENSG00000253302	STAU2-AS1	chr8	74331996	74332029	-0.241016162620544	1.21305172627794E-17
ENSG00000182218	HHIPL1	chr14	100118571	100118744	-0.114754679592772	1.23885816288619E-17
ENSG00000254054	RP11-156K13.3	chr8	17767397	17767399	-0.212224304713431	1.2757876089793E-17
ENSG00000153066	TXNDC11	chr16	11770310	11770361	-0.167205360840972	1.33735204824267E-17
ENSG00000188076	SCGB1C1	chr11	194509	194549	-0.218047589601168	1.37468548086743E-17
ENSG00000110092	CCND1	chr11	69382973	69383003	-0.312010345304903	1.39415426691655E-17
ENSG00000104823	ECH1	chr19	39303442	39303527	-0.275684461325765	1.40177683430218E-17
ENSG00000269694	AC005197.2	chr19	18988880	18988971	-0.366969701075377	1.44880996118347E-17
ENSG00000167157	PRRX2	chr9	132426113	132426198	-0.152047276715373	1.50672050039318E-17
ENSG00000236827	LINC00529	chr8	11084462	11084476	-0.225775442136706	1.53952754642709E-17
ENSG00000142606	MMEL1	chr1	2527463	2527416	-0.222593142990114	1.5801797703591E-17
ENSG00000266837	Z97055.1	chr22	44293723	44293765	-0.195282093364782	1.67870755072655E-17
ENSG00000256699	RP11-669N7.3	chr12	129822122	129822165	-0.426835787106286	1.70452716945265E-17
ENSG00000251321	PCAT4	chr4	80747381	80747387	-0.445122172972437	1.72850417780274E-17
ENSG00000142609	C1orf222	chr1	1858073	1858137	-0.232541570251235	1.73146372466919E-17
ENSG00000260953	RP11-426C22.6	chr16	29273311	29273555	-0.193196469447035	1.80758181440186E-17
ENSG00000259084	RP11-1070N10.6	chr14	96132966	96133016	-0.420886058634105	1.92125028890649E-17
ENSG00000224930	LINC00162	chr21	46424621	46424755	-0.17752195341161	1.96493209719781E-17
ENSG00000175619	OR4B1	chr11	48238468	48238490	-0.270715892230375	1.99588122078339E-17
ENSG00000207574	MIR661	chr8	145024462	145024627	-0.315376270476739	2.10729538523144E-17
ENSG00000207600	MIR598	chr8	10892676	10892787	-0.212344879283168	2.1151692375189E-17
ENSG00000270440	RP11-19H6.1	chr16	5967324	5967368	-0.364900234598599	2.41099972559535E-17

ENSG00000185619	PCGF3	chr4	696518	696565	-0.314026600336239	2.45609231865499E-17
ENSG00000214456	PLIN5	chr19	4523715	4524019	-0.147274355876462	2.53054152929128E-17
ENSG00000232327	RP11-395C17.1	chr4	81309007	81309047	-0.242799775739548	2.63677119992245E-17
ENSG00000253805	RP11-1049H7.2	chr8	1983371	1983377	-0.19871572266817	2.68222482204631E-17
ENSG00000254407	RP11-109E10.2	chr11	123222531	123222566	-0.257381600408763	2.97319724182366E-17
ENSG00000145349	CAMK2D	chr4	114367520	114367529	-0.443321076456986	3.01669539801443E-17
ENSG00000253359	IGHV3-37	chr14	106853093	106853110	-0.185304314612288	3.17263588258204E-17
ENSG00000137727	ARHGAP20	chr11	110436250	110436286	-0.332048572826809	3.19876518507245E-17
ENSG00000258943	RP11-696D21.2	chr14	63757917	63758001	-0.169136073521087	3.50379321985229E-17
ENSG00000264108	RP11-357H3.1	chr18	73650495	73650538	-0.21629874315721	3.82108653842446E-17
ENSG00000158062	UBXN11	chr1	26610916	26610960	-0.17873390752078	3.83332389493898E-17
ENSG00000252144	SNORD112	chr14	101405553	101405649	-0.168621624181158	3.84926363039991E-17
ENSG00000204253	HNRNPCP2	chr2	190787913	190788000	-0.138887544898451	4.08230031100083E-17
ENSG00000227105	PARP1P1	chr13	111574089	111574133	-0.240808137065839	4.18146089581963E-17
ENSG00000253275	RP11-566H8.1	chr8	31348608	31348689	-0.122020461450301	4.22523225991692E-17
ENSG00000248911	RP11-182E14.1	chr8	53883763	53883792	-0.356707690033708	4.54113472564946E-17
ENSG00000170959	DCDC1	chr11	30929118	30929155	-0.163661196889165	4.64870943471844E-17
ENSG00000267713	RP11-1016.2	chr18	48189530	48189538	-0.369353024384049	4.65791768122477E-17
ENSG00000222213	RNU6-588P	chr5	149012102	149012152	-0.210406228624319	4.69521688542546E-17
ENSG00000136928	GABBR2	chr9	101079285	101079307	-0.274975416007287	4.7601460458895E-17
ENSG00000178803	ADORA2A-AS1	chr22	24823640	24823678	-0.219661516595852	4.79810329387543E-17
ENSG00000184274	LINC00315	chr21	46723199	46723228	-0.180508619133895	4.83053108306384E-17
ENSG00000262380	CTB-193M12.3	chr16	15766879	15766942	-0.108608792608911	4.87458129696372E-17
ENSG00000238808	RNU7-102P	chr8	70014267	70014301	-0.308347961001098	4.93883635697199E-17
ENSG00000255545	RP11-627G23.1	chr11	134296102	134296122	-0.237030094022239	5.10160718016057E-17
ENSG00000100626	GALNT16	chr14	69722706	69722726	-0.170675589656734	5.10304619308803E-17
ENSG00000174343	CHRNA9	chr4	40336190	40336217	-0.403908003934147	5.11872311334023E-17
ENSG00000186930	KRTAP6-2	chr21	31971160	31971187	-0.147126274065162	5.25354098585222E-17
ENSG00000237987	RP11-503C24.2	chr6	168616306	168616353	-0.428942447633686	5.36273422518958E-17
ENSG00000167822	OR8J3	chr11	55904782	55904830	-0.322625064455823	6.01820115210307E-17
ENSG00000203880	PCMTD2	chr20	62871852	62871964	-0.16670123034154	6.19911280962422E-17
ENSG00000125734	GPR108	chr19	6713399	6713425	-0.180020158075387	6.26112750105575E-17
ENSG00000242058	RPS4XP19	chr18	9017666	9017748	-0.165689483947818	6.3681321581406E-17
ENSG00000147439	BIN3	chr8	22500401	22500456	-0.194947883201993	6.81277670738541E-17
ENSG00000204960	BLACE	chr7	155133119	155133208	-0.350636916068133	7.29650830617084E-17
ENSG00000151835	SACS	chr13	23898944	23899029	-0.159164736007318	7.35048903638075E-17
ENSG00000165643	SOHLH1	chr9	138585730	138585757	-0.157091277761211	7.83981608432376E-17
ENSG00000232082	RPS6KA2-IT1	chr6	166891625	166891650	-0.311703074456193	7.88120552249108E-17
ENSG00000233405	LINC01046	chr13	21808692	21808708	-0.245016915834237	8.02445612768088E-17
ENSG00000224928	KRT8P30	chr2	219818378	219818421	-0.162929945562619	8.06631246165172E-17
ENSG00000205863	C1QTNF9B	chr13	24475833	24475860	-0.342519329153854	8.19345672777689E-17
ENSG00000214285	NPS	chr10	129379108	129379199	-0.185361466175232	8.58203894754239E-17
ENSG00000251080	RP11-415C15.1	chr4	27102832	27102952	-0.32850961753632	8.80622707534346E-17
ENSG00000140986	RPL3L	chr16	1996900	1997087	-0.107866495719331	8.82222912678765E-17
ENSG00000166862	CACNG2	chr22	37005449	37005485	-0.239831691388054	8.82932278898275E-17
ENSG00000112787	FBRSL1	chr12	133060326	133060376	-0.106446934838611	9.09186290718996E-17
ENSG00000224821	COL4A2-AS2	chr13	111107167	111107175	-0.205343879794848	9.1037415316042E-17
ENSG00000166884	OR4D6	chr11	59224593	59224664	-0.246631071132715	9.11727285816611E-17
ENSG00000196119	OR8A1	chr11	124440111	124440132	-0.326191901389267	9.83091165859816E-17
ENSG00000250770	RP5-1063M23.1	chr12	3414067	3414137	-0.406896824845468	1.00145975271339E-16
ENSG00000233708	RP11-342M1.7	chr1	43352583	43352620	-0.214532051792595	1.0350672195466E-16
ENSG00000264357	MIR4648	chr7	2566925	2567055	-0.224228589125666	1.06922610409915E-16
ENSG00000221386	AC002979.1	chr12	111725460	111725550	-0.281763935958374	1.07697931251258E-16
ENSG00000168515	SCGB1D1	chr11	61957732	61957808	-0.214354745750096	1.1165393670157E-16
ENSG00000176490	DIRAS1	chr19	2700837	2700927	-0.330383549289752	1.13876166172314E-16
ENSG00000204876	AC021218.2	chr7	155754630	155754677	-0.371445390219777	1.15283811355925E-16
ENSG00000205495	OR52J3	chr11	5067999	5068031	-0.262145364931654	1.18824615065268E-16
ENSG00000163202	LCE3D	chr1	152552219	152552237	-0.21933533734159	1.20179824237774E-16
ENSG00000073060	SCARB1	chr12	125258928	125258959	-0.219167310604699	1.29903720612333E-16
ENSG00000268470	DNAH17-AS1	chr17	76495054	76495071	-0.352839172942529	1.38107986907833E-16
ENSG00000147601	TERF1	chr8	73918017	73918065	-0.265468317613338	1.38131053000308E-16
ENSG00000233802	TRIM49D2P	chr11	89655056	89655092	-0.286773737222222	1.52072599353067E-16
ENSG00000237940	AC093642.3	chr2	242927445	242927511	-0.252715423909483	1.53257365918693E-16
ENSG00000187498	COL4A1	chr13	110802597	110802645	-0.157798242698914	1.54677748976095E-16
ENSG00000268669	CTB-60B18.17	chr19	49545568	49545590	-0.246181308154135	1.67054707919777E-16
ENSG00000013810	TACC3	chr4	1729770	1729975	-0.120211019534581	1.79505335465206E-16
ENSG00000186827	TNFRSF4	chr1	1146713	1146752	-0.26799476263853	1.86866390300523E-16
ENSG00000225180	AATK-AS1	chr17	79135045	79135079	-0.183242090731391	1.93458375144556E-16
ENSG00000229395	AC013401.1	chr2	193467450	193467485	-0.184676830425341	1.96014990086096E-16

ENSG00000221579	AC093162.1	chr2	85531408	85531470	-0.308254241676262	1.96618263811512E-16
ENSG00000185028	LRRCL14B	chr5	173290	173324	-0.268670471660468	1.98606135671591E-16
ENSG00000269802	CTB-180A7.3	chr19	6333657	6333701	-0.233827692128711	2.05698771159142E-16
ENSG00000265810	MIR3907	chr7	151129207	151129340	-0.147600961750599	2.13778768097805E-16
ENSG00000196526	AFAP1	chr4	7807456	7807532	-0.201719510848709	2.20901416474937E-16
ENSG00000167916	KRT24	chr17	38859927	38859976	-0.161000978352003	2.34898944431162E-16
ENSG00000256041	RP11-959F10.4	chr11	62783543	62783573	-0.22335699874077	2.3524488820147E-16
ENSG00000231870	KRT17P3	chr17	28894914	28895046	-0.307952843261022	2.37731519640663E-16
ENSG00000214313	AZGP1P1	chr7	99577030	99577072	-0.188055999182286	2.48866182098783E-16
ENSG00000221029	AC016194.1	chr8	76576980	76577001	-0.110327024249271	2.68161402084714E-16
ENSG00000074181	NOTCH3	chr19	15300124	15300159	-0.202253702208006	2.84238670067321E-16
ENSG00000249228	RP11-769N22.1	chr4	29048998	29049135	-0.144691409814118	2.93122490365761E-16
ENSG00000178412	RP11-567M16.3	chr18	77404778	77404785	-0.410410182420932	2.95091753858298E-16
ENSG00000175544	CABP4	chr11	67219620	67219921	-0.178559160714509	3.07058050561235E-16
ENSG00000172236	TPSAB1	chr16	1290352	1290355	-0.201058278275252	3.08720706650465E-16
ENSG00000067057	PFKP	chr10	3138406	3138420	-0.268563370355932	3.08903823332975E-16
ENSG00000174599	TRAM1L1	chr4	118034765	118034855	-0.226630528652366	3.10961413384652E-16
ENSG00000256049	PADI6	chr1	17685793	17685825	-0.265100855338988	3.12820827464564E-16
ENSG00000213120	LIN28AP1	chr2	184159976	184160008	-0.357539140144093	3.26415496937146E-16
ENSG00000172460	PRSS30P	chr16	2886352	2886397	-0.12791481400996	3.36375793327984E-16
ENSG00000172938	MRGPRD	chr11	68748425	68748461	-0.178350111222471	3.44978084791782E-16
ENSG00000115526	CHST10	chr2	101008280	101008311	-0.337981584501452	3.59528430532719E-16
ENSG00000161888	SPC24	chr19	11253880	11254011	-0.389267018860419	3.62594441544069E-16
ENSG00000254923	RP11-1236K1.8	chr8	11986659	11986706	-0.275874643957386	3.64944268419724E-16
ENSG00000164821	DEFA4	chr8	6795267	6795282	-0.178309366832625	3.89960859728464E-16
ENSG00000236948	RP11-154H17.1	chr1	5661817	5661987	-0.21249082574452	4.0189124614189E-16
ENSG00000199088	MIR379	chr14	101488532	101488558	-0.202338861119829	4.21432905486209E-16
ENSG00000199350	RNA5SP432	chr16	84075440	84075543	-0.150120406424549	4.503149145148E-16
ENSG00000261693	RP13-467H17.1	chr8	143487707	143487785	-0.105779540815127	4.54318362484806E-16
ENSG00000233085	XXYac-XY65C7_A.3	chr6	169689751	169689799	-0.144671597416092	4.72709176513601E-16
ENSG00000144579	CTDSP1	chr2	219256197	219256232	-0.115663049749046	4.7712028443594E-16
ENSG00000227590	ATP5G1P5	chr13	107335596	107335598	-0.341995123594388	4.83681448458267E-16
ENSG00000251123	RP11-580J4.1	chr4	163905846	163905945	-0.116272542360248	4.95526959324494E-16
ENSG00000166471	TMEM41B	chr11	9289922	9289945	-0.230542628469121	5.03146277064991E-16
ENSG00000164111	ANXA5	chr4	122553907	122553926	-0.246758772926058	5.34410202294608E-16
ENSG00000259067	CTD-3051D23.3	chr14	105368685	105368689	-0.381412069265992	6.02120840297223E-16
ENSG00000164062	APEH	chr3	49695089	49695123	-0.15300164577167	6.04269943373399E-16
ENSG00000231907	GAPDHP37	chr22	41048487	41048528	-0.470310585947522	6.05952311256455E-16
ENSG00000258560	CTD-2376I20.1	chr14	100504750	100504811	-0.147205843631835	6.24263349450402E-16
ENSG00000161542	PRPSAP1	chr17	74300496	74300526	-0.304384982877004	6.29835969966878E-16
ENSG00000187122	SLIT1	chr10	98803066	98803098	-0.131772103261496	6.54097481503349E-16
ENSG00000269891	ARHGAP19-SLIT1	chr10	98803066	98803098	-0.131772103261496	6.54097481503349E-16
ENSG00000167210	LOXHD1	chr18	44098985	44099028	-0.237388880815646	6.98598362942595E-16
ENSG00000268080	AC016885.1	chr8	94238856	94238878	-0.395226280293783	7.32885259194843E-16
ENSG00000245869	RP11-158I9.5	chr11	118758580	118758639	-0.273783516666899	7.57153559293011E-16
ENSG00000063660	GPC1	chr2	241350817	241350840	-0.17503025496737	7.84694478571141E-16
ENSG00000264236	RP11-861L17.2	chr18	66694242	66694251	-0.283517297631388	8.02102052879949E-16
ENSG00000181800	CELF2-AS1	chr10	11379699	11379739	-0.372398192243964	8.12849824352865E-16
ENSG00000186891	TNFRSF18	chr1	1139054	1139080	-0.209545198194779	8.20132552145085E-16
ENSG00000208017	MIR140	chr16	69939039	69939058	-0.325337205434223	8.59954279298142E-16
ENSG00000219669	RP1-20N4.1	chr6	71760957	71760986	-0.232355567151211	8.99864372537285E-16
ENSG00000234519	RP3-495K2.1	chr6	169470773	169470822	-0.327386682009294	9.16987247066E-16
ENSG00000151693	ASAP2	chr2	9352988	9353065	-0.179270954813896	9.26714932619395E-16
ENSG00000109758	HGFAC	chr4	3446283	3446921	-0.180796636216931	9.30694989785145E-16
ENSG00000241103	RP11-398J16.1	chr4	95264019	95264036	-0.286572348559509	9.3531129085753E-16
ENSG00000218227	RP11-889L3.1	chr5	177505579	177505617	-0.412562497558313	9.89274608281241E-16
ENSG00000050767	COL23A1	chr5	177708352	177708399	-0.175666839401277	1.01987406221342E-15
ENSG00000178429	RPS3AP5	chr10	86325309	86325366	-0.149157712050718	1.02168503655213E-15
ENSG00000100321	SYNGR1	chr22	39770408	39770548	-0.351242475965943	1.03107370269162E-15
ENSG00000225870	LINC00368	chr13	111747911	111748124	-0.22220788281004	1.03116297883182E-15
ENSG00000229556	RP11-363G2.4	chr13	23425603	23425657	-0.248430453273682	1.04463455661223E-15
ENSG00000259515	RP11-365N19.2	chr14	103453637	103453655	-0.294113524959302	1.05188776075938E-15
ENSG00000231362	RP11-715I4.1	chr3	13083904	13084006	-0.143167057032395	1.07821822458374E-15
ENSG00000197849	OR8G1	chr11	124120737	124120786	-0.229969753705412	1.0840480113819E-15
ENSG00000075275	CELSR1	chr22	46770445	46770546	-0.14997251290983	1.09347825969506E-15
ENSG00000249650	RP11-310P5.1	chr5	601232	601254	-0.13389599498152	1.13531594331673E-15
ENSG00000077498	TYR	chr11	88910913	88910923	-0.281839891874567	1.15136279653632E-15
ENSG00000148426	PROSER2	chr10	11846847	11846902	-0.125184297608566	1.15325182915018E-15
ENSG00000201867	Y_RNA	chr11	34226441	34226461	-0.345831336838654	1.15614697518474E-15

ENSG00000220557	HMGB1P13	chr6	133225988	133226033	-0.179661187732749	1.24097659561462E-15
ENSG00000246130	RP11-875O11.2	chr8	22921501	22921587	-0.100852967140186	1.29427116013879E-15
ENSG00000251412	AC006296.1	chr4	14361182	14361385	-0.121783051569431	1.30638269029978E-15
ENSG00000216135	MIR885	chr3	10436278	10436325	-0.271544658412749	1.36333639254178E-15
ENSG00000181761	OR8H3	chr11	55889755	55889797	-0.28037701748764	1.37180121515231E-15
ENSG00000213065	RP3-431P23.2	chr6	168168194	168168227	-0.359201528822028	1.39307373346928E-15
ENSG00000125861	GFRA4	chr20	3644224	3644256	-0.150834943725895	1.49355174439905E-15
ENSG00000252196	AL590482.1	chr6	166344277	166344326	-0.200139114041013	1.49931545530362E-15
ENSG00000254871	RP11-702F3.2	chr11	46164902	46164926	-0.13567447375353	1.52650375614589E-15
ENSG00000232325	AC093627.7	chr7	65108	65157	-0.2556215075842	1.55639142525751E-15
ENSG00000252380	SNORD112	chr14	61721650	61721687	-0.25655932012568	1.55780953431027E-15
ENSG00000168484	SFTPC	chr8	22011737	22011824	-0.312616184425657	1.58298796147935E-15
ENSG00000237473	RP11-324C10.1	chr3	172858969	172859076	-0.188828451060754	1.61497342594014E-15
ENSG00000260387	RP11-463O9.6	chr16	86653149	86653260	-0.211395307273095	1.65916017669538E-15
ENSG00000139053	PDE6H	chr12	15114387	15114416	-0.248878530069075	1.66916244596579E-15
ENSG00000253357	CTB-78F1.2	chr5	167219484	167219531	-0.275471056295045	1.68322711416054E-15
ENSG00000172889	EGFL7	chr9	139555042	139555157	-0.242935131119002	1.68468490986691E-15
ENSG00000254689	RP11-354A14.1	chr8	82817376	82817403	-0.147905746093635	1.69177331275576E-15
ENSG00000271746	RP1-202O8.3	chr1	6446207	6446243	-0.315830818792444	1.70977541863852E-15
ENSG00000187811	AP000867.1	chr11	71296115	71296162	-0.172274170893546	1.72015280537602E-15
ENSG00000220517	ASS1P1	chr6	25024361	25024372	-0.107818917305759	1.72380094348819E-15
ENSG00000136709	WDR33	chr2	128458240	128458281	-0.164774793616572	1.7320562410475E-15
ENSG00000187747	OR52B6	chr11	5601776	5601836	-0.221840503146585	1.7648716703182E-15
ENSG00000171431	KRT20	chr17	39041254	39041345	-0.407897108684292	1.76764140164496E-15
ENSG00000252758	RNU6-445P	chr9	77502595	77502722	-0.109767904937922	1.77048965322108E-15
ENSG00000233303	XXYLT1-AS1	chr3	194826390	194826411	-0.340073678870402	1.78262438939993E-15
ENSG00000171954	CYP4F22	chr19	15622685	15622708	-0.303185551043894	1.8016726332714E-15
ENSG00000259138	RP11-950C14.7	chr14	75590821	75590896	-0.201995684353332	1.81668203470048E-15
ENSG00000141577	AZ11	chr17	79155661	79155747	-0.186082145672941	1.83571568471572E-15
ENSG00000257078	RP3-461F17.2	chr12	7146098	7146205	-0.100014297619186	1.8890317943735E-15
ENSG00000264071	RN7SL531P	chr2	4050656	4050845	-0.269537385699674	1.91022527571688E-15
ENSG00000253116	RP11-648L3.2	chr8	58987280	58987320	-0.176994484185339	1.9799888627047E-15
ENSG00000199949	Y_RNA	chr16	86304730	86304762	-0.256879418117487	2.00360756630587E-15
ENSG00000245688	CTB-26E19.1	chr5	177892677	177892736	-0.125746813922436	2.05606689081202E-15
ENSG00000239880	RP11-420J11.1	chr3	180042861	180042878	-0.133475569106075	2.08341875847511E-15
ENSG00000252757	RN7SKP96	chr4	87230737	87230780	-0.295450205626622	2.10555543724969E-15
ENSG00000224517	HTR2A-AS1	chr13	47472138	47472250	-0.109440416253557	2.1980156472079E-15
ENSG00000266268	RP11-172F10.1	chr18	4753041	4753150	-0.221989951700623	2.22834777672203E-15
ENSG00000129292	PHF20L1	chr8	133773093	133773115	-0.172164616937676	2.2523811869345E-15
ENSG00000196979	AL360004.1	chr9	132904504	132904657	-0.195546005493344	2.27774815207102E-15
ENSG00000237099	GYG1P2	chr13	83363711	83363767	-0.10858635091576	2.31843517117343E-15
ENSG00000251270	RP11-231L11.1	chr3	140866569	140866619	-0.320251919471536	2.34295411535343E-15
ENSG00000171811	TTC40	chr10	134617195	134617307	-0.30534855139451	2.42089135750967E-15
ENSG00000183103	LYPD4	chr19	42342215	42342249	-0.316696985472676	2.47035607630248E-15
ENSG00000255458	RP11-539G18.2	chr4	39641752	39641778	-0.27584418778476	2.47391531926341E-15
ENSG00000253000	RNU1-45P	chr4	179086638	179086650	-0.342122030911523	2.58359096651233E-15
ENSG00000139436	GIT2	chr12	110399090	110399167	-0.379832393594351	2.59016628455257E-15
ENSG00000008517	IL32	chr16	3115155	3115158	-0.119736104617412	2.64209447527698E-15
ENSG00000267218	AC005336.5	chr19	16013630	16013656	-0.101023339312833	2.66914611317917E-15
ENSG00000164746	C7orf57	chr7	48068433	48068489	-0.355713373557678	2.7964768829739E-15
ENSG00000205184	SLC10A5P1	chr8	82545688	82545704	-0.316363771998622	2.88499838236508E-15
ENSG00000156011	PSD3	chr8	18396477	18396502	-0.265630323560205	2.9011145717197E-15
ENSG00000258986	TMEM179	chr14	104941987	104942033	-0.260335118186108	3.00621505577347E-15
ENSG00000088387	DOCK9	chr13	99408105	99408109	-0.210805608038866	3.09747083567022E-15
ENSG00000266530	MIR4318	chr18	35150499	35150549	-0.346722554008647	3.37698056735665E-15
ENSG00000251026	RP11-138J23.1	chr5	103302317	103302378	-0.105215915772376	3.71968827791574E-15
ENSG00000135443	KRT85	chr12	52750595	52750682	-0.115671835097173	4.15040415892852E-15
ENSG00000132746	ALDH3B2	chr11	67432604	67432827	-0.150142131044054	4.20071178548344E-15
ENSG00000230219	FAM92A1P2	chr4	183958214	183958229	-0.164581547035172	4.44272716926614E-15
ENSG00000222727	RNU4-64P	chr4	186945268	186945353	-0.105279747993242	4.52707910575179E-15
ENSG00000235377	RP11-388B24.4	chr9	84745801	84745878	-0.107831028618217	4.56023781087268E-15
ENSG00000121570	DPPA4	chr3	109035284	109035305	-0.353718090714794	4.68969689969987E-15
ENSG00000261656	CTD-2258A20.5	chr16	66502633	66502649	-0.203210862620427	4.74132936513744E-15
ENSG00000201967	RN7SKP22	chr19	33353425	33353459	-0.175793920758247	4.74288515295704E-15
ENSG00000119242	CCDC92	chr12	124397868	124397949	-0.28935226116717	4.82248368933377E-15
ENSG00000229433	RP11-329B9.1	chr3	184487730	184487758	-0.323015542695934	5.09016575683929E-15
ENSG00000105737	GRIK5	chr19	42509860	42509893	-0.160190129859728	5.1225568076395E-15
ENSG00000084676	NCOA1	chr2	24713234	24713283	-0.147946405135114	5.13975691534375E-15
ENSG00000147437	GNRH1	chr8	25166304	25166362	-0.341468698500277	5.2161103606958E-15

ENSG00000237353	PATE4	chr11	125706998	125707018	-0.353523069404521	5.25342718828161E-15
ENSG00000238615	snoU13	chr15	25145394	25145422	-0.201492806644617	5.29483624372748E-15
ENSG00000213176	RPL13P6	chr14	103453874	103453908	-0.316884679766105	5.32042598430211E-15
ENSG00000186185	KIF18B	chr17	42992812	42992830	-0.133549273435379	5.33759727681691E-15
ENSG00000183016	IQCA1P1	chr7	150884715	150884749	-0.174800553712365	5.59652488986842E-15
ENSG00000213170	RP11-81B10.2	chr10	128021311	128021380	-0.146693020376883	5.73066401746963E-15
ENSG00000263343	RP11-388M20.7	chr16	31173348	31173449	-0.194339360671693	5.8494553944015E-15
ENSG00000269782	MIR1470	chr19	15547835	15547890	-0.190156669929078	5.85881446394062E-15
ENSG00000227279	AC015933.2	chr18	25570145	25570188	-0.356362503109917	5.96106660580132E-15
ENSG00000273485	RP11-225H22.7	chr10	105210857	105210889	-0.166299410406797	6.07086748949186E-15
ENSG0000044012	GUCA2B	chr1	42619087	42619120	-0.237222191667604	6.27916476678424E-15
ENSG00000215057	PKMP5	chr6	5969228	5969260	-0.205704464143357	6.42044290222527E-15
ENSG00000215203	GRXCR1	chr4	42895323	42895345	-0.144044539775346	6.6573972372055E-15
ENSG00000123106	CCDC91	chr12	28283760	28283772	-0.414158398232456	6.69455247049706E-15
ENSG00000203614	AL512652.1	chr13	21288175	21288210	-0.27621864338326	7.06055068170917E-15
ENSG00000167261	DPEP2	chr16	68017081	68017195	-0.141890268040268	7.09209436070305E-15
ENSG00000134243	SORT1	chr1	109850095	109850142	-0.197219490906674	7.30723280637938E-15
ENSG00000171723	GPHN	chr14	66963578	66963628	-0.182139341695323	7.53935107052379E-15
ENSG00000272646	RP11-188P17.2	chr4	183802013	183802063	-0.38403825077131	7.77937738555307E-15
ENSG00000254202	RP11-120I21.2	chr8	84723748	84723815	-0.269301163539928	7.92631679892181E-15
ENSG00000188888	GPR179	chr17	36487194	36487210	-0.271739458645498	7.9906496592765E-15
ENSG00000176715	ACSF3	chr16	89152868	89152891	-0.162982063142147	8.10373904142858E-15
ENSG00000202001	Y_RNA	chr8	101774135	101774167	-0.281817626577682	8.13057287495906E-15
ENSG00000232001	AC108868.6	chr2	107201930	107202009	-0.126176729241267	8.13217260896615E-15
ENSG00000101280	ANGPT4	chr20	853683	853725	-0.281193669282488	8.56153757611424E-15
ENSG00000212342	SNORA12	chr8	131389725	131389782	-0.29749707907008	8.75248588698265E-15
ENSG00000260807	RP11-161M6.2	chr16	1024561	1024869	-0.178446915108018	8.79154449254528E-15
ENSG00000104941	RSPH6A	chr19	46307478	46307503	-0.143011319542295	8.96674647675504E-15
ENSG00000251038	AC090958.5	chr3	11952685	11952734	-0.324867285338251	9.04572579237345E-15
ENSG00000264773	MIR4420	chr1	31242136	31242173	-0.309806458633892	9.51055140498149E-15
ENSG00000233553	AC108462.1	chr2	1265666	1265776	-0.241313955594465	9.61471373468784E-15
ENSG00000187735	TCEA1	chr8	54857853	54857865	-0.335060179516976	9.65577193483479E-15
ENSG00000226380	MIR29A	chr7	130582250	130582288	-0.266615772975466	9.69600496403623E-15
ENSG00000260782	RP11-480G7.2	chr16	46783112	46783193	-0.183534793879757	9.78390621663917E-15
ENSG00000254233	RP11-242J7.1	chr4	185520377	185520416	-0.232795841389363	1.00169440395131E-14
ENSG00000234603	AL356740.1	chr13	113543023	113543355	-0.245982115231872	1.03906445753854E-14
ENSG00000267337	CTC-782O7.1	chr18	41902071	41902100	-0.257444721048306	1.06920597428178E-14
ENSG00000103249	CLCN7	chr16	1493825	1493909	-0.319591911533734	1.07174805799487E-14
ENSG00000215037	VENTXP2	chr13	84480807	84480951	-0.124982387292515	1.14880581594222E-14
ENSG00000183638	RP1L1	chr8	10466111	10466151	-0.174540956473206	1.16167351816143E-14
ENSG00000253885	ARF1P3	chr8	125183727	125183857	-0.100084535519486	1.22270362333004E-14
ENSG00000265281	MIR3935	chr16	56279236	56279245	-0.406685879679944	1.22303192402689E-14
ENSG00000213411	RBM22P2	chr13	31102665	31102669	-0.241657165305197	1.237915081193E-14
ENSG00000259082	RP11-168L7.3	chr14	101908491	101908561	-0.242304557380944	1.24358107487733E-14
ENSG00000214878	RPL5P31	chr13	51724578	51724624	-0.287969321448038	1.2985016651087E-14
ENSG00000237437	ASS1P12	chr9	32946744	32946837	-0.100593959325972	1.35916236651522E-14
ENSG00000137673	MMP7	chr11	102401427	102401438	-0.183262873131171	1.39661879144034E-14
ENSG00000267463	UBE2V2P2	chr17	76037082	76037319	-0.282920447259324	1.45677027095996E-14
ENSG00000258861	MIR381HG	chr14	101511399	101511580	-0.205485300651325	1.46386603867991E-14
ENSG00000234768	RP11-503C24.1	chr6	168581655	168581705	-0.124198026462971	1.48324029146565E-14
ENSG00000129195	FAM64A	chr17	6338554	6338592	-0.193000076147726	1.50069493026225E-14
ENSG00000198740	ZNF652	chr17	47355112	47355195	-0.361042039111892	1.50360508170439E-14
ENSG00000199476	Y_RNA	chr3	48315011	48315056	-0.208500112408299	1.521123564765996E-14
ENSG00000224730	AC009892.10	chr19	55145886	55145931	-0.299231704738878	1.53837004637287E-14
ENSG00000267412	CTC-265F19.2	chr19	2607962	2608007	-0.368898850473859	1.57598501607723E-14
ENSG00000199015	MIR377	chr14	101527749	101527796	-0.155039402949545	1.5791862760806E-14
ENSG00000253715	RP11-706C16.8	chr8	143867012	143867121	-0.171983823333478	1.63453673873215E-14
ENSG00000250381	UNC93B4	chr4	4148294	4148324	-0.260494686788318	1.64899555700591E-14
ENSG00000222682	RNA5SP38	chr13	106834900	106834942	-0.366266739142912	1.66602702025212E-14
ENSG00000158486	DNAH3	chr16	20975852	20975854	-0.148696946808387	1.68618776750427E-14
ENSG00000253258	RP11-539E17.5	chr8	124194965	124195000	-0.121349812583633	1.69266352295143E-14
ENSG00000211805	TRAV24	chr14	22573439	22573483	-0.231813104574963	1.74467885372812E-14
ENSG00000173404	INSM1	chr20	20353861	20353893	-0.190501672066106	1.79681419229937E-14
ENSG00000230627	RP1-155D22.1	chr6	164527516	164527550	-0.160986016635145	1.83811644661757E-14
ENSG00000155087	ODF1	chr8	103573036	103573117	-0.142113377283722	1.84707460448293E-14
ENSG00000230121	RP11-385N23.1	chr10	7573505	7573570	-0.131528265206166	1.91129449300459E-14
ENSG00000170579	DLGAP1	chr18	3502763	3502768	-0.15805686256261	1.92895210653501E-14
ENSG00000103044	HAS3	chr16	69123244	69123283	-0.340482373149798	1.93040585772281E-14
ENSG00000109943	CRTAM	chr11	122722191	122722239	-0.205718780877473	1.93225000759016E-14

ENSG00000154889	MPPE1	chr18	11873068	11873078	-0.224961475924349	1.93374747761441E-14
ENSG00000199960	SNORD115-14	chr15	25439469	25439498	-0.205613675388792	2.02943429473119E-14
ENSG00000198788	MUC2	chr11	1074869	1074927	-0.289773290002089	2.05547159112321E-14
ENSG00000103150	MLYCD	chr16	83892830	83892880	-0.204814479231694	2.18069715611674E-14
ENSG00000158246	FAM46B	chr1	27337630	27337700	-0.317358625164176	2.21642031569836E-14
ENSG00000105695	AC007106.1	chr4	27895582	27895597	-0.240202089112398	2.26456485547674E-14
ENSG00000227170	AF178030.2	chr8	116573823	116573852	-0.331137058748756	2.37525312868907E-14
ENSG00000217791	ASS1P9	chr5	53133142	53133190	-0.112446478468711	2.3884355119798E-14
ENSG00000255398	HCAR3	chr12	123201303	123201343	-0.19862373464711	2.53315188881159E-14
ENSG00000254545	RP11-84A19.3	chr1	32250641	32250683	-0.190035010759131	2.63381841926192E-14
ENSG00000249241	AC195454.1	chr4	40310392	40310450	-0.189470008410337	2.65430202283747E-14
ENSG00000105695	MAG	chr19	35793499	35793532	-0.26401246651381	2.66455126468945E-14
ENSG00000204394	VAR5	chr6	31744015	31744040	-0.186685272814384	2.74037933890146E-14
ENSG00000181995	LINC00301	chr11	60383099	60383264	-0.110538292976986	2.75598956795287E-14
ENSG00000198685	C3orf27	chr3	128295084	128295134	-0.184235846669379	2.78810831370083E-14
ENSG00000100197	CYP2D6	chr22	42525370	42525455	-0.236835532640786	2.79951904117961E-14
ENSG00000217120	RP1-76C18.1	chr6	103369601	103369634	-0.217437038333882	2.81519024903971E-14
ENSG00000163283	ALPP	chr2	233231359	233231477	-0.179084324642834	2.90934239478483E-14
ENSG00000228401	RP11-251M1.1	chr9	139546492	139546591	-0.215047062891099	2.94486134275237E-14
ENSG00000254789	RP11-531H8.2	chr11	15616418	15616457	-0.181177419465401	2.99876224452416E-14
ENSG00000237197	IGHD1-7	chr14	106374521	106374574	-0.222597356969772	3.02482129796711E-14
ENSG00000170004	CHD3	chr17	7792051	7792059	-0.13941481779104	3.12587362062563E-14
ENSG00000256616	RP11-815J4.6	chr18	12073413	12073461	-0.313641520123263	3.20097587901964E-14
ENSG00000172487	OR8J1	chr11	56128134	56128137	-0.375414378218485	3.24225163728437E-14
ENSG00000249001	RP11-742B18.1	chr4	88451198	88451223	-0.284290013619993	3.35385725723152E-14
ENSG00000254932	RP11-687M24.8	chr11	125135761	125135796	-0.245161626427971	3.38468496383245E-14
ENSG00000221473	AL138710.1	chr13	108261619	108261622	-0.261293841622699	3.43285905557586E-14
ENSG00000253135	RP11-589C21.2	chr8	41981423	41981472	-0.303879239747103	3.48524445282221E-14
ENSG00000196951	RP11-425I13.3	chr4	141217573	141217641	-0.260335380634319	3.50566295226637E-14
ENSG00000204301	NOTCH4	chr6	32191185	32191226	-0.301632085481729	3.52942932308223E-14
ENSG00000176912	C18orf56	chr18	635431	635463	-0.24814241248523	3.57969247069585E-14
ENSG00000176734	TRIL	chr7	28887686	28887715	-0.129101139816237	3.66592662503596E-14
ENSG00000255690	AC005013.1	chr7	28887686	28887715	-0.129101139816237	3.66592662503596E-14
ENSG00000231007	CDC20P1	chr9	89627966	89628013	-0.219676047363952	3.69134543834229E-14
ENSG00000126231	PROZ	chr13	113801716	113801746	-0.267116955010928	3.7135111386672E-14
ENSG00000243779	RP11-681N23.1	chr18	13916330	13916355	-0.179848072319029	3.75314326421547E-14
ENSG00000170827	CELP	chr9	135962018	135962024	-0.239897700291701	3.78209531501728E-14
ENSG00000174792	C4orf26	chr4	76481269	76481299	-0.224075210190661	3.80774119375178E-14
ENSG00000103723	AP3B2	chr15	83331617	83331657	-0.249743215816758	3.83178645725657E-14
ENSG00000255016	RP11-481A20.8	chr8	11876646	11876655	-0.261327430476696	3.84206369624026E-14
ENSG00000168487	BMP1	chr8	22019379	22019417	-0.158104493965923	3.87349195013596E-14
ENSG00000271564	RP13-444H2.1	chr13	52909691	52909730	-0.242765025430523	3.98198565446106E-14
ENSG00000272349	RP11-397O8.7	chr13	102359175	102359177	-0.348604398508114	4.03829089502198E-14
ENSG00000145979	TBC1D7	chr6	13274146	13274180	-0.31212177944388	4.04678932277969E-14
ENSG00000239715	AC093627.11	chr7	175939	175967	-0.11482503674019	4.08624846164476E-14
ENSG00000155093	PTPRN2	chr7	157346322	157346407	-0.274459843656241	4.09609221087158E-14
ENSG00000176697	BDNF	chr11	27672827	27672833	-0.219777771054125	4.2035769921617E-14
ENSG00000230371	KARSP2	chr13	113793439	113793462	-0.306161595221945	4.14378973828293E-14
ENSG00000067221	STOML1	chr15	74249177	74249226	-0.271039783670463	4.22855199841564E-14
ENSG00000187764	SEMA4D	chr9	91979711	91979778	-0.165570492418487	4.37391277694287E-14
ENSG00000263584	MIR4480	chr10	12648660	12648689	-0.10431975781804	4.50316686923614E-14
ENSG00000047662	FAM184B	chr4	17714016	17714019	-0.24094405804148	4.69656538356024E-14
ENSG00000199157	MIR208A	chr14	23857790	23857871	-0.129024611750918	4.70417983836615E-14
ENSG00000250230	RP11-855O10.2	chr11	61357612	61357616	-0.263877427843966	4.78128451659018E-14
ENSG00000254015	CTD-2547L16.2	chr8	18066134	18066144	-0.199662402409373	4.80350011513169E-14
ENSG00000040341	STAU2	chr8	74332601	74332715	-0.218609080180913	4.82929875563306E-14
ENSG00000232211	RP11-395D3.1	chr9	89259694	89259722	-0.265909889131382	5.08992012178244E-14
ENSG00000150782	IL18	chr11	111991342	111991389	-0.308191690019012	5.12398380464445E-14
ENSG00000087245	MMP2	chr16	55406546	55406608	-0.237523769364677	5.24081395391869E-14
ENSG00000249568	RP11-234O6.2	chr4	162298662	162298695	-0.258275673589918	5.27666270773268E-14
ENSG00000252119	ACA64	chr11	119189289	119189297	-0.286006849368326	5.31611806063139E-14
ENSG00000248173	RP11-659O3.1	chr4	116872040	116872060	-0.213357647858584	5.33696341600133E-14
ENSG00000271847	RP4-740C4.8	chr1	2310013	2310092	-0.285817705140135	5.34552578481762E-14
ENSG00000185527	PDE6G	chr17	79619092	79619235	-0.135075243146568	5.40024355083623E-14
ENSG00000075336	TIMM21	chr18	71811184	71811284	-0.29933490213384	5.41187435617018E-14
ENSG00000256528	AP006285.1	chr11	1689388	1689541	-0.210471643769839	5.52603623309414E-14
ENSG00000263271	RP11-1055B8.8	chr17	79427957	79428012	-0.291662649745616	5.63240690119087E-14
ENSG00000207955	MIR219-2	chr9	131156781	131156787	-0.302450654430283	5.67713936083494E-14
ENSG00000177103	DSCAML1	chr11	117298990	117299038	-0.195878265791416	5.68530757175144E-14

ENSG00000254197	RP11-10J21.5	chr8	142287363	142287366	-0.309006149137394	5.72625327563564E-14
ENSG00000255161	RP11-646J21.7	chr11	33809211	33809249	-0.352280741535538	5.72671751705926E-14
ENSG00000223751	AC116609.2	chr2	749251	749301	-0.103292524852435	5.7499516441564E-14
ENSG00000207495	RNY3P10	chr13	70369137	70369175	-0.359476141557406	5.7924429979116E-14
ENSG00000168928	CTRB2	chr16	75241045	75241082	-0.151052416956502	6.02195674515644E-14
ENSG00000102755	FLT1	chr13	28882151	28882200	-0.238372784014115	6.11218722558825E-14
ENSG00000207797	MIR187	chr18	33484766	33484856	-0.170303326393683	6.23900165559859E-14
ENSG00000252179	RNA5SP255	chr8	13373090	13373141	-0.227710445523314	6.25267946030725E-14
ENSG00000185585	OLFML2A	chr9	127576495	127576525	-0.202440540115021	6.3301711493459E-14
ENSG00000214886	FAM177A1P1	chr4	99877051	99877093	-0.21913020612222	6.66126850049733E-14
ENSG00000185974	GRK1	chr13	114324052	114324195	-0.129220099148375	6.73599152244181E-14
ENSG00000248027	CTD-2383M3.1	chr11	100555339	100555351	-0.332396612729364	6.78311705830162E-14
ENSG00000199985	RNA5SP264	chr8	36602810	36602832	-0.287419610379957	6.88937185194399E-14
ENSG00000218418	RP11-296E7.1	chr6	80780085	80780129	-0.100527329884695	6.94695028834164E-14
ENSG00000267707	RP11-95O2.5	chr18	34827206	34827208	-0.170585931901889	7.06880263945698E-14
ENSG00000229578	LINC00358	chr13	62619528	62619564	-0.149614248530818	7.10985038662959E-14
ENSG00000267879	CTB-147C22.9	chr19	51472887	51472926	-0.23548473974682	7.22419773098966E-14
ENSG00000130038	EFCAB4B	chr12	3702588	3702642	-0.143441972802381	7.28277994547497E-14
ENSG00000206730	RNU6-468P	chr17	17465744	17465793	-0.377822765709419	7.37408456092426E-14
ENSG00000260456	C16orf95	chr16	87119345	87119385	-0.239966999496373	7.62182153021057E-14
ENSG00000182261	NLRP10	chr11	7985672	7985764	-0.175008588929262	7.6917231033901E-14
ENSG00000258785	CTD-2643K12.2	chr15	94443775	94443834	-0.100694973680698	7.7998963862796E-14
ENSG00000130005	GAMT	chr19	1397305	1397346	-0.265911924584229	7.826130867489E-14
ENSG00000153443	UBALD1	chr16	4644637	4644813	-0.183092747094393	7.86785341521743E-14
ENSG00000162496	DHRS3	chr1	12610104	12610128	-0.248348831182472	8.01305500520995E-14
ENSG00000215991	MIR208B	chr14	23888698	23888796	-0.163250550621351	8.02801447403213E-14
ENSG00000229407	RP11-12M5.3	chr1	179782226	179782246	-0.159183299596209	8.12726456023693E-14
ENSG00000101198	NKAIN4	chr20	61871136	61871177	-0.135473025069822	8.2577511674098E-14
ENSG00000213159	CEND1P1	chr14	104917332	104917537	-0.115664807632218	8.26738844781426E-14
ENSG00000136930	PSMB7	chr9	127148761	127148781	-0.287980979226583	8.45573000234914E-14
ENSG00000224414	AC010886.2	chr2	218354142	218354203	-0.471095425321553	8.4626565612746E-14
ENSG00000065150	IPO5	chr13	98605857	98605886	-0.163732597491825	8.46751403055963E-14
ENSG00000266909	SLC25A6P4	chr18	77835633	77835675	-0.133878971295124	8.49871457962798E-14
ENSG00000168367	LINC00917	chr16	86370848	86371130	-0.161122020016957	8.51638380771307E-14
ENSG00000235901	RP11-342F21.1	chr9	105199092	105199109	-0.193185939583009	8.71367017750362E-14
ENSG00000242515	UGT1A10	chr2	234545152	234545195	-0.190834507799314	8.91439551643162E-14
ENSG00000140835	CHST4	chr16	71559445	71559485	-0.287238603954868	8.97966557508413E-14
ENSG00000253032	RNU6-299P	chr5	55412471	55412507	-0.225639893822939	8.99638918302498E-14
ENSG00000237653	RP11-655G22.2	chr3	191670104	191670140	-0.145465452632297	9.05066156091353E-14
ENSG00000239218	RPS20P22	chr8	38288398	38288425	-0.373202496367837	9.06254085212768E-14
ENSG00000254182	RP11-68L18.2	chr8	91713277	91713297	-0.194779644026456	9.24423454117323E-14
ENSG00000204386	NEU1	chr6	31820760	31820842	-0.275113215540433	9.31685720234844E-14
ENSG00000241020	RP11-727A23.1	chr11	82931451	82931456	-0.40375148715231	9.34057843029596E-14
ENSG00000264592	RN7SL131P	chr1	36662397	36662434	-0.117977862738754	9.59948963152272E-14
ENSG00000263690	AC011591.1	chr17	66770584	66770666	-0.426569090467966	9.60429573510025E-14
ENSG00000238911	AC026357.1	chr12	33205397	33205471	-0.133159381049388	9.77299108083149E-14
ENSG00000239078	RNU7-55P	chr8	8932453	8932517	-0.206575843800858	1.02172228094558E-13
ENSG00000183921	SDR42E2	chr16	22167741	22167861	-0.172714509113528	1.02928535643987E-13
ENSG00000122194	PLG	chr6	161186569	161186602	-0.159353428515407	1.04508052620356E-13
ENSG00000110063	DCPS	chr11	126180447	126180465	-0.130760261361444	1.07029510936216E-13
ENSG00000179588	ZFPM1	chr16	88512502	88512847	-0.117059628665032	1.07414524005837E-13
ENSG00000180803	RP11-467D10.2	chr13	26345399	26345424	-0.21111991864325	1.076238641723E-13
ENSG00000266930	CTD-2085J24.4	chr19	33361419	33361467	-0.174818777182134	1.10953603762819E-13
ENSG00000226800	CACTIN-AS1	chr19	3603394	3603453	-0.245473055731387	1.12278112153361E-13
ENSG00000199109	MIR411	chr14	101489516	101489528	-0.106134958647989	1.13369462828997E-13
ENSG00000255224	CTD-3065J16.9	chr8	145129222	145129344	-0.220842731694865	1.15310555816867E-13
ENSG00000042832	TG	chr8	133879298	133879386	-0.158476387407618	1.15679105093518E-13
ENSG00000232084	LINC01104	chr2	100851628	100851666	-0.227199339129119	1.16176952538191E-13
ENSG00000198982	MIR380	chr14	101490730	101490739	-0.120163061813227	1.16509474294464E-13
ENSG00000250034	RP11-793B23.1	chr4	138831204	138831283	-0.214287061139123	1.1765015165483E-13
ENSG00000188306	LRRIQ4	chr3	169540070	169540141	-0.324089569595072	1.1842824651226E-13
ENSG00000239247	RN7SL589P	chr4	2308156	2308171	-0.232439687781854	1.19167627660736E-13
ENSG00000202229	RNU6-1138P	chr14	23624321	23624377	-0.24126171035469	1.22129517203544E-13
ENSG00000189253	TRIM64B	chr11	89609131	89609173	-0.312134398059086	1.2549345935332E-13
ENSG00000164822	DEFA6	chr8	6783407	6783433	-0.167434258827201	1.26099404144696E-13
ENSG00000257576	RP11-153M3.1	chr12	56904736	56904792	-0.115825432875546	1.26304710829619E-13
ENSG00000272799	RP11-474N24.6	chr18	9912895	9912926	-0.198814610208874	1.2733613406944E-13
ENSG00000207993	MIR134	chr14	101520944	101520989	-0.162585538534701	1.27940057130104E-13
ENSG00000261175	CTD-2015G9.2	chr16	86755577	86755593	-0.238426856515442	1.28845401732999E-13

ENSG00000163394	CCKAR	chr4	26493475	26493496	-0.18273501194869	1.3052361523956E-13
ENSG00000176882	RP11-432M24.4	chr13	50194437	50194488	-0.254936382364758	1.32872162872143E-13
ENSG00000230848	RP11-379C10.1	chr9	130786790	130786832	-0.171188155569902	1.33336949547945E-13
ENSG00000268427	AL022328.1	chr22	50720274	50720318	-0.342621098077926	1.39069552379617E-13
ENSG00000107821	KAZALD1	chr10	102821630	102821705	-0.135226909568365	1.39850477880876E-13
ENSG00000240163	RP11-745A24.1	chr15	60688566	60688605	-0.238817587418734	1.39896395747087E-13
ENSG00000112182	BACH2	chr6	90635210	90635241	-0.103191857305553	1.41805212518816E-13
ENSG00000252501	RNU4-77P	chr1	233531784	233531818	-0.137310798967245	1.43608538325596E-13
ENSG00000220793	RPL21P119	chr16	9229746	9229776	-0.126334284775915	1.504429220066E-13
ENSG00000241022	NIPA2P2	chr3	74927043	74927082	-0.169024122623395	1.51621494402132E-13
ENSG00000132405	TBC1D14	chr4	6902919	6902932	-0.166254471563019	1.59603685967078E-13
ENSG00000266382	MIR5703	chr2	228324912	228324952	-0.275209601627039	1.59721619407997E-13
ENSG00000133243	BTBD2	chr19	1969806	1969952	-0.194846620465238	1.62036767638209E-13
ENSG00000168418	KCNG4	chr16	84259699	84259744	-0.303098228287327	1.62436471202609E-13
ENSG00000236495	RP11-7C6.1	chr10	14644188	14644228	-0.348910057635978	1.63494843378899E-13
ENSG00000222262	AC092846.1	chr4	24281817	24281828	-0.241052363004004	1.6757926955361E-13
ENSG00000252818	RNU7-146P	chr18	62315678	62315712	-0.32675684054811	1.68693976404393E-13
ENSG00000215915	ATAD3C	chr1	1386150	1386186	-0.144163189267985	1.7308379349255E-13
ENSG00000255039	RP11-882G5.1	chr11	97073863	97073865	-0.205760436693771	1.76034682644878E-13
ENSG00000270102	RP11-498E2.8	chr9	125106354	125106374	-0.298968110989178	1.77246306543523E-13
ENSG00000155719	OTOA	chr16	21715999	21716047	-0.11806803745234	1.78103546631209E-13
ENSG00000206944	RNU6-708P	chr18	45683770	45683782	-0.22314528406737	1.78131324468177E-13
ENSG00000219023	RP3-340B19.2	chr6	35528117	35528164	-0.242898935791599	1.7871937523771E-13
ENSG00000206963	RNU6-675P	chr2	127529300	127529341	-0.178918594033953	1.80593963441155E-13
ENSG00000187054	TMPRSS11A	chr4	68776807	68776835	-0.236181171194809	1.84246904416899E-13
ENSG00000182912	C21orf90	chr21	45936440	45936466	-0.139239054014365	1.86955572753118E-13
ENSG00000254735	HMGB1P42	chr11	120827587	120827657	-0.124767465056901	1.94772536158076E-13
ENSG00000266453	RN7SL142P	chr7	157093330	157093516	-0.198214414081748	1.97502012060163E-13
ENSG00000225127	LINC00237	chr20	21070787	21070832	-0.233070573916589	1.98467022108369E-13
ENSG00000214832	UPF3AP2	chr17	20278969	20279009	-0.139011491798166	2.02055147868352E-13
ENSG00000074410	CA12	chr15	63613734	63613795	-0.250070350150332	2.02288943962144E-13
ENSG00000241838	LA16c-3G11.7	chr22	16247112	16247139	-0.133220271534063	2.04298937156122E-13
ENSG00000119487	MAPKAP1	chr9	128187888	128187898	-0.276913191794232	2.12581734515876E-13
ENSG00000250674	RP11-798K23.1	chr5	178854806	178854844	-0.17490689942378	2.15605539181085E-13
ENSG00000100784	RPS6KA5	chr14	91338327	91338356	-0.157640613514183	2.17385361916385E-13
ENSG00000084207	GSTP1	chr11	67340630	67340843	-0.204546364550798	2.20113159706902E-13
ENSG00000123453	SARDH	chr9	136539326	136539485	-0.271844519257912	2.20708388599358E-13
ENSG00000258828	KRT8P2	chr14	44010212	44010276	-0.209301304297998	2.24457068303107E-13
ENSG00000229314	ORM1	chr9	117084576	117084602	-0.250607716705054	2.2929763707075E-13
ENSG00000257060	RP11-266O8.1	chr15	93851032	93851066	-0.202903262190967	2.29495783558818E-13
ENSG00000213865	C8orf44	chr8	67586948	67586962	-0.195492314379146	2.35326033718107E-13
ENSG00000147432	CHRNA3	chr8	42552524	42552527	-0.203575732611524	2.35502833606732E-13
ENSG00000136487	GH2	chr17	61958756	61958765	-0.218929842005466	2.39368741083515E-13
ENSG00000179577	AP003471.1	chr8	105431867	105431882	-0.263100271515676	2.46166494406299E-13
ENSG00000110057	UNC93B1	chr11	67757449	67757576	-0.183994853496119	2.5134428349994E-13
ENSG00000154114	TBCEL	chr11	120874889	120874925	-0.297110714434837	2.65331579259298E-13
ENSG00000250431	RP13-577H12.2	chr4	175899203	175899245	-0.284380143675534	2.69461700509629E-13
ENSG00000259290	RP11-687M24.7	chr11	125061414	125061541	-0.226356300169247	2.72542323353442E-13
ENSG00000258977	RP11-799P8.1	chr14	82089329	82089334	-0.152985188270957	2.74976342611221E-13
ENSG00000223669	RP11-93B14.4	chr20	61371584	61371658	-0.274212345899345	2.76841054894352E-13
ENSG00000236669	AC006372.1	chr7	157320516	157320668	-0.160197070371548	2.85164774077064E-13
ENSG00000262995	CTD-219A8.2	chr16	20451694	20451726	-0.236691015295276	2.86080545469715E-13
ENSG00000261363	RP11-134D3.2	chr16	87100579	87100648	-0.111621476634597	2.88120649980801E-13
LRG_126	LRG_126	chr2	98350626	98350689	-0.105763863025601	2.88408227813291E-13
ENSG00000261812	TUBB8P7	chr16	90163558	90163602	-0.271827356810132	2.90334393070725E-13
ENSG00000255338	RP11-107P7.2	chr11	49128127	49128132	-0.183131934467443	2.92999721131386E-13
ENSG00000264445	AC087269.2	chr8	8522680	8522725	-0.410218430432251	3.01389049296804E-13
ENSG00000254957	RP11-179A10.2	chr11	11177849	11177960	-0.138173655136664	3.02343362728624E-13
ENSG00000267488	AC131056.3	chr17	34504062	34504107	-0.259755569898318	3.07165246384542E-13
ENSG00000147804	SLC39A4	chr8	145641916	145642168	-0.211602804309693	3.07303236644746E-13
ENSG00000255767	RP13-512J5.1	chr2	3583552	3583576	-0.360846345382216	3.08899675998266E-13
ENSG00000215606	KRT18P35	chr3	141174434	141174468	-0.466646309645451	3.14780561564343E-13
ENSG00000164828	SUN1	chr7	853220	853252	-0.191069123494851	3.17686799106659E-13
ENSG00000164047	CAMP	chr3	48265122	48265170	-0.139429988143234	3.21008156713229E-13
ENSG00000078018	MAP2	chr2	210171336	210171407	-0.133311615880686	3.25038145621246E-13
ENSG00000159166	LAD1	chr1	201347479	201347529	-0.229733400661265	3.26418415856758E-13
ENSG00000095752	IL11	chr19	55874851	55874901	-0.108583831590301	3.26561249979712E-13
ENSG00000251059	RP11-100N20.1	chr4	82086183	82086200	-0.291347275985304	3.29323218939325E-13
ENSG00000225193	RPS12P26	chr15	90755844	90755871	-0.267162000893949	3.35963140090051E-13

ENSG00000177225	PDDC1	chr11	763587	763653	-0.248146501677652	3.36382100728047E-13
ENSG00000086504	MRPL28	chr16	412058	412196	-0.160215431019248	3.45137866257029E-13
ENSG00000264099	MIR4803	chr5	71475356	71475425	-0.278627427872959	3.54096453736145E-13
ENSG00000164363	SLC6A18	chr5	1225618	1225634	-0.184535672746699	3.68257713971403E-13
ENSG00000265572	AL391117.1	chr9	22862649	22862688	-0.12219268977766	3.68952637017958E-13
ENSG00000271214	OACYLP	chr18	56702750	56702794	-0.160128464490793	3.69155521657205E-13
ENSG00000221365	MIR1228	chr12	57569736	57569932	-0.214872528991121	3.71848701253806E-13
ENSG00000175311	ANKS4B	chr16	21244898	21244915	-0.21300272068142	3.8024160502053E-13
ENSG00000165066	NKX6-3	chr8	41505296	41505345	-0.12943398273457	3.82789917288865E-13
ENSG00000262231	RP11-960B9.2	chr17	5993746	5993811	-0.176169266507579	4.04665270162559E-13
ENSG00000259799	RP11-554A11.9	chr11	68928793	68928825	-0.209586691353328	4.09523859342102E-13
ENSG00000271214	RP11-9M16.3	chr9	117264095	117264119	-0.211470763924408	4.11314126246807E-13
ENSG00000207844	AC061975.8	chr17	26603509	26603552	-0.140383135853304	4.1377851597426E-13
ENSG00000254921	RP11-236J17.6	chr11	8060556	8060621	-0.218383688185978	4.22161066592899E-13
ENSG00000223985	AC093326.1	chr2	492294	492307	-0.152278828182994	4.32085071886538E-13
ENSG00000255301	RP11-624G17.3	chr11	57245038	57245044	-0.184564963300782	4.36524648267486E-13
ENSG00000125531	C20orf195	chr20	62178987	62179037	-0.137649432726858	4.36764400270397E-13
ENSG00000266611	MIR4703	chr13	52098689	52098719	-0.29222825202502	4.38828814533875E-13
ENSG00000066405	CLDN18	chr3	137717665	137717704	-0.118996531915216	4.38930006381895E-13
ENSG00000153303	FRMD1	chr6	168479698	168479798	-0.170444621521943	4.43807206797804E-13
ENSG00000256422	RP11-886D15.1	chr11	104293671	104293674	-0.122982941952104	4.59280061498416E-13
ENSG00000255463	RP11-16F15.4	chr11	9648501	9648507	-0.145375460942799	4.66958713702568E-13
ENSG00000130598	TNNI2	chr11	1859970	1860114	-0.143408301430865	4.76421907135395E-13
ENSG00000263631	MIR378D1	chr4	5927983	5928072	-0.120189950311143	4.77888944913775E-13
ENSG00000269899	RP11-589N15.2	chr8	11710794	11710854	-0.332151017880273	4.80996097758492E-13
ENSG00000140807	NKD1	chr16	50579071	50579112	-0.14082749277314	4.87178692374692E-13
ENSG00000207749	MIR299	chr14	101490614	101490634	-0.104662497576332	4.9458967550725E-13
ENSG00000251128	WWC2-AS1	chr4	184161941	184161973	-0.220489376780988	4.95800634825771E-13
ENSG00000120436	GPR31	chr6	167571172	167571215	-0.144915302303512	4.98399703343014E-13
ENSG00000267547	RP11-686D22.4	chr17	33730974	33731014	-0.318510393466781	5.1333668421184E-13
ENSG00000166961	MS4A15	chr11	60524431	60524575	-0.124609429232963	5.13630393895406E-13
ENSG00000257614	RP11-116N8.2	chr14	36402284	36402334	-0.202531299471707	5.16750292072645E-13
ENSG00000258663	RP11-123M6.2	chr14	101302420	101302462	-0.156895022244719	5.50405563485543E-13
ENSG00000229197	RP11-227H15.7	chr10	71087824	71087863	-0.164743384259576	5.52322037796368E-13
ENSG00000211976	IGHV3-73	chr14	107210953	107211057	-0.231816211177446	5.58974028284372E-13
ENSG00000158488	CD1E	chr1	158318835	158318857	-0.101534255242957	5.66233071337739E-13
ENSG00000215262	KCNU1	chr8	36641876	36641924	-0.104395657812543	5.80997117080315E-13
ENSG00000171102	OBP2B	chr9	136084698	136084705	-0.216825290333742	5.87788265569834E-13
ENSG00000230157	ATP5G1P1	chr14	106003150	106003210	-0.16797385018202	5.96293880910842E-13
ENSG00000260146	CTD-2258A20.3	chr16	66492993	66493033	-0.237792336085029	5.98065687347465E-13
ENSG00000269049	AC092291.2	chr16	14569497	14569509	-0.301084070665848	6.0231562579437E-13
ENSG00000271287	BCRP9	chr13	68347531	68347591	-0.134265443326895	6.06180812840764E-13
ENSG00000168477	TNXB	chr6	32010270	32010333	-0.180277178412257	6.14766398874033E-13
ENSG00000104714	ERICH1	chr8	528676	528798	-0.173064081258173	6.40751816632017E-13
ENSG00000207649	MIR138-2	chr16	56883034	56883053	-0.217089560591125	6.42387832998908E-13
ENSG00000168918	INPP5D	chr2	233924857	233924904	-0.290326220960071	6.4777558195122E-13
ENSG00000254500	RANP3	chr11	74302864	74302877	-0.137800296118669	6.48040761812622E-13
ENSG00000169427	KCNK9	chr8	140617252	140617293	-0.312584560685039	6.51362685308973E-13
ENSG00000186146	DEFB131	chr4	9452658	9452689	-0.107817922209365	6.53166405171702E-13
ENSG00000229792	LINC00399	chr13	110132575	110132599	-0.377845990099154	6.61934465057999E-13
ENSG00000214324	C3orf56	chr3	126892082	126892114	-0.216376475951505	6.94137773712335E-13
ENSG00000205578	POM121B	chr7	72709969	72710064	-0.108539285891268	6.97558074070971E-13
ENSG00000227399	RP11-118F2.2	chr9	94661397	94661406	-0.164265614296134	6.97708054132814E-13
ENSG00000152583	SPARCL1	chr4	88432128	88432227	-0.123141385991863	7.29778709405393E-13
ENSG00000248936	RP11-36B15.1	chr4	37585983	37585991	-0.181725802447016	7.49540458678233E-13
ENSG00000185418	TARSL2	chr15	102193416	102193535	-0.110006133948312	7.76227926961003E-13
ENSG00000179141	MTUS2-AS1	chr13	30054343	30054557	-0.392482291907181	7.78825432020834E-13
ENSG00000200867	RN7SKP36	chr4	7131061	7131206	-0.203258013172113	7.81418262392816E-13
ENSG00000253423	RP11-813B8.1	chr8	84203570	84203578	-0.101258481156232	8.08439982750399E-13
ENSG00000244604	RP11-713H12.1	chr17	8464575	8464598	-0.201892629491887	8.11518391420338E-13
ENSG00000133119	RFC3	chr13	34371837	34371865	-0.196253910080344	8.39521163969011E-13
ENSG00000239525	RPL30P5	chr4	84429661	84429710	-0.173398386675509	8.507732124833E-13
ENSG00000265728	RP11-883A18.3	chr18	10589166	10589383	-0.41519269844683	8.59492262669962E-13
ENSG00000164168	TMEM184C	chr4	148535253	148535320	-0.229448124982535	8.64462605067344E-13
ENSG00000200089	SNORD114-31	chr14	101459539	101459591	-0.22740739268633	8.76240211502033E-13
ENSG00000250746	RP11-39C10.1	chr4	165108578	165108602	-0.250839581050034	9.21689011604201E-13
ENSG00000169154	GOT1L1	chr8	37797680	37797690	-0.140589883391619	9.22958936639899E-13
ENSG00000199782	SNORD115-9	chr15	25430632	25430671	-0.173545910157893	9.62632787864003E-13
ENSG00000239464	RN7SL691P	chr4	43675535	43675704	-0.10240690173021	9.65817823924265E-13

ENSG00000253143	Metazoa_SRP	chr8	71381197	71381216	-0.286753370740647	9.72832776041092E-13
ENSG00000166971	AKTIP	chr16	53576182	53576242	-0.251509623694488	9.92466090552089E-13
ENSG00000028137	TNFRSF1B	chr1	12203845	12203895	-0.12933594059701	9.97659235875975E-13
ENSG00000253650	SMARCE1P4	chr8	37005458	37005486	-0.336282244172397	1.01171737774405E-12
ENSG00000221211	AC078794.1	chr3	122645389	122645462	-0.113502166870373	1.01415162407654E-12
ENSG00000239013	snoU13	chr16	48526763	48526796	-0.263524802424979	1.01561892149402E-12
ENSG00000188191	PRKAR1B	chr7	586588	586624	-0.203607399592158	1.02313735258321E-12
ENSG00000178718	RPP25	chr15	75248086	75248117	-0.135417826231953	1.04115574008124E-12
ENSG00000253789	CTD-2571E19.1	chr8	62940723	62940735	-0.292624595626962	1.05427278242026E-12
ENSG00000149179	C11orf49	chr11	46969634	46969715	-0.29577111129743	1.05564950458329E-12
ENSG00000255823	MTRNR2L8	chr11	10530917	10530932	-0.111664506333983	1.06033758037582E-12
ENSG00000267604	RP5-905N1.2	chr17	41868088	41868121	-0.421624411866691	1.06056554516115E-12
ENSG00000261273	LA16c-444G7.1	chr16	88268413	88268461	-0.147541059462341	1.06099720823265E-12
ENSG00000253210	RP11-809O17.1	chr8	142163684	142163737	-0.244127760549012	1.06399414691617E-12
ENSG00000229906	SNRPGP11	chr13	52093022	52093056	-0.130540660483891	1.10607169272391E-12
ENSG00000257528	KRT8P19	chr12	62273150	62273186	-0.428824110573184	1.11638268459018E-12
ENSG00000231369	RP1-40G4P.1	chr22	27283265	27283330	-0.168119479187686	1.1366513939549E-12
ENSG00000255994	CCDC177	chr14	70034401	70034425	-0.212378129874495	1.14191554882211E-12
ENSG00000172732	MUS81	chr11	65623622	65623707	-0.248640420104763	1.14998415889122E-12
ENSG00000264667	AL137224.1	chr11	34517468	34517545	-0.273784973744965	1.15205846893792E-12
ENSG00000204031	LCN1P2	chr9	136182348	136182353	-0.112249076100757	1.15283077869706E-12
ENSG00000249866	OR7E83P	chr4	9512691	9512699	-0.150085408015171	1.18353452857931E-12
ENSG00000181610	MRPS23	chr17	55901075	55901119	-0.197493875194871	1.2087342942972E-12
ENSG00000204814	RP11-160N1.10	chr9	44868873	44868972	-0.137285148768817	1.22085166918714E-12
ENSG00000259124	RP11-187O7.3	chr14	76960929	76960945	-0.295135636074656	1.22942945541614E-12
ENSG00000236264	RPL26P30	chr11	2368070	2368095	-0.251922403457883	1.2435203480417E-12
ENSG00000235106	LINC00094	chr9	136889118	136889178	-0.262717244102384	1.25323975285436E-12
ENSG00000234085	RP11-368M16.7	chr7	57714986	57715021	-0.128043661730551	1.25348491772111E-12
ENSG00000167658	EEF2	chr19	3970059	3970108	-0.235296788061243	1.26593956083716E-12
ENSG00000239163	AC007056.1	chr14	78869931	78869963	-0.172765165220085	1.26622928436133E-12
ENSG00000250180	RP11-138A23.2	chr4	160347544	160347583	-0.215663854343507	1.26767465044937E-12
ENSG00000194717	MIR494	chr14	101495970	101495977	-0.159353205554318	1.27484002049077E-12
ENSG00000137575	SDCBP	chr8	59467209	59467251	-0.21285848752354	1.30903594887702E-12
ENSG0000004478	FKBP4	chr12	2902839	2902911	-0.217860843002682	1.3152142746656E-12
ENSG00000267206	LCN6	chr9	139642894	139642998	-0.111875870824083	1.31645400339178E-12
ENSG00000240707	LINC01168	chr10	134793134	134793154	-0.184777748954345	1.36000158773186E-12
ENSG00000221330	AC009159.1	chr16	79692457	79692516	-0.265924012197925	1.37067782180971E-12
ENSG00000204624	PTCHD2	chr1	11598218	11598249	-0.183908415545566	1.38841730403083E-12
ENSG00000092054	MYH7	chr14	23876911	23876934	-0.202973056331038	1.42633154831641E-12
LRG_384	LRG_384	chr14	23876911	23876934	-0.202973056331038	1.42633154831641E-12
ENSG00000198286	CARD11	chr7	2943992	2944056	-0.294947971288396	1.43558442814018E-12
ENSG00000216014	AL512505.1	chr13	40171456	40171484	-0.299621425215054	1.44625010293401E-12
ENSG00000111450	STX2	chr12	131265914	131265947	-0.122209845321628	1.44790878912163E-12
ENSG00000100422	CERK	chr22	47081778	47081801	-0.212197312278211	1.45577502070954E-12
ENSG00000252101	RNU6-758P	chr16	75314213	75314236	-0.291332160198077	1.46232564188564E-12
ENSG00000233083	FTH1P6	chr2	52841352	52841387	-0.230735901343036	1.46565643732598E-12
ENSG00000174332	GLIS1	chr1	53973663	53973680	-0.186913598861307	1.47129508519132E-12
ENSG00000262686	AC005356.1	chr16	4373581	4373696	-0.263299483561512	1.47459735098228E-12
ENSG00000229246	RP11-521J24.1	chr13	81573079	81573085	-0.182095196480196	1.47519665927803E-12
ENSG00000095932	C19orf77	chr19	3481783	3481808	-0.273925990811304	1.51596852259685E-12
ENSG00000270385	GS1-21A4.2	chr16	87947056	87947092	-0.146291023350735	1.52466090552093E-12
ENSG00000140025	EFCAB11	chr14	90240124	90240130	-0.283686077676099	1.52583416550375E-12
ENSG00000243654	RN7SL295P	chr5	159707495	159707559	-0.357760367698441	1.5286320788382E-12
ENSG00000255562	UNC93B6	chr11	71314302	71314422	-0.136601623215257	1.53263576720711E-12
ENSG00000160072	ATAD3B	chr1	1396160	1396323	-0.208657234620644	1.54041590603876E-12
ENSG00000266627	RN7SL202P	chr19	3908378	3908387	-0.170701289124479	1.55373301349539E-12
ENSG00000172893	DHCR7	chr11	71135402	71135473	-0.182495092106259	1.56640729519019E-12
ENSG00000248913	PHBP14	chr4	168503888	168503920	-0.161174405635972	1.64471723732697E-12
ENSG00000255856	RP11-87C12.5	chr12	122442301	122442379	-0.207033580334694	1.65118837525401E-12
ENSG00000168453	HR	chr8	21970244	21970273	-0.185251515311419	1.66071060810977E-12
ENSG00000160181	TFF2	chr21	43771034	43771059	-0.169871085681782	1.67515252704968E-12
ENSG00000271196	RP11-461O14.3	chr5	137791003	137791042	-0.156125867970265	1.67632606588888E-12
ENSG00000105479	CCDC114	chr19	48800301	48800382	-0.316991820569708	1.67722335861866E-12
ENSG00000235149	RP11-45I20.1	chr4	186847129	186847142	-0.375251004252561	1.69039143566605E-12
ENSG00000109321	AREG	chr4	75312413	75312456	-0.180164269514693	1.69588288195548E-12
ENSG00000267365	KCNJ2-AS1	chr17	68106616	68106654	-0.348284009372949	1.71246100519924E-12
ENSG00000267726	CTD-2526M8.2	chr18	54875555	54875570	-0.23169166816782	1.72144339341922E-12
ENSG00000240215	TRBV25OR9-2	chr9	33658977	33659113	-0.246514310949746	1.74896168400705E-12
ENSG00000166033	HTRA1	chr10	124247117	124247163	-0.292684920718738	1.76093490489341E-12

ENSG00000232555	AC104088.1	chr2	173118384	173118470	-0.288035009436988	1.76210620186256E-12
ENSG00000256014	AL031390.1	chr6	144442484	144442526	-0.302894375819878	1.789748080511E-12
ENSG00000197540	GZMM	chr19	543970	544037	-0.155273675406184	1.79373144395665E-12
ENSG00000177776	RPS2P2	chr14	74826663	74826672	-0.191421478430704	1.83316116110047E-12
ENSG00000119927	GPAM	chr10	113748503	113748542	-0.20923789870853	1.84470205209666E-12
ENSG00000133256	PDE6B	chr4	619392	619959	-0.1390126750387	1.89076870559796E-12
ENSG00000270584	RP11-362B23.1	chr7	156026023	156026055	-0.129456795423057	1.91129605087269E-12
ENSG00000258584	FAM181A-AS1	chr14	94306819	94306831	-0.359596639272995	1.91150540392054E-12
ENSG00000251019	HIGD1AP13	chr4	79627618	79627663	-0.275077930057858	1.93398110409453E-12
ENSG00000258478	RP11-232C2.1	chr14	79220467	79220500	-0.318291629683182	1.9608810582701E-12
ENSG00000234796	AC113607.3	chr2	906650	906686	-0.189140860440497	1.988208434835E-12
ENSG00000254183	RP11-953B20.2	chr8	143052787	143052821	-0.203713187804227	1.98842394726273E-12
ENSG00000136247	ZDHHC4	chr7	6585072	6585122	-0.211810470431575	2.00639770354397E-12
ENSG00000054796	SPO11	chr20	55904669	55904856	-0.167674583531676	2.03602210712926E-12
ENSG00000255484	RP11-65M17.1	chr11	112435198	112435237	-0.210225588309081	2.12828200283468E-12
ENSG00000232849	LINC00363	chr13	93718914	93718961	-0.219953547410405	2.22281358557024E-12
ENSG00000140015	KCNH5	chr14	63244897	63244904	-0.372751526324687	2.24067129976978E-12
ENSG00000260858	RP11-558A11.1	chr16	84274562	84274604	-0.22248419392255	2.28923277651127E-12
ENSG00000227459	AC079612.2	chr2	240530542	240530630	-0.143201346060634	2.30771258702156E-12
ENSG00000264583	MIR4487	chr11	47420008	47420051	-0.19156523449367	2.32775922269055E-12
ENSG00000065809	FAM107B	chr10	14575431	14575455	-0.147531122304995	2.34762161454766E-12
ENSG00000259666	RP11-307C19.3	chr15	77933876	77933921	-0.343139149769116	2.36983031803512E-12
ENSG00000060558	GNA15	chr19	3136414	3136511	-0.134046399635302	2.39702180351835E-12
ENSG00000174408	PPIAP24	chr13	107512132	107512194	-0.316330946758766	2.44199212406505E-12
ENSG00000266995	RP11-703I16.3	chr18	12041672	12041693	-0.29329807778724	2.48264298056215E-12
ENSG00000237257	MTND2P8	chr9	81359170	81359206	-0.272608532797467	2.49953310393901E-12
ENSG00000260026	CTD-2015G9.1	chr16	86744042	86744096	-0.154270204663875	2.57314859492724E-12
ENSG00000254230	RP11-582J16.3	chr8	22414555	22414570	-0.264504594405015	2.604336475382E-12
ENSG00000249200	RP11-290O12.1	chr4	155312410	155312429	-0.26570218094954	2.66241864362379E-12
ENSG00000253865	RP11-394O4.3	chr5	148758825	148758874	-0.119200439679695	2.69879972554672E-12
ENSG00000120659	TNFSF11	chr13	43192593	43192692	-0.262471821867434	2.71871497387906E-12
ENSG00000237906	MUPP	chr9	115707959	115708237	-0.190301154015046	2.76587033968559E-12
ENSG00000239353	RP11-492E3.51	chr9	132287214	132287253	-0.109131253868412	2.85581014930804E-12
ENSG00000259239	RP11-521C20.1	chr15	40421005	40421080	-0.174616725414339	2.91898315963505E-12
ENSG00000108417	KRT37	chr17	39577614	39577662	-0.217986808660211	2.92595151540832E-12
ENSG00000240533	RN7SL69P	chr12	6184457	6184561	-0.179042644113385	2.95153749364961E-12
ENSG00000003249	DBNDD1	chr16	90066845	90066866	-0.123284376398656	2.96230002033383E-12
ENSG00000028310	BRD9	chr5	844505	844531	-0.137260394919341	3.0353557287555E-12
ENSG00000130595	TNNT3	chr11	1939787	1939871	-0.164112795163208	3.05291322330478E-12
ENSG00000211798	TRAV18	chr14	22471118	22471147	-0.183876671791505	3.11030554445036E-12
ENSG00000250997	RP11-502M1.1	chr4	161403067	161403347	-0.11231877753215	3.14030358054096E-12
ENSG00000128322	IGLL1	chr22	23915500	23915549	-0.25882579306233	3.22175193988185E-12
LRG_69	LRG_69	chr22	23915500	23915549	-0.25882579306233	3.22175193988185E-12
ENSG00000254894	NAV2-AS1	chr11	20134158	20134190	-0.152435190877763	3.22564813618272E-12
ENSG00000233532	LINC00460	chr13	107028857	107028885	-0.109279743352103	3.22565642472963E-12
ENSG00000261325	AC140542.2	chr16	47882374	47882395	-0.301430738435952	3.25151484509168E-12
ENSG00000260970	RP11-295D22.1	chr9	122249943	122249964	-0.223162496915113	3.32218274000734E-12
ENSG00000232019	AC074183.4	chr7	84569265	84569562	-0.106641514549826	3.3449466015443E-12
ENSG00000136155	SCEL	chr13	78125149	78125161	-0.199754753678114	3.34675928768368E-12
ENSG00000249807	CTD-2199O4.1	chr5	10150323	10150367	-0.310583676715783	3.39898911567379E-12
ENSG00000174498	IGDCC3	chr15	65625131	65625176	-0.266045117228433	3.39948616232792E-12
ENSG00000266463	MIR3196	chr20	61870782	61870861	-0.103174173922278	3.45601003617566E-12
ENSG00000173077	DEC1	chr9	117905219	117905236	-0.288954471028914	3.47836967756419E-12
ENSG00000223485	RP11-417E7.1	chr6	169559440	169559478	-0.1763018694508	3.51903460542045E-12
ENSG00000184937	WT1	chr11	32408427	32408438	-0.172331380833307	3.5333233993867E-12
ENSG00000183741	CBX6	chr22	39262240	39262279	-0.222786397969241	3.5579599219143E-12
ENSG00000146250	PRSS35	chr6	84234348	84234396	-0.151051739406335	3.61071085193801E-12
ENSG00000090989	EXOC1	chr4	56718320	56718405	-0.247871846339516	3.64699202963364E-12
ENSG00000118245	TNP1	chr2	217724619	217724657	-0.100496051121322	3.6573766072445E-12
ENSG00000224662	ATP6V1G1P3	chr9	139679954	139679963	-0.24383956155427	3.65908316375956E-12
ENSG00000238029	AC012493.1	chr2	101042972	101043036	-0.114770331817917	3.6599357317835E-12
ENSG00000215483	LINC00598	chr13	41058697	41058812	-0.157671486435342	3.74995362766401E-12
ENSG00000227893	LINC00352	chr13	24062767	24062776	-0.155514583550614	3.79604560353868E-12
ENSG00000222123	RNA5SP390	chr15	25974206	25974240	-0.108838014620823	3.83876119164678E-12
ENSG00000207743	MIR495	chr14	101500080	101500201	-0.14738083797902	3.91898339167937E-12
ENSG00000232643	LINC00385	chr13	30733352	30733388	-0.129913392041231	3.93594676074228E-12
ENSG00000205030	OR5L2	chr11	55595115	55595152	-0.310005848524059	3.9540719981047E-12
ENSG00000253695	RP11-177H2.2	chr8	10694831	10694968	-0.123627191812705	3.95500212486858E-12
ENSG00000248764	RP11-292D4.2	chr4	147794256	147794298	-0.287133710937462	3.98737272926303E-12

ENSG00000263033	RP11-396B14.2	chr16	11295630	11295667	-0.248642527378719	4.0199174002371E-12
ENSG00000211790	TRAV8-4	chr14	22362723	22362755	-0.120717872127596	4.11892136815044E-12
ENSG00000253111	RP11-136O12.2	chr8	126525690	126525694	-0.150543590671357	4.14665489157949E-12
ENSG00000237414	RP11-321L2.2	chr9	23914417	23914442	-0.165934172291941	4.14809474287585E-12
ENSG00000234579	AC009305.1	chr2	31215789	31215884	-0.132694153655205	4.15713661465805E-12
ENSG00000145198	VWA5B2	chr3	183952450	183952496	-0.108111459737414	4.17425376759556E-12
ENSG00000179172	HNRNPCL1	chr1	12908225	12908256	-0.132731203651933	4.19046620379313E-12
ENSG00000125089	SH3TC1	chr4	8192975	8193034	-0.229367235539645	4.28304451924456E-12
ENSG00000222899	AL110292.1	chr14	27429551	27429584	-0.23804748267585	4.37621106445151E-12
ENSG00000188029	CTSL3P	chr9	90407937	90407970	-0.237321029551155	4.39909949674254E-12
ENSG00000227653	ISCA1P6	chr2	129284213	129284235	-0.116800835742252	4.44182877381234E-12
ENSG00000178287	SPAG11A	chr8	7706047	7706073	-0.184263604287017	4.44473052682322E-12
ENSG00000127561	SYNGR3	chr16	2039086	2039112	-0.107649593220024	4.46322497030972E-12
ENSG00000099800	TIMM13	chr19	2422323	2422387	-0.190070455561218	4.49029009214132E-12
ENSG00000244313	RP11-425L10.1	chr11	46449054	46449068	-0.126578073997614	4.50026846290915E-12
ENSG00000249510	KB-1247B1.1	chr8	95220765	95220779	-0.2385677121359	4.51692957558821E-12
ENSG00000175514	GPR152	chr11	67219218	67219288	-0.120032431771284	4.5266715103082E-12
LRG_204	LRG_204	chr4	52883875	52883909	-0.266313426348458	4.53977711667262E-12
ENSG00000168546	GFRA2	chr8	21581773	21581791	-0.309189413160092	4.57950669074817E-12
ENSG00000206895	Y_RNA	chr7	4850221	4850361	-0.280782724121824	4.78958942031001E-12
ENSG00000252373	RNU6-358P	chr5	31796687	31796737	-0.111474350624055	4.85899284869381E-12
ENSG00000255367	RP13-726E6.2	chr11	3498309	3498382	-0.185418984725645	4.93046572771816E-12
ENSG00000174137	FAM53A	chr4	1617382	1617399	-0.190529909903103	4.9587835731506E-12
ENSG00000227468	AL928742.12	chr14	106060971	106061070	-0.26884619695026	4.95890832555466E-12
ENSG00000260850	RP11-437L7.1	chr16	51360388	51360402	-0.341057064717259	4.99143522730524E-12
ENSG00000256390	AC092143.1	chr16	89982768	89982811	-0.296943808174753	5.00343540585272E-12
ENSG00000151014	CCRN4L	chr4	139932597	139932643	-0.248080515333979	5.02730629709466E-12
ENSG00000248522	SBF1P1	chr8	56362032	56362191	-0.120303183167464	5.03023543981536E-12
ENSG00000253570	RNF5P1	chr8	38504844	38504892	-0.160996558738455	5.08808634839293E-12
ENSG00000217258	AC007249.3	chr2	10634313	10634345	-0.248058584286881	5.28600736445616E-12
ENSG00000271959	CTD-3064M3.7	chr8	142450097	142450117	-0.204786398143797	5.30821950023278E-12
ENSG00000267649	CTD-2587H24.10	chr19	55721063	55721125	-0.266502965783924	5.47707543709732E-12
ENSG00000270996	RP11-342K6.4	chr2	76106198	76106238	-0.128814518080289	5.51213511910357E-12
ENSG00000260284	TPSP2	chr16	1338253	1338572	-0.209581768128824	5.52312232445427E-12
ENSG00000224795	AP003039.3	chr11	131533175	131533305	-0.150286958184089	5.53959680490562E-12
ENSG00000229140	CCDC26	chr8	130375106	130375148	-0.241304756871782	5.5632842877891E-12
ENSG00000231061	LINC00395	chr13	64261306	64261312	-0.170394266561484	5.66026130895453E-12
ENSG00000003987	MTMR7	chr8	17172320	17172345	-0.151716186245041	5.72504094202623E-12
ENSG00000128536	CDHR3	chr7	105603379	105603409	-0.152726365128812	5.90654165366454E-12
ENSG00000151849	CENPJ	chr13	25404145	25404192	-0.301573570474938	5.97361216499945E-12
ENSG00000261177	RP11-805I24.1	chr16	86122147	86122161	-0.223850125192716	6.08149412460698E-12
ENSG00000221486	AC000003.1	chr17	9929490	9929528	-0.240688334230733	6.09376485610132E-12
ENSG00000270182	RP1-170O19.21	chr7	27198268	27198499	-0.105837802286578	6.14216332777398E-12
ENSG00000257038	RP11-800A3.7	chr11	73007933	73008108	-0.101518290352623	6.23244601939607E-12
ENSG00000104237	RP1	chr8	55528166	55528193	-0.244247792398649	6.32324129484268E-12
ENSG00000259163	RP11-1078H9.5	chr14	91083534	91083536	-0.331264340702163	6.33712138462008E-12
ENSG00000125337	KIF25	chr6	168402294	168402336	-0.108762436640525	6.33822863973881E-12
ENSG00000213937	CLDN9	chr16	3059648	3059820	-0.240145575297785	6.44347251140601E-12
ENSG00000249105	RP11-25L5.2	chr4	58991085	58991154	-0.24818483107436	6.53842786431993E-12
ENSG00000167194	C16orf92	chr16	30034426	30034431	-0.216702941939311	6.57276531644075E-12
ENSG00000228585	AC073143.1	chr2	5465782	5465887	-0.148933027886845	6.60292753633038E-12
ENSG00000221766	AC084872.1	chr7	146485268	146485310	-0.226376945425815	6.6090578831985E-12
ENSG00000250173	RP11-661C8.3	chr5	980683	980774	-0.214156146931683	6.76542792463462E-12
ENSG00000066735	KIF26A	chr14	104647055	104647154	-0.212495085270097	6.77673023264407E-12
ENSG00000231062	AC103563.9	chr2	95723375	95723409	-0.164159966435708	6.83764993037907E-12
ENSG00000232056	AC092687.4	chr2	10984502	10984543	-0.209192110838239	6.86586230851956E-12
ENSG00000237821	AC083873.4	chr7	132855327	132855346	-0.132135512298566	6.90573969137371E-12
ENSG00000167037	SGSM1	chr22	25233619	25233638	-0.276653726480442	6.91131215240285E-12
ENSG00000175294	CATSPER1	chr11	65784144	65784188	-0.137305545635901	6.95743624381922E-12
ENSG00000100376	FAM118A	chr22	45704902	45705042	-0.1215039941078	6.98409600342163E-12
ENSG00000167992	VWCE	chr11	61025767	61025849	-0.322127682076386	6.98737095832044E-12
ENSG00000171298	GAA	chr17	78073394	78073493	-0.157287460084828	6.99891461470597E-12
ENSG00000233009	NALCN-AS1	chr13	101331257	101331348	-0.23644027623222	7.04920656831555E-12
ENSG00000269014	CTB-147N14.4	chr19	47333884	47333932	-0.166718826127238	7.07962700398349E-12
ENSG00000260661	RP11-152L20.3	chr15	92634839	92634946	-0.219507256975071	7.12620410915961E-12
ENSG00000254487	RP11-707M1.7	chr11	49841350	49841354	-0.228172225620494	7.19679106881429E-12
ENSG00000261742	LINC00922	chr16	65318628	65318677	-0.29259674945139	7.4925726720047E-12
ENSG00000149305	HTR3B	chr11	113775781	113775821	-0.299843462795221	7.56936342777306E-12
ENSG00000267937	AP001421.1	chr21	38919577	38919609	-0.287859609261385	7.57032462843708E-12

ENSG00000178928	TPRX1	chr19	48306453	48306551	-0.235881246319022	7.600562863282E-12
ENSG00000213370	RANP6	chr4	174638253	174638255	-0.152417275325301	7.67649461584107E-12
ENSG00000240914	RPL15P2	chr14	95267479	95267602	-0.199390849221789	7.77059842297084E-12
ENSG00000258513	RP5-892G5.2	chr14	74681110	74681114	-0.15239064934031	7.78887019795697E-12
ENSG00000270753	RP11-693I21.1	chr11	96948976	96949024	-0.177378885818123	7.80176832482037E-12
ENSG00000163931	PRTN3	chr19	840640	840681	-0.139392856673192	7.83325058297881E-12
ENSG00000196167	COLCA1	chr11	111154904	111155078	-0.23184908002443	7.89544307018488E-12
ENSG00000164949	GEM	chr8	95271502	95271543	-0.228419627892587	8.00799384389655E-12
ENSG00000120160	EQTN	chr9	27282643	27282699	-0.265880041924855	8.32496629374747E-12
ENSG00000186439	TRDN	chr6	123524271	123524319	-0.243694688909448	8.38773800295253E-12
ENSG00000102572	STK24	chr13	99096469	99096562	-0.151533142074652	8.43560727101571E-12
ENSG00000163931	TKT	chr3	53277371	53277406	-0.27328830417033	8.43993507736661E-12
ENSG00000252512	RNA5SP206	chr6	32046822	32046861	-0.118092058085628	8.44410781128648E-12
ENSG00000220984	AC025674.1	chr8	58117739	58117850	-0.105097237140124	8.59682544615273E-12
ENSG00000223883	RP11-424D14.1	chr1	69329509	69329555	-0.190644011766676	8.64437595482487E-12
ENSG00000253079	NRON	chr9	129148611	129148640	-0.14815215128972	8.65631129100868E-12
ENSG00000248452	RP11-324H7.1	chr4	26041141	26041155	-0.368182727293701	8.68995037167961E-12
ENSG00000225856	PCNPP2	chr9	91559018	91559060	-0.169427135021846	8.69387547824183E-12
ENSG00000232540	RPL36P19	chr13	43971194	43971210	-0.141058951936738	8.70483200569751E-12
ENSG00000249680	TUBA3GP	chr22	21422170	21422197	-0.138740896103308	8.7130392408303E-12
ENSG00000206113	RP11-503N18.1	chr4	2431781	2432327	-0.250663884094316	8.76333161873515E-12
ENSG00000244176	RP11-810P12.1	chr11	61781111	61781116	-0.21362762414754	8.92962101856745E-12
ENSG00000125484	GTF3C4	chr9	135513667	135513688	-0.248642355818365	9.13535938381783E-12
ENSG00000267432	RP11-559N14.5	chr17	76464884	76464932	-0.224387221957426	9.17536264594712E-12
ENSG00000270269	RP11-697H9.4	chr11	63399402	63399475	-0.343284387047671	9.28349054811341E-12
ENSG00000265722	AC099326.1	chr3	69969389	69969411	-0.215581632229962	9.37144983006447E-12
ENSG00000180644	PRF1	chr10	72357669	72357704	-0.126043283181867	9.37395391525556E-12
LRG_94	LRG_94	chr10	72357669	72357704	-0.126043283181867	9.37395391525556E-12
ENSG00000265717	RP11-94B19.7	chr18	73966537	73966584	-0.175224833746166	9.43289178746706E-12
ENSG00000154102	C16orf74	chr16	85730838	85730845	-0.113817559974336	9.56078864947843E-12
ENSG00000224568	AC096669.3	chr2	108152534	108152545	-0.119693726580834	9.68194043106944E-12
ENSG00000228392	RP11-343J18.1	chr9	128996369	128996438	-0.101383525489103	9.74040566317831E-12
ENSG00000177338	LINC00469	chr17	71744924	71744957	-0.273529668315898	9.82620208817677E-12
ENSG00000258676	RP11-386M24.3	chr15	93128551	93128582	-0.185020309656843	9.97912005971953E-12
ENSG00000231276	E2F4P1	chr6	39508479	39508527	-0.138284069393297	1.01320516213083E-11
ENSG00000258436	RNASE12	chr14	21059875	21059948	-0.305363805609579	1.01567999922758E-11
ENSG00000207713	MIR200C	chr12	7072594	7072696	-0.215026330470648	1.03217382595411E-11
ENSG00000178209	PLEC	chr8	144973609	144973721	-0.403680687284811	1.03830421414006E-11
ENSG00000179407	DNAJB8	chr3	128181808	128181889	-0.111507282960452	1.03872048829456E-11
ENSG00000244099	RPS23P3	chr4	67224515	67224527	-0.324085131954558	1.04839073608026E-11
ENSG00000235403	AC114808.3	chr2	1093442	1093480	-0.117986003354681	1.06351769573256E-11
ENSG00000214872	SMTNL1	chr11	57308952	57308986	-0.220119306814098	1.09103592795654E-11
ENSG00000167264	DUS2	chr16	68024776	68024878	-0.131179871904465	1.0935888924483E-11
ENSG00000005381	MPO	chr17	56345867	56345909	-0.207093794214166	1.09993701919914E-11
LRG_84	LRG_84	chr17	56345867	56345909	-0.207093794214166	1.09993701919914E-11
ENSG00000227039	ITGB2-AS1	chr21	46323875	46323981	-0.143716647591391	1.11553450856849E-11
ENSG00000132554	RG52	chr8	100974578	100974617	-0.24208028773569	1.12250821726532E-11
ENSG00000091157	WDR7	chr18	54309429	54309442	-0.200752489224149	1.12291412662793E-11
ENSG00000199540	Y_RNA	chr5	143226	143262	-0.132736000586969	1.12300763506588E-11
ENSG00000273423	OR13I1P	chr9	107404199	107404235	-0.217634517700994	1.13245522128098E-11
ENSG00000156675	RAB11FIP1	chr8	37708578	37708634	-0.269844800656483	1.13322525689295E-11
ENSG00000254885	RP11-802F5.1	chr11	78900896	78900905	-0.359217726216885	1.13390808128629E-11
ENSG00000121281	ADCY7	chr16	50293466	50293478	-0.245579553513088	1.14423620306399E-11
ENSG00000182870	GALNT9	chr12	132680827	132680872	-0.15246333597268	1.15226844952141E-11
ENSG00000269919	RP1-134E15.3	chr6	106582653	106582731	-0.121006646535693	1.1534108943508E-11
ENSG00000202560	MIR539	chr14	101513748	101513838	-0.169189067102426	1.17456524372756E-11
ENSG00000254586	RP11-358H18.3	chr11	17667381	17667399	-0.216370933172154	1.19287239223215E-11
ENSG00000255251	PRR23D1	chr8	7384171	7384185	-0.263691427833899	1.20693941300453E-11
ENSG00000199151	MIR337	chr14	101340928	101341010	-0.17279888530183	1.20749627161654E-11
ENSG00000224167	RP3-522D1.1	chr1	113392684	113392702	-0.105716970070992	1.21251225513836E-11
ENSG00000152939	MARVELD2	chr5	68711706	68711721	-0.111484489521879	1.21751372625573E-11
ENSG00000109193	SULT1E1	chr4	70697398	70697486	-0.163690333759715	1.2216984877836E-11
ENSG00000175874	CREG2	chr2	101958965	101958993	-0.159366963745154	1.22684130491177E-11
ENSG00000250640	RP11-7O20.4	chr11	15056977	15057012	-0.125520337670508	1.23497941936976E-11
ENSG00000213307	RPL18P11	chr15	78953399	78953501	-0.107840087416036	1.25621752612272E-11
ENSG00000249882	RP11-665I14.1	chr4	31444023	31444075	-0.193667594859435	1.2683491897244E-11
ENSG00000126262	FFAR2	chr19	35940931	35940977	-0.316471510232685	1.27148390597268E-11
ENSG00000264182	AC126763.1	chr16	15308600	15308708	-0.302129749778141	1.27497328495139E-11
ENSG00000258479	LINC00640	chr14	51794989	51795024	-0.379191483824059	1.27806308182709E-11

ENSG00000213787	RPL7AP38	chr7	26897727	26897760	-0.108366884559983	1.28100462133511E-11
ENSG0000088827	SIGLEC1	chr20	3660119	3660161	-0.246002305402377	1.30026496664073E-11
ENSG00000204231	RXRB	chr6	33158490	33158538	-0.1928990429579	1.30040494816503E-11
ENSG0000064042	LIMCH1	chr4	41361623	41361628	-0.179644173600849	1.30211927122237E-11
ENSG00000235264	RPL5P28	chr10	134955748	134955799	-0.11626499063613	1.30305160986764E-11
ENSG00000239224	RN7SL546P	chr14	103040852	103040855	-0.303339019850409	1.30518586403433E-11
ENSG00000207849	AC108867.1	chr4	136293417	136293479	-0.14077218610533	1.31078602937532E-11
ENSG00000212319	Y_RNA	chr3	101351123	101351145	-0.335782291196271	1.32820404467029E-11
ENSG00000166800	LDHAL6A	chr11	18476112	18476131	-0.281813751113156	1.32933374375406E-11
ENSG00000250706	RP11-18H21.2	chr4	153091395	153091445	-0.270988531515855	1.33192222991508E-11
ENSG00000145626	UGT3A1	chr5	35946153	35946312	-0.144383323451299	1.34264000571172E-11
ENSG00000156886	ITGAD	chr16	31405148	31405226	-0.315530257157037	1.37609280465163E-11
ENSG00000249729	RP11-55C6.1	chr4	44829992	44830018	-0.271871903529799	1.38837900994832E-11
ENSG00000124019	FAM124B	chr2	225276960	225276994	-0.268246861289622	1.42741137288167E-11
ENSG00000254751	TRIM64DP	chr11	89510202	89510221	-0.156562594801833	1.44681959136397E-11
ENSG00000197595	C13orf35	chr13	113305893	113305901	-0.226362872112679	1.45537485242879E-11
ENSG00000261549	RP11-320A16.1	chr15	89533560	89533596	-0.157457954628025	1.4661723105542E-11
ENSG00000227370	RP4-669P10.19	chr22	42525650	42525901	-0.206687813503859	1.46696908892723E-11
ENSG00000246115	RP11-561P12.2	chr12	8665023	8665061	-0.152386352941796	1.49517151316322E-11
ENSG00000228777	RP11-282C5.1	chr6	116037171	116037207	-0.137750055208817	1.50672653815679E-11
ENSG00000131148	EMC8	chr16	85801768	85801780	-0.248342557763792	1.52365045006028E-11
ENSG00000253542	SDR16C6P	chr8	57309109	57309145	-0.204751681777238	1.52616518790024E-11
ENSG00000226549	SCDP1	chr17	20688695	20688742	-0.168703076033228	1.53197063304425E-11
ENSG00000255469	RP11-725K16.2	chr11	102746216	102746236	-0.173736253131887	1.5396278495988E-11
ENSG00000260416	RP5-963E22.5	chr20	61757826	61757876	-0.201257094803339	1.54371538806749E-11
ENSG00000185697	MYBL1	chr8	67468013	67468056	-0.227183765025079	1.55077327738936E-11
ENSG00000221882	OR3A2	chr17	3181483	3181523	-0.200413594418411	1.55748844244986E-11
ENSG00000112799	LY86	chr6	6614405	6614447	-0.165222757171508	1.57161162826371E-11
ENSG00000184999	SLC22A10	chr11	62903717	62903753	-0.312458384002783	1.63008661790522E-11
ENSG00000270763	RP11-122G11.1	chr7	49485929	49485968	-0.14753910865509	1.66504566197358E-11
ENSG00000239839	DEFA3	chr8	6875590	6875643	-0.253516340478046	1.66677553908683E-11
ENSG00000268472	AP002884.2	chr11	112126170	112126301	-0.346524953481652	1.68910148788094E-11
ENSG00000230997	RAB42P1	chr14	90323691	90323701	-0.427228697575643	1.69502295778909E-11
ENSG00000154358	OBSCN	chr1	228403247	228403357	-0.170120633405433	1.73165353619721E-11
ENSG00000207742	MIR382	chr14	101520662	101520698	-0.174420358264385	1.74453742068178E-11
ENSG00000212382	RNU6-159P	chr16	27900716	27900729	-0.261363837589992	1.75887784071689E-11
ENSG00000114554	PLXNA1	chr3	126755839	126755878	-0.340448983679913	1.76123468329874E-11
ENSG00000188277	C15orf62	chr15	41062273	41062361	-0.130697008216373	1.7628315115458E-11
ENSG00000230613	HM13-AS1	chr20	30158815	30158833	-0.375896784370156	1.76737610832531E-11
ENSG00000258929	RP11-58E21.3	chr14	50474012	50474055	-0.164152275207687	1.77299870660633E-11
ENSG00000272263	RP11-767C1.2	chr3	12856783	12856846	-0.131458839528181	1.77556810385866E-11
ENSG00000255177	RP11-532E4.2	chr11	1258451	1258590	-0.127478563689166	1.78172812311027E-11
ENSG00000176438	SYNE3	chr14	95883644	95883697	-0.128589942985867	1.80667799277904E-11
ENSG00000248467	CTD-2161F6.1	chr5	4838802	4838839	-0.152242317045776	1.82027007276126E-11
ENSG00000197162	ZNF785	chr16	30584516	30584548	-0.21247181643828	1.82289913998322E-11
ENSG00000185966	LCE3E	chr1	152538500	152538540	-0.201941989572313	1.82558382437231E-11
ENSG00000264303	ACO11410.1	chr5	171190134	171190169	-0.190975829285767	1.83069070439543E-11
ENSG00000161649	CD300LG	chr17	41919711	41919753	-0.365041839244742	1.85151262434808E-11
ENSG00000243537	CTC-458A3.1	chr8	134310718	134310744	-0.229371713115655	1.87161941823687E-11
ENSG00000100401	RANGAP1	chr22	41636917	41636964	-0.225460197132273	1.89338315620149E-11
ENSG00000234235	BOK-AS1	chr2	242484669	242484705	-0.269808931533552	1.89362759319915E-11
ENSG00000260702	LA16c-349E11.1	chr16	1154868	1155315	-0.160906935154952	1.90781986891854E-11
ENSG00000211895	IGHA1	chr14	106173435	106173438	-0.129617338366234	1.90869323495076E-11
ENSG00000147813	NAPRT1	chr8	144656976	144657058	-0.204465492650978	1.91383599091317E-11
ENSG00000263926	MIR4462	chr6	37544512	37544552	-0.20333113979947	1.95287535706902E-11
ENSG00000221036	MIR1193	chr14	101496416	101496467	-0.149833356575713	1.95591705962482E-11
ENSG00000222749	AL021398.1	chr1	177225876	177225895	-0.298209282229193	1.96337720936348E-11
ENSG00000141519	CCDC40	chr17	78038021	78038042	-0.167498904946394	2.00365042915243E-11
ENSG00000228992	RPL5P32	chr15	28212856	28212896	-0.139983798587416	2.00796273121271E-11
ENSG00000127241	MASP1	chr3	186953682	186953749	-0.120929570929726	2.02052049843945E-11
ENSG00000197562	RAB40C	chr16	644048	644185	-0.168950216527936	2.04285741700271E-11
ENSG00000255129	RP11-839D17.3	chr11	113145782	113145818	-0.244875605962562	2.05481552512917E-11
ENSG00000092096	SLC22A17	chr14	23815715	23815744	-0.13590026941495	2.05866208702741E-11
ENSG00000267019	NTF6A	chr19	49529092	49529139	-0.181876821782983	2.0847278915939E-11
ENSG00000170345	FOS	chr14	75748325	75748341	-0.353460719458216	2.11378500391781E-11
ENSG00000248448	COX5BP1	chr4	82813578	82813597	-0.197989783724744	2.12354231176739E-11
ENSG00000260731	KRT8P22	chr16	78083894	78083915	-0.370334813246245	2.12990101594754E-11
ENSG00000106003	LFNG	chr7	2551462	2551498	-0.118280950934023	2.13289249368043E-11
ENSG00000169035	KLK7	chr19	51487360	51487386	-0.121498905565259	2.1388647921573E-11

ENSG00000175520	UBQLN3	chr11	5530614	5530631	-0.151514023243979	2.14391114425045E-11
ENSG00000137648	TMPRSS4	chr11	117947832	117947877	-0.167611519889468	2.1566869424763E-11
ENSG00000214108	TPT1P5	chr5	31908374	31908456	-0.104836005291158	2.16511095487377E-11
ENSG00000205018	RP11-830F9.6	chr16	89005117	89005143	-0.247575627224102	2.17302609216134E-11
ENSG00000270328	RP11-33E15.1	chr8	57701690	57701701	-0.278091558759731	2.18449853847587E-11
ENSG00000185681	MORN5	chr9	124923414	124923450	-0.139870086103379	2.19038322561859E-11
ENSG00000253198	RP11-643N23.1	chr8	43828052	43828061	-0.257942200891555	2.21234368909826E-11
ENSG00000186532	SMYD4	chr17	1675326	1675375	-0.207296438083644	2.23676131187669E-11
ENSG00000238595	snoU13	chr8	76823108	76823133	-0.342107654103224	2.23788060550489E-11
ENSG00000224347	SCEL-AS1	chr13	78168183	78168218	-0.238989377487191	2.25750145581125E-11
ENSG00000229719	MIR194-2	chr11	64658709	64658819	-0.265687055514845	2.28518041363312E-11
ENSG00000206761	U3	chr14	101626696	101626705	-0.170043511073407	2.29083719011803E-11
ENSG00000188386	PPP3R2	chr9	104357881	104357997	-0.157796332318301	2.29465221764724E-11
ENSG00000223872	AC006372.5	chr7	157292008	157292036	-0.177956306676219	2.36036242483661E-11
ENSG00000238854	SNORD5	chr8	142456118	142456199	-0.153782240772952	2.40454029050517E-11
ENSG00000256955	RP11-417L19.2	chr12	132338698	132338819	-0.218948245263887	2.45579716497025E-11
ENSG00000224001	RP11-270F18.2	chr9	101011633	101011636	-0.27234654152565	2.45937804335519E-11
ENSG00000238455	snoU13	chr13	57232197	57232258	-0.149093124697023	2.47704496240556E-11
ENSG00000178734	C13orf45	chr13	76445108	76445152	-0.143053485793592	2.48604820727313E-11
ENSG00000075568	TMEM131	chr2	98354342	98354386	-0.122793999790934	2.51287576312206E-11
ENSG00000252759	Y_RNA	chr2	201730544	201730594	-0.156620880160532	2.53907488387342E-11
ENSG00000248907	MTND2P33	chr4	156382279	156382376	-0.137509726118978	2.56380823857079E-11
ENSG00000184795	UNC93B5	chr11	67482408	67482430	-0.168927603936078	2.57454277595066E-11
ENSG00000263392	AC084262.2	chr8	29157153	29157159	-0.161328718760917	2.59896737044724E-11
ENSG00000198176	TFDP1	chr13	114220688	114220808	-0.119755765325316	2.6346734124271E-11
ENSG00000263257	RP11-65J21.4	chr16	14500053	14500157	-0.160844570186673	2.6346790113628E-11
ENSG00000147869	CER1	chr9	14720157	14720207	-0.144947771393722	2.63601624006842E-11
ENSG00000253713	CTC-264O10.2	chr5	166491396	166491444	-0.198813225806832	2.63603141220449E-11
ENSG00000183785	TUBA8	chr22	18597940	18597979	-0.326461310609643	2.65658600932022E-11
ENSG00000137440	FGFBP1	chr4	15940033	15940075	-0.148999258873847	2.65429988505207E-11
ENSG00000213068	RP11-277B15.1	chr1	167131969	167132065	-0.215765971400915	2.66607699258914E-11
ENSG00000141574	SECTM1	chr17	80278862	80279083	-0.208517795110764	2.68319915013484E-11
ENSG00000110651	CD81	chr11	2397303	2397323	-0.151057014268495	2.68347331664513E-11
ENSG00000221672	Z97351.1	chr22	47426771	47426874	-0.220160137040449	2.69688509954664E-11
ENSG00000265583	AC011994.1	chr2	11752947	11752987	-0.274515877751575	2.717532083852E-11
ENSG00000226145	AC022596.6	chr17	16722280	16722310	-0.147326698605775	2.76026453660351E-11
ENSG00000102854	MSLN	chr16	810643	810757	-0.133003475814407	2.80402536960937E-11
ENSG00000225806	RP1-309F20.3	chr20	57443952	57444022	-0.293397556340756	2.81577280258821E-11
ENSG00000265154	MIR151B	chr14	100563751	100563942	-0.142864692299841	2.82995600873943E-11
ENSG00000109618	SEPSECS	chr4	25098917	25098938	-0.264108417829649	2.83440660079425E-11
ENSG00000255181	CCDC166	chr8	144786340	144786427	-0.153608271651661	2.83550647652997E-11
ENSG00000165478	HEPACAM	chr11	124788965	124789005	-0.326433061194862	2.83885589701884E-11
ENSG00000237614	AC073257.2	chr2	121303819	121303879	-0.430189983606954	2.86959492659528E-11
ENSG00000253606	AFG3L2P1	chr8	43125983	43125995	-0.260978252897538	2.87584377969728E-11
ENSG00000253523	RP11-1112C15.2	chr8	58926606	58926631	-0.148952751833539	2.8799707341638E-11
ENSG00000207648	MIR192	chr11	64658578	64658622	-0.268403500255821	2.92119026111788E-11
ENSG00000165695	AK8	chr9	135584293	135584306	-0.102990200867308	2.92522631320096E-11
ENSG00000175315	CST6	chr11	65780886	65780931	-0.126445188310698	2.92647785949545E-11
ENSG00000221614	MIR1185-2	chr14	101510612	101510625	-0.133959051940129	2.95107032614489E-11
ENSG00000197641	SERPINB13	chr18	61254447	61254480	-0.163825409138817	3.05221102895647E-11
ENSG00000251449	MTND1P19	chr4	93646144	93646249	-0.191604189617181	3.05433175736803E-11
ENSG00000198216	CACNA1E	chr1	181382796	181382877	-0.133478651725547	3.05726436473629E-11
ENSG00000204922	C11orf83	chr11	62437615	62437628	-0.150362824148048	3.06122204497959E-11
ENSG00000213714	FAM209B	chr20	55107741	55107863	-0.179964331206127	3.08567852163189E-11
ENSG00000265812	AC007040.1	chr2	71247051	71247096	-0.159361514102846	3.10157328916235E-11
ENSG00000264527	WI2-1959D15.1	chr9	139145860	139145927	-0.14410186243599	3.12080953329328E-11
ENSG00000253408	RP11-231D20.2	chr8	42103037	42103068	-0.24994130509247	3.20027234153905E-11
ENSG00000163612	FAM86KP	chr4	9157041	9157088	-0.226491148685221	3.22673795083424E-11
ENSG00000239390	RN7SL87P	chr5	143425046	143425095	-0.193238928189439	3.24140608152157E-11
ENSG00000239050	AL354741.1	chr13	107687112	107687169	-0.102689206147072	3.26208071605374E-11
ENSG00000204603	RP11-638F5.1	chr12	131624434	131624452	-0.161572961479667	3.34735691214109E-11
ENSG00000252839	RNU6-419P	chr14	73716853	73716875	-0.250660039113742	3.3727894650085E-11
ENSG00000252582	SNORA31	chr9	133901224	133901267	-0.147925857783809	3.37908924429869E-11
ENSG00000254564	RP11-787P24.2	chr11	23462960	23462987	-0.182389681775398	3.39506496619711E-11
ENSG00000249820	RP11-503I22.2	chr3	133131423	133131452	-0.252142892190279	3.41659666117211E-11
ENSG00000253287	RP11-281N10.1	chr8	72650106	72650164	-0.276970906064713	3.44672735079383E-11
ENSG00000249564	RP11-390C19.1	chr4	29913146	29913154	-0.151581196193485	3.54880984369551E-11
ENSG00000139714	MORN3	chr12	122092133	122092260	-0.24842130035165	3.55617914341183E-11
ENSG00000254925	OR4C9P	chr11	48486168	48486173	-0.280557074444051	3.58694604093886E-11

ENSG00000259159	MFRP	chr11	119217288	119217331	-0.225723904366358	3.60708855052154E-11
ENSG00000160882	CYP11B1	chr8	143961291	143961303	-0.160442380450578	3.61654932427972E-11
ENSG00000248430	HMGB3P16	chr5	111779743	111779805	-0.130455941887004	3.63595561137074E-11
ENSG00000238558	RNU7-21P	chr9	135861624	135861684	-0.204327804659334	3.64560626863819E-11
ENSG00000196923	PDLIM7	chr5	176901701	176901742	-0.171214774505761	3.67099485273317E-11
ENSG00000146205	ANO7	chr2	242128743	242128813	-0.329636039585408	3.68384870398842E-11
ENSG00000259792	RP11-114H24.6	chr15	78286500	78286548	-0.24517896798761	3.70715777207066E-11
ENSG00000226566	RP11-436F21.1	chr9	106245864	106246113	-0.145959881766481	3.71130732356318E-11
ENSG00000232954	LINC00374	chr13	58891951	58892035	-0.12007640622139	3.72071144622455E-11
ENSG00000197915	HRNR	chr1	152193480	152193530	-0.105062272019291	3.76002680665742E-11
ENSG00000240687	RP11-521D12.1	chr2	9788909	9788946	-0.308402514833072	3.80109977404875E-11
ENSG00000253960	RP11-388K12.1	chr8	94230235	94230311	-0.31887832106208	3.82542123966006E-11
ENSG00000252814	RN7SKP233	chr16	76342784	76342806	-0.261393353399592	3.92354320497979E-11
ENSG00000144488	ESPNL	chr2	239023528	239023571	-0.10169190073404	3.99639861692256E-11
ENSG00000223729	RP11-145E17.2	chr9	137187275	137187412	-0.131492243455785	4.0361165472084E-11
ENSG00000235713	RP4-604G5.3	chr7	99590079	99590116	-0.215404629976296	4.06908516822823E-11
ENSG00000175497	DPP10	chr2	115367604	115367652	-0.228279078759096	4.09017699794377E-11
ENSG00000260540	FAM108A9P	chr16	32212396	32212446	-0.146504715526644	4.17723281665828E-11
ENSG00000204610	TRIM15	chr6	30130914	30130941	-0.155246057682138	4.19431984184543E-11
ENSG00000147408	CSGALNACT1	chr8	19295696	19295708	-0.249504597971416	4.2375375013263E-11
ENSG00000240405	RP11-460N16.1	chr3	70048666	70048700	-0.107161351836582	4.26015665581989E-11
ENSG00000201665	RN7SKP6	chr13	57475964	57475973	-0.177057852026365	4.34845491498943E-11
ENSG00000260511	RP11-556H2.2	chr16	79155855	79155876	-0.122877197358392	4.35301890561037E-11
ENSG00000215912	TTC34	chr1	2585588	2585624	-0.161228657285891	4.35917760442383E-11
ENSG00000183186	C2CD4C	chr19	406132	406262	-0.131344927332577	4.53012316059483E-11
ENSG00000228695	CES1P1	chr16	55791261	55791285	-0.171716421642215	4.54414958153077E-11
ENSG00000254317	RP11-473O4.5	chr8	130832237	130832286	-0.125650702023204	4.55666008015437E-11
ENSG00000103197	TSC2	chr16	2104991	2105310	-0.192230827367459	4.68643961706938E-11
ENSG00000271977	AC226119.4	chr4	3926846	3926899	-0.232656011743742	4.70451161539662E-11
ENSG00000232172	RP11-57C19.2	chr9	133531191	133531230	-0.205686190217502	4.84086860698419E-11
ENSG00000254715	OR7E154P	chr8	7564384	7564472	-0.153612290443448	4.88863486337289E-11
ENSG00000137573	SULF1	chr8	70378740	70378760	-0.189579692184235	4.99176242835942E-11
ENSG00000263935	RP11-674N23.2	chr18	8662626	8662694	-0.15710657937874	5.07756398178391E-11
ENSG00000225603	RP11-325P15.1	chr1	146522867	146522905	-0.104218218469383	5.22067147265478E-11
ENSG00000206867	RNU6-356P	chr8	40951391	40951436	-0.246064523023681	5.26714992605007E-11
ENSG00000183318	SPDYE4	chr17	8661641	8661683	-0.143727243603071	5.26998543397703E-11
ENSG00000255311	RP11-160H12.2	chr11	83404480	83404519	-0.397380148166061	5.27687889036026E-11
ENSG00000265890	RN7SL537P	chr18	7012413	7012418	-0.239786053718993	5.33639111250375E-11
ENSG00000253282	KB-1410C5.3	chr8	102300334	102300350	-0.267486869140413	5.3639980396954E-11
ENSG00000160202	CRYAA	chr21	44589270	44589293	-0.111996876331706	5.37438826613223E-11
ENSG00000112539	C6orf118	chr6	165714717	165714764	-0.101159897086549	5.4012095896984E-11
ENSG00000206384	COL6A6	chr3	130266366	130266411	-0.103884400322694	5.5431152678071E-11
ENSG00000186103	ARGFX	chr3	121285833	121285880	-0.248991154254146	5.68709669493103E-11
ENSG00000228286	AP000593.5	chr11	71962713	71962762	-0.247028510667217	5.71467498445124E-11
ENSG00000254880	RP11-687M24.5	chr11	125017462	125017481	-0.288071655448715	5.73095231858798E-11
ENSG00000200757	SNORD115-16	chr15	25443938	25443975	-0.14353018755669	5.74574264030708E-11
ENSG00000231915	SALL4P5	chr3	23031370	23031426	-0.113448600754052	5.77860428113264E-11
ENSG00000246792	RP11-68L18.1	chr8	91683243	91683254	-0.349933319194983	5.82298278728488E-11
ENSG00000221864	KRTAP12-2	chr21	46086632	46086674	-0.190817662558195	5.82406049690045E-11
ENSG00000167103	PIP5KL1	chr9	130686300	130686306	-0.221043522035864	5.83898176257872E-11
ENSG00000254223	RP11-419K12.1	chr8	130698148	130698154	-0.17161781703832	5.84890104421638E-11
ENSG00000267573	KRT8P5	chr18	41901037	41901087	-0.12036532059114	5.85212504337789E-11
ENSG00000109927	TECTA	chr11	129973007	129973085	-0.120006296805004	5.8565231957242E-11
ENSG00000251003	RP11-152P17.2	chr8	106810990	106810999	-0.19993657861055	5.8932560848036E-11
ENSG00000159403	C1R	chr12	7188474	7188497	-0.194534262954043	5.91272564731585E-11
ENSG00000100596	SPTLC2	chr14	77968321	77968369	-0.237657591181853	5.91444719743038E-11
LRG_371	LRG_371	chr14	77968321	77968369	-0.237657591181853	5.91444719743038E-11
ENSG00000255404	RP11-770G2.5	chr11	65565275	65565292	-0.143650185133158	5.92033753602844E-11
ENSG00000136378	ADAMTS7	chr15	79049626	79049674	-0.161795712074062	6.05705457823883E-11
ENSG00000263443	RP11-973F15.2	chr8	123734111	123734170	-0.211031635782628	6.13309038739717E-11
ENSG00000203306	AP001007.1	chr11	124961633	124961654	-0.100372906454953	6.14721812832857E-11
ENSG00000206905	Y_RNA	chr1	180491446	180491488	-0.170607254218009	6.17531284906848E-11
ENSG00000253569	VENTXP5	chr8	33580365	33580624	-0.108659818983241	6.19858932654983E-11
ENSG00000198300	PEG3	chr19	57335765	57335807	-0.142634760783378	6.22166218945535E-11
ENSG00000205015	RP11-46C24.3	chr16	89231518	89231524	-0.239218346890062	6.37435069973684E-11
ENSG00000227706	RP11-301G19.1	chr6	68535598	68535663	-0.143911742614685	6.38455807094706E-11
ENSG00000250332	CTD-2272G21.2	chr5	23304160	23304205	-0.210184721736444	6.43781803835231E-11
ENSG00000200406	SNORD114-23	chr14	101450237	101450261	-0.131635129008817	6.46678417605279E-11
ENSG00000263565	MIR4738	chr17	73780263	73780319	-0.147263094566377	6.49966099306095E-11

ENSG00000141086	CTRL	chr16	67962077	67962095	-0.188921808968693	6.53064175297032E-11
ENSG00000236760	AC019118.3	chr2	3111254	3111289	-0.120486667713907	6.62268141167343E-11
ENSG00000207558	MIR487A	chr14	101518759	101518815	-0.145312075050018	6.62516646682633E-11
ENSG00000267737	AC061992.2	chr17	76312398	76312431	-0.194182387695106	6.66389922749345E-11
ENSG00000230123	DLEC1P1	chr3	38358104	38358147	-0.222302322410097	6.83290064605045E-11
ENSG00000187534	CTC-471F3.4	chr19	40420037	40420083	-0.214643478419696	6.87490015876813E-11
ENSG00000234646	RP4-753D10.3	chr20	23006165	23006193	-0.158923920535746	6.95192064638481E-11
ENSG00000254946	RP11-531H8.1	chr11	15581327	15581349	-0.321235580547307	6.9679400819421E-11
ENSG00000260426	RP5-912I13.1	chr7	155193173	155193218	-0.139824450805596	7.08490953223702E-11
ENSG00000260139	CSPG4P13	chr15	78189074	78189163	-0.189128200315981	7.09733713224375E-11
ENSG00000273408	OR5B15P	chr11	58158189	58158230	-0.121386920552162	7.10304143181405E-11
ENSG00000240801	AC132217.4	chr11	2150895	2151005	-0.136020849003579	7.12362070926976E-11
ENSG00000233542	RP11-547D24.1	chr1	1946688	1946719	-0.160237349969507	7.23977818172849E-11
ENSG00000254255	CTD-2008O4.1	chr8	132752206	132752232	-0.305300788251612	7.28018123796732E-11
ENSG00000151360	ALLC	chr2	3697330	3697421	-0.10018669181006	7.28479089113251E-11
ENSG00000075239	ACAT1	chr11	107986382	107986390	-0.235418616562044	7.28793546063617E-11
ENSG00000233970	AC092159.3	chr2	691012	691055	-0.25120894061505	7.34550291053715E-11
ENSG00000268332	AL035406.1	chr1	6106285	6106305	-0.183589402822801	7.4779717047193E-11
ENSG00000235007	RP11-344B5.4	chr9	132019379	132019412	-0.187814017736424	7.50817749268536E-11
ENSG00000258681	RP11-8L8.1	chr14	101699939	101700027	-0.232539992863444	7.57571505564283E-11
ENSG00000254431	RP11-550A5.2	chr8	126398595	126398607	-0.229306020992252	7.63864181884752E-11
ENSG00000165071	TMEM71	chr8	133699762	133699818	-0.139841932467981	7.65275847891901E-11
ENSG00000254734	CTD-3138F19.1	chr11	29734270	29734310	-0.172967773454324	7.69021838841072E-11
ENSG00000236983	LINC00614	chr10	27233422	27233451	-0.142916997983349	7.73487388231317E-11
ENSG00000182372	CLN8	chr8	1703989	1704090	-0.245272326585099	7.74137207669047E-11
ENSG00000163739	CXCL1	chr4	74735901	74735924	-0.10822584129323	7.7673402037629E-11
ENSG00000205865	FAM99B	chr11	1704496	1704507	-0.249177049411819	7.78527220394381E-11
ENSG00000182902	SLC25A18	chr22	18043343	18043389	-0.124849319755871	7.79633483021278E-11
ENSG00000276069	RP11-64C12.8	chr18	12291208	12291286	-0.229616126159903	7.7976264729603E-11
ENSG00000265869	RP11-76K13.2	chr18	7038921	7038943	-0.253763318861597	7.82188106995923E-11
ENSG00000130592	LSP1	chr11	1874246	1874266	-0.141587055034878	7.83195112877703E-11
ENSG00000200564	SNORD115-39	chr15	25485968	25486009	-0.157906828907066	7.88522597736402E-11
ENSG00000143001	TMEM61	chr1	55416921	55416970	-0.166992101726129	7.94593832388645E-11
ENSG00000259907	RP6-91H8.2	chr14	71632612	71632634	-0.173750740380327	7.96832919513658E-11
ENSG00000141448	GATA6	chr18	19752118	19752362	-0.14503607523024	8.06365351109132E-11
ENSG00000197461	PDGFA	chr7	544410	544533	-0.212307647158229	8.06447793492506E-11
ENSG00000077463	SIRT6	chr19	4171806	4171840	-0.158204246655267	8.15689515278839E-11
ENSG00000129910	CDH15	chr16	89242009	89242035	-0.109948592046852	8.15953084498394E-11
ENSG00000270313	COX6CP16	chr16	85306720	85306740	-0.159104594632183	8.22790318509841E-11
ENSG00000222028	PSMB11	chr14	23511139	23511181	-0.106841575803763	8.30943868509242E-11
ENSG00000238572	snoU13	chr2	173061669	173061715	-0.286379226509647	8.3202655555979E-11
ENSG00000253729	PRKDC	chr8	48678145	48678161	-0.206715448829497	8.39251079088048E-11
ENSG00000258933	RP11-991C1.1	chr14	95417683	95417699	-0.287973508478893	8.41503883412413E-11
ENSG00000220494	YAP1P1	chr6	147769494	147769540	-0.237436279952975	8.45070513237762E-11
ENSG00000253381	RP11-359E19.1	chr8	39912292	39912301	-0.205051245490931	8.51931711419515E-11
ENSG00000211891	IGHE	chr14	106064277	106064721	-0.135100243297483	8.54334059598722E-11
ENSG00000263445	MIR4450	chr4	77491762	77491774	-0.295455983498243	8.58994177728742E-11
LRG_343	LRG_343	chr5	1274778	1274821	-0.119836821595656	8.59170223115544E-11
ENSG00000185933	CALHM1	chr10	105215053	105215127	-0.116588616333998	8.6009195519686E-11
ENSG00000185186	LINC00313	chr21	44876604	44876725	-0.185282512578008	8.80695054490104E-11
ENSG00000255205	MED28P5	chr11	96710888	96710894	-0.24120982717057	8.85102008208791E-11
ENSG00000223877	RP11-2F9.3	chr15	22440572	22440616	-0.122560399880701	8.94179115791051E-11
ENSG00000256181	AP000438.4	chr11	63057478	63057501	-0.186180515304021	9.32631597015714E-11
ENSG00000213726	RPS2P52	chr19	690367	690451	-0.102717721488734	9.35022960460007E-11
ENSG00000258437	RP11-661G16.1	chr14	91127419	91127483	-0.271275709564706	9.48155223667442E-11
ENSG00000253658	RP11-600K15.1	chr8	69801395	69801477	-0.261887436034057	9.52246667844558E-11
ENSG00000228573	RP11-279N8.1	chr13	48412113	48412126	-0.185089874623778	9.53028962749675E-11
ENSG00000102837	OLFM4	chr13	53602950	53602980	-0.202796749649533	9.54006010887608E-11
ENSG00000140488	CELF6	chr15	72581667	72581819	-0.289583517273137	9.57432898322377E-11
ENSG00000260729	RP11-106M3.2	chr15	72581667	72581819	-0.289583517273137	9.57432898322377E-11
ENSG00000183134	PTGDR2	chr11	60623639	60623650	-0.134316697080159	9.57976522852437E-11
ENSG00000267804	RP11-665N17.4	chr11	64658186	64658276	-0.282426585180574	9.62533768445999E-11
ENSG00000231274	SBK3	chr19	56058710	56058742	-0.27483912384793	9.65645506745258E-11
ENSG00000022567	SLC45A4	chr8	142217358	142217405	-0.177906842070336	9.67699830539935E-11
ENSG00000146453	PNLDC1	chr6	160240995	160241040	-0.246713360282875	9.75634651907905E-11
ENSG00000110195	FOLR1	chr11	71903334	71903364	-0.154082112154337	9.79672644718337E-11
ENSG00000248698	LINC01085	chr4	14113215	14113254	-0.18734365760086	9.79925283908132E-11
ENSG00000263873	RP11-334E6.12	chr11	119288674	119288697	-0.186237284022046	9.82290173862607E-11
ENSG00000254948	OR7E158P	chr8	11774293	11774376	-0.245896418734553	9.92146725161001E-11

ENSG00000251171	RP11-327O17.2	chr4	170173185	170173223	-0.208925945831168	1.01064506430786E-10
ENSG00000216895	AC009403.2	chr7	155369370	155369444	-0.181913805515419	1.01396158284491E-10
ENSG00000265382	RN7SL365P	chr7	27895821	27895861	-0.14050384465388	1.01534720634719E-10
ENSG00000019549	SNAI2	chr8	49835968	49836003	-0.236821299035929	1.01702429075925E-10
ENSG00000264233	MIR4456	chr5	536069	536106	-0.108513606107583	1.0235780494362E-10
ENSG00000243449	C4orf48	chr4	2038472	2038540	-0.19954357739527	1.02861589525274E-10
ENSG00000248869	RP11-138I17.1	chr4	137718454	137718484	-0.289319548655356	1.03635671369397E-10
ENSG00000180535	BHLHA15	chr7	97841032	97841113	-0.118404247291719	1.04084404521776E-10
ENSG00000201852	RNU6-702P	chr18	19758144	19758317	-0.223191044004861	1.04826611812346E-10
ENSG00000253640	CTD-2281E23.1	chr8	1250400	1250995	-0.162462736756661	1.04901906099283E-10
ENSG00000006534	ALDH3B1	chr11	67776115	67776179	-0.153059245228494	1.05216142111408E-10
ENSG00000178342	KCNG2	chr18	77629507	77629520	-0.218382170451404	1.07114774042782E-10
ENSG00000214770	RP11-544I20.2	chr14	64764267	64764283	-0.130719505597884	1.07230004036574E-10
ENSG00000117868	ESYT2	chr7	158533836	158533875	-0.384180656773521	1.09292683125753E-10
ENSG00000222649	Y_RNA	chr6	119362981	119363024	-0.116832208549917	1.12252654678607E-10
ENSG00000184363	PKP3	chr11	393392	393398	-0.14884095033408	1.13296163894368E-10
ENSG00000224560	RP11-270L13.1	chr4	45422143	45422270	-0.10362756357323	1.13299190741291E-10
ENSG00000250866	CTD-2297D10.1	chr5	5146289	5146385	-0.206078349640483	1.14437100569862E-10
ENSG00000148734	NPFFR1	chr10	72016185	72016218	-0.216409095514536	1.15614235602384E-10
ENSG00000008513	ST3GAL1	chr8	134467869	134467890	-0.23738354206608	1.16443302593992E-10
ENSG00000064012	CASP8	chr2	202093748	202093783	-0.236104842604307	1.16572174786894E-10
LRG_34	LRG_34	chr2	202093748	202093783	-0.236104842604307	1.16572174786894E-10
ENSG00000206075	SERPINB5	chr18	61143918	61143993	-0.164420488596097	1.16627874012428E-10
ENSG00000181323	SPEM1	chr17	7323719	7323741	-0.151814499340306	1.17243183773746E-10
ENSG00000231226	TRIM31-AS1	chr6	30080368	30080405	-0.383771001379129	1.18032579381651E-10
ENSG00000242049	DNAJB8-AS1	chr3	128181992	128182073	-0.118047198920786	1.18069158652097E-10
ENSG00000131149	GSE1	chr16	85648140	85648304	-0.114041803211283	1.19077770788001E-10
ENSG00000167656	LY6D	chr8	143862805	143862852	-0.25418889750491	1.20320476292873E-10
ENSG00000253716	RP13-582O9.5	chr8	144367037	144367122	-0.11217577565482	1.2258926690953E-10
ENSG00000145569	FAM105A	chr5	14449463	14449500	-0.33763622327976	1.23165976961696E-10
ENSG00000256628	ZBTB11-AS1	chr3	101396731	101396767	-0.23795786917401	1.24417926331896E-10
ENSG00000187955	COL14A1	chr8	121132051	121132054	-0.386609431194534	1.24857323579082E-10
ENSG00000162461	SLC25A34	chr1	16062735	16062757	-0.177334081077752	1.25684417917449E-10
ENSG00000077238	IL4R	chr16	27338391	27338471	-0.120401409527213	1.26920552863119E-10
ENSG00000249091	RP11-733C7.1	chr4	139162925	139162938	-0.100397195353823	1.28322303300687E-10
ENSG00000171596	NMUR1	chr2	232393196	232393278	-0.138218234471589	1.30493269222421E-10
ENSG00000227674	LINC00355	chr13	64913714	64913732	-0.208845071902683	1.30924579188188E-10
ENSG00000132938	MTUS2	chr13	29598006	29598047	-0.309664054087372	1.31039243495154E-10
ENSG00000255505	RP11-485O14.1	chr11	26510140	26510178	-0.155738744051076	1.31276077043911E-10
ENSG00000260530	RP11-558A11.2	chr16	84335104	84335171	-0.157061888207363	1.32729521016689E-10
ENSG00000122359	ANXA11	chr10	81921714	81921802	-0.144999042977987	1.3296884940823E-10
ENSG00000237267	RP11-181F12.1	chr10	86902336	86902348	-0.111515645580241	1.3428657253635E-10
ENSG00000232784	AC067961.1	chr2	226093384	226093427	-0.146179339509669	1.35566568083353E-10
ENSG00000204536	CCHCR1	chr6	31112981	31113026	-0.212264670633765	1.36346666086759E-10
ENSG00000264444	SDHCP1	chr18	66546131	66546139	-0.114438853347988	1.375090454148E-10
ENSG00000225942	AC093326.2	chr2	545645	545692	-0.174044392031391	1.38030691234217E-10
ENSG00000167632	TRAPPC9	chr8	140723584	140723674	-0.196579565183977	1.39089097845854E-10
ENSG00000152082	MZT2B	chr2	130938090	130938139	-0.114507882586738	1.3949846335658E-10
ENSG00000239279	RN7SL184P	chr4	114332700	114332735	-0.281338447680337	1.39840515342045E-10
ENSG00000228374	AC012497.2	chr2	140505000	140505067	-0.137623234289912	1.400576222020032E-10
ENSG00000182793	GSTA5	chr6	52704336	52704405	-0.277745231181101	1.42039618728286E-10
ENSG00000237553	RP11-140C18.2	chr9	5188762	5188764	-0.186300175592646	1.44679918053982E-10
ENSG0000015413	DPEP1	chr16	89675101	89675148	-0.174283337628289	1.46097280913633E-10
ENSG00000236892	RP11-482E14.2	chr10	3581233	3581277	-0.326689363318762	1.47366945659976E-10
ENSG00000267868	RP11-120K24.3	chr13	113613660	113613785	-0.106265236122199	1.49421154311837E-10
ENSG00000160200	CBS	chr21	44480385	44480432	-0.203238789218054	1.49464164807144E-10
ENSG00000229205	LINC00200	chr10	1204147	1204251	-0.15060351986301	1.50414621436798E-10
ENSG00000200398	SNORD115-24	chr15	25459482	25459523	-0.146711218453228	1.50733319263585E-10
ENSG00000254798	TFAMP2	chr11	109785827	109785847	-0.212585999967537	1.5096602113439E-10
ENSG00000254416	RP11-347E10.1	chr11	110228024	110228063	-0.36043403854619	1.51358730920913E-10
ENSG00000226286	RP1-163G9.2	chr1	3052482	3052514	-0.107391869654085	1.55759000423326E-10
ENSG00000174992	ZG16	chr16	29789191	29789251	-0.222506074700123	1.55924003967457E-10
ENSG00000261330	RP11-281J9.1	chr16	77983066	77983101	-0.253087425999173	1.56864582977893E-10
ENSG00000199767	RNU6-78P	chr13	26140492	26140506	-0.163387048509888	1.62065219014219E-10
ENSG00000188070	C11orf95	chr11	63529011	63529034	-0.10374303414619	1.62280437406189E-10
ENSG00000129437	KLK14	chr19	51588707	51588750	-0.195873149390828	1.63477286536456E-10
ENSG00000213368	ST13P11	chr11	94642928	94642963	-0.249384885217628	1.63616187641415E-10
ENSG00000264482	MIR4705	chr13	102720636	102720748	-0.104545806731911	1.65319688196633E-10
ENSG00000269918	AF131215.9	chr8	10955932	10955946	-0.138591463407355	1.65377554137668E-10

ENSG00000178974	FBXO34	chr14	55740447	55740488	-0.429082195064376	1.65385577740857E-10
ENSG00000140511	HAPLN3	chr15	89390548	89390632	-0.130793408183505	1.65669537253196E-10
ENSG00000257472	RP11-159D23.2	chr14	32396726	32396746	-0.260081534363144	1.68286704526302E-10
ENSG00000238694	snoU13	chr4	34952105	34952125	-0.365376905747408	1.69194019916229E-10
ENSG00000242686	RP11-1191J2.2	chr4	646502	646580	-0.129907911193812	1.69561045098251E-10
ENSG00000006194	ZNF263	chr16	3306968	3307005	-0.184259337349893	1.69630858614912E-10
ENSG00000226836	RP11-77B22.1	chr8	15782261	15782263	-0.163336112972645	1.69775549580058E-10
ENSG00000127824	TUBA4A	chr2	220115265	220115278	-0.117835100842811	1.71553442255404E-10
ENSG00000248660	SRIP1	chr4	58833686	58833698	-0.137440408956248	1.74647961541987E-10
ENSG00000165934	CPSF2	chr14	92648825	92648836	-0.134422104560953	1.74797267662281E-10
ENSG00000264882	MIR376A1	chr14	101506898	101507039	-0.135854536951984	1.75976538437339E-10
ENSG00000229011	LINC01038	chr13	80357187	80357226	-0.139693846721168	1.76760106048358E-10
ENSG00000252829	SCARNA4	chr2	131676059	131676126	-0.176920428252897	1.77561336182115E-10
ENSG00000264685	PRPF19P1	chr18	63673498	63673717	-0.130586604773316	1.78078158183191E-10
ENSG00000154316	TDH	chr8	11197171	11197201	-0.100260217396856	1.83359176589693E-10
ENSG00000251488	RP11-404I7.2	chr4	133803535	133803604	-0.176717921430272	1.84290502131402E-10
ENSG00000250624	RP11-93M12.1	chr4	30906147	30906189	-0.210473935112187	1.86662165370293E-10
ENSG00000101638	ST8SIA5	chr18	44259667	44259708	-0.135628701490689	1.86828940785818E-10
ENSG00000205884	DEFB136	chr8	11831823	11831858	-0.141464942039015	1.88291002967487E-10
ENSG00000181752	OR8K5	chr11	55927697	55927735	-0.290661085506337	1.88341172628968E-10
ENSG00000204991	SPIRE2	chr16	89900140	89900311	-0.213236235535215	1.8897164643551E-10
ENSG00000149452	SLC22A8	chr11	62752264	62752302	-0.204888815145632	1.89551500500456E-10
ENSG00000166426	CRABP1	chr15	78614871	78614945	-0.235534214205791	1.92861411069753E-10
ENSG00000167695	FAM57A	chr17	629598	629640	-0.153357494541601	1.93302129877014E-10
ENSG00000251249	RP11-73G16.1	chr4	152875860	152875909	-0.132599737861472	1.93556903570267E-10
ENSG00000244052	RPL5P24	chr8	103937435	103937475	-0.203092269459977	1.94746764971212E-10
ENSG00000260090	RP11-292D4.3	chr4	147925247	147925275	-0.201266480054814	1.96015431129184E-10
ENSG00000234106	RP11-288E14.2	chr11	93270999	93271012	-0.165208870219465	1.96108799525982E-10
ENSG00000152207	CYSLTR2	chr13	49281343	49281359	-0.242774234282573	1.97052564429882E-10
ENSG00000177947	ODF3	chr11	200062	200097	-0.266801743756782	1.97192585243117E-10
ENSG00000232531	AC027612.1	chr2	91935478	91935520	-0.108508898784921	1.97736074753707E-10
ENSG00000198555	RP11-598D12.4	chr16	33781325	33781365	-0.231321177751369	1.99021026514435E-10
ENSG00000252655	Y_RNA	chr14	90139566	90139659	-0.244173249085227	1.9971189922684E-10
ENSG00000083307	GRHL2	chr8	102507260	102507300	-0.104775107224642	2.01778522166798E-10
ENSG00000183020	AP2A2	chr11	915314	915386	-0.10562763102027	2.04802544293743E-10
ENSG00000254647	INS	chr11	2182573	2182618	-0.178713227701541	2.05273842454542E-10
ENSG00000118113	MMP8	chr11	102583205	102583226	-0.338224959410994	2.07947878057038E-10
ENSG00000260532	LA16c-381G6.1	chr16	1159205	1159287	-0.104213950338932	2.08062929413113E-10
ENSG00000164334	FAM170A	chr5	118965192	118965233	-0.208453200308496	2.10059313667751E-10
ENSG00000247011	RP11-700H6.1	chr17	49012849	49012893	-0.195825666324265	2.10616760324156E-10
ENSG00000077809	GTF2I	chr7	74064549	74064585	-0.104027280041715	2.11400355405083E-10
ENSG00000260828	HMGB3P32	chr16	57610238	57610265	-0.157265289247147	2.1271393996595E-10
ENSG00000214269	LGMNP1	chr13	65532233	65532333	-0.111706536379689	2.13101674692272E-10
ENSG00000267249	RP11-973H7.3	chr18	12701526	12701532	-0.20645372568932	2.13162731350501E-10
ENSG00000216084	AC131213.1	chr12	73219403	73219440	-0.149648557040682	2.20239730116104E-10
ENSG00000102897	LYRM1	chr16	20890585	20890632	-0.178598392046718	2.21462376946901E-10
ENSG00000234210	AC006372.4	chr7	157262463	157262493	-0.131042287510069	2.22540021991923E-10
ENSG00000182885	GPR97	chr16	57701933	57701974	-0.180596067224658	2.22767484717355E-10
ENSG00000115718	PROC	chr2	128176007	128176038	-0.140866502526156	2.24318174210408E-10
ENSG00000214602	CTBP2P5	chr2	49143639	49143662	-0.136237691867615	2.26069450838949E-10
ENSG00000109171	SLAIN2	chr4	48301701	48301741	-0.19733138400277	2.27103400197041E-10
ENSG00000252497	RPPH1-2P	chr14	65308383	65308427	-0.238684303504956	2.27280211675572E-10
ENSG00000187621	TCL6	chr14	96116817	96116821	-0.130443409644676	2.28635785056425E-10
ENSG00000253521	HPYR1	chr8	133406294	133406317	-0.292045166117692	2.28761502259939E-10
ENSG00000141622	RNF165	chr18	43909880	43909961	-0.275398223845224	2.29429908976807E-10
ENSG00000207607	MIR200A	chr1	1103333	1103510	-0.175017007814362	2.31506109579991E-10
ENSG00000243429	OR7E29P	chr3	125435434	125435479	-0.123116121821411	2.32356450650362E-10
ENSG00000196796	CTB-134H23.2	chr16	29040679	29040727	-0.188372845317507	2.34608692729533E-10
ENSG00000206129	CTD-2008L17.2	chr18	53622558	53622598	-0.245205160681418	2.34863089205515E-10
ENSG00000257711	RP11-482D24.2	chr12	107039128	107039145	-0.165439891976965	2.35640160241668E-10
ENSG00000250812	RP11-530I17.2	chr4	56107678	56107785	-0.121714574475967	2.38684531596613E-10
ENSG00000129538	RNASE1	chr14	21271472	21271485	-0.203597656970404	2.39422593430057E-10
ENSG00000242195	SRRM1P2	chr3	83564611	83564659	-0.171245658716009	2.48752247504992E-10
ENSG00000228347	FTLP17	chr1	104759117	104759157	-0.136709091193041	2.49290980298805E-10
ENSG00000230450	NEK2P4	chr2	131912473	131912583	-0.119725531320051	2.49735120342072E-10
ENSG00000253781	ZNF317P1	chr8	94657362	94657409	-0.434379207221819	2.52824307514371E-10
ENSG00000181767	OR8H2	chr11	55872769	55872802	-0.275065133061705	2.56334310156939E-10
ENSG00000272465	RP1-136B1.1	chr6	2515297	2515337	-0.170575937013489	2.57855747584616E-10
ENSG00000109466	KLHL2	chr4	166125647	166125656	-0.227139415623693	2.58881904309294E-10

ENSG00000260159	RP11-483E23.4	chr15	28702111	28702147	-0.105508055062638	2.62110896877499E-10
ENSG00000123200	ZC3H13	chr13	46497839	46497883	-0.184751425116431	2.62172196662243E-10
ENSG00000267335	CTB-60B18.6	chr19	49527387	49527474	-0.174827750351051	2.62737892115944E-10
ENSG00000106128	GHRHR	chr7	31018816	31018831	-0.220789977710106	2.62858426106475E-10
ENSG00000254434	CTD-2555I5.1	chr11	79968437	79969025	-0.102791925094979	2.6326423718035E-10
ENSG00000238241	CCR12P	chr13	100068992	100069022	-0.19144157875206	2.63564282223983E-10
ENSG00000207934	MIR654	chr14	101506579	101506599	-0.12733811886767	2.65594281809783E-10
ENSG00000125508	SRMS	chr20	62168878	62168920	-0.100653356589323	2.68533610714314E-10
ENSG00000260715	RP11-744D14.2	chr16	64105611	64105615	-0.117108555835143	2.68592416298197E-10
ENSG00000180438	TPRXL	chr3	13977977	13978022	-0.12115379688466	2.71774879416161E-10
ENSG00000103227	LMF1	chr16	902955	903236	-0.107698804117397	2.72420893052869E-10
ENSG00000225968	ELFN1	chr7	1716626	1716665	-0.144956540536445	2.75536330158469E-10
ENSG00000223015	RNU6-1135P	chr11	87270499	87270514	-0.223070534265893	2.77904947402769E-10
ENSG00000124006	OBSL1	chr2	220419288	220419305	-0.123452585559534	2.82044006536653E-10
ENSG00000185567	AHNAK2	chr14	105410282	105410355	-0.104967503128874	2.82437028419374E-10
ENSG00000267629	AC138430.4	chr19	19367011	19367047	-0.185252527738123	2.82528916093181E-10
ENSG00000186510	CLCNKA	chr1	16345427	16345461	-0.115979321437089	2.83559197740719E-10
ENSG00000250075	RP11-584P21.2	chr4	68173293	68173443	-0.14356725781597	2.85241819617065E-10
ENSG00000257432	RP11-244H18.4	chr14	20097179	20097291	-0.195738742119379	2.86248943743501E-10
ENSG00000183828	NUDT14	chr14	105651745	105651867	-0.212232624382154	2.90404284712723E-10
ENSG00000229668	RP11-317F20.2	chr10	116307367	116307440	-0.234165335068078	2.9141033223561E-10
ENSG00000233329	AC068287.1	chr2	142022616	142022662	-0.216505940193749	2.91970567206165E-10
ENSG00000262006	RP11-700H6.4	chr17	48971117	48971164	-0.162279143168628	2.96477424092975E-10
ENSG00000232500	AP005273.1	chr11	64258160	64258188	-0.140104371897643	2.99107336167771E-10
ENSG00000213480	RP11-364P2.2	chr4	122291550	122291566	-0.215669255021446	3.0000717287142E-10
ENSG00000259303	IGHV2OR16-5	chr16	32859205	32859232	-0.282048575806773	3.00718933618958E-10
ENSG00000163945	UVSSA	chr4	1342076	1342161	-0.170576487462121	3.01089631269414E-10
ENSG00000231252	RP11-436K8.1	chr1	61087384	61087424	-0.118756848795125	3.03778168656682E-10
ENSG00000255219	RP11-716H6.2	chr11	122179399	122179433	-0.181186452093788	3.04860318522564E-10
ENSG00000253608	RP11-770E5.1	chr8	49456262	49456283	-0.212745159538102	3.10328275079806E-10
ENSG00000164591	MYOZ3	chr5	150040863	150040908	-0.135976780786448	3.10711178488334E-10
ENSG00000258804	RP11-322L20.1	chr14	87179244	87179265	-0.269485671250307	3.1659079502325E-10
ENSG00000180138	CSNK1A1L	chr13	37680691	37680720	-0.1454173285435	3.19925290954378E-10
ENSG00000180539	C9orf139	chr9	139916962	139917039	-0.170181313612054	3.22478912369073E-10
ENSG00000198576	ARC	chr8	143693864	143694010	-0.212281194498715	3.3074373090927E-10
ENSG00000235120	BSN-AS1	chr3	49689522	49689545	-0.108650371815878	3.30968771940596E-10
ENSG00000214514	KRT42P	chr17	39782076	39782132	-0.168790517885023	3.32410263565962E-10
ENSG00000260771	RP1-39J2.1	chr6	168773611	168773658	-0.200871721886641	3.33682500032565E-10
ENSG00000212160	RNU6-205P	chr4	111205144	111205306	-0.131285428169302	3.34933318937288E-10
ENSG00000258639	RP11-10A2.1	chr14	48541859	48541885	-0.148417736045495	3.4442561711377E-10
ENSG00000251438	RP11-431M7.2	chr4	36324559	36324571	-0.318044239278274	3.47529705297283E-10
ENSG00000183688	FAM101B	chr17	290529	290572	-0.112360740157464	3.49251199695988E-10
ENSG00000248843	RP11-357G3.1	chr4	3342678	3342704	-0.213190745938126	3.56327721323755E-10
ENSG00000101004	NINL	chr20	25479878	25479919	-0.23342037061107	3.61036391949667E-10
ENSG00000183199	HSP90AB3P	chr4	88814902	88814907	-0.156336450430834	3.6552920968799E-10
ENSG00000240853	RN7SL328P	chr9	134609025	134609146	-0.147463245406006	3.66490886726699E-10
ENSG00000184381	PLA2G6	chr22	38506737	38506781	-0.230050225784604	3.69622345346682E-10
ENSG00000207961	MIR496	chr14	101526802	101526925	-0.111943574990339	3.69785345125565E-10
ENSG00000197067	OR2T32P	chr1	248262790	248262834	-0.228228195565315	3.71154271759805E-10
ENSG00000185332	TMEM105	chr17	79304594	79304628	-0.223901264967444	3.71426941518123E-10
ENSG00000263615	MIR4306	chr13	100308186	100308226	-0.164742484624474	3.74910704575439E-10
ENSG00000127837	AAMP	chr2	219128666	219128711	-0.167278520340086	3.75580951976964E-10
ENSG00000221186	AC114798.1	chr4	183763471	183763570	-0.243889352270777	3.80653699718459E-10
ENSG00000266207	AL583784.1	chr13	100092005	100092104	-0.143209674634154	3.83257559812599E-10
ENSG00000264512	MIR5692A1	chr8	12569521	12569550	-0.133179854004176	3.83276344200829E-10
ENSG00000119636	CCDC176	chr14	74462825	74462847	-0.243277885709177	3.85478264682951E-10
ENSG00000158106	RHPN1	chr8	144471567	144471707	-0.175293612741712	3.8771369195372E-10
ENSG00000224670	AC068135.1	chr2	194867974	194868002	-0.236482284559672	3.88419976816312E-10
ENSG00000200720	RNU6-931P	chr4	45532313	45532355	-0.129285493776691	3.89565891024272E-10
ENSG00000173762	CD7	chr17	80274786	80274832	-0.133122349611224	3.91114227095291E-10
ENSG00000185873	TMPRSS11B	chr4	69111329	69111338	-0.253297784656974	3.91405054873587E-10
ENSG00000103257	SLC7A5	chr16	87857186	87857329	-0.136583958919714	3.92816943745069E-10
ENSG00000240024	LINC00888	chr3	183118277	183118306	-0.256173443085296	3.92880341362741E-10
ENSG00000227487	NCAM1-AS1	chr11	113143196	113143211	-0.115913069839366	3.93939735358169E-10
ENSG00000129932	DOHH	chr19	3483348	3483428	-0.214519711549199	3.94721777622064E-10
ENSG00000073712	FERMT2	chr14	53295589	53295610	-0.282700687193832	4.00582064665732E-10
ENSG00000138435	CHRNA1	chr2	175629905	175629944	-0.137267847166394	4.01129553229971E-10
ENSG00000236607	RP11-691L4.2	chr11	61936842	61936916	-0.109755494641492	4.01177269579738E-10
ENSG00000116032	GRIN3B	chr19	1004548	1004693	-0.243059403022788	4.02227025808757E-10

ENSG00000204248	COL11A2	chr6	33132086	33132135	-0.169477310343949	4.03148871365695E-10
ENSG00000260880	HCCAT5	chr16	73127488	73127559	-0.145305089938718	4.04169931444859E-10
ENSG00000213514	RP11-428P16.2	chr10	79492108	79492177	-0.166283850136763	4.09781243026503E-10
ENSG00000242888	RP11-436M15.1	chr14	100441097	100441123	-0.241471637462346	4.09983463332349E-10
ENSG00000146281	PM20D2	chr6	89843702	89843733	-0.188090640478952	4.10902182188617E-10
ENSG00000238506	snoU13	chr7	52498886	52499028	-0.108477222040886	4.12020585189813E-10
ENSG00000224794	RP3-333H23.8	chr22	39688209	39688315	-0.155930301608119	4.12367667302251E-10
ENSG00000158715	SLC45A3	chr1	205633796	205633844	-0.255332986907029	4.21421171405462E-10
ENSG00000216687	RP11-278J20.2	chr6	58399558	58399572	-0.121601871245595	4.25911611763028E-10
ENSG00000259120	SMIM6	chr17	73636250	73636314	-0.173301572457215	4.28251164733955E-10
ENSG00000122043	LINC00544	chr13	30528649	30528708	-0.260069889526951	4.29465880533049E-10
ENSG00000234429	AC105342.1	chr2	81424201	81424285	-0.101900697470364	4.33917019329385E-10
ENSG00000149527	PLCH2	chr1	2365427	2365556	-0.149204973319009	4.38433585524225E-10
ENSG00000149716	ORAOV1	chr11	69468770	69468991	-0.144296518479437	4.38886259236105E-10
ENSG00000198546	ZNF511	chr10	135123063	135123080	-0.120197484954604	4.41575510139262E-10
ENSG00000202293	SNORD114-22	chr14	101449268	101449311	-0.287599740000619	4.43130964340147E-10
ENSG00000248822	APOBEC3AP1	chr4	171012228	171012778	-0.224624810670011	4.44995120898596E-10
ENSG00000213612	FAM220CP	chr9	99893816	99893845	-0.202704114222132	4.47767136320852E-10
ENSG00000261121	RP11-496D24.2	chr4	24705986	24706031	-0.154731711427424	4.48778969579361E-10
ENSG00000206858	Y_RNA	chr11	10730185	10730226	-0.236612393161162	4.51092152981099E-10
ENSG00000227875	RP11-426M1.2	chr1	12167141	12167179	-0.25060173147067	4.52203654268248E-10
ENSG00000179241	LDLRAD3	chr11	35971695	35971736	-0.288232586323705	4.53732801804233E-10
ENSG00000123999	INHA	chr2	220432872	220433040	-0.10494633557398	4.54486776891859E-10
ENSG00000050438	SLC4A8	chr12	51795049	51795089	-0.184325011320245	4.5459804150331E-10
ENSG00000049246	PER3	chr1	7842360	7842415	-0.201018404532482	4.59340536456287E-10
ENSG00000268280	AC008914.1	chr5	55219469	55219506	-0.210073004190253	4.59679435662629E-10
ENSG00000234648	AL162151.3	chr14	99502335	99502439	-0.321821359619166	4.63922265732766E-10
ENSG00000240093	AC093627.12	chr7	181559	181606	-0.113554361355412	4.68784692648706E-10
ENSG00000126878	AIF1L	chr9	133974541	133974575	-0.206984370529879	4.71897429899982E-10
ENSG00000237212	RP11-569G13.2	chr9	98849628	98849721	-0.14334539286045	4.72594034979364E-10
ENSG00000243426	RN7SL454P	chr17	76565398	76565443	-0.116593680053464	4.72743094697188E-10
ENSG00000220702	RP1-32110.10	chr22	44709594	44709617	-0.215102797581652	4.74078153864272E-10
ENSG00000079805	DNM2	chr19	10823761	10823877	-0.199678717513417	4.75136288332218E-10
ENSG00000255254	HIGD1AP5	chr11	18128285	18128303	-0.108795003599076	4.77564744574456E-10
ENSG00000176720	BOK	chr2	242491991	242492019	-0.201581869138865	4.84398760147584E-10
ENSG00000113722	CDX1	chr5	149546212	149546420	-0.126263198949271	4.86499005815338E-10
ENSG00000105707	HPN	chr19	35534917	35534961	-0.20975370183363	4.86909348212045E-10
ENSG00000087077	TRIP6	chr7	100464116	100464181	-0.18365838564704	4.87526514337867E-10
ENSG00000256309	AC009469.1	chr2	218678469	218678532	-0.153127782490446	4.90130094526329E-10
ENSG00000095917	TPSD1	chr16	1305866	1305927	-0.194000312829576	4.91328560744571E-10
ENSG00000212933	KRTAP12-4	chr21	46074037	46074075	-0.221945476805154	5.00658417811552E-10
ENSG00000054938	CHRD12	chr11	74408070	74408131	-0.196879859170573	5.02661346891891E-10
ENSG00000102760	RGCC	chr13	42030070	42030105	-0.235645919659065	5.03758412130374E-10
ENSG00000165125	TRPV6	chr7	142564757	142564780	-0.228705551596715	5.0414464368107E-10
ENSG00000122133	PAEP	chr9	138453674	138453697	-0.161761336581641	5.04602288699119E-10
ENSG00000248921	RP11-774G5.1	chr4	180998059	180998088	-0.298848601905285	5.05682311723053E-10
ENSG00000170983	LINC00208	chr8	11450964	11451115	-0.129042756977453	5.06620635808715E-10
ENSG00000166783	KIAA0430	chr16	15613087	15613139	-0.233246989259126	5.10553465168091E-10
ENSG00000263769	RN7SL367P	chr16	1946637	1946696	-0.109295189172906	5.10953551920739E-10
ENSG00000272981	CTD-2234N14.2	chr11	127012737	127012786	-0.277262541121551	5.2156376614642E-10
ENSG00000222022	AC112721.1	chr2	238283409	238283543	-0.125311866882944	5.26474365318037E-10
ENSG00000186635	ARAP1	chr11	72386037	72386085	-0.138591057039314	5.39948914997862E-10
ENSG00000137812	CASC5	chr15	40882937	40882987	-0.295659268016448	5.47699129743682E-10
ENSG00000122033	MTIF3	chr13	28016610	28016624	-0.187290613519454	5.57775125919566E-10
ENSG00000074695	LMAN1	chr18	56979041	56979097	-0.217236090574967	5.57927811739545E-10
ENSG00000260454	RP11-367F23.2	chr9	93799940	93799948	-0.1101518447054	5.58553734073202E-10
ENSG00000164808	SPIDR	chr8	48265757	48265853	-0.219002334697425	5.58921007947907E-10
ENSG00000227825	SLC9A7P1	chr12	98849391	98849433	-0.179054886283435	5.62043842743162E-10
ENSG00000213022	KLK9	chr19	51506138	51506201	-0.157016203231043	5.69923804597183E-10
ENSG00000181409	AATK	chr17	79071273	79071437	-0.218811311526006	5.70300512115755E-10
ENSG00000256050	RP11-982M15.6	chr14	105147429	105147461	-0.110193552324628	5.71698083438005E-10
ENSG00000027847	B4GALT7	chr5	177031166	177031219	-0.300204672972614	5.74171159119556E-10
ENSG00000188643	S100A16	chr1	153581867	153581889	-0.152941942330475	5.77286243492186E-10
ENSG00000178297	TMPRSS9	chr19	2389813	2389879	-0.101927370106437	5.77654286034054E-10
ENSG00000267574	CTC-525D6.5	chr19	29931205	29931222	-0.132090111865783	5.87382790147895E-10
ENSG00000153495	TEX29	chr13	111969855	111969865	-0.173989617672939	5.93607637267342E-10
ENSG00000149571	KIRREL3	chr11	126301120	126301163	-0.292022531867192	5.93836988996756E-10
ENSG00000003989	SLC7A2	chr8	17352849	17352860	-0.162650410914957	5.94589303846443E-10
ENSG00000235499	AC073046.25	chr2	74210913	74210958	-0.127810124957931	5.97888044621155E-10

ENSG00000086967	MYBPC2	chr19	50938636	50938714	-0.223754653877769	6.00959902951295E-10
ENSG00000271946	MIR376C	chr14	101506218	101506323	-0.111370181044087	6.02704668582253E-10
ENSG00000096395	MLN	chr6	33764239	33764266	-0.116643686018353	6.2478699754071E-10
ENSG00000228361	RP11-503C24.3	chr6	168628629	168628717	-0.33914284181878	6.2527505747843E-10
ENSG00000104613	INTS10	chr8	19616280	19616304	-0.172897999026038	6.29637498534626E-10
ENSG00000159423	ALDH4A1	chr1	19187300	19187348	-0.188581272419949	6.38469739886034E-10
ENSG00000177300	CLDN22	chr4	184240045	184240052	-0.310787017741044	6.4103310983559E-10
ENSG00000147570	DNAJC5B	chr8	66946148	66946159	-0.137077357651568	6.53246468310925E-10
ENSG00000265847	MIR4287	chr8	27751622	27751658	-0.160194176927861	6.59656795405131E-10
ENSG00000207989	MIR493	chr14	101335381	101335386	-0.186275718908358	6.64154435626154E-10
ENSG00000171490	RSL1D1	chr16	11922612	11922633	-0.266791636794851	6.72088871644935E-10
ENSG00000011600	TYROBP	chr19	36399167	36399216	-0.166459317092442	6.77482433403616E-10
ENSG00000255289	RP11-91120.1	chr8	61573225	61573351	-0.148131367384795	6.78616382327643E-10
ENSG00000249017	RP11-58B2.1	chr5	101826264	101826301	-0.127045444624115	6.79785151836428E-10
ENSG00000126882	FAM78A	chr9	134134966	134135008	-0.220846417080542	6.84440527783361E-10
ENSG00000234458	OR7E130P	chr3	125417561	125417635	-0.178091727406454	6.84776848548179E-10
ENSG00000089356	FXD3	chr19	35607191	35607221	-0.216902332133588	6.96595402651158E-10
ENSG00000236277	NIP2P5	chr13	79693915	79694213	-0.106411809324609	6.97751230401411E-10
ENSG00000260877	RP11-211G23.2	chr11	69192582	69192623	-0.199397528153173	7.01231870979549E-10
ENSG00000109684	CLNK	chr4	10531765	10531768	-0.219253519841902	7.04592908392494E-10
ENSG00000271156	RP11-642C5.1	chr8	89747827	89747870	-0.184346930835259	7.0683011904264E-10
ENSG00000255855	RP11-735A19.2	chr11	94782617	94782635	-0.172764652892015	7.07230205699722E-10
ENSG00000229435	PIP5K1P2	chr7	158947206	158947220	-0.136369024620939	7.11825822989872E-10
ENSG00000140859	KIFC3	chr16	57796634	57796685	-0.182078636847077	7.22672362252341E-10
ENSG00000159261	CLDN14	chr21	37833998	37834047	-0.106051355086424	7.25747373273671E-10
ENSG00000180015	RP11-756P10.3	chr4	189656348	189656419	-0.151628835001464	7.26073395796364E-10
ENSG00000165475	CRYL1	chr13	20906772	20906821	-0.279284663810775	7.27126823657859E-10
ENSG00000125398	SOX9	chr17	70120501	70120548	-0.155570756776761	7.55703978009993E-10
ENSG00000236260	RBM48P1	chr4	127284900	127285048	-0.124179004704727	7.63773403155637E-10
ENSG00000124939	SCGB2A1	chr11	61976174	61976232	-0.116982071591085	7.77099051497076E-10
ENSG00000125522	NPBWR2	chr20	62737537	62737579	-0.101261142650088	7.77791286920454E-10
LRG_37	LRG_37	chr11	118209887	118209964	-0.201278780659596	7.87787102695519E-10
ENSG00000104332	SFRP1	chr8	41119723	41119770	-0.222314537517776	7.88768485122327E-10
ENSG00000269295	AL358113.1	chr9	71881038	71881126	-0.118706254049327	7.88785821301744E-10
ENSG00000180957	PITPNB	chr22	28200742	28200853	-0.104303469773032	7.91764842796277E-10
ENSG00000255353	RP11-382M14.1	chr11	107047412	107047708	-0.10738336200861	8.02137410251766E-10
ENSG00000266699	AL512655.1	chr13	55402583	55402591	-0.183587566953523	8.07324310010766E-10
ENSG00000264845	RP11-465I4.3	chr18	67139481	67139578	-0.159332121352463	8.07766411269734E-10
ENSG00000122085	MTERFD2	chr2	242021146	242021207	-0.278336001202841	8.10488613024552E-10
ENSG00000227719	AC116038.2	chr3	38835448	38835477	-0.21277233630673	8.10994310477975E-10
ENSG00000270110	RP5-1139B12.4	chr1	228475547	228475624	-0.15162146551257	8.11339205923014E-10
ENSG00000168631	DPCR1	chr6	30908251	30908292	-0.192409931038341	8.14640607315609E-10
ENSG00000213638	ADAT3	chr19	1907969	1908016	-0.22843133524752	8.25613008830569E-10
ENSG00000197599	CCDC154	chr16	1484302	1484317	-0.115749288724833	8.29824034959463E-10
ENSG00000251647	RP11-576N17.4	chr4	84257153	84257182	-0.157000573298199	8.34127359060116E-10
ENSG00000269923	RP11-214K3.24	chr12	124601391	124601419	-0.193441158943377	8.39397828503776E-10
ENSG00000201847	SNORD31	chr13	107991847	107991871	-0.274451399718912	8.49365712196869E-10
ENSG00000258748	CTD-2223O18.1	chr14	104600676	104600684	-0.150318394392883	8.51229663756837E-10
ENSG00000170688	OR5E1P	chr11	7870262	7870276	-0.15248798402131	8.59575674537373E-10
ENSG00000265990	AL356154.1	chr10	83023702	83023741	-0.249536932461963	8.76439447080353E-10
ENSG00000248546	ANP32C	chr4	165118777	165118980	-0.101171269496898	8.93760775461957E-10
ENSG00000225007	AC000067.1	chr22	19655516	19655543	-0.124733566637692	8.98480236689624E-10
ENSG00000255260	CTD-3224I3.3	chr11	11265390	11265429	-0.143325033559656	9.01953762298673E-10
ENSG00000235160	AC009878.2	chr15	26543691	26543736	-0.106693874429288	9.02012129672895E-10
ENSG00000106785	TRIM14	chr9	100837804	100837815	-0.145587124584466	9.15274592464916E-10
ENSG00000168412	MTNR1A	chr4	187459404	187459527	-0.409788151376309	9.22322607008874E-10
ENSG00000180730	SHISA2	chr13	26620553	26620612	-0.209036851785754	9.28751807113271E-10
ENSG00000130309	COLGALT1	chr19	17656271	17656314	-0.137488311327607	9.28839951488169E-10
ENSG00000198517	MAFK	chr7	1563687	1563732	-0.137270982352281	9.29481735642745E-10
ENSG00000100605	ITPK1	chr14	93404163	93404184	-0.186123324709099	9.31598904629295E-10
ENSG00000237879	LINC00398	chr13	31371597	31371618	-0.208285447813659	9.38395966770172E-10
ENSG00000255295	RP11-745I13.1	chr11	89232172	89232270	-0.212085600969649	9.47313612580473E-10
ENSG00000176009	ASCL3	chr11	8959326	8959450	-0.226304832500868	9.56498119816126E-10
ENSG00000187175	KRTAP12-1	chr21	46101841	46101939	-0.191690551124306	9.64866445926389E-10
ENSG00000238893	snoU13	chr13	21541772	21541796	-0.173244520886354	9.95572860823924E-10
ENSG00000186117	OR5L1	chr11	55579363	55579400	-0.231910494726179	9.99656514063559E-10
ENSG00000258956	COX4I1P1	chr14	62359648	62359668	-0.256024580826375	0.0000000010021926886
ENSG00000223088	RMRPP5	chr9	24968610	24968646	-0.242195333747412	1.00948682590019E-09
ENSG00000255462	RP11-483L5.1	chr11	11606063	11606119	-0.324044654121216	1.01225615360433E-09

ENSG00000251286	RP11-588F10.1	chr4	53237463	53237491	-0.14810989183803	1.01840901578219E-09
ENSG00000173818	ENDOV	chr17	78387818	78387825	-0.105387372730153	1.0187390334642E-09
ENSG00000153498	SPACA7	chr13	113030673	113030720	-0.18945385870524	1.02179525045718E-09
ENSG00000139832	RAB20	chr13	111215169	111215263	-0.123006016727617	1.02491210046865E-09
ENSG00000237999	RP11-394D2.1	chr9	103493459	103493625	-0.102312840091807	1.03560159822791E-09
ENSG00000233431	RP11-63N8.3	chr1	21877537	21877611	-0.174171355137796	1.04486691254596E-09
ENSG00000250865	RP11-780O17.1	chr4	136695011	136695056	-0.211380383152832	1.04670316391341E-09
ENSG00000237543	RP11-58A12.3	chr9	69135881	69135900	-0.348419798947188	1.04749644924013E-09
ENSG00000196604	POTEF	chr2	130832184	130832215	-0.138265049703867	1.04906646237355E-09
ENSG00000153531	ADPRHL1	chr13	114075458	114075814	-0.166718873724284	1.05003868410948E-09
ENSG00000174482	LINGO2	chr9	27949564	27949585	-0.133556212026304	1.05384631436947E-09
ENSG00000163492	CCDC141	chr2	179671996	179672043	-0.28748195201229	1.05906655624224E-09
ENSG00000167653	PSCA	chr8	143763622	143763665	-0.162605863302803	1.07675918525423E-09
ENSG00000258717	RP11-566J3.2	chr14	101153857	101153981	-0.202275959340363	1.07799054434176E-09
ENSG00000225431	AP001626.1	chr21	44004604	44004662	-0.188491508656384	1.09754086477097E-09
ENSG00000110660	SLC35F2	chr11	107711626	107711662	-0.226198090839029	1.10022825295335E-09
ENSG00000214167	AC005544.1	chr17	65027103	65027140	-0.108971377460651	1.10334360390012E-09
ENSG00000172247	C1QTNF4	chr11	47616810	47616825	-0.178188980713085	1.11408307990779E-09
ENSG00000134627	PIWIL4	chr11	94275815	94275853	-0.359097913409873	1.11794641734607E-09
ENSG00000232245	RP4-705F19.1	chr1	54822295	54822326	-0.105767922075763	1.12056312726775E-09
ENSG00000204252	HLA-DOA	chr6	32975784	32975925	-0.130040793207751	1.12432752436951E-09
ENSG00000249311	TERF1P3	chr4	137317724	137317754	-0.144085205143727	1.12805814731938E-09
ENSG00000261625	RP11-554A11.4	chr11	68769437	68769459	-0.177822292798421	1.12948449729643E-09
ENSG00000221556	AC103794.1	chr11	16314413	16314417	-0.309160597190397	1.13487219593315E-09
ENSG00000271026	KATNBL1P1	chr13	28623581	28623625	-0.19742666903312	1.14063431534456E-09
ENSG00000253586	RP11-723D22.2	chr8	38648959	38648995	-0.193647350906016	1.15764509937425E-09
ENSG00000134917	ADAMTS8	chr11	130274096	130274125	-0.162032979551349	1.16443956585804E-09
ENSG00000251234	PSMA2P2	chr8	94944838	94944882	-0.238002386586671	1.17016309747744E-09
ENSG00000254638	RP11-356J5.4	chr11	112034947	112034997	-0.150283420083716	1.17064765576665E-09
ENSG00000255261	OR7E4P	chr11	71326707	71326731	-0.139718920133528	1.17555525603725E-09
ENSG00000260922	RP11-538I12.3	chr16	77272153	77272279	-0.226447791450517	1.17648881911029E-09
ENSG00000174837	EMR1	chr19	6857142	6857181	-0.276512847283364	1.17718187707144E-09
ENSG00000248949	RP11-661C8.2	chr5	957475	957584	-0.146259558371541	1.17876400499564E-09
ENSG00000266224	AL158077.1	chr9	19801460	19801476	-0.162960582315564	1.18055207270123E-09
ENSG00000128313	APOL5	chr22	36123779	36123815	-0.294136538504531	1.18288291288619E-09
ENSG00000007237	GAS7	chr17	9821264	9821290	-0.132362377775958	1.18791737504965E-09
ENSG00000198471	RTP2	chr3	187416477	187416585	-0.1221942568925	1.19573652467821E-09
ENSG00000259031	CTD-2062F14.3	chr14	101014146	101014180	-0.126589486600436	1.20564527320845E-09
ENSG00000005339	CREBBP	chr16	3773034	3773048	-0.200123001794197	1.20825979303914E-09
ENSG00000254979	RP11-872D17.8	chr11	57157607	57157632	-0.201645032785288	1.20999335499701E-09
ENSG00000186106	ANKRD46	chr8	101534515	101534538	-0.225681125808706	1.2126000090348E-09
ENSG00000207061	Y_RNA	chr7	155970262	155970304	-0.138931122302514	1.22728667584981E-09
ENSG00000226649	AC019118.4	chr2	3149575	3149620	-0.283014783386685	1.23453023953856E-09
ENSG00000222001	AC106876.2	chr2	233878150	233878200	-0.162807156509798	1.24049765739109E-09
ENSG00000253162	RP11-279L11.1	chr8	3253958	3254000	-0.267488074097413	1.24876015018147E-09
ENSG00000235947	EGOT	chr3	4752001	4752022	-0.108599983431135	1.25135738801321E-09
ENSG00000198106	SNX29P2	chr16	29262729	29262836	-0.239407462318219	1.25250295688611E-09
ENSG00000232887	AC006466.5	chr7	31146128	31146163	-0.20242373748085	1.25535357924082E-09
ENSG00000104067	TJP1	chr15	29980898	29980935	-0.174989342179379	1.25741794576892E-09
ENSG00000160714	UBE2Q1	chr1	154516783	154516831	-0.163823734032104	1.25839778432574E-09
ENSG00000176754	LINC00303	chr1	204011421	204011461	-0.118949572425787	1.25951064864891E-09
ENSG00000070985	TRPM5	chr11	2444478	2444485	-0.14138863998234	1.26928659570006E-09
ENSG00000215908	CROCCP2	chr1	16950812	16950858	-0.202323404285876	1.2734967778865E-09
ENSG00000263335	AF001548.5	chr16	15820689	15820786	-0.228306962035154	1.30311033855728E-09
ENSG00000273238	RP11-1263C18.1	chr4	567675	567681	-0.220885958933433	1.30414474868211E-09
ENSG00000248738	RP11-87E22.2	chr8	22673092	22673234	-0.132353689143079	1.31153867815462E-09
ENSG00000200980	Y_RNA	chr16	4993543	4993571	-0.208311031981855	1.31490800073195E-09
ENSG00000271118	RP11-175E9.2	chr8	23656105	23656135	-0.187238210267727	1.34090482253871E-09
ENSG00000070915	SLC12A3	chr16	56899113	56899198	-0.108254655946752	1.34111115637435E-09
ENSG00000216077	MIR887	chr5	15935627	15935712	-0.261995620351808	1.34185287884797E-09
ENSG00000152214	RIT2	chr18	40376217	40376219	-0.106121125202916	1.35986843426124E-09
ENSG00000227338	RP11-195B3.1	chr10	3329765	3329842	-0.261255899099569	1.36199449905013E-09
ENSG00000166948	TGM6	chr20	2384235	2384367	-0.114203880460063	1.37412442848686E-09
ENSG00000130699	TAF4	chr20	60514354	60514387	-0.120034936229658	1.39221073960613E-09
ENSG00000269365	RP11-380M21.4	chr18	45458117	45458153	-0.121994222776086	1.40237700564595E-09
ENSG00000268965	AC061992.1	chr17	76436972	76437020	-0.129292717915827	1.40553216695288E-09
ENSG00000239167	AC090841.1	chr3	10491357	10491386	-0.208662388285436	1.41000889280818E-09
ENSG00000237370	AC010907.2	chr2	3649298	3649322	-0.242405457249017	1.41502480957029E-09
ENSG00000181903	OR4C6	chr11	55433005	55433034	-0.262431640567298	1.41510130663917E-09

ENSG00000261190	C16orf97	chr16	52032253	52032286	-0.252351993840246	1.42441289719536E-09
ENSG00000102910	LONP2	chr16	48269776	48269819	-0.172421046937589	1.42757312030748E-09
ENSG00000105520	DKFZP761J1410	chr19	11472261	11472293	-0.15526898913706	1.42842536763378E-09
ENSG00000255475	RP11-687M24.4	chr11	125009657	125009685	-0.229892872994043	1.43373849031616E-09
ENSG00000054598	FOXC1	chr6	1595676	1595765	-0.134620644320782	1.43390009892866E-09
ENSG00000243742	RPLP0P2	chr11	61382055	61382079	-0.189767746697963	1.43396072300887E-09
ENSG00000172382	PRSS27	chr16	2762540	2762569	-0.259088762062361	1.4342309804108E-09
ENSG00000270665	HNRNPA1P67	chr4	73632005	73632052	-0.118311840414138	1.43546150499889E-09
ENSG00000170819	BFSP2	chr3	133115946	133115988	-0.261894031992471	1.43970549420629E-09
ENSG00000267568	RP11-87G24.3	chr17	74944933	74944970	-0.191858768745822	1.44622729663121E-09
ENSG00000169327	OR5AU1	chr14	21623659	21623717	-0.197626138243059	1.44681909011621E-09
ENSG00000111321	LTBR	chr12	6483732	6483873	-0.206351900358077	1.45329165373554E-09
ENSG00000110066	SUV420H1	chr11	67914453	67914463	-0.176600182598326	1.46234893363956E-09
ENSG00000263414	MIR3187	chr19	814445	814535	-0.225069006695881	1.4678024095772E-09
ENSG00000171861	RNMTL1	chr17	684440	684493	-0.177933812579681	1.4767982892978E-09
ENSG00000177400	OR7E8P	chr8	12542498	12542536	-0.215225519901632	1.47778011682044E-09
ENSG00000266097	MIR5192	chr2	62459259	62459336	-0.18584767963861	1.48214642435222E-09
ENSG00000163501	IHH	chr2	219895376	219895414	-0.13408527925541	1.48262416978021E-09
ENSG00000236921	RP11-408N14.1	chr9	22155238	22155292	-0.116625278070208	1.48421176512239E-09
ENSG00000221689	AC092646.3	chr2	124443753	124443793	-0.111367518853248	1.48914559654365E-09
ENSG00000230584	CCT5P2	chr13	79484404	79484416	-0.31787556888753	1.49220334070245E-09
ENSG00000160886	LY6K	chr8	143777681	143777723	-0.239053532010115	1.50381607530156E-09
ENSG00000227630	LINC01132	chr1	234858914	234858997	-0.24005410118826	1.51151267106805E-09
ENSG00000221178	AC008045.1	chr14	79111489	79111512	-0.10493152461165	1.52037331905836E-09
ENSG00000263794	RN7SL457P	chr8	33550649	33550724	-0.194899616469719	1.52151461529064E-09
ENSG00000206647	SNORA2	chr2	10302395	10302509	-0.146551169829239	1.54219089174867E-09
ENSG00000256982	CTD-2555A7.2	chr16	89119402	89119709	-0.146675879547861	1.54796052314921E-09
ENSG00000207959	MIR656	chr14	101533127	101533133	-0.117302138753249	1.54804935604443E-09
LRG_473	LRG_473	chr2	238253260	238253304	-0.160249774952527	1.55840189921319E-09
ENSG00000236133	LINC01069	chr13	78550373	78550384	-0.158487055388015	1.56433709871922E-09
ENSG00000202398	RNU6-61P	chr13	80934176	80934179	-0.21520262507408	1.60245092869971E-09
ENSG00000228496	AC106875.1	chr2	11822036	11822056	-0.118096068118846	1.61377826436554E-09
ENSG00000258418	RP11-662J14.1	chr14	40672379	40672419	-0.140951434867806	1.61707745465447E-09
ENSG00000160224	AIRE	chr21	45701973	45702016	-0.101714084041051	1.63084894288586E-09
ENSG00000270394	MTRNR2L13	chr4	117220466	117220515	-0.172426527145517	1.63884074226497E-09
ENSG00000264989	AL136302.1	chr13	112572310	112572312	-0.121673984524679	1.64097981407136E-09
ENSG00000248364	OR7E86P	chr4	9453609	9453808	-0.245104378312711	1.64318923567372E-09
ENSG00000264387	MIR5007	chr13	55635564	55635636	-0.143780220098115	1.64947198733145E-09
ENSG00000231610	AC021021.1	chr2	6634379	6634387	-0.143832851775178	1.67800935794668E-09
ENSG00000215372	ZNF705G	chr8	7214119	7214153	-0.147091755563249	1.68096695371918E-09
ENSG00000232287	SLC6A1-AS1	chr3	11059027	11059050	-0.164597227630224	1.69532029504573E-09
ENSG00000253651	SOD1P3	chr8	126964509	126964551	-0.288232210367111	1.69537288845734E-09
ENSG00000161640	SIGLEC11	chr19	50444440	50444485	-0.108438726949347	1.70616896344485E-09
ENSG00000235910	APOA1-AS	chr11	116709264	116709295	-0.164114411149503	1.70987602128062E-09
ENSG00000227744	AC114788.2	chr2	239847647	239847663	-0.164542590839808	1.71747719843769E-09
ENSG00000252905	RNA5P330	chr11	8833521	8833565	-0.117706727085097	1.71850236958629E-09
ENSG00000247131	RP11-588G21.2	chr12	70083105	70083147	-0.167756287938292	1.73303815817137E-09
ENSG00000227040	RP11-533F5.2	chr4	57624064	57624089	-0.208970809020498	1.74688466366827E-09
ENSG00000256714	RP11-73M14.1	chr12	22528594	22528617	-0.155985606927353	1.77189549040466E-09
ENSG00000250927	MESTP3	chr4	28830772	28830789	-0.111958325353092	1.7794000554164E-09
ENSG00000241959	RN7SL76P	chr7	151149907	151149980	-0.235952672149766	1.79079487873413E-09
ENSG00000223566	TNRC18P2	chr7	63036854	63036886	-0.117534001322626	1.79283958854725E-09
ENSG00000250754	RP11-386B13.3	chr4	185972177	185972220	-0.14149422581402	1.79318991235252E-09
ENSG00000158497	HMHB1	chr5	143191742	143191771	-0.155967048205218	1.8013200184833E-09
ENSG00000185787	MORF4L1	chr15	79090345	79090391	-0.218114915622163	1.81582367840608E-09
ENSG00000110931	CAMKK2	chr12	121661747	121661793	-0.206939449102511	1.81669325837765E-09
ENSG00000249831	RP11-4O3.2	chr4	58542727	58542775	-0.125806119153217	1.81824280691465E-09
ENSG00000258477	PPIAP6	chr14	68988688	68988704	-0.17585937795848	1.82683273450474E-09
ENSG00000225760	LINC00431	chr13	111658907	111658941	-0.292191898603126	1.8470670200117E-09
ENSG00000172081	MOB3A	chr19	2065179	2065197	-0.217118805850893	1.84988758508345E-09
ENSG00000175267	VWA3A	chr16	22103841	22103855	-0.157517112969512	1.85450620094322E-09
ENSG00000179002	TAS1R2	chr1	19125237	19125279	-0.211991090412608	1.86771431125877E-09
ENSG00000268649	MIR296	chr20	57392535	57392545	-0.177601566568007	1.86830139800609E-09
ENSG00000261245	RP11-120K18.3	chr16	31382930	31383185	-0.158253640252316	1.89388013213183E-09
ENSG00000202269	U8	chr5	15096050	15096062	-0.102167992428518	1.91102041620836E-09
ENSG00000149089	APIP	chr11	34876732	34876740	-0.251444861483468	1.9138881924729E-09
ENSG00000225275	NUP210P2	chr3	11940010	11940051	-0.15330281244936	1.92496151565288E-09
ENSG00000222035	AC079354.3	chr2	202988253	202988268	-0.390866385870098	1.92795115677791E-09
ENSG00000234142	RP11-276E17.2	chr1	166459243	166459327	-0.160975728597721	1.93890068458419E-09

ENSG00000267656	RP11-807E13.3	chr18	13139942	13139980	-0.215387509257036	1.94523579308017E-09
ENSG00000224829	CTD-2589O24.1	chr11	76998779	76998857	-0.222588697101037	1.94770045867208E-09
ENSG00000228020	HNRNPA1P46	chr1	190995429	190995493	-0.12850932209173	1.95537222167423E-09
ENSG0000033050	ABCF2	chr7	150905060	150905133	-0.202640086249566	1.97149841137721E-09
ENSG00000166220	TBATA	chr10	72513685	72513707	-0.231987713908534	1.98113686271032E-09
ENSG00000153130	SCOC	chr4	141178496	141178538	-0.260180464151836	2.01290931958405E-09
ENSG00000140332	TLE3	chr15	70326383	70326422	-0.29895367958149	2.01627193188655E-09
ENSG00000168081	PNOC	chr8	28174345	28174350	-0.164251850577103	2.02443540955136E-09
ENSG00000261555	CTD-3229J4.1	chr16	17930969	17931017	-0.23126158976302	2.05325433228074E-09
ENSG00000253802	CTA-392C11.1	chr8	40180953	40180998	-0.296634968476251	2.05943370355454E-09
ENSG00000166887	VPS39	chr15	42448234	42448273	-0.160994124274123	2.06798943536082E-09
ENSG00000204241	RP11-713P17.3	chr11	133902253	133902287	-0.199470697882601	2.07579025386378E-09
ENSG00000249906	RP5-1029K10.2	chr17	47590117	47590239	-0.210432717540867	2.08362914462119E-09
ENSG00000153060	TEKT5	chr16	10723508	10723542	-0.135546609402187	2.08575182476375E-09
ENSG00000125823	CSTL1	chr20	23421663	23421691	-0.225246968548329	2.08741859074981E-09
ENSG00000273252	OR7E39P	chr7	6882120	6882170	-0.122044733904777	2.09277100168145E-09
ENSG00000213067	RP11-760D2.10	chr7	56665101	56665143	-0.164661476297557	2.09971034834692E-09
ENSG00000103056	SMPD3	chr16	68407295	68407328	-0.176383670698988	2.10821153241221E-09
ENSG00000174015	SPERT	chr13	46287777	46288280	-0.100408006721825	2.12536701281864E-09
ENSG00000196922	ZNF252P	chr8	146192531	146192600	-0.157850514721737	2.15136643772963E-09
ENSG00000222055	AC092117.1	chr16	2762695	2762878	-0.254755085934462	2.15333940170865E-09
ENSG00000264658	MIR4798	chr4	7301800	7301915	-0.140752680844844	2.15692080991837E-09
ENSG00000116882	HAO2	chr1	119910670	119910690	-0.17961233146873	2.16425040618405E-09
ENSG00000235768	BRD7P5	chr13	95410400	95410412	-0.260355228408323	2.17530052234744E-09
ENSG00000103154	NECAB2	chr16	84005373	84005545	-0.155752861502503	2.18502564960193E-09
ENSG0000036530	CYP46A1	chr14	100135137	100135277	-0.158205711507011	2.2093993609747E-09
ENSG00000264292	MIR2467	chr2	240270979	240271021	-0.189966038265492	2.21956091786505E-09
ENSG00000137267	TUBB2A	chr6	3160477	3160547	-0.177914545137324	2.22991481138805E-09
ENSG00000250977	RP11-173E2.2	chr4	139580260	139580286	-0.173869052454516	2.23501973783834E-09
ENSG00000201253	RNU4-10P	chr13	73743377	73743443	-0.220298612302056	2.27217253390525E-09
ENSG00000235876	FEM1AP4	chr13	19236686	19236719	-0.152246922780942	2.28900084762197E-09
ENSG00000252139	SCARNA18	chr18	47344107	47344179	-0.186506069874108	2.30197037068331E-09
ENSG00000211917	IGHD3-16	chr14	106361618	106361699	-0.257950177134817	2.30306370310546E-09
ENSG00000252187	AC051649.1	chr11	1940912	1941269	-0.103634166196074	2.30570258198725E-09
ENSG00000272839	RP11-452C13.1	chr7	157660191	157660321	-0.243828643746275	2.31625480352464E-09
ENSG00000231396	USP17L10	chr4	9212280	9212379	-0.150114427570452	2.34508547302785E-09
ENSG00000232399	USP17L13	chr4	9212280	9212379	-0.150114427570452	2.34508547302785E-09
ENSG00000267631	CGB1	chr19	49539493	49539527	-0.111328222507079	2.35164744168139E-09
ENSG00000164708	PGAM2	chr7	44103328	44103363	-0.209709619136278	2.35730504626687E-09
ENSG00000261418	RP11-529J17.3	chr15	23662068	23662187	-0.189384182178558	2.38515397303627E-09
ENSG00000271652	RP11-168P6.2	chr13	54707950	54707971	-0.288471222026623	2.38842403907012E-09
LRG_151	LRG_151	chr11	117857972	117858070	-0.173200472875279	2.43032175177307E-09
ENSG00000187730	GABRD	chr1	1962071	1962112	-0.12201900644938	2.45061619657659E-09
ENSG00000227189	AC092535.3	chr4	1148394	1148524	-0.20431991078199	2.46118985583597E-09
ENSG00000214026	MRPL23	chr11	1965508	1965540	-0.200506768941307	2.46289855109004E-09
ENSG00000177084	POLE	chr12	133198117	133198159	-0.132823134658163	2.47448482229768E-09
ENSG00000207252	Y_RNA	chr11	24436873	24436945	-0.10060364493845	2.48890480649145E-09
ENSG00000252565	SNORD112	chr8	10657514	10657550	-0.266208763082719	2.49589175287224E-09
ENSG00000176922	OR51S1	chr11	4870499	4870501	-0.161082039206441	2.50776763085914E-09
ENSG00000178597	PSAPL1	chr4	7436861	7436874	-0.109625333977116	2.53041272244365E-09
ENSG00000102891	MT4	chr16	56598820	56598894	-0.190179455453297	2.53328229746424E-09
ENSG00000244053	RPL13AP2	chr14	47670202	47670302	-0.118646734543772	2.55335115134292E-09
ENSG00000248693	CTD-2023M8.1	chr5	18746251	18746292	-0.134366907889943	2.5586634295937E-09
ENSG00000271201	AB019440.50	chr14	106660241	106660248	-0.238674930695789	2.56150146436958E-09
ENSG00000248746	ACTN3	chr11	66315209	66315239	-0.213988109073145	2.56846201109766E-09
ENSG00000232197	RP11-302L19.1	chr6	170462104	170462136	-0.126826357896751	2.57443515188381E-09
ENSG00000181220	ZNF746	chr7	149198922	149198985	-0.17687475589408	2.58254739376241E-09
ENSG00000249141	RP11-514O12.4	chr6	167284310	167284380	-0.263946753024504	2.59149692157715E-09
ENSG00000240669	RP11-555K12.2	chr4	153528113	153528146	-0.173755934971457	2.60535494392029E-09
ENSG00000170315	UBB	chr17	16282454	16282504	-0.216314012363069	2.61454497363018E-09
ENSG00000272078	RP4-734G22.3	chr1	10746964	10747004	-0.199556648057814	2.65900750582946E-09
ENSG00000166845	C18orf54	chr18	51881331	51881378	-0.170468779202182	2.66024447079081E-09
ENSG00000238946	snoU13	chr17	1521358	1521405	-0.160206582374773	2.66485249058575E-09
ENSG00000161395	PGAP3	chr17	37828195	37828220	-0.129565418631691	2.66878354171512E-09
ENSG00000237654	AP003025.2	chr11	131368908	131369066	-0.192426442400825	2.67269682827926E-09
ENSG00000259058	RP11-488C13.4	chr14	77391415	77391429	-0.184010421508843	2.69333430336225E-09
ENSG00000263489	CTC-264K15.6	chr17	62045666	62045705	-0.212557407069563	2.70518473110117E-09
ENSG00000179913	B3GNT3	chr19	17902217	17902250	-0.182048248944647	2.72188905318951E-09
ENSG00000254076	CTD-3145H4.1	chr8	138753269	138753345	-0.127929913688492	2.7270281502586E-09

ENSG00000207581	MIR199B	chr9	130996128	130996415	-0.17316342332062	2.74909331139901E-09
ENSG00000258926	RP11-47I22.1	chr14	62001001	62001013	-0.172592517125876	2.77973429313767E-09
ENSG00000211845	TRAJ44	chr14	22963867	22963884	-0.3800533038563	2.82016828107853E-09
ENSG00000150261	OR8K1	chr11	56113896	56113928	-0.310933833817429	2.82423500575163E-09
ENSG00000180422	LINC00304	chr16	89229078	89229129	-0.12154299168242	2.91335657841451E-09
ENSG00000229774	AC018866.1	chr2	121433098	121433127	-0.144692706531003	2.95855969697332E-09
ENSG00000226032	RP11-111C20.3	chr6	159471133	159471173	-0.171389316647042	2.99716334461912E-09
ENSG00000272272	snoU13	chr9	140305839	140305998	-0.341825040298665	2.99936578853007E-09
ENSG00000255377	DUXAP5	chr11	119341236	119341250	-0.211876369412954	3.03851183964113E-09
ENSG00000230405	RPS3AP52	chr13	69099190	69099213	-0.111849946638291	3.06519573928298E-09
ENSG00000233894	RP4-650F12.2	chr1	74931215	74931300	-0.122394529135955	3.0727770884768E-09
ENSG00000253837	RP11-177H13.2	chr8	23193612	23193743	-0.256820453774701	3.08743705081865E-09
ENSG00000112761	WISP3	chr6	112375287	112375333	-0.147649851053386	3.08763266566646E-09
ENSG00000225643	RP11-70P17.1	chr1	25895363	25895412	-0.29325889815676	3.1015073159157E-09
ENSG00000255153	TOLLIP-AS1	chr11	1332212	1332286	-0.123656155258638	3.14787664758634E-09
ENSG00000225614	ZNF469	chr16	88493773	88493904	-0.154196232678534	3.1888394385546E-09
ENSG00000234241	RP4-775C13.1	chr20	6195902	6196001	-0.196696356671452	3.21729797303825E-09
ENSG00000163121	NEURL3	chr2	97164048	97164084	-0.172844055248757	3.22146848723437E-09
ENSG00000234386	OR7E162P	chr4	3899919	3899921	-0.1401817268932	3.22646826035441E-09
ENSG00000272036	MIR139	chr11	72326087	72326138	-0.139592453351571	3.28337469875725E-09
ENSG00000196372	ASB13	chr10	5702208	5702248	-0.107353526056858	3.28452043720242E-09
ENSG00000200283	Y_RNA	chr2	29204103	29204142	-0.187733734853939	3.28602043585012E-09
ENSG00000115590	IL1R2	chr2	102623348	102623381	-0.140458016659791	3.29065580918922E-09
ENSG00000239809	RP11-51L5.2	chr17	60458987	60459037	-0.121609704646803	3.30711288672327E-09
ENSG00000213073	RP11-288H12.3	chr6	160511937	160512464	-0.185525560019357	3.37215598170825E-09
ENSG00000207203	RNU6-71P	chr13	36833409	36833451	-0.11994004362114	3.38968710814362E-09
ENSG00000262312	LA16c-39OH2.4	chr16	3596737	3596778	-0.125018170773583	3.40511078866762E-09
ENSG00000255804	OR6J1	chr14	23095661	23095775	-0.227358802859593	3.40546567557398E-09
ENSG00000255554	OR7E1P	chr11	67745915	67745948	-0.119923410002238	3.43191925247896E-09
ENSG00000169717	ACTRT2	chr1	2938246	2938279	-0.10573122008636	3.43588291407705E-09
ENSG00000259502	RP11-643G16.3	chr14	68076812	68076854	-0.10885976130622	3.44888946212549E-09
ENSG00000250192	RP11-300M6.1	chr4	58063449	58063484	-0.236767005334486	3.49337248061173E-09
ENSG00000140990	NDUFB10	chr16	2004755	2004777	-0.109597206245949	3.51617404155799E-09
ENSG00000239679	RN7SL193P	chr4	43849363	43849375	-0.118786562933014	3.54053602035487E-09
ENSG00000173699	SPATA3	chr2	231865094	231865213	-0.120084121195381	3.55182794585243E-09
ENSG00000211897	IGHG3	chr14	106235458	106235639	-0.141195955717064	3.57516491729781E-09
ENSG00000249272	UNC93B8	chr4	8967374	8967408	-0.132289205245522	3.58075877646867E-09
ENSG00000102970	CCL17	chr16	57437848	57437860	-0.103554132421117	3.58392542721848E-09
ENSG00000212204	RNA5SP91	chr2	33500863	33500893	-0.349577925240368	3.62455634152547E-09
ENSG00000165953	SERPINA12	chr14	94953696	94953835	-0.145481980128239	3.63577588553064E-09
ENSG00000213305	HNRNPCP6	chr11	84732648	84732685	-0.289588019752423	3.63598126428236E-09
ENSG00000218730	RP3-453I5.2	chr6	90905314	90905357	-0.273195222714807	3.65713553064069E-09
ENSG00000238707	SNORD2	chr10	58514430	58514466	-0.121017191595484	3.66387367142861E-09
ENSG00000130940	CASZ1	chr1	10695717	10695761	-0.190719507404303	3.66587512396412E-09
ENSG00000184156	KCNQ3	chr8	133261137	133261155	-0.105395193271668	3.6682781826645E-09
ENSG00000136274	NACAD	chr7	45125577	45125614	-0.126336294765442	3.68898409666296E-09
ENSG00000160799	CCDC12	chr3	46990225	46990263	-0.234265912325363	3.698745526712E-09
ENSG00000154447	SH3RF1	chr4	169991796	169991842	-0.217835789764197	3.70194626223601E-09
ENSG00000226643	RP11-358H9.1	chr1	222542598	222542633	-0.178702220302704	3.71515351682414E-09
ENSG00000204442	FAM155A	chr13	107822805	107822843	-0.127506751190007	3.72599381802245E-09
ENSG00000272299	RP11-394A14.4	chr13	64421805	64421835	-0.268030802078817	3.72776315963343E-09
ENSG00000255556	RP11-351I21.6	chr8	12237764	12237804	-0.22264556358241	3.73228982996894E-09
ENSG00000119686	FLVCR2	chr14	76045630	76045663	-0.108624981589165	3.7494195275628E-09
ENSG00000239600	AP000797.2	chr11	115829790	115829891	-0.259668186505641	3.75897035212297E-09
ENSG00000254318	C8orf87	chr8	94140538	94140562	-0.22561211183381	3.76331598128887E-09
ENSG00000160180	TFF3	chr21	43735713	43735760	-0.194740586851762	3.76411719162264E-09
ENSG00000249520	RP11-386B13.1	chr4	186007255	186007426	-0.141754901504788	3.8180917706843E-09
ENSG00000260996	RP13-122B23.8	chr9	140188227	140188313	-0.20294548705249	3.82977261566051E-09
LRG_63	LRG_63	chr1	92907439	92907595	-0.176410989083212	3.83319046912419E-09
ENSG00000223991	AC104809.2	chr2	241922164	241922205	-0.194452408370236	3.83598810053424E-09
ENSG00000206852	RNU6-895P	chr8	41158563	41158607	-0.224007032559526	3.83889188978208E-09
ENSG00000236301	MRGPRG-AS1	chr11	3239402	3240050	-0.101193606311974	3.85119027179787E-09
ENSG00000198732	SMOC1	chr14	70316848	70317239	-0.310954505901207	3.85622393639079E-09
ENSG00000100241	SBF1	chr22	50885288	50885422	-0.171231532868314	3.8688720962753E-09
ENSG00000197745	SCGB1D4	chr11	62063705	62063717	-0.312536639327775	3.87185921022629E-09
ENSG00000238169	LINC01053	chr13	25754851	25754880	-0.218463757836726	3.88545169032895E-09
ENSG00000175393	OR10A6	chr11	7949287	7949293	-0.254442617072317	3.91723947041709E-09
ENSG00000245248	USP2-AS1	chr11	119249578	119249612	-0.147827093791497	3.92557469734468E-09
ENSG00000207764	MIR133A2	chr20	61161025	61161073	-0.208817510151516	3.92853674881498E-09

ENSG00000167434	CA4	chr17	58236698	58236715	-0.271078984432997	3.9425231025828E-09
ENSG00000113303	BTNL8	chr5	180326142	180326186	-0.216943426860644	3.95789623845257E-09
ENSG00000160505	NLRP4	chr19	56347847	56347938	-0.133714300397932	3.96250102781927E-09
ENSG00000238367	MIR2113	chr6	98427169	98427210	-0.142885225892085	4.07629826680775E-09
ENSG00000165716	FAM69B	chr9	139604237	139604324	-0.161490799283076	4.12218649521278E-09
ENSG00000147677	EIF3H	chr8	117667019	117667055	-0.241809347506103	4.1277433373396E-09
ENSG00000259341	RP11-20G13.1	chr15	99967137	99967162	-0.195722213744641	4.13458275728772E-09
ENSG00000202048	SNORD114-20	chr14	101447346	101447389	-0.215604363402886	4.13481118039597E-09
ENSG00000252940	AL357936.1	chr9	124307575	124307606	-0.16235541758966	4.15762321385695E-09
ENSG00000229660	RP5-1142J19.1	chr7	157073403	157073440	-0.124767564572512	4.16205394436715E-09
ENSG0000027697	IFNGR1	chr6	137599320	137599360	-0.204048839173328	4.16756453571637E-09
ENSG00000137094	DNAJB5	chr9	34979468	34979495	-0.174361687363417	4.16822713226639E-09
ENSG00000236408	RP11-476H24.1	chr7	154667466	154667516	-0.105316232688478	4.24239680944777E-09
ENSG00000201085	RNU6-173P	chr4	189042690	189042723	-0.164497777438777	4.24490005457382E-09
ENSG00000231650	RFESDP1	chr13	23423450	23423486	-0.113824487543847	4.25607759306652E-09
ENSG00000250337	LINC01021	chr5	27472639	27472689	-0.181582448869976	4.25933405839309E-09
ENSG0000058404	CAMK2B	chr7	44258706	44258737	-0.282193791306461	4.27895768305234E-09
ENSG00000261398	RP11-244B22.6	chr16	34432944	34432979	-0.214055120903667	4.2958884387659E-09
ENSG00000238184	CD81-AS1	chr11	2349807	2349892	-0.169002552025686	4.29692853490154E-09
ENSG00000266196	RP11-675P14.1	chr18	28368423	28368551	-0.112939522555237	4.29893705050347E-09
ENSG00000247270	AC132186.1	chr16	66519337	66519361	-0.190307555507132	4.3218453809222E-09
ENSG00000227306	AP006285.6	chr11	1707096	1707272	-0.100811154827357	4.36568287647029E-09
ENSG00000263574	CTD-2532D12.4	chr17	71739315	71739404	-0.371529384083079	4.36601514469611E-09
ENSG00000090565	RAB11FIP3	chr16	471022	471094	-0.201949049882932	4.37778763553199E-09
ENSG00000252769	RNU6-943P	chr11	7927393	7927440	-0.155471319013823	4.39054740425505E-09
ENSG00000222335	Y_RNA	chr3	195929378	195929425	-0.297717615021789	4.39756830781009E-09
ENSG00000251722	RNU5E-3P	chr4	48677365	48677448	-0.234405624940012	4.41615997337339E-09
ENSG00000221105	AL159997.1	chr9	135084319	135084504	-0.123151801022071	4.45800242060559E-09
ENSG00000270432	OR7E108P	chr9	93517268	93517277	-0.255560815007111	4.4604278994788E-09
ENSG00000166391	MOGAT2	chr11	75428910	75428970	-0.200663407766955	4.48034490531195E-09
ENSG00000232415	CTB-51J22.1	chr7	73474232	73474268	-0.226471037265771	4.48514620993483E-09
ENSG00000265977	AL450307.2	chr10	133326951	133326998	-0.175122871140881	4.48590600961474E-09
ENSG00000262008	RP11-510M2.8	chr16	71477052	71477068	-0.175051815145213	4.5268353588432E-09
ENSG00000169006	NTSR2	chr2	11797017	11797089	-0.152244114551882	4.54902887254179E-09
ENSG00000244155	CYP4F34P	chr13	19312469	19312513	-0.221083611108103	4.58841014410437E-09
ENSG00000228611	HNF4GP1	chr13	56614214	56614251	-0.171543220100821	4.6132831589635E-09
ENSG00000249917	LINC00536	chr8	116836584	116836588	-0.18406151592502	4.62908367869845E-09
ENSG00000237314	RPL12P39	chr18	61711469	61711537	-0.149556915789649	4.63546475721008E-09
ENSG00000262171	CTA-972D3.2	chr16	15993411	15993454	-0.230964471189196	4.66379495313163E-09
ENSG00000261578	RP11-21L23.2	chr11	76516479	76516507	-0.157599566769725	4.67630574482663E-09
ENSG00000104964	AES	chr19	3030052	3030090	-0.134625466119063	4.75626729116342E-09
ENSG00000267469	AC005944.2	chr19	3030052	3030090	-0.134625466119063	4.75626729116342E-09
ENSG00000234556	LINC00701	chr10	2308908	2308951	-0.118169620880916	4.80776543791651E-09
ENSG00000236565	HNRNPA3P5	chr13	66236767	66236801	-0.181409667596244	4.82432932376434E-09
ENSG00000266730	RN7SL773P	chr3	195648538	195648574	-0.286118366988084	4.83555620455704E-09
ENSG00000254519	CTD-2210P24.1	chr11	45744923	45744972	-0.278465337128927	4.85028199309352E-09
ENSG00000139921	TMX1	chr14	51643683	51643693	-0.269704040433721	4.8908460452411E-09
ENSG00000261327	RP11-863P13.3	chr16	88217970	88217980	-0.158106299939681	4.9014403211661E-09
ENSG00000171813	PWWP2B	chr10	134221604	134221636	-0.103246329714749	4.91189952463831E-09
ENSG00000186832	KRT16	chr17	39768733	39768924	-0.151008064781227	4.91820756421127E-09
ENSG00000160932	LY6E	chr8	144097717	144097725	-0.244747245132348	4.94617438781114E-09
ENSG00000254989	RP11-469N6.3	chr11	134537671	134537680	-0.269047610172379	4.97528753519185E-09
ENSG00000068024	HDAC4	chr2	239962946	239962976	-0.103163421135723	5.00162404536835E-09
ENSG00000178586	OR6B3	chr2	240983165	240983200	-0.195183713652938	5.06911567258607E-09
ENSG00000167994	RAB3IL1	chr11	61665422	61665465	-0.165025008498303	5.09335405488027E-09
ENSG00000101665	SMAD7	chr18	46450100	46450148	-0.177718157296614	5.12762680635862E-09
ENSG00000146540	C7orf50	chr7	1031112	1031242	-0.183720085115342	5.18874994935327E-09
ENSG00000227513	AC114755.3	chr2	106959842	106959938	-0.168220317854449	5.22835096037819E-09
ENSG00000250710	OR7E99P	chr4	4166251	4166279	-0.118896847060142	5.24883362500876E-09
ENSG00000250456	AC006552.1	chr4	55391930	55391971	-0.226804865786469	5.27204965924111E-09
ENSG00000255580	AP000462.2	chr11	115238271	115238279	-0.428556518483917	5.27243491579105E-09
ENSG00000187173	LCE2A	chr1	152671572	152671618	-0.138186788252728	5.33353539988349E-09
ENSG00000232896	RP11-410K21.2	chr9	113343162	113343166	-0.269096488050572	5.33807224921531E-09
ENSG00000258381	RP11-737F10.1	chr14	49274525	49274618	-0.235852710233966	5.36112999117444E-09
ENSG00000213448	RPS23P2	chr4	138399938	138399947	-0.226280555472	5.41446576524701E-09
ENSG00000258839	MC1R	chr16	89981731	89981752	-0.180326161357322	5.44869398894818E-09
ENSG00000224307	RP11-344B5.2	chr9	132050727	132050778	-0.105533593353808	5.53582485610387E-09
ENSG00000104522	TSTA3	chr8	144702973	144703022	-0.279275089620548	5.59815018522375E-09
ENSG00000226416	MRPL23-AS1	chr11	2004497	2004506	-0.121784999180916	5.60938865945451E-09

ENSG00000237436	RP11-312B8.1	chr1	6831583	6831628	-0.213393821401474	5.74051643928296E-09
ENSG00000100395	L3MBTL2	chr22	41597229	41597237	-0.200666286657661	5.77659336335766E-09
ENSG00000205250	E2F4	chr16	67224619	67224629	-0.155824499973125	5.84244341537379E-09
ENSG00000256783	RP11-503G7.1	chr12	133022589	133022912	-0.129864082952683	5.8577959767446E-09
ENSG00000251542	CTC-313D10.1	chr5	114039145	114039179	-0.117462356625645	5.90926256862238E-09
ENSG00000221261	MIR1208	chr8	129165400	129165455	-0.240561144633375	5.9898487078746E-09
ENSG00000238496	snoU13	chr8	9789639	9789649	-0.227424929917207	6.00836975517321E-09
ENSG00000249859	PVT1	chr8	128808017	128808063	-0.253961635663208	6.04763554636697E-09
ENSG00000104324	CPQ	chr8	97654499	97654540	-0.29595161899789	6.06793440308636E-09
ENSG00000254040	RP11-421P23.2	chr8	20899217	20899254	-0.235083403096215	6.15060815357795E-09
ENSG00000248208	RP11-153M7.1	chr4	154572941	154572954	-0.159562838525671	6.18753982328538E-09
ENSG00000235529	AGAP1-IT1	chr2	236417578	236417641	-0.205607231261737	6.18903897491653E-09
ENSG00000260565	ERVK13-1	chr16	2713338	2713375	-0.263573831344939	6.27684132302539E-09
ENSG00000071246	VASH1	chr14	77219162	77219179	-0.16379638064282	6.28782337338371E-09
ENSG00000116176	TPSG1	chr16	1271095	1271390	-0.222149841338751	6.29005211942816E-09
ENSG00000167863	ATP5H	chr17	73033144	73033167	-0.142941706920984	6.30899092907889E-09
ENSG00000167723	TRPV3	chr17	3433392	3433457	-0.237040109496837	6.31518462066226E-09
ENSG00000265437	RP11-757O6.4	chr18	14361467	14361587	-0.115472943869116	6.38819054068734E-09
ENSG00000166589	CDH16	chr16	66943845	66943891	-0.140220358099749	6.42587948702316E-09
ENSG00000226668	RP11-526D8.7	chr9	95640653	95640681	-0.124442839582819	6.45030949282124E-09
ENSG00000250115	AK3P2	chr8	144141729	144141751	-0.213688081283294	6.45774383326997E-09
ENSG00000241130	RP11-507J18.1	chr15	51104038	51104268	-0.200666549376689	6.56705187726315E-09
ENSG00000249018	GAPDHP56	chr4	131498209	131498247	-0.224800522558989	6.57915523340622E-09
ENSG00000078369	GNB1	chr1	1758687	1758737	-0.19907612445754	6.60165891626852E-09
ENSG00000101342	TLDC2	chr20	35504590	35504627	-0.184520915926068	6.60268120371528E-09
ENSG00000188064	WNT7B	chr22	46322447	46322472	-0.189478554075575	6.615724639454E-09
ENSG00000258548	LINC00645	chr14	28081779	28081805	-0.153605913565158	6.63432141256439E-09
ENSG00000267105	CTD-2369P2.4	chr19	10370594	10370642	-0.132647866668952	6.63880268409969E-09
ENSG00000239793	RP11-109G23.1	chr4	79689629	79689757	-0.326550939164159	6.65845307355851E-09
ENSG00000255202	RP4-541C22.5	chr11	33694151	33694167	-0.148526639100463	6.68075087384054E-09
ENSG00000236380	VENTXP7	chr3	21448035	21448066	-0.10258095446643	6.68893400393653E-09
ENSG00000272914	RP11-330O11.3	chr10	31121881	31121916	-0.207558016627401	6.72389806575202E-09
ENSG00000243870	RN7SL236P	chr17	76362068	76362111	-0.272357668350877	6.74435404914369E-09
ENSG00000253622	RP11-654G14.1	chr8	118147191	118147200	-0.158266023577554	6.75548345591197E-09
ENSG00000253224	PGAM5P1	chr5	109220343	109220383	-0.1061233674257	6.7605706213297E-09
ENSG00000261039	RP11-417E7.2	chr6	169586368	169586416	-0.10026395257558	6.7818434108768E-09
ENSG00000230716	KRT8P7	chr11	119474842	119474964	-0.121452554006574	6.8042351864055E-09
ENSG00000136854	STXBP1	chr9	130407285	130407325	-0.249020966512658	6.81484999823704E-09
ENSG00000252890	RNU6-699P	chr4	67765128	67765179	-0.120400940709547	6.81997663779315E-09
ENSG00000070614	NDST1	chr5	149887736	149887769	-0.150412623772327	6.83870313425486E-09
ENSG00000105135	ILVBL	chr19	15223240	15223298	-0.13180893091262	6.84706416109617E-09
ENSG00000072121	ZFYVE26	chr14	68196371	68196401	-0.148268196946294	6.86693252433356E-09
ENSG00000228157	AC007952.5	chr17	18996923	18996949	-0.207287222881927	6.90018396243149E-09
ENSG00000204007	GLT6D1	chr9	138531600	138531641	-0.131425110190018	6.93094040277702E-09
ENSG00000100033	PRODH	chr22	18897763	18897811	-0.100649325176482	6.96298697641435E-09
ENSG00000228156	RP11-410N8.1	chr20	31167149	31167198	-0.130885381883869	7.02543934051856E-09
ENSG00000129167	TPH1	chr11	18042547	18042588	-0.168119767391112	7.03249743031804E-09
ENSG00000231890	AC093391.2	chr2	136783232	136783358	-0.132761985465753	7.03867227010349E-09
ENSG00000253288	RP11-238K6.1	chr8	138767595	138767737	-0.143028573766953	7.1029911785597E-09
ENSG00000186860	KRTAP17-1	chr17	39471888	39471940	-0.108709023405305	7.14761220408345E-09
ENSG00000255257	AC025016.1	chr11	5957922	5957990	-0.121826829802948	7.24056704067699E-09
ENSG00000220831	NDUFA5P9	chr6	86994485	86994574	-0.121460578592654	7.25429147977795E-09
ENSG00000259420	RP11-307C19.2	chr15	77862098	77862130	-0.242947143758367	7.35296459217644E-09
ENSG00000272161	RP4-713A8.1	chr1	2258068	2258112	-0.139308037025431	7.43224108087078E-09
ENSG00000253580	RP11-790J24.2	chr8	109756376	109756436	-0.1995458778092	7.45398266311325E-09
ENSG00000141002	TCF25	chr16	89913601	89914028	-0.185392743733331	7.46956980518774E-09
ENSG00000255100	RP11-21L23.3	chr11	76498672	76498701	-0.135182926541381	7.47296173074822E-09
ENSG00000261294	RP11-616M22.3	chr16	1248441	1248561	-0.109301400035864	7.51416326451505E-09
ENSG00000229175	LINC00382	chr13	80443385	80443475	-0.146299591423524	7.57647640916115E-09
ENSG00000239066	snoU13	chr22	22874537	22874580	-0.154320757477474	7.60881054557378E-09
ENSG00000227455	RP11-300M24.1	chr6	165032072	165032124	-0.213188856418748	7.62567720378927E-09
ENSG00000100647	KIAA0247	chr14	70124700	70124707	-0.229471579212074	7.66522677470304E-09
ENSG00000254606	RP11-22P4.2	chr11	28581171	28581187	-0.284426093425334	7.82561334895715E-09
ENSG00000225478	RP1-8B22.2	chr1	18926475	18926516	-0.208786754138728	7.83601949402404E-09
ENSG00000238722	snoU13	chr2	3064102	3064132	-0.144637352493329	7.86666015094838E-09
ENSG00000258613	RPL21P7	chr14	65722565	65722647	-0.197163434717275	7.87276079607129E-09
ENSG00000214548	MEG3	chr14	101242551	101242578	-0.176663531452091	7.92674877998058E-09
ENSG00000133878	DUSP26	chr8	33451084	33451248	-0.135854515426165	7.98859512269005E-09
ENSG00000151704	KCNJ1	chr11	128710086	128710122	-0.271136604187026	8.04349495122134E-09

ENSG00000225649	AC064875.2	chr2	12994494	12994526	-0.11315268100818	8.07625784400653E-09
ENSG00000160683	CXCR5	chr11	118754507	118754565	-0.134459262539708	8.11830185894647E-09
ENSG00000256589	ENPP7P5	chr12	8398701	8398749	-0.103315621434991	8.11981997538504E-09
ENSG00000218565	RP11-12A2.1	chr6	139644902	139644937	-0.164694061568064	8.14929169508647E-09
ENSG00000171044	XKR6	chr8	10753214	10753272	-0.196899825734911	8.14981087697277E-09
ENSG00000150540	HNMT	chr2	138721303	138721317	-0.159248646269075	8.1582977010213E-09
ENSG00000187800	PEAR1	chr1	156849741	156849883	-0.136260557832298	8.21321645926668E-09
ENSG00000175229	GAL3ST3	chr11	65806928	65806936	-0.220900730784735	8.21963606205086E-09
ENSG00000255774	AP000439.3	chr11	69294978	69295020	-0.148979070360126	8.25418008348539E-09
ENSG00000249022	RP11-285C1.2	chr4	153943605	153943654	-0.192729069281445	8.2557930308532E-09
ENSG00000238224	RP11-522M2.2	chr1	245772763	245772794	-0.163609858289731	8.28629741816815E-09
ENSG00000211890	IGHA2	chr14	106053491	106053656	-0.125363414281394	8.29515998215124E-09
ENSG00000263981	MIR5705	chr4	88216713	88216766	-0.233767184510687	8.29536979548161E-09
ENSG00000273100	RP11-302L19.3	chr6	170493988	170494025	-0.179198140206792	8.30140783576287E-09
ENSG00000253340	RP11-139G7.1	chr8	51770628	51770755	-0.173910179290401	8.34012356624546E-09
ENSG00000157637	SLC38A10	chr17	79225324	79225360	-0.179927795788293	8.36232332803988E-09
ENSG00000226969	RP11-547D24.3	chr1	1974783	1974938	-0.164273839686599	8.38198442339648E-09
ENSG00000100439	ABHD4	chr14	23083132	23083160	-0.262247241403819	8.38770298295149E-09
ENSG00000263069	CTD-2047H16.4	chr17	78326513	78326557	-0.160247000528809	8.40660156700101E-09
ENSG00000266043	MIR3649	chr12	1742011	1742040	-0.140444970223046	8.41034172514032E-09
ENSG00000201794	RN7SKP130	chr7	3033575	3033656	-0.17190743370021	8.44334182857655E-09
ENSG00000198488	B3GNT6	chr11	76750053	76750184	-0.125961427773239	8.46196957503152E-09
ENSG00000221041	AP001537.1	chr21	20125403	20125484	-0.117871453573252	8.47405515187237E-09
ENSG00000207271	Y_RNA	chr10	37023680	37023728	-0.113932415887312	8.49346444022707E-09
ENSG00000112685	EXOC2	chr6	449140	449170	-0.13122237853277	8.51291990398052E-09
ENSG00000216560	LINC00955	chr4	3578617	3578701	-0.14161356944104	8.52630914717183E-09
ENSG00000183549	ACSM5	chr16	20420652	20420663	-0.179852292484832	8.57712722139331E-09
ENSG00000180155	LYNX1	chr8	143851194	143851427	-0.146259548970209	8.62448452329719E-09
ENSG00000215568	MIR670	chr11	43581303	43581305	-0.192595979345569	8.68555896020366E-09
ENSG00000197102	DYNC1H1	chr14	102424799	102424834	-0.187512131378253	8.70851320945474E-09
ENSG00000251745	RNU7-124P	chr9	37964240	37964247	-0.173220273481001	8.73734450165294E-09
ENSG00000153446	C16orf89	chr16	5094222	5094271	-0.176198246913309	8.7493023477935E-09
ENSG00000252048	U3	chr4	184094876	184094892	-0.238158405165253	8.86039709201327E-09
ENSG00000263199	RP11-372K20.1	chr17	52751136	52751163	-0.159079212914018	8.89830660291128E-09
ENSG00000165566	AMER2	chr13	25726655	25726746	-0.189651269655531	8.89975683187225E-09
ENSG00000074211	PPP2R2C	chr4	6324169	6324228	-0.104836374855494	8.94148747524294E-09
ENSG00000252254	Y_RNA	chr1	8388537	8388558	-0.105702260042901	9.04821492901151E-09
ENSG00000130700	GATA5	chr20	61041276	61041337	-0.106147619680561	9.12034156967829E-09
ENSG00000255059	AP000620.1	chr11	100537219	100537234	-0.102363559662274	9.15411419398083E-09
ENSG00000204754	CTC-281M20.1	chr5	174328794	174328824	-0.111769011380433	9.16665646148523E-09
ENSG00000182264	IZUMO1	chr19	49244668	49244691	-0.144492937126656	9.17528968572644E-09
ENSG00000116688	MFN2	chr1	12039648	12039738	-0.103000474804088	9.20242507459673E-09
LRG_255	LRG_255	chr1	12039648	12039738	-0.103000474804088	9.20242507459673E-09
ENSG00000214298	MRPS21P6	chr10	126840912	126841033	-0.175155522772677	9.26176138343277E-09
ENSG00000185624	P4HB	chr17	79799587	79799623	-0.208441365309371	9.26946628337289E-09
ENSG00000264985	RP11-449L23.2	chr17	71489480	71489530	-0.281965779085891	9.35771499067599E-09
LRG_376	LRG_376	chr16	81818710	81818755	-0.103076915701056	9.41910219600513E-09
ENSG00000240338	RP11-331F4.4	chr16	75261011	75261174	-0.234885413676047	9.53337110088911E-09
ENSG00000205653	RP3-416J7.5	chr6	225599	225688	-0.138425323200412	9.57669349637188E-09
ENSG00000225331	AP001055.6	chr21	45580940	45581001	-0.120053406025701	9.6479815301219E-09
ENSG00000170525	PFKFB3	chr10	6162727	6162780	-0.207737798212478	9.66566840726969E-09
LRG_178	LRG_178	chr9	139261933	139262285	-0.132300570395286	9.6705002668585E-09
ENSG00000248200	RP11-115A14.1	chr4	111115865	111115893	-0.208600217226346	9.74585891992715E-09
ENSG00000233271	RP11-12C17.2	chr1	55447018	55447061	-0.126361064436146	9.75428079310364E-09
ENSG00000251239	CTB-22K21.2	chr17	48674136	48674283	-0.200722433120429	9.77901100286088E-09
ENSG00000095370	SH2D3C	chr9	130513215	130513258	-0.354891266872209	9.84192033002827E-09
ENSG00000186847	KRT14	chr17	39739511	39739541	-0.121092794898163	9.85135404369611E-09
ENSG00000254914	CTD-2537L20.1	chr11	42904380	42904419	-0.100410312294263	9.88285386951941E-09
ENSG00000164816	DEFA5	chr8	6922458	6922533	-0.1316817145605	9.88315053544971E-09
ENSG00000256212	AL773602.1	chr21	46020529	46020573	-0.180507855222054	9.8844840382934E-09
ENSG00000241168	RP11-10Q22.1	chr3	162705398	162705504	-0.122539477065019	9.8883171312529E-09
ENSG00000243049	RN7SL33P	chr17	2451100	2451138	-0.219106729754992	9.9220096840833E-09
ENSG00000256943	RP13-895J2.2	chr12	132849424	132849538	-0.166707846283706	1.02040643022587E-08
ENSG00000214688	C10orf105	chr10	73437369	73437417	-0.16768624592645	1.02435636347934E-08
ENSG00000254334	RP11-24P4.1	chr8	21155078	21155093	-0.125652250362407	1.02454046658348E-08
ENSG00000251871	AC016113.1	chr8	53974939	53975014	-0.122455359106056	1.03658489418068E-08
ENSG00000242037	RN7SL585P	chr13	95343063	95343140	-0.218171291614575	1.03797135457429E-08
ENSG00000265881	PDLIM1P2	chr17	21326499	21326533	-0.128154720433738	1.03797448625094E-08
LRG_393	LRG_393	chr12	111358256	111358297	-0.107650071962553	1.03842535406931E-08

ENSG00000258739	ENO1P2	chr15	92988068	92988190	-0.134053589612201	1.04187222298656E-08
ENSG00000170953	OR8B12	chr11	124413439	124413491	-0.147107285910204	1.04187357569364E-08
ENSG00000269190	FBXO17	chr19	39431912	39431981	-0.217177062026386	1.04247724273695E-08
ENSG00000048140	TSPAN17	chr5	176088370	176088398	-0.155978705431002	1.04521646595307E-08
ENSG00000136960	ENPP2	chr8	120599262	120599284	-0.265050965020801	1.04924104358737E-08
ENSG00000221417	MIR1257	chr20	60529016	60529106	-0.210794934804419	1.04931264396425E-08
ENSG00000266124	MIR5587	chr16	585306	585451	-0.179440087584212	1.05385793558425E-08
ENSG00000105369	CD79A	chr19	42383182	42383228	-0.137827138248994	1.06577262550863E-08
LRG_42	LRG_42	chr19	42383182	42383228	-0.137827138248994	1.06577262550863E-08
ENSG00000124915	RP11-467L20.10	chr11	61514925	61514964	-0.158620888872758	1.07061752208468E-08
ENSG00000508085	LAMC2	chr1	183155116	183155248	-0.107597809599971	1.07230820047723E-08
ENSG00000267287	RP11-567M16.1	chr18	77333282	77333323	-0.198435473826053	1.07604858876191E-08
ENSG00000254095	RP11-566H8.2	chr8	31259442	31259474	-0.225223306392854	1.07780373250182E-08
ENSG00000196656	AC004057.1	chr4	114130614	114130653	-0.215929097209276	1.08060386920717E-08
ENSG00000047249	ATP6V1H	chr8	54647646	54647662	-0.334554235368317	1.10503598701896E-08
ENSG00000179111	HES7	chr17	8012656	8012693	-0.114641615433614	1.10552928387461E-08
ENSG00000269468	AC004824.2	chr1	17665825	17665866	-0.253779725483458	1.10804269643447E-08
ENSG00000203387	AC074019.2	chr2	229173318	229173356	-0.116977061790588	1.10988989842657E-08
ENSG00000119185	ITGB1BP1	chr2	9518704	9518740	-0.263781734906989	1.11003670087189E-08
ENSG00000237371	RP13-152O15.5	chr20	62690218	62690265	-0.270824962118959	1.11345152841961E-08
ENSG00000207708	MIR141	chr12	7073240	7073260	-0.20029817205561	1.1259922232842E-08
ENSG00000162576	MXRA8	chr1	1280141	1280176	-0.201596141646481	1.12599654882609E-08
ENSG00000264580	MIR5692B	chr21	44375543	44375584	-0.162471248494047	1.13170291974496E-08
ENSG00000234445	FGF14-AS1	chr13	103019936	103019977	-0.217638150646028	1.1400017396459E-08
ENSG00000158296	SLC13A3	chr20	45180256	45180294	-0.124993559817476	1.14707849176457E-08
ENSG00000248538	RP11-10A14.5	chr8	9045320	9045328	-0.162612828636187	1.15284557062728E-08
ENSG00000173715	C11orf80	chr11	66510782	66510805	-0.228354019355471	1.15372255714976E-08
ENSG00000257002	AP000438.2	chr11	62688748	62688751	-0.113102284848891	1.16989562864251E-08
ENSG00000184916	JAG2	chr14	105603442	105603566	-0.208440415157415	1.17703133831646E-08
ENSG00000253369	RP11-1081M5.1	chr8	54355193	54355268	-0.203664328301392	1.18221891609613E-08
ENSG00000155249	OR4K1	chr14	20403216	20403239	-0.169071029644929	1.18587329719662E-08
ENSG00000250105	CTD-3074O7.2	chr11	66323598	66323637	-0.141752749017186	1.18676744205234E-08
ENSG00000253425	HSPA8P13	chr8	47348235	47348388	-0.100612807267391	1.18836340764716E-08
ENSG00000266391	AC074389.1	chr7	1801483	1801555	-0.227091053505062	1.19175087415011E-08
ENSG00000186166	CCDC84	chr11	118869816	118869818	-0.10675792098461	1.1934542393846E-08
ENSG00000175728	C11orf44	chr11	130514052	130514126	-0.17375911138382	1.1980553982282E-08
ENSG00000100298	APOBEC3H	chr22	39496237	39496332	-0.22074890432651	1.21529967273302E-08
ENSG00000262884	CTD-3060P21.1	chr17	2843270	2843319	-0.259106037947936	1.22761886662778E-08
ENSG00000187012	LINC00207	chr22	44965189	44965235	-0.271408895537737	1.22807442254803E-08
ENSG00000236392	AC100848.1	chr18	61816597	61816683	-0.160181649460336	1.22891136198811E-08
ENSG00000224771	ATP2B2-IT2	chr3	10670671	10670801	-0.1556143542446	1.2348446216565E-08
ENSG00000254943	RP11-664I21.6	chr11	124765380	124765596	-0.14470030825781	1.23655728966926E-08
ENSG00000264012	RP11-627G18.2	chr18	19753386	19753432	-0.150274100223847	1.24137792194414E-08
ENSG00000240863	RN7SL645P	chr16	58239341	58239360	-0.151115418756284	1.24335230594422E-08
ENSG00000239315	RPL19P13	chr8	11113620	11113626	-0.188154690687301	1.24572482235401E-08
ENSG00000127129	EDN2	chr1	41950242	41950325	-0.169231256093837	1.24578686405782E-08
ENSG00000262855	RP11-4618.4	chr17	5032089	5032131	-0.154905986182765	1.2522525521092E-08
ENSG00000263427	RP11-599B13.3	chr17	7960424	7960457	-0.158649575995102	1.25420100478982E-08
ENSG00000076344	RGS11	chr16	318193	318213	-0.130670627171222	1.26374407765268E-08
ENSG00000147364	FBXO25	chr8	354507	354520	-0.213880265509147	1.26909158759243E-08
ENSG00000164303	ENPP6	chr4	185016276	185016290	-0.258508085249559	1.27458991310368E-08
ENSG00000142319	SLC6A3	chr5	1393832	1393854	-0.155032421199817	1.27521216469437E-08
ENSG00000234439	KRT18P2	chr21	21798381	21798431	-0.166456113606359	1.27611812694898E-08
ENSG00000236938	AC003092.2	chr7	93730169	93730271	-0.128110051103039	1.28567701234044E-08
ENSG00000252606	RNU6-1150P	chr21	45405699	45405724	-0.193004721369079	1.29245317369099E-08
ENSG00000254792	RP11-119D9.4	chr11	67615934	67616009	-0.162717066447903	1.34212498977485E-08
ENSG00000175820	CCDC168	chr13	103381815	103381831	-0.217897836327635	1.34315590760649E-08
ENSG00000169064	ZBBX	chr3	166901145	166901180	-0.244496805299538	1.34637505551394E-08
ENSG00000115468	EFHD1	chr2	233476215	233476258	-0.188451775639134	1.35080056955815E-08
ENSG00000242993	RP11-697H10.1	chr11	95658469	95658494	-0.110210704179446	1.37297453891811E-08
ENSG00000241411	RP11-192C21.1	chr4	135873466	135873516	-0.106756799908186	1.38498315221441E-08
ENSG00000239034	snoU13	chr4	186877382	186877393	-0.163993615817035	1.38858997688973E-08
ENSG00000126749	EMG1	chr12	7071791	7071857	-0.153312642910591	1.389139112474E-08
ENSG00000236764	COX7A2P2	chr4	97663605	97663629	-0.101972136713704	1.38980894684737E-08
ENSG00000264079	AC079412.1	chr16	54574634	54574744	-0.33019636814666	1.3946457124403E-08
ENSG00000135069	PSAT1	chr9	81056798	81057225	-0.111841201016127	1.39917994675078E-08
ENSG00000166118	SPATA19	chr11	133715304	133715330	-0.186323955308832	1.40335272699922E-08
ENSG00000100068	LRP5L	chr22	25763946	25763991	-0.214418093980003	1.40576711077275E-08
ENSG00000250815	RP11-89B16.2	chr4	54793685	54793698	-0.233315659049237	1.41351042089976E-08

ENSG00000166509	CLEC3A	chr16	78056626	78056629	-0.18575907664882	1.41887871743298E-08
ENSG00000169962	TAS1R3	chr1	1267063	1267137	-0.197410446196668	1.42350325266469E-08
ENSG00000238500	RNU7-87P	chr13	67136210	67136293	-0.114828680389539	1.42812112859859E-08
ENSG00000068078	FGFR3	chr4	1791548	1791597	-0.286044847810457	1.43997860148176E-08
ENSG00000250705	CTC-470C15.1	chr5	87898489	87898551	-0.111815828033289	1.45094626661251E-08
ENSG00000254281	KB-1507C5.4	chr8	104007458	104007531	-0.259860322386829	1.45594154371765E-08
ENSG00000251363	RP11-129M6.1	chr14	41163889	41163961	-0.180497099389045	1.46529082052442E-08
ENSG00000228842	PCDH9-AS2	chr13	67421983	67422002	-0.139799094778339	1.47308484709304E-08
ENSG00000250510	GPR162	chr12	6933293	6933475	-0.196937603361937	1.47880036786118E-08
ENSG00000140968	IRF8	chr16	85926058	85926133	-0.194327699287241	1.48506092666062E-08
ENSG00000259010	RP11-973N13.2	chr14	65112031	65112069	-0.256590335289149	1.49980157333972E-08
ENSG00000222934	RN7SKP284	chr3	86461104	86461185	-0.157589093415651	1.50117941050874E-08
ENSG00000203690	TCP10	chr6	167786686	167786760	-0.144215650236455	1.51429075550307E-08
ENSG00000248336	HMGN1P11	chr4	63413889	63414007	-0.251558863413816	1.51443617532686E-08
ENSG00000270403	RP11-35P15.1	chr11	117515266	117515308	-0.102656563683495	1.51553929255763E-08
ENSG00000270132	WISP1-OT1	chr8	134224870	134224909	-0.261071092045093	1.52474680669972E-08
ENSG00000255394	C8orf49	chr8	11619819	11619905	-0.226091187459902	1.53448471433591E-08
ENSG00000158545	ZC3H18	chr16	88625292	88625456	-0.157030558485983	1.536611167277747E-08
ENSG00000182759	MAFA	chr8	144506810	144506840	-0.119074086988309	1.54627500141097E-08
ENSG00000232627	AC021876.4	chr7	23387308	23387396	-0.263968150755778	1.54700554635778E-08
ENSG00000229720	RP3-495K2.2	chr6	169400357	169400402	-0.110634874135774	1.55117668960957E-08
ENSG00000261537	RP11-319G9.5	chr16	79027404	79027501	-0.103604152464506	1.55996021773513E-08
ENSG00000234789	RP11-483H20.4	chr9	132403182	132403257	-0.241051495791756	1.56459615941369E-08
ENSG00000251258	RFPL4B	chr6	112668520	112668562	-0.238457779700097	1.56677103482532E-08
ENSG00000165140	FBP1	chr9	97369228	97369344	-0.213270531658296	1.57397580364053E-08
ENSG00000251379	RP11-484O2.1	chr4	15375846	15375866	-0.108634406201469	1.57856893254405E-08
ENSG00000133805	AMPD3	chr11	10330914	10330935	-0.144171848435134	1.58024071376284E-08
ENSG00000252608	RNU6-1191P	chr16	81190340	81190385	-0.155483966594715	1.58581822331511E-08
ENSG00000229043	AC091729.9	chr7	1196313	1196352	-0.212568636466598	1.59489421004015E-08
ENSG00000156575	PRG3	chr11	57147602	57147649	-0.10309253704982	1.59696269879231E-08
ENSG00000067082	KLF6	chr10	3824115	3824160	-0.25567955794756	1.60535168456387E-08
ENSG00000268553	AC027309.1	chr5	172024860	172024892	-0.147224743536389	1.60726848036453E-08
ENSG00000258383	CTD-2200A16.1	chr14	99787551	99787757	-0.163675538019949	1.60957728351692E-08
ENSG00000221568	AC026797.1	chr5	6134524	6134570	-0.225856385635285	1.61271243377675E-08
ENSG00000235008	RP3-497J21.1	chr6	167101236	167101252	-0.268762346816162	1.61539536620744E-08
ENSG00000150276	PPIAP26	chr13	53400667	53400822	-0.100004253044431	1.6199178334313E-08
ENSG00000087237	CETP	chr16	56995123	56995201	-0.100510856824596	1.62004754468492E-08
ENSG00000226804	RP4-675G8.3	chr1	44612828	44612857	-0.103902618587727	1.63352460829865E-08
ENSG00000103375	AQP8	chr16	25228455	25228488	-0.125612777250011	1.6367513038581E-08
ENSG00000248480	RP11-313E19.1	chr4	177397264	177397333	-0.130436709992983	1.64017584037882E-08
ENSG00000254244	PAICSP4	chr8	4629524	4629616	-0.14859737721908	1.65569325935817E-08
ENSG00000183779	ZNF703	chr8	37556863	37556889	-0.169602488492942	1.66782070974324E-08
ENSG00000166839	ANKDD1A	chr15	65207245	65207269	-0.323317609891049	1.67313030819641E-08
ENSG00000215527	AP005482.1	chr18	12646031	12646046	-0.119484150147844	1.67666208402388E-08
ENSG00000169519	METTL15	chr11	28111064	28111111	-0.190077447548436	1.6925044399774E-08
ENSG00000226005	RP11-464C19.3	chr10	3983310	3983358	-0.154082425482444	1.70490605531369E-08
ENSG00000005102	MEOX1	chr17	41720860	41720905	-0.211085414674072	1.71016782796235E-08
ENSG00000053438	NNAT	chr20	36151579	36151611	-0.281438650747055	1.72760991784589E-08
ENSG00000253364	RP11-731F5.2	chr14	106110035	106110267	-0.113140970946914	1.75382489884637E-08
ENSG00000262663	RP11-497H17.1	chr17	80879470	80879530	-0.253997016936933	1.75780728452664E-08
ENSG00000207754	MIR487B	chr14	101512840	101512936	-0.106460587580323	1.76057870776946E-08
ENSG00000164362	TERT	chr5	1239802	1239841	-0.152284728118237	1.76475958486982E-08
ENSG00000253682	RP11-700E23.2	chr8	93413642	93413872	-0.14429567455893	1.7700227786195E-08
ENSG00000235822	LINC01073	chr13	32520020	32520095	-0.293464256913949	1.77490486036883E-08
ENSG00000201026	Y_RNA	chr5	2186959	2187079	-0.111912083484601	1.78808726778541E-08
ENSG00000069482	GAL	chr11	68445093	68445118	-0.176618544623006	1.78834512237482E-08
ENSG00000144230	GPR17	chr2	128403314	128403373	-0.135252461305869	1.80002947707439E-08
ENSG00000244113	RP11-468H14.1	chr8	16998630	16998722	-0.123670378306842	1.8019071541664E-08
ENSG00000155070	UNC93B2	chr7	6886548	6886592	-0.16813012086123	1.81640383633375E-08
ENSG00000179600	GPHB5	chr14	63779660	63779790	-0.153552928152809	1.81646187877288E-08
ENSG00000243323	PTPRVP	chr1	202137264	202137314	-0.201235545249563	1.82952684315027E-08
ENSG00000168818	STX18	chr4	4412346	4412354	-0.112841991547451	1.83174669125185E-08
ENSG00000260102	LINC01070	chr13	112837370	112837392	-0.100003734737993	1.83302502690455E-08
ENSG00000258793	RP11-404P21.3	chr14	96729596	96729635	-0.131405674211642	1.83498467517766E-08
ENSG00000160349	LCN1	chr9	138413253	138413265	-0.187448335441903	1.87198857857275E-08
ENSG00000127191	TRAF2	chr9	139776778	139776793	-0.127202074670886	1.88347841027885E-08
ENSG00000164112	TMEM155	chr4	122648961	122648997	-0.172196318887353	1.88507945057086E-08
ENSG00000268179	AL645608.1	chr1	865636	865664	-0.17079004360959	1.88756262966642E-08
ENSG00000228391	AC011995.3	chr2	2875760	2875777	-0.125881651995418	1.89869470713227E-08

ENSG00000223116	AL157931.1	chr13	23545811	23545827	-0.207799454040528	1.91694515762478E-08
ENSG00000252618	RNA5SP441	chr17	38532098	38532227	-0.180687538727872	1.92274664287238E-08
ENSG00000237365	RP11-334N17.1	chr1	7081265	7081340	-0.135978526612846	1.9262539339269E-08
ENSG00000107341	UBE2R2	chr9	33814424	33814450	-0.229522664123236	1.93472147294721E-08
ENSG00000225493	LINC01107	chr2	239478365	239478412	-0.109894177006016	1.93854645980987E-08
ENSG00000256443	RP11-794G24.1	chr11	61302485	61302548	-0.138950934176594	1.94271885009109E-08
ENSG00000242705	NARG2P2	chr3	88935949	88936004	-0.153276225171709	1.94743719047317E-08
ENSG00000171124	FUT3	chr19	5838729	5838760	-0.143713971803945	1.95782633674606E-08
ENSG00000213539	YBX1P6	chr9	112297530	112297554	-0.191426048543407	1.95904774154935E-08
ENSG00000267077	RP11-127I20.5	chr16	4845244	4845285	-0.174353084068055	1.98960625783665E-08
ENSG00000187569	DPPA3	chr12	7864028	7864076	-0.234285320130447	1.99190788233886E-08
ENSG00000262003	RP11-676J12.7	chr17	820842	820881	-0.124821834060476	2.00552395208201E-08
ENSG00000225473	ATP13A4-AS1	chr3	193272632	193272666	-0.160951173743261	2.00752257891257E-08
ENSG00000221450	AL589675.1	chr9	2933802	2933971	-0.102627360305107	2.03323912040143E-08
ENSG00000197487	GALP	chr19	56686337	56686412	-0.164023825351421	2.03485651002904E-08
ENSG00000263902	RN7SL437P	chr17	55484558	55484621	-0.235526434940879	2.03647521894142E-08
ENSG00000007264	MATK	chr19	3777963	3778031	-0.154337551527224	2.03658058084673E-08
ENSG00000125388	GRK4	chr4	3001026	3001034	-0.2691591983817	2.04373629893047E-08
ENSG00000137825	ITPKA	chr15	41788134	41788285	-0.113754767983662	2.04540945501004E-08
ENSG00000253696	KBTBD11-OT1	chr8	1916258	1916312	-0.364998156583149	2.05662867790134E-08
ENSG00000146670	CDC45	chr11	64836948	64837010	-0.117198419477506	2.05801272710597E-08
ENSG00000119121	TRPM6	chr9	77339435	77339455	-0.195661273234896	2.06761693425013E-08
ENSG00000267501	RP11-108P20.2	chr18	56422660	56422670	-0.217460560090244	2.07168529077499E-08
ENSG00000102547	CAB39L	chr13	49888131	49888223	-0.156550420698822	2.07617212380269E-08
ENSG00000204429	RP11-1E11.1	chr9	90796054	90796157	-0.117573075343749	2.08698424033149E-08
ENSG00000254680	RP11-265D17.2	chr11	12279872	12279909	-0.282487526174555	2.09240212350061E-08
ENSG00000258979	RP11-433J8.2	chr14	97205947	97206063	-0.22606902100857	2.09561098570469E-08
ENSG00000153064	BANK1	chr4	102399673	102399723	-0.134885583856296	2.0999294106886E-08
ENSG00000282175	RGMA	chr15	93584963	93584988	-0.140948750910264	2.10906125012534E-08
ENSG00000252709	U3	chr11	66764347	66764372	-0.223132354120453	2.11624828441787E-08
ENSG00000235778	AC130360.8	chr8	7199181	7199356	-0.222157948519075	2.1169813318818E-08
ENSG00000255362	RP11-619A14.3	chr11	75968120	75968201	-0.153734845942189	2.12130953812464E-08
ENSG00000258421	FRDAP	chr14	78479385	78479470	-0.113295534637568	2.12569072695544E-08
ENSG00000100628	ASB2	chr14	94401016	94401102	-0.176699810544661	2.14902344619956E-08
ENSG00000099804	CDC34	chr19	524631	524659	-0.18436845742147	2.16351127949483E-08
ENSG00000251148	RP11-478C1.7	chr4	2302446	2302622	-0.259462640747726	2.16583422690304E-08
ENSG00000236935	AP003774.1	chr11	64089278	64089309	-0.232135390663306	2.1705876552262E-08
ENSG00000172543	CTSW	chr11	65646612	65646668	-0.158298624999583	2.18247280746875E-08
ENSG00000173237	C11orf86	chr11	66742801	66742873	-0.124907162679306	2.18414275174922E-08
ENSG00000251066	CTC-534B23.1	chr5	84845798	84845878	-0.108655787752804	2.18524536879766E-08
ENSG00000231492	AP003774.5	chr11	64183120	64183198	-0.246079671324116	2.19482527325109E-08
ENSG00000263569	RN7SL212P	chr7	75914998	75915092	-0.163610860458737	2.21021379624908E-08
ENSG00000247033	RP11-252E2.1	chr16	75144040	75144047	-0.16630706870848	2.2114762066931E-08
ENSG00000248206	RP11-739P1.2	chr4	184908713	184908920	-0.184770187087925	2.21190015209687E-08
ENSG00000256209	RP11-897M7.1	chr12	131954126	131954171	-0.214202347008024	2.21612410810791E-08
ENSG00000126822	PLEKHG3	chr14	65169947	65170060	-0.108164935561535	2.2296665007967E-08
ENSG00000207942	MIR136	chr14	101351001	101351026	-0.131904501914905	2.24084670533541E-08
ENSG00000185345	PARK2	chr6	161796800	161796859	-0.145672423144838	2.2453342530053E-08
ENSG00000265533	RP11-638L3.1	chr18	65180134	65180177	-0.131067846633561	2.24929281207794E-08
ENSG00000221580	AC116553.1	chr16	35131373	35131402	-0.177187900594219	2.25129833986273E-08
ENSG00000099812	MISP	chr19	751185	751284	-0.1794379152536	2.28540237337735E-08
ENSG00000162068	NTN3	chr16	2522416	2522629	-0.108193181101949	2.28898225115207E-08
ENSG00000261590	RP11-457D20.1	chr16	60366635	60366644	-0.214799862309269	2.30658784433997E-08
ENSG00000016490	CLCA1	chr1	86968156	86968184	-0.105366268428452	2.32660729723467E-08
ENSG00000143603	KCNN3	chr1	154680568	154680665	-0.150590549505046	2.32828514278124E-08
ENSG00000236130	RP11-23B15.1	chr9	100564797	100564818	-0.238882332273522	2.33309955974507E-08
ENSG00000058600	POLR3E	chr16	22304626	22304640	-0.229715570636225	2.33699556183282E-08
ENSG00000230417	LINC00856	chr10	79936948	79936990	-0.160033951518961	2.34525281855042E-08
ENSG00000255451	RP11-58K22.1	chr11	445088330	44508450	-0.208782410531873	2.36793653021764E-08
ENSG00000197838	CYP2A13	chr19	41594879	41594899	-0.133514407614913	2.36957287695938E-08
ENSG00000185800	DMWD	chr19	46285560	46285601	-0.149632779166844	2.38087005089166E-08
ENSG00000148948	LRR4C4C	chr11	40136810	40136857	-0.206053177507566	2.38151616701693E-08
ENSG00000267072	RP11-165E7.1	chr16	5065255	5065313	-0.112027567642981	2.41760628384154E-08
ENSG00000256064	RP11-117L5.4	chr12	130931829	130931939	-0.13475447703362	2.41951382724767E-08
ENSG00000222437	AC118282.3	chr4	49166395	49166495	-0.184365542653056	2.42764359896531E-08
ENSG00000208027	MIR485	chr14	101521774	101521843	-0.120142441442696	2.4464132557867E-08
ENSG00000180914	OXTR	chr3	8787226	8787265	-0.123534396969027	2.47409878118858E-08
ENSG00000174914	OR9G1	chr11	56467959	56467998	-0.116992850620146	2.4771434392107E-08
ENSG00000260057	RP11-70I4.1	chr16	51915041	51915089	-0.175867610169891	2.49254805865878E-08

ENSG00000154099	DNAAF1	chr16	84182709	84182737	-0.218080139523642	2.51900717748715E-08
ENSG00000173267	SNCG	chr10	88719762	88719795	-0.132349343016647	2.53809650482989E-08
ENSG00000181031	RPH3AL	chr17	96346	96377	-0.118844381009922	2.53850510761075E-08
ENSG00000264954	RP11-214C8.2	chr17	62067311	62067358	-0.132745777983232	2.5473031599252E-08
ENSG00000158158	CNNM4	chr2	97427929	97428005	-0.173365444470758	2.5771948489175E-08
ENSG00000267795	SMIM22	chr16	4838612	4838636	-0.150250248454603	2.58007290124873E-08
ENSG00000230731	RP11-478K15.6	chr13	44818496	44818506	-0.239941112956341	2.58177241297373E-08
ENSG00000255446	CTD-2531D15.4	chr11	62190604	62190625	-0.201748077809432	2.58419216553212E-08
ENSG00000225242	COX6B1P7	chr1	68761379	68761460	-0.111900660169728	2.60250005739645E-08
ENSG00000207632	MIR588	chr6	126826515	126826555	-0.28015995992306	2.62733712433283E-08
ENSG00000260004	RP11-351A20.2	chr16	65761859	65761899	-0.274168878298995	2.63191011679273E-08
ENSG00000267852	CTB-133G6.2	chr19	7456128	7456157	-0.213550361578978	2.63550956694903E-08
ENSG00000233531	DEFA10P	chr8	6826392	6826412	-0.195259442160582	2.64224559304251E-08
ENSG00000260372	AQP4-AS1	chr18	24221176	24221191	-0.17410164395223	2.65694826514958E-08
ENSG00000258798	RP11-895M11.3	chr14	91866751	91866859	-0.142905097325466	2.66733762381113E-08
ENSG00000207646	MIR655	chr14	101515989	101516066	-0.102477214219708	2.6761084985021E-08
ENSG00000141391	SLMO1	chr18	12404169	12404212	-0.108444602455453	2.68509009239747E-08
ENSG00000131435	PDLIM4	chr5	131608884	131608932	-0.144373089938076	2.69795543782437E-08
ENSG00000201627	Y_RNA	chr8	106967469	106967498	-0.171809475507622	2.74435074757452E-08
ENSG00000205866	FAM99A	chr11	1686512	1686621	-0.118618171533408	2.74550976194009E-08
ENSG00000180172	RPS12P23	chr13	21654430	21654473	-0.135856965983209	2.75003691636163E-08
ENSG00000225860	RP11-1018N14.2	chr17	49462657	49462697	-0.112092749602321	2.75326618521041E-08
ENSG00000185359	HGS	chr17	79652230	79652264	-0.107549864946413	2.76164867120835E-08
ENSG00000152785	BMP3	chr4	81975237	81975257	-0.211172028930148	2.77026702865042E-08
ENSG00000238504	AP005638.1	chr11	133373892	133373902	-0.31455651035584	2.77119232729299E-08
ENSG00000226118	MTND3P1	chr13	22694078	22694121	-0.256654777788816	2.78579669779052E-08
ENSG00000221123	AC104417.1	chr8	143026562	143026642	-0.127353494053576	2.79644841550984E-08
ENSG00000229671	LINC01150	chr11	1929079	1929253	-0.169180388295493	2.8236029650986E-08
ENSG00000253330	RP11-697N18.3	chr8	48385517	48385534	-0.222116398212871	2.83230475996235E-08
ENSG00000176299	OR4M1	chr14	20248863	20248893	-0.254187699109164	2.86290589066709E-08
ENSG00000223717	DNAJA1P1	chr13	59289149	59289172	-0.107619901561918	2.87793413107707E-08
ENSG00000240584	RN7SL547P	chr20	7601980	7602014	-0.133960342521776	2.87839379809528E-08
ENSG00000269910	RP11-73M18.10	chr14	104159997	104160257	-0.208636492266198	2.91613334550668E-08
ENSG00000105404	RABAC1	chr19	42460887	42460917	-0.186121548289856	2.92929130485603E-08
ENSG00000204055	RP11-247A12.2	chr9	131960321	131960424	-0.170916261888232	2.94368056041867E-08
ENSG00000130656	HBZ	chr16	202542	202565	-0.121162915471466	2.97294246704948E-08
ENSG00000254205	RP11-92K15.1	chr8	80992699	80992722	-0.205794793344678	2.98001580749833E-08
ENSG00000211892	IGHG4	chr14	106090697	106090790	-0.122205527864604	2.99903646815446E-08
ENSG00000141664	ZCCHC2	chr18	60192893	60192955	-0.101694557099607	3.00027088133844E-08
ENSG00000241741	RPL7AP30	chr4	113709433	113709465	-0.27964837873995	3.02341117394021E-08
ENSG00000255606	AP000439.2	chr11	69251953	69251999	-0.187368476847215	3.03662682651299E-08
ENSG00000271307	AF146191.8	chr4	190901123	190901158	-0.200647632808771	3.05069877708156E-08
ENSG00000163898	LIPH	chr3	185255161	185255206	-0.120690536666185	3.06117904651222E-08
ENSG00000101460	MAP1LC3A	chr20	33134759	33134804	-0.2024066419438	3.08682911490206E-08
ENSG00000260177	RP4-536B24.3	chr16	87823908	87823915	-0.147777623899603	3.09002803400364E-08
ENSG00000220347	RP11-230C9.1	chr6	156983231	156983315	-0.323753731822213	3.09352367730396E-08
ENSG00000170421	KRT8	chr12	53292463	53292506	-0.158542906966506	3.09965197172366E-08
ENSG00000225750	RP11-242O24.3	chr1	29461070	29461162	-0.243895967908813	3.11648983067671E-08
ENSG00000104368	PLAT	chr8	42036397	42036455	-0.117184537358526	3.15662576466061E-08
ENSG00000122136	OBP2A	chr9	138437868	138438006	-0.18599665072589	3.16296121938974E-08
ENSG00000236544	AC008060.8	chr7	155206510	155206543	-0.109196764309841	3.18739436330049E-08
ENSG00000250313	RP11-5P22.3	chr5	65800260	65800294	-0.102172581587988	3.19223373571324E-08
ENSG00000259359	RP11-327J17.2	chr15	96726026	96726066	-0.269124990592111	3.19483523771519E-08
ENSG00000222231	RNU2-54P	chr8	77108662	77108676	-0.242530195854971	3.19693154488251E-08
ENSG00000172508	CARNS1	chr11	67179310	67179444	-0.206130656321516	3.22714756196245E-08
ENSG00000259026	RP11-907D1.1	chr14	97502302	97502336	-0.201812562572093	3.24445787815902E-08
ENSG00000102763	VWA8	chr13	42107986	42108101	-0.165676666179851	3.27003748395094E-08
ENSG00000141582	CBX4	chr17	77809900	77809966	-0.165176132253361	3.27588900502235E-08
ENSG00000199368	RNU6-1084P	chr8	11251218	11251254	-0.14003924959633	3.27612965536645E-08
ENSG00000270317	AC004004.2	chr19	22681027	22681039	-0.128940071285193	3.28007074204934E-08
ENSG00000110079	MS4A4A	chr11	60049447	60049475	-0.208552802607352	3.28178973763111E-08
ENSG00000201289	RN7SKP76	chr16	61846623	61846694	-0.184847744871007	3.28758363546875E-08
ENSG00000100767	PAPLN	chr14	73703023	73703142	-0.148596134595781	3.30177841889981E-08
ENSG00000240480	RPL29P2	chr17	7644256	7644295	-0.215356789513806	3.3199365140207E-08
ENSG00000214266	STARP1	chr13	65884221	65884265	-0.181871836636435	3.32863445356619E-08
ENSG00000185074	OR7E31P	chr9	92981768	92981781	-0.111309190664722	3.36250433822299E-08
ENSG00000248221	STX18-IT1	chr4	4475538	4475555	-0.24325623836872	3.36357462633726E-08
ENSG00000261472	RP11-467I17.1	chr16	79472537	79472607	-0.19994163736732	3.37678854615566E-08
ENSG00000170374	SP7	chr12	53730119	53730166	-0.164175885225826	3.42261416872654E-08

ENSG00000260945	RP11-916L7.1	chr16	17647807	17647898	-0.161824821563904	3.42858483156154E-08
ENSG00000177992	SPATA31E1	chr9	90499097	90499143	-0.198844072880777	3.45190826222303E-08
ENSG00000248334	WHAMMP2	chr15	28986345	28986394	-0.120483344128164	3.46053325738703E-08
ENSG00000272882	OR2BH1P	chr11	28913458	28913514	-0.121302653210791	3.47515342330671E-08
ENSG00000238408	snoU13	chr13	39991890	39991901	-0.160828991969717	3.48726002642814E-08
ENSG00000224861	YBX1P1	chr14	66479538	66479581	-0.17415238779742	3.52641408454345E-08
ENSG00000135363	LMO2	chr11	33886784	33886805	-0.171046666471477	3.54501972073081E-08
ENSG00000251152	RP11-281P23.1	chr4	11531391	11531414	-0.13896871416363	3.55719989045646E-08
ENSG00000272678	RP11-797D24.4	chr3	123071295	123071312	-0.142526767598083	3.60454397818076E-08
ENSG00000225947	RP11-313E4.1	chr9	75080059	75080066	-0.278620114811159	3.61645683858625E-08
ENSG00000246016	RP11-1C1.7	chr5	10479699	10479734	-0.173248571767783	3.63211055690774E-08
ENSG00000199709	RNU4-23P	chr11	122791527	122791565	-0.196670451932907	3.63566019510424E-08
ENSG00000116151	MORN1	chr1	2252729	2252775	-0.134513848180841	3.63687888936334E-08
ENSG00000226499	RP5-882O7.1	chr1	45308364	45308402	-0.105777106265078	3.66421375129014E-08
ENSG00000261394	RP11-165M1.3	chr16	12434522	12434617	-0.118328018926107	3.66456449504659E-08
ENSG00000266164	RN7SL758P	chr19	41117153	41117219	-0.212594751770554	3.69783679413825E-08
ENSG00000129158	SERGEF	chr11	17796470	17796508	-0.148879189227965	3.71096318922515E-08
ENSG00000255371	OPCML-IT2	chr11	132745560	132745609	-0.254960648985515	3.71183433774969E-08
ENSG00000224223	GS1-18A18.1	chr7	54617717	54617760	-0.176558061055713	3.74942008719124E-08
ENSG00000207072	RNU6-39P	chr18	66504287	66504328	-0.114177588798476	3.77066546656553E-08
ENSG00000198569	SLC34A3	chr9	140127032	140127246	-0.152147812576118	3.77482456862869E-08
ENSG00000261272	MUC22	chr6	30984583	30984611	-0.144200110390875	3.78590523438371E-08
ENSG00000170790	OR10A2	chr11	6891546	6891549	-0.209233091566867	3.80819875022802E-08
ENSG00000267567	CTD-2538C1.3	chr19	33209584	33209629	-0.104024765948406	3.87250548339264E-08
ENSG00000268388	FENDRR	chr16	86504878	86504883	-0.137811050796614	3.88769032474478E-08
ENSG00000083857	FAT1	chr4	187491428	187491574	-0.119752027641999	3.89418756458258E-08
ENSG00000257510	RP11-609L23.1	chr12	43004931	43004952	-0.1108314680534	3.90751587287141E-08
ENSG00000224758	LINC01167	chr10	134774650	134774719	-0.102829432113189	3.93484283056222E-08
ENSG00000254160	CTD-2281E23.3	chr8	1183604	1183650	-0.105575262100883	3.93675564238894E-08
ENSG00000179776	CDH5	chr16	66412840	66412844	-0.159610955718053	3.95206912383128E-08
ENSG00000205126	ACCSL	chr11	44069596	44069638	-0.211969127783383	3.955922781598E-08
ENSG00000081248	CACNA1S	chr1	201032659	201032684	-0.215410422613143	3.95686894360524E-08
ENSG00000205890	RP11-473M20.5	chr16	3088386	3088506	-0.106779487839258	3.96699494935276E-08
ENSG00000214822	KRT16P3	chr17	20405382	20405415	-0.248695511900298	4.00715664705679E-08
ENSG00000211777	TRAV3	chr14	22191961	22191967	-0.200887508859631	4.01014068364885E-08
ENSG00000230851	AP006294.2	chr11	3610211	3610252	-0.204594368688972	4.01266471469525E-08
ENSG00000012124	CD22	chr19	35800810	35801014	-0.115071336661317	4.06468101327162E-08
ENSG00000213724	PRDX2P2	chr10	35263106	35263156	-0.166587512941197	4.0852271411139E-08
ENSG00000256469	RP11-856F16.2	chr11	94602560	94602625	-0.14736794078402	4.10681431501252E-08
ENSG00000186188	FFAR4	chr10	95327879	95327987	-0.128146750089789	4.12094210867419E-08
ENSG00000253380	RP11-738G5.1	chr8	50348359	50348403	-0.234500254600384	4.15216283811246E-08
ENSG00000253756	RP11-192P9.1	chr8	115599012	115599055	-0.112393460056035	4.16008120295322E-08
ENSG00000186119	OR5D18	chr11	55587090	55587140	-0.133421239075147	4.17033794386477E-08
ENSG00000180043	FAM71E2	chr19	55868752	55868798	-0.230158295226435	4.20405994234256E-08
ENSG00000260517	RP11-426C22.5	chr16	29118967	29119081	-0.202598843175896	4.20583815379421E-08
ENSG00000230637	CTA-246H3.8	chr22	25723232	25723277	-0.24279577262124	4.21242947585501E-08
ENSG00000248104	TARS2P1	chr4	136482220	136482234	-0.215867597141486	4.23579978253667E-08
ENSG00000235840	AC012363.13	chr2	121071721	121071754	-0.140430385511339	4.23646713958028E-08
ENSG00000118369	USP35	chr11	77896917	77896933	-0.222978211740243	4.25441494533535E-08
ENSG00000218868	CNN3P1	chr6	6534737	6534810	-0.119780461176333	4.26000974665191E-08
ENSG00000240201	RP11-269C4.1	chr14	30552803	30552815	-0.297113065218272	4.308959598465E-08
ENSG00000232628	RP11-365O16.3	chr1	224400588	224400637	-0.30157220968613	4.31942759151991E-08
ENSG00000100448	CTSG	chr14	25042782	25042827	-0.179950589807271	4.38726342802244E-08
ENSG00000223782	RPS21P8	chr13	27551747	27551858	-0.145897106828949	4.3903883144026E-08
ENSG00000215486	ARL2BPP3	chr13	37368570	37368607	-0.12060860286682	4.4320165907314E-08
ENSG00000252725	RNU6-765P	chr9	38694030	38694056	-0.100043414628554	4.43246197643165E-08
ENSG00000252955	RNU4ATAC9P	chr4	73798472	73798552	-0.138519916916851	4.43552473280034E-08
ENSG00000251009	RP13-494C23.1	chr4	25865575	25865777	-0.117510604896281	4.45172284584096E-08
LRG_287	LRG_287	chr11	2485034	2485214	-0.108326574980537	4.45793054563813E-08
ENSG00000108953	YWHAE	chr17	1227521	1227760	-0.296762261761294	4.46269360811311E-08
ENSG00000254688	RP11-47J17.3	chr11	12824253	12824347	-0.167420325480304	4.47406397647414E-08
ENSG00000205037	RP11-863P13.4	chr16	88121471	88121649	-0.160159968894999	4.52220469579399E-08
ENSG00000207775	MIR548A1	chr6	18522912	18523000	-0.121552162242581	4.5778259536981E-08
ENSG00000252367	Y_RNA	chr20	5092732	5092785	-0.163046064216306	4.60106139023076E-08
ENSG00000260422	RP1-155D22.2	chr6	164507235	164507259	-0.120367781576889	4.61841157195739E-08
ENSG00000205946	USP17L6P	chr4	9371392	9371430	-0.192052514150709	4.62782293443756E-08
ENSG00000168148	HIST3H3	chr1	228613955	228614015	-0.249699830850516	4.63167447544338E-08
ENSG00000258935	RP11-1078H9.2	chr14	91042305	91042345	-0.173580598577605	4.69627300064933E-08
ENSG00000240590	RP11-403P13.1	chr8	111128209	111128241	-0.157348993211988	4.73550236257931E-08

ENSG00000133687	TMTC1	chr12	29650692	29650739	-0.121628383565585	4.74012773325591E-08
ENSG00000228938	SNRPD2P1	chr10	91738776	91738815	-0.131114001183087	4.74447300510234E-08
ENSG00000227922	SPTLC1P5	chr13	78236282	78236321	-0.118455545532729	4.75337274685325E-08
ENSG00000268231	CTD-2560K2.1.6	chr19	51051807	51051964	-0.194063811964802	4.76996442162848E-08
ENSG00000268754	LINC01081	chr16	86260692	86260709	-0.166690381024639	4.78788667518944E-08
ENSG00000228295	LINC00392	chr13	74192469	74192487	-0.172890054685779	4.79390770605998E-08
ENSG00000222546	RNA5SP251	chr8	3892580	3892596	-0.147602994964448	4.80007318361498E-08
ENSG00000263650	RN7SL270P	chr17	45094522	45094601	-0.242282606531001	4.80630494384582E-08
LRG_39	LRG_39	chr11	118219810	118219848	-0.168553698642684	4.8241922331688E-08
ENSG00000171224	C10orf35	chr10	71415502	71415549	-0.146127216898504	4.83166183382487E-08
ENSG00000251338	AC006499.1	chr4	10335442	10335524	-0.19454848845213	4.87003532272358E-08
ENSG00000105928	DFNA5	chr7	24762552	24762602	-0.151152339014998	4.91515482322527E-08
ENSG00000251644	RP11-442P12.1	chr4	15850070	15850109	-0.216701506487633	4.94735084892253E-08
ENSG00000204323	SMIM5	chr17	73631868	73631936	-0.104154626988046	4.95398106644884E-08
ENSG00000122852	SFTPA1	chr10	81371417	81371454	-0.212197156926694	4.96986410239897E-08
ENSG00000227604	TOMM22P3	chr13	33514775	33514815	-0.228378369457497	4.98896566886573E-08
ENSG00000237224	RP11-109A6.2	chr10	131514246	131514273	-0.32161703007318	5.01194273500492E-08
ENSG00000250340	RP11-577G20.1	chr4	59359576	59359584	-0.180358545470196	5.02579815258494E-08
ENSG00000239674	RP1-127L4.7	chr22	32535871	32535899	-0.280977284268923	5.03371038611263E-08
ENSG00000241431	RP11-17A4.1	chr8	57500962	57501060	-0.176405872704849	5.04611456160579E-08
ENSG00000251526	RP11-381N20.1	chr4	124468476	124468544	-0.199350649838143	5.05011509341193E-08
ENSG00000165059	PRKACG	chr9	71589469	71589495	-0.197550989887738	5.09273172154693E-08
ENSG00000269720	CTD-2521M24.5	chr19	17488348	17488391	-0.104996674655167	5.09322931603567E-08
ENSG00000171206	TRIM8	chr10	104417099	104417131	-0.20912894474915	5.09616735104635E-08
ENSG00000126233	SLURP1	chr8	143823734	143823809	-0.132439086264425	5.11247030992627E-08
ENSG00000253267	RP11-666I19.2	chr8	1570786	1570791	-0.167719797265258	5.11438850508159E-08
ENSG00000176853	FAM91A1	chr8	124776493	124776500	-0.241080099950538	5.12706039103413E-08
ENSG00000010379	SLC6A13	chr12	334087	334155	-0.119797161899427	5.13505213403285E-08
ENSG00000249247	RP11-627H22.9	chr4	156364077	156364132	-0.232565369411335	5.2149949339742E-08
ENSG00000252959	NPM1P42	chr15	73195158	73195194	-0.182187520899462	5.21779126819329E-08
ENSG00000254449	SF3A3P2	chr11	123452158	123452187	-0.103908511462584	5.2220462134528E-08
ENSG00000205850	AL359736.1	chr13	24895591	24895629	-0.137270815758245	5.23111133470746E-08
ENSG00000164050	PLXNB1	chr3	48443867	48443911	-0.275511336529542	5.2671833012438E-08
ENSG00000174111	SOCS7	chr17	36499751	36499794	-0.127010875700149	5.28434615347884E-08
ENSG00000227785	AC092013.1	chr7	85313419	85313456	-0.170314844362946	5.32441591379758E-08
ENSG00000261647	IMPDH1P11	chr16	10206701	10206716	-0.180083842730653	5.36168092966837E-08
ENSG00000231977	RP5-963E22.4	chr20	61788983	61789027	-0.159767831371776	5.39174748417011E-08
ENSG00000204148	LINC00474	chr9	118687943	118687971	-0.250823209342169	5.39288314749129E-08
ENSG00000107262	BAG1	chr9	33240164	33240230	-0.198343865254899	5.43814624971835E-08
ENSG00000113578	FGF1	chr5	141994161	141994182	-0.145804704809318	5.45031494313425E-08
ENSG00000266451	AP003385.1	chr11	67498944	67498963	-0.107197434887983	5.4510278374741E-08
ENSG00000221623	AC090150.1	chr8	26980571	26980642	-0.108410923344106	5.46928772164503E-08
ENSG00000250673	RP11-6L6.2	chr4	147138028	147138044	-0.158228301839214	5.51312662854445E-08
ENSG00000269906	RP11-248J18.2	chr14	51136505	51136541	-0.138875604134777	5.53897978452173E-08
ENSG00000181961	OR4A16	chr11	55110527	55110562	-0.190588585338178	5.57283245157141E-08
ENSG00000231570	AC008173.1	chr2	56946643	56946681	-0.21191425283464	5.59874124402916E-08
ENSG00000137285	TUBB2B	chr6	3225856	3225899	-0.100054529030041	5.61268528370438E-08
ENSG00000206178	HBZP1	chr16	213105	213117	-0.102634499592935	5.62646945147081E-08
ENSG00000233349	LINC00333	chr13	85154173	85154323	-0.147939566537843	5.65234233760243E-08
ENSG00000184640	SEPT9	chr17	75281938	75281987	-0.175787991765387	5.67873426303471E-08
ENSG00000237470	DCLRE1CP1	chr10	15055430	15055480	-0.131897062081358	5.76141497628968E-08
ENSG00000064270	ATP2C2	chr16	84403899	84403967	-0.147673139916276	5.77640307383236E-08
ENSG00000100665	SERPINA4	chr14	95009849	95009929	-0.189567278925364	5.78802037604528E-08
ENSG00000092009	CMA1	chr14	24974756	24974804	-0.164597875381415	5.78807857199842E-08
ENSG00000254048	RP11-328K2.1	chr8	59943069	59943091	-0.2547714973196	5.88909944481343E-08
ENSG00000226526	RP1-37C10.3	chr1	17308659	17308702	-0.115970490444706	5.91349106682111E-08
ENSG00000265266	AC022681.1	chr8	136302063	136302082	-0.223741518223788	5.91871302327663E-08
ENSG00000241627	UBQLN4P1	chr3	148664681	148664839	-0.132070983490272	5.91971174697978E-08
ENSG00000231435	AC011747.3	chr2	8597824	8597869	-0.116780420136482	5.93784222936937E-08
ENSG00000252440	U3	chr9	139512268	139512406	-0.146452677720225	5.93968741025607E-08
ENSG00000254471	RP11-885L14.1	chr11	79651476	79651526	-0.19531159533709	6.00461449810796E-08
ENSG00000221175	AL391538.1	chr6	48669435	48669516	-0.16887350321626	6.02908061448694E-08
ENSG00000248469	RP11-826N14.2	chr5	175472678	175472705	-0.167390946130017	6.09222805106805E-08
ENSG00000223783	AC124944.5	chr3	195537508	195537567	-0.205312706194939	6.09275591883028E-08
ENSG00000225585	IPPKP1	chr13	21680780	21680829	-0.199866892835252	6.10691698575845E-08
ENSG00000269641	CTB-167G5.6	chr19	54107487	54107527	-0.127871248069514	6.12800841053937E-08
ENSG00000186190	BPIFB3	chr20	31643282	31643322	-0.117826883137912	6.17401306719994E-08
ENSG00000224413	AP001476.2	chr21	47458560	47458672	-0.138144719247912	6.18094322958204E-08
ENSG00000177354	C10orf71	chr10	50530847	50530877	-0.234915485939668	6.19236946545458E-08

ENSG00000237290	RP11-214L19.1	chr1	38679391	38679426	-0.269569037151639	6.23894062320032E-08
ENSG00000249269	RP11-756P10.4	chr4	189676812	189676937	-0.100418323084175	6.29810889970895E-08
ENSG00000240979	RP11-79D8.2	chr9	82380367	82380402	-0.207782927814329	6.32327346678367E-08
ENSG00000211566	AC114788.1	chr2	239889443	239889505	-0.164175280501445	6.40340097206982E-08
ENSG00000162341	TPCN2	chr11	68802784	68802848	-0.155352915617065	6.43568853289108E-08
ENSG00000263680	RP11-57A1.1	chr17	70451920	70451953	-0.157348746562506	6.46153646388624E-08
ENSG00000204758	CTC-308K20.1	chr5	172332618	172332739	-0.276672329021651	6.4641239748455E-08
ENSG00000260336	RP11-395B7.7	chr7	100737953	100738002	-0.236678708437245	6.48970194362035E-08
ENSG00000175931	UBE2O	chr17	74383361	74383387	-0.181079652115612	6.56584183557153E-08
ENSG00000272542	RP11-255P5.2	chr13	103555914	103555994	-0.129277229285191	6.58012101245062E-08
ENSG00000265843	LINC01029	chr18	75680868	75680927	-0.260156324190973	6.58485115330939E-08
ENSG00000238978	snoU13	chr14	82887502	82887551	-0.171427781767551	6.66543678858349E-08
ENSG00000225733	FGD5-AS1	chr3	14941931	14941947	-0.229099777124373	6.67130888896409E-08
ENSG00000228420	RP4-735C1.6	chr1	110395177	110395218	-0.247990606634866	6.70331786411159E-08
ENSG00000266405	CBX3P2	chr18	2653869	2653912	-0.126454081024618	6.75895792071636E-08
ENSG00000154485	MMP21	chr10	127464246	127464318	-0.125849908466508	6.77593327001553E-08
ENSG00000120742	SERP1	chr3	150238463	150238496	-0.278923378610654	6.8211216603475E-08
ENSG00000249731	RP11-259O2.3	chr5	1973695	1973733	-0.296023995553661	6.8251505700085E-08
ENSG00000207382	Y_RNA	chr17	60743888	60744065	-0.11094190585755	6.84026886073459E-08
ENSG00000211893	IGHG2	chr14	106109887	106109950	-0.114585945521733	6.84443485833936E-08
ENSG00000242079	RN7SL318P	chr8	5016604	5016630	-0.300398654761343	6.88698922216154E-08
ENSG00000177192	PUS1	chr12	132423692	132423732	-0.21024596519502	6.90318137046494E-08
ENSG00000101076	HNF4A	chr20	42984324	42984362	-0.191378591626755	6.9181633064424E-08
ENSG00000250632	RP3-513G18.2	chr4	3677497	3677631	-0.250101485702829	6.93252729633135E-08
ENSG00000223125	RNU2-32P	chr17	39623212	39623261	-0.109251228345745	6.94823324811067E-08
ENSG00000181371	OR5M8	chr11	56259243	56259350	-0.10626427217766	6.96097460757746E-08
ENSG00000188305	C19orf35	chr19	2278588	2278847	-0.17335446683864	6.97280896242701E-08
ENSG00000258038	CTD-2384A14.1	chr14	29312177	29312225	-0.232900995585198	6.98530273079362E-08
ENSG00000253502	ATP6V1G1P2	chr8	48105612	48105637	-0.198810583752575	6.98894493713447E-08
ENSG00000221523	AC079080.1	chr4	185189248	185189403	-0.335738993561067	7.02964826924818E-08
ENSG00000121904	CSMD2	chr1	33985078	33985102	-0.143443609695275	7.04530590253786E-08
ENSG00000260066	CTD-2587M23.1	chr5	1727744	1727801	-0.102436222255922	7.05840668197255E-08
ENSG00000169189	NSMCE1	chr16	27237056	27237102	-0.132289812324104	7.08117469600647E-08
ENSG00000259444	RP11-736N17.8	chr14	103553855	103553905	-0.17972181654512	7.10381551222779E-08
ENSG00000139899	CBLN3	chr14	24896500	24896521	-0.202622493043932	7.11162368227751E-08
ENSG00000164849	GPR146	chr7	1083331	1083351	-0.11378378468767	7.12072599984469E-08
ENSG00000264483	MIR5008	chr1	228140117	228140147	-0.184149031496129	7.14205078615256E-08
ENSG00000109339	MAPK10	chr4	86941670	86941755	-0.126635256062723	7.19198721963599E-08
ENSG00000232706	NUTM2HP	chr10	52434665	52434865	-0.260066124805406	7.21489999316498E-08
ENSG00000224104	AC079809.2	chr7	152841509	152841560	-0.203563285744531	7.22894367211605E-08
ENSG00000260496	RP11-161M6.3	chr16	1041151	1041360	-0.147857683025206	7.2383515763016E-08
ENSG00000272279	RP11-157J24.2	chr6	1558870	1558901	-0.155678424561212	7.29265653784721E-08
ENSG00000171631	P2RY6	chr11	72975946	72975957	-0.101821272579181	7.29363570391133E-08
ENSG00000140465	CYP1A1	chr15	75015117	75015192	-0.131959225362739	7.32349063575205E-08
ENSG00000189233	NUGGC	chr8	27834241	27834370	-0.2084055449091	7.33184479218049E-08
ENSG00000259933	RP11-304L19.1	chr16	2141815	2141950	-0.218370126736476	7.34117879902078E-08
ENSG00000189377	CXCL17	chr19	42947117	42947167	-0.176971233037164	7.38057660069828E-08
ENSG00000203401	AC009061.1	chr16	67466187	67466306	-0.210925635323614	7.39878686958235E-08
ENSG00000254024	KB-1562D12.1	chr8	102464327	102464353	-0.147888230025903	7.42642158844888E-08
LRG_474	LRG_474	chr11	61058985	61059046	-0.179228083662737	7.44495828762482E-08
ENSG00000212994	RPS26P6	chr8	101912258	101912261	-0.10822740691205	7.47438888543109E-08
ENSG00000259004	RP11-8L8.2	chr14	101592130	101592366	-0.113046766061111	7.5375474355619E-08
ENSG00000230098	TCERG1L-AS1	chr10	133036140	133036178	-0.140875854991611	7.56058154959163E-08
ENSG00000263968	RN7SL381P	chr16	85678339	85678396	-0.125018744776508	7.59053524053715E-08
ENSG00000239432	GS1-388B5.8	chr3	125474909	125474936	-0.207794498136933	7.59454322650318E-08
ENSG00000198435	NRARP	chr9	140193880	140193953	-0.135729344828938	7.66182749496759E-08
ENSG00000207157	RNY3P4	chr13	23722106	23722146	-0.148397721221364	7.66261377197614E-08
ENSG00000116254	CHD5	chr1	6158809	6158839	-0.177902695755087	7.69436570335967E-08
ENSG00000034152	MAP2K3	chr17	21218141	21218170	-0.193084139374577	7.75534866476845E-08
ENSG00000186530	XKR5	chr8	6666369	6666452	-0.122045855438403	7.78576338219643E-08
ENSG00000272620	AFAP1-AS1	chr4	7739448	7739521	-0.102134130849376	7.81233573066074E-08
ENSG00000203286	AL365202.1	chr9	3441504	3441530	-0.230012915953468	7.84858026226839E-08
ENSG00000258871	RP3-514A23.2	chr14	73020007	73020024	-0.269849159534325	7.88648911683571E-08
ENSG00000242048	RP13-452N2.1	chr7	151442571	151442619	-0.111716228891789	7.89021087500556E-08
ENSG00000250993	RP11-404J23.1	chr4	180203472	180203496	-0.244453887036754	7.89779367024105E-08
ENSG00000224968	RP1-35C21.1	chr1	177289121	177289167	-0.20006813015656	7.91893338404573E-08
ENSG00000227593	RP11-715G18.3	chr11	93819280	93819292	-0.255091099262997	7.97724111312767E-08
ENSG00000133808	MICALCL	chr11	12291368	12291394	-0.132598388438031	8.00495696561951E-08
ENSG00000174495	AC005017.2	chr7	28319261	28319294	-0.137932587886241	8.03629316793127E-08

ENSG00000236078	AC095067.1	chr7	47674813	47674853	-0.172455472389451	8.06078669701973E-08
ENSG00000266088	RP5-1028K7.2	chr17	38657915	38657949	-0.239411707089236	8.0706786390849E-08
ENSG00000254008	LINC00051	chr8	143278533	143278551	-0.149186167770649	8.07143054432992E-08
ENSG00000249145	RP11-774O3.2	chr4	8317924	8317932	-0.178573427250318	8.09386410961079E-08
ENSG00000252636	RNU6-826P	chr17	47113441	47113477	-0.231913842611546	8.14608210950066E-08
ENSG00000176984	AP000679.2	chr11	120039232	120039366	-0.101447263563758	8.21478832444311E-08
ENSG00000198355	PIM3	chr22	50357093	50357211	-0.163777497864285	8.22687466180928E-08
ENSG00000201482	SNORD115-17	chr15	25447171	25447209	-0.101605942409927	8.29252235099752E-08
ENSG00000236981	OR10G9	chr11	123894301	123894339	-0.134762231095422	8.33682215219319E-08
ENSG00000223953	C1QTNF5	chr11	119217537	119217580	-0.19256893738491	8.36262066028735E-08
ENSG00000235718	MFRP	chr11	119217537	119217580	-0.19256893738491	8.36262066028735E-08
ENSG00000204306	AP002348.1	chr11	120383591	120383684	-0.147876816035578	8.43287845723861E-08
ENSG00000213606	AKR1B10P1	chr10	69521330	69521402	-0.334009450222144	8.47508370871853E-08
ENSG00000256614	RP13-7D7.1	chr12	34442826	34442906	-0.10380174086079	8.47927388703502E-08
ENSG00000265804	AC078864.2	chr12	52509794	52509901	-0.160404656524529	8.55235684053161E-08
ENSG00000259037	RP11-614O9.1	chr14	105054876	105055180	-0.224820554867915	8.61300641704883E-08
ENSG00000254269	CTD-2281E23.2	chr8	1049946	1049962	-0.124612418284613	8.61402800854633E-08
ENSG00000138744	NAAA	chr4	76832175	76832222	-0.167037671691421	8.62164407214205E-08
ENSG00000224997	AL049840.1	chr14	104177553	104177562	-0.167763679888431	8.62319701815602E-08
ENSG00000130762	ARHGEF16	chr1	3373753	3373794	-0.176351993735479	8.72265676463187E-08
ENSG00000263814	AC093786.1	chr4	34507530	34507723	-0.127499316562353	8.74687178256976E-08
ENSG00000267099	NTF6G	chr19	49533181	49533288	-0.140423375063184	8.8007815736004E-08
ENSG00000267780	RP11-154H12.3	chr18	77555488	77555695	-0.27212727372783	8.8381313208528E-08
ENSG00000255006	TCEB1P22	chr11	120473377	120473450	-0.112482167142253	8.8462103229311E-08
ENSG00000260932	RP11-483P21.6	chr16	83968260	83968391	-0.191149726009238	8.84932232455613E-08
ENSG00000250685	RP11-486L19.2	chr16	84230590	84230653	-0.215038330516065	8.88152912562276E-08
ENSG00000221754	MIR1260A	chr14	77732604	77732641	-0.169809776602846	8.91267691241814E-08
ENSG00000230796	RP11-368M16.9	chr7	57707341	57707371	-0.103536551610516	8.93526270733463E-08
ENSG00000260810	CTD-2547L24.4	chr14	91723888	91723906	-0.190554667422176	8.95921622188469E-08
ENSG00000251696	AL583832.1	chr1	205027136	205027168	-0.176679406382765	8.96206347443264E-08
ENSG00000255216	RP11-831A10.1	chr11	119893563	119893612	-0.249473571867463	8.96773412947944E-08
ENSG00000105219	CNTD2	chr19	40730586	40730709	-0.234749987751469	9.20567752316777E-08
ENSG00000221412	AC124861.2	chr2	241187523	241187565	-0.272502774914198	9.32630876051803E-08
ENSG00000212273	SNORA40	chr8	134646941	134646984	-0.258702803567294	9.33264662047047E-08
ENSG00000242488	RP11-270M14.1	chr14	76298938	76298959	-0.220360147741042	9.37037862992442E-08
ENSG00000271465	SQSTM1P1	chr13	62954523	62954559	-0.125349708860619	9.44532916347229E-08
ENSG00000269936	MIR145	chr5	148810177	148810203	-0.115309663458355	9.4610928236526E-08
ENSG00000261574	RP1-168P16.2	chr16	89449978	89450168	-0.177854993821338	9.57798295649543E-08
ENSG00000237668	RPS15AP38	chr22	36806527	36806636	-0.106913982479218	9.59556779919173E-08
ENSG00000145192	AHSG	chr3	186314335	186314372	-0.160919846600829	9.60199144959054E-08
ENSG00000200713	RNU6-682P	chr8	8747452	8747472	-0.113392112092806	9.6312639377116E-08
ENSG00000268583	CTC-453G23.8	chr19	48699973	48700008	-0.337853087254237	9.63757330008419E-08
ENSG00000249077	RP11-478C1.8	chr4	2367927	2367944	-0.138495233632792	9.65828200116266E-08
ENSG00000177098	SCN4B	chr11	118014633	118014638	-0.136684791901827	9.66608871380312E-08
ENSG00000184967	NOC4L	chr12	132644850	132644866	-0.348986479159811	9.69157416001602E-08
ENSG00000143498	TAF1A	chr1	222717473	222717523	-0.115578639893649	9.69878458547775E-08
ENSG00000235725	AC007389.3	chr2	65839324	65839370	-0.193175970765425	9.79531261278013E-08
ENSG00000266690	MIR4274	chr4	7479912	7479916	-0.226191175036523	9.87640645502173E-08
ENSG00000213697	CTBP2P6	chr11	43545318	43545359	-0.102639659877049	9.88110125747737E-08
ENSG00000129467	ADCY4	chr14	24786006	24786078	-0.124060380548508	9.93836988714486E-08
ENSG00000198561	CTNND1	chr11	57516443	57516469	-0.144768402793576	9.97832361966079E-08
ENSG00000070808	CAMK2A	chr5	149625066	149625116	-0.170164057345916	1.00412145125906E-07
ENSG00000172183	ISG20	chr15	89193063	89193113	-0.167951974600372	1.00922406826342E-07
ENSG00000268041	CTD-2575K13.6	chr19	42415560	42415610	-0.156907689718396	1.01495874585634E-07
ENSG00000078725	BRINP1	chr9	121838342	121838348	-0.269209992007704	1.01698147194576E-07
ENSG00000249816	LINC00964	chr8	125861023	125861083	-0.184601162941599	1.02103320211532E-07
ENSG00000205531	NAP1L4	chr11	2961829	2961867	-0.115058769948071	1.02348514784662E-07
ENSG00000263880	RN7SL747P	chr14	76837346	76837358	-0.124386737226943	1.03301924167006E-07
ENSG00000264587	RP11-784B15.1	chr18	27551167	27551194	-0.100452838985382	1.0378752087371E-07
ENSG00000138162	TACC2	chr10	123779160	123779200	-0.14950305475084	1.0433175734806E-07
ENSG00000104331	IMPAD1	chr8	57896996	57897006	-0.120193727206322	1.04616908606863E-07
ENSG00000253555	RP11-16E18.1	chr8	64039777	64039833	-0.110292922817757	1.0508450484461E-07
ENSG00000232977	LINC00327	chr13	24038193	24038240	-0.246316639110451	1.05711810469952E-07
ENSG00000253470	RP11-697B24.1	chr8	126797351	126797391	-0.234408487420498	1.06358363435243E-07
ENSG00000253388	RP11-150O12.2	chr8	37329878	37329962	-0.185155776743303	1.0000001064256299292
ENSG00000218027	RP11-157J24.1	chr6	1516542	1516609	-0.151367957437391	1.06564470438395E-07
ENSG00000187642	C1orf170	chr1	917655	917743	-0.134932983635132	1.06671192191811E-07
ENSG00000176083	ZNF683	chr1	26699605	26699650	-0.129260802294879	1.06745180169285E-07
ENSG00000239559	RPL37P2	chr11	67443089	67443131	-0.13722457606995	1.07081926543277E-07

ENSG00000273473	LL09NC01-139C3.1	chr9	137038102	137038134	-0.175274997914233	1.0717092282491E-07
ENSG00000253619	RP11-369K17.1	chr8	121881190	121881212	-0.10509544101633	1.07480721054457E-07
ENSG00000129187	DCTD	chr4	183845375	183845398	-0.175247675968958	1.07537745856258E-07
ENSG00000200072	SNORD44	chr13	112705259	112705308	-0.181568163265482	1.07807341550408E-07
ENSG00000221244	AC116351.2	chr5	1004022	1004093	-0.108572733792735	1.08928357909964E-07
ENSG00000140955	ADAD2	chr16	84223841	84223872	-0.118511492886822	1.09192588266523E-07
ENSG00000110628	SLC22A18	chr11	2924455	2924494	-0.158575488927138	1.09411981054833E-07
ENSG00000137075	RNF38	chr9	36328279	36328283	-0.148135169716501	1.09538740467935E-07
ENSG00000160182	TFF1	chr21	43786652	43786699	-0.183204542853111	1.10836407131376E-07
ENSG00000186866	POFUT2	chr21	46678509	46678570	-0.176227050898718	1.10953516437585E-07
ENSG00000228982	RP11-107G24.3	chr1	247253899	247253942	-0.219289628594441	1.11144123891747E-07
ENSG00000166363	OR10A5	chr11	6866495	6866523	-0.16519403709773	1.11617825866363E-07
ENSG00000075643	MOCOS	chr18	33768004	33768190	-0.129660667823541	1.12084897457854E-07
ENSG00000253389	RP11-930P14.1	chr8	41523071	41523112	-0.176729393471012	1.12278156738979E-07
ENSG00000169550	MUC15	chr11	26593911	26593930	-0.16802101639026	1.12295684680821E-07
ENSG00000174125	TLR1	chr4	38799364	38799406	-0.116758799843434	1.1239281159954E-07
ENSG00000061337	LZTS1	chr8	20107438	20107577	-0.153636814753841	1.12657461222745E-07
ENSG00000269227	RP11-345P4.6	chr1	1610613	1610682	-0.14047313108397	1.13029278269265E-07
ENSG00000128802	GDF2	chr10	48416883	48416896	-0.169797939416873	1.13304513176827E-07
ENSG00000237356	AL163953.3	chr14	53807735	53807776	-0.136308474838588	1.14190361163396E-07
ENSG00000245954	RP11-18H21.1	chr4	153028037	153028110	-0.236976288918001	1.14293355512641E-07
ENSG00000201640	RN7SKP28	chr4	97442151	97442160	-0.103899401296706	1.14314005433461E-07
ENSG00000105251	SHD	chr19	4277434	4277483	-0.157960119665866	1.15094795248186E-07
ENSG00000254864	CTD-2516F10.4	chr11	7633619	7633651	-0.264442829365299	1.15168357470136E-07
ENSG00000227632	AC018804.6	chr2	130959927	130959977	-0.214689137194458	1.15952793962894E-07
ENSG00000167644	C19orf33	chr19	38794482	38794556	-0.11452153995389	1.16447775329684E-07
ENSG00000237372	RP11-316P17.2	chr9	92291210	92291523	-0.16789114611191	1.17004105485495E-07
ENSG00000225424	RP11-168C9.1	chr10	131142551	131142607	-0.111549386986431	1.17467653841589E-07
ENSG00000271699	SNX29P2	chr16	29344015	29344052	-0.161453244950693	1.17530062719546E-07
ENSG00000253951	RP11-447G11.1	chr8	16092328	16092413	-0.230697879001688	1.17585440700258E-07
ENSG00000254401	RP11-179A10.1	chr11	11087328	11087343	-0.252234523225841	1.17799044796816E-07
ENSG00000253799	LINC01030	chr8	91592157	91592170	-0.336410035913994	1.17907459440745E-07
ENSG00000256151	RP11-76C10.5	chr12	131484523	131484565	-0.130941145102238	1.19675690490393E-07
ENSG00000240159	RP11-162O12.1	chr4	185139825	185139838	-0.145128327892276	1.20067459016069E-07
ENSG00000100427	MLC1	chr22	50483499	50483545	-0.105317307532242	1.20912004899145E-07
ENSG00000264020	AC027806.1	chr11	39582823	39582850	-0.154095149282018	1.21393444047834E-07
ENSG00000148386	LCN9	chr9	138549947	138550095	-0.11229693061773	1.21732114886115E-07
ENSG00000255874	LINC00346	chr13	111522111	111522483	-0.139030046747158	1.2274517485638E-07
ENSG00000111907	TPD52L1	chr6	125476220	125476270	-0.104324383764631	1.23057971468168E-07
ENSG00000253117	OC90	chr8	133036774	133036796	-0.143946374031498	1.23343425324319E-07
ENSG00000258417	OC90	chr8	133036774	133036796	-0.143946374031498	1.23343425324319E-07
ENSG00000255563	RP11-124G5.2	chr11	41645589	41645624	-0.110376797804687	1.23400143474256E-07
ENSG00000259213	CTD-2071N1.1	chr15	78118808	78118858	-0.264062123625198	1.2352398473141E-07
ENSG00000163251	FZD5	chr2	208632563	208632623	-0.106482225215267	1.2352534746496E-07
ENSG00000181626	ANKRD62	chr18	12092853	12093024	-0.121291767200871	1.2451012167351E-07
ENSG00000266325	MIR3665	chr13	78315265	78315285	-0.174598827383519	1.24572966244149E-07
ENSG00000267755	AC004623.2	chr19	1380043	1380089	-0.208476628553832	1.26868890133692E-07
ENSG00000259976	RP11-553L6.5	chr3	114018454	114018537	-0.172860926956291	1.27172549565431E-07
ENSG00000229251	HNRNPA1P8	chr7	84612821	84612833	-0.133848434932076	1.27212663632012E-07
ENSG00000226455	RP3-512E2.2	chr6	90660893	90660927	-0.114595292861915	1.27535948371659E-07
ENSG00000172548	NIPAL4	chr5	156890238	156890316	-0.128453566103151	1.28048961812496E-07
ENSG00000225111	AC083900.1	chr2	208795620	208795804	-0.173948430901934	1.29684320401243E-07
ENSG00000168129	AC098817.5	chr2	83083970	83084012	-0.14326642103065	1.29697889823668E-07
ENSG00000259508	RP11-661D19.3	chr14	103227589	103227654	-0.214152279562123	1.29702670512549E-07
ENSG00000225264	ZNRF2P2	chr7	29648945	29648970	-0.198845022356157	1.29878067362045E-07
ENSG00000162104	ADCY9	chr16	4001865	4001902	-0.21201257434778	1.30010915981468E-07
ENSG00000066629	EML1	chr14	100201090	100201129	-0.21680840751475	1.30153855373694E-07
ENSG00000255813	AL162497.1	chr13	110425803	110425896	-0.291722665176096	1.31337090249154E-07
ENSG00000265539	MIR3164	chr11	68848139	68848166	-0.105588179192672	1.31377316153698E-07
ENSG00000255237	RP13-317D12.3	chr11	469514	469569	-0.210035865447944	1.31392670768426E-07
ENSG00000255046	RP11-297N6.4	chr8	11656692	11656742	-0.22343291140326	1.32417940138055E-07
ENSG00000235626	KRT18P66	chr9	30773533	30773582	-0.206496490105239	1.32882466477017E-07
ENSG00000243424	RN7SL107P	chr8	81523950	81524061	-0.1721805897551	1.33138879049119E-07
ENSG00000233873	RPL7P44	chr13	77555492	77555556	-0.137622895747354	1.33310425140047E-07
ENSG00000266616	AP003558.1	chr11	99397155	99397164	-0.274529499048425	1.33408655892874E-07
ENSG00000255390	RP11-732A19.5	chr11	6643752	6643773	-0.116959822453382	1.33620722683524E-07
ENSG00000168427	KLHL30	chr2	239039970	239040232	-0.19410098165617	1.34245124500814E-07
ENSG00000268091	AC078925.1	chr12	131513419	131513491	-0.247284740183735	1.34554995245111E-07
ENSG00000242071	RPL7AP6	chr14	70352218	70352251	-0.10326224762715	1.34967157551022E-07

ENSG00000150401	DCUN1D2	chr13	114104177	114104250	-0.145092953993145	1.35859376817558E-07
ENSG00000196565	HGB2	chr11	5275217	5275257	-0.27060167077342	1.35890650740381E-07
ENSG00000260404	RP11-384K6.6	chr4	119506755	119506870	-0.228076719611188	1.35995683645815E-07
ENSG00000261348	RP11-510M2.1	chr16	71420541	71420548	-0.134721110422259	1.36264793842725E-07
ENSG00000110042	DTX4	chr11	58953967	58954014	-0.132231552134844	1.36697777446748E-07
ENSG00000230444	TFAMP1	chr7	1647824	1647874	-0.228501975831276	1.36930625580427E-07
ENSG00000273008	RP11-351D16.3	chr10	43626407	43626482	-0.189799874324057	1.37193315812985E-07
ENSG00000136160	EDNRB	chr13	78470739	78470769	-0.23374695110796	1.37325703220205E-07
ENSG00000259807	RP11-426C22.4	chr16	29228598	29228623	-0.192203055118203	1.3830225763328E-07
ENSG00000127415	IDUA	chr4	987010	987033	-0.155297811266572	1.38461273084758E-07
ENSG00000070761	C16orf80	chr16	58144510	58144541	-0.215952375058903	1.39101288156333E-07
ENSG00000166405	RIC3	chr11	8123099	8123176	-0.195979762412591	1.39125567228944E-07
ENSG00000183734	ASCL2	chr11	2289194	2289220	-0.199125210761304	1.40635162702863E-07
ENSG00000121210	KIAA0922	chr4	154369277	154369289	-0.236492229347822	1.40659278044237E-07
ENSG00000270104	RP11-245P10.6	chr1	228559145	228559245	-0.148393692501986	1.4210599440726E-07
ENSG00000213908	CYP2A7P1	chr19	41533103	41533123	-0.231101640474265	0.0000001430041796508
ENSG00000132604	TERF2	chr16	69385714	69385726	-0.185199079494501	1.43225228243398E-07
ENSG00000238601	AC040163.1	chr16	59367790	59367884	-0.12108611373113	1.43911239238359E-07
ENSG00000242252	BGLAP	chr1	156211409	156211437	-0.114439482440661	1.44397724727845E-07
ENSG00000254140	RP11-731F5.1	chr14	106071557	106071661	-0.123335206262576	1.44788182676718E-07
ENSG00000167701	GPT	chr8	145728466	145728587	-0.168784748139131	1.44926087701987E-07
ENSG00000167244	IGF2	chr11	2142927	2142936	-0.209942550701766	1.45324969732193E-07
ENSG00000237336	RP11-230L22.4	chr9	126243635	126243740	-0.225739540963513	1.45774378472619E-07
ENSG00000267743	RP11-71815.1	chr18	55842605	55842617	-0.18912631645242	1.46315043600306E-07
ENSG00000100170	SLC5A1	chr22	32439026	32439138	-0.127544485762323	1.47708279994105E-07
ENSG00000252658	RNU6-786P	chr6	158375693	158375730	-0.175486433655598	1.47787460589225E-07
ENSG00000260369	CTD-2526A2.2	chr17	78424317	78424351	-0.169054486291615	1.5063616794013E-07
ENSG00000102531	FND3A	chr13	49546252	49546302	-0.171965118403146	1.50867193245254E-07
ENSG00000253979	RP11-443C10.2	chr5	178801668	178801815	-0.118305452246334	1.50944270571055E-07
ENSG00000150510	FAM124A	chr13	51792745	51792757	-0.243849335183895	1.51524808132041E-07
ENSG00000231601	RP11-164C1.2	chr10	778219	778267	-0.117840148988559	1.52268105898142E-07
ENSG00000254784	RP11-436H16.1	chr11	38133458	38133485	-0.109737324690761	1.52455300866463E-07
ENSG00000230283	RPS12P24	chr13	37906789	37906909	-0.161121501940392	1.52773565274081E-07
ENSG00000169744	LDB2	chr4	16504316	16504445	-0.104852495787854	1.5324856490949E-07
ENSG00000239899	RN7SL674P	chr2	11724998	11725043	-0.185418203379929	1.54450084108351E-07
ENSG00000248795	RP11-173E2.1	chr4	139480724	139480774	-0.124796076354042	1.56373211711456E-07
ENSG00000234304	RP11-398K14.1	chr7	52736270	52736348	-0.110436512035481	1.56483966415922E-07
ENSG00000197445	C16orf47	chr16	73205987	73205994	-0.152778417252462	1.57870398918775E-07
ENSG00000272880	RP11-33M22.2	chr1	181767868	181767884	-0.179292567822498	1.58012808337051E-07
ENSG00000183048	SLC25A10	chr17	79694513	79694544	-0.155429597020672	1.58057558553807E-07
ENSG00000069764	PLA2G10	chr16	14766479	14766485	-0.165803463385609	1.59409845949152E-07
ENSG00000203648	AC007618.3	chr12	2743162	2743179	-0.20102993802746	1.60014618103659E-07
ENSG00000149256	TENM4	chr11	78371046	78371087	-0.187217565946172	1.60513180689163E-07
ENSG00000232685	LINC00442	chr13	19582888	19582924	-0.188974600579209	1.60793845708663E-07
ENSG00000182170	MRGPRG	chr11	3236972	3237058	-0.12801426331187	1.60949719137745E-07
ENSG00000186474	KLK12	chr19	51529828	51529846	-0.152546925905759	1.61242731365041E-07
ENSG00000188011	CXXC11	chr2	242812535	242812631	-0.147601897936631	1.61769323704076E-07
ENSG00000129965	INS-IGF2	chr11	2154047	2154380	-0.112877471373384	1.62077220748366E-07
ENSG00000232682	RP11-388P9.2	chr10	61802440	61802477	-0.222643313031315	1.62536588192701E-07
ENSG00000264274	MIR4799	chr4	148709144	148709189	-0.289144666239723	1.63763069591613E-07
ENSG00000173464	RNASE11	chr14	21052248	21052300	-0.169835276339351	1.65155035714948E-07
ENSG00000200131	RN7SKP77	chr9	109460000	109460039	-0.197448276943627	1.65586400358775E-07
ENSG00000223808	RP11-428L9.2	chr10	9099424	9099496	-0.100790114935081	1.66040511421428E-07
ENSG00000264272	CTD-2514K5.4	chr17	72253619	72253660	-0.281248423196748	1.66363550830873E-07
ENSG00000260733	RP11-264L1.4	chr16	78496624	78496707	-0.170950215864661	1.67520281476521E-07
ENSG00000250852	AC131180.1	chr2	131976212	131976236	-0.111910267072608	1.68549996380352E-07
ENSG00000249852	AC145676.2	chr7	226461	226563	-0.134698757708325	1.69473583419667E-07
ENSG00000250665	RP11-775H9.1	chr4	137122515	137122577	-0.163310241943344	1.6947790456204E-07
ENSG00000221273	MIR1237	chr11	64140332	64140413	-0.20446087770821	1.69888644347768E-07
ENSG00000266665	MIR4739	chr17	77680694	77680742	-0.160744246914299	1.70399087399052E-07
ENSG00000222226	AC006926.1	chr7	118004227	118004330	-0.450018870538843	1.70413228844268E-07
ENSG00000182851	GPIHBP1	chr8	144294446	144294536	-0.108181005734974	1.70434480290841E-07
ENSG00000254268	RFPL4AP7	chr8	50314236	50314243	-0.109839883939148	1.70702085732296E-07
ENSG00000248637	RP11-485C11.1	chr4	173077164	173077275	-0.194365091280237	1.72744709187906E-07
ENSG00000207935	MIR204	chr9	73424974	73425010	-0.218610887976791	1.72757076735783E-07
ENSG00000230319	AL022476.2	chr22	43342988	43343009	-0.183195102888559	1.73399358972945E-07
ENSG00000196289	BECN1P1	chr1	242120638	242120694	-0.117870364806141	1.74476816804769E-07
ENSG00000225411	RP11-764K9.1	chr9	68400455	68400495	-0.156842664235958	1.74766382256154E-07
ENSG00000165752	STK32C	chr10	134020182	134020207	-0.116735378188367	1.75820094169345E-07

ENSG00000253205	CTD-3046C4.1	chr8	64235275	64235318	-0.249286229454405	1.75988117415152E-07
ENSG00000260545	CTB-134F13.1	chr16	58155189	58155233	-0.197836038530588	1.76243300406079E-07
ENSG00000196739	COL27A1	chr9	116913995	116914033	-0.170018138079238	1.76446650080414E-07
ENSG00000189051	RNF222	chr17	8301118	83011183	-0.157605478888979	1.7695443170141E-07
ENSG00000101220	C20orf27	chr20	3733054	3733093	-0.125465023395194	1.77273915014542E-07
ENSG00000138755	CXCL9	chr4	76922939	76922955	-0.23423132877806	1.7733202995009E-07
ENSG00000116014	KISS1R	chr19	908901	908928	-0.151854645504931	1.78684569461163E-07
ENSG00000231515	AC006003.3	chr7	157519158	157519179	-0.129927936334062	1.78769449021421E-07
ENSG00000254983	RP11-573E11.2	chr11	12340398	12340411	-0.147630428826562	1.79312184471715E-07
ENSG00000178585	CTNNBIP1	chr1	9904311	9904358	-0.174315390187891	0.0000001796636707178
ENSG00000224578	HNRNPA1P48	chr16	51679684	51679701	-0.118801581165943	1.80218968691168E-07
ENSG00000252327	RNU6-1302P	chr11	47468757	47468898	-0.116100037339722	1.81122103621016E-07
ENSG00000259252	AC011648.1	chr15	70489055	70489102	-0.305631511628469	1.82394873844104E-07
ENSG00000171360	KRT38	chr17	39594372	39594456	-0.149131703263931	1.82728170426364E-07
ENSG00000186684	CYP27C1	chr2	127955013	127955046	-0.152007694676277	1.83077073799604E-07
ENSG00000254111	RP11-150O12.5	chr8	37412200	37412211	-0.169211360851529	1.83123107408895E-07
ENSG00000250921	CTD-2008N3.1	chr5	4230546	4230590	-0.129156459671647	1.83851989443826E-07
ENSG00000232871	SEC1P	chr19	49143388	49143437	-0.428146128575241	1.83909083734603E-07
ENSG00000271231	KRT18P9	chr6	34123401	34123420	-0.102942293655505	1.83930231781644E-07
ENSG00000266076	CTD-2535L24.2	chr17	63534158	63534358	-0.31198586131117	1.84011538260543E-07
ENSG00000164935	DCSTAMP	chr8	105365683	105365724	-0.190441808479472	1.84761490857219E-07
ENSG00000110076	NRXN2	chr11	64374819	64374938	-0.112649574494947	1.86465572942137E-07
ENSG00000271727	RP11-532F6.4	chr6	731995	732042	-0.147580790302229	1.87477311423937E-07
ENSG00000055118	KCNH2	chr7	150644459	150644473	-0.12473272430674	1.87510279053734E-07
ENSG00000201160	Y_RNA	chr2	25921089	25921137	-0.28550728611793	1.87680262556326E-07
ENSG00000166401	SERPINB8	chr18	61660091	61660106	-0.163719321832879	1.88142669092751E-07
ENSG00000122741	DCAF10	chr9	37788648	37788677	-0.180319335136736	1.88818572993481E-07
ENSG00000108602	ALDH3A1	chr17	19649419	19649435	-0.172243685082689	1.88937065281897E-07
ENSG00000261795	RP11-90P13.1	chr7	162772	162838	-0.116612493483575	1.89129150946155E-07
ENSG00000239689	RPL17P46	chr18	48352033	48352041	-0.104302369817631	1.91780364068414E-07
ENSG00000254731	CTD-2005H7.1	chr11	86305069	86305100	-0.153088013019534	1.92286981630261E-07
ENSG00000254491	RP11-145O15.2	chr8	13465391	13465394	-0.140474567791889	1.93250946658975E-07
ENSG00000068831	RASGRP2	chr11	64488769	64488771	-0.204493349443771	1.96079580043631E-07
LRG_100	LRG_100	chr11	64488769	64488771	-0.204493349443771	1.96079580043631E-07
ENSG00000204193	TXNDC8	chr9	113079386	113079402	-0.12282051244558	1.98067724427293E-07
ENSG00000087116	ADAMTS2	chr5	178553489	178553538	-0.126331358304926	1.98296671943778E-07
ENSG00000255144	RP11-589N15.1	chr8	11747006	11747010	-0.192076105101796	1.98437872321693E-07
ENSG00000255187	RP11-699F16.2	chr11	91002987	91003019	-0.113289340180538	1.98541378126753E-07
ENSG00000119403	PHF19	chr9	123637701	123637727	-0.185438415552996	1.99328247618273E-07
ENSG00000259319	RP11-293M10.6	chr14	75886161	75886170	-0.122523656852572	1.99449056809864E-07
ENSG00000228154	RP11-302F12.2	chr4	25623338	25623424	-0.141925012136832	1.99896615551062E-07
ENSG00000255087	RP11-168K9.2	chr11	126936873	126936917	-0.124093950651091	2.00036829870415E-07
ENSG00000226124	FTCDNL1	chr2	200604657	200604700	-0.119799029198047	2.00703828309924E-07
ENSG00000066827	ZFAT	chr8	135490195	135490214	-0.220932619550118	2.00847859058802E-07
ENSG00000258642	RP11-219E7.2	chr14	21341954	21342146	-0.184899608956161	2.00982576570309E-07
ENSG00000197723	HSPB9	chr17	40275296	40275357	-0.106941413735204	2.01730480506292E-07
ENSG00000133106	EPSTI1	chr13	43457981	43458034	-0.11871875931034	2.02705362255844E-07
ENSG00000213876	RPL7AP64	chr17	7037318	7037383	-0.10548524170833	2.02789625508519E-07
ENSG00000167359	OR5111	chr11	5462905	5462916	-0.201888151300169	2.03314118832738E-07
ENSG00000232905	RP11-534I8.1	chr9	116613718	116613900	-0.32750345263316	2.0391359998292E-07
ENSG00000217930	PAM16	chr16	4381520	4381580	-0.112556981065442	2.04844473331104E-07
ENSG00000170430	MGMT	chr10	131214543	131214585	-0.112700958509175	2.04902174820736E-07
ENSG00000152931	PART1	chr5	59783881	59783910	-0.159730661740351	2.06051981589369E-07
ENSG00000256466	AP003026.1	chr11	83167249	83167421	-0.18598069870184	2.06188445021864E-07
ENSG00000236989	AC142119.1	chr2	16243468	16243506	-0.144134374281943	2.07080879466481E-07
ENSG00000104371	DKK4	chr8	42234798	42234803	-0.11860114618173	2.07239588636375E-07
ENSG00000162366	PDZK1IP1	chr1	47655743	47655771	-0.120186536916087	2.07897429981516E-07
ENSG00000252870	ACA59	chr11	114921887	114921894	-0.27759718880764	2.08519555210012E-07
ENSG00000256323	AL049542.1	chr16	552150	552253	-0.11335803660609	2.09406010683049E-07
ENSG00000236336	RP3-430A16.1	chr6	4806296	4806326	-0.125176590639589	2.09497184374698E-07
ENSG00000101224	CDC25B	chr20	3766344	3766899	-0.106299981498623	2.10282299004682E-07
ENSG00000160439	RDH13	chr19	55549799	55549834	-0.175291333958845	2.12686346823338E-07
ENSG00000182083	OR6B2	chr2	240970615	240970652	-0.149890656950807	2.13364911939695E-07
ENSG00000256342	RP3-446N13.1	chr12	126592404	126592430	-0.395066514087165	2.13397922532359E-07
ENSG00000239003	RNU7-88P	chr13	60033362	60033378	-0.163182751457025	2.13640349756818E-07
ENSG00000243156	MICAL3	chr22	18268207	18268239	-0.136385615276703	2.14574386890226E-07
ENSG00000187260	WDR86	chr7	151077374	151077428	-0.104687016535863	2.16245593490373E-07
ENSG00000170777	TPD52L3	chr9	6328230	6328363	-0.126034365568503	2.16898266639794E-07
ENSG00000181791	AC009041.1	chr16	1116799	1116883	-0.102779626803101	2.17414623245633E-07

ENSG00000248618	ENPP7P3	chr3	129863265	129863293	-0.168539898242215	2.17528472055782E-07
ENSG00000249007	RP11-510N19.5	chr1	201979743	201979846	-0.168804201220474	2.19041201889831E-07
ENSG00000114650	SCAP	chr3	47466241	47466269	-0.240349227018966	2.19067985466259E-07
ENSG00000269826	RP11-158I3.3	chr16	86380005	86380037	-0.13561373283188	2.19256904004265E-07
ENSG00000213568	HNRNPA1P13	chr5	135779993	135780021	-0.122768778553086	2.19986001282922E-07
ENSG00000255359	CCDC179	chr11	22871477	22871524	-0.199096224243666	2.20572385468969E-07
ENSG00000175793	SFN	chr1	27189751	27189824	-0.173157023657952	2.20805025781274E-07
ENSG00000232615	CTD-2012J19.1	chr5	1639959	1640038	-0.103672810952061	2.21071623402414E-07
ENSG00000261218	RP11-960L18.1	chr16	81726253	81726320	-0.133227078717264	2.2272615921394E-07
ENSG00000076706	MCAM	chr11	119181397	119181669	-0.219546844633449	2.23367405546486E-07
ENSG00000270632	RP11-340C20.3	chr13	100881977	100882023	-0.214077058418192	2.23542400944141E-07
ENSG00000255605	RP11-644L4.1	chr11	95358731	95358764	-0.166320913880078	2.24267838323267E-07
ENSG00000166492	FAM86GP	chr11	3441533	3441556	-0.218620276198281	2.24518238569127E-07
ENSG00000164825	DEFB1	chr8	6735472	6735559	-0.1009055690461	2.24590438135242E-07
ENSG00000272573	MUSTN1	chr3	52865637	52865678	-0.139737699953088	2.25253535708843E-07
ENSG00000237687	LINC00686	chr20	61312704	61312746	-0.228683400018867	2.25797925815324E-07
ENSG00000100505	TRIM9	chr14	51448790	51448793	-0.111632299691752	2.25966614718711E-07
ENSG00000260332	RP11-50O21.1	chr16	62745759	62745778	-0.160616289742764	2.26507795082108E-07
ENSG00000259012	CTD-2320B12.2	chr14	84867622	84867664	-0.190373630884859	2.27160103854753E-07
ENSG00000268344	AL138815.2	chr13	26477764	26477783	-0.18033361618554	2.27615838629894E-07
ENSG00000186940	CHCHD2P9	chr9	81927597	81927642	-0.116829028203161	2.28065406255538E-07
ENSG00000180011	ZADH2	chr18	72845688	72845703	-0.156372757471997	2.30335407776698E-07
ENSG00000266439	RN7SL493P	chr16	10343829	10343871	-0.138342415774927	2.32989378395314E-07
ENSG00000174871	CNIH2	chr11	66048603	66048610	-0.19167450534738	2.33093052079539E-07
ENSG00000238407	snoU13	chr13	98527673	98527721	-0.168630105112217	2.33394699861322E-07
ENSG00000234182	RP11-118K6.2	chr10	3023742	3023804	-0.155464736620761	2.34216310675594E-07
ENSG00000241598	KRTAP5-4	chr11	1643266	1643287	-0.126978107940913	2.35926114720384E-07
ENSG00000227271	RPL39P25	chr10	77021718	77021870	-0.179762013290572	2.36258768864025E-07
ENSG00000259050	CHORDC2P	chr14	90191033	90191139	-0.309648592537012	2.38705655158227E-07
ENSG00000128309	MPST	chr22	37414514	37414685	-0.141357183953822	2.3871329347859E-07
ENSG00000261253	AC137932.6	chr16	89405446	89405505	-0.13727970273092	2.38986960945285E-07
ENSG00000263167	RP11-149I9.2	chr17	79109711	79109910	-0.125376745184204	2.39037952648494E-07
ENSG00000265931	AC112719.1	chr4	76996414	76996452	-0.130754690044501	2.39043573889704E-07
ENSG00000109654	TRIM2	chr4	154058502	154058551	-0.188785510623492	2.40023665150255E-07
ENSG00000197965	MPZL1	chr1	167666339	167666378	-0.10751986151264	2.40144718511512E-07
ENSG00000157368	IL34	chr16	70624321	70624354	-0.204945984077012	2.4065338718958E-07
ENSG00000253395	KB-1460A1.1	chr8	102115923	102115948	-0.168463365206674	2.40824576236392E-07
ENSG00000239794	RN7SL653P	chr1	92270519	92270569	-0.210747376832778	2.4103351312015E-07
ENSG00000125170	DOK4	chr16	57506038	57506045	-0.177949020317494	2.42478191294834E-07
ENSG00000241067	RPL17P40	chr16	16214123	16214162	-0.159012837310052	2.42486704838592E-07
ENSG00000129173	E2F8	chr11	19259275	19259298	-0.13913437168562	2.46046327207146E-07
ENSG00000114638	UPK1B	chr3	118895473	118895517	-0.248527179600728	2.47031347246312E-07
ENSG00000265644	RP11-451L19.1	chr18	76148726	76148741	-0.169912044120336	2.47116496654447E-07
ENSG00000206356	RP11-93O17.2	chr5	98860478	98860526	-0.147351849381777	2.50027814956247E-07
ENSG00000261722	RP11-679B19.2	chr16	79263349	79263370	-0.100538322483567	2.5130311894305E-07
ENSG00000198221	MLLT4-AS1	chr6	168216684	168216756	-0.286862575046279	2.51761929917269E-07
ENSG00000074047	GLI2	chr2	121554784	121554807	-0.111350129318689	2.52670650947045E-07
ENSG00000263979	MIR4672	chr9	130638172	130638210	-0.22990153579871	2.53123322571628E-07
ENSG00000238824	snoU13	chr9	140022932	140022952	-0.220827212902072	2.54190614953933E-07
ENSG00000137801	THBS1	chr15	39872043	39872076	-0.206479282706264	2.55019820266171E-07
ENSG00000077585	GPR137B	chr1	236318427	236318526	-0.305617924859807	2.55664949589382E-07
ENSG00000270005	RP11-380L11.3	chr12	124428232	124428282	-0.178307001819751	2.5677076758251E-07
ENSG00000264803	MIR378C	chr10	132546397	132546432	-0.111913663948135	2.58571614888164E-07
ENSG00000213851	RP11-324J13.1	chr4	43412806	43412873	-0.141485265864707	2.59913909386953E-07
LRG_522	LRG_522	chr12	121416490	121416566	-0.163958139395931	2.60264861842102E-07
ENSG00000265522	AC097473.1	chr4	109710318	109710348	-0.176395739265945	2.60761873469574E-07
ENSG00000162745	OLFML2B	chr1	161947980	161948016	-0.221982090449545	2.60861854580353E-07
ENSG00000225018	RP11-419M24.5	chr7	55937160	55937202	-0.172099308886956	2.63099461838597E-07
ENSG00000268034	AC005795.1	chr19	42007299	42007378	-0.423364908076365	2.64092551880584E-07
ENSG00000103269	RHBDL1	chr16	726702	726976	-0.131255094117303	2.64557259029054E-07
ENSG00000253356	RP11-90P5.2	chr8	38006173	38006227	-0.192922300055907	2.65763519985919E-07
ENSG00000255905	AL391319.1	chr6	169051407	169051479	-0.123153957966694	2.65951580454721E-07
ENSG00000241084	RP11-344B5.3	chr9	132023776	132023782	-0.218340618380184	2.6637569116309E-07
ENSG00000161992	C16orf11	chr16	611301	611506	-0.114900600689689	2.67074817017286E-07
ENSG00000244242	IFITM10	chr11	1756092	1756109	-0.209764174768266	2.69039657533214E-07
ENSG00000204583	LRCOL1	chr12	133179887	133179968	-0.113247152302328	0.0000002691379950009
ENSG00000180663	VN1R3	chr16	31821576	31821618	-0.158925671181275	2.69141672969439E-07
ENSG00000233017	RP5-908M14.5	chr20	61002704	61002739	-0.178839643730631	2.69228808104746E-07
ENSG00000228086	RP5-837M10.4	chr1	100928409	100928453	-0.201253758702674	2.70631280238712E-07

ENSG00000085552	IGSF9	chr1	159899439	159899469	-0.284219647187334	2.70660382899927E-07
ENSG00000230061	AP001065.2	chr21	45845092	45845121	-0.230170939720731	2.70932517518026E-07
ENSG00000146383	TAAR6	chr6	132891511	132891554	-0.106828215795365	2.71188609570258E-07
ENSG00000266256	LINC00683	chr18	74327414	74327494	-0.102159351928651	2.71265738027905E-07
ENSG00000204949	FAM83A-AS1	chr8	124215324	124215357	-0.144099121240384	2.71999413508897E-07
ENSG00000143867	OSR1	chr2	19550067	19550092	-0.128919072523368	2.73555351372552E-07
ENSG00000264424	MYH4	chr17	10325617	10325667	-0.181504355722686	2.75355263321792E-07
ENSG00000253972	RP11-4K16.2	chr8	120221797	120221813	-0.106665200679417	2.76111534420728E-07
ENSG00000258498	DIO3OS	chr14	102019278	102019342	-0.151036609100721	2.76340795831578E-07
ENSG00000229330	AC006947.1	chr17	64672341	64672389	-0.156947689267445	2.77817150163245E-07
ENSG00000234531	RP11-288G11.3	chr10	134499678	134499752	-0.128295920425325	2.7818267916828E-07
ENSG00000266128	RN7SL366P	chr6	164341239	164341265	-0.156882941507991	2.7825314589313E-07
ENSG00000199593	SNORD114-14	chr14	101438430	101438491	-0.145385977730067	2.79955488757355E-07
ENSG00000272701	RP11-2E11.10	chr7	130125811	130125848	-0.10806595438465	2.80865962684717E-07
ENSG00000204584	RP11-304F15.3	chr17	47931149	47931193	-0.152925186157821	2.81740663320413E-07
ENSG00000185168	LINC00482	chr17	79278051	79278087	-0.1275256085882	2.8222583276657E-07
ENSG00000176845	METRNL	chr17	81034206	81034249	-0.118737085799223	2.82544882088192E-07
ENSG00000263368	RP11-720N19.1	chr17	25867602	25867638	-0.156206865790778	2.84000800267686E-07
ENSG00000180891	CUEDC1	chr17	55946181	55946226	-0.170841743360868	2.85488831746097E-07
ENSG00000198752	CDC42BPB	chr14	103393943	103393972	-0.105851606582982	2.85548154304433E-07
ENSG00000248884	CTC-537E7.3	chr5	67730071	67730134	-0.35067033560867	2.88548077097969E-07
ENSG00000242611	AC093627.8	chr7	80907	80948	-0.108479637722395	2.88632917951645E-07
ENSG00000157992	KRTCAP3	chr2	27665131	27665661	-0.139902766887168	2.89067744215083E-07
ENSG00000261385	RP11-388M20.2	chr16	31142498	31142523	-0.231066850647908	2.89364045745598E-07
ENSG00000252637	RNA5SP268	chr8	68022167	68022262	-0.235404171526242	2.89989721521257E-07
ENSG00000166833	NAV2	chr11	19372318	19372331	-0.111891063737666	2.91034575960591E-07
ENSG00000227958	RP11-399H11.3	chr9	138097790	138097833	-0.127188233937085	2.91135897058119E-07
ENSG00000229367	HMG2P19	chr1	229706188	229706262	-0.313041461267979	2.91455030084365E-07
ENSG00000172824	CES4A	chr16	67022428	67022472	-0.114534103530021	2.92030944168913E-07
ENSG00000064961	HMG20B	chr19	3575670	3575686	-0.137336244229865	2.93564399800209E-07
ENSG00000264439	AL136001.1	chr14	104447036	104447120	-0.138990887579812	2.93699938165487E-07
ENSG00000138180	CEP55	chr10	95222921	95222968	-0.199387594299489	2.98409877844194E-07
ENSG00000260394	LA16c-313D11.9	chr16	727033	727297	-0.117962022101062	2.98899730317014E-07
ENSG00000258457	RP11-298I3.4	chr14	23448890	23448951	-0.190633604499087	2.99737087894039E-07
ENSG00000256972	AP000462.3	chr11	115151587	115151625	-0.176610165452285	2.99834006688527E-07
ENSG00000240668	KRT8P36	chr3	137820660	137820700	-0.140816177791119	3.0006834086812E-07
ENSG00000199678	RNY4P5	chr8	124056866	124056902	-0.122621212792381	3.01600958629047E-07
ENSG00000105357	MYH14	chr19	50691501	50691541	-0.218491282760283	3.02236137527879E-07
ENSG00000264526	AL136123.1	chr13	50513228	50513264	-0.18330951114199	3.04388012893404E-07
ENSG00000266675	AL606923.1	chr6	69243592	69243677	-0.102345287436354	3.04456705636641E-07
ENSG00000182645	CCDC172	chr10	118084313	118084357	-0.103354618080424	3.05439765378259E-07
ENSG00000199282	SNORA9	chr13	73211671	73211718	-0.258967489122945	3.0672137149606E-07
ENSG00000185559	DLK1	chr14	101191795	101191797	-0.107764485412983	3.07576779052799E-07
ENSG00000258011	HMG41P3	chr12	110868145	110868171	-0.105906403503634	3.08001686793847E-07
ENSG00000122970	IFT81	chr12	110544252	110544298	-0.144073471627181	3.08244381693896E-07
ENSG00000260296	RP11-395I6.3	chr4	40178486	40178544	-0.240746189150562	3.12135254714917E-07
ENSG00000140941	MAP1LC3B	chr16	87415121	87415209	-0.168680469185142	3.1459561163712E-07
ENSG00000234186	C16orf82	chr16	27077973	27078001	-0.147711378140594	3.15268823227997E-07
ENSG00000131152	RP11-178L8.4	chr16	87339464	87339472	-0.163917013752796	3.15570351400668E-07
ENSG00000260166	RP11-863P13.6	chr16	88121144	88121320	-0.144338260693065	3.19240896098363E-07
ENSG00000248964	RP11-94H18.1	chr8	29661594	29661611	-0.153968401366966	3.21886735831313E-07
ENSG00000241261	RPL17P19	chr4	62090553	62090588	-0.219269609563798	3.22207920565582E-07
ENSG00000202089	RNU6-1306P	chr11	63640473	63640515	-0.220292249524408	3.23138809351124E-07
ENSG00000206026	SMIM21	chr18	73122551	73122565	-0.111974716910041	3.23354641158523E-07
ENSG00000261889	RP11-473M20.16	chr16	3211205	3211232	-0.161804813270147	3.24467524678309E-07
ENSG00000260795	RP11-107C10.1	chr16	86952979	86953111	-0.12491387007825	3.27503498204819E-07
ENSG00000235827	TUBB8P9	chr1	227695887	227695918	-0.209774382889298	0.000000328075256382
ENSG00000258813	RP11-109N23.4	chr14	73521693	73521739	-0.122657238534042	3.28431965681097E-07
ENSG00000196593	ANKRD20A19P	chr13	24523649	24523698	-0.109721470549272	3.2843934039445E-07
ENSG00000250538	RP11-92A5.2	chr4	156126020	156126027	-0.164191705771578	3.3042581620512E-07
ENSG00000181396	OGFOD3	chr17	80347045	80347087	-0.241936967165327	3.32472054825074E-07
ENSG00000224025	RP11-274B18.3	chr9	71199946	71199964	-0.211949402399398	3.3633376552057E-07
ENSG00000206474	OR10C1	chr6	29408443	29408492	-0.113784364247045	3.36604984494805E-07
ENSG00000218716	RPL12P23	chr6	170532786	170532832	-0.118533324685988	3.36967805551258E-07
ENSG00000164035	EMCN	chr4	101425800	101425915	-0.130614166238691	3.38493677132456E-07
ENSG00000255651	RP11-466C23.4	chr11	63532368	63532699	-0.202467385492096	3.40188927084904E-07
ENSG00000230580	AC021016.7	chr2	219220049	219220097	-0.162493004937573	3.4061890688056E-07
ENSG00000211786	TRAV8-2	chr14	22315127	22315172	-0.12207913856919	3.42603677573389E-07
ENSG00000255342	RP11-762B21.5	chr11	122993238	122993274	-0.151169572187328	3.43009757178043E-07

ENSG00000179094	PER1	chr17	8036910	8036950	-0.157118840932234	3.43440635358787E-07
ENSG00000253105	KB-1448A5.1	chr8	97389451	97389455	-0.32210954892464	3.45399044774281E-07
ENSG00000138101	DTNB	chr2	25596442	25596482	-0.154393081010565	3.45984075498521E-07
ENSG00000255033	RP11-1101K5.2	chr8	112482646	112482695	-0.105207294104361	3.46018601959109E-07
ENSG00000204011	COL5A1-AS1	chr9	137538878	137538898	-0.164938318510196	3.46152554131295E-07
ENSG00000261971	RP11-473M20.7	chr16	3105871	3105980	-0.189200101682895	3.50622377178709E-07
ENSG00000070182	SPTB	chr14	65203351	65203409	-0.154693243130193	3.51665441282436E-07
ENSG00000160539	PPAPDC3	chr9	134184484	134184600	-0.130012732516813	3.52377937583718E-07
ENSG00000269935	RP11-482M8.3	chr16	87634246	87634285	-0.194693323082237	3.5294448223199E-07
ENSG00000135362	PRR5L	chr11	36318421	36318444	-0.163454908909121	3.55567910387415E-07
ENSG00000259183	MED28P6	chr15	88576184	88576214	-0.153095663701842	3.56100547844119E-07
ENSG00000070729	CNGB1	chr16	57915850	57915875	-0.178002936472824	3.56859011490152E-07
ENSG00000154252	GAL3ST2	chr2	242716295	242716321	-0.152936512393184	3.5929150199078E-07
ENSG00000161610	HCRT	chr17	40330946	40330994	-0.125538449751596	3.59669953927815E-07
ENSG00000267491	CTD-2373H9.5	chr17	76899226	76899257	-0.20205333097934	3.61157198886562E-07
ENSG00000207637	MIR595	chr7	158243485	158243546	-0.114395554499682	3.61229816550351E-07
ENSG00000228008	CTD-2330K9.3	chr3	49941174	49941416	-0.11126491609118	3.62742350141214E-07
ENSG00000241550	RN7SL41P	chr8	81081505	81081523	-0.177488583747186	3.63216404213267E-07
ENSG00000241449	RP11-545G3.1	chr7	149735673	149735734	-0.1253010214378	3.64744427406375E-07
ENSG00000088280	ASAP3	chr1	23763234	23763253	-0.100839695365036	3.64825499087274E-07
ENSG00000202054	RNA5SP152	chr4	8412322	8412369	-0.170571755270912	3.66414869065207E-07
ENSG00000124493	GRM4	chr6	33989735	33989824	-0.160719375089525	3.6696050343594E-07
ENSG00000186765	FSCN2	chr17	79495335	79495611	-0.123464299507297	3.67559277377237E-07
ENSG00000224516	AC068134.8	chr2	233244324	233244372	-0.190652920997395	3.70107864465526E-07
ENSG00000222235	AL157392.1	chr10	13748989	13749010	-0.100973325015465	3.72527421328506E-07
ENSG00000235534	FECHP1	chr3	35031032	35031077	-0.132890919118292	3.72898882748504E-07
ENSG00000257465	TCEB1P32	chr12	117768637	117768758	-0.112823473875635	3.72919329540484E-07
ENSG00000201314	Y_RNA	chr4	146831014	146831139	-0.207416904397903	3.73573292610814E-07
ENSG00000008283	CYB561	chr17	61512629	61512691	-0.257745319958127	3.73844112254614E-07
ENSG00000262000	CTD-2526A2.5	chr17	78487237	78487271	-0.102827733290397	3.74022584123628E-07
ENSG00000107968	MAP3K8	chr10	30720706	30720718	-0.176331575971194	3.75577527417313E-07
ENSG00000115041	KCNIP3	chr2	95978097	95978141	-0.134046994204574	3.77315077069401E-07
ENSG00000243705	RP11-178L8.1	chr16	87311910	87312003	-0.130478155619007	3.8059232917565E-07
ENSG00000255418	RP11-266A24.1	chr11	23134518	23134523	-0.230583769296901	3.83245999625616E-07
ENSG00000267706	CTD-2105E13.6	chr19	55864141	55864165	-0.156458413842282	3.84265091240105E-07
ENSG00000089127	OAS1	chr12	113307720	113307784	-0.166533628504983	3.84526170253543E-07
ENSG00000260648	RP11-133K1.7	chr15	40532162	40532207	-0.103636886415728	3.84803367336987E-07
ENSG00000263235	RP11-461A8.4	chr16	3696402	3696412	-0.102259395228152	3.86140675504366E-07
ENSG00000261469	RP11-96D1.6	chr16	68269365	68270282	-0.10000204108092	3.87870724123021E-07
ENSG00000129151	BBOX1	chr11	27061890	27061899	-0.154881624560673	3.88838366428709E-07
ENSG00000077943	ITGA8	chr10	15577964	15578004	-0.122540197513145	3.90792010812716E-07
ENSG00000130222	GADD45G	chr9	92264054	92264099	-0.174781261101158	3.93234414150827E-07
ENSG00000153404	PLEKHG4B	chr5	140352	140373	-0.103205118214404	3.93389641419517E-07
ENSG00000150201	FXD4	chr10	43867095	43867141	-0.159544311878052	3.95874100345938E-07
ENSG00000248840	RP11-357G3.2	chr4	3313580	3313622	-0.169175229431647	3.95899002699148E-07
ENSG00000154783	FGD5	chr3	14860514	14860554	-0.189150712544735	3.96000720022085E-07
ENSG00000139926	FRMD6	chr14	51955585	51955618	-0.161577591800156	0.000000400741024465
ENSG00000221525	MIR1185-1	chr14	101509363	101509535	-0.137442718505557	4.01227748138655E-07
ENSG00000237450	RP11-671J11.1	chr14	34966236	34966276	-0.167564700359384	4.0122891168138E-07
ENSG00000250915	RP11-1338A24.1	chr4	8696144	8696173	-0.157010870499794	4.01284756237104E-07
ENSG00000214050	FBXO16	chr8	28227237	28227321	-0.16245886234824	4.02806623545517E-07
ENSG00000160326	SLC2A6	chr9	136339445	136339466	-0.16609370837983	4.03687846868071E-07
ENSG00000236036	LINC00445	chr13	36271766	36271801	-0.262065293521281	4.04262020290637E-07
ENSG00000237342	AL132796.1	chr14	99286122	99286126	-0.235955748578712	4.06977047863308E-07
ENSG00000229609	LINC01079	chr13	27957820	27957872	-0.281296524784712	4.08108320063681E-07
ENSG00000201896	RN7SKP153	chr8	120686675	120686681	-0.127489586970677	4.08173069510701E-07
ENSG00000256527	AP002833.1	chr11	126875782	126875801	-0.266098271444636	4.08761214100022E-07
ENSG00000273153	RP11-406H21.2	chr10	17053400	17053446	-0.11501992816588	4.10411251727357E-07
ENSG00000221251	MIR1263	chr3	163897285	163897324	-0.115816319537797	4.11193761311249E-07
ENSG00000214733	RP11-429J17.8	chr8	144856914	144856937	-0.107495569470874	4.11803955719766E-07
ENSG00000264534	MIR378B	chr3	10377841	10377872	-0.177344707816769	4.12951471265211E-07
ENSG00000252378	AC004851.1	chr7	73994670	73994713	-0.162392766847587	4.13229674804596E-07
ENSG00000253692	IGHEP1	chr14	106186145	106186255	-0.152333148540474	4.18041041499658E-07
ENSG00000234949	AC104667.3	chr2	238499444	238499464	-0.130910357264025	4.1821806024642E-07
ENSG00000160191	PDE9A	chr21	44073202	44073283	-0.104405290914827	4.21220593594822E-07
ENSG00000140104	C14orf79	chr14	105447744	105447751	-0.216393258133439	4.21429824472499E-07
ENSG00000241834	RN7SL149P	chr8	41693980	41694027	-0.162368071085708	4.23385972501109E-07
ENSG00000244384	RN7SL359P	chr2	233501867	233501903	-0.171468575222429	4.23629025801244E-07
ENSG00000235530	AC087294.2	chr17	21113315	21113363	-0.25882334606703	4.26508757950852E-07

ENSG00000266604	RP11-856M7.6	chr18	10603707	10603743	-0.128597217473644	4.26589570789587E-07
ENSG00000222070	AC010150.2	chr2	25934907	25934931	-0.233516471998254	4.33395435433636E-07
ENSG00000242715	CCDC169	chr13	36792084	36792110	-0.170325420492453	4.36324173409136E-07
ENSG00000197766	CFD	chr19	855987	856145	-0.122723818603206	4.37030223255192E-07
ENSG00000273270	RP11-212P7.2	chr7	128151974	128152000	-0.222505061647435	4.3810955096617E-07
ENSG00000260721	AF067845.1	chr8	1319127	1319139	-0.140312617861957	4.39391027718128E-07
ENSG00000136842	TMOD1	chr9	100262562	100262593	-0.136778572031628	4.41982719702504E-07
ENSG00000133627	ACTR3B	chr7	152525490	152525532	-0.148385441188496	4.43756784800973E-07
ENSG00000175513	TSGA10IP	chr11	65712261	65712296	-0.104361359922533	4.44996781162201E-07
ENSG00000204315	FKBPL	chr6	32099319	32099349	-0.192574018138656	4.45599992528864E-07
ENSG00000185758	CLDN24	chr4	184242058	184242105	-0.176321710666305	4.47978452246539E-07
ENSG00000198984	MIR345	chr14	100776381	100776422	-0.114321434082862	4.48121233806438E-07
ENSG00000128311	TST	chr22	37407117	37407221	-0.202391326125938	4.48389998418773E-07
ENSG00000225929	AC000036.4	chr22	51171260	51171283	-0.16749996012136	4.50692346485175E-07
ENSG00000253248	RP11-149P24.1	chr8	137141355	137141373	-0.12249788426128	4.53117215561673E-07
ENSG00000223823	RP11-465B22.5	chr1	1079242	1079282	-0.152588253681757	4.53915438336948E-07
ENSG00000259929	CTA-481E9.4	chr16	18026905	18026918	-0.192670705737463	4.55047721716582E-07
ENSG0000029363	BCLAF1	chr6	136599841	136599867	-0.10435838554236	4.56750388534348E-07
ENSG00000256968	SNRPEP2	chr9	6779450	6779489	-0.144108193297307	4.62440638383805E-07
ENSG00000180801	ARSJ	chr4	114823338	114823347	-0.12406043052213	4.63163491947567E-07
ENSG00000257636	RP11-1103G16.1	chr14	30762683	30762692	-0.256538249748279	4.63760385315971E-07
ENSG00000253643	RP11-561E1.1	chr8	24366086	24366119	-0.148229692567296	4.64600305018445E-07
ENSG00000179755	CTD-2144E22.5	chr16	34255592	34255617	-0.149742915162163	4.66031812371067E-07
ENSG00000159788	RGS12	chr4	3288055	3288101	-0.127669201411445	4.66073987806456E-07
ENSG00000233183	RP3-468B3.2	chr6	33877404	33877440	-0.185666129340364	4.66168671268767E-07
ENSG00000233602	ERI3-IT1	chr1	44726899	44726973	-0.219689554991701	4.67965923259858E-07
ENSG00000146276	GABRR1	chr6	89907785	89907879	-0.187757932645337	4.70659377362841E-07
ENSG00000253930	RP11-1149O23.2	chr8	23025449	23025486	-0.137828690167233	4.74104709837486E-07
ENSG00000163817	SLC6A20	chr3	45801025	45801044	-0.152510244148071	4.74895654281536E-07
ENSG00000176049	JAKMIP2	chr5	147024832	147024861	-0.122700872108128	4.7669797832369E-07
ENSG00000184608	C8orf12	chr8	11225869	11225875	-0.195177726104017	4.77597354124631E-07
ENSG00000159618	GPR114	chr16	57563418	57563492	-0.156621218696723	4.79089849205907E-07
ENSG00000204544	MUC21	chr6	30955931	30955979	-0.121834517985207	4.80462926775014E-07
ENSG00000221389	AC010754.1	chr18	21453131	21453151	-0.156489182144849	4.81712121465618E-07
ENSG00000272783	RP13-1016M1.2	chr4	1550499	1550745	-0.107933175407559	4.82219831075742E-07
ENSG00000214391	RP11-121L10.3	chr11	90016135	90016183	-0.184911924104781	4.82401539918962E-07
ENSG00000172927	MYEOV	chr11	69061831	69061868	-0.188095849401878	4.8699690536877E-07
ENSG00000258914	CTD-2134A5.3	chr14	104345867	104346120	-0.131668728866197	4.88118735913739E-07
ENSG00000143847	PPFIA4	chr1	203016217	203016313	-0.203496786576667	4.91582979102435E-07
ENSG00000253629	KB-1107E3.1	chr8	102772713	102772748	-0.227747610487125	4.92496559827323E-07
ENSG00000196475	GK2	chr4	80334743	80334763	-0.286576037338825	4.93658342401877E-07
ENSG00000170322	NFRKB	chr11	129731833	129731883	-0.162640623975702	4.97837433555421E-07
ENSG00000256810	RP11-76C10.2	chr12	131527189	131527285	-0.146933898724213	4.98997736005922E-07
ENSG00000164690	SHH	chr7	155592304	155592353	-0.221169479291168	4.99440747304754E-07
ENSG00000186466	AQP7P1	chr9	67273418	67273470	-0.114606193496755	5.00701278154153E-07
ENSG00000142273	CBLC	chr19	45279729	45279770	-0.199541643456903	5.01440645866999E-07
ENSG00000249106	RP11-806K15.1	chr4	176733920	176733923	-0.199880036241426	5.01919145637721E-07
ENSG00000189298	ZKSCAN3	chr6	28322092	28322134	-0.18592717116756	5.02715630293571E-07
ENSG00000238092	CEACAMP6	chr19	43271294	43271320	-0.153647904788153	5.03508166970493E-07
ENSG00000094796	KRT31	chr17	39551196	39551236	-0.102576697017189	5.0509752297287E-07
ENSG00000174990	CA5A	chr16	87904462	87904547	-0.165312942388753	5.0856384528554E-07
ENSG00000170298	LGALS9B	chr17	20346486	20346522	-0.202433396449169	5.09962329156847E-07
ENSG00000072415	MPP5	chr14	67688261	67688278	-0.195680184235493	5.10024050486305E-07
ENSG00000237061	RP11-956J14.1	chr8	74002638	74002714	-0.304349456955602	5.1654802787358E-07
ENSG00000261710	RP11-953B20.1	chr8	143182514	143182570	-0.161694678518542	5.17245754652171E-07
ENSG00000109790	KLHL5	chr4	39064045	39064058	-0.161869743735235	5.2024292093178E-07
ENSG00000122025	FLT3	chr13	28591164	28591213	-0.182954813637989	5.2063591356248E-07
LRG_457	LRG_457	chr13	28591164	28591213	-0.182954813637989	5.2063591356248E-07
ENSG00000259400	ELMO2P1	chr15	22798834	22798874	-0.145914831920592	5.26184059468017E-07
ENSG00000256258	RP11-495K9.9	chr12	132102051	132102100	-0.106652797655228	5.28886979085747E-07
ENSG00000224510	POLR2KP2	chr13	48711968	48712039	-0.168127811167329	5.29785790996467E-07
ENSG00000101180	HRH3	chr20	60790953	60790982	-0.115520306736112	5.3055134476321E-07
ENSG00000254399	GLYATL1P4	chr11	58828275	58828297	-0.102004750184304	5.30914405330573E-07
ENSG00000167693	NXN	chr17	703744	703865	-0.111448729713046	5.34380996802551E-07
ENSG00000256863	RP11-959F10.6	chr11	62997004	62997040	-0.177921547518391	5.35861493146997E-07
ENSG00000013288	MAN2B2	chr4	6568120	6568149	-0.171591111369351	5.36653933094315E-07
ENSG00000253843	RP11-769N21.2	chr8	49111711	49111733	-0.238411594394522	5.39247465972944E-07
ENSG00000251308	MRPS33P3	chr4	116035217	116035243	-0.13319380496197	5.42472822013535E-07
ENSG00000260755	RP11-403P17.3	chr16	66545597	66545630	-0.242815438167679	5.42844796376397E-07

ENSG00000227564	LINC00376	chr13	63808143	63808212	-0.119757005788326	5.44296179354697E-07
ENSG00000161267	BDH1	chr3	197246926	197246969	-0.209196923952133	5.46398447268518E-07
ENSG00000249828	RP11-1281K21.2	chr4	49206853	49206872	-0.180506515918669	5.46940111502281E-07
ENSG00000266835	RP11-838N2.4	chr18	3457312	3457383	-0.209121443254135	5.49941736482831E-07
ENSG00000260790	RP11-21M24.2	chr16	22382723	22382754	-0.166724443558149	5.50213657730658E-07
ENSG00000232307	DAOA-AS1	chr13	106063138	106063213	-0.262859253771855	5.51368306119152E-07
ENSG00000237532	AC012451.1	chr2	129429845	129429875	-0.105793601133226	5.53989148365743E-07
ENSG00000179772	FOXS1	chr20	30421766	30421789	-0.232968684765017	5.54358170450279E-07
ENSG00000271555	CTD-3214K23.1	chr8	53608031	53608045	-0.126295720470169	5.54709777948257E-07
ENSG00000197444	OGDHL	chr10	50942910	50942952	-0.137798478428996	5.55141544363592E-07
ENSG00000196335	STK31	chr7	23749709	23749881	-0.125418786000761	5.57079533698122E-07
ENSG00000201815	RNU6-526P	chr8	9223824	9223832	-0.187681237060634	5.58319889918282E-07
ENSG00000221478	AC092329.1	chr19	23366199	23366289	-0.129075238362032	5.62119772481917E-07
ENSG00000102804	TSC22D1	chr13	45008404	45008447	-0.176107418572914	5.67338822587659E-07
ENSG00000183715	OPCML	chr11	132278147	132278166	-0.281003370694236	5.73060563548255E-07
ENSG00000125255	SLC10A2	chr13	103718638	103718683	-0.185844592468053	5.75260396993965E-07
ENSG00000237565	SSU72P5	chr11	4244501	4244546	-0.173215566261504	5.76265152566533E-07
ENSG00000229455	RPS10P18	chr10	126234175	126234220	-0.122886687234674	5.78064794034779E-07
ENSG00000226900	RP11-432J24.5	chr10	134303094	134303117	-0.142777013674421	5.78141297698787E-07
ENSG00000227012	RP1-97J1.2	chr6	112294504	112294532	-0.243131180755551	5.78308382357571E-07
ENSG00000173535	TNFRSF10C	chr8	22941470	22941585	-0.205537411593652	5.78764943362945E-07
ENSG00000179799	OR7E22P	chr3	75411038	75411072	-0.19149790801268	5.79584796983618E-07
ENSG00000220267	ACTBP8	chr6	88985954	88985978	-0.115770603116044	5.7965731206004E-07
ENSG00000270971	REXO1L8P	chr8	86560086	86560170	-0.132271377872308	5.8166259590936E-07
ENSG00000137713	PPP2R1B	chr11	111602057	111602136	-0.207784389602633	5.83360525270668E-07
ENSG00000211990	AL117209.1	chr14	103345432	103345476	-0.223068609405245	5.88165583706562E-07
ENSG00000258668	COX6CP11	chr14	78112008	78112042	-0.324388222597795	5.8876249145399E-07
ENSG00000222693	RN7SKP120	chr9	25089062	25089167	-0.186660528202964	5.89967139777002E-07
ENSG00000269963	RP11-73M18.9	chr14	104179212	104179223	-0.113425972209142	5.93390107832356E-07
ENSG00000263065	AF001548.6	chr16	15877480	15877506	-0.133050303161269	5.93690650833973E-07
ENSG00000260757	RP11-120K18.2	chr16	31415090	31415115	-0.142727306297014	5.94260269832512E-07
ENSG00000163673	DCLK3	chr3	36780444	36780485	-0.147299579267941	5.94388316756173E-07
ENSG00000254844	RP11-728F11.3	chr11	117681046	117681134	-0.238708449627019	5.96400310407749E-07
ENSG00000143839	REN	chr1	204118978	204119014	-0.182468245176267	5.98378887307092E-07
ENSG00000167460	TPM4	chr19	16178185	16178253	-0.259187899761455	6.00004161751946E-07
ENSG00000254684	RP11-882115.1	chr11	85057024	85057045	-0.253049929222806	6.00011413070323E-07
ENSG00000104447	TRPS1	chr8	116440921	116440948	-0.29717580772162	6.02718176281144E-07
ENSG00000252578	RNU6-135P	chr1	23495549	23495577	-0.107059739542311	6.03822313203573E-07
ENSG00000257976	RP11-388G3.1	chr14	25900335	25900406	-0.105591189268897	6.05782472741572E-07
ENSG00000258825	AL133168.3	chr14	97369992	97370003	-0.202583868148672	6.05866343190949E-07
ENSG00000266857	AF186996.2	chr3	125413698	125413739	-0.186463443815851	6.06296862533314E-07
ENSG00000226570	RP11-505O17.1	chr1	182923376	182923403	-0.196920881153839	6.07564155595564E-07
ENSG00000089723	OTUB2	chr14	94494028	94494042	-0.156150441995216	6.07594375933176E-07
ENSG00000124535	WRNIP1	chr6	2783723	2783762	-0.133154578404005	6.07666661300299E-07
ENSG00000255345	CTD-2337I7.1	chr11	78820563	78820635	-0.218230249197675	6.07828377619288E-07
ENSG00000260759	RP11-677O4.2	chr18	11662268	11662283	-0.117913611141408	6.09093375069198E-07
ENSG00000182985	CADM1	chr11	115049384	115049489	-0.111997626300171	6.11461007866539E-07
ENSG00000253266	RP11-128L5.1	chr8	142047998	142048032	-0.258254558925529	6.12230551661186E-07
ENSG00000066230	SLC9A3	chr5	488375	488527	-0.159959810569591	6.13640312378233E-07
ENSG00000255317	RP11-688I9.2	chr11	126860990	126860992	-0.196415308202432	6.1404747093413E-07
ENSG00000249747	RP11-308K2.1	chr4	188156644	188156785	-0.18243768150031	6.16482916690765E-07
ENSG00000212368	RNU6-1000P	chr4	77299317	77299366	-0.144378940945991	6.17784655691223E-07
ENSG00000140067	FAM181A	chr14	94385382	94385395	-0.204778653581735	6.18350381695666E-07
ENSG00000123454	DBH	chr9	136501499	136501539	-0.10721817028396	6.20997918641369E-07
ENSG00000221887	HMSD	chr18	61615564	61615583	-0.124058940860945	6.22369762979037E-07
ENSG00000149300	C11orf52	chr11	111789603	111789636	-0.119102079168787	6.28554736225021E-07
ENSG00000199420	RN7SKP170	chr4	15171440	15171526	-0.106694005220573	6.37275958304412E-07
ENSG00000223258	RNU6-575P	chr7	43250443	43250470	-0.116222639166388	6.39114253495859E-07
ENSG00000147443	DOK2	chr8	21767138	21767310	-0.161853326912187	6.43148250790697E-07
ENSG00000258823	CTD-2555K7.3	chr14	23193934	23193946	-0.201042736691988	6.44504070153042E-07
ENSG00000215454	KRTAP10-4	chr21	45994826	45994857	-0.125517332215629	6.45413389947706E-07
ENSG00000236024	RP11-483H20.6	chr9	132480847	132480853	-0.144165410961156	6.47416081041639E-07
ENSG00000254548	RP11-429J17.5	chr8	144800918	144801164	-0.120020897815211	6.49236104737443E-07
ENSG00000218351	RPS3AP23	chr6	141883484	141883511	-0.129843044310395	6.52886596797486E-07
ENSG00000266756	MIR5680	chr8	103132735	103132774	-0.12217986451665	6.56338435195338E-07
ENSG00000187229	RP11-161I2.1	chr8	18523757	18523922	-0.173681902631057	6.58212910730583E-07
ENSG00000184108	TRIML1	chr4	189060622	189060646	-0.118497980011066	6.58777750940846E-07
ENSG00000263045	RP11-28B23.1	chr17	18885455	18885482	-0.190510595120243	6.62116098662893E-07
ENSG00000261567	RP11-680G10.1	chr16	85393915	85394051	-0.109781063196472	6.62365393214399E-07

ENSG00000229266	POM121L8P	chr22	21638454	21638502	-0.264994328040915	6.62759459959236E-07
ENSG00000174358	SLC6A19	chr5	1201691	1201859	-0.131875171467958	6.63143336113424E-07
ENSG00000214853	RP11-509M23.1	chr5	84126429	84126471	-0.103898683150712	6.73668014470889E-07
ENSG00000156804	FBXO32	chr8	124529144	124529191	-0.188059040835937	6.75940519186288E-07
ENSG00000109736	MFSD10	chr4	2926932	2926975	-0.136366548064379	6.76031833588484E-07
ENSG00000255585	RP11-188C12.2	chr9	140683056	140683463	-0.168415025635373	6.77113067990479E-07
ENSG00000260848	CTD-2009A10.1	chr16	73644783	73644816	-0.14251109183998	6.77562216866321E-07
ENSG00000173068	BNC2	chr9	16413696	16413753	-0.157969073452062	6.80776686658391E-07
ENSG00000180822	PSMG4	chr6	3247621	3247690	-0.158318718010438	6.82536460069423E-07
ENSG00000205441	KRTAP10-7	chr21	46020307	46020348	-0.156079852082512	6.84576736387813E-07
ENSG00000207156	RNU6-505P	chr3	146777930	146777974	-0.10666528237102	6.85318935651286E-07
ENSG00000141012	GALNS	chr16	88880268	88880377	-0.156170483586584	6.85909189372788E-07
ENSG00000263380	AC096534.1	chr1	61520420	61520440	-0.11389703334065	6.87487631221648E-07
ENSG00000253339	RP11-434I12.3	chr8	74268888	74268910	-0.121976015095299	6.89888720036555E-07
ENSG00000225083	GRTP1-AS1	chr13	114024480	114024525	-0.10317736488448	6.90430881311519E-07
ENSG00000263812	LINC00908	chr18	74257894	74257942	-0.106318462685348	6.94402611844038E-07
ENSG00000205959	RP11-689P11.2	chr4	8508604	8508612	-0.106690957606798	6.95258272496196E-07
ENSG00000260115	CTC-420A11.2	chr16	61983469	61983508	-0.160084455154145	6.95334584183667E-07
ENSG00000183654	MARCH11	chr5	16082361	16082409	-0.184585526132219	6.98623389964183E-07
ENSG00000200480	SNORD114-28	chr14	101455221	101455260	-0.11235765913529	7.00827526546213E-07
ENSG00000252997	AC068533.1	chr7	65512673	65512715	-0.151759688521706	7.02834852174416E-07
ENSG00000109625	CPZ	chr4	8621324	8621391	-0.131757171608894	7.04088825550243E-07
ENSG00000237137	RP11-408A13.2	chr9	14433909	14434006	-0.176772994777768	7.046055233195332E-07
ENSG00000259954	IL21R-AS1	chr16	27443933	27443941	-0.194539406990701	7.07170840196231E-07
ENSG00000229393	RP3-395M20.3	chr1	2425829	2425901	-0.18797283514618	7.07680154876568E-07
ENSG00000255351	RP11-567I13.1	chr11	11426018	11426092	-0.216823308554375	7.11806796902364E-07
ENSG00000259584	RP11-521C20.2	chr15	40364621	40364738	-0.203350428425924	7.15216985072407E-07
ENSG00000262179	RP1-302G2.5	chr6	44185275	44185344	-0.23691146153215	7.15611751775496E-07
ENSG00000265560	AC098612.1	chr8	34843322	34843339	-0.142193848181529	7.15644926278589E-07
ENSG00000226237	RP11-276H19.1	chr9	89580707	89580715	-0.180024032475837	7.16026200304485E-07
ENSG00000235293	AC114814.3	chr2	236100651	236100814	-0.218743714340661	7.17064660570126E-07
ENSG00000254669	RP5-945I17.2	chr11	35602506	35602532	-0.184608676921201	7.17672538090072E-07
ENSG00000247498	RP11-392P7.6	chr12	13080415	13080464	-0.185494406433663	7.25057775100424E-07
ENSG00000220256	AC093802.1	chr2	240679608	240679638	-0.130051714822886	7.25432726069631E-07
ENSG00000251692	PTX4	chr16	1537584	1537926	-0.101749074235588	7.27600098460189E-07
ENSG00000227482	RP11-18B16.2	chr9	116448727	116448765	-0.260836744194345	7.28031839417477E-07
ENSG00000164932	CTHRC1	chr8	104384675	104384700	-0.123007261571003	7.33242290022779E-07
ENSG00000169139	UBE2V2	chr8	48910876	48910913	-0.178494364137916	7.35123435870142E-07
ENSG00000226087	AC106869.2	chr2	47492461	47492481	-0.199316262901918	7.3536029325242E-07
ENSG00000267952	CTD-2207O23.12	chr19	7570339	7570359	-0.113752298395928	7.36726617628061E-07
ENSG00000216045	AL356693.1	chr1	5891521	5891571	-0.149264689203484	7.38188729291034E-07
ENSG00000253994	KB-1299A7.1	chr8	111834698	111834795	-0.109826146500336	7.41659008603551E-07
ENSG00000233918	RP11-715L17.1	chr7	61967762	61967808	-0.122970508107818	7.4301666529025E-07
ENSG00000104814	MAP4K1	chr19	39057576	39057615	-0.190542641751808	7.45323006087294E-07
ENSG00000171603	CLSTN1	chr1	9787473	9787519	-0.158895076731798	7.4880616900869E-07
ENSG00000258598	RP11-260M19.1	chr14	104842162	104842200	-0.165459543964588	7.50958120645356E-07
ENSG00000264877	AL603650.2	chr9	137733817	137733866	-0.13946943782324	7.52914782400809E-07
ENSG00000199426	RNU1-108P	chr17	56743132	56743172	-0.304341862040886	7.54455780975518E-07
ENSG00000264371	MIR4425	chr1	25359108	25359140	-0.122284511120271	7.57836142920645E-07
ENSG00000169020	ATP5I	chr4	660910	661113	-0.117524675047517	7.63213822004547E-07
ENSG00000171557	FGG	chr4	155533883	155533920	-0.146667597909501	7.67443802944044E-07
ENSG00000207101	Y_RNA	chr8	41643318	41643484	-0.113263270326354	7.68846279667728E-07
ENSG00000185024	BRF1	chr14	105670727	105670925	-0.159292638937688	7.70802101205079E-07
ENSG00000260682	7SK	chr16	81970779	81970887	-0.115349890011941	7.73566673459009E-07
ENSG00000235994	RP3-470B24.5	chr6	168376400	168376446	-0.24934160318927	7.75804587150244E-07
ENSG00000225632	RP5-997D24.3	chr1	54763967	54763988	-0.184906201981856	7.79068046305149E-07
ENSG00000273287	CTA-268H5.14	chr22	45659790	45659822	-0.244488908138589	7.79404187677979E-07
ENSG00000242381	RN7SL741P	chr13	26502987	26503079	-0.130556823032513	7.85575022937063E-07
ENSG00000271204	RP11-138A9.1	chr7	130606545	130606558	-0.152364438461416	7.85815677955422E-07
ENSG00000256568	RP11-800A3.3	chr11	72888634	72888641	-0.170180667056134	7.89913740886045E-07
ENSG00000173621	LRFN4	chr11	66630961	66631121	-0.132488990870503	7.94174484878041E-07
ENSG00000225579	EDNRB-AS1	chr13	78435498	78435534	-0.226398131710374	7.96023747800521E-07
ENSG00000239365	RPS26P49	chr14	105297287	105297364	-0.127942568573729	7.96422058587285E-07
ENSG00000257025	RP11-553N19.1	chr12	128898899	128899941	-0.128058649981013	7.96524538709553E-07
ENSG00000235784	HNRNPA1P29	chr13	94207303	94207349	-0.283651849793208	8.0298572899787E-07
ENSG00000268735	AL139080.1	chr13	24323408	24323415	-0.224237376758376	8.06874039206895E-07
ENSG00000265140	MIR4301	chr11	113348138	113348169	-0.183167407509294	8.0929787049897E-07
ENSG00000016402	IL20RA	chr6	137366286	137366336	-0.127516589447282	8.13352871426663E-07
ENSG00000244187	TMEM141	chr9	139683448	139683451	-0.20654984436482	8.14389671089954E-07

ENSG00000249868	RP11-63E5.6	chr8	258612	258616	-0.139853348948516	8.17818019138517E-07
ENSG00000112486	CCR6	chr6	167524296	167524334	-0.172822717753823	8.20081991863288E-07
ENSG00000168140	VASN	chr16	4419234	4419241	-0.160847994762379	8.22591084091707E-07
ENSG00000189181	OR14I1	chr1	248845364	248845410	-0.110955339821406	8.23414084162146E-07
ENSG00000205632	WI2-81516E3.1	chr22	49444523	49444550	-0.214951725625469	8.23975832902985E-07
ENSG00000253891	RP11-203E8.1	chr8	24062498	24062506	-0.234253564169344	8.25512484668278E-07
ENSG00000140105	WARS	chr14	100795213	100795375	-0.125315067127197	8.25961150793932E-07
ENSG00000239917	RPS10P16	chr8	118628904	118628942	-0.175690118758306	8.27068770614151E-07
ENSG00000224530	PPIAP10	chr20	52029943	52029983	-0.164682810691542	8.27836554998962E-07
ENSG00000252022	SNORD33	chr16	76521072	76521090	-0.178702318291099	8.30547586874067E-07
ENSG00000205897	OR7E136P	chr7	6910622	6910637	-0.124593086263053	8.33769585801641E-07
ENSG00000221990	C5orf55	chr5	430393	430469	-0.193277563277149	8.37781237731567E-07
ENSG00000212553	SNORD116	chr13	40516491	40516494	-0.11160401850967	8.3808734678759E-07
ENSG00000261482	RP11-673P17.2	chr16	27078441	27078449	-0.114341735331033	8.38536053933817E-07
ENSG00000248599	RP11-302J23.1	chr8	102090287	102090358	-0.183102861534551	8.3888869324926E-07
ENSG00000232986	RP11-179A7.2	chr13	34306131	34306135	-0.102584350678448	8.40589121524654E-07
ENSG00000100084	HIRA	chr22	19283934	19283975	-0.134303611750496	8.44145807894223E-07
ENSG00000075043	KCNQ2	chr20	62037492	62037552	-0.171096487850232	8.45611463598015E-07
ENSG00000105607	GCDH	chr19	13000926	13000943	-0.158571347322395	8.46367932423518E-07
ENSG00000071677	PRLH	chr2	238475271	238475313	-0.119434256414822	8.50492791731925E-07
ENSG00000201861	RNA5SP298	chr10	369958	369977	-0.210292648184244	8.51639457008295E-07
ENSG00000178602	OTOS	chr2	241083754	241083909	-0.109785325625725	8.52912372675361E-07
ENSG00000271780	RP11-1017G21.5	chr14	102396680	102396715	-0.140283546291526	8.55965432999203E-07
ENSG00000203618	GP1BB	chr22	19723398	19723442	-0.180468402774937	8.58975126591047E-07
ENSG00000066583	ISOC1	chr5	128326622	128326656	-0.174769396278404	8.64835202865763E-07
ENSG00000223530	AC012506.1	chr2	23546218	23546231	-0.158186350441969	8.67240248436789E-07
ENSG00000250626	RP11-756P10.2	chr4	189742947	189743026	-0.233833584956543	8.67379874280558E-07
ENSG00000251723	RNU6-357P	chr9	135724812	135724849	-0.14872649143314	8.68720309343641E-07
ENSG00000104221	BRF2	chr8	37699297	37699951	-0.180327936696142	8.70196632788361E-07
ENSG00000272438	RP11-54O7.16	chr1	834330	834358	-0.251445407603439	8.70444867380528E-07
ENSG00000172367	PDZD3	chr11	119056672	119056710	-0.136136273516506	8.71500459249725E-07
ENSG00000167881	SRP68	chr17	74023457	74023481	-0.13085329655089	8.79237109582573E-07
ENSG00000203581	OR1F2P	chr16	3265396	3265467	-0.202129336979341	8.86847279107689E-07
ENSG00000236682	AC068282.3	chr2	128158438	128158457	-0.148159035987812	8.90542051911553E-07
ENSG00000211848	TRAJ41	chr14	22966654	22966703	-0.211763669863255	8.91565392851767E-07
ENSG00000266944	AC005262.4	chr19	3130683	3130696	-0.320499725689976	8.94655541234618E-07
ENSG00000222185	SNORD113	chr14	101470562	101470595	-0.293064228239647	8.96555442045186E-07
ENSG00000255211	RP11-1195F20.7	chr8	7826057	7826232	-0.174674926719029	8.97789643847892E-07
ENSG00000211972	IGHV3-66	chr14	107131484	107131527	-0.18449693404628	8.98517321141239E-07
ENSG00000227051	C14orf132	chr14	96508191	96508241	-0.214815496753853	8.99156425471965E-07
ENSG00000184471	C1QTNF8	chr16	1139992	1140091	-0.107452282142543	9.0228073559016E-07
ENSG00000205971	AC074389.6	chr7	1733605	1733648	-0.128594158948751	9.0548824206441E-07
ENSG00000201839	SNORD114-3	chr14	101419725	101419737	-0.136074297805812	9.07115439533154E-07
ENSG00000260506	RP11-648F7.1	chr2	239933231	239933280	-0.160742074707866	9.07510460685276E-07
ENSG00000242670	RP11-601I15.1	chr4	55091144	55091178	-0.170928970677973	9.12256037347804E-07
ENSG00000231927	AC102953.6	chr7	1552965	1552985	-0.122487532737639	9.18972432911383E-07
ENSG00000238680	RNU6-1037P	chr18	64616636	64616667	-0.145301588321299	9.20898949922488E-07
ENSG00000261707	RP11-264M12.2	chr16	77797452	77797508	-0.206066652418265	9.21853749806958E-07
ENSG00000259384	GH1	chr17	61994662	61994712	-0.186452937865587	9.22083186530215E-07
ENSG00000252284	SNORD28	chr18	56246909	56246924	-0.101155955621463	9.23972500941368E-07
ENSG00000271395	RP11-75N6.3	chr13	90203457	90203488	-0.22294891963928	9.24064047944821E-07
ENSG00000139985	ADAM21	chr14	70924294	70924335	-0.211055628668677	9.31265994428083E-07
ENSG00000158122	AAED1	chr9	99419722	99419737	-0.153857017884747	9.3378336781404E-07
ENSG00000170681	MURC	chr9	103340474	103340554	-0.100684505311889	9.33931973532435E-07
ENSG00000174529	TMEM81	chr1	205042917	205042939	-0.171600208580467	9.35845053747557E-07
ENSG00000120658	ENOX1	chr13	43788177	43788214	-0.102837910928409	9.36455460375655E-07
ENSG00000155926	SLA	chr8	134124191	134124199	-0.14677484700024	9.38598855028049E-07
ENSG00000249458	RP11-624A4.1	chr4	177759961	177759975	-0.20431173139349	9.41560219977235E-07
ENSG00000269667	RP11-542M13.2	chr16	86009663	86009700	-0.17609954567312	9.41916829456722E-07
ENSG00000264126	RN7SL158P	chr9	19103903	19104013	-0.231043822593302	9.42647229795242E-07
ENSG00000176945	MUC20	chr3	195448197	195448234	-0.188671916560385	9.4458660998195E-07
ENSG00000162599	NFIA	chr1	61333698	61333719	-0.179936400679756	9.54057901687183E-07
ENSG00000265368	MIR4476	chr9	36880006	36880055	-0.101236188492216	9.57935740074649E-07
ENSG00000237410	AP001092.4	chr11	64428239	64428458	-0.114982292634863	9.62258577460499E-07
ENSG00000170542	SERPINB9	chr6	2891930	2891968	-0.134834253263255	9.62896530430409E-07
ENSG00000269445	AC067969.1	chr19	38991498	38991620	-0.118329305686472	9.65983561910161E-07
ENSG00000255519	RP11-958J22.2	chr11	45539732	45539830	-0.151755706034352	9.70183520383357E-07
ENSG00000221183	AC093897.1	chr4	79149894	79149903	-0.139906673946166	9.73569311387515E-07
ENSG00000272744	RP11-367N14.3	chr4	184462300	184462336	-0.195687108759129	9.73857891819486E-07

ENSG00000224418	STK24-AS1	chr13	99230390	99230403	-0.119114473406037	9.77601310772609E-07
ENSG00000184545	DUSP8	chr11	1575600	1575645	-0.125358065778802	9.80819108181443E-07
ENSG00000252764	RNU6-1092P	chr8	101678439	101678456	-0.165386945746281	9.85074072062532E-07
ENSG00000122515	ZMIZ2	chr7	44801486	44801677	-0.127164766917977	9.88591060672626E-07
ENSG00000235185	RP5-1056L3.1	chr1	19890344	19890390	-0.218247646728073	9.8876880239972E-07
ENSG00000254530	RP11-460B17.3	chr11	29358656	29358702	-0.17444770525296	9.9416467994106E-07
ENSG00000128266	GNAZ	chr22	23441338	23441367	-0.125645304022818	9.94396313108903E-07
ENSG00000264265	RP11-14P20.1	chr18	519165	519168	-0.148092816737848	9.98009308130116E-07
ENSG00000234854	LINC00676	chr13	110337750	110337774	-0.176551255969392	1.00032100392353E-06
ENSG00000253898	RP11-51M18.1	chr8	84397113	84397217	-0.182801895550648	1.00066936576117E-06
ENSG00000272226	RP11-63G10.3	chr1	59280241	59280489	-0.176442149034649	1.00182529619567E-06
ENSG00000186575	NF2	chr22	29977993	29978028	-0.152168809841566	1.00318155504345E-06
LRG_511	LRG_511	chr22	29977993	29978028	-0.152168809841566	1.00318155504345E-06
ENSG00000237489	LINC00959	chr10	131845016	131845101	-0.188721499905135	1.00318827908277E-06
ENSG00000261226	RP11-830F9.7	chr16	89002101	89002147	-0.113830518205589	1.00417456978871E-06
ENSG00000265734	MIR4438	chr2	214566149	214566181	-0.103541350100815	1.00802005168875E-06
ENSG00000254816	RP11-670N15.2	chr11	21191448	21191455	-0.205087468028363	1.01204101276279E-06
ENSG00000226759	DAB1-AS1	chr1	58332822	58332867	-0.119072675772088	0.0000010144829137368
ENSG00000207082	RNU6-171P	chr1	164572121	164572163	-0.144357459870447	1.01764744230457E-06
ENSG00000186487	MYT1L	chr2	1797647	1797681	-0.124786208621229	1.02032494302103E-06
ENSG00000073146	MOV10L1	chr22	50529562	50529717	-0.16490867385374	1.02453807253124E-06
ENSG00000253841	RP11-622O11.5	chr8	127085779	127085784	-0.109653153319112	1.02778081610629E-06
ENSG00000130560	UBAC1	chr9	138861537	138861605	-0.192707716682098	0.0000010316891049166
ENSG00000167971	CASKIN1	chr16	2231768	2231807	-0.185432508331002	1.03266077378563E-06
ENSG00000270255	RP11-420B22.2	chr8	18867702	18867754	-0.208304413751767	1.03322599990404E-06
ENSG00000260837	RP11-434B12.1	chr2	8849968	8850009	-0.19245577366766	1.03535475083258E-06
ENSG00000163472	TMEM79	chr1	156254149	156254169	-0.215465026249903	1.03752487748371E-06
ENSG00000180008	SOCS4	chr14	55491009	55491049	-0.145413190824614	1.03764715353015E-06
ENSG00000166123	GPT2	chr16	46920075	46920124	-0.274298559863968	1.04477463239184E-06
ENSG00000225680	AL163953.2	chr14	53929908	53929925	-0.262838027566592	0.0000010543948538849
ENSG00000242731	FAM86LP	chr7	6993538	6993587	-0.191167776399101	1.05929964539036E-06
ENSG00000119681	LTBP2	chr14	74975983	74976137	-0.136008540115891	1.07669906499283E-06
ENSG00000256590	TRDV3	chr14	22938694	22938770	-0.272461420889189	1.07779381657605E-06
ENSG00000201027	RN7SKP107	chr14	90087792	90087825	-0.169990128041579	1.07819716200806E-06
ENSG00000200898	RNU6-1243P	chr11	61690927	61690977	-0.155947196261127	1.08305435487178E-06
ENSG00000221259	AC002978.1	chr12	111499865	111499912	-0.101735126204606	1.08749358644983E-06
ENSG00000204880	KRTAP4-8	chr17	39253796	39253840	-0.140710456415439	1.08814054848641E-06
ENSG00000137714	FDX1	chr11	110277561	110277622	-0.122505538475743	0.0000010887192868697
ENSG00000196166	C8orf86	chr8	38371405	38371413	-0.232880961749152	1.09714472073629E-06
LRG_404	LRG_404	chr1	116213927	116213975	-0.198043677521217	0.0000011013662278455
ENSG00000207497	Y_RNA	chr4	186732124	186732153	-0.12775299242076	1.10287992313327E-06
ENSG00000146535	GNA12	chr7	2773068	2773098	-0.151362805724255	0.0000011113578432537
ENSG00000264205	RN7SL71P	chr5	178899842	178899917	-0.151289211847271	1.11412507968867E-06
ENSG00000216055	AC097372.1	chr4	147056143	147056211	-0.164239290689371	1.11453633429541E-06
ENSG00000242173	ARHGDIG	chr16	318546	318900	-0.139178826815868	0.0000011209679607326
ENSG00000255500	RP11-347H15.2	chr11	50234966	50235064	-0.12190911842732	1.12406925758397E-06
ENSG00000258736	RP11-982M15.7	chr14	105123576	105123692	-0.137748063733089	0.000001156890676825
ENSG00000181333	HEPHL1	chr11	93754381	93754390	-0.17508528837411	1.13071247734693E-06
ENSG00000265667	AP003550.1	chr8	104117866	104117895	-0.18173199603081	0.0000011373637782715
ENSG00000244485	RPL18P13	chr16	76266521	76266534	-0.306732735372266	1.13768520123202E-06
ENSG00000252604	RNU2-44P	chr4	155829032	155829034	-0.116909670244635	1.14210067069257E-06
ENSG00000262188	RP11-353N14.4	chr17	77899166	77899208	-0.172817690007737	1.14250782539411E-06
ENSG00000153789	FAM92B	chr16	85146078	85146180	-0.136513981809889	1.14447477338043E-06
ENSG00000175866	BAIAP2	chr17	79035322	79035439	-0.136559699620618	1.14653553065633E-06
ENSG00000170265	ZNF282	chr7	148903187	148903200	-0.163792532803193	1.14666528615539E-06
ENSG00000119535	CSF3R	chr1	36948074	36948112	-0.190143342896884	1.14782050643882E-06
ENSG00000221673	U3	chr1	220132312	220132368	-0.163627972155608	1.15001140940118E-06
ENSG00000126218	F10	chr13	113776915	113777045	-0.105143599093929	1.15339174149217E-06
ENSG00000269909	RP11-489N22.3	chr9	129432838	129432850	-0.137010087565763	0.000001156890676825
ENSG00000197408	CYP2B6	chr19	41509926	41509956	-0.130555258905925	1.16785955556726E-06
ENSG00000234776	C11orf94	chr11	45928787	45928937	-0.108858661127428	1.17588480084494E-06
ENSG00000255239	AP002954.6	chr11	118550443	118550461	-0.113571031464936	1.18361728318366E-06
ENSG00000255547	RPA2P3	chr11	100092197	100092214	-0.237745917976639	1.18880787938992E-06
ENSG00000162572	SCNN1D	chr1	1214554	1214678	-0.100887211335985	1.19588783418412E-06
ENSG00000143631	FLG	chr1	152277217	152277248	-0.114273779117719	1.19753389832076E-06
ENSG00000267193	RP11-116O18.3	chr18	43262745	43262830	-0.170509456439081	1.19833848062003E-06
ENSG00000233234	RP11-740P5.2	chr1	2725872	2725915	-0.120642481770766	1.20306534917825E-06
ENSG00000255900	RP11-407A16.8	chr12	127101133	127101152	-0.100618851259689	1.21092005003118E-06
ENSG00000175164	ABO	chr9	136150048	136150172	-0.100585684234717	1.21487971562349E-06

ENSG00000231630	RP11-740P5.3	chr1	2731385	2731420	-0.103121092326868	1.21585848340056E-06
ENSG00000270610	RP11-486O13.3	chr14	70701263	70701482	-0.100844093997193	1.22248485033962E-06
ENSG00000159733	ZFYVE28	chr4	2275712	2275880	-0.10849013716169	1.23376744509304E-06
ENSG00000164089	ETNPPL	chr4	109663573	109663613	-0.203728664243842	1.23383795611429E-06
ENSG00000238957	AL512640.1	chr10	44542501	44542551	-0.106332394992678	1.23655611176101E-06
ENSG00000145214	DGKQ	chr4	950844	950852	-0.148812429891534	1.26849084854293E-06
ENSG00000103313	MEFV	chr16	3285964	3286260	-0.117515163463006	1.24723240007742E-06
LRG_190	LRG_190	chr16	3285964	3286260	-0.117515163463006	1.24723240007742E-06
ENSG00000130294	KIF1A	chr2	241656620	241656706	-0.210143534743161	1.24769817488026E-06
ENSG00000184601	C14orf180	chr14	105045938	105045992	-0.118698420471798	0.0000012519635085816
ENSG00000196616	ADH1B	chr4	100237088	100237127	-0.151831000622578	0.0000012594846856396
ENSG00000197125	OR8B8	chr11	124310876	124310957	-0.13539142191047	1.26849084854293E-06
ENSG00000164695	CHMP4C	chr8	82643667	82643709	-0.115614772416891	1.26900913123025E-06
ENSG00000236665	AC114808.2	chr2	1204034	1204055	-0.140560053216892	1.27122611834945E-06
ENSG00000250259	RP11-460I19.2	chr4	1022261	1022701	-0.175819262701098	1.27514156794096E-06
ENSG00000100908	EMC9	chr14	24608346	24608376	-0.170937497613138	1.27586209498813E-06
ENSG00000214614	RP11-989E6.3	chr16	32898417	32898433	-0.170233717771417	1.27964100015685E-06
ENSG00000254739	RP13-46H24.1	chr11	528803	528943	-0.127285615380352	1.28000900370883E-06
ENSG00000169554	ZEB2	chr2	145147089	145147134	-0.173462577352637	0.0000012821536737133
ENSG00000103194	USP10	chr16	84730653	84730676	-0.180081324385532	0.0000012889075550019
ENSG00000225842	AC139712.1	chr2	52658527	52658575	-0.104286886983284	1.29720601581079E-06
ENSG00000164850	GPER1	chr7	1123427	1123438	-0.168062815692776	1.29754170811496E-06
ENSG00000254372	RP11-343P9.1	chr8	136465077	136465091	-0.290293429010566	1.30462380332489E-06
ENSG00000252030	RNU6-1196P	chr4	154169814	154169825	-0.150032941980888	1.311148397806617E-06
ENSG00000007376	RPUSD1	chr16	833167	833382	-0.100294906300987	1.31299542117667E-06
ENSG00000109956	B3GAT1	chr11	134250852	134250892	-0.148896236147489	1.31561905790607E-06
ENSG00000246763	RGMB-AS1	chr5	98112512	98112561	-0.262235392655456	1.32298735079234E-06
ENSG00000159625	CCDC135	chr16	57728147	57728173	-0.107156664846654	0.00000132416509608
ENSG000000087250	MT3	chr16	56624875	56624886	-0.124019022941216	1.33051695184699E-06
ENSG00000224459	RP11-169K16.4	chr1	16067420	16067505	-0.172264746214601	1.33106408539114E-06
ENSG00000172663	TMEM134	chr11	67231882	67231921	-0.109251477624332	1.33372661975255E-06
ENSG00000254648	RP11-713P17.4	chr11	133910650	133910654	-0.193306584282	1.34104517844406E-06
ENSG00000256632	RP13-672B3.2	chr12	133265865	133265893	-0.185934168519624	1.34258064564041E-06
ENSG00000255442	RP11-347H15.1	chr11	50128367	50128417	-0.15403414785385	1.34509520054437E-06
ENSG00000238189	ENOX1-AS2	chr13	44016149	44016254	-0.18469981343256	1.34616457730687E-06
ENSG00000092051	JPH4	chr14	24048528	24048555	-0.154086302928153	1.34754597219465E-06
ENSG00000184428	TOP1MT	chr8	144389013	144389064	-0.198653238227991	1.34869120744815E-06
ENSG00000253178	RP11-404E12.1	chr8	20375587	20375609	-0.18714160183988	1.35412972303918E-06
ENSG00000255582	OR10G2	chr14	22102965	22102975	-0.111699283447173	0.00000136602402433
ENSG00000226180	AC010536.1	chr16	87727349	87727467	-0.135405750897577	0.0000013676904000234
ENSG00000120885	CLU	chr8	27452753	27452788	-0.170587897735397	1.36877481333327E-06
ENSG00000188833	ENTPD8	chr9	140333858	140333934	-0.114704037497166	1.37319023690917E-06
ENSG00000234841	RP11-119H12.4	chr4	113752104	113752212	-0.100418574176682	1.37948540377722E-06
ENSG00000236095	RP11-49O14.2	chr9	97671375	97671453	-0.212982144187333	1.37965913741235E-06
ENSG00000169499	PLEKHA2	chr8	38770409	38770414	-0.194563031262129	1.38220530536235E-06
ENSG00000070031	SCT	chr11	625796	625894	-0.138437159064978	1.38380880053179E-06
ENSG00000238963	U8	chr6	155315085	155315111	-0.104269101524897	1.38450844010427E-06
ENSG00000202164	RNA5SP117	chr2	209665620	209665707	-0.152612347096056	1.38602225775244E-06
ENSG00000170325	PRDM10	chr11	129763781	129763803	-0.176776474526395	1.38811993614466E-06
ENSG00000261633	RP11-405F3.5	chr16	57654261	57654469	-0.167601518865605	1.38924080310152E-06
ENSG00000235296	AC137723.5	chr17	79899020	79899490	-0.197769331242162	1.39184684861429E-06
ENSG00000266676	MIR4297	chr10	131641540	131641629	-0.101206501687506	1.39335062861027E-06
ENSG00000248137	RP11-468D11.1	chr5	2866700	2866767	-0.101513406136269	1.40230108942037E-06
ENSG00000182327	GLTPD2	chr17	4692250	4692403	-0.118933940526892	1.40367357025046E-06
ENSG00000105549	THEG	chr19	372670	372691	-0.121671674982282	1.40952355163998E-06
ENSG00000229505	RP4-682E18.1	chr1	86577440	86577514	-0.112778751500108	1.41638255294307E-06
ENSG00000226987	RP11-544A12.5	chr9	134120358	134120364	-0.102867247723888	1.42593303317083E-06
ENSG00000230390	LINC01048	chr13	38046258	38046290	-0.112619668416515	1.42729932851937E-06
ENSG00000149564	ESAM	chr11	124622302	124622317	-0.130540011772843	1.43357972998135E-06
ENSG00000233492	RP5-984P4.4	chr20	21589093	21589246	-0.162281136829856	1.43655498124081E-06
ENSG00000270522	RP11-168P13.1	chr13	44363728	44363766	-0.120810903617234	1.43968210845546E-06
ENSG00000002822	MAD1L1	chr7	1847604	1847652	-0.100576147999813	1.44251043658141E-06
ENSG00000179571	NBPF23	chr1	149069632	149069672	-0.108717787543028	1.44817107833619E-06
ENSG00000238143	RP11-70K10.2	chr9	103889950	103889991	-0.209609894688965	1.44968734367681E-06
ENSG00000252811	AC008085.1	chr7	131505946	131505986	-0.193923122537903	1.45861211296543E-06
ENSG00000250739	RP11-462G22.1	chr4	190598127	190598193	-0.100619343394063	1.45978291444879E-06
ENSG00000179676	LINC00305	chr18	61751663	61751689	-0.103648931739997	1.46101390111068E-06
ENSG00000256672	RP11-218M22.2	chr12	772966	773007	-0.165517161033358	1.46641573742325E-06
ENSG00000105641	SLC5A5	chr19	17988613	17988640	-0.116502163400039	1.47722839563886E-06

ENSG00000223970	RP11-598O8.1	chr7	53072921	53073000	-0.105493237388472	1.48163452895093E-06
ENSG00000183196	CHST6	chr16	75520142	75520186	-0.206871090468581	1.48424832105901E-06
ENSG00000167390	POM121L3P	chr20	23971089	23971137	-0.16187682733534	1.49837793500334E-06
ENSG00000247092	SNHG10	chr14	95991345	95991376	-0.108042347420681	1.50011988314103E-06
ENSG00000250374	RP11-219C20.1	chr4	165980278	165980323	-0.144630189663447	1.50385286951745E-06
ENSG00000233633	AC093326.3	chr2	568190	568225	-0.283765423716476	1.50745091104074E-06
ENSG00000254437	RP11-170L9.1	chr11	80653256	80653285	-0.23376320265418	1.50797866503435E-06
ENSG00000185989	RASA3	chr13	114770014	114770232	-0.11094512140652	1.50885190782126E-06
ENSG00000251455	RP11-164P12.3	chr4	152597601	152597671	-0.109961043092433	1.51605884494734E-06
ENSG00000221968	FADS3	chr11	61641224	61641227	-0.190853664758836	1.52015993414728E-06
ENSG00000100815	TRIP11	chr14	92410327	92410332	-0.10311274157057	1.52995619788186E-06
ENSG00000231419	LINC00689	chr7	158799734	158799775	-0.105397406768474	1.53763122789968E-06
ENSG00000243137	PSG4	chr19	43692077	43692103	-0.10456079664685	1.54047855953336E-06
ENSG00000205339	IPO7	chr11	9384739	9384823	-0.261300984887669	1.54390826279679E-06
ENSG00000139679	LPAR6	chr13	48986106	48986142	-0.131879131246627	1.54747346689428E-06
ENSG00000264750	RP11-277J6.2	chr17	71580627	71580667	-0.15186360152979	1.56042910474652E-06
ENSG00000232786	TIMM9P3	chr13	46159033	46159065	-0.21239771341507	0.0000015619354330804
ENSG00000261090	RP11-20G6.2	chr16	23042377	23042394	-0.228121555277787	1.56429636971518E-06
ENSG00000254819	RP11-430L3.1	chr11	26291215	26291263	-0.176225592714902	1.56474523455213E-06
ENSG00000199652	RNU1-35P	chr8	136856324	136856380	-0.113069994455793	0.0000015719510156828
ENSG00000260009	RP11-65J21.1	chr16	14458319	14458352	-0.121292538733156	1.57546058297247E-06
ENSG00000198976	MIR429	chr1	1104385	1104399	-0.107592423976625	1.58685997898656E-06
ENSG00000224809	BEND3P2	chr9	94935706	94935726	-0.100045059087388	1.58692904095739E-06
ENSG00000260989	LA16c-395F10.2	chr16	1630430	1630518	-0.239218720568996	1.58780120576518E-06
ENSG00000198133	TMEM229B	chr14	67925077	67925137	-0.182087837197288	1.59254482581606E-06
ENSG00000243959	RN7SL684P	chr5	175976377	175976397	-0.164068811710839	1.59887761834381E-06
ENSG00000207342	Y_RNA	chr14	89361367	89361405	-0.130942180830545	1.60218973029702E-06
ENSG00000267267	CTD-3199J23.4	chr17	41180563	41180655	-0.154610301632933	1.60371206278658E-06
LRG_57	LRG_57	chr19	855774	855839	-0.113828251941499	1.60646600332044E-06
ENSG00000261612	SUB1P3	chr16	4613195	4613237	-0.105576690104117	1.60696074539767E-06
ENSG00000095383	TBC1D2	chr9	100952878	100952881	-0.131388570109472	1.61173893583561E-06
ENSG00000265660	MIR4664	chr8	144814967	144815061	-0.123320633719528	1.61313747132262E-06
ENSG00000227607	SUMO2P2	chr9	23453172	23453180	-0.119852620817334	1.61725887588132E-06
ENSG00000232117	LINC00384	chr13	30717350	30717380	-0.18368379393222	1.61789690924519E-06
ENSG00000272320	RP11-506K6.4	chr6	3438702	3438737	-0.234170328965282	1.61898651166409E-06
ENSG00000231203	KRT8P10	chr2	183936184	183936206	-0.131649302225218	1.61961187004896E-06
ENSG00000262098	CTD-2561B21.10	chr17	78997350	78997442	-0.133658575029699	1.62110768805498E-06
ENSG00000109205	ODAM	chr4	71063454	71063474	-0.222576812094255	1.62309966343336E-06
ENSG00000268707	RP11-247A12.7	chr9	131934207	131934219	-0.137512066385199	1.62874509175668E-06
ENSG00000117215	PLA2G2D	chr1	20396853	20396874	-0.145006585690006	1.63358460023177E-06
ENSG00000261713	SSTR5-AS1	chr16	1113831	1113999	-0.220677928139127	1.63430379619838E-06
ENSG00000261410	RP11-543N12.1	chr16	83374982	83375008	-0.147242307279709	1.64007692518719E-06
ENSG00000179294	C17orf96	chr17	36813798	36813825	-0.107672549444571	1.64090431572621E-06
ENSG00000258742	RP11-862G15.1	chr14	93347407	93347485	-0.121149290408383	1.65160397350973E-06
ENSG00000225867	RP5-1177I5.3	chr22	37921592	37921632	-0.187972309184525	1.65377645598206E-06
ENSG00000175873	AC004840.9	chr7	2480457	2480535	-0.205866921124135	1.67670130854193E-06
ENSG00000272459	RP11-1277A3.3	chr5	176988465	176988502	-0.102655941527017	1.69016922861766E-06
ENSG00000213390	ARHGAP19	chr10	98946737	98946778	-0.114272004424773	1.69358594755337E-06
ENSG00000253981	ALG1L13P	chr8	8102121	8102245	-0.105407977859369	1.70746644372994E-06
ENSG00000238629	snoU13	chr13	111062247	111062296	-0.158393113898492	1.70814721526559E-06
ENSG00000256138	RP11-127B1.1	chr12	18735377	18735411	-0.10845036243708	1.71420671417146E-06
ENSG00000253855	AC133633.1	chr8	2383514	2383532	-0.186560310059338	1.73082875440973E-06
ENSG00000254153	CTA-398F10.2	chr8	8318808	8318835	-0.19318681638609	1.73315099693357E-06
ENSG00000268040	PRED62	chr21	47334367	47334476	-0.113336452709037	0.0000017364429551255
ENSG00000134775	FHOD3	chr18	33880269	33880303	-0.128705514387057	1.74038282570192E-06
ENSG00000260182	RP11-616M22.5	chr16	1308005	1308293	-0.111482396833777	1.74219053004745E-06
ENSG00000176136	MC5R	chr18	13828527	13828548	-0.181807783506487	1.74840999201158E-06
ENSG00000131584	ACAP3	chr1	1227188	1227243	-0.10345662628484	1.75148934430824E-06
ENSG00000259833	RP11-23E19.1	chr16	171098802	171098816	-0.145079550861452	1.76302003068055E-06
ENSG00000122299	ZC3H7A	chr16	11852095	11852176	-0.173486142918985	1.77033343052077E-06
ENSG00000233082	AC073094.4	chr7	1303430	1303467	-0.182637531546655	1.77841756022075E-06
ENSG00000181085	MAPK15	chr8	144794871	144794994	-0.157204246410048	1.779711711451909E-06
ENSG00000267422	CTD-2554C21.1	chr19	38284080	38284126	-0.104018798492769	1.78499593742627E-06
ENSG00000232158	RP11-252O2.2	chr9	19657141	19657248	-0.194109602111774	0.0000017852424365898
ENSG00000251226	RP11-469N6.1	chr11	134603744	134603797	-0.158846912261587	1.79990459053716E-06
ENSG00000019144	PHLDB1	chr11	118476995	118477034	-0.139958258874631	1.80466514468097E-06
ENSG00000135241	PNPLA8	chr7	108101273	108101290	-0.225723080319232	1.80751948545291E-06
ENSG00000226022	AC026167.1	chr3	6109045	6109071	-0.171287909760747	1.81150290344345E-06
ENSG00000202300	RNU6-487P	chr1	203298170	203298200	-0.195232270222828	1.81504444549618E-06

ENSG00000141905	NFIC	chr19	3344251	3344280	-0.181681595805492	0.0000018215632612207
ENSG00000124126	PREX1	chr20	47252935	47253105	-0.105794209337006	1.82990155054374E-06
ENSG00000168124	OR1F1	chr16	3254252	3254266	-0.218386310725428	1.83121085001011E-06
ENSG00000255285	RP11-358N4.5	chr11	89522818	89522851	-0.163964923575239	1.84332822760529E-06
ENSG00000176798	OR51L1	chr11	5019922	5019961	-0.172920270559127	1.84334441063228E-06
ENSG00000132470	ITGB4	chr17	73719885	73719932	-0.121826658075131	1.86148000724123E-06
ENSG00000068383	INPP5A	chr10	134440947	134440999	-0.107273231719635	1.87154950572531E-06
ENSG00000184345	IQCF2	chr3	51897130	51897173	-0.139248678294949	1.88151044532424E-06
ENSG00000265953	AC092463.1	chr4	6955534	6955771	-0.176609486644544	0.000001891852208856
ENSG00000229626	PIGCP2	chr7	107483786	107483853	-0.190437262245157	1.90138155784869E-06
ENSG00000251218	RP11-1057B8.2	chr8	135870980	135871025	-0.174809610147187	1.90287510668759E-06
ENSG00000232684	ATP11A-AS1	chr13	113411901	113411916	-0.112190368914967	1.91425450002119E-06
ENSG00000230058	RP11-172E9.2	chr13	40920256	40920279	-0.180527529076057	1.91578879312439E-06
ENSG00000108511	HOXB6	chr17	46677850	46677936	-0.204051403639283	1.92391822058523E-06
ENSG00000134440	NARS	chr18	55257276	55257281	-0.103957645628524	1.92566183877151E-06
ENSG00000260832	CTD-325312.1	chr16	83029415	83029471	-0.14490261275466	1.92695716305137E-06
ENSG00000126856	PRDM7	chr16	90124316	90124328	-0.13736629729006	1.94279131569163E-06
ENSG00000150269	OR5M9	chr11	56230556	56230565	-0.219453150638063	1.95600398795319E-06
ENSG00000266024	AF250324.1	chr4	190735107	190735150	-0.143674565530963	1.95717315661659E-06
ENSG00000238010	RP11-123K19.2	chr9	129431572	129431612	-0.139283572482958	1.97057700719184E-06
ENSG00000270598	RP11-396C23.3	chr1	226314883	226315028	-0.184445375721846	0.0000019722101000689
ENSG00000237330	RNF223	chr1	1003617	1003664	-0.183600626796728	1.97568785606622E-06
ENSG00000073350	LLGL2	chr17	73546126	73546149	-0.208701903649249	1.98488616414105E-06
ENSG00000085982	USP40	chr2	234370032	234370098	-0.167733296983727	1.99289147950849E-06
ENSG00000261151	RP11-332G1.1	chr16	58132435	58132472	-0.178591956915306	1.99356386341263E-06
ENSG00000232715	LINC01022	chr7	158383192	158383225	-0.135091839443676	2.00200206632993E-06
ENSG00000229055	AC034110.1	chr18	74401971	74401991	-0.143709994474506	2.01155161878337E-06
ENSG00000249844	OR7E43P	chr4	4173384	4173406	-0.100482319798425	2.01400968142208E-06
ENSG00000230246	SPATA31C1	chr9	90525077	90525106	-0.159132495919881	2.02504945418582E-06
ENSG00000229297	RP11-540H22.2	chr9	109254561	109254662	-0.164851934355631	2.02601060710117E-06
ENSG00000198736	MSRB1	chr16	1983646	1983738	-0.138547019207692	2.03264970254075E-06
ENSG00000180176	TH	chr11	2185376	2185481	-0.218790931615783	2.03744260747903E-06
ENSG00000261194	RP11-704C2.1	chr18	73465146	73465171	-0.244790606521976	2.03776620466838E-06
ENSG00000257058	RP11-864I4.4	chr11	62311676	62311696	-0.224294939590317	2.05561540887589E-06
ENSG00000213873	RP11-678D18.1	chr8	66196608	66196644	-0.145383491076594	2.06295269767173E-06
ENSG00000124225	PMEPA1	chr20	56292875	56292914	-0.210544116121453	2.06386348355782E-06
ENSG00000172349	IL16	chr15	81489275	81489323	-0.126115201232573	2.06577384859361E-06
ENSG00000157557	ETS2	chr21	40145386	40145425	-0.130679074735426	2.07389685672265E-06
ENSG00000088053	GP6	chr19	55526270	55526419	-0.249786539069815	2.07586215431583E-06
ENSG00000260563	RP13-516M14.1	chr17	80260260	80260329	-0.140031390016272	2.08050235459089E-06
ENSG00000266711	RP11-398J5.1	chr17	77141126	77141169	-0.103467450056659	2.08346210662978E-06
ENSG00000267040	RP11-35G9.3	chr18	55292670	55292698	-0.121151061566426	2.09140405037735E-06
ENSG00000240199	RN7SL520P	chr16	75735341	75735351	-0.226390068624318	2.09429721706116E-06
ENSG00000251228	RP11-192C21.3	chr4	135868269	135868315	-0.154343670193215	2.10256516250328E-06
ENSG00000267764	RP11-484L8.1	chr18	46288070	46288184	-0.176564520442465	0.0000021079038349985
ENSG00000200270	Y_RNA	chr3	191376753	191376799	-0.118967603300385	2.10826015833424E-06
ENSG00000255929	RP11-867G2.8	chr11	94278394	94278912	-0.138517710019283	2.11259553407168E-06
ENSG00000151475	SLC25A31	chr4	128650347	128650393	-0.117506161289459	2.13557707885278E-06
ENSG00000229081	LINC01165	chr10	134332538	134332577	-0.126069627589008	2.13891065152153E-06
ENSG00000271609	CTB-31N19.4	chr16	21568041	21568204	-0.139172428295885	2.13936967893756E-06
ENSG00000166922	SCG5	chr15	32933871	32933915	-0.103640820741938	2.14598540757632E-06
ENSG00000207568	MIR203	chr14	104580452	104580475	-0.144795265212896	2.15423678520851E-06
ENSG00000212935	KRTAP10-3	chr21	45977965	45978016	-0.208085019677887	2.16494026839838E-06
LRG_301	LRG_301	chr16	68772449	68772469	-0.107620735459302	2.18282712335293E-06
ENSG00000226765	RP11-694D5.1	chr3	168416810	168416857	-0.106615845136424	2.18301384584776E-06
ENSG00000253982	CTD-2336O2.1	chr8	1708447	1708620	-0.132344751680957	2.18889028602361E-06
ENSG00000249201	CTD-3080P12.3	chr5	1178314	1178362	-0.127680416084807	2.20119112114988E-06
ENSG00000263547	RP11-1O2.1	chr18	73842919	73842950	-0.28334372141626	2.20907559930429E-06
ENSG00000130544	ZNF557	chr19	7067309	7067341	-0.228511212166174	2.21426045098531E-06
ENSG00000153250	RBMS1	chr2	161128406	161128446	-0.267308801523005	2.21530301785525E-06
ENSG00000265514	RP11-92G19.2	chr18	5048000	5048106	-0.188078676019806	2.22258109046428E-06
ENSG00000249998	RP11-141E13.1	chr4	16943294	16943336	-0.100533564152371	2.23086864734579E-06
ENSG00000254486	RP13-631K18.2	chr11	12065593	12065699	-0.105395425551875	0.0000022321658920029
ENSG00000186340	THBS2	chr6	169617012	169617039	-0.109477699096917	2.24650969211883E-06
ENSG00000078487	ZCWPW1	chr7	99998414	99998444	-0.139026621015304	2.25650038139838E-06
ENSG00000250908	RP11-703C10.1	chr4	94054294	94054310	-0.2148445055578651	2.25995235204186E-06
ENSG00000263017	RP11-356I18.1	chr17	872739	872810	-0.105382143197236	2.27056856105724E-06
ENSG00000272088	RP11-168F9.2	chr1	3399374	3399407	-0.120201804630372	2.27112111566748E-06
ENSG00000214891	TRIM64C	chr11	49081456	49081483	-0.204989041862224	2.28157638754676E-06

ENSG00000202270	SNORD114-12	chr14	101435309	101435336	-0.167636265840667	2.28398266158575E-06
ENSG00000251178	OR7E21P	chr3	129753466	129753503	-0.145449719388873	2.28402421133364E-06
ENSG00000214290	COLCA2	chr11	111178967	111179020	-0.14325599855287	2.29468845842243E-06
ENSG00000001617	SEMA3F	chr3	50196072	50196122	-0.106745849418109	2.29810591565081E-06
ENSG00000224184	AC096559.1	chr2	11989704	11989728	-0.123910265067264	2.31116711426489E-06
ENSG00000254654	AC068858.1	chr11	45001613	45001657	-0.1070478756456	2.314330071949562E-06
ENSG00000233259	FABP3P2	chr13	42908163	42908229	-0.187727349083351	2.31479637344467E-06
ENSG00000264671	AP006477.1	chr11	953012	953064	-0.182839756462497	2.31585125950299E-06
ENSG00000140044	JDP2	chr14	75936652	75936813	-0.160500581220696	2.31791570780057E-06
ENSG00000261044	AP006547.3	chr8	143700092	143700326	-0.169273711663395	2.31807422964225E-06
ENSG00000041982	TNC	chr9	117820838	117820869	-0.127639988165498	2.33479960365198E-06
ENSG00000268192	AP002956.1	chr11	119030947	119031071	-0.112869855557614	2.33586342766162E-06
ENSG00000258497	CTD-2561F5.1	chr14	101755513	101755556	-0.171839991437344	2.33611665037916E-06
ENSG00000166091	CMTM5	chr14	23845813	23845819	-0.133252112712107	2.34331381075284E-06
ENSG00000178084	HTR3C	chr3	183778276	183778320	-0.122921407055058	2.34788307369415E-06
ENSG00000215221	UBA52P6	chr9	22012179	22012204	-0.120198526811569	2.34797565853629E-06
ENSG00000233863	AC012215.1	chr8	35581526	35581595	-0.248878790582732	0.0000023480511855414
ENSG00000054967	RELT	chr11	73078850	73078854	-0.11710392960855	2.35698180575896E-06
ENSG00000137207	YIPF3	chr6	43478692	43478731	-0.173806877868786	2.36630138805891E-06
ENSG00000107130	NCS1	chr9	132943887	132944150	-0.141423234746281	2.36807257368951E-06
ENSG00000263456	MIR5189	chr16	88554326	88554607	-0.165073156247078	2.37159610147886E-06
ENSG00000249639	CTB-138E5.1	chr5	134813253	134813288	-0.154814551905155	0.0000023729000686214
ENSG00000172403	SYNPO2	chr4	119862992	119863047	-0.319176552452414	0.0000023737827223524
ENSG00000104213	PDGFRL	chr8	17426647	17426673	-0.211414650791779	2.37646895732031E-06
ENSG00000100450	GZMH	chr14	25075931	25075943	-0.157994457011178	2.38127703390484E-06
ENSG00000123201	GUCY1B2	chr13	51575013	51575027	-0.148930585116119	2.38139431501144E-06
ENSG00000139648	KRT71	chr12	52946825	52946854	-0.123753333955181	2.38265311092091E-06
ENSG00000148335	NTMT1	chr9	132371167	132371257	-0.188179033376884	2.38762930134679E-06
ENSG00000131042	LILRB2	chr19	54781125	54781160	-0.230316034417273	2.38892471310981E-06
ENSG00000263279	RP11-109M19.1	chr16	10782490	10782533	-0.126695816172169	2.39248362060557E-06
ENSG00000233048	RP5-1069C8.2	chr20	12681632	12681655	-0.15084329566344	2.40658384817267E-06
ENSG00000258569	RP11-99E15.2	chr14	77173190	77173565	-0.142860610530305	2.41639312202399E-06
ENSG00000250725	RP11-511B7.1	chr4	166533678	166533691	-0.224094617702581	2.42402516746129E-06
ENSG00000253621	RP11-255L13.1	chr8	90132979	90133018	-0.156164430239961	2.42626602426286E-06
ENSG00000196220	SRGAP3	chr3	9023607	9023639	-0.145008844537804	2.42686734716905E-06
ENSG00000232926	AC000078.5	chr22	19879170	19879214	-0.182866931606015	2.43434504746274E-06
ENSG00000259945	CTD-2012K14.3	chr16	67575623	67575651	-0.116469793153561	2.43443608709577E-06
ENSG00000179219	LINC00311	chr16	85316663	85316670	-0.116976389419201	2.45535210408148E-06
ENSG00000199315	RNA5SP347	chr11	97538120	97538147	-0.106640297712785	2.45611058411873E-06
ENSG00000184956	MUC6	chr11	1030693	1030776	-0.105846046702084	0.0000024780797984937
ENSG00000265724	MIR4284	chr7	73130521	73130554	-0.201407168492966	2.48862634185893E-06
ENSG00000205022	PABPN1L	chr16	88934482	88934512	-0.183613879043839	2.49805633996782E-06
ENSG00000258503	RP11-368P15.1	chr14	53478283	53478308	-0.214779720209974	2.50024765665344E-06
ENSG00000200949	SNORD115-32	chr15	25473539	25473576	-0.114500178281317	2.50089476877691E-06
ENSG00000178752	FAM132B	chr2	239058136	239058180	-0.134813229552866	2.50639500899889E-06
ENSG00000201775	RNU6-1325P	chr4	60907999	60908031	-0.120752689620621	2.51189281682646E-06
ENSG00000234123	RHBDF1P1	chr3	14605787	14605844	-0.141626653473266	2.51462478199466E-06
ENSG00000271681	RP11-1259L22.2	chr5	177764247	177764306	-0.144374036350089	2.52624349947621E-06
ENSG00000182909	LENG9	chr19	54972069	54972163	-0.155824489738865	2.55528596498158E-06
ENSG00000156127	BATF	chr14	75987730	75987772	-0.135736414522382	2.55613242126699E-06
ENSG00000254612	RP11-676M6.1	chr11	127767488	127767496	-0.124774833347045	0.0000025598484116014
ENSG00000185940	KRTAP5-5	chr11	1647240	1647263	-0.119875446058631	2.56061054861752E-06
ENSG00000231901	RP11-281A20.1	chr9	120660013	120660024	-0.204907549727367	2.570374005523051E-06
ENSG00000258082	RP11-443B7.3	chr1	235116731	235116756	-0.128996939373096	2.57777078876431E-06
ENSG00000131981	LGALS3	chr14	55583618	55583639	-0.143901422542209	2.57875291044585E-06
ENSG00000235010	RP11-140A10.3	chr10	133978347	133978373	-0.102358879949092	2.59076229387841E-06
ENSG00000100060	MFNG	chr22	37821996	37822010	-0.151565281461185	2.602099297979505E-06
ENSG00000222439	RNU6-994P	chr20	61951483	61951546	-0.150702120298349	2.60268498484065E-06
ENSG00000235623	OR7E110P	chr10	15032959	15032976	-0.102053632403908	2.60330735565304E-06
ENSG00000140937	CDH11	chr16	65039041	65039052	-0.203710826504176	2.61228419174707E-06
ENSG00000201196	Y_RNA	chr10	54643863	54643889	-0.112648625317713	0.0000026223536751177
ENSG00000260417	CTD-2542L18.1	chr16	85626294	85626328	-0.186154322828585	2.62239701495384E-06
ENSG00000183695	MRGPRX2	chr11	19082430	19082456	-0.225523718824129	2.62511060787913E-06
ENSG00000232803	RP11-93B14.5	chr20	61298039	61298084	-0.148692980136154	2.63181456861016E-06
ENSG00000240457	RN7SL472P	chr14	102530114	102530151	-0.173938221202692	2.64762800579572E-06
ENSG00000224376	AC017104.6	chr2	232253149	232253187	-0.312954591517755	2.65159725612136E-06
ENSG00000207971	MIR125B1	chr11	121973711	121973805	-0.149364864717548	2.65513607631044E-06
ENSG00000249464	LINC01091	chr4	124571409	124571421	-0.151294419142816	2.65886521372209E-06
ENSG00000183067	IGSF5	chr21	41118187	41118260	-0.114581239691771	2.66805479025124E-06

ENSG00000267709	AC024592.9	chr19	5846556	5846602	-0.200067282879294	2.66998270836897E-06
ENSG00000229859	PGA3	chr11	60970533	60970554	-0.121090049149442	2.67406866368052E-06
ENSG00000224015	AC063976.3	chr5	131516971	131516996	-0.142468824088167	2.69334551223771E-06
ENSG00000224546	EIF4BP3	chr9	98931701	98931829	-0.150733486179736	2.69561119525761E-06
ENSG00000249425	RP11-502M1.2	chr4	161588963	161589005	-0.124597833371013	2.70147085667554E-06
ENSG00000260550	RP11-457I16.2	chr16	18581903	18581938	-0.147856810859665	0.0000027061934802668
ENSG00000264530	RN7SL25P	chr9	6552027	6552115	-0.234140594746565	2.70798632604975E-06
ENSG00000232985	RP11-442O18.1	chr10	130789461	130789492	-0.110306500052219	2.72230617237786E-06
ENSG00000160145	KALRN	chr3	123813385	123813468	-0.138283566373331	2.74489569882629E-06
ENSG00000110274	CEP164	chr11	117171171	117171200	-0.239351255596997	2.74548102863846E-06
ENSG00000037280	FLT4	chr5	180022971	180022990	-0.141863975444749	2.75484889436691E-06
ENSG00000253754	RP11-35G22.1	chr8	109304602	109304654	-0.246295702519614	2.76413787435759E-06
ENSG00000227809	RP11-171A24.2	chr9	76809747	76809750	-0.105830325391485	0.0000027695676896226
ENSG00000266082	AL138925.1	chr10	71672068	71672116	-0.119262937098653	2.80069785947902E-06
ENSG00000270171	RP11-338N10.1	chr1	7731219	7731257	-0.183786054423453	2.81198325667046E-06
ENSG00000189143	CLDN4	chr7	73223812	73223876	-0.165029369827695	2.81701315165995E-06
ENSG00000206806	Y_RNA	chr11	40316456	40316514	-0.120098832377228	2.81936615944825E-06
ENSG00000171700	RGS19	chr20	62705873	62705922	-0.106237285294497	2.83295184902964E-06
ENSG00000140092	FBLN5	chr14	92336107	92336151	-0.225365778738324	2.84211985365552E-06
ENSG00000170382	LRRN2	chr1	204588978	204588995	-0.156092472259101	2.84283072985267E-06
ENSG00000260013	APOOP5	chr16	59790072	59790082	-0.152756291363921	2.84792504012881E-06
ENSG00000186222	BLOC1S4	chr4	6734574	6734613	-0.152820638532435	2.86459108152894E-06
ENSG00000254499	AC002056.5	chr22	51182535	51182622	-0.158612642864389	2.86949489788263E-06
ENSG00000247624	CPEB2-AS1	chr4	14858290	14858330	-0.185639550781583	2.87384232849306E-06
ENSG00000260913	RP11-243E13.1	chr18	10414367	10414582	-0.170091684764294	2.87514146032669E-06
ENSG00000225203	TBC1D4-AS1	chr13	75991345	75991389	-0.15693590581915	2.87629449748136E-06
ENSG00000251339	RP11-506N2.1	chr4	59591112	59591180	-0.177939292196383	2.87643108825489E-06
ENSG00000263970	RP11-789C17.5	chr18	8406679	8406682	-0.172385902260968	2.87798123305617E-06
ENSG00000260262	RP11-440L14.3	chr4	829678	829837	-0.102158729280818	2.88532482305172E-06
ENSG00000228521	AC099552.3	chr7	154996989	154997031	-0.216181654419361	2.88949897574982E-06
ENSG00000214353	VAC14-AS1	chr16	70804767	70804779	-0.222063635660043	2.90604622839167E-06
ENSG00000221844	RP11-404E6.1	chr9	76090108	76090162	-0.108503756201751	2.90669977998852E-06
ENSG00000216921	AC131097.4	chr2	242836483	242836511	-0.122943347766618	2.91642323979037E-06
ENSG00000221232	AC012047.1	chr10	77794566	77794600	-0.221372926230225	2.91804631077248E-06
ENSG00000173163	COMMD1	chr2	62116625	62116683	-0.253307308693349	0.0000029186757318101
ENSG00000251055	RP11-257A22.1	chr4	64058514	64058530	-0.131649572396688	2.93485706014871E-06
ENSG00000253140	RP11-567J20.3	chr8	49438509	49438558	-0.221593174629179	2.93925161387213E-06
ENSG00000211679	IGLC3	chr22	23248614	23248662	-0.242668601636262	2.93928068878572E-06
ENSG00000260769	RP11-491F9.5	chr16	49378579	49378586	-0.118755736165166	2.94757941359883E-06
ENSG00000250417	CTD-2194D22.2	chr5	1859740	1859786	-0.146059913751227	2.96949525523459E-06
ENSG00000205903	ZNF316	chr7	6682674	6682720	-0.135361892383241	2.97117023660976E-06
ENSG00000241912	RP11-292E2.2	chr3	153087852	153087901	-0.103935983993259	2.97786945286449E-06
ENSG00000265780	RP11-449L23.3	chr17	71533197	71533267	-0.117924902327469	2.98193301280288E-06
ENSG00000240654	C1QTNF9	chr13	24885132	24885190	-0.162634136544401	2.99892608783272E-06
ENSG00000235830	SRGAP3-AS4	chr3	9289787	9289831	-0.147423898828847	3.00623720845495E-06
ENSG00000138653	NDST4	chr4	115843897	115843933	-0.159946442634751	3.01237967922534E-06
ENSG00000166736	HTR3A	chr11	113846017	113846127	-0.117252597208543	3.01352184227575E-06
ENSG00000271702	RP11-63N3.2	chr18	75380960	75380980	-0.106649042296021	3.02271636776438E-06
ENSG00000186458	DEFB132	chr20	238136	238169	-0.200670623533675	3.02568510240328E-06
ENSG00000272249	KB-1958F4.2	chr8	98099517	98099603	-0.192423953280445	3.02574383374672E-06
ENSG00000256553	TRAV1-2	chr14	22110213	22110229	-0.15997336204996	3.03092077531574E-06
ENSG00000186049	KRT73	chr12	53007492	53007516	-0.193229288579125	3.03694356933655E-06
ENSG00000173156	RHOD	chr11	66822904	66822922	-0.130885062620002	0.000003036999515442
ENSG00000231480	SNRPGP13	chr21	39878966	39879058	-0.118300626249587	3.04773649370653E-06
ENSG00000254872	RP13-870H17.3	chr11	1054512	1054606	-0.11562918817998	3.05220420577418E-06
ENSG00000247708	STX18-AS1	chr4	4675189	4675204	-0.19012269754799	3.05273360191319E-06
ENSG00000173137	ADCK5	chr8	145595964	145596000	-0.144116031113027	3.05294102586036E-06
ENSG00000226419	SLC16A1-AS1	chr1	113499526	113499538	-0.145385237478935	3.05572221777421E-06
ENSG00000218198	RPS20P32	chr13	27597605	27597650	-0.188962480720117	3.05753037574039E-06
ENSG00000237886	RP11-611D20.2	chr9	139449855	139449889	-0.116623965402169	3.07135058259699E-06
ENSG00000268108	CTB-60B18.12	chr19	49564870	49564932	-0.188348815437648	3.08259440065297E-06
ENSG00000054690	PLEKHH1	chr14	68008575	68008669	-0.112683267573486	3.08270905587325E-06
LRG_176	LRG_176	chr8	61621194	61621297	-0.199236058536486	3.08290561571439E-06
ENSG00000075240	GRAMD4	chr22	46971602	46971678	-0.212687542490512	3.09092497702313E-06
ENSG00000235049	LINC00940	chr12	2045722	2045753	-0.166661462541883	3.09446294480443E-06
ENSG00000231050	RP1-140A9.1	chr1	1833032	1833065	-0.150956022921826	3.09977505158422E-06
ENSG00000167798	C3P1	chr19	10142069	10142145	-0.117375048540353	3.10313396033564E-06
ENSG00000167291	TBC1D16	chr17	77901195	77901317	-0.163060116851255	3.10939930286996E-06
ENSG00000166250	CLMP	chr11	122954411	122954441	-0.141854420749625	3.11453089452897E-06

ENSG00000258532	RP11-353P15.1	chr14	84479230	84479276	-0.209454606517858	3.11609018638988E-06
ENSG00000106077	ABHD11	chr7	73157270	73157317	-0.124621341788873	3.11695062845454E-06
ENSG00000171403	KRT9	chr17	39728172	39728221	-0.115028117440112	3.12509962959428E-06
ENSG00000260895	RP11-554A11.7	chr11	68883276	68883611	-0.138772675519383	3.12618523020482E-06
ENSG00000259856	RAB43P1	chr16	46659345	46659453	-0.114195602119162	3.13126844818222E-06
ENSG00000222009	BTBD19	chr1	45274170	45274221	-0.137901083174341	3.16489655151982E-06
ENSG00000256225	AL590710.1	chr9	136660092	136660145	-0.218333806046539	3.17075453469615E-06
ENSG00000075461	CACNG4	chr17	64974033	64974082	-0.144041310920752	3.18388413735837E-06
ENSG00000201059	RNA5SP336	chr11	20999769	20999850	-0.137344522119035	3.19456477539347E-06
ENSG00000237523	LINC00857	chr10	81967437	81967536	-0.19767220149101	3.20749127191642E-06
ENSG00000100385	IL2RB	chr22	37499400	37499445	-0.175297317114561	3.23253100824158E-06
ENSG00000266608	AL445531.1	chr9	100462576	100462615	-0.128119782077184	3.23705531044527E-06
ENSG00000251762	snoU13	chr6	7042851	7042889	-0.170231231048079	3.23821408851567E-06
ENSG00000115520	COQ10B	chr2	198315462	198315560	-0.292437433309254	3.23908446147178E-06
ENSG00000227244	LINC00845	chr10	62800574	62800617	-0.107981698320308	3.24503976667965E-06
ENSG00000234791	AC108448.3	chr11	3210832	3210871	-0.158127835550078	3.24963264476622E-06
ENSG00000264024	AL901608.1	chr14	106178636	106178679	-0.158710188672488	3.26244939351614E-06
ENSG00000249649	MRPS3P2	chr4	38108835	38108866	-0.205983314555893	3.26280851634144E-06
ENSG00000222394	Y_RNA	chr2	138473243	138473288	-0.120304903235475	3.28711831491719E-06
ENSG00000100949	RABGGTA	chr14	24728926	24729008	-0.104292717852699	3.29192890616011E-06
ENSG00000271709	RP11-297J22.1	chr2	121670214	121670329	-0.142717741016137	3.29651784790852E-06
ENSG00000213087	RP11-613F7.1	chr6	151547130	151547145	-0.102606735330357	0.0000032997644059111
ENSG00000167703	SLC43A2	chr17	1472928	1472972	-0.121933915617953	3.30206456542936E-06
ENSG00000248590	GLDCP1	chr4	57462021	57462055	-0.115617514076338	3.33591997921293E-06
ENSG00000173432	SAA1	chr11	18287521	18287542	-0.113904341551803	3.34910293086029E-06
ENSG00000197561	ELANE	chr19	847877	848001	-0.100064418375865	3.35124363964131E-06
ENSG00000063177	RPL18	chr19	49118018	49118056	-0.165209527884504	3.35174876845798E-06
ENSG00000139914	FITM1	chr14	24601909	24601912	-0.2000994706811	3.35933598692108E-06
ENSG00000230474	ATP6V1G1P7	chr13	104591964	104592008	-0.110315088819447	3.36245420484803E-06
ENSG00000243916	RP11-6K23.1	chr12	15592603	15592648	-0.101524155017402	3.37175388289747E-06
ENSG00000135077	HAVCR2	chr5	156485530	156485570	-0.172126898772698	3.39283501223494E-06
ENSG00000252887	RNU6-430P	chr16	89509620	89509695	-0.13611194896614	3.40103402440005E-06
ENSG00000267986	AC130469.2	chr19	8654353	8654486	-0.102434338157771	3.40278483273289E-06
ENSG00000233858	AC026904.1	chr8	49502967	49502986	-0.180712791579646	3.40485366121331E-06
ENSG00000255847	RP11-167N4.2	chr11	73675979	73676012	-0.218180443916459	3.41234963569146E-06
ENSG00000254581	RP11-303G3.10	chr8	12521362	12521365	-0.106662499206677	3.41332009292792E-06
ENSG00000196778	OR52K1	chr11	4518355	4518366	-0.24991750820467	3.42095834969549E-06
ENSG00000266163	AC007216.1	chr16	12011971	12012059	-0.132178345469276	3.43833554338885E-06
ENSG00000235173	FAM203A	chr8	145184932	145185050	-0.106305528314026	3.44454053066098E-06
ENSG00000111077	TENC1	chr12	53443877	53443911	-0.130998488819987	3.46233031224308E-06
ENSG00000182459	TEX19	chr17	80316832	80316857	-0.191466765633531	3.48129355110804E-06
ENSG00000174628	IQCK	chr16	19727907	19727911	-0.172068558666627	3.48640807567473E-06
ENSG00000259043	BRD7P1	chr14	24218573	24218604	-0.169225923134334	3.49199258206501E-06
ENSG00000186522	SEPT10	chr2	110271938	110271978	-0.134296305816114	3.51535083667817E-06
ENSG00000173020	ADRBK1	chr11	67038420	67038460	-0.122381616714786	3.51683042632023E-06
ENSG00000153815	CMIP	chr16	81481448	81481459	-0.146590001288855	3.53504415859803E-06
ENSG00000255110	RP11-72M10.8	chr11	55047203	55047207	-0.115999229228567	3.54478459191073E-06
ENSG00000176198	OR11H4	chr14	20710881	20710905	-0.232657744689564	3.54516916007758E-06
ENSG00000252138	SNORA40	chr16	7806956	7807001	-0.142628739715594	0.000003561584763495
ENSG00000198844	ARHGEF15	chr17	8213796	8213813	-0.134870189291149	3.56239662208889E-06
ENSG00000266476	AC084262.3	chr8	29177514	29177610	-0.111534991985842	3.56933068411856E-06
ENSG00000197746	PSAP	chr10	73565722	73565826	-0.119133759923598	3.58225971048114E-06
ENSG00000017373	SRCIN1	chr17	36694950	36694970	-0.135058715703209	3.60407974229616E-06
ENSG00000232690	HSPE1P9	chr2	235372734	235372807	-0.154323433171915	3.60955449217781E-06
ENSG00000261447	RP11-109D9.4	chr9	72260662	72260724	-0.14594282237763	3.62338167220213E-06
ENSG00000115194	SLC30A3	chr2	27478271	27478320	-0.204122450861507	3.62573887621474E-06
ENSG00000222733	RNY4P29	chr13	59079967	59080054	-0.130221574697466	3.62692360939485E-06
ENSG00000219027	RPS3AP2	chr16	1527845	1527858	-0.158038572412281	3.63353556504246E-06
ENSG00000253259	RP11-737F9.2	chr8	131913918	131913964	-0.1283422609118	3.63394887356636E-06
ENSG00000224935	RP11-74C3.1	chr9	11929335	11929370	-0.135192697657194	3.63820119243618E-06
ENSG00000154553	PDLIM3	chr4	186453700	186453745	-0.244128402105501	3.65585649939668E-06
ENSG00000115042	FAHD2A	chr2	96055022	96055137	-0.121072341241699	3.65789101597648E-06
ENSG00000256814	RP11-158L12.5	chr12	125626633	125626720	-0.14568593050166	3.67341609496425E-06
ENSG00000226662	CHMP1AP1	chr1	28013298	28013382	-0.173284536376105	3.68588144978725E-06
ENSG00000138670	RASGEF1B	chr4	82342385	82342389	-0.351080756847781	3.68777685372959E-06
ENSG00000253309	SERPINE3	chr13	51913708	51913736	-0.124490701999324	3.69150476587799E-06
ENSG00000188389	PDCD1	chr2	242793339	242793385	-0.100985612051905	3.69232748418805E-06
ENSG00000265416	AC017028.7	chr2	240020028	240020073	-0.222596223976416	3.69725837968614E-06
ENSG00000254632	RP11-21L23.4	chr11	76464085	76464132	-0.108269426412132	3.70902035455039E-06

ENSG00000238298	snoU13	chr9	133322940	133322942	-0.175909465258714	3.72143099967213E-06
ENSG00000257503	CYB5AP5	chr14	26676835	26676866	-0.235681948767326	3.72542147205292E-06
ENSG00000215210	RBMXP2	chr9	30690056	30690123	-0.137839275216455	3.72992127579908E-06
ENSG00000181826	RELL1	chr4	37644035	37644098	-0.196016157996573	3.74325780960191E-06
ENSG00000260362	RP11-297M9.1	chr16	9774191	9774253	-0.137210998152303	3.74486171074194E-06
ENSG00000235621	LINC00494	chr20	46997642	46997680	-0.184310559387143	3.77443683095861E-06
ENSG00000201892	Y_RNA	chr2	141722055	141722081	-0.216771197256544	3.77782337601634E-06
ENSG00000226542	AC114814.4	chr2	235959458	235959482	-0.272391568139506	3.78881694502758E-06
ENSG00000231705	RP11-432J24.2	chr10	134225260	134225280	-0.116148927432974	0.0000037901238399372
ENSG00000105694	TCEB1P28	chr19	2539549	2539626	-0.139893603253686	3.79423477207741E-06
ENSG00000235021	RP11-439E19.7	chr1	246860388	246860454	-0.121497231362511	0.0000037981929726941
ENSG00000259989	CTD-2555A7.1	chr16	89058729	89058878	-0.104170520771301	3.79833100787396E-06
ENSG00000188959	C9orf152	chr9	112970461	112970588	-0.170623113978024	3.80774685438888E-06
ENSG00000205356	TECPR1	chr7	97844466	97844541	-0.125184521221985	3.81697379371308E-06
ENSG00000249378	LINC01060	chr4	189329970	189329978	-0.147031743578999	3.81779599744079E-06
ENSG00000205089	CCNI2	chr5	132084053	132084084	-0.124397497631456	3.82117713317588E-06
ENSG00000140873	ADAMTS18	chr16	77317555	77317558	-0.182340243731122	3.82609855510228E-06
ENSG00000167515	TRAPPC2L	chr16	88908434	88908723	-0.10498423300477	3.83474352771521E-06
ENSG00000237232	ZNF295-AS1	chr21	43442035	43442085	-0.141292863588947	3.84982953197896E-06
ENSG00000187555	USP7	chr16	8978984	8979144	-0.125202264338255	3.86170805027655E-06
ENSG00000264496	AC108218.1	chr4	25360319	25360397	-0.215295306606284	3.86510174812025E-06
ENSG00000255327	RP11-555G19.1	chr11	134827644	134827661	-0.22482476602798	3.88679903524221E-06
ENSG00000221165	AL359983.1	chr1	245534812	245534889	-0.167853738201265	3.88929993744868E-06
ENSG00000255369	RP11-740D6.3	chr11	128749997	128750088	-0.158759082768997	3.90421886911584E-06
ENSG00000260156	RP11-394B2.6	chr16	70783632	70783677	-0.21247978890107	3.90808483924474E-06
ENSG00000260251	RP11-46D6.4	chr16	46607675	46607820	-0.131955096366961	3.93890063901139E-06
ENSG00000270279	RP4-806M20.5	chr20	57331374	57331437	-0.116957750031463	3.96114697652776E-06
ENSG00000197249	SERPINA1	chr14	94857074	94857111	-0.105847929044332	3.96285437733834E-06
ENSG00000170683	OR10A3	chr11	7961111	7961123	-0.178939325104762	3.96295174803056E-06
ENSG00000177106	EPS8L2	chr11	691525	691572	-0.103573770638293	3.96367803350504E-06
ENSG00000173372	C1QA	chr1	22928929	22929002	-0.135723854607192	3.97275452252855E-06
ENSG00000266505	RP11-629E24.2	chr13	30626410	30626440	-0.145677292496293	0.0000039791582712973
ENSG00000164754	RAD21	chr8	117840340	117840383	-0.17533907908727	3.98690642244068E-06
ENSG00000199862	Y_RNA	chr4	127891194	127891202	-0.266190528263218	3.98887356464855E-06
ENSG00000229926	RP11-424E7.3	chr9	141013537	141013555	-0.109650177863175	4.02388741897108E-06
ENSG00000179041	RRS1	chr8	67337729	67337759	-0.135005116696761	0.0000040256113776379
ENSG00000141505	ASGR1	chr17	7083592	7083640	-0.122210577718408	4.03174863562082E-06
ENSG00000139746	RBM26	chr13	79857365	79857377	-0.24053737821856	4.03874534046878E-06
ENSG00000249787	RP11-346J10.1	chr5	99725058	99725105	-0.112696034321397	4.04072390693831E-06
ENSG00000137509	PRCP	chr11	82529831	82529846	-0.252948385192123	4.07577077079667E-06
ENSG00000181215	C4orf50	chr4	5991345	5991363	-0.194339203893334	4.07798566634714E-06
ENSG00000255494	LINC00681	chr8	12670307	12670354	-0.15144263724328	4.07904697441349E-06
ENSG00000236364	RP11-525G13.2	chr1	165880152	165880193	-0.166836631167958	4.09469722944031E-06
ENSG00000252795	RNU6-56P	chr13	39358715	39358722	-0.17167692470437	4.09598805914854E-06
ENSG00000270112	RP11-742D12.2	chr18	44340140	44340177	-0.115546837047131	4.10537196663254E-06
ENSG00000159398	CES5A	chr16	55868326	55868370	-0.186588762133907	4.11197086403785E-06
ENSG00000272439	U6	chr14	99928817	99928849	-0.157499396186421	4.11376572064809E-06
ENSG00000131044	TTLL9	chr20	30449856	30449899	-0.115733395969121	4.11930079847959E-06
ENSG00000203499	FAM83H-AS1	chr8	144820574	144820957	-0.235063148658332	0.0000041471192657258
ENSG00000259079	RP1-261D10.1	chr14	71803964	71803980	-0.151241516235594	4.16744985107973E-06
ENSG00000235111	RP1-29C18.8	chr22	50013649	50013687	-0.20297082612624	4.16861792683424E-06
ENSG00000250397	RP11-1391J7.1	chr11	856907	857128	-0.138041086662303	4.19291129297485E-06
ENSG00000204398	RP11-65D24.2	chr13	112237575	112237608	-0.12292265565217	4.19763029752978E-06
ENSG00000272763	RP11-357H14.17	chr17	46712056	46712096	-0.130094455708699	4.20705523604862E-06
ENSG00000272784	RP11-335L23.5	chr4	184016270	184016330	-0.160235046892436	4.20968648852298E-06
ENSG00000266694	RN7SL626P	chr19	5344844	5344909	-0.170321086086481	4.23564577173862E-06
ENSG00000234409	AC006547.14	chr22	20127356	20127398	-0.129783536863177	4.26282122841363E-06
ENSG00000070388	FGF22	chr19	640802	640835	-0.176682665041717	4.26610224623084E-06
ENSG00000101346	POFUT1	chr20	30804984	30805024	-0.189385125147615	4.27170110006348E-06
ENSG00000101204	CHRNA4	chr20	61975888	61975923	-0.12689653499336	4.32055345694486E-06
ENSG00000132842	AP3B1	chr5	77280579	77280603	-0.234643801957802	4.32422796254356E-06
ENSG00000254708	RP1-145M24.1	chr11	34296474	34296519	-0.134576417235555	0.0000043382887335852
ENSG00000224394	GPC6-AS2	chr13	94499560	94499600	-0.207074713794534	4.35061930918411E-06
ENSG00000254265	CTD-2336O2.2	chr8	1654913	1654972	-0.145377762124467	4.38615893708752E-06
ENSG00000224093	RP5-1033H22.2	chr1	94057835	94057869	-0.111605986386648	4.39434213358908E-06
ENSG00000143878	RHOB	chr2	20648510	20648554	-0.160810624683155	4.40639119653469E-06
ENSG00000142634	EFHD2	chr1	15743661	15743692	-0.131894962135254	4.40924187091272E-06
ENSG00000108244	KRT23	chr17	39092801	39092846	-0.119404276592386	4.43782308287127E-06
ENSG00000129946	SHC2	chr19	413136	413158	-0.138998765016265	0.0000044385347308886

ENSG00000258701	LINC00638	chr14	105286747	105286771	-0.137336788023237	4.44221056087847E-06
ENSG00000205274	TRBV20OR9-2	chr9	33617057	33617102	-0.17805310388758	4.46847283322763E-06
ENSG00000260741	CTC-391G2.1	chr16	23200783	23200843	-0.163986838512878	4.46886111031362E-06
ENSG00000159714	ZDHHC1	chr16	67430099	67430101	-0.130350545609127	4.47243226174742E-06
ENSG00000266276	MIR4743	chr18	46141902	46141981	-0.23586362783147	4.50878562995087E-06
ENSG00000225299	RP11-344A5.1	chr10	68805431	68805478	-0.105367739618239	4.53260145875426E-06
ENSG00000176659	C20orf197	chr20	58630153	58630189	-0.133373745880119	4.53966528701384E-06
ENSG00000198787	OR4D12P	chr4	4132508	4132521	-0.142144394786764	4.54704620824606E-06
ENSG00000188660	LINC00319	chr21	44865793	44865831	-0.135770889307629	4.56156552362647E-06
ENSG00000221537	MIR548H1	chr14	64565294	64565319	-0.207671695338652	4.59529075784928E-06
ENSG00000181867	FTMT	chr5	121196093	121196120	-0.210217622635147	0.0000045986425919291
ENSG00000119421	NDUF8	chr9	124893328	124893373	-0.130195342448963	4.62460735072593E-06
ENSG00000101000	PROCR	chr20	33762943	33762966	-0.219836779490456	4.63283842596734E-06
ENSG00000225210	AL589743.1	chr14	19647301	19647309	-0.200312571310467	4.63673041099813E-06
ENSG00000171060	C8orf74	chr8	10530036	10530123	-0.1461509945904	4.63974901994283E-06
ENSG00000163964	PIGX	chr3	196387630	196387651	-0.101245903184472	4.64313281794378E-06
ENSG00000198454	C9orf141	chr9	139859540	139859710	-0.100069358899463	4.64439448876972E-06
ENSG00000254522	RP11-113K21.1	chr11	82736024	82736032	-0.187915776052273	4.64567629697549E-06
ENSG00000170748	RBMXL2	chr11	7098547	7098560	-0.119390499619758	4.65495253423563E-06
ENSG00000207466	Y_RNA	chr1	39407387	39407471	-0.119559276654714	0.0000047363956497614
ENSG00000250714	RP11-1149O23.4	chr8	23083445	23083652	-0.103399818234115	4.74523631360718E-06
ENSG00000270058	RP11-514D23.3	chr16	86254005	86254048	-0.100962816149612	4.76945323398197E-06
ENSG00000214182	PTMAP5	chr13	82558398	82558482	-0.160332123529097	4.79963396899603E-06
ENSG00000250231	USP17L16P	chr4	9240852	9240864	-0.157307238902587	4.80127132148965E-06
ENSG00000265657	MIR3151	chr8	104165090	104165131	-0.114844943241563	4.80345738355802E-06
ENSG00000269121	AC007216.2	chr16	12061715	12061720	-0.237796723632785	0.0000048146919525581
ENSG00000013374	NUB1	chr7	150999671	150999696	-0.110258559427258	4.81795590365103E-06
ENSG00000207730	MIR200B	chr1	1102446	1102479	-0.148948523879372	4.86363134776503E-06
ENSG00000253783	CTD-2534J5.1	chr8	140294487	140294505	-0.258636159303371	4.86547846009193E-06
ENSG00000264812	RP13-20L14.4	chr17	80355951	80355989	-0.141482085086478	0.0000048822662064639
ENSG00000175985	PLEKHD1	chr14	69947146	69947149	-0.279158698937261	4.88837665827506E-06
ENSG00000260398	RP11-594N15.3	chr8	79514323	79514347	-0.186591164260724	4.91007213901754E-06
ENSG00000261534	RP11-244O19.1	chr9	124499854	124499909	-0.226679460396649	4.91573427378069E-06
ENSG00000215217	C5orf49	chr5	7827479	7827521	-0.109832979349849	4.91966970315527E-06
ENSG00000137558	PI15	chr8	75737456	75737579	-0.15132144403707	4.92517024078779E-06
ENSG00000248385	TARM1	chr19	54568285	54568346	-0.235058656272462	4.97353557078982E-06
ENSG00000248391	CTD-2010I22.2	chr5	29296885	29296912	-0.100533720480448	4.97461547845238E-06
ENSG00000246898	LINC00920	chr16	66443406	66443437	-0.24134969560848	4.97749500376429E-06
ENSG00000256152	RP11-463O12.3	chr12	123357089	123357135	-0.160610997044231	5.04596849250336E-06
ENSG00000102554	KLF5	chr13	73650033	73650042	-0.232369879539134	5.04741838794677E-06
ENSG00000211997	MIR708	chr11	79023977	79024011	-0.238407213793944	0.0000050714951641077
ENSG00000148296	SURF6	chr9	136195456	136195517	-0.128125642707875	0.000005072879355562
ENSG00000260179	RP5-902P8.12	chr1	1183145	1183186	-0.125558173872593	5.07843688825416E-06
ENSG00000174370	C11orf45	chr11	128778432	128778506	-0.185167351343437	5.09729528634309E-06
ENSG00000229167	RP11-73M7.1	chr1	32014363	32014407	-0.127307407782812	5.12801315120586E-06
ENSG00000235538	RP1-230L10.1	chr6	164171389	164171439	-0.116422682531255	5.13800149730032E-06
ENSG00000230922	RP4-753M9.1	chr22	45400658	45400675	-0.124436513098152	5.15918894368134E-06
ENSG00000261070	RP11-554A11.8	chr11	68912630	68912639	-0.126212851961535	5.16198225549325E-06
ENSG00000101327	PDYN	chr20	1975339	1975406	-0.149860892873698	5.16510657777094E-06
ENSG00000250584	RP11-325I22.2	chr5	1362730	1362756	-0.152947486999007	5.17243945432219E-06
ENSG00000253164	RP11-563N12.2	chr8	20207235	20207277	-0.123155014526834	5.17827953366092E-06
ENSG00000249279	CTC-436P18.3	chr5	60541861	60541887	-0.220286640170116	5.18214044144267E-06
ENSG00000176907	C8orf4	chr8	40010635	40010678	-0.103642835064098	5.22347305024777E-06
ENSG00000197768	C9orf173	chr9	140144808	140144868	-0.12040836356338	5.22943344002626E-06
ENSG00000266099	MIR5700	chr12	94954761	94954828	-0.112076696225734	5.22960814823906E-06
ENSG00000236608	EIF4A1P6	chr13	61211820	61211841	-0.118477873332844	5.24083969237728E-06
ENSG00000248516	RP11-265O12.1	chr4	4335322	4335394	-0.188192026850795	0.0000052454179306433
ENSG00000201231	RNU4-50P	chr8	59757290	59757337	-0.160015684397396	5.25264791002449E-06
ENSG00000263277	RP11-293B20.3	chr16	33375570	33375577	-0.124727094194308	5.25366713733251E-06
ENSG00000138892	TTLL8	chr22	50464834	50464864	-0.120167138961841	5.30338659963737E-06
ENSG00000259038	CTD-2325P2.4	chr14	69095544	69095627	-0.103112494203735	5.31173693979618E-06
ENSG00000142675	CNKSRI	chr1	26503776	26503901	-0.135792627733102	0.0000053195344370679
ENSG00000228810	PABPC1P11	chr9	17591842	17591887	-0.104605307532433	5.32873379032272E-06
ENSG00000262601	CTC-786C10.1	chr16	85215638	85215791	-0.1159888074482	5.38128464881752E-06
ENSG00000186599	DEFB105B	chr8	7344417	7344424	-0.17118017953807	5.38961873456509E-06
ENSG00000131653	TRAF7	chr16	2207743	2207865	-0.204411238841118	5.42178118149898E-06
ENSG00000165917	RAPSN	chr11	47459430	47459582	-0.134926231237351	5.43473664211665E-06
ENSG00000171695	C20orf201	chr20	62722903	62723023	-0.154333800277067	5.43952256293125E-06
ENSG00000183801	OLFML1	chr11	7506940	7507016	-0.148641152998399	5.46280763385935E-06

ENSG00000261744	RP11-21B21.4	chr16	88575517	88575585	-0.126878613436616	5.47461000277305E-06
ENSG00000162337	LRP5	chr11	68082417	68082430	-0.105098749326198	5.47573996981245E-06
ENSG00000136918	WDR38	chr9	127602719	127602782	-0.12744250581416	5.49416584233264E-06
ENSG00000250126	RP13-884E18.2	chr4	138534770	138534797	-0.172026127913856	5.50388202920062E-06
ENSG00000269155	AL009178.1	chr6	168198065	168198159	-0.128202617224733	5.50831513946565E-06
ENSG00000253123	RP11-527N22.1	chr8	37186030	37186114	-0.239302221198483	5.55234922589616E-06
ENSG00000169488	OR4K15	chr14	20444161	20444164	-0.21843348723296	5.55638983995304E-06
ENSG00000124935	SCGB1D2	chr11	62011880	62011917	-0.198930351259946	5.59687579723358E-06
ENSG00000273484	OR6R2P	chr8	21669615	21669627	-0.115305890302227	5.61854935835312E-06
ENSG00000236521	NPAP1P4	chr9	83022214	83022261	-0.204152167766365	5.62048312883177E-06
ENSG00000189275	AL450307.1	chr10	133643808	133643843	-0.140326868650841	5.68165651110381E-06
ENSG00000251972	RNU6-123P	chr21	27372285	27372333	-0.135561802638181	5.68630351323331E-06
ENSG00000239881	RPS27P25	chr12	120809164	120809199	-0.15521079193951	5.69508800708571E-06
ENSG00000101197	BIRC7	chr20	61867482	61867525	-0.108490891965359	5.74276301278365E-06
ENSG00000139970	RTN1	chr14	60032511	60032533	-0.168814434463431	5.74764655248351E-06
ENSG00000179142	CYP11B2	chr8	143999146	143999226	-0.149302430407729	5.75041669505262E-06
ENSG00000252695	MIR2276	chr13	24736569	24736625	-0.150225948650919	5.75051675874872E-06
ENSG00000206975	RNU6-13P	chr8	57802742	57802750	-0.118150843966683	5.76287981004452E-06
ENSG00000269676	MUC8	chr12	133052138	133052194	-0.108740001702767	0.0000057868655454685
ENSG00000102466	FGF14	chr13	102374733	102374754	-0.141578878612789	5.85457485846365E-06
ENSG00000267128	RNF157-AS1	chr17	74135553	74135585	-0.151110672600435	5.89414281416019E-06
ENSG00000108352	RAPGEFL1	chr17	38334515	38334566	-0.119715002227269	5.93132144627256E-06
ENSG00000269360	AC112693.2	chr15	93704398	93704439	-0.169658573762227	5.95577010516179E-06
ENSG00000198879	SFMBT2	chr10	7203064	7203113	-0.113630076532597	6.00622123977187E-06
ENSG00000238260	RP11-46F15.2	chr1	3534377	3534396	-0.103950024141753	6.01083788970527E-06
ENSG00000205439	KRTAP12-3	chr21	46078007	46078067	-0.105584798254286	6.02443576478968E-06
ENSG00000232057	AC093390.1	chr2	1827735	1827790	-0.127599281132389	6.04339944330234E-06
ENSG00000226246	KRT18P36	chr9	30800558	30800707	-0.231057196318253	6.08080607733164E-06
ENSG00000077063	CTTNBP2	chr7	117313784	117313818	-0.198079938748064	0.0000061058790049363
ENSG00000127418	FGFRL1	chr4	999612	999701	-0.190275281237229	6.10590722220709E-06
ENSG00000264312	RN7SL642P	chr7	75292418	75292459	-0.206255675527472	6.11429157389232E-06
ENSG00000226277	AC105393.2	chr2	430839	430878	-0.111671180285983	0.0000061697523994464
ENSG00000273076	RP3-508I15.22	chr22	39154698	39154741	-0.215233081349845	6.18128572828603E-06
ENSG00000249307	LINC01088	chr4	79863563	79863614	-0.114485905816082	6.19109474414043E-06
ENSG00000266933	AC005775.2	chr19	491558	491652	-0.186026778107365	6.20036088716056E-06
ENSG00000254425	RP11-480O10.2	chr8	13735282	13735308	-0.157005918938138	6.20765456397089E-06
ENSG00000048342	CC2D2A	chr4	15480897	15480930	-0.149946123654703	6.21378014332379E-06
ENSG00000238998	RNU7-187P	chr11	112915767	112915888	-0.104782476327272	6.21706730835177E-06
ENSG00000165685	TMEM52B	chr12	10336811	10336861	-0.137215808327188	6.25044183095427E-06
ENSG00000249737	RP1-167G20.2	chr5	16436350	16436404	-0.155431083922967	6.30231343036021E-06
ENSG00000260042	CTD-2034I21.1	chr16	50879053	50879065	-0.259114853444266	6.31299660917137E-06
ENSG00000038945	MSR1	chr8	16044642	16044669	-0.215905296655093	6.31689202461502E-06
ENSG00000268602	AP002353.1	chr11	107582884	107582900	-0.115693239306675	0.0000063262350170821
ENSG00000249316	CTC-493P15.2	chr8	11138585	11138594	-0.133294144755491	6.37606685369015E-06
ENSG00000255915	AC113134.1	chr8	47165425	47165466	-0.121039279890867	6.39026174284521E-06
ENSG00000145217	SLC26A1	chr4	965630	965679	-0.188591118145422	6.41269304654368E-06
ENSG00000171847	FAM90A1	chr12	8373934	8373987	-0.106656613516194	6.46679721331998E-06
ENSG00000199390	SNORD114-7	chr14	101428404	101428409	-0.20978982868527	6.50781676444968E-06
ENSG00000186009	ATP4B	chr13	114312174	114312219	-0.122670969994602	6.51898102029764E-06
ENSG00000226578	RP11-258F22.1	chr10	38026541	38026582	-0.114023252871833	6.53516035075686E-06
ENSG00000254319	RP11-134O21.1	chr8	2488752	2488773	-0.16788366209885	6.55816170527105E-06
ENSG00000273069	RP5-1186P10.2	chr7	74021918	74021979	-0.164838306135666	6.5758696324819E-06
ENSG00000237990	CNTN4-AS1	chr3	3080451	3080462	-0.214481000723175	6.60579309083979E-06
ENSG00000168333	C8orf22	chr8	49985441	49985467	-0.140564210964804	6.60958597239854E-06
ENSG00000168062	BATF2	chr11	64742882	64742929	-0.100769769694571	6.61304100189753E-06
ENSG00000267484	CTC-518P12.6	chr19	4835782	4835872	-0.220540498820447	6.62152208919121E-06
ENSG00000185897	FFAR3	chr19	35850545	35850572	-0.126448432748489	6.63668313133346E-06
ENSG00000124391	IL17C	chr16	88704178	88704199	-0.115577052507738	6.67472626814942E-06
ENSG00000250150	RP11-436A7.1	chr4	168156894	168156926	-0.113710089840462	6.70235116040168E-06
ENSG00000178795	GDPD4	chr11	76903125	76903254	-0.118893455935625	6.70565430449295E-06
ENSG00000197177	GPR123	chr10	134884427	134884455	-0.203626312749291	0.0000067144252655504
ENSG00000249013	FTH1P21	chr4	157059332	157059354	-0.16737467891929	6.72491548071933E-06
ENSG00000201326	SNORD115-22	chr15	25454497	25454536	-0.100338655605599	6.73975576892624E-06
ENSG00000135373	EHF	chr11	34675506	34675523	-0.157857246823775	6.76439374659568E-06
ENSG00000267522	CTD-2621I17.6	chr19	56572829	56572874	-0.141065807411936	6.76493345852112E-06
ENSG00000260668	RP11-744D14.1	chr16	64313997	64314009	-0.140936400983783	6.82501267840627E-06
ENSG00000261816	RP11-863P13.2	chr16	88223064	88223111	-0.121192003467191	6.89441839980263E-06
ENSG00000206913	SNORA7	chr11	73979857	73979888	-0.147373247291897	6.92876126414396E-06
ENSG00000171446	KRT27	chr17	38928281	38928324	-0.159557250482556	6.96982191144365E-06

ENSG00000253043	RNU7-181P	chr8	130997565	130997603	-0.181856994498876	6.97192529494554E-06
ENSG00000116685	KIAA2013	chr1	11979165	11979208	-0.212848602597772	7.03666287337486E-06
ENSG00000133107	TRPC4	chr13	38220150	38220169	-0.135390502453812	7.08319390555799E-06
ENSG00000139998	RAB15	chr14	65409452	65409466	-0.19580511962014	7.18145640420983E-06
ENSG00000224286	LINC01142	chr1	170253935	170253981	-0.137691432229483	7.21370666421531E-06
ENSG00000196839	ADA	chr20	43247289	43247336	-0.157630517902389	7.23908980814046E-06
LRG_16	LRG_16	chr20	43247289	43247336	-0.157630517902389	7.23908980814046E-06
ENSG00000167945	PRR25	chr16	855449	855468	-0.156792525631295	7.32611488541995E-06
ENSG00000258730	ITPK1-AS1	chr14	93523390	93523427	-0.158566713802408	7.33779196876055E-06
ENSG00000259245	RP11-684B21.1	chr15	36340099	36340133	-0.111659547602117	7.37324354609757E-06
ENSG00000267455	RP11-78A19.2	chr18	11818683	11818754	-0.275194367847331	7.38482042492703E-06
ENSG00000230902	FAM204CP	chr13	76279220	76279248	-0.151670258674765	7.42026033872874E-06
ENSG00000115085	ZAP70	chr2	98328689	98328750	-0.204673541279883	7.42052814688769E-06
ENSG00000130559	CAMSAP1	chr9	138696500	138696510	-0.22660645279841	7.53056246439265E-06
ENSG00000197176	RP11-76E12.1	chr14	98107251	98107296	-0.132642590932993	7.53469914465977E-06
LRG_77	LRG_77	chr19	17952496	17952553	-0.133904715076737	7.56331536163321E-06
ENSG00000255307	OR52B2	chr11	6191349	6191393	-0.148218279035117	7.56836926508318E-06
ENSG00000222761	RNU6-684P	chr14	104865767	104865807	-0.111504005675931	7.61055960069544E-06
ENSG00000134780	DAGLA	chr11	61449715	61449737	-0.129261786503999	7.63078391740063E-06
ENSG00000254594	RP11-2F20.1	chr11	24295058	24295066	-0.107590506892412	7.63368634879221E-06
ENSG00000265871	MIR3174	chr15	90548024	90548037	-0.185081336863938	7.68725401758978E-06
ENSG00000201161	RN7SKP10	chr13	110571542	110571590	-0.126899171945089	7.69402545033254E-06
ENSG00000231487	AP006285.7	chr11	1682119	1682139	-0.120915601916969	7.75148236203752E-06
ENSG00000260266	CTD-2311M21.2	chr15	74637399	74637483	-0.118845718759454	0.0000077534260470354
ENSG00000135378	PRRG4	chr11	32817525	32817559	-0.163693086746396	7.76292246158647E-06
ENSG00000137700	SLC37A4	chr11	118902635	118902663	-0.106606471240771	7.77396725992942E-06
ENSG00000259103	RP11-270M14.4	chr14	76277955	76277973	-0.17428739745412	7.80371705976021E-06
ENSG00000263746	MIR4277	chr5	1673537	1673604	-0.102892391306278	7.81442183592058E-06
ENSG00000200298	Y_RNA	chr14	72638850	72638877	-0.192272942159273	0.0000078407111025597
ENSG00000252880	RNU6-459P	chr4	71708649	71708681	-0.145315525720187	7.84637326737593E-06
ENSG00000207693	MIR602	chr9	140738110	140738145	-0.155676245945427	7.87305518632537E-06
ENSG00000260792	RP11-982M15.8	chr14	105130699	105130703	-0.239756626304064	7.94789635047384E-06
ENSG00000253571	RP11-728L1.1	chr8	5656125	5656155	-0.436449680954842	7.95974384962811E-06
ENSG00000265265	RP11-822E23.7	chr17	21419083	21419131	-0.135208280382819	8.00081542478059E-06
ENSG00000271384	RP11-435O5.7	chr9	98125437	98125461	-0.19364457008765	0.0000080045844148744
ENSG00000139370	SLC15A4	chr12	129276145	129276163	-0.116465333541531	8.00800332121645E-06
ENSG00000162302	RPS6KA4	chr11	64122678	64122852	-0.133248595273631	8.01943744359938E-06
ENSG00000139531	SUOX	chr12	56393879	56393929	-0.103293323955155	8.02320834959566E-06
ENSG00000226079	RP3-399L15.2	chr6	114863116	114863192	-0.107500269741417	8.02994405219505E-06
ENSG00000261145	RP11-296L10.5	chr16	70226135	70226165	-0.144158894326	8.04306328801292E-06
ENSG00000150637	CD226	chr18	67508509	67508572	-0.130417368024713	0.0000080452880681577
ENSG00000187713	TMEM203	chr9	140093677	140093827	-0.137876385877226	0.0000080627472010609
ENSG00000136158	SPRY2	chr13	80911475	80911626	-0.118672296297466	8.09633871543354E-06
ENSG00000233175	CTD-2020K17.3	chr17	43318735	43318837	-0.170506544451669	8.10230297603335E-06
ENSG00000255518	RP11-148O21.4	chr8	11413346	11413384	-0.137851277077628	8.18929287950145E-06
ENSG00000267873	AC121757.1	chr12	52713013	52713030	-0.111371003871348	8.19302576425286E-06
ENSG00000175538	KCNE3	chr11	74154494	74154543	-0.10590814850877	8.21051395808853E-06
LRG_439	LRG_439	chr11	74154494	74154543	-0.10590814850877	8.21051395808853E-06
ENSG00000249215	AC138517.4	chr5	138883494	138883510	-0.223816865646198	8.24548051167303E-06
ENSG00000200935	RNU6-1090P	chr10	118261443	118261487	-0.12150614606287	8.26937233958268E-06
ENSG00000224190	RP11-442O18.2	chr10	130621864	130621905	-0.104625616678372	8.32113250163884E-06
ENSG00000182533	CAV3	chr3	8775698	8775723	-0.107635585945296	8.33541870535051E-06
LRG_329	LRG_329	chr3	8775698	8775723	-0.107635585945296	8.33541870535051E-06
ENSG00000255136	CTD-2562J17.4	chr11	74916485	74916487	-0.154840748335835	0.0000083417446373057
ENSG00000157570	TSPAN18	chr11	44745479	44745483	-0.126792166921391	8.36895340800821E-06
ENSG00000228075	BOD1L2	chr18	54813030	54813067	-0.150286267662235	8.37966956950179E-06
ENSG00000185739	SRL	chr16	4241148	4241160	-0.196147661564579	8.38864765803622E-06
LRG_23	LRG_23	chr1	23003432	23003569	-0.120215495466581	8.39898443614444E-06
ENSG00000212070	AC112219.1	chr3	72338575	72338614	-0.120960412696678	8.40585175863014E-06
ENSG00000251847	snoZ13_snr52	chr9	120510180	120510185	-0.253245732359784	8.46368498310396E-06
ENSG00000255158	RP11-754B17.1	chr11	655611	655740	-0.191660143225224	8.47325417131776E-06
ENSG00000177030	DEAF1	chr11	642958	642975	-0.117786488764508	8.49323645379854E-06
ENSG00000261051	RP11-274H2.5	chr3	145734698	145734746	-0.110336783103666	8.50368189275464E-06
ENSG00000130653	PNPLA7	chr9	140388353	140388443	-0.109420210261137	8.51892535290151E-06
ENSG00000188163	FAM166A	chr9	140138821	140138829	-0.196747765020839	8.53576587247024E-06
ENSG00000265089	MIR4655	chr7	1915347	1915382	-0.148359921827894	8.53774561277571E-06
ENSG00000205240	OR7E36P	chr13	42000228	42000304	-0.101857362855266	8.55902192226851E-06
ENSG00000105993	DNAJB6	chr7	157185333	157185372	-0.253499801423891	8.58387650069631E-06
ENSG00000183484	GPR132	chr14	105532012	105532030	-0.150770577242359	8.59656310546328E-06

ENSG00000157881	PANK4	chr1	2437649	2437687	-0.116790863653033	8.61757315802235E-06
ENSG00000199335	RNU6-204P	chr4	3047033	3047106	-0.258089757249325	8.62352837216348E-06
ENSG00000127585	FBXL16	chr16	741350	741402	-0.107672933256242	8.62515810041962E-06
ENSG00000242667	RP11-745A24.2	chr15	60691511	60691598	-0.157046091596721	8.68589009475885E-06
ENSG00000251615	RP11-774O3.3	chr4	8359486	8359516	-0.174094715741934	8.69231516690265E-06
ENSG00000254596	CTD-3074O7.7	chr11	66222043	66222090	-0.139344682347504	8.76189220241708E-06
ENSG00000266357	RP11-101O21.1	chr17	72113415	72113491	-0.12112496164299	8.76960654895457E-06
ENSG00000254366	RP11-38H17.1	chr8	78613697	78613745	-0.134362294557673	8.77423510447847E-06
ENSG00000007541	PIGQ	chr16	615683	615993	-0.138155499673915	8.77709069158684E-06
ENSG00000007520	TSR3	chr16	1394049	1394210	-0.110864332397078	8.79867023395011E-06
ENSG00000251739	RNU6-1053P	chr4	184679313	184679343	-0.125227931198452	8.86776785399395E-06
ENSG00000090316	MAEA	chr4	1299072	1299090	-0.218487233480825	8.90331936625422E-06
ENSG00000248281	RP11-174E22.2	chr4	30266152	30266225	-0.204867879946278	8.98872757391583E-06
ENSG00000248669	RP11-489M13.2	chr4	4119801	4120030	-0.237171834488273	9.02116089953058E-06
ENSG00000249955	RP11-6E9.4	chr4	170897176	170897214	-0.125788158152297	9.08112588788717E-06
ENSG00000163660	CCNL1	chr3	156838228	156838424	-0.133069321498888	9.08930235037309E-06
ENSG00000147526	TACC1	chr8	38575306	38575349	-0.173897140149051	9.10739675326323E-06
ENSG00000221499	AC078881.1	chr4	178518017	178518065	-0.15885393664233	9.11319111725256E-06
ENSG00000208033	MIR609	chr10	105953592	105953647	-0.13940354636248	9.14349563411099E-06
ENSG00000249428	RP11-503N18.3	chr4	2439700	2439761	-0.117173476584967	9.14656039026395E-06
ENSG00000265258	MIR4686	chr11	2192887	2193034	-0.152447813620733	0.0000091736917810095
ENSG00000203334	AP003027.1	chr11	108837742	108837753	-0.145768470770228	9.17675981464995E-06
ENSG00000137709	POU2F3	chr11	120109727	120109778	-0.10216492309335	9.17712733453926E-06
ENSG00000083635	NUFIP1	chr13	45507332	45507346	-0.133776625806238	9.20646861807681E-06
ENSG00000186174	BCL9L	chr11	118767308	118767404	-0.171540786485222	9.28788243609305E-06
ENSG00000269339	AC139768.1	chr12	51612784	51612825	-0.165958343416432	9.30141101825798E-06
ENSG00000251149	MTND5P5	chr4	102875268	102875309	-0.245119710914724	9.39327302443892E-06
ENSG00000214696	AC007347.1	chr16	54209091	54209125	-0.162875541709485	9.41405067189052E-06
ENSG00000226954	RP5-983L19.2	chr22	50066903	50066934	-0.193609236264069	9.41620034668487E-06
ENSG00000238793	SNORD124	chr17	38183075	38183123	-0.102141294058551	9.43224972259425E-06
ENSG00000273293	RP11-445N20.3	chr7	149580714	149580757	-0.158369978965796	9.45866234285269E-06
ENSG00000250493	RP11-640N11.2	chr11	120738309	120738358	-0.16970646925402	9.46961948058459E-06
ENSG00000235533	RP11-284P20.3	chr9	14007933	14007973	-0.143729388757015	9.50323979240128E-06
ENSG00000206656	SNORD116-17	chr15	25329308	25329354	-0.141994950637944	9.51153288926614E-06
ENSG00000225642	SNRPEP5	chr2	8768393	8768440	-0.323824301417898	9.52963020007405E-06
ENSG00000251637	RP11-119D9.1	chr11	67652096	67652143	-0.110344633347312	9.53543473419783E-06
ENSG00000235641	LINC00484	chr9	93919394	93919461	-0.242270358756775	9.57252265585652E-06
ENSG00000101276	SLC52A3	chr20	748971	749017	-0.1290811147857	9.59996766874588E-06
ENSG00000141522	ARHGDI1A	chr17	79816642	79816700	-0.245257435442645	9.62306188505692E-06
ENSG00000262413	RP11-498C9.3	chr17	79816642	79816700	-0.245257435442645	9.62306188505692E-06
ENSG00000197558	SSPO	chr7	149472049	149472095	-0.126939933904603	9.63182332798974E-06
ENSG00000149656	LINC00266-1	chr20	62949806	62949838	-0.11705267087998	9.65837598129681E-06
ENSG00000149218	ENDOD1	chr11	94841388	94841420	-0.160630169945225	9.66318604294238E-06
ENSG00000234928	AP000344.3	chr22	23776179	23776225	-0.127230912472457	9.66904902582452E-06
ENSG00000132321	IQCA1	chr2	237245421	237245496	-0.177297210768168	9.67943059236779E-06
ENSG00000176248	ANAPC2	chr9	140068975	140069081	-0.169082105024252	9.71097632647986E-06
ENSG00000121388	RP11-408E5.4	chr13	19759642	19759658	-0.134369462318074	9.71280666759284E-06
ENSG00000261231	RP11-523L20.2	chr16	47760057	47760096	-0.109468157819426	9.82293119241078E-06
ENSG00000160282	FTCD	chr21	47560328	47560378	-0.102315778048979	9.82752453743378E-06
ENSG00000180672	AC007362.1	chr2	206641046	206641122	-0.123597585291914	9.86655527461694E-06
ENSG00000256576	RP13-977J11.2	chr12	132663873	132663926	-0.140515158106775	9.91290508354978E-06
ENSG00000251433	RP11-540E16.1	chr4	182889207	182889239	-0.212183809968951	9.91758970807159E-06
ENSG00000156689	GLYATL2	chr11	58618540	58618549	-0.176754996352948	9.91877303553632E-06
ENSG00000226142	RPL35P8	chr22	49498163	49498376	-0.16534003658078	9.95986790463631E-06
ENSG00000258460	RP11-168L7.1	chr14	101833392	101833397	-0.180071231466511	0.0000100243067478421
LRG_475	LRG_475	chr21	47404109	47404348	-0.236432791738042	0.0000100878743425706
ENSG00000262133	RP11-676J12.6	chr17	773107	773151	-0.109176284973995	0.0000101104749681515
ENSG00000212189	RNU6-328P	chr16	7004380	7004402	-0.160716860119952	0.000010160560399795
ENSG00000226137	BAIAP2-AS1	chr17	79004734	79004780	-0.137468752938814	0.0000101856350144469
ENSG00000139178	C1RL	chr12	7249343	7249380	-0.109222624342231	0.0000101949629741159
ENSG00000238411	CR381670.1	chr21	9650951	9650991	-0.106080666892124	0.0000102148569896965
ENSG00000267212	CTD-2659N19.9	chr19	12895241	12895288	-0.144945319143356	0.0000102246592061238
ENSG00000251624	UNC93B7	chr4	9495227	9495505	-0.108774001899697	0.0000102353266700748
ENSG00000134830	C5AR2	chr19	47823943	47824041	-0.106327386556736	0.0000102621421760115
ENSG00000143226	FCGR2A	chr1	161450430	161450546	-0.110190526530845	0.000010262619882421
ENSG00000180921	FAM83H	chr8	144805623	144805653	-0.118299955371946	0.000010264939036511
ENSG00000225077	LINC00337	chr1	6294987	6295024	-0.101147551531555	0.0000103138014008022
ENSG00000254511	RP11-876F14.1	chr11	81701000	81701067	-0.109699403192178	0.0000103213650475348
ENSG00000226604	PAPPA-AS2	chr9	119048807	119048892	-0.210907825307345	0.0000103243736447954

ENSG00000172478	C2orf54	chr2	241840230	241840246	-0.104408748296804	0.0000103424992178735
ENSG0000069424	KCNAB2	chr1	6055183	6055231	-0.111106574126696	0.0000103882723245302
ENSG00000176782	DEFB104A	chr8	7694293	7694339	-0.135039987277029	0.0000103892330876485
ENSG00000253441	IGHV3-25	chr14	106746091	106746126	-0.12731586998707	0.0000104332472358775
ENSG00000227160	RP1-65P5.1	chr11	32130759	32130803	-0.102913397955281	0.0000104506700092294
ENSG00000259171	AL163636.6	chr14	21155679	21155686	-0.167932779940852	0.0000104520267398711
ENSG00000273433	RP1-170O19.22	chr7	27169062	27169094	-0.139856735433816	0.0000104593082686818
ENSG0000041515	MYO16	chr13	109438985	109439033	-0.160904073792162	0.0000104596404257671
ENSG00000224700	RP11-697E14.2	chr11	131855409	131855432	-0.116701366715713	0.0000105040904349028
ENSG00000214650	RP11-83B20.1	chr12	124996050	124996085	-0.122444529644579	0.0000105164622300695
ENSG0000026559	KCNG1	chr20	49620418	49620491	-0.140159873735915	0.0000105838255968339
ENSG00000238372	snoU13	chr8	102804916	102804961	-0.206379420528341	0.0000106477748450003
ENSG00000199697	RNU6-446P	chr17	60758055	60758287	-0.121123548273405	0.0000106567094618433
ENSG00000249171	RP11-767N15.1	chr4	84583876	84583895	-0.253901812087489	0.0000107205806865627
ENSG00000200211	RNY4P27	chr13	96008029	96008043	-0.168058214159512	0.0000107674301972035
ENSG0000084636	COL16A1	chr1	32133277	32133300	-0.106751307196461	0.0000107883027738979
ENSG00000250590	RP11-565A3.2	chr4	188462801	188462845	-0.142048371054569	0.0000108327316464035
ENSG00000173221	GLRX	chr5	95094936	95094981	-0.180743636335237	0.0000108428620201877
ENSG00000162383	SLC1A7	chr1	53554603	53554640	-0.207488877828308	0.0000108759507099432
ENSG0000010256	UQCRC1	chr3	48630516	48630586	-0.105375892860408	0.0000108956884803964
ENSG00000168843	FSTL5	chr4	162569066	162569069	-0.130215354702937	0.00001089640434377525
ENSG00000251963	AC090420.1	chr8	18698000	18698092	-0.18744798526605	0.0000109078204917386
ENSG00000234551	RP11-123H22.1	chr13	104003206	104003229	-0.221290027946162	0.0000109230840000157
ENSG00000255175	RP11-277K23.1	chr11	38628376	38628419	-0.154246167914727	0.0000109950821674801
ENSG00000181240	SLC25A41	chr19	6427768	6427795	-0.107008468067773	0.0000110031375507305
ENSG00000141934	PPAP2C	chr19	289918	289952	-0.111109951302556	0.0000110124381855149
ENSG00000255128	HSPD1P3	chr8	7275380	7275402	-0.167695273254022	0.0000110882790393876
ENSG00000240846	RPS15P9	chr19	1304944	1305046	-0.118881044627072	0.0000110961954893867
ENSG00000063978	RNF4	chr4	2460553	2460579	-0.177542980232061	0.0000111410801054029
ENSG00000260340	RP11-254F19.3	chr16	84975575	84975622	-0.142858055037573	0.000011145475824551
ENSG00000101216	GMEB2	chr20	62209388	62209634	-0.155504210446725	0.0000111674541910893
ENSG00000226756	AC007365.3	chr2	64870595	64870623	-0.235075157965947	0.0000111767410962798
ENSG00000258915	RP11-114N19.2	chr14	81456811	81456824	-0.240100695914169	0.0000112514484249498
ENSG00000237512	UNC5B-AS1	chr10	73020108	73020146	-0.141826352254351	0.000011325577646709
ENSG00000169223	LMAN2	chr5	176755805	176755841	-0.108758601630065	0.000011332328452158
ENSG00000229536	AC079776.1	chr2	130512158	130512201	-0.107295106796192	0.0000113395912147892
ENSG00000213979	RPL7AP14	chr20	36040024	36040060	-0.111335326523648	0.0000113607058480208
ENSG00000137142	IGFBPL1	chr9	38415426	38415436	-0.207643595799098	0.0000113641259954383
ENSG00000199535	RNA5SP305	chr10	25010615	25010817	-0.138379667465448	0.0000114064110612179
ENSG00000198156	NPIP6	chr16	28333226	28333254	-0.112888099544028	0.0000114327412898437
ENSG00000104415	WISP1	chr8	134203235	134203272	-0.116163212047962	0.0000114464682258504
ENSG00000105810	CDK6	chr7	92238100	92238209	-0.279825346983331	0.0000114566234891553
ENSG00000244512	RN7SL28P	chr4	185205067	185205236	-0.265683408351827	0.0000114574053029172
ENSG00000149084	HSD17B12	chr11	43572502	43572526	-0.115725015952183	0.0000114736600109047
ENSG00000171453	POLR1C	chr6	43478457	43478541	-0.144322843826457	0.0000114908544774543
ENSG00000236709	DAPK1-IT1	chr9	90195867	90195885	-0.265173851744765	0.0000114996827681208
ENSG00000103522	IL21R	chr16	27375541	27375623	-0.219327197559122	0.000011521724905045
ENSG00000255422	AP002954.4	chr11	118576628	118576678	-0.169277664589349	0.0000115232067968061
ENSG00000224352	AC132479.4	chr2	131086117	131086130	-0.189048462104092	0.0000115832008030239
ENSG00000224682	SOCS5P2	chr9	138334700	138334771	-0.190479447145071	0.0000115906399943922
ENSG00000270773	RP13-685P2.7	chr3	129065471	129065510	-0.138081499039725	0.0000116130977531389
ENSG00000180210	F2	chr11	46739809	46739814	-0.12229693273432	0.0000116588861947299
ENSG00000237119	LINC01056	chr20	61691677	61691714	-0.174706873606808	0.0000116708782598776
ENSG0000047365	ARAP2	chr4	35803100	35803157	-0.119936199291846	0.0000117355465447776
ENSG00000264463	AC090133.1	chr8	12712010	12712014	-0.165385146088178	0.0000118047570471647
ENSG00000176769	TCERG1L	chr10	132877457	132877505	-0.11972192843591	0.0000118291401621152
ENSG00000152104	PTPN14	chr1	214560330	214560357	-0.142392798244409	0.000011850709827347
ENSG00000270521	RP11-24C14.1	chr6	67365522	67365564	-0.101607581967252	0.0000119028071520696
ENSG00000269120	AL133318.1	chr13	41108768	41108802	-0.241181457541634	0.0000119277896789294
ENSG00000269898	RP11-568J23.4	chr16	85786994	85787088	-0.112239292835513	0.0000119944688680577
ENSG00000234999	AC004016.2	chr7	25018548	25018644	-0.164968502563343	0.0000120346468177517
LRG_261	LRG_261	chr1	156786643	156786723	-0.184583553361849	0.0000120377227038298
ENSG00000254502	FNTAL1	chr11	85906180	85906369	-0.170307834588716	0.0000120981280192564
ENSG00000260859	RP11-254F19.2	chr16	84871265	84871318	-0.123189438070756	0.0000121253116193253
ENSG00000230834	AC068580.7	chr11	1803942	1804007	-0.180218328907271	0.00001212771954793304
ENSG00000259064	RP11-386M24.5	chr15	93168068	93168104	-0.167271322436407	0.0000121571503737074
ENSG00000255319	ENPP7P8	chr11	71456897	71456985	-0.128614016729501	0.0000122399391719632
ENSG00000266478	MIR5197	chr5	143026904	143026946	-0.132276370907498	0.000012298555337069
ENSG00000167100	SAMD14	chr17	48190206	48190340	-0.1328375401593	0.0000123133775804976

ENSG00000082929	C4orf6	chr4	5526706	5526712	-0.247685681707433	0.0000123194407105573
ENSG00000224405	LINC00572	chr13	30476713	30476723	-0.107148249097608	0.0000123466540845917
ENSG00000149743	TRPT1	chr11	63990556	63990706	-0.260520149191803	0.0000123611972400374
ENSG00000265844	RP11-751H17.1	chr18	74845826	74845850	-0.113930554730212	0.0000123865328068034
ENSG00000232140	AC073257.1	chr2	121322001	121322042	-0.218095016671115	0.0000124171248936415
ENSG00000116824	CD2	chr1	117306796	117306845	-0.156615287657917	0.0000124275084199732
ENSG00000227006	RP5-956O18.2	chr1	230404284	230404313	-0.165001467622669	0.0000124839219133957
ENSG00000265101	CTD-2382H12.1	chr18	76687773	76687935	-0.158676846852134	0.0000124850051361912
ENSG00000248692	RP11-84A1.3	chr4	62936528	62936530	-0.143819653355333	0.0000124974195466099
ENSG00000181192	DHTKD1	chr10	12088017	12088064	-0.207664115799986	0.0000125033010709695
ENSG00000233901	RP11-65J3.1	chr9	132098220	132098251	-0.146332972703487	0.0000125367983245963
ENSG00000215346	AF131215.5	chr8	10987843	10987869	-0.14107787059014	0.0000125584748388515
ENSG00000225756	DBH-AS1	chr9	136522747	136522797	-0.101958232533168	0.0000125668586061583
ENSG00000258869	RP11-204N11.1	chr14	98233267	98233306	-0.189658030626145	0.000012589094166962
ENSG00000106009	BRAT1	chr7	2576083	2576133	-0.209004431765166	0.0000125968782343054
ENSG00000250147	MORF4L2P1	chr4	54956763	54956766	-0.223916985891637	0.0000126054207657178
ENSG00000224506	RP1-293L8.2	chr6	125965606	125965711	-0.105640465863464	0.0000126163886057099
ENSG00000263694	RN7SL224P	chr14	69286295	69286351	-0.146362632584073	0.0000126168047681485
ENSG00000177182	CLVS1	chr8	61926409	61926422	-0.156185380573602	0.0000126564957126461
ENSG00000254204	RP11-400K9.3	chr8	54372545	54372576	-0.161748950659142	0.0000126619616324717
ENSG00000064205	WISP2	chr20	43343905	43343931	-0.111457927051205	0.0000126809196851522
ENSG00000258346	RP11-148B3.2	chr12	116756859	116756890	-0.136476210502014	0.0000127185208403909
ENSG00000252521	RNU5D-2P	chr9	135301241	135301285	-0.132381212239465	0.0000127565360611672
ENSG00000266832	AL445464.1	chr1	76308404	76308430	-0.106976465207568	0.0000128179400527952
ENSG00000248249	RP11-598O12.1	chr4	176826907	176826947	-0.143260671870039	0.0000128521779317893
ENSG00000222326	MIR1908	chr11	61586135	61586169	-0.127704698897848	0.0000128543064400992
ENSG00000261748	RP11-419L9.1	chr16	17033741	17033773	-0.150871538671276	0.0000128889765678458
ENSG00000196927	AC009093.1	chr16	29245122	29245252	-0.182715655330342	0.0000129658884256241
ENSG00000254518	RP11-347H15.4	chr11	50260762	50260782	-0.129208244270808	0.0000129954720315347
ENSG00000223299	RN7SKP108	chr14	97091067	97091116	-0.106280985634878	0.0000130188746464769
ENSG00000215236	RPL7P33	chr9	15371248	15371263	-0.209616901944892	0.000013117567052556
ENSG00000101493	ZNF516	chr18	74063923	74063972	-0.141988192824921	0.0000131226948986775
ENSG00000251436	NUPL1P1	chr4	126603768	126603842	-0.138236895872723	0.0000131796570164744
ENSG00000105669	COPE	chr19	19002247	19002297	-0.166567395086285	0.0000132082425491217
ENSG00000229711	RP11-449O16.2	chr10	52645366	52645408	-0.169862679376345	0.0000132107739781625
ENSG00000253050	RNU6-868P	chr4	48113094	48113111	-0.125726342224569	0.0000132576504898196
ENSG00000170373	CST1	chr20	23731298	23731344	-0.195247832256006	0.000013322194979697
ENSG00000224904	RP5-934G17.6	chr1	11940477	11940506	-0.156213656641071	0.0000133259112777278
ENSG00000260423	RP13-735L24.1	chr12	9501675	9501791	-0.128454434405087	0.0000133465570749968
ENSG00000143416	SELENBP1	chr1	151345143	151345181	-0.143041931581518	0.0000133601350115434
ENSG00000263403	MIR4673	chr9	139420493	139420722	-0.137101329664542	0.0000133752785612809
ENSG00000267159	AC005391.2	chr19	939617	939751	-0.14143889120188	0.0000133862742651432
ENSG00000212479	U3	chr21	30547105	30547131	-0.219433589245842	0.0000134226067781434
ENSG00000224250	RP11-78A18.2	chr10	123494992	123495060	-0.161522720726608	0.0000134702945676224
ENSG00000228189	RP13-60M5.2	chr9	91267349	91267411	-0.12676298297986	0.0000135060534717622
ENSG00000260306	RP11-645C24.5	chr16	21771872	21771877	-0.192068311572509	0.0000135393777375324
ENSG00000253892	RP11-770E5.2	chr8	49566753	49566820	-0.110385017776354	0.0000135396206411261
ENSG00000260991	RP11-616M22.9	chr16	1330353	1330546	-0.118563234016202	0.0000135647723540649
ENSG00000184178	SCFD2	chr4	53740093	53740129	-0.229828883727573	0.0000136202018160632
ENSG00000141437	SLC25A52	chr18	29341828	29341892	-0.111671640092165	0.0000136573595720724
ENSG00000198920	KIAA0753	chr17	6455297	6455346	-0.166950022093198	0.0000137049748524518
ENSG00000260498	RP4-536B24.4	chr16	87802664	87802679	-0.11526380416909	0.0000137078460909353
ENSG00000140995	DEF8	chr16	90005233	90005236	-0.117973791309011	0.0000137156650866383
ENSG00000109991	P2RX3	chr11	57105935	57105943	-0.10555033692524	0.0000137592087008234
ENSG00000253313	C1orf210	chr1	43751245	43751270	-0.138918357898994	0.0000137872969495261
ENSG00000234892	Z82214.2	chr22	43621892	43621922	-0.144942276192731	0.0000138015991184531
ENSG00000267283	AC005306.3	chr19	1992923	1993256	-0.191177424363062	0.0000138332009987133
ENSG00000196421	LINC00176	chr20	62662424	62662466	-0.143374289034106	0.0000138455991194136
ENSG00000170786	SDR16C5	chr8	57228750	57228795	-0.159138612535906	0.0000139444977486116
ENSG00000254831	KRT18P58	chr11	6016272	6016349	-0.136897559386751	0.0000139496596346383
ENSG00000262154	LA16c-352F10.1	chr16	2875334	2875403	-0.164420098342567	0.0000139510551779178
ENSG00000165171	WBSCR27	chr7	73247605	73247650	-0.19815561918594	0.0000140371470304853
ENSG00000189320	FAM180A	chr7	135433717	135433760	-0.146568761464197	0.0000140666466442551
ENSG00000272235	RP11-22L13.1	chr1	3239272	3239287	-0.122014304265158	0.0000140914202153157
ENSG00000230040	LINC00364	chr13	67971781	67971830	-0.119067498630014	0.00001410534920627
ENSG00000169398	PTK2	chr8	141636610	141636672	-0.100264977499302	0.0000141083199629037
ENSG00000101310	SEC23B	chr20	18489610	18489703	-0.342575469956448	0.0000141408235770288
ENSG00000165061	ZMAT4	chr8	40443531	40443548	-0.103810589187817	0.000014169671728957
ENSG00000265705	RP11-744K17.8	chr17	21959459	21959531	-0.142452968308399	0.0000141755228429902

ENSG00000260929	RP11-327F22.1	chr16	50772387	50772437	-0.17183994881672	0.0000141864278749657
ENSG00000253066	RNU6-709P	chr10	115860983	115861092	-0.114939088353421	0.0000142233625298968
ENSG00000259264	RP11-60L3.1	chr15	74494813	74494861	-0.187073770306721	0.0000142300330581445
ENSG00000225879	RP3-495K2.3	chr6	169287262	169287297	-0.154590433665033	0.0000142549524685158
ENSG00000124399	RP11-663P9.2	chr4	43900946	43901177	-0.10908244936329	0.0000142610199735363
ENSG00000225285	RP4-758J18.10	chr1	1365871	1365953	-0.262742911657523	0.00001429663314301
ENSG00000081051	AFP	chr4	74285329	74285350	-0.17422761296489	0.000014302642666048
ENSG00000239149	SNORA59A	chr1	12538278	12538389	-0.137076010765977	0.0000143805205583209
ENSG00000248713	RP11-766F14.2	chr4	100576604	100576610	-0.106248822578311	0.0000144595224506396
ENSG00000266866	AP002761.1	chr11	73073095	73073752	-0.14858989593804	0.0000144801144971326
ENSG00000224419	KRT18P27	chr13	90858371	90858411	-0.14709734839141	0.0000145334763710617
ENSG00000259062	ACTN1-AS1	chr14	69443309	69443362	-0.116593008857053	0.0000145650725256478
ENSG00000234735	AL022237.3	chr22	43481931	43482018	-0.156347761490225	0.000014574439475168
ENSG00000125207	PIWIL1	chr12	130821746	130821792	-0.133286308144387	0.0000145747823144822
ENSG00000106479	ZNF862	chr7	149518741	149518783	-0.120029589329887	0.0000145806369210639
ENSG00000089486	CDIP1	chr16	4579336	4579415	-0.149956764545856	0.0000146235586399653
ENSG00000185730	ZNF696	chr8	144371447	144371905	-0.135623629690105	0.0000147401521369051
ENSG00000237111	IGHJ3P	chr14	106329607	106329652	-0.131709505332683	0.0000147440799311896
ENSG00000136807	CDK9	chr9	130525718	130525759	-0.172680428692602	0.0000147776487739771
ENSG00000121753	BAI2	chr1	32192871	32192919	-0.144285323446484	0.0000148426410646611
ENSG00000222895	RNU6-1133P	chr6	31039291	31039319	-0.106924871662206	0.0000148881097902323
ENSG00000167964	RAB26	chr16	2190418	2190523	-0.14887238917018	0.0000150639848467902
ENSG00000249142	CTD-2290P7.1	chr5	32522823	32523046	-0.119235620066223	0.0000151583394620589
ENSG00000255391	CTD-2028E8.1	chr11	87224821	87224834	-0.168061342388798	0.0000152193386912518
ENSG00000214051	ARF4P3	chr13	101467567	101467571	-0.185970779519832	0.0000152316459049566
ENSG00000251445	RP11-483A20.3	chr4	169952145	169952158	-0.237155557568079	0.0000152496602996953
ENSG00000130600	H19	chr11	2016477	2016657	-0.117247045706403	0.0000152878126836255
ENSG00000130227	XPO7	chr8	21775801	21775834	-0.132475805681994	0.0000153432459272978
ENSG00000144140	RP11-143M1.7	chr9	61469	61492	-0.26475098780451	0.0000154444829545152
ENSG00000270480	RP11-57B24.1	chr4	83581941	83582002	-0.113113825082364	0.000015445876422065
ENSG00000267385	CTB-50L17.14	chr19	4529184	4529204	-0.104387332500016	0.0000154500181706163
ENSG00000236814	RP11-446E9.1	chr8	56960493	56960581	-0.16593618605627	0.0000154658292005191
ENSG00000256925	GPR123-AS1	chr10	134898493	134898529	-0.128449059001385	0.0000154905160208904
ENSG00000254278	RP11-278I4.2	chr8	120099057	120099059	-0.145155728754391	0.0000154948334126601
ENSG00000203684	IBA57-AS1	chr1	228350842	228350871	-0.115066344461015	0.0000155346930508942
ENSG00000238158	RP11-420L9.4	chr6	3825971	3825986	-0.174149486286835	0.0000156131382477421
ENSG00000079313	REXO1	chr19	1809749	1809766	-0.154847445727098	0.0000156380062631349
ENSG00000267007	CTB-31O20.3	chr19	1809749	1809766	-0.154847445727098	0.0000156380062631349
ENSG00000119943	PYROXD2	chr10	100081347	100081382	-0.145440545755458	0.0000157312443348591
ENSG00000225050	RP11-349E4.1	chr9	121285322	121285338	-0.249676932251814	0.000015778466722077
ENSG00000167613	LAIR1	chr19	54876752	54876795	-0.135780390421255	0.0000157888441831613
ENSG00000223158	RNY1P3	chr13	26545816	26545865	-0.147968706952332	0.000015819629071686
ENSG00000253903	RP11-521M14.2	chr8	26942425	26942439	-0.162778024921639	0.0000158366913716922
ENSG00000155066	PROM2	chr2	95940475	95940538	-0.133439006519637	0.0000158498496797779
ENSG00000173976	RAX2	chr19	3772167	3772261	-0.11435879705401	0.0000159656103819656
ENSG00000160563	MED27	chr9	134719678	134719785	-0.150230488432906	0.0000159816622362021
ENSG00000152268	SPON1	chr11	14004823	14004873	-0.1205630392802	0.0000160669284561595
ENSG00000189001	SBSN	chr19	36014485	36014513	-0.160699001515196	0.000016134568822815
ENSG00000207454	RNU6-1104P	chr7	100913057	100913208	-0.114869826777597	0.0000161437175387145
ENSG00000252996	RNU6-1315P	chr12	3053610	3053653	-0.124148569648419	0.0000161509658730215
ENSG00000266273	RP11-715C4.1	chr18	76549820	76549862	-0.103397092743778	0.0000161630901881169
ENSG00000267892	CTD-2540F13.2	chr19	39234723	39234748	-0.111624468495879	0.0000161790994064699
ENSG00000230753	RP4-553F4.6	chr20	32358000	32358033	-0.17486749420011	0.0000162794644292976
ENSG00000167098	SUN5	chr20	31563393	31563419	-0.124979179941055	0.000016314888306488
ENSG00000212395	SNORA67	chr9	134669414	134669438	-0.152766095609456	0.0000163598958081732
ENSG00000234801	MORF4	chr4	174538011	174538037	-0.259020603751505	0.0000164224517130453
ENSG00000261220	RP11-629O1.2	chr8	134580677	134580682	-0.152850251887603	0.0000164956992933739
ENSG00000125746	EML2	chr19	46119461	46119561	-0.110177657523049	0.0000165144837541403
ENSG00000109436	TBC1D9	chr4	141540380	141540413	-0.119183702357515	0.0000166977821651804
ENSG00000230483	AC124057.5	chr11	2426082	2426196	-0.14293473684575	0.0000167017605073998
ENSG00000184566	AC132216.1	chr11	33893791	33893831	-0.180736722442089	0.0000167173240026874
ENSG00000167360	OR51Q1	chr11	5444136	5444142	-0.198043287419012	0.000016784715036741
ENSG00000271897	RP11-679B17.2	chr6	11632534	11632549	-0.199426520261693	0.0000167871548063312
ENSG00000258841	RP11-226P1.3	chr14	82124963	82124971	-0.358500193697649	0.0000169009227444121
ENSG00000171703	TCEA2	chr20	62682309	62682325	-0.133915754272005	0.0000169289397140734
ENSG00000078237	C12orf5	chr12	4417080	4417093	-0.12508466046616	0.000016934934463797
ENSG00000253576	GS1-5L10.1	chr8	93004261	93004284	-0.149123210660525	0.0000169737154954936
ENSG00000240371	RPS4XP13	chr11	57338441	57338476	-0.134990694474555	0.0000170136377344184
ENSG00000251934	RNU6-1143P	chr11	3733749	3733757	-0.198796848562048	0.0000171645878745916

ENSG00000173821	RNF213	chr17	78226889	78226930	-0.122503500727622	0.0000171973237582446
ENSG00000109047	RCVRN	chr17	9802733	9802796	-0.170901694852286	0.0000172094523493207
ENSG00000270387	RP11-315D13.1	chr4	148785422	148785472	-0.144450077616799	0.0000172666137429271
ENSG00000166165	CKB	chr14	103979526	103979536	-0.15483119029166	0.0000172782093049852
ENSG00000266533	MIR3619	chr22	46481948	46482012	-0.136370689654096	0.0000172974025319184
ENSG00000104883	PEX11G	chr19	7543457	7543490	-0.219683774264138	0.0000173910816452309
ENSG00000250748	RP11-230G5.2	chr12	65904416	65904497	-0.117379473966289	0.000017509792016849
ENSG00000236082	RP11-217L21.1	chr11	131416251	131416257	-0.143886521209847	0.0000175160155406968
ENSG00000197859	ADAMTSL2	chr9	136397107	136397225	-0.100873219754345	0.0000175210663699761
ENSG00000261827	RP11-340F14.5	chr12	121622447	121622486	-0.116177497272717	0.0000175224543625418
ENSG00000227512	RP11-413M3.4	chr9	139438410	139438487	-0.146177435522958	0.000017545501103143
ENSG00000217514	RP3-495O10.1	chr6	163721993	163722139	-0.197681244838191	0.0000175463950220673
ENSG00000188668	OR7E90P	chr2	159735157	159735201	-0.108268543311138	0.0000177304796222378
ENSG00000259708	RP11-762H8.3	chr15	78505021	78505115	-0.149592471587104	0.0000178685332748814
ENSG00000250622	RP11-612J15.3	chr4	157898751	157898799	-0.220974236870694	0.0000178904376339071
ENSG00000258779	RP11-140I24.1	chr16	73467352	73467448	-0.155502409028541	0.0000178948561949112
ENSG00000253444	AC133633.2	chr8	2363195	2363282	-0.133610525502973	0.0000179281113905278
ENSG00000233752	AC009414.1	chr2	36319348	36319397	-0.131387956606517	0.0000179320692349244
ENSG00000156381	ANKRD9	chr14	102975258	102975330	-0.10970187560368	0.00001796085739479
ENSG00000272942	CTA-246H3.12	chr22	25796896	25796938	-0.106068475923269	0.0000180829224315857
ENSG00000272995	RP11-362J17.1	chr4	20852248	20852258	-0.118593001750715	0.00001834057803847
ENSG00000250198	RP11-143A12.3	chr5	8870563	8870596	-0.101096952590558	0.0000183908772339616
ENSG00000253479	RP11-744J10.3	chr8	70248333	70248378	-0.152238792394667	0.0000183910638315917
ENSG00000265683	RP11-173M1.5	chr17	25708111	25708276	-0.111223797175076	0.0000184320695727259
ENSG00000237338	FTCD-AS1	chr21	47569479	47569525	-0.111545801071063	0.0000184515539646003
ENSG00000232678	SPTLC1P4	chr1	152053129	152053167	-0.113921578991022	0.0000184723993294023
ENSG00000050165	DKK3	chr11	11984842	11984848	-0.102825917841173	0.0000185076786289544
ENSG00000149243	KLHL35	chr11	75133581	75133593	-0.212003180579213	0.0000185218090650525
ENSG00000077800	FKBP6	chr7	72735616	72735665	-0.126411281681192	0.0000186218011237336
ENSG00000266255	MIR4475	chr9	36802700	36802706	-0.206604233927526	0.0000186310145158846
ENSG00000198719	DLL1	chr6	170589858	170589911	-0.116765282076268	0.0000186353309001406
ENSG00000244593	RP11-685B14.1	chr8	18238381	18238420	-0.109411389214779	0.0000188417745287687
ENSG00000087266	SH3BP2	chr4	2798151	2798227	-0.168898217198109	0.0000189025849796002
ENSG00000107147	KCNT1	chr9	138592622	138592650	-0.12932382187845	0.0000189191478223133
ENSG00000221996	OR52B4	chr11	4388470	4388493	-0.158057363896434	0.0000189701020898676
ENSG00000073067	CYP2W1	chr7	1027006	1027149	-0.126377416649077	0.0000190815375586489
ENSG00000255714	RP11-121J20.1	chr12	119033995	119034113	-0.104198787169795	0.0000191247986918055
ENSG00000252251	RNA5SP348	chr11	104035942	104035987	-0.137329157052286	0.0000191351369658706
ENSG00000239199	RPL21P6	chr14	55908277	55908306	-0.126156421962557	0.0000192193766504752
ENSG00000207776	MIR551A	chr1	3477656	3477695	-0.128672277496012	0.0000193251508301809
ENSG00000230365	RP11-23D5.1	chr9	11198112	11198223	-0.103426457022506	0.0000193439843802758
ENSG00000200496	U8	chr11	123170290	123170329	-0.148808618923233	0.0000196036262753791
ENSG00000175841	FAM172BP	chr3	101230906	101230959	-0.118536588314368	0.0000196620091274801
ENSG00000201451	Y_RNA	chr9	136201111	136201126	-0.196943825108194	0.0000197156175608521
ENSG00000271820	RP5-894D12.5	chr6	170574923	170574994	-0.124297589103696	0.0000197700339884869
ENSG00000130307	USHBP1	chr19	17354823	17354890	-0.151386321580638	0.0000197772271981546
ENSG00000197653	DNAH10	chr12	124283931	124283952	-0.119101949102491	0.000019850205998235
ENSG00000261564	RP11-616M22.10	chr16	1326138	1326219	-0.101968204318357	0.0000198873733143429
ENSG00000242169	RP11-219G10.1	chr4	189270655	189270701	-0.203439231106021	0.0000200584599640249
ENSG00000257087	RP11-136I14.3	chr11	115420217	115420236	-0.180935735800649	0.0000200628189228351
ENSG00000199017	MIR1-1	chr20	61154103	61154151	-0.116138518414635	0.0000201970262703914
ENSG00000184908	CLCNKB	chr1	16369799	16369830	-0.140641681318999	0.00002022213057037939
ENSG00000125998	FAM83C	chr20	33880195	33880214	-0.16660223385434	0.000020308252135877
ENSG00000254241	RP11-946L20.1	chr8	111905812	111905831	-0.140974539131219	0.0000203114149437548
ENSG00000265087	MIR4761	chr22	19950249	19950271	-0.112342875468293	0.0000203478747906812
ENSG00000263397	MIR5196	chr19	35837655	35837694	-0.183324869323135	0.0000203691844052826
ENSG00000185053	SGCZ	chr8	13947669	13947739	-0.116681688281444	0.000020381901052361
LRG_208	LRG_208	chr8	13947669	13947739	-0.116681688281444	0.000020381901052361
ENSG00000139734	DIAPH3	chr13	60209677	60209688	-0.172130340694161	0.0000204343223653812
ENSG00000253737	KB-1460A1.3	chr8	102160417	102160467	-0.144120201588698	0.0000205284835295463
ENSG00000251545	RP11-798K23.3	chr5	178949900	178949941	-0.198952323078259	0.0000205980687512151
ENSG00000254454	RCC2P6	chr11	62138622	62138904	-0.170022142115436	0.0000206102267627924
ENSG00000135108	FBXO21	chr12	117581003	117581018	-0.198242908483044	0.0000206145581724469
ENSG00000204446	C9orf170	chr9	89761977	89762023	-0.187065000880921	0.0000206396250130713
ENSG00000207579	MIR662	chr16	820155	820318	-0.114443692291306	0.0000206508199964678
ENSG00000164674	SYTL3	chr6	159084032	159084087	-0.237119111801654	0.0000207058620418905
ENSG00000182107	TMEM30B	chr14	61748492	61748574	-0.11329487515755	0.0000207838008600347
ENSG00000176302	FOXR1	chr11	118846779	118846808	-0.142410560163488	0.0000208481453973271
ENSG00000136931	NR5A1	chr9	127241746	127241927	-0.102644104073383	0.0000208565285366264

ENSG00000252074	RNU6-416P	chr16	30687733	30687749	-0.129438255848322	0.0000210054497634671
ENSG00000170099	SERPINA6	chr14	94760659	94760728	-0.104585696074963	0.0000210230400598661
ENSG00000269408	AL390778.1	chr9	138148099	138148238	-0.14010664246631	0.0000210463810245394
ENSG00000265619	AC093824.1	chr4	186044726	186044755	-0.115589134611845	0.0000210522071063673
ENSG00000147434	CHRNA6	chr8	42608959	42608976	-0.172942071439162	0.0000210801931786707
ENSG00000249138	RP11-701P16.1	chr4	185726759	185726782	-0.142781384933392	0.0000210972566319767
ENSG00000199843	RNA5SP358	chr12	38547997	38548027	-0.11099462793244	0.0000211343378097704
ENSG00000225564	RP11-341A22.2	chr9	105951308	105951320	-0.227279179128001	0.000021174971646152
ENSG00000236856	AC105393.1	chr2	394071	394093	-0.19834061672498	0.000021230048365872
ENSG00000227620	ALG1L8P	chr11	67542663	67542689	-0.135678817923395	0.0000214264703189991
ENSG00000253916	CTD-2309H9.2	chr8	134768321	134768357	-0.124485938687928	0.0000216209798975238
ENSG00000134962	KLB	chr4	39408371	39408455	-0.156419542482835	0.0000210972566319767
ENSG00000183844	FAM3B	chr21	42620055	42620119	-0.170708572989105	0.000021805863016208
ENSG00000251771	RNU6-1033P	chr14	52064027	52064076	-0.154405055294553	0.0000218114996285607
ENSG00000238319	snoU13	chr4	184185375	184185418	-0.116265562763765	0.0000218732353471259
ENSG00000207329	Y_RNA	chr9	112080217	112080226	-0.109285089917966	0.0000218914621951945
ENSG00000176605	C14orf177	chr14	99183905	99183965	-0.16804772432148	0.0000219397475642495
ENSG00000257231	RP11-438N16.2	chr12	114203897	114204075	-0.124994814125536	0.0000220555700663371
ENSG00000251532	CTD-2245E15.3	chr5	1549550	1549573	-0.11354286713053	0.0000220561713164006
ENSG00000176101	SSNA1	chr9	140081143	140081171	-0.137995762521841	0.0000220688706668167
ENSG00000253257	MTND4P7	chr8	13295959	13295981	-0.103732654847557	0.000022186140714811
ENSG00000213538	KRT8P41	chr11	9119216	9119273	-0.24364690430927	0.0000222372961346128
ENSG00000178445	GLDC	chr9	6532828	6532848	-0.208582858365259	0.0000222400676164624
ENSG00000264010	MIR4429	chr2	11679578	11679622	-0.112116764544044	0.0000223071062988574
ENSG00000137474	MYO7A	chr11	76848054	76848068	-0.123505782299998	0.0000223474866464827
ENSG00000207991	MIR601	chr9	126169333	126169388	-0.1880160062559	0.0000223477324883616
ENSG00000152689	RASGRP3	chr2	33660623	33660670	-0.188748751446277	0.0000225822088694048
ENSG00000263682	RP11-93H10.1	chr18	11248625	11248647	-0.171444258477201	0.0000227379813346112
ENSG00000254369	HOXA-AS3	chr7	27169674	27169740	-0.116479087584867	0.0000227750976543767
ENSG00000212156	RNU6-576P	chr10	2267193	2267236	-0.119074589965418	0.000022791280435277
ENSG00000183535	COL18A1-AS1	chr21	46840048	46840076	-0.130658110183163	0.0000228348764606564
ENSG00000237215	ABC12-47043100G14.2	chr8	12142390	12142526	-0.130146150946519	0.0000228961480479976
ENSG00000238273	AC012360.6	chr2	106016135	106016173	-0.15019962387816	0.0000229218369802647
ENSG00000182334	OR5P3	chr11	7847155	7847202	-0.212011413822351	0.0000229689965769463
ENSG00000211574	MIR770	chr14	101318659	101318783	-0.123676180619288	0.0000229964396147885
ENSG00000182272	B4GALNT4	chr11	372956	373052	-0.125737089620159	0.0000230122517297177
ENSG00000223663	RP5-890O3.3	chr1	1311847	1311866	-0.116415270877567	0.0000230171528217204
ENSG00000264189	CTD-2533G20.1	chr18	2230791	2230883	-0.218705463654713	0.0000230479418209892
ENSG00000234384	LINC01049	chr13	91049743	91049770	-0.215231508624954	0.0000231940810670316
ENSG00000251756	RNA5SP385	chr14	52171626	52171707	-0.104736533519729	0.0000233063979697031
ENSG00000237541	HLA-DQA2	chr6	32710921	32710937	-0.214343104065122	0.000023391568084702
ENSG00000167311	ART5	chr11	3659948	3659992	-0.186032580261319	0.0000233719953285741
ENSG00000258875	CTD-2547L24.3	chr14	91710015	91710072	-0.142904856230323	0.0000234090748535147
ENSG00000259227	RP11-64K10.1	chr15	70897214	70897245	-0.186296307525594	0.000023418322011709
ENSG00000231949	RP4-591L5.2	chr1	30985682	30985723	-0.210116858273812	0.0000235766115050076
ENSG00000135063	FAM189A2	chr9	71934644	71934647	-0.174296505581016	0.0000236347915915567
ENSG00000240237	CTD-2182N23.1	chr8	134003752	134003781	-0.12989504053135	0.0000236521686772591
ENSG00000237937	AP000770.1	chr11	116455679	116455698	-0.206877303806055	0.0000236606990211472
ENSG00000264203	AC092377.1	chr16	85455911	85455970	-0.282316299678361	0.0000236910984377715
ENSG00000177706	FAM20C	chr7	209940	210089	-0.103310759544756	0.000023740601695832
ENSG00000126217	MCF2L	chr13	113546516	113546632	-0.113916192976108	0.0000238438653878586
ENSG00000243175	RP11-58H15.1	chr4	144332856	144332903	-0.130980523737864	0.0000239637129759639
ENSG00000104888	SLC17A7	chr19	49933211	49933250	-0.140286239829746	0.0000239929341662976
ENSG00000175646	PRM1	chr16	11376290	11376323	-0.116367295789046	0.0000240670946313062
ENSG00000271377	RP11-33111.3	chr8	61789710	61789911	-0.268506846696982	0.0000240834559873922
ENSG00000145012	LPP	chr3	187870580	187870624	-0.123712653276104	0.00002411041666804
ENSG00000117983	MUC5B	chr11	1244299	1244533	-0.119325774246251	0.0000242091448225395
ENSG00000270120	RP11-327F22.6	chr16	50753623	50753628	-0.214117422911888	0.0000242623063291065
ENSG00000259771	RP11-429D19.1	chr15	59568629	59568653	-0.211618884863243	0.0000242800268131943
ENSG00000200421	Y_RNA	chr1	38201106	38201178	-0.105752595745884	0.000024281927853324
ENSG00000182307	C8orf33	chr8	146291509	146291547	-0.147315427258118	0.0000244067191522962
ENSG00000125826	RBCK1	chr20	400416	400460	-0.204024832636432	0.0000244121743990537
ENSG00000134757	DSG3	chr18	29027729	29027745	-0.133175891127545	0.0000248978757389967
ENSG00000231399	SNRPEP8	chr10	54898829	54898853	-0.279672581672435	0.0000250344685027174
ENSG00000254460	RP11-939C17.4	chr11	75201810	75201818	-0.168349006643665	0.0000250451767253661
ENSG00000065802	ASB1	chr2	239330391	239330426	-0.100178555633563	0.0000251960633870102
ENSG00000258576	CTD-2644I21.1	chr14	101037160	101037267	-0.117909291919058	0.0000252878588512782
ENSG00000243781	RP11-193H5.2	chr1	238090518	238090568	-0.136518209294924	0.0000253796252906483
ENSG00000252748	AL096869.1	chr14	91022386	91022475	-0.139213559305695	0.0000255445368524309

ENSG00000130508	PXDN	chr2	1637050	1637078	-0.179638324105619	0.0000256445946041153
ENSG00000238853	snoU13	chr14	103285697	103285806	-0.120602552237289	0.0000257952291909176
ENSG00000249443	RP11-1396O13.22	chr4	9535197	9535321	-0.104669719207875	0.0000258159528493333
ENSG00000199450	RNA5SP276	chr8	117050063	117050089	-0.296815500561108	0.0000258750514515485
ENSG00000262516	RP11-95J11.1	chr16	3931897	3931967	-0.114604983295745	0.0000258924083567458
ENSG00000262823	RP13-580F15.2	chr17	4379544	4379584	-0.135371575999128	0.0000259110260576601
ENSG00000234751	AP002381.2	chr11	72662445	72662451	-0.133905099482666	0.0000261485792260657
ENSG00000176022	B3GALT6	chr1	1171878	1171926	-0.153387562563254	0.0000261662697379612
ENSG00000233044	RP1-137K2.2	chr6	157505968	157505996	-0.119874182675927	0.0000262319519989674
ENSG00000182087	TMEM259	chr19	1005720	1005736	-0.193045055847978	0.0000262664188259597
ENSG00000134954	ETS1	chr11	128318549	128318562	-0.205050238705342	0.0000263907956535757
ENSG00000237797	RP11-472N13.3	chr10	31987285	31987333	-0.167617162099012	0.0000264998180839601
ENSG00000187550	SBK2	chr19	56031338	56031387	-0.104704132598662	0.0000265025708095993
ENSG00000266149	RP11-789C17.3	chr18	8367052	8367074	-0.120514902918361	0.0000266745627184558
ENSG00000258803	RP11-624J12.1	chr14	56979962	56980011	-0.14464050348672	0.0000266844876736711
ENSG00000258399	MEG8	chr14	101361004	101361040	-0.137882534307526	0.0000267926428735848
ENSG00000250535	STK19P	chr6	31980796	31980836	-0.122796836544285	0.0000269134361955438
ENSG00000234273	AC073071.1	chr7	109092255	109092332	-0.113323670910605	0.0000269169234746701
ENSG00000272141	RP11-465B22.8	chr1	1105426	1105568	-0.11446695599966	0.0000272424344528269
ENSG00000262117	BCAR4	chr16	11886794	11886833	-0.152372284835012	0.0000274481637782149
ENSG00000226917	RP11-328M4.3	chr6	41470836	41470930	-0.170756660831141	0.0000274484572490586
ENSG00000223394	TRBV29OR9-2	chr9	33795260	33795267	-0.137528458461193	0.000027509495596156
ENSG00000208001	MIR431	chr14	101347242	101347284	-0.105144972185444	0.0000278105846802829
ENSG00000264726	AL162711.1	chr13	113375753	113375763	-0.136118952813677	0.0000278331896564456
ENSG00000151320	AKAP6	chr14	32797149	32797165	-0.115883446445692	0.000028007487052497
ENSG00000267448	AC010649.1	chr19	3293446	3293523	-0.134705755789909	0.0000280657761243726
ENSG00000259541	RP11-778O17.4	chr11	120119179	120119213	-0.116342645782145	0.0000281901544181933
ENSG00000215458	AP001053.11	chr21	45232381	45232422	-0.106817346600075	0.0000284129187905564
ENSG00000108684	ASIC2	chr17	31340787	31340827	-0.1336707744054244	0.000028440984898227
ENSG00000027001	MIPEP	chr13	24279515	24279531	-0.131957819933202	0.0000285057737103512
ENSG00000101577	LPIN2	chr18	2917356	2917366	-0.107120061612241	0.0000285527157920604
LRG_174	LRG_174	chr18	2917356	2917366	-0.107120061612241	0.0000285527157920604
ENSG00000211896	IGHG1	chr14	106209434	106209436	-0.101108795827182	0.0000285852342386217
ENSG00000183454	GRIN2A	chr16	9856003	9856044	-0.214509379596175	0.0000287435475118244
ENSG00000253595	CTD-3064M3.1	chr8	142356589	142356693	-0.154793581681646	0.00002884865963373
ENSG00000206833	RNU6-20P	chr16	57864509	57864540	-0.218015547441364	0.0000288622945940544
ENSG00000099797	TECR	chr19	14626925	14626943	-0.127412010255916	0.0000289114763462262
ENSG00000231980	AC011899.10	chr7	157809107	157809145	-0.109149722014468	0.0000289803290689543
ENSG00000239153	snoU13	chr11	115493909	115493934	-0.195951749758429	0.0000290233815348628
ENSG00000253250	C8orf88	chr8	91953076	91953137	-0.19090798790296	0.0000290670011582146
ENSG00000265356	RP11-17M24.1	chr17	32258281	32258330	-0.156413008226556	0.0000291220415445523
ENSG00000222067	RNU4-86P	chr11	126083969	126084025	-0.154609579658499	0.0000291767058123702
ENSG00000260710	RP11-616M22.7	chr16	1341680	1341833	-0.119005600894924	0.0000292582282384456
ENSG00000181609	OR52D1	chr11	5510459	5510501	-0.161621564540021	0.0000292725090991273
ENSG00000269439	CTD-3131K8.2	chr19	17609992	17610025	-0.172198259584687	0.0000294106063222396
ENSG00000254207	RP11-43A14.1	chr8	644822	644901	-0.188762813385145	0.0000294265574069356
ENSG00000236083	OR13E1P	chr9	35860158	35860175	-0.120804083765896	0.0000294340424756014
ENSG00000259914	RP11-298D21.2	chr16	83786564	83786579	-0.178628791037216	0.0000294376127067462
ENSG00000197353	LYPD2	chr8	143833942	143833962	-0.132665312833794	0.0000294762877109412
ENSG00000214866	DCDC2C	chr2	3818743	3818767	-0.105872484605742	0.0000294814637901773
ENSG00000252956	RNA5SP40	chr1	9527173	9527239	-0.132799496958859	0.000029717265693078
ENSG00000237401	AC107070.1	chr2	4004620	4004714	-0.130426933200985	0.0000298264787099809
ENSG00000272529	RP11-415F23.4	chr3	16394427	16394470	-0.120791692154192	0.0000298402681199001
ENSG00000234421	SLC25A5P4	chr13	57859719	57859748	-0.107216536927701	0.0000298662801696537
ENSG00000250577	RP11-577B7.1	chr4	139832148	139832179	-0.106070954341775	0.0000298975603580636
ENSG00000179270	C2orf71	chr2	29287762	29287807	-0.1146091892556	0.0000299068415586528
ENSG00000124788	ATXN1	chr6	16320609	16320648	-0.150013021625896	0.0000301559478275704
ENSG00000232873	AC046143.6	chr3	194293214	194293278	-0.192455285375824	0.000030250648405097
ENSG00000267073	AC005256.1	chr19	1729810	1729869	-0.100969474581317	0.000030262019170288
ENSG00000106976	DNM1	chr9	130979331	130979380	-0.11421076058094	0.0000302817626726295
ENSG00000206588	RNU1-28P	chr14	35023938	35023957	-0.125768443230153	0.0000305832835733131
ENSG00000259102	CTD-2552B11.2	chr14	21630804	21630818	-0.174710403716284	0.0000306948362767779
ENSG00000132259	CNGA4	chr11	6265474	6265537	-0.11019875634731	0.0000309111061689046
ENSG00000207805	MIR483	chr11	2155007	2155020	-0.114565792507379	0.0000310087394401968
ENSG00000136315	RP11-84C10.2	chr14	21387295	21387334	-0.12736971292383	0.0000310628979145972
ENSG00000163145	C1QTNF7	chr4	15341611	15341659	-0.146378125531	0.0000311778737707187
ENSG00000222997	Y_RNA	chr10	132284858	132284946	-0.115348255673167	0.000031256187316224
ENSG00000271763	RP11-386M24.9	chr15	93152750	93152796	-0.118020524582031	0.0000312598090690785
ENSG00000186732	MPPED1	chr22	43821093	43821115	-0.103551353828392	0.0000312670759053257

ENSG00000261053	CTD-2144E22.2	chr16	34293670	34293700	-0.128569119243294	0.0000313242742875209
ENSG00000227288	RP5-837I24.1	chr1	81968784	81968834	-0.105921871916064	0.000031338088399982
ENSG00000141101	NOB1	chr16	69776039	69776229	-0.118991619680529	0.0000313553173054785
ENSG00000244159	RP11-1070A24.1	chr8	54798794	54798797	-0.192978643376454	0.0000315884963033153
ENSG00000158480	SPATA2	chr20	48526654	48526743	-0.150670076580271	0.000031623724133981
ENSG00000170631	ZNF16	chr8	146130052	146130084	-0.195792162498053	0.0000316736904019283
ENSG00000250471	GMPSP1	chr4	8173987	8174211	-0.181001027350391	0.0000316744612703067
ENSG00000236272	Z82214.3	chr22	43605966	43606034	-0.112470697421995	0.0000318215413261218
ENSG00000230739	RP11-331H2.4	chr1	162816809	162816816	-0.207676948193277	0.0000318861668483163
ENSG00000249908	CTD-2589H19.4	chr5	773286	773314	-0.146836805783914	0.000031923982554911
ENSG00000226525	RPS7P10	chr13	22182219	22182258	-0.151160148221624	0.0000321482305038008
ENSG00000254772	EEF1G	chr11	62321194	62321225	-0.105560067986789	0.000032235177842456
ENSG00000253486	RP11-726G23.7	chr8	43129677	43129726	-0.119433888503015	0.0000324064653993788
ENSG00000198331	HYLS1	chr11	125753486	125753589	-0.157782245606348	0.000032414251917566
ENSG00000256462	RP11-116G8.5	chr10	5588132	5588144	-0.160736235848142	0.0000325929832265609
ENSG00000226989	AL049758.2	chr22	43253937	43254011	-0.113679357670859	0.0000326376027533968
ENSG00000177830	CHID1	chr11	867032	867038	-0.173413933353381	0.0000326391059165476
ENSG00000254812	RP11-661A12.12	chr8	144714924	144714933	-0.191590624307056	0.0000326744975021177
ENSG00000233123	LINC01007	chr7	101171315	101171338	-0.189381484323968	0.0000328412256695651
ENSG00000185198	PRSS57	chr19	687077	687111	-0.231544020451391	0.0000328772314360561
ENSG00000254771	RP11-50B3.1	chr11	126055023	126055055	-0.147383499646719	0.0000329292674150735
ENSG00000253632	RP11-486M23.1	chr8	29344567	29344651	-0.115565014231195	0.0000329590773736119
ENSG00000183562	AC131971.1	chr11	3016435	3016519	-0.156598753059539	0.000033077716968269
ENSG00000263982	RP11-504I13.3	chr18	74088737	74088827	-0.104220336072481	0.0000330889766074501
ENSG00000222808	RNU4-47P	chr17	75160257	75160333	-0.137981250010786	0.0000331339234088212
ENSG00000263973	MIR4760	chr21	41550837	41550917	-0.100782324200968	0.0000331485602063606
ENSG00000253373	RP11-21C17.1	chr8	70121401	70121443	-0.354363522897183	0.0000332112569105966
ENSG00000255063	RP11-718B12.1	chr11	82517276	82517333	-0.114583144243542	0.000033242232806401
ENSG00000253880	RP11-124B13.1	chr8	5901835	5902012	-0.102844519479909	0.0000333451892935194
ENSG00000186051	TAL2	chr9	108424811	108424837	-0.105926397932168	0.0000333866943077115
ENSG00000255244	RP11-583F24.8	chr11	18957755	18957828	-0.213963846655706	0.0000336620503924645
ENSG00000234560	OR10G8	chr11	123901005	123901011	-0.100260157685902	0.0000340131940865805
ENSG00000108679	LGALS3BP	chr17	76970718	76970763	-0.147251180921733	0.0000342239813054996
ENSG00000161664	ASB16	chr17	42248206	42248299	-0.154998782510332	0.0000343567426762925
ENSG00000253753	AC145123.2	chr8	143719854	143720048	-0.102972295437742	0.0000344637134818703
ENSG00000258364	RP11-536C10.16	chr14	19412070	19412098	-0.135450282364225	0.0000345825624168333
ENSG00000258996	CTD-2315A10.1	chr14	59650878	59650919	-0.116753102655742	0.0000347895034578095
ENSG00000173638	SLC19A1	chr21	46909187	46909202	-0.141439118382992	0.000034817774868715
ENSG00000167900	TK1	chr17	76171145	76171214	-0.144087784083807	0.0000348214121135879
ENSG00000147679	UTP23	chr8	117796191	117796195	-0.134121629847076	0.0000348377194382639
ENSG00000168056	LTBP3	chr11	65318587	65318819	-0.289368171266681	0.0000350363623281165
ENSG00000273032	DGCR9	chr22	19003761	19003808	-0.108220446623075	0.0000350987206065275
ENSG00000265508	CD44	chr11	35179858	35179902	-0.11344671255676	0.0000352011093361147
ENSG00000201723	Y_RNA	chr18	76311677	76311681	-0.138625081902645	0.0000352152403535989
ENSG00000154188	ANGPT1	chr8	108263868	108263875	-0.117513152213707	0.0000352884849948861
ENSG0000027075	PRKCH	chr14	61685634	61685678	-0.106454338428312	0.0000353735037842731
ENSG00000260338	RP11-124K4.1	chr16	5657156	5657313	-0.140049715991103	0.0000354195052020846
ENSG00000225619	MYT1L-AS1	chr2	2335761	2335803	-0.111194350178134	0.000035538793743874
ENSG00000171509	RXFP1	chr4	159234822	159234845	-0.191588885261201	0.000035629646398139
ENSG00000074755	ZZEF1	chr17	3907349	3907470	-0.116184699103154	0.0000356425384982409
ENSG00000235472	EIF4A1P7	chr13	29158076	29158168	-0.110801578302435	0.0000359031695455132
ENSG00000263629	MIR5586	chr14	60099753	60099775	-0.21913102453061	0.000036062688202266
ENSG00000228216	RP11-367F23.1	chr9	93727535	93727631	-0.128348638774473	0.0000361821062138638
ENSG00000265259	RN7SL247P	chr18	21849412	21849415	-0.129787955124213	0.0000362794748734925
ENSG00000196504	PRPF40A	chr2	153504333	153504387	-0.157955436085362	0.0000362978209751891
ENSG00000257067	AP000797.4	chr11	115776838	115776871	-0.187130760882427	0.0000363564125206473
ENSG00000237073	RP11-168K11.2	chr9	116343190	116343261	-0.109381826005155	0.0000363595885358012
ENSG00000227660	RP11-162J8.2	chr6	149196894	149196915	-0.212233096083908	0.0000364309332684618
ENSG00000206013	IFITM5	chr11	298513	298678	-0.128232306806377	0.000036458046161022
ENSG00000261153	RP11-104C4.2	chr16	33611222	33611224	-0.11222353367009	0.0000365113966686777
ENSG00000174885	NLRP6	chr11	278394	278450	-0.108348505625038	0.0000366439392841315
ENSG00000254325	RP11-318K15.2	chr8	56805707	56805725	-0.14374453686542	0.0000367004482036207
ENSG00000253832	CTD-2168K21.1	chr8	24855215	24855264	-0.173435876829974	0.000036703256130171
ENSG00000243005	RN7SL16P	chr4	24589993	24590028	-0.170945042757189	0.000036848885361528
ENSG00000203268	AL445199.1	chr10	134899162	134899204	-0.15352880294503	0.0000369189860075426
ENSG00000207875	MIRLET7B	chr22	46516375	46516421	-0.145002938025915	0.0000371505911547578
ENSG00000160339	FCN2	chr9	137772700	137772750	-0.127999825593576	0.0000371938689212338
ENSG00000260509	RP11-271M24.2	chr13	25862546	25862665	-0.10614124779864	0.0000374817146910788
ENSG00000228092	COX6CP15	chr10	79239844	79239880	-0.155867479451862	0.0000375332472476353

ENSG00000250733	C8orf17	chr8	140971143	140971190	-0.243839079309747	0.0000376155350426453
ENSG00000136295	TTYH3	chr7	2684443	2684462	-0.133762261910327	0.0000379316744361457
ENSG00000223624	RP1-125I3.4	chr1	26218618	26218676	-0.128155307539223	0.000037958622765251
ENSG00000254803	RP11-529A4.9	chr11	89783194	89783205	-0.197127598561639	0.0000379974336389724
ENSG00000196611	MMP1	chr11	102664716	102664724	-0.155103290748597	0.0000380060025547022
ENSG00000252139	RP11-17A4.3	chr8	57442398	57442407	-0.244721896992032	0.0000380103004702042
ENSG00000233780	HNRNPA1P30	chr13	21514007	21514020	-0.168204214864322	0.0000380129071552241
ENSG00000252642	RNA5SP137	chr3	124762705	124762753	-0.165984338865064	0.0000380686471990409
ENSG00000206678	RNU6-144P	chr8	138117594	138117600	-0.211217948468655	0.0000381504556649599
ENSG00000244244	RPS3AP42	chr11	92265020	92265023	-0.304875338013226	0.0000381880100677685
ENSG00000227364	AC018685.2	chr2	2732514	2732658	-0.109121292784666	0.0000382929425275877
ENSG00000252266	Y_RNA	chr4	5401501	5401566	-0.128624812587759	0.0000383668301954045
ENSG00000188385	JAKMIP3	chr10	133921241	133921283	-0.104215795598145	0.0000383824280027646
ENSG00000130182	ZSCAN10	chr16	3139034	3139266	-0.145629473407222	0.0000384588865797581
ENSG00000256315	AP000462.1	chr11	115293056	115293065	-0.135271730594629	0.0000385816558439172
ENSG00000100599	RIN3	chr14	92927724	92927763	-0.200085495742995	0.0000386012784687177
ENSG00000184163	FAM132A	chr1	1177893	1178206	-0.133276276847224	0.0000386166234111923
ENSG00000207994	MIR100	chr11	122022972	122022991	-0.133034319986149	0.0000386555573491586
ENSG00000254845	OR8G7P	chr11	124109459	124109522	-0.326150438149843	0.0000387812735302043
ENSG00000211899	IGHM	chr14	106320384	106320797	-0.124355398357076	0.0000388633691688301
ENSG00000136834	OR1J1	chr9	125251712	125251724	-0.151610905187881	0.0000389685560266737
ENSG00000201643	SNORA14A	chr7	75586417	75586434	-0.27904009130175	0.0000391476093680641
ENSG00000250954	RP11-79E3.3	chr4	33744878	33744929	-0.145243682630649	0.0000391639227378689
ENSG00000203485	INF2	chr14	105155219	105155433	-0.113249926163814	0.0000393275829987335
ENSG00000104537	ANXA13	chr8	124693308	124693396	-0.185674122593627	0.0000393997946936398
ENSG00000223979	SMCR2	chr17	17579323	17579362	-0.192340547383639	0.0000394709227879507
ENSG00000229299	RP4-583P15.10	chr20	62384919	62385006	-0.113518025577582	0.0000396665286728077
ENSG00000232413	RP11-343J18.2	chr9	128777764	128777854	-0.119747621961349	0.000039732240023256
ENSG00000064313	TAF2	chr8	120779741	120779819	-0.180431664674353	0.0000397336643579671
ENSG00000258859	RP11-594C13.1	chr14	87854098	87854113	-0.215173688956356	0.0000397657797143573
ENSG00000206751	Y_RNA	chr14	73297687	73297696	-0.172956913958391	0.000040095862521117
ENSG00000260443	CTD-3057O21.1	chr16	87970803	87970811	-0.126615309431996	0.0000401068856317066
ENSG00000198283	OR5B21	chr11	58281450	58281496	-0.107393950372193	0.0000401689414810117
ENSG00000128271	ADORA2A	chr22	24811146	24811272	-0.135730341531657	0.0000402181299294872
ENSG00000137040	RANBP6	chr9	6009806	6009838	-0.112906932805433	0.0000402261961810038
ENSG00000136933	RABEPK	chr9	127960168	127960209	-0.120521086643097	0.000040399031910573
ENSG00000221291	AC090660.1	chr18	50335910	50335967	-0.179189257253005	0.000040633067826663
ENSG00000073150	PANX2	chr22	50585393	50585427	-0.100310315531855	0.0000406724046366363
ENSG00000164900	GBX1	chr7	150822902	150823041	-0.163399761529858	0.0000407663765452042
ENSG00000138821	SLC39A8	chr4	103157316	103157321	-0.168380757234669	0.0000408397842931445
ENSG00000259847	RP11-95H3.1	chr16	65152965	65152993	-0.108648069931474	0.0000412294661889271
ENSG00000130475	FCHO1	chr19	17862210	17862246	-0.109628456838077	0.0000412474112669116
ENSG00000253704	RP11-267M23.4	chr8	95564201	95564213	-0.102930792210922	0.0000413716823707712
ENSG00000197785	ATAD3A	chr1	1445003	1445031	-0.122355313760912	0.0000415471872727379
ENSG00000262172	CTD-2529O21.1	chr17	77964774	77964795	-0.110375825305116	0.0000419033303456688
ENSG00000204344	STK19	chr6	31938855	31938891	-0.128424702040471	0.0000419220575364665
ENSG00000252710	RNU6-295P	chr8	49219653	49219689	-0.20963200938736	0.0000422455210204966
ENSG00000250698	RP11-392B6.1	chr4	141014217	141014250	-0.100728411656427	0.0000423391386151865
ENSG00000250503	RP11-401I19.1	chr4	131769539	131769547	-0.108062428528502	0.0000423984539169574
ENSG00000198010	DLGAP2	chr8	1449395	1449401	-0.111508947765123	0.0000424203188436531
ENSG00000273396	RP11-326I19.3	chr4	4852967	4852976	-0.110561469738855	0.0000425959180309813
ENSG00000130332	LSM7	chr19	2310250	2310332	-0.156564458630918	0.0000426413252323991
ENSG00000263508	RP11-963H4.3	chr17	10740564	10740596	-0.166564136752643	0.0000426811249252789
ENSG00000228917	RP11-544M22.8	chr1	161059244	161059327	-0.131046392573593	0.0000427292771304974
ENSG00000248939	RP11-395F4.1	chr4	43084546	43084573	-0.173241886335854	0.000042772345344275
ENSG00000238460	AC068587.2	chr8	12435523	12435562	-0.113843969341917	0.0000428048998354212
ENSG00000261540	RP11-281J9.2	chr16	78011547	78011572	-0.198214754302106	0.0000428842296250875
ENSG00000267647	MAP1LC3P	chr18	52625365	52625368	-0.131227912460352	0.0000429981972245496
ENSG00000235984	GPC5-AS1	chr13	93329924	93329953	-0.239848758137964	0.0000430115718094769
ENSG00000205129	C4orf47	chr4	186350559	186350573	-0.171927243196553	0.0000431795633519573
ENSG00000028277	POU2F2	chr19	42592943	42592983	-0.213123759003203	0.0000435062996276774
ENSG00000264741	MIR4505	chr14	74220241	74220257	-0.116460198737441	0.0000435100202429012
ENSG00000147996	CBWD5	chr9	70490827	70490874	-0.138470129646076	0.0000435172031402815
ENSG00000207583	MIR606	chr10	77258205	77258239	-0.261678187068331	0.0000435644190034557
ENSG00000241722	RP11-255I10.1	chr4	112396394	112396444	-0.168325017034722	0.0000436725902893555
ENSG00000182048	TRPC2	chr11	3638256	3638280	-0.127877450261669	0.0000436975162572823
ENSG00000261467	RP11-731K22.1	chr7	73408040	73408113	-0.196400746720688	0.000043921239608966
ENSG00000223884	AC019048.1	chr2	7172706	7172785	-0.100826960560836	0.0000440802091486784
ENSG00000238305	snoU13	chr13	100523123	100523169	-0.171177251131186	0.0000442710062299573

ENSG00000251919	RNU7-105P	chr11	72343333	72343396	-0.170727083867582	0.0000444089687522079
ENSG00000167104	BPIFB6	chr20	31618199	31618239	-0.131124154556272	0.0000446188726424705
ENSG00000269881	ITFG3	chr16	303165	303221	-0.111701931724683	0.0000446489006325259
ENSG00000110786	PTPN5	chr11	18750165	18750245	-0.169607864392213	0.0000448468430039377
ENSG00000266905	RP11-1058N17.1	chr18	46482429	46482439	-0.10622321189847	0.0000448644878502957
ENSG00000106004	HOXA5	chr7	27179495	27179510	-0.160034519777189	0.0000448951240122548
ENSG00000215160	OR7E122P	chr3	8725108	8725152	-0.122924849532821	0.0000449207746620271
ENSG00000126215	XRCC3	chr14	104165065	104165277	-0.100870801959611	0.0000450086967805083
ENSG00000214823	NXT1P1	chr13	39743788	39743804	-0.105762012808643	0.0000450953754809241
ENSG00000241011	RP11-713C19.1	chr4	189030897	189030946	-0.161320323049215	0.0000452169594433326
ENSG00000150630	VEGFC	chr4	177648903	177648950	-0.126108123268511	0.0000452617295052974
ENSG00000135999	EPC2	chr2	149478402	149478494	-0.127302888938952	0.0000455742213271755
ENSG00000271173	RP11-272J7.6	chr10	44197934	44197975	-0.107098454951725	0.0000456121062349153
ENSG00000243445	RP11-715J22.1	chr16	2358190	2358417	-0.107978028865928	0.00004563327099881
ENSG00000264720	MIR3117	chr1	67064425	67064467	-0.159327488014711	0.0000459644887367005
ENSG00000259968	RP11-428C6.2	chr5	73196947	73196992	-0.114004692112528	0.0000460501497798388
ENSG00000207858	MIR622	chr13	90883701	90883716	-0.106544785417998	0.0000460912462108655
ENSG00000248872	RP11-344G13.1	chr4	171965586	171965653	-0.121575090509904	0.0000462439824702853
ENSG00000184113	CLDN5	chr22	19515504	19515552	-0.143175973338267	0.0000462443249536075
ENSG00000154370	TRIM11	chr1	228581249	228581288	-0.135457588679522	0.0000466854201362013
ENSG00000271624	RP11-651K21.1	chr11	131607892	131607922	-0.188419472522675	0.0000467364973634527
ENSG00000228430	RP11-15B24.5	chr9	84888435	84888483	-0.115976828259596	0.0000468018500558036
ENSG00000236081	AC074389.9	chr7	1781907	1782015	-0.108007215028508	0.0000468987185396862
ENSG00000254656	RTL1	chr14	101347044	101347054	-0.109442708294828	0.0000472154539017655
LRG_460	LRG_460	chr11	67242206	67242215	-0.111410833177014	0.0000473206046206113
ENSG00000231920	NEBL-AS1	chr10	21455953	21456039	-0.131947557852606	0.0000474246929760461
ENSG00000241641	RPS23P6	chr16	12172784	12172980	-0.155490168720103	0.0000475447403062479
ENSG00000252519	RNU6-783P	chr11	24013119	24013152	-0.101137206746858	0.0000479031176956873
ENSG00000269901	RP11-178L8.9	chr16	87378884	87379021	-0.16432527445087	0.0000482973204961546
ENSG00000252508	RNU4ATAC3P	chr13	92454581	92454605	-0.23412164709851	0.0000483885174964753
ENSG00000199796	RNU6-924P	chr19	46807554	46807640	-0.171867577366755	0.0000485971414187878
ENSG00000196361	ELAVL3	chr19	11564498	11564522	-0.127424238652847	0.0000488785215173526
ENSG00000251562	MALAT1	chr11	65247201	65247224	-0.113078393650716	0.0000491685396459559
ENSG00000196652	ZKSCAN5	chr7	99096308	99096357	-0.136271670442705	0.0000495787968908018
ENSG00000224110	RP11-274M4.1	chr8	130738941	130738947	-0.111582837826772	0.0000501391715438407
ENSG00000269651	CTD-3020H12.3	chr19	8197949	8197982	-0.170561026312585	0.0000501451923739005
ENSG00000202322	RNA5SP131	chr3	50488230	50488278	-0.202365647345918	0.0000502858221130699
ENSG00000201609	RNU4-28P	chr1	19795369	19795408	-0.129485360609387	0.0000503529057034226
ENSG00000237175	NME1P1	chr13	22615049	22615155	-0.118211547781005	0.0000504160741951335
ENSG00000187762	HSPE1P11	chr6	35027081	35027147	-0.14834155474606	0.0000504223194111764
ENSG00000188322	SBK1	chr16	28306666	28306710	-0.132861420830822	0.0000504932942254413
ENSG00000131650	KREMEN2	chr16	3010313	3010425	-0.188594722466259	0.0000508840003503355
ENSG00000249304	RP11-26P13.2	chr4	114899961	114900050	-0.150915439379985	0.0000510949617148162
ENSG00000254510	RP11-867G23.10	chr11	66177637	66177645	-0.141818006328223	0.0000512039145888691
ENSG00000253654	CTD-2210A23.1	chr8	49195245	49195258	-0.117940965113794	0.0000514146846081125
ENSG00000136149	RPL13AP25	chr13	54892678	54892711	-0.160755074624776	0.0000514735719889575
ENSG00000242595	RP11-648L3.1	chr8	59043471	59043488	-0.167020742304389	0.0000515368156042333
ENSG00000263666	SNORA70D	chr16	71716365	71716410	-0.344296168243567	0.0000517027266785288
ENSG00000265056	MIR548S	chr2	11917784	11917805	-0.178896958985765	0.0000517689724142031
ENSG00000143669	LYST	chr1	235805676	235805756	-0.270200948947746	0.0000518480722302275
ENSG00000048649	RSF1	chr11	77351243	77351267	-0.136763044271901	0.0000520274669626212
ENSG00000105339	DENND3	chr8	142111575	142111579	-0.124410950001377	0.0000523192199978437
ENSG00000172867	KRT2	chr12	53045745	53045776	-0.122672701728583	0.00005232349992166602
ENSG00000157933	SKI	chr1	2180027	2180042	-0.105138569095382	0.00005245369027377
ENSG00000255741	RP11-757G1.5	chr11	68715641	68715674	-0.13679265782051	0.0000531110172008616
ENSG00000129474	AJUBA	chr14	23445909	23445918	-0.149151908480596	0.0000531441952678627
ENSG00000245522	RP11-540A21.2	chr11	9772238	9772285	-0.178640747827797	0.0000532376124127204
ENSG00000255840	AC022555.1	chr8	61326619	61326650	-0.114216301096563	0.0000532628004268851
ENSG00000258689	RP6-65G23.1	chr14	71177092	71177155	-0.263610774782725	0.00005338258072227
ENSG00000100604	CHGA	chr14	93395464	93395551	-0.105521282502735	0.0000539619900934425
ENSG00000254839	AF131215.6	chr8	10919405	10919453	-0.154806519648882	0.0000540531119130982
ENSG00000168096	ANKS3	chr16	4751149	4751326	-0.103235786467201	0.0000541849618214178
ENSG00000165799	RNASE7	chr14	21510003	21510036	-0.101921589499379	0.0000541868610968484
ENSG00000213713	PIGCP1	chr11	33087476	33087498	-0.100842367411307	0.0000547050259885274
ENSG00000176723	ZNF843	chr16	31451990	31452028	-0.110395419820851	0.0000547649992166602
ENSG00000180773	SLC36A4	chr11	92850470	92850491	-0.203844943578267	0.0000550368785754794
ENSG00000167972	ABCA3	chr16	2331126	2331317	-0.103427059626031	0.0000550432782827583
ENSG00000266508	MIR3201	chr22	48734211	48734255	-0.152980362478438	0.0000550791460177076
ENSG00000223760	MED15P9	chr2	130887283	130887311	-0.119545312448565	0.0000552299551139716

ENSG00000231981	RPL7L1P12	chr13	99629961	99629970	-0.113956608682956	0.0000558155604654325
ENSG00000262267	U95743.1	chr16	13833667	13833696	-0.134032227218937	0.0000559691173156205
ENSG00000254740	RP11-334E6.3	chr11	119242685	119242725	-0.163094038291148	0.0000563617988276641
ENSG00000249411	RP11-391J13.1	chr4	176014544	176014574	-0.101978770343529	0.0000564992704835619
ENSG00000131778	CHD1L	chr1	146710676	146710721	-0.175499942409243	0.0000565114760107438
ENSG00000185313	SCN10A	chr3	38739727	38739769	-0.120496060751128	0.0000565331096624949
ENSG00000250295	RP11-434I12.2	chr8	74209511	74209550	-0.102480549916658	0.0000565954407351017
ENSG00000149922	TBX6	chr16	30092402	30092428	-0.138774141899266	0.0000570671320333233
ENSG00000175147	TMEM51-AS1	chr1	15256604	15256646	-0.115564368871726	0.0000571582651245508
ENSG00000095637	SORBS1	chr10	97094399	97094417	-0.143263389060147	0.0000572534287855339
ENSG00000237936	RP11-224P11.1	chr10	30217994	30218025	-0.130212055949388	0.0000574616462262294
ENSG00000080503	SMARCA2	chr9	2005596	2005616	-0.10989229249855	0.0000574653093651338
ENSG00000260022	LA16c-306A4.1	chr16	931086	931242	-0.110382555288935	0.0000575841965805386
ENSG00000259428	HMGB3P26	chr14	103827163	103827177	-0.144628094744759	0.0000577156705105145
ENSG00000171345	KRT19	chr17	39680140	39680211	-0.184918830589142	0.0000577223780063089
ENSG00000263011	RP11-473M20.11	chr16	3148536	3148585	-0.10368901280912	0.0000578412976467712
ENSG00000218422	AC016773.1	chr4	1748754	1748859	-0.128154134667095	0.0000579011862389315
ENSG00000221446	AC09805.1	chr8	72393773	72393813	-0.117670711946662	0.0000583128375838772
ENSG00000149418	ST14	chr11	130014130	130014143	-0.105678305144712	0.0000583135341544444
ENSG00000269048	Z98049.1	chr6	166944347	166944375	-0.1590837238287	0.0000585169814208009
ENSG00000248848	PPBPP2	chr4	74921023	74921052	-0.2205443862899	0.0000585386048288738
ENSG00000149557	FEZ1	chr11	125325895	125325939	-0.12018751013988	0.0000590473073159621
ENSG00000238366	Y_RNA	chr10	6297892	6297974	-0.168408145622206	0.0000591906104009039
ENSG00000124466	LYPD3	chr19	43969839	43969886	-0.106453533647195	0.0000592047182460241
ENSG00000136444	RSAD1	chr17	48559489	48559550	-0.130951515571123	0.0000593473435634548
ENSG00000266586	CTD-2382H12.2	chr18	76670312	76670370	-0.158078792200473	0.0000596778118577642
ENSG00000257096	AE000658.22	chr14	21991237	21991255	-0.224087409040954	0.0000598293786511625
ENSG00000223959	AFG3L1P	chr16	90040387	90040417	-0.137426181226538	0.0000599982335600201
ENSG00000254910	RP11-326C3.7	chr11	309305	309352	-0.159359732567755	0.0000600962369821225
ENSG00000169071	ROR2	chr9	94340862	94340911	-0.149746407927954	0.000060146893297997
ENSG00000148123	LPPR1	chr9	103789166	103789186	-0.138552784251788	0.0000606168052162179
ENSG00000183250	C21orf67	chr21	46353558	46353642	-0.156423361870929	0.0000606224130618572
ENSG00000167207	NOD2	chr16	50715529	50715558	-0.179947935096029	0.000060644487404994
ENSG00000256586	AC091171.1	chr8	21961844	21961895	-0.189935428440912	0.0000607490898091729
ENSG00000267036	AC005559.3	chr19	595662	595726	-0.121069307626422	0.0000609558288711843
ENSG00000248980	RP11-87F15.2	chr4	177215391	177215399	-0.106541129434106	0.0000609676034094193
ENSG00000199217	RNU6-1123P	chr11	119524210	119524289	-0.111265985299488	0.0000609986649195205
ENSG00000107164	FUBP3	chr9	133399469	133399510	-0.136269590625646	0.0000612507519746005
ENSG00000171858	RPS21	chr20	60945522	60945566	-0.131758327811271	0.0000612891032667023
ENSG00000238898	RNU1-80P	chr17	75905677	75905724	-0.116884185829929	0.0000613591144441315
ENSG00000225801	RABPKP1	chr13	71865192	71865238	-0.199861223497033	0.0000617158452076111
ENSG00000161609	CCDC155	chr19	49893460	49893487	-0.188692939071451	0.0000617702765916747
ENSG00000115257	PCSK4	chr19	1473187	1473209	-0.203709899699991	0.0000617813722389219
ENSG00000258425	CTD-2207P18.1	chr14	75018866	75018880	-0.183111233094593	0.0000619712158304267
ENSG00000053918	KCNQ1	chr11	2447412	2447540	-0.137501376364623	0.0000620167083698169
ENSG00000072274	TFRC	chr3	195749125	195749153	-0.199634671037001	0.0000621211389753198
ENSG00000177370	TIMM22	chr17	896362	896389	-0.163411776560763	0.0000621725672117115
ENSG00000265654	AL513547.1	chr6	170038665	170038733	-0.14029849476899	0.0000623137149976758
ENSG00000215595	C20orf202	chr20	1187648	1187679	-0.132854796373451	0.0000624287574985337
ENSG00000227880	RP11-46E17.6	chr22	27838519	27838557	-0.125514898289876	0.0000624414677249204
ENSG00000230487	PSMG3-AS1	chr7	1627228	1627287	-0.125962226930964	0.0000624538077918569
ENSG00000242913	RP11-98P2.1	chr8	26123579	26123673	-0.128116049551918	0.0000627548814572569
ENSG00000147604	RPL7	chr8	74203746	74203855	-0.104192119727308	0.0000629820430669336
ENSG00000236303	RP11-540N6.1	chr10	132154839	132154919	-0.103756601111714	0.0000630268176829094
ENSG00000204290	BTNL2	chr6	32371506	32371538	-0.165343832351185	0.0000632192918935625
ENSG00000170955	PRKCDBP	chr11	6355086	6355118	-0.143182448369768	0.0000632970212120867
ENSG00000268211	AL359091.2	chr9	131058090	131058132	-0.260517736091172	0.0000633474227137337
ENSG00000272444	RP11-1017G21.6	chr14	102418512	102418674	-0.127914131141613	0.000063522897896872
ENSG00000255808	RP11-31L22.3	chr11	72350743	72350770	-0.100334876672316	0.0000637334842322394
ENSG00000251443	RP11-113I22.1	chr5	33297895	33297944	-0.147006110873175	0.0000641434164678846
ENSG00000053747	LAMA3	chr18	21270479	21270562	-0.143413154919743	0.0000643778182390792
ENSG00000244413	RP11-1057B8.1	chr8	135938126	135938190	-0.117602913406215	0.0000647113528000286
ENSG00000256035	AP000619.6	chr11	102669354	102669365	-0.166254911678702	0.0000649716614095465
ENSG00000200084	SNORD68	chr16	89634799	89634869	-0.103437753709361	0.0000651562184939909
ENSG00000264377	MIR4671	chr1	234445359	234445422	-0.146597047660725	0.0000651861403601029
ENSG00000227560	RP11-139K1.2	chr10	114833605	114833637	-0.137495944527453	0.0000654562127992263
ENSG00000168434	COG7	chr16	23383329	23383339	-0.146388333149974	0.0000655310061676719
ENSG00000225011	RP11-810H18.1	chr1	29825274	29825302	-0.165601166782303	0.0000658877551439056
ENSG00000216002	AC092576.1	chr2	236172341	236172457	-0.107506361809956	0.0000659163167156866

ENSG00000256618	MTRNR2L1	chr17	22020804	22020846	-0.170125229166908	0.0000662870632506314
ENSG00000158856	DMTN	chr8	21918069	21918075	-0.104549608182716	0.0000665283826716309
ENSG00000197575	RPS17P2	chr5	116052016	116052037	-0.113084310589473	0.0000669996186949675
ENSG00000262652	RP13-638C3.2	chr17	80535428	80535452	-0.166374879027798	0.0000671262596413959
ENSG00000104549	SQLE	chr8	126011755	126011845	-0.109534183435206	0.0000676113937613823
ENSG000002233157	RP3-388M5.8	chr22	44136813	44136863	-0.218102805293714	0.000067715456396685
ENSG00000100650	SRSF5	chr14	70178737	70178826	-0.135644193471059	0.0000679064192825697
ENSG00000137747	TMPRSS13	chr11	117800151	117800169	-0.103407537112175	0.0000684313045116356
ENSG00000255253	RP11-303G3.9	chr8	12513057	12513077	-0.132732849271953	0.0000685651713399316
ENSG00000261143	ADAMTS7P3	chr15	78268070	78268107	-0.14997597569559	0.0000688215015055803
ENSG00000205424	AL592528.1	chr21	47288533	47288572	-0.102357975016396	0.000068933194716798
ENSG00000220990	AL450423.1	chr13	54082088	54082123	-0.212606444172043	0.0000698238478880622
ENSG00000207620	MIR516A2	chr19	54264484	54264524	-0.102834642348323	0.0000700769533134124
ENSG00000233519	RP11-177F11.1	chr1	240569631	240569678	-0.113275740556467	0.0000702851302020076
ENSG00000105650	PDE4C	chr19	18331047	18331170	-0.188929262121735	0.0000703464068342337
ENSG00000160593	AMICA1	chr11	118066229	118066269	-0.120921629453482	0.0000711109262495978
ENSG00000131375	CAPN7	chr3	15228423	15228490	-0.327074782699635	0.000072231719662707
ENSG00000229462	AC127383.1	chr2	68672787	68672864	-0.100909243245586	0.0000723769387394661
ENSG00000261243	RP11-517C16.4	chr16	84560511	84560583	-0.132637489875074	0.0000726605890905329
ENSG00000260862	RP11-22H5.2	chr16	82816336	82816381	-0.162550111414475	0.0000727625354965312
ENSG00000234031	RPS3AP44	chr13	27141929	27141982	-0.164054686304233	0.0000728377175930273
ENSG00000258770	CTD-2007A10.1	chr14	88121815	88121823	-0.152256088251032	0.0000728657690800533
ENSG00000271584	RP11-89C3.4	chr11	110967983	110968147	-0.194866427470843	0.0000731474868896259
ENSG00000169696	ASPCR1	chr17	79949790	79949893	-0.126783091551532	0.0000742704104588763
ENSG00000151468	CCDC3	chr10	12887270	12887307	-0.119843526583079	0.0000745202363352733
ENSG00000258685	CTD-2315A10.2	chr14	59565341	59565364	-0.156859707768506	0.0000745382913920206
ENSG00000236053	LINC01067	chr13	109997274	109997328	-0.129323924357352	0.0000747782685712551
ENSG00000168268	NT5DC2	chr3	52553532	52553550	-0.161402955165713	0.0000749687091852469
ENSG00000235300	AC090627.1	chr17	46388387	46388465	-0.151184985231383	0.000075168601556064
ENSG00000260972	RP1-58B11.1	chr1	5561949	5562017	-0.118087884183468	0.0000752101618531288
ENSG00000200869	RNU6-457P	chr16	6954087	6954129	-0.141372875781284	0.0000752277867191653
ENSG00000243274	RN7SL571P	chr13	76765436	76765494	-0.101689539811642	0.0000753140828008152
ENSG00000268670	CTD-2622113.3	chr19	4062419	4062441	-0.130113991950059	0.0000753591147791083
ENSG00000177156	TALDO1	chr11	755534	755658	-0.169779156650908	0.0000756687836811543
ENSG00000234281	AC007970.1	chr2	211179707	211179748	-0.131443452261605	0.0000756885388366379
ENSG00000178199	ZC3H12D	chr6	149775753	149775833	-0.107400045412608	0.0000758181557180629
ENSG00000267226	RP11-126O1.5	chr18	56337136	56337146	-0.148541538650417	0.0000758546035900886
ENSG00000206422	LRRC30	chr18	7230203	7230245	-0.113229898239106	0.0000759957303919226
ENSG00000196917	HCAR1	chr12	123128955	123129014	-0.162533281688829	0.0000761138135877275
ENSG00000260067	RP11-98C8.1	chr16	49090095	49090117	-0.16552631405604	0.0000762100120722806
LRG_120	LRG_120	chr17	16842989	16843020	-0.154837209808822	0.00007624268897245532
ENSG00000137710	RDX	chr11	110055425	110055475	-0.106731535425682	0.0000762562012341669
ENSG00000076662	ICAM3	chr19	10445196	10445361	-0.108354933369611	0.0000763378793094906
ENSG00000256948	RP11-598F7.3	chr12	214080	214224	-0.106312048940343	0.0000770312184906154
ENSG00000251813	RNU6-983P	chr1	194400628	194400655	-0.109647027815852	0.0000777097424208769
ENSG00000253225	RP11-1057N3.2	chr8	130254545	130254556	-0.162452387835149	0.0000777646880083593
ENSG00000168398	BDKRB2	chr14	96661076	96661126	-0.152460908347814	0.0000778189607548645
ENSG00000267757	C19orf83	chr19	46144244	46144279	-0.143695315200903	0.0000782173691226966
ENSG00000259840	LA16c-380A1.1	chr16	758596	758642	-0.11093297173159	0.0000784172057040567
ENSG00000253838	RP11-44K6.2	chr8	39770462	39770485	-0.266776349548948	0.0000785894886751504
ENSG00000249539	MRPS36P2	chr4	187855554	187855626	-0.171731190390611	0.0000785934346677314
ENSG00000255380	RP11-684B20.1	chr11	98056446	98056488	-0.102766665398593	0.0000788878056394712
ENSG00000264490	WIZ-87327B8.1	chr20	61193980	61194021	-0.17805429531331	0.0000790108510462307
ENSG00000221120	MIR1224	chr3	183959222	183959235	-0.122176271182486	0.0000790872513953603
ENSG00000187172	BAGE2	chr21	10994899	10994949	-0.101809038301197	0.0000791770652016425
ENSG00000100600	LGMN	chr14	93077437	93077449	-0.158821503898325	0.0000794513725219172
ENSG00000260310	RP11-27M24.2	chr16	10652636	10652768	-0.268041102684116	0.0000796714898687451
ENSG00000251256	RP11-273B19.1	chr4	55708892	55708916	-0.186458278290341	0.0000798036268547431
ENSG00000237140	HSPE1P16	chr16	26082482	26082521	-0.179148596139794	0.0000801258692414389
ENSG00000088926	F11	chr4	187192399	187192429	-0.199529678354377	0.0000801274112728209
ENSG00000255385	RP11-313I2.2	chr11	89430544	89430562	-0.277565164453401	0.0000803429009801258
ENSG00000218986	RP1-137F1.3	chr6	39399171	39399221	-0.214129046479223	0.0000803947710782808
ENSG00000166741	NNMT	chr11	114128517	114128520	-0.204062046914217	0.0000805554388327925
ENSG00000205029	OR5D16	chr11	55606207	55606216	-0.14941800242711	0.0000806997618675685
ENSG00000204538	PSORS1C2	chr6	31106488	31106522	-0.111341882224704	0.0000811715544800825
ENSG00000233273	AMMECR1LP1	chr13	97126621	97126637	-0.213334920461802	0.000081315372699146
ENSG00000180720	CHRM4	chr11	46405117	46405150	-0.213186781495336	0.0000813751478925701
ENSG00000204371	EHMT2	chr6	31846996	31847043	-0.158159961052876	0.0000814633625216968
ENSG00000241484	ARHGAP8	chr22	45131466	45131501	-0.134251313779388	0.0000816396219229471

ENSG00000132561	MATN2	chr8	98883196	98883226	-0.154299446245167	0.0000816974602741489
ENSG00000257989	RP1-288H2.2	chr12	52491849	52491864	-0.130004602574683	0.0000818743595646704
ENSG00000263542	AL157407.1	chr1	68523941	68523963	-0.194856957856606	0.0000824727986994587
ENSG00000258897	EGLN3-AS1	chr14	34481752	34481796	-0.155564532673565	0.0000828193302813649
ENSG00000235151	AC114730.2	chr2	242783969	242784054	-0.10984443558686	0.0000831207525913652
ENSG00000147724	FAM135B	chr8	139144670	139144720	-0.124338490119925	0.0000831833540074515
ENSG00000166407	LMO1	chr11	8245859	8245899	-0.133519451592338	0.000083533581529531
ENSG00000232258	TMEM114	chr16	8623272	8623289	-0.102815188843762	0.0000837931742694719
ENSG00000236041	COX6CP18	chr11	2754001	2754026	-0.123210832175403	0.0000844262759296996
ENSG00000253810	PSAT1P1	chr8	50629982	50629997	-0.146653048830672	0.0000844349729298478
ENSG00000133561	GIMAP6	chr7	150329291	150329321	-0.137697801930183	0.0000847275450232574
ENSG00000115268	RPS15	chr19	1429135	1429302	-0.158379758288419	0.0000853752732434865
ENSG00000250413	RP11-448G15.1	chr4	10009916	10009959	-0.141259063802942	0.0000855006743305722
LRG_182	LRG_182	chr17	42146305	42146342	-0.192333892865307	0.0000855622446925949
ENSG00000135773	CAPN9	chr1	230886023	230886069	-0.162160133534168	0.0000864858582411785
ENSG00000263855	AC105081.1	chr8	95047216	95047222	-0.206778754784566	0.0000868669694931719
ENSG00000100311	PDGFB	chr22	39627281	39627309	-0.238989063355769	0.0000872701369871007
ENSG00000268078	RP11-805I24.4	chr16	86168615	86168656	-0.138192165564079	0.0000874033011345925
ENSG00000174945	AMZ1	chr7	2718432	2718551	-0.144445292776321	0.0000881013170923113
ENSG00000133059	DSTYK	chr1	205108159	205108198	-0.145140779237198	0.0000881044197669639
ENSG00000220412	RP11-95M15.2	chr6	138027060	138027103	-0.151281282210601	0.0000883352113638353
ENSG00000249667	RP11-213G21.1	chr4	38492060	38492102	-0.10403784267903	0.0000884943861425266
ENSG00000224387	RP3-395M20.2	chr1	2424091	2424121	-0.158896976850168	0.0000885028188236301
ENSG00000272512	RP11-54O7.17	chr1	921981	922010	-0.18104017892894	0.0000886081174250028
ENSG00000183117	CSMD1	chr8	2795828	2795830	-0.131734818524531	0.0000888335461062175
ENSG00000249628	LINC00942	chr12	1605944	1605973	-0.116515420815535	0.0000889278858201023
ENSG00000231208	RP4-583P15.11	chr20	62433938	62434267	-0.124311404556912	0.0000889936214844986
ENSG00000236734	GRIFIN	chr7	2518641	2518741	-0.128910952818137	0.0000898635752802508
ENSG00000188976	NOC2L	chr1	872412	872518	-0.15211914141961	0.0000898823702350896
ENSG00000068650	ATP11A	chr13	113348722	113348759	-0.133352052103507	0.0000899930239983602
ENSG00000104524	PYCRL	chr8	144684690	144684830	-0.124639517260065	0.000090147121952568
ENSG00000104218	CSPP1	chr8	67975809	67975817	-0.103277064610719	0.0000902814703977226
ENSG00000162241	SLC25A45	chr11	65144724	65144728	-0.155218935810557	0.0000903583609544402
ENSG00000253142	RP11-87E22.1	chr8	22769703	22769719	-0.11854012223467	0.0000904117119542649
ENSG00000179833	SERTAD2	chr2	64855237	64855266	-0.190684369865676	0.0000907380655605021
ENSG00000166743	ACSM1	chr16	20654736	20654757	-0.108067900076367	0.0000913579361890993
ENSG00000269810	AC015660.1	chr15	100048479	100048575	-0.230822674880315	0.0000916793782805134
ENSG00000269896	RP4-740C4.6	chr1	2279817	2279839	-0.104532119833567	0.0000917487798788314
ENSG00000187609	EXD3	chr9	140197863	140197890	-0.117855923662584	0.0000918763179864847
ENSG00000228680	AC004692.4	chr7	43288889	43288940	-0.124625657299551	0.0000919047057461335
ENSG00000161944	ASGR2	chr17	7004360	7004373	-0.145483600618554	0.0000920218849188315
ENSG00000258947	TUBB3	chr16	89997845	89997921	-0.163308468985796	0.0000922165730430439
ENSG00000202502	RNA5SP151	chr3	182983275	182983393	-0.184918734406698	0.0000922948923656716
ENSG00000225158	HSPE1P24	chr1	10961175	10961205	-0.131041203703071	0.0000927011710789553
ENSG00000239446	RP1-76B20.12	chr22	30107135	30107178	-0.159316750519264	0.0000928019412940073
ENSG00000128655	PDE11A	chr2	178499368	178499407	-0.204071353426496	0.0000928887242601619
ENSG00000265268	AL356140.1	chr10	85218472	85218515	-0.128577665283016	0.000092962161451720304
ENSG00000240241	RP11-314M24.1	chr3	78393421	78393454	-0.101992059085967	0.0000934036717709865
ENSG00000259094	RP11-77A13.1	chr2	119752063	119752136	-0.112474160923071	0.0000937088563567337
ENSG00000120318	ARAP3	chr5	141072814	141072884	-0.233147421688855	0.0000938829024821162
ENSG00000236887	RP11-389O22.5	chr1	113738056	113738143	-0.16641255785866	0.0000940521599007342
ENSG00000174429	ABRA	chr8	107834179	107834202	-0.115191154631137	0.0000942799392131091
ENSG00000201591	RNU6-99P	chr11	39293366	39293416	-0.128482425817274	0.0000943030528937711
ENSG00000140505	CYP1A2	chr15	75040271	75040318	-0.108031971421151	0.0000946559551957762
ENSG00000184682	C11orf89	chr11	1912267	1912436	-0.125735942895845	0.0000949993030647868
ENSG00000177359	RP11-551L14.1	chr12	31274165	31274198	-0.139790497406935	0.0000952723209103752
ENSG00000104967	NOVA2	chr19	46438603	46438667	-0.11259442476051	0.0000953461353937417
ENSG00000266015	MIR4309	chr14	102990162	102990341	-0.101874788465149	0.000095410737224682
ENSG00000216412	RPL12P2	chr6	37045792	37045823	-0.177642757180937	0.0000954161451720304
ENSG00000257904	RP11-269C4.2	chr14	30382960	30382967	-0.169383134779802	0.0000955681539533855
ENSG00000254944	ATP5F1P5	chr11	122830198	122830213	-0.211726392659728	0.0000956375168868204
ENSG00000254432	RP11-33I11.2	chr8	61705259	61705372	-0.10985555199203	0.0000960465597045573
ENSG00000255090	RP11-820L6.1	chr11	122078667	122078687	-0.220614305036923	0.0000962497604030379
ENSG00000253301	RP11-513O17.2	chr8	58059075	58059099	-0.132909827885459	0.0000962626954729234
ENSG00000207585	MIR181D	chr19	13988187	13988321	-0.14050851201382	0.000097225073061912
ENSG00000237626	RP11-406A20.1	chr9	92681550	92681553	-0.217885384634655	0.0000977818076042014
ENSG00000261241	RP11-883G14.1	chr16	50977812	50977930	-0.109997308888763	0.0000981921582091691
ENSG00000162105	SHANK2	chr11	70314066	70314071	-0.156077141327612	0.0000982141495363412
ENSG00000254533	AF186192.1	chr8	145917240	145917282	-0.106219100956239	0.0000982951015906109

ENSG00000223380	SEC22B	chr1	145092576	145092651	-0.11609271791714	0.0000985500635846133
ENSG00000204710	SPDYC	chr11	64933371	64933499	-0.132433190900921	0.0000987411291130604
ENSG00000120215	MLANA	chr9	5893860	5893914	-0.114665857260179	0.0000988300898346184
ENSG00000264137	AC079298.1	chr4	155113655	155113793	-0.148536276532964	0.0000997212715581598
ENSG00000185669	SNAI3	chr16	88739333	88739529	-0.125457372292985	0.0000997347810189841
ENSG00000233821	ENOX1-AS1	chr13	44119593	44119630	-0.184168529937938	0.000100041069092163
ENSG00000265885	RN7SL783P	chr13	110747452	110747498	-0.106170374938085	0.000100109306044631
ENSG00000206978	Y_RNA	chr4	159969754	159969791	-0.202215828690339	0.000100193082269008
ENSG00000127863	TNFRSF19	chr13	24133614	24133638	-0.107058638989601	0.00010025527376648
ENSG00000185963	BICD2	chr9	95497984	95498022	-0.129221280574462	0.000100292939415168
ENSG00000213005	PTTG3P	chr8	67688579	67688605	-0.15097094403599	0.00010034157909375
ENSG00000198657	OR8B4	chr11	124293804	124293811	-0.263957337218273	0.000100748144071673
ENSG00000207173	Y_RNA	chr16	58120998	58121071	-0.125644148983613	0.000101167710967375
ENSG00000213140	ELK2AP	chr14	106148267	106148275	-0.155602724321899	0.000101616585319899
ENSG00000226976	COX6A1P2	chr6	37027355	37027378	-0.133558378997072	0.000102213170415146
ENSG00000158865	SLC5A11	chr16	24857401	24857426	-0.130529823417557	0.000102244072725468
ENSG00000197008	ZNF138	chr7	64249968	64249988	-0.152893682965212	0.000102461770491022
ENSG00000221693	AL590226.1	chr9	139588068	139588072	-0.104691199731936	0.000102558247907695
ENSG00000249642	RP11-565A3.1	chr4	188533158	188533166	-0.10472960203948	0.00010278115499019
ENSG00000170006	TMEM154	chr4	153561957	153561988	-0.117437885363796	0.00010292421102218
ENSG00000005513	SOX8	chr16	1036179	1036294	-0.111697971382609	0.000103235409976277
ENSG00000151353	TMEM18	chr2	662887	662910	-0.15527680994922	0.000103348498344243
ENSG00000231837	RPS7P2	chr1	154055597	154055620	-0.108520540890075	0.000104466572168307
ENSG00000254338	RP11-909N17.3	chr8	144499912	144499969	-0.194652836604533	0.00010475521954502
ENSG00000142910	TINAGL1	chr1	32042787	32042995	-0.187790650141844	0.00010512733361715
ENSG00000228566	RP11-170M17.1	chr10	65424414	65424440	-0.201924072482924	0.000105718836204543
ENSG00000174721	FGFBP3	chr10	93643678	93643718	-0.138171284378821	0.000106191499850228
ENSG00000259376	RP11-505E24.3	chr15	101549236	101549307	-0.151864720932169	0.00010633990369136
ENSG00000160469	BRSK1	chr19	55797070	55797091	-0.155287418438971	0.000106374567394102
LRG_253	LRG_253	chr16	11629158	11629179	-0.177736276232332	0.000106517652495553
ENSG00000148411	NACC2	chr9	138895232	138895277	-0.112042397636272	0.000106533989278337
ENSG00000257582	RP11-129J12.2	chr10	101281647	101281703	-0.106540966984318	0.000106756978300044
ENSG00000236704	CNOT4P1	chr13	21485213	21485231	-0.204046938304844	0.000107276397181419
ENSG00000222791	RNU6-67P	chr13	83795968	83795983	-0.142072518232567	0.000107447162046731
ENSG00000216368	RP3-486D24.1	chr6	10099629	10099656	-0.118537112400141	0.000107969167070676
ENSG00000238466	snoU13	chr8	21888520	21888562	-0.12888563115968	0.000108143312466727
ENSG00000189325	C6orf222	chr6	36259267	36259307	-0.108549555974987	0.000108152541334603
ENSG00000074657	ZNF532	chr18	56530270	56530302	-0.102629018118996	0.00010845743033534
ENSG00000181781	ODF3L2	chr19	468773	468864	-0.153385537674107	0.000109644321729772
ENSG00000198742	SMURF1	chr7	98635989	98636015	-0.108327298998818	0.000109930719308685
ENSG00000110448	CD5	chr11	60869885	60869989	-0.122016897677601	0.000109952931895053
ENSG00000254313	CTD-2309H9.4	chr8	134829044	134829084	-0.163174774711414	0.000110158699810712
ENSG00000239610	RN7SL13P	chr7	97663865	97664011	-0.168154702527817	0.000110159178845128
ENSG00000178573	MAF	chr16	79636938	79636944	-0.159308043882774	0.000110721529973211
ENSG00000149260	CAPN5	chr11	76778949	76778994	-0.178427466176834	0.000110807107596229
ENSG00000104611	SH2D4A	chr8	19177118	19177167	-0.133577041050517	0.000111584315247421
ENSG00000237667	LINC01115	chr2	778688	778731	-0.114865190936029	0.00011159043413858
ENSG00000169689	STRA13	chr17	79958658	79958688	-0.140170543141181	0.000111599325823028
ENSG00000169242	EFNA1	chr1	155097342	155097423	-0.13860692006588	0.000111661334420993
ENSG00000211959	IGHV4-39	chr14	106878147	106878213	-0.126386128531058	0.000111843775060588
ENSG00000260147	CTD-3032H12.3	chr16	55067584	55067665	-0.171882654573321	0.000111936584781731
ENSG00000169208	OR10G3	chr14	22038125	22038172	-0.112716051968152	0.000112047029685599
ENSG00000248770	RP11-665C14.1	chr4	182080389	182080435	-0.102953200801256	0.00011206576987786
LRG_136	LRG_136	chr6	31913783	31913819	-0.110504801262683	0.000112142518982743
ENSG00000197273	GUCA2A	chr1	42631403	42631439	-0.195952054878102	0.00011219346339689
ENSG00000160255	ITGB2	chr21	46308291	46308333	-0.133032493315433	0.000112394305039741
LRG_76	LRG_76	chr21	46308291	46308333	-0.133032493315433	0.000112394305039741
ENSG00000152076	CCDC74B	chr2	130897141	130897234	-0.129639764705043	0.000112576106427069
ENSG00000226374	RP13-614K11.2	chr1	4015420	4015489	-0.161557486021538	0.000112727846470341
ENSG00000099994	SUSD2	chr22	24577120	24577169	-0.125750325436975	0.000112888043257049
ENSG00000272969	RP11-528I4.2	chr4	56411138	56411176	-0.202829588193602	0.000113078797748618
ENSG00000061936	SFSWAP	chr12	132177340	132177370	-0.157952619828351	0.000113314869147731
ENSG00000224594	RPL29P19	chr8	49332992	49333078	-0.161985159933833	0.000113452885799076
ENSG00000237548	TTL11-IT1	chr9	124658557	124658583	-0.120204898622034	0.000113620592635844
LRG_89	LRG_89	chr14	35867509	35867515	-0.119062951577748	0.000114069271447681
ENSG00000222019	URAHP	chr16	90110715	90110727	-0.113806085450752	0.000114291635483474
ENSG00000244791	RP11-65D17.1	chr8	127314989	127314993	-0.116490101875021	0.000114932410326002
ENSG00000176895	OR51A7	chr11	4928572	4928579	-0.185549142909607	0.000114935108754579
ENSG00000162063	CCNF	chr16	2470641	2470691	-0.155996340636629	0.000115097654090146

ENSG00000254258	RP11-398H6.1	chr8	140417696	140417759	-0.10922398529287	0.000115163890286774
ENSG00000102683	SGCG	chr13	23755167	23755187	-0.147918971853239	0.000115370140983404
ENSG00000251010	RP11-6L6.7	chr4	147163474	147163647	-0.120844652717842	0.000117100125429374
ENSG00000163113	OTUD7B	chr1	149907922	149907951	-0.162823666118378	0.000117379663220508
ENSG00000170791	CHCHD7	chr8	57103685	57103687	-0.111817083618056	0.000117733204709774
ENSG00000265414	RN7SL729P	chr1	8319769	8319810	-0.13408811972115	0.000119002966011038
ENSG00000145431	PDGFC	chr4	157656826	157656857	-0.209187473409773	0.000119170021016602
ENSG00000263974	RN7SL121P	chr19	4546435	4546471	-0.144799537038269	0.000119304476241104
ENSG00000269680	CTD-3128G10.6	chr19	6745181	6745221	-0.119917342380824	0.000119514857668856
ENSG00000254370	RP11-181B11.1	chr8	28273086	28273094	-0.170666745888231	0.000119577893172578
ENSG00000204572	KRTAP5-10	chr11	71276768	71276786	-0.102273167636159	0.000119702526741213
ENSG00000224514	LINC00620	chr3	13681711	13681786	-0.207772681145078	0.000120139598903344
ENSG00000230671	NDUFS5P5	chr4	119270096	119270098	-0.320514910196636	0.000120151410965476
ENSG00000164749	HNF4G	chr8	76318539	76318626	-0.193905310526423	0.000120283101772319
ENSG00000253561	CTD-2588J1.1	chr8	134779717	134779734	-0.167539485236932	0.00012045947316396
ENSG00000104691	UBXN8	chr8	30583924	30583956	-0.132498664412341	0.000120766769456582
ENSG00000259891	CTA-204B4.2	chr8	141490176	141490240	-0.134875000585742	0.000121235201310717
ENSG00000104808	DHDH	chr19	49440536	49440622	-0.171775854406059	0.000121247154170721
ENSG00000234471	AC147651.1	chr7	525651	525739	-0.101215523143547	0.000121575177112556
ENSG00000216113	AP001572.1	chr8	104831527	104831545	-0.220968664793709	0.000122581741134579
ENSG00000104064	GABPB1	chr15	50557857	50557894	-0.146400747555119	0.000124020084749346
ENSG00000258587	RP11-316E14.2	chr14	75331885	75331913	-0.10446126265306	0.000124626794958641
ENSG00000136237	RAPGEF5	chr7	22069474	22069506	-0.107647384920428	0.000124789171097497
ENSG00000112562	SMOC2	chr6	168838621	168838693	-0.118820717291973	0.000124953360737768
ENSG00000272456	CTD-2342N23.3	chr8	135732870	135732955	-0.267992396286216	0.000125238347206848
ENSG00000197724	PHF2	chr9	96362041	96362129	-0.165422475244513	0.000125239891055951
ENSG00000163050	ADCK3	chr1	227083472	227083496	-0.153293333846149	0.000125386950796971
ENSG00000255344	RP11-469N6.2	chr11	134579520	134579535	-0.112426762561279	0.000126286748536145
ENSG00000226643	AL603632.1	chr13	106752252	106752257	-0.393034520654191	0.000126435000429574
ENSG00000208009	MIR130A	chr11	57408751	57408768	-0.145576557450048	0.000126737290554455
ENSG00000205452	RP11-812E19.3	chr16	33776864	33776942	-0.140207396343348	0.000127020130512023
ENSG00000256143	Z95704.5	chr4	121619	121627	-0.181315950791268	0.00012740598814851
ENSG00000120526	NUDCD1	chr8	110275006	110275066	-0.191780325970335	0.000127551082353333
ENSG00000264838	AP003305.1	chr11	83984276	83984301	-0.146391792718222	0.000127726965691152
ENSG00000153786	ZDHHHC7	chr16	85007814	85007852	-0.102264880315814	0.000127829129650443
ENSG00000155890	TRIM42	chr3	140371504	140371543	-0.127968331560251	0.000127944651167553
ENSG00000089159	PXN	chr12	120663777	120663824	-0.189101120332037	0.000128064596284875
ENSG00000225014	KCTD9P1	chr17	19989170	19989217	-0.132665372305686	0.000128271293879536
ENSG00000258708	SLC25A21-AS1	chr14	37639855	37639869	-0.195136102457576	0.000128548618040008
ENSG00000131196	NFATC1	chr18	77149374	77149417	-0.137715424987346	0.000128586223722081
ENSG00000148019	CEP78	chr9	80849828	80849859	-0.10235102475911	0.00012879107875402745
ENSG00000253414	RP11-150O12.6	chr8	37373851	37373894	-0.13467906235598	0.000129223129383441
ENSG00000264576	AC104012.1	chr8	72745169	72745197	-0.119227641060795	0.000129730332379579
ENSG00000260949	KB-1836B5.1	chr8	37924532	37924542	-0.114138238660124	0.000129743097174659
ENSG00000008130	NADK	chr1	1690312	1690334	-0.113779618244729	0.000130551881149791
ENSG00000105610	KLF1	chr19	12998403	12998435	-0.10725336520179	0.000131599846376505
ENSG00000207308	RNU6-878P	chr11	2339088	2339137	-0.107159917566025	0.000131613690304292
ENSG00000228818	RP11-567G24.1	chr1	240286440	240286485	-0.11839817263459	0.000131696309233842
ENSG00000267882	AL031666.2	chr20	45947878	45947895	-0.126257469970865	0.000131908329372667
ENSG00000165556	CDX2	chr13	28537200	28537263	-0.11315195039459	0.000132510134367419
ENSG00000207726	MIR455	chr9	116982494	116982506	-0.200296549324615	0.000132642770621348
ENSG00000266006	MIR4488	chr11	61273282	61273384	-0.206037940480612	0.00013272088838419
ENSG00000141096	DPEP3	chr16	68012206	68012230	-0.149527358840354	0.000133003826487623
ENSG00000254583	RP11-15D14.1	chr11	13461782	13461837	-0.120881207411487	0.000133155154617332
ENSG00000109610	SOD3	chr4	24796577	24796614	-0.115496115610984	0.000133163159348136
ENSG00000272948	AP001412.1	chr21	38654842	38654861	-0.161272143211289	0.000133971389817351
ENSG00000197991	PCDH20	chr13	62002465	62002500	-0.138069568778892	0.000134034706211622
ENSG00000236437	AP001891.1	chr11	116285397	116285431	-0.14942458978763	0.000134156780013869
ENSG00000265408	RP11-361L15.4	chr16	66978911	66978952	-0.164139322328549	0.000134363351681526
ENSG00000253252	RP11-10A14.6	chr8	9029416	9029456	-0.103300771085293	0.00013474134939549
ENSG00000185519	FAM131C	chr1	16415065	16415115	-0.132299160686376	0.000134861149893379
LRG_156	LRG_156	chr12	110026784	110026849	-0.216776106899408	0.000135064343704236
ENSG00000172137	CALB2	chr16	71393689	71393721	-0.193771484987729	0.000136678652858935
ENSG00000234650	PCCA-AS1	chr13	101091883	101092007	-0.283693911076799	0.000137352596090639
ENSG00000164344	KLKB1	chr4	187126028	187126173	-0.143514756801351	0.000137622910993466
ENSG00000074964	ARHGEF10L	chr1	17877483	17877513	-0.131137685430037	0.000137678779159876
ENSG00000183313	OR52L1	chr11	6007202	6007249	-0.116553537417401	0.00013794606122816
ENSG00000214015	RP11-414H17.2	chr10	6104182	6104207	-0.10334128591736	0.000138533083713247
ENSG00000170689	HOXB9	chr17	46697565	46697722	-0.144290010450905	0.000139025984347176

ENSG00000105516	DBP	chr19	49133421	49133444	-0.126052280061448	0.000139283242388865
ENSG00000105556	MIER2	chr19	311949	312214	-0.118746401492715	0.000139776059506353
ENSG00000234965	SHISA8	chr22	42307980	42308026	-0.206830588959627	0.000140073122212331
ENSG00000272084	RP5-1126H10.2	chr1	19384807	19384855	-0.150052011746679	0.000140428062199848
ENSG00000184840	TMED9	chr5	177015777	177015815	-0.181170421051685	0.000141220741315515
ENSG00000127884	ECHS1	chr10	135173964	135174062	-0.165346529946136	0.000141380188865042
ENSG00000170390	DCLK2	chr4	151001873	151001973	-0.186993540672171	0.000142467418599127
ENSG00000187980	PLA2G2C	chr1	20492739	20492769	-0.197177192690007	0.000142720019513411
ENSG00000251299	SLC25A15P3	chr13	25508659	25508761	-0.134518198217829	0.000142890175417037
ENSG00000249356	RP11-21110.2	chr4	119961172	119961203	-0.100887247393022	0.000143692913326502
ENSG00000231726	HMG2P38	chr11	73278027	73278053	-0.100611551751994	0.000143893032631378
ENSG00000171302	CANT1	chr17	76989408	76989499	-0.128203106128805	0.000143953014236422
ENSG00000242945	RPL29P32	chr18	51220548	51220568	-0.282540810043868	0.000144013543111253
ENSG00000061938	TNK2	chr3	195600239	195600416	-0.10208683877187	0.000144020901236185
ENSG00000252960	RN7SKP258	chr9	18622273	18622357	-0.174060045267771	0.000144281177856898
ENSG00000237167	AC128709.2	chr3	197186111	197186156	-0.166146973139492	0.000145818935173342
ENSG00000231019	RP11-545P6.2	chr13	88797390	88797399	-0.14474448435085	0.000146337844003255
ENSG00000133083	DCLK1	chr13	36397867	36397909	-0.16082720942786	0.000146402152872755
ENSG00000258975	RP11-753D20.1	chr14	88602639	88602681	-0.100725358672232	0.000146403527326141
ENSG00000269356	RP11-120K24.4	chr13	113652274	113652368	-0.102931540897644	0.00014903230412163
ENSG00000239690	RN7SL668P	chr1	235053761	235053806	-0.131152268005431	0.000149240931770123
ENSG00000235836	AC124944.4	chr3	195576372	195576399	-0.273035058522998	0.000149859036282737
ENSG00000170782	OR10A4	chr11	6896593	6896603	-0.153643447320466	0.000150239884749646
ENSG00000178078	STAP2	chr19	4323154	4323194	-0.248864587535238	0.000150265435018561
ENSG00000271242	SLMO2P2	chr13	51775810	51775846	-0.20822048379079	0.000150623875560384
ENSG00000123095	BHLHE41	chr12	26266004	26266049	-0.165931997435543	0.000151521445798475
ENSG00000229249	LINC00446	chr13	78633787	78633796	-0.100403069109778	0.000152441937438086
LRG_105	LRG_105	chr11	57365003	57365088	-0.140627398326733	0.000152511473409458
ENSG00000120963	ZNF706	chr8	102202923	102202943	-0.103343206911953	0.000153206745037701
ENSG00000240624	RP11-45P15.2	chr14	103748166	103748217	-0.112205723491249	0.000154293333205171
ENSG00000253557	RP11-1080G15.1	chr8	18925409	18925436	-0.265293535534249	0.000154440431965677
ENSG00000008323	PLEKHG6	chr12	6419099	6419182	-0.114697048531949	0.00015512444054801
ENSG00000255120	OVOL1-AS1	chr11	65559079	65559109	-0.109934760536731	0.000155186281817207
ENSG00000236387	RP11-307O10.1	chr20	4374892	4374906	-0.106765429896427	0.000155900467429306
ENSG00000168214	RBPJ	chr4	26235102	26235135	-0.108083055437367	0.000155925039981738
ENSG00000103047	TANGO6	chr16	68873830	68873875	-0.159376453882058	0.000156071965631886
ENSG00000265856	AL133153.1	chr14	91841850	91841959	-0.135481104270625	0.000156441878696625
ENSG00000244618	RN7SL334P	chr6	25028066	25028099	-0.159197990387871	0.000156544463403873
ENSG00000228590	AC007381.3	chr2	60525483	60525511	-0.155788527877938	0.000156593215567682
ENSG00000267736	HMGB2P1	chr19	1203233	1203266	-0.160156775378636	0.000156607477525612
ENSG00000254607	RP11-115C10.1	chr11	126525029	126525071	-0.192654169637536	0.000157373058308912
ENSG00000217268	TXNP7	chr6	74614086	74614136	-0.105801490707611	0.000157953790088336
ENSG00000250611	RP11-339D20.1	chr4	20018245	20018299	-0.163436421901441	0.000158233383342916
ENSG00000149131	SERPING1	chr11	57364841	57364888	-0.14270676635837	0.000158693038539425
ENSG00000262712	RP11-295D4.1	chr16	4387276	4387646	-0.107025229146022	0.000158753291148382
ENSG00000122952	ZWINT	chr10	57842764	57842814	-0.110786486098356	0.000159299792048694
ENSG00000164086	DUSP7	chr3	52074037	52074120	-0.13239980042023	0.000159679335150059
ENSG00000250062	RP11-778J15.1	chr4	87040476	87040525	-0.145103335064774	0.000159700843000811
ENSG00000254796	RP11-1118M6.2	chr8	7460274	7460371	-0.157370619856273	0.000160021084102933
ENSG00000270433	RP11-124D2.7	chr14	23757845	23757880	-0.148146911087659	0.000160085099032174
ENSG00000242616	GNG10	chr9	114421364	114421433	-0.144106262659582	0.000160330487704504
ENSG00000253932	RP11-10C8.2	chr8	13133040	13133093	-0.112362076962528	0.000160466110454717
ENSG00000260011	RP13-20L14.1	chr17	80336255	80336373	-0.114339948842056	0.00016051782852281
ENSG00000229776	C4B-AS1	chr6	31996630	31996664	-0.116257646567908	0.000160815003876173
ENSG00000250516	RP11-380I10.2	chr8	28060621	28060647	-0.153702489815239	0.000160893509983054
ENSG00000120896	SORBS3	chr8	22407165	22407245	-0.196247467391251	0.000161043018655002
ENSG00000197712	FAM114A1	chr4	38867275	38867304	-0.145797877782365	0.000162472877167727
ENSG00000135116	HRK	chr12	117308499	117308537	-0.187560591566352	0.000162570866968716
ENSG00000152592	DMP1	chr4	88570638	88570646	-0.114995643932469	0.000163645431452344
ENSG00000254458	RP11-867G23.13	chr11	66075203	66075223	-0.149493952577975	0.000164199650318333
ENSG00000103175	WFDC1	chr16	84327664	84327690	-0.105473720591592	0.000164333757880442
ENSG00000154144	TBRG1	chr11	124488797	124488828	-0.199545294779396	0.000165035452154171
ENSG00000102882	MAPK3	chr16	30124833	30124962	-0.125278159374036	0.000165568054988288
ENSG00000196781	TLE1	chr9	84204400	84204471	-0.156678243188487	0.000166175910729929
ENSG00000255067	RP11-47J17.1	chr11	12867453	12867516	-0.126382527529341	0.000166529141456341
ENSG00000262294	RP11-1260E13.2	chr17	201732	201762	-0.157927543786456	0.000167055782544622
ENSG00000178538	CA8	chr8	61088307	61088342	-0.15799296442231	0.000167208188333563
ENSG00000135709	KIAA0513	chr16	85062758	85062776	-0.16129466422373	0.000167546463031124
ENSG00000253100	RP11-219J21.1	chr8	25442474	25442547	-0.155145173188076	0.000167772385282886

ENSG00000222663	RNU4-55P	chr11	105692696	105692752	-0.238317216862189	0.000168164978048879
ENSG00000250384	UBE2CP3	chr4	57947859	57947900	-0.172791093426406	0.000168415166227758
ENSG00000223174	RN7SKP17	chr14	77354807	77354850	-0.135516941782309	0.000169144707477086
ENSG00000225981	AC102953.4	chr7	1501235	1501300	-0.216330325372196	0.000169191627862818
ENSG00000197879	MYO1C	chr17	1372468	1372563	-0.154502740986539	0.000169484423658468
ENSG00000214826	DDX12P	chr12	9571083	9571130	-0.274551385699345	0.000170470456713924
ENSG00000269635	AC004257.1	chr19	15310520	15310627	-0.106775946260411	0.000170675228973282
ENSG00000162040	HS3ST6	chr16	1963432	1963463	-0.119998841577924	0.000170867079703279
ENSG00000125266	EFNB2	chr13	107142673	107142687	-0.116620245103566	0.000172501578938708
ENSG00000249297	RP11-97E7.2	chr4	172509995	172510013	-0.150897963682236	0.000174362093727924
ENSG00000251173	UCHL1-AS1	chr4	41206188	41206196	-0.158276034053334	0.00017492312529969
ENSG00000253438	PCAT1	chr8	127846184	127846193	-0.244005988191255	0.000175430296258373
ENSG00000270861	KB-1589B1.4	chr8	98862120	98862193	-0.212260255668465	0.000175521823721983
ENSG00000146872	TLK2	chr17	60536082	60536108	-0.113445924051865	0.00017590954239269
ENSG00000207703	MIR7-2	chr15	89158316	89158386	-0.105172153446985	0.000176017105227347
ENSG00000103245	NARFL	chr16	793737	793900	-0.127525292429074	0.000176523958155221
ENSG00000237571	AC073284.4	chr2	216109752	216109786	-0.109806893843863	0.000177128972576642
ENSG00000270683	RP11-477G9.1	chr9	25994788	25994802	-0.215470225560493	0.000177177593772934
ENSG00000258620	RP11-362L22.1	chr14	100867082	100867109	-0.114943995754605	0.000177897396724603
ENSG00000254603	OR5M6P	chr11	56280284	56280321	-0.111208683615628	0.000177994615694576
ENSG00000119669	IRF2BPL	chr14	77489712	77489736	-0.164046018961611	0.000178443998689314
ENSG00000262332	RP11-517A5.7	chr16	16318017	16318102	-0.134789205606385	0.000178621729727783
ENSG00000133328	HRASLS2	chr11	63320486	63320520	-0.158757258021903	0.000179236547251545
ENSG00000235815	RP1-125N5.2	chr6	169238001	169238045	-0.209712745384407	0.000179468611951243
ENSG00000250496	ABT1P1	chr4	99945206	99945209	-0.174739147688914	0.000179873411428162
ENSG00000254938	RP11-688I9.4	chr11	126786335	126786383	-0.128813942951322	0.000180759690579159
ENSG00000243489	KRTAP10-11	chr21	46065774	46065784	-0.144628552913381	0.000181636811182729
ENSG00000176463	SLCO3A1	chr15	92491423	92491471	-0.102397662132071	0.00018200428218656
ENSG00000259125	RP11-545N8.3	chr12	57559890	57559926	-0.16408122297157	0.000182318682498106
ENSG00000234701	PRDX3P3	chr13	39181323	39181356	-0.153954459309283	0.000182362228023894
ENSG00000137834	SMAD6	chr15	66998866	66999028	-0.196465591398551	0.000183327165140636
ENSG00000166181	API5	chr11	43329566	43329610	-0.108480164051867	0.000184618137832054
ENSG00000159720	ATP6V0D1	chr16	67478345	67478423	-0.153443882739807	0.000184833949934567
ENSG00000199090	MIR326	chr11	75066349	75066353	-0.125692455044593	0.000185045098413174
ENSG00000262445	CTD-2545H1.2	chr17	1906171	1906215	-0.111242825732578	0.000185576806493364
ENSG00000252998	RNU6-889P	chr10	2141699	2141726	-0.104316117183782	0.000185713617562496
ENSG00000199161	MIR126	chr9	139564942	139565279	-0.120349320208117	0.000185907648321017
ENSG00000254113	RP11-174I12.2	chr8	124552237	124552367	-0.115761133272031	0.00018609222610225
ENSG00000253217	KB-1991G8.1	chr8	101348635	101348639	-0.151311188796095	0.000186442302547388
ENSG00000258531	BANF1P1	chr14	69404448	69404495	-0.115555784984597	0.00018716098998921
ENSG00000162009	SSTR5	chr16	1128513	1128756	-0.102625509121187	0.00018824836116648
ENSG00000223918	RP13-461N9.2	chr9	113530240	113530278	-0.142924144064457	0.000188777900923704
ENSG00000100884	CPNE6	chr14	24541299	24541429	-0.111536677282258	0.000188837393970135
ENSG00000240014	RN7SL254P	chr4	148771638	148771663	-0.116249205231594	0.000189590040396854
ENSG00000243155	RP11-46A10.5	chr1	180904914	180904987	-0.12645366313012	0.000189622525653599
ENSG00000267244	CTB-31O20.4	chr19	1826830	1826924	-0.114469711697961	0.000189748987511175
ENSG00000265647	AL358815.1	chr9	112013376	112013457	-0.161234490061573	0.000190096387221094
ENSG00000240210	RP11-204K16.1	chr14	68816699	68816705	-0.170308756660869	0.000190523098570213
ENSG00000238227	C9orf69	chr9	139021133	139021320	-0.139334485445891	0.000190634688890026
ENSG00000205593	DENND6B	chr22	50743530	50743576	-0.146210903930531	0.000190825055185522
ENSG00000222844	RNU6-321P	chr11	125175316	125175351	-0.210755943840263	0.000191590914004654
ENSG00000165238	WNK2	chr9	95947924	95948000	-0.103629280582589	0.000192751610250422
ENSG00000261815	RP11-22D3.2	chr16	49247633	49247640	-0.138470990009333	0.000192792175431622
ENSG00000184602	SNN	chr16	11759359	11759369	-0.101507465677635	0.000193195460683191
ENSG00000185386	MAPK11	chr22	50703786	50703828	-0.115720221094043	0.00019443838815328
ENSG00000259307	PLCB2-AS1	chr15	40583422	40583717	-0.143102223395113	0.000194508455316673
ENSG00000254550	OMP	chr11	76818702	76818773	-0.121940710743538	0.00019470082860261
LRG_207	LRG_207	chr13	23755019	23755059	-0.143224367907082	0.000195956551724393
ENSG00000233217	MROH3P	chr1	200882293	200882315	-0.131489759327863	0.000196032773236886
ENSG00000231674	LINC00410	chr13	91579270	91579293	-0.213087373576887	0.000197280266996608
ENSG00000221717	AL583860.1	chr10	128193433	128193466	-0.18022029968971	0.000199311428621717
ENSG00000261095	RP11-899L11.1	chr16	87241427	87241496	-0.112386276697161	0.000199389225225179
ENSG00000196497	IPO4	chr14	24649335	24649358	-0.104144857305371	0.000200116472319188
ENSG00000134684	YARS	chr1	33226596	33226634	-0.140623784182557	0.000200759047873832
LRG_273	LRG_273	chr1	33226596	33226634	-0.140623784182557	0.000200759047873832
ENSG00000257210	NACAP3	chr12	93530898	93530943	-0.143268892694966	0.000201417026607739
ENSG00000099817	POLR2E	chr19	1083199	1083221	-0.103606837276871	0.000201632090509721
ENSG00000215841	RP11-800A3.2	chr11	72912434	72912448	-0.152029025151279	0.000201632135538329
ENSG00000162148	PPP1R32	chr11	61249705	61249712	-0.113423007976268	0.000202658068086785

ENSG00000252343	RNU2-34P	chr4	183478468	183478506	-0.190333461838797	0.000202703465478044
ENSG00000196559	LINC00610	chr11	36177647	36177699	-0.114734201344851	0.000202822173817574
ENSG00000173456	RNF26	chr11	119201505	119201551	-0.151013535360062	0.000203375189924026
ENSG00000235426	RP11-342M3.5	chr10	81154100	81154150	-0.10947892219183	0.000203559850219267
ENSG00000260714	RP11-266L9.1	chr16	25023575	25023624	-0.164388775237663	0.000203913513790059
ENSG00000252714	RNA5P392	chr15	40633194	40633232	-0.100420762805874	0.000204176384992885
ENSG00000176153	GPX2	chr14	65408408	65408435	-0.195171070440473	0.000204791126647977
ENSG00000224825	RP11-171A24.3	chr9	77062014	77062053	-0.207831209799646	0.000206274349830002
ENSG00000064199	SPA17	chr11	124542388	124542398	-0.196899845675235	0.00020658787657065
ENSG00000206949	RNU6-1324P	chr8	67407006	67407021	-0.157026856967271	0.000206639919576161
ENSG00000239726	RN7SL688P	chr11	118811006	118811040	-0.116250232575856	0.000207728282499999
ENSG00000232215	OR2L6P	chr1	248166743	248166793	-0.138594698092313	0.000208867668187726
ENSG00000238781	snoU13	chr7	4752049	4752092	-0.101690570414693	0.000209947785614783
ENSG00000222076	RNU2-3P	chr15	96389269	96389281	-0.111776936856674	0.000210386854745901
ENSG00000263305	AP005530.2	chr18	14523	14554	-0.18201812800037	0.000210434550233196
ENSG00000235281	RP11-526P5.2	chr10	2699279	2699304	-0.106707484998886	0.000210557599262665
ENSG00000224943	RP11-180D21.3	chr1	159463492	159463531	-0.112410541862124	0.000211177770508172
ENSG00000166532	RIMKLB	chr12	8834101	8834151	-0.106848828143231	0.000212552633545701
ENSG00000234880	LINC00163	chr21	46411625	46411667	-0.12868396015096	0.000213027352060179
ENSG00000170909	OSCAR	chr19	54597096	54597132	-0.153138721199509	0.000213093720572259
ENSG00000257137	C12orf80	chr12	52585668	52585748	-0.107023861176292	0.00021381587189761
ENSG00000235280	MCF2L-AS1	chr13	113637682	113637695	-0.170860182968778	0.000213922923524013
ENSG00000226423	AC093642.4	chr2	242973898	242973943	-0.133576618155127	0.00021417552777528
ENSG00000174307	PHLDA3	chr1	201437025	201437041	-0.179031852821575	0.000214176419882011
ENSG00000261888	AC144831.1	chr17	81050183	81050218	-0.104769692273866	0.000214304424394031
ENSG00000259151	CAP2P1	chr14	89681026	89681043	-0.155685459069487	0.000214573774938772
ENSG00000273180	RP11-335L23.4	chr4	183995637	183995671	-0.136770412052045	0.000214866606936884
ENSG00000187185	CTD-2600O9.1	chr16	57832000	57832179	-0.106599159014282	0.000215045107779595
ENSG00000212397	sno5R66	chr11	112505588	112505627	-0.135009182957677	0.000215957919949261
ENSG00000212407	RNU6-663P	chr8	32777040	32777053	-0.149847358168507	0.000216986201643524
ENSG00000252465	RMRPP3	chr2	161253295	161253441	-0.17035629084586	0.000217695866796725
ENSG00000148343	FAM73B	chr9	131795430	131795559	-0.161559180336156	0.000218007776155725
ENSG00000087299	L2HGDH	chr14	50700786	50700827	-0.175819944273253	0.000218464659549734
ENSG00000146926	ASB10	chr7	150872885	150872903	-0.155380185515841	0.000219741782330613
ENSG00000272849	RP11-347119.8	chr12	122235107	122235298	-0.1363542303782	0.000219955730011862
ENSG00000144285	SCN1A	chr2	166848811	166848897	-0.103778664815623	0.000221629827518907
LRG_8	LRG_8	chr2	166848811	166848897	-0.103778664815623	0.000221629827518907
ENSG00000083067	TRPM3	chr9	73095694	73095761	-0.10431336745871	0.000221642800216936
ENSG00000215455	KRTAP10-1	chr21	45959194	45959239	-0.178913688737191	0.000221778788432279
ENSG00000196132	MYT1	chr20	62795942	62795975	-0.114942966304931	0.00022241459241964
ENSG00000256916	RP11-817J15.2	chr11	102473792	102473828	-0.145605778880462	0.000222617684315435
ENSG00000242207	HOXB-AS4	chr17	46707773	46707822	-0.183557176075291	0.000223179402221419
ENSG00000234542	RP11-282I1.2	chr10	125327552	125327601	-0.10082291619575	0.000224980788985888
ENSG00000247570	SDCBPP2	chr8	70856761	70856827	-0.165679235082995	0.000226094089668208
ENSG00000221637	AC105252.1	chr4	134459095	134459127	-0.200547895586898	0.000226491588053986
ENSG00000256762	STH	chr17	44074122	44074140	-0.126823520922848	0.000226991667936046
ENSG00000253420	RP11-642D21.2	chr8	106611264	106611303	-0.141899549909696	0.00022758811600443
ENSG00000229788	LINC00388	chr13	19186573	19186577	-0.151831108605772	0.000228293989429656
ENSG00000165757	KIAA1462	chr10	30305091	30305129	-0.122529398724923	0.000229040499270334
ENSG00000264637	AC110283.1	chr11	51263975	51263990	-0.159336735674016	0.000229109834999178
ENSG00000169957	ZNF768	chr16	30533443	30533458	-0.134140290594818	0.000229131049071165
ENSG00000235270	RP11-1105O14.1	chr8	19540028	19540034	-0.124176696325104	0.000229549309887562
ENSG00000234590	GNG5P5	chr13	47694755	47694775	-0.268310794399494	0.000229819684988605
ENSG00000241254	AC092669.2	chr2	66556020	66556066	-0.104371945388005	0.000230145270466547
ENSG00000200742	Y_RNA	chr14	56072109	56072126	-0.132852260616445	0.000230580822618264
ENSG00000262681	RP11-311F12.1	chr17	19627882	19628208	-0.103779758950485	0.000230677007138744
ENSG00000224972	RP11-403H13.1	chr9	6955570	6955641	-0.127325167662697	0.000231289611587436
ENSG00000234427	RP3-413H6.2	chr6	11778987	11779014	-0.151621307060559	0.000231967251240862
ENSG00000259532	RP11-138H8.2	chr15	70994632	70994682	-0.170528822674521	0.000232072440789807
ENSG00000260344	RP11-56L13.6	chr16	32243077	32243147	-0.102791753900858	0.000232262017943886
ENSG00000002330	BAD	chr11	64034861	64035065	-0.16563421828227	0.000232555651366954
ENSG00000188897	CTD-3088G3.8	chr16	11454386	11454446	-0.113127248302851	0.000233098395893434
ENSG00000115255	REEP6	chr19	1497461	1497510	-0.138077759699253	0.000233967837914166
ENSG00000181355	OFCC1	chr6	9722645	9722685	-0.112592042602602	0.000234622033600246
ENSG00000174807	CD248	chr11	66083859	66083901	-0.125202181872746	0.000234646316891743
ENSG00000258941	RP11-407N17.3	chr14	39702922	39702965	-0.155207704913054	0.000234821016915136
ENSG00000246876	RP11-519M16.1	chr4	130440571	130440576	-0.105411104242877	0.000235074303102143
ENSG00000164638	SLC29A4	chr7	5278585	5278631	-0.17884623725629	0.000236331710823897
ENSG00000256343	RP11-662M24.1	chr12	131184902	131184944	-0.101388598589315	0.000236662204806113

ENSG00000222859	RN7SKP136	chr4	178102587	178102599	-0.103068390101342	0.000237501073252848
ENSG00000234929	AC018685.1	chr2	2654289	2654327	-0.104774705457867	0.00023763059751098
ENSG00000201247	SNORD114-13	chr14	101435802	101435824	-0.121873499929024	0.000238028565078959
ENSG00000176834	VSIG10	chr12	118490247	118490276	-0.148851313544039	0.000238042892512437
ENSG00000132386	SERPINF1	chr17	1658684	1658752	-0.110082067161845	0.00023828371830063
ENSG00000161642	ZNF385A	chr12	54767879	54767905	-0.144299682280765	0.000238700347821013
ENSG00000090686	USP48	chr1	21993555	21993603	-0.135258971172956	0.00023915542377573
ENSG00000231476	AC074389.5	chr7	1663600	1663643	-0.193594493216967	0.000239185677469213
ENSG00000175264	CHST1	chr11	45667252	45667298	-0.133455957759777	0.000239813115398185
ENSG00000260253	RP4-676L2.1	chr8	29204954	29204978	-0.230233082050654	0.000240645148983699
ENSG00000251416	RP11-140M13.1	chr4	178587646	178587655	-0.114994412565547	0.000240669869802512
ENSG00000258711	RP11-218E20.3	chr14	51414406	51414428	-0.176298812660545	0.000240693764298717
ENSG00000260162	RP11-863P13.1	chr16	88193963	88193998	-0.109964497462071	0.000243491185619533
ENSG00000214883	RP11-574M7.2	chr11	50368326	50368345	-0.15420238567197	0.00024424128066881
ENSG00000181939	OR4C15	chr11	55322719	55322753	-0.141922107816568	0.00024437103238363
ENSG00000259781	RP11-673C5.1	chr15	71466768	71466840	-0.102082719295207	0.000244823665027188
ENSG00000159167	STC1	chr8	23790197	23790241	-0.156694763864607	0.000244879666693349
ENSG00000101265	RASSF2	chr20	4795584	4795621	-0.135194629817768	0.000244945407719065
ENSG00000254833	RP11-50B3.2	chr11	126024107	126024148	-0.11483073176171	0.00024502202621092
ENSG00000102890	ELMO3	chr16	67232921	67233861	-0.133506573682119	0.000245147804829037
ENSG00000080986	NDC80	chr18	2572991	2573008	-0.112683035538352	0.000245531942390104
ENSG00000249754	RP11-425I13.2	chr4	141221422	141221450	-0.115829389514028	0.000245860446437633
ENSG00000239921	RP11-59J16.1	chr3	127144479	127144491	-0.1234635962033	0.000246079883376754
ENSG00000248990	RP11-960D24.1	chr11	28695605	28695645	-0.165734510380861	0.000246996838740546
ENSG00000259789	RP11-1078H9.6	chr14	90967330	90967378	-0.143896827013201	0.000247305190613403
ENSG00000243491	RP11-521D12.5	chr2	9898219	9898249	-0.1380788878143	0.000250220433952754
ENSG00000225901	MTND2P9	chr9	83179357	83179369	-0.113428605314919	0.000250595335407469
ENSG00000213995	CARKD	chr13	111270991	111271004	-0.139963832632177	0.000251470253612866
ENSG00000248715	RP11-758B24.1	chr4	132420899	132420920	-0.117581995017353	0.000252134274359615
ENSG00000252702	RNU7-158P	chr4	184060900	184060911	-0.126453028533882	0.000253488938292273
ENSG00000171798	KNDC1	chr10	134975880	134975924	-0.142115672670929	0.000254344414555802
ENSG00000258098	RP11-89K22.1	chr14	25522405	25522453	-0.181133570896754	0.00025482175151732
ENSG00000272483	RP11-169K17.3	chr3	11651881	11651917	-0.108051405999206	0.000255313623237554
ENSG00000262343	RP11-353N14.3	chr17	77835783	77835872	-0.117070785988068	0.000255376610498846
ENSG00000251253	MTHFD2P4	chr4	163184232	163184275	-0.126430860084785	0.000255800653273505
ENSG00000162438	CTRC	chr1	15751029	15751063	-0.198189482797285	0.000258172721116144
ENSG00000261717	RP11-77K12.1	chr16	75455040	75455052	-0.109354761950011	0.000259686881454292
ENSG00000171484	OR1B1	chr9	125391252	125391333	-0.100582958523793	0.000260318087014793
ENSG00000253350	RP11-127H5.1	chr8	105644113	105644181	-0.133760400575581	0.000261192451010393
ENSG00000081760	AACS	chr12	125578327	125578387	-0.147819786001095	0.000261313211800749
ENSG00000196498	NCOR2	chr12	124773855	124773895	-0.136212258743801	0.000261427825125371
ENSG00000228599	RPL7P52	chr22	40573042	40573076	-0.109379822465525	0.000263190622087018
ENSG00000102452	NALCN	chr13	101766907	101766940	-0.167422190550784	0.000264110420868851
ENSG00000145949	MYLK4	chr6	2684449	2684531	-0.12450403336911	0.000264688801547547
ENSG00000129667	RHBDF2	chr17	74494210	74494326	-0.130362033203969	0.000264848931752359
ENSG00000142178	SIK1	chr21	44829013	44829087	-0.108988061639229	0.000265546519719334
LRG_346	LRG_346	chr5	177581771	177581803	-0.108487044317438	0.00026557706986321
ENSG00000207322	RNU1-89P	chr4	136861342	136861397	-0.118248038716801	0.000265829525524026
ENSG00000221018	AC136365.1	chr8	39652375	39652398	-0.166791409653784	0.00026660208869359
ENSG00000213750	KB-1683C8.1	chr8	98610787	98610795	-0.13942172823896	0.000266627911755975
ENSG00000268297	CLEC4GP1	chr19	7855507	7855537	-0.147650768063405	0.000266972089931251
ENSG00000255306	RP5-901A4.1	chr11	67792647	67792661	-0.111159551493928	0.000267988629332886
ENSG00000258733	CTD-2341M24.1	chr14	86400998	86401137	-0.187464793742382	0.000268486853943892
ENSG00000241008	RP11-494M8.1	chr11	7805715	7805759	-0.236740683744375	0.000269507501703683
ENSG00000237517	DGCR5	chr22	18961308	18961350	-0.101004939821792	0.000269787936018966
ENSG00000262833	RP11-28G8.1	chr17	78793437	78793479	-0.118032536044893	0.000270771853211799
ENSG00000114737	CISH	chr3	50645031	50645153	-0.111520771591159	0.000271183749845492
ENSG00000142599	RERE	chr1	8411074	8411113	-0.146474709073292	0.000271263000677558
ENSG00000236687	RP11-323H21.3	chr9	134701047	134701070	-0.182617718732708	0.000271437301900291
ENSG00000177752	YIPF7	chr4	44636155	44636168	-0.173082989067934	0.000272469961485175
ENSG00000198848	CES1	chr16	55850967	55851006	-0.14017463844582	0.000273306020929295
ENSG00000156414	TDRD9	chr14	104393452	104393469	-0.168144975749696	0.000275492166478746
ENSG00000236520	GPC6-AS1	chr13	94822586	94822635	-0.243566640730838	0.000275596514582489
ENSG00000163485	ADORA1	chr1	203058954	203059000	-0.137364489412322	0.000275847604436571
ENSG00000164877	MICALL2	chr7	1463969	1464000	-0.106599374859672	0.000276911864304509
ENSG00000251639	RP11-20I20.1	chr4	1093506	1093763	-0.173443177424277	0.000278328385508224
ENSG00000225254	RP11-403F21.1	chr9	38437313	38437412	-0.127735221580174	0.000278537493085685
ENSG00000244459	RP11-1398P2.1	chr4	1583914	1583922	-0.107658568706133	0.000278919181361579
ENSG00000228277	AC112518.3	chr4	74570525	74570539	-0.222879621853535	0.000278975681174126

ENSG00000225302	RP11-539I5.1	chr10	118576115	118576173	-0.152231362748826	0.000279161471016749
ENSG00000136144	RCBTB1	chr13	50134569	50134640	-0.152874919193929	0.000279317268862382
ENSG00000200600	Y_RNA	chr5	24069634	24069684	-0.103091449754289	0.000279437244771795
ENSG00000134884	ARGLU1	chr13	107183046	107183126	-0.161472306634446	0.000279481240554068
ENSG00000227363	AC019172.2	chr2	3833796	3834052	-0.193698036969032	0.000279773081398187
ENSG00000254713	HNRNPA1P72	chr11	84254565	84254571	-0.200303327908613	0.000281317427202661
ENSG00000236968	RP11-298E9.5	chr10	3251067	3251149	-0.123878612690203	0.000282081322000028
ENSG00000120903	CHRNA2	chr8	27317412	27317438	-0.215247095213381	0.000285261280471042
ENSG00000240121	RPS27P20	chr11	129444446	129444534	-0.104162877806328	0.000286161508599222
ENSG00000202374	SNORA62	chr4	68622520	68622534	-0.199043151849852	0.000286240029393058
ENSG00000173281	PPP1R3B	chr8	8993086	8993102	-0.106368024475543	0.000286724940838069
ENSG00000153802	TMPRSS11D	chr4	68687131	68687138	-0.193005236457412	0.000289102016031784
ENSG00000181649	PHLDA2	chr11	2946429	2946521	-0.135855833085182	0.000289136129810274
ENSG00000270926	RP11-551L14.7	chr12	31256819	31256853	-0.160645391086918	0.000289311175504118
ENSG00000125844	RRBP1	chr20	17594453	17594475	-0.134268489840207	0.000289475512706062
ENSG00000223625	CYCSP32	chr13	20034441	20034481	-0.168872650307135	0.000289978372480837
ENSG00000258982	RP11-638I2.4	chr14	100644156	100644286	-0.140709835798133	0.000291240075550758
ENSG00000258018	RP11-148B3.1	chr12	116944196	116944278	-0.11406120246729	0.000292104099104717
ENSG00000169762	TAPT1	chr4	16159867	16159897	-0.177670563226031	0.000294289959692152
ENSG00000173728	C1orf100	chr1	244395318	244395365	-0.124752628621029	0.000295308001928814
ENSG00000205213	LGR4	chr11	27417293	27417303	-0.143033866249466	0.000296212388685301
ENSG00000249679	RP11-279O9.4	chr4	186385310	186385358	-0.101162430785418	0.000298181777519059
ENSG00000169509	CRCT1	chr1	152506842	152506889	-0.167085820452027	0.000299707061331742
ENSG00000229239	RP11-223J15.2	chr1	23953476	23953524	-0.114614355172764	0.000299853952029016
ENSG00000267770	RP11-559N14.6	chr17	76522607	76522633	-0.113072241096468	0.000299887296998787
ENSG00000267123	CTD-2357A8.3	chr17	76626300	76626339	-0.132544406921212	0.000302221933785655
ENSG00000213343	RP11-118B13.1	chr12	66442485	66442535	-0.161955535350884	0.000302711648917005
ENSG00000226336	MRPS16P3	chr22	36093159	36093189	-0.16968462019612	0.000302833012057201
ENSG00000267752	RPS10P27	chr18	21244885	21244910	-0.256700166282267	0.000302875371099407
ENSG00000177984	LCN15	chr9	139661608	139661617	-0.100187119062525	0.000303235092231695
ENSG00000266403	AL161731.1	chr9	129486995	129487093	-0.133602558483342	0.000303957284155282
ENSG00000173530	TNFRSF10D	chr8	23019339	23019378	-0.115519467924862	0.000304571082489899
ENSG00000140853	NLRC5	chr16	57017661	57017686	-0.155448426518988	0.000304607252564416
ENSG00000188162	OTOG	chr11	17599767	17599827	-0.116570127852319	0.000305277278780798
ENSG00000143126	CELSR2	chr1	109783467	109783503	-0.138470165722976	0.000305765227853491
ENSG00000015592	STMN4	chr8	27093960	27094003	-0.136550537492993	0.000306408268837451
ENSG00000235097	LINC00330	chr13	45384263	45384268	-0.136942306189833	0.00030647526620739
ENSG00000182366	FAM87A	chr8	325721	325734	-0.100946483027924	0.000306740592996288
ENSG00000089094	KDM2B	chr12	121882208	121882283	-0.113946668865276	0.000307660683883875
ENSG00000254143	RP11-470M17.2	chr8	40066006	40066035	-0.201386040128651	0.000307923267009153
ENSG00000110328	GALNT18	chr11	11292672	11292714	-0.161409611556503	0.000308200990861383
ENSG00000259992	RP11-77K12.8	chr16	75575980	75575997	-0.131344092033243	0.000309669065356872
ENSG00000262187	RP11-652G5.2	chr16	32627892	32627912	-0.17418572047537	0.000311090314840283
ENSG00000212387	RNU6-1055P	chr4	187418407	187418495	-0.10204497673733	0.000312095135336108
ENSG00000260671	RP11-278A23.2	chr16	87779031	87779036	-0.140454616843639	0.000312202939278761
ENSG00000185986	SDHAP3	chr5	1560689	1560716	-0.127621500403529	0.00031252900520343
ENSG00000250292	RP11-451F20.1	chr4	184297580	184297690	-0.106645247436985	0.000313199460119683
ENSG00000166949	SMAD3	chr15	67356442	67356484	-0.11886912137674	0.000314128770423421
ENSG00000184939	ZFP90	chr16	68561728	68561751	-0.143656081210678	0.000314738266014947
ENSG00000103196	CRISPLD2	chr16	84840622	84840653	-0.108655654518923	0.000315875517691413
ENSG00000136997	MYC	chr8	128753099	128753187	-0.132564553874464	0.000316716651979526
ENSG00000249579	RP11-586E1.1	chr5	62304965	62305015	-0.169149794586331	0.000317202338781316
ENSG00000229645	LINC00341	chr14	95875792	95875858	-0.138787475937948	0.000317297737800457
ENSG00000102870	ZNF629	chr16	30802465	30802515	-0.171134230417858	0.000318411086204002
ENSG00000232814	COL4A2-AS1	chr13	111160365	111160550	-0.169060053844854	0.000320064504030921
ENSG00000143627	PKLR	chr1	155261654	155261702	-0.106480470979577	0.000320473367668281
ENSG00000126216	TUBGCP3	chr13	113111932	113112020	-0.195274101996218	0.000320894030662822
ENSG00000171823	FBXL14	chr12	1672479	1672538	-0.319970984849813	0.000321037218098218
ENSG00000168158	OR2C1	chr16	3405186	3405190	-0.15426392689534	0.00032299974003796
ENSG00000139219	COL2A1	chr12	48375668	48375706	-0.162301780359758	0.000323742922238802
ENSG00000088808	PPP1R13B	chr14	104196159	104196229	-0.122553447725248	0.000326380402408475
ENSG00000100345	MYH9	chr22	36681321	36681357	-0.119446080304855	0.000327217446515575
ENSG00000113645	WWC1	chr5	167715516	167715555	-0.147456232547521	0.000328600966003829
ENSG00000254299	CTB-5411.1	chr5	171960288	171960327	-0.130138947472278	0.00032924849487749
ENSG00000139890	REM2	chr14	23352451	23352504	-0.104362187553245	0.000329778486290071
ENSG00000223730	RP1-127B20.4	chr22	45312455	45312474	-0.102246067498522	0.000330135454907975
ENSG00000155875	FAM154A	chr9	18910001	18910003	-0.122450821495321	0.00033094151626007
ENSG00000136720	HS6ST1	chr2	129018473	129018588	-0.215455094736601	0.000330942332341415
ENSG00000179583	CIITA	chr16	10971134	10971155	-0.170257562677863	0.00033144601458922

LRG_49	LRG_49	chr16	10971134	10971155	-0.170257562677863	0.00033144601458922
ENSG00000263063	RP11-388C12.1	chr17	80669962	80669988	-0.122875458181385	0.000331760319983047
ENSG00000229402	AL162151.4	chr14	99613391	99613406	-0.104731343893566	0.000331820337396376
ENSG00000242165	RN7SL222P	chr11	100463513	100463545	-0.135547269760869	0.000333032516936654
ENSG00000248349	RP11-79C6.1	chr5	35892207	35892247	-0.102961111775285	0.00033400184244249
ENSG00000252319	Y_RNA	chr18	8718674	8718692	-0.170632244843848	0.000334063789927257
ENSG00000213376	GAPDHP71	chr5	173930976	173931024	-0.137689582302507	0.000334425142583869
ENSG00000077684	JADE1	chr4	129752904	129752955	-0.116437326204831	0.000334779191593534
ENSG00000226194	RP1-137D17.1	chr6	169789061	169789094	-0.115930778579924	0.000334866496269873
ENSG00000168476	REEP4	chr8	21994512	21994573	-0.126661868104117	0.0003348982445341
ENSG00000234165	AC114877.3	chr3	26751645	26751688	-0.137201830551086	0.00033655471609767
ENSG00000006611	USH1C	chr11	17515836	17515883	-0.138029136553233	0.000338273968048523
ENSG00000149798	CDC42EP2	chr11	65078845	65078885	-0.133506376208374	0.00033960820586648
ENSG00000140538	NTRK3	chr15	88420285	88420326	-0.126072952908367	0.000340142994029841
ENSG00000226028	PFN1P12	chr1	149114674	149114698	-0.14781257198036	0.000340285344324931
ENSG00000243328	RP11-520P18.1	chr8	144149286	144149333	-0.141231762930296	0.000342093234048528
ENSG00000235616	ST13P2	chr2	188690049	188690142	-0.123056941243242	0.000342196818243114
ENSG00000255176	AP002954.3	chr11	118502047	118502137	-0.128984000969291	0.000342681420892352
ENSG00000066336	SPI1	chr11	47376491	47376579	-0.111752878352705	0.00034411174549935
ENSG00000183269	OR52E8	chr11	5878912	5878955	-0.10747481035447	0.000346757947348098
ENSG00000273179	RP11-20120.4	chr4	1163586	1163620	-0.133895513655332	0.000348045587273874
ENSG00000202459	Y_RNA	chr14	103150263	103150357	-0.165327863674816	0.000348398392047188
ENSG00000162006	MSLNL	chr16	819376	819391	-0.107128985510657	0.000348699895737501
ENSG00000270124	RP11-118F19.1	chr16	85585322	85585356	-0.130550099024493	0.000349129208038774
ENSG00000229938	MYO16-AS2	chr13	109777844	109777891	-0.143565352896536	0.000349259922121602
ENSG00000213943	KRT18P17	chr3	12812449	12812480	-0.121973864421699	0.000350897544900212
ENSG00000137460	FHDC1	chr4	153878110	153878120	-0.136471802175896	0.000351087481712573
ENSG00000266692	snoZ6	chr21	45847765	45847806	-0.132575436031899	0.000352265062158064
ENSG00000119514	GALNT12	chr9	101569152	101569193	-0.120460407812369	0.000352553269369875
ENSG00000185100	ADSSL1	chr14	105193471	105193501	-0.137958202283272	0.000353443676934352
ENSG00000264447	AL445256.1	chr6	72924659	72924704	-0.160845227823303	0.000353802593280754
ENSG00000213232	PPP1R2P10	chr13	64388106	64388139	-0.114495624584044	0.000354403511032999
ENSG00000180264	GPR144	chr9	127210944	127210959	-0.103098527207282	0.000355493465976445
ENSG00000166917	MIR202HG	chr10	135057014	135057051	-0.127490959047536	0.00035555320032034
ENSG00000167965	MLST	chr16	2250068	2250107	-0.114505221360068	0.00035617087705288
ENSG00000205696	ADARB2-AS1	chr10	1597851	1597895	-0.178540430244898	0.00035661934660964
ENSG00000221869	CEBPD	chr8	48648112	48648121	-0.138340313409731	0.000356639165525037
ENSG00000248376	RP11-692E14.1	chr4	184344323	184344335	-0.12644612665075	0.000358834299386349
ENSG00000154153	FAM134B	chr5	16539585	16539598	-0.118355394308828	0.000360640845916011
LRG_363	LRG_363	chr5	16539585	16539598	-0.118355394308828	0.000360640845916011
ENSG00000166685	COG1	chr17	71192844	71192889	-0.190346545873533	0.000365424568312011
ENSG00000101191	DIDO1	chr20	61506994	61507077	-0.102579526368014	0.000365748294356378
ENSG00000262194	CTD-3195I5.5	chr17	3674590	3674636	-0.104206508864087	0.000367946586152033
ENSG00000207563	MIR23B	chr9	97803999	97804137	-0.165521560348606	0.000370007474568491
ENSG00000136052	SLC41A2	chr12	105183986	105184036	-0.199055963588832	0.000370973987369167
ENSG00000258758	RP11-613G13.1	chr14	57488048	57488078	-0.13172596690279	0.000371072228170012
ENSG00000269781	FLJ20306	chr7	6524998	6525094	-0.274719893540124	0.000371978240630415
ENSG00000269205	AC005606.1	chr16	2032066	2032073	-0.100503137365948	0.000372810393261707
ENSG00000258881	AC007040.11	chr2	71167117	71167142	-0.116035541682437	0.000373768891013087
ENSG00000228355	BX322559.3	chr21	46798259	46798291	-0.109020690211188	0.000373816205659847
ENSG00000005073	HOXA11	chr7	27217041	27217117	-0.13050639499629	0.000374200079618302
ENSG00000173213	RP11-683L23.1	chr18	46192	46241	-0.10994826127831	0.000375186973623789
ENSG00000116039	ATP6V1B1	chr2	71163151	71163196	-0.143428039305576	0.000376587671196385
ENSG00000260969	RP11-190D6.2	chr16	78244381	78244385	-0.197990050266902	0.000377811630981791
ENSG0000013364	MVP	chr16	29830887	29831109	-0.146834240568955	0.00037851812063136
ENSG00000254696	RP11-72M10.7	chr11	55050376	55050387	-0.307102364627239	0.000380324956731753
ENSG00000196777	AL162574.1	chr13	107574593	107574622	-0.108955480218322	0.000380688091353352
ENSG00000263716	SLC25A51P2	chr18	7135441	7135447	-0.1707844399142	0.000380824243357676
ENSG00000115598	IL1RL2	chr2	102803407	102803447	-0.107433780419014	0.000381745860304384
ENSG00000131759	RARA	chr17	38472959	38473197	-0.102957922889471	0.000383788808794402
ENSG00000122687	FTSJ2	chr7	2233086	2233135	-0.25705128758975	0.000386364811664032
ENSG00000189339	SLC35E2B	chr1	1593874	1593901	-0.163061019809826	0.0003875488163649
ENSG00000162779	AXDND1	chr1	179334239	179334284	-0.113687367470087	0.000387830425166113
ENSG00000141579	ZNF750	chr17	80796693	80796740	-0.147635003193142	0.000388348208222057
ENSG00000241717	VWFP1	chr22	17175917	17175966	-0.112908750654827	0.000389581390770888
ENSG00000253797	UTP14C	chr13	52603661	52603702	-0.101119885976379	0.000389918534808333
ENSG00000261528	AC002400.1	chr16	23511941	23511944	-0.108901724638954	0.00039017019904579
ENSG00000125798	FOXA2	chr20	22562466	22562584	-0.228400624376231	0.000391796150225976
ENSG00000233176	OR7E157P	chr8	7448914	7449061	-0.106627349153267	0.000391812846304677

ENSG00000250596	RP11-440I14.2	chr4	175444946	175444962	-0.105001625359903	0.000392173105705546
ENSG00000265132	AC145141.2	chr5	70681459	70681474	-0.142306185047892	0.000392706837159669
ENSG00000165029	ABCA1	chr9	107573020	107573041	-0.123766698820829	0.000397175602191049
ENSG00000148218	ALAD	chr9	116150108	116150138	-0.169477375067698	0.000397738492663123
ENSG00000240545	RN7SL492P	chr4	57653389	57653416	-0.139935951512425	0.00040434855625206
ENSG00000263499	RP11-118E18.4	chr17	55673821	55673925	-0.144069044833791	0.000404502627402753
ENSG00000184164	CRELD2	chr22	50324089	50324117	-0.141778133723574	0.000406515343246244
ENSG00000165623	UCMA	chr10	13276892	13276931	-0.134799695109228	0.000408326420344008
ENSG00000147614	ATP6V0D2	chr8	86976095	86976101	-0.145336706044826	0.000409079827361381
ENSG00000231403	AC099344.3	chr2	11515198	11515220	-0.118525609099991	0.000409791700712589
ENSG00000258566	RP11-99E15.3	chr14	77133179	77133223	-0.1057911376279	0.000412216641840503
ENSG00000188755	TBC1D3P2	chr17	60342534	60342574	-0.171239220822488	0.000414043896103726
ENSG00000168079	SCARA5	chr8	27730437	27730505	-0.11260820141079	0.000415267789838335
ENSG00000205108	FAM205A	chr9	34726953	34727001	-0.102752956411968	0.00041720573620732
ENSG00000272774	RP11-433A10.3	chr3	72227040	72227095	-0.14300617400229	0.000419272534616226
ENSG00000152767	FARP1	chr13	98742165	98742176	-0.103234168667801	0.000420573476106524
ENSG00000236658	RP11-83J21.3	chr9	133811816	133811875	-0.109588244872631	0.000421148594615579
ENSG00000223006	RN7SKP137	chr4	121982610	121982643	-0.130199730219646	0.000424232698515651
ENSG00000272004	RP11-345P4.10	chr1	1582963	1583010	-0.109516700606811	0.00042438445645115
ENSG00000232487	RASA3-IT1	chr13	114862887	114862946	-0.101535115306027	0.000425298065343473
ENSG00000163029	SMC6	chr2	17830866	17830915	-0.139183550793328	0.000427929649261603
ENSG00000123908	AGO2	chr8	141598157	141598179	-0.138220521342552	0.000429604973490025
ENSG00000251166	OR7E163P	chr4	3891843	3891923	-0.202013557623251	0.000434223624617781
ENSG00000228607	CLDN25	chr11	113649020	113649065	-0.10848351735429	0.000435350095230631
ENSG00000236076	LINC01072	chr13	20676199	20676232	-0.103455638307757	0.000437596846507637
ENSG00000221859	KRTAP10-10	chr21	46057367	46057415	-0.149531094356657	0.00043828224091888
ENSG00000242837	RPL21P13	chr14	103692104	103692139	-0.128371215077132	0.000439725379498531
ENSG00000068793	CYFIP1	chr15	22923530	22923553	-0.197977582080161	0.000439903273255924
ENSG00000150456	N6AMT2	chr13	21298506	21298519	-0.11696859333912	0.00044023599524385
ENSG00000249079	RP11-1281K21.3	chr4	49215044	49215058	-0.101930495878474	0.000442001769863028
ENSG00000184465	WDR27	chr6	169852546	169852722	-0.225770198048098	0.000442156275417321
ENSG00000235091	WI2-85898F10.1	chr22	46280048	46280151	-0.120186692640672	0.00044489533117703
ENSG00000272501	XXbac-BPG299F13.17	chr6	31153885	31153946	-0.131961575624821	0.000448613538964477
ENSG00000233109	RP11-22C8.1	chr8	49824139	49824151	-0.103837841366487	0.000450148431792308
ENSG00000253390	CTC-756D1.2	chr8	23290451	23290539	-0.136035131765168	0.000452187686366595
ENSG00000265662	AL354981.1	chr9	119748071	119748106	-0.180411734776142	0.000452800529612915
ENSG00000230980	RPL36AP39	chr11	1806038	1806054	-0.165010785487495	0.000452966236306418
ENSG00000159173	TNNI1	chr1	201374653	201374703	-0.111107508436098	0.000454759497297565
ENSG00000162592	CCDC27	chr1	3665371	3665399	-0.118917596106627	0.000456147227774641
ENSG00000141469	SLC14A1	chr18	43304619	43304624	-0.105276767655487	0.000456901687462934
ENSG00000239705	RP11-65N13.8	chr9	128001489	128001534	-0.168578741105624	0.000456995044205688
ENSG00000201638	RNY4P16	chr1	234952812	234952841	-0.139333326986085	0.000457781031879369
ENSG00000207571	MIR615	chr12	54430938	54430954	-0.170731699433693	0.000465250611676876
ENSG00000261706	AP001505.9	chr21	46414437	46414469	-0.176782639307584	0.000465539084939826
ENSG00000265076	AC016970.1	chr3	103645882	103645919	-0.110356640117905	0.000466562021462177
ENSG00000266189	MIR3186	chr17	79412641	79412807	-0.114224340926131	0.000468157584364101
ENSG00000243514	RPL32P33	chr17	70585260	70585307	-0.10061073035731	0.000468334469924972
ENSG00000103018	CYB5B	chr16	69439172	69439245	-0.242956593211431	0.000468474200288438
ENSG00000219016	CTA-299D3.8	chr22	48959167	48959215	-0.169141486959915	0.000468798169797555
ENSG00000233936	RP11-399H11.2	chr9	138132879	138132949	-0.100951784507016	0.00046995867945002
ENSG00000112041	TULP1	chr6	35454215	35454352	-0.142067461014294	0.000473016641119162
ENSG00000270166	RP11-158D2.1	chr9	86751731	86751750	-0.102874327123496	0.000473709806432199
ENSG00000138798	EGF	chr4	110834401	110834432	-0.121415991333687	0.000475793268916326
ENSG00000130045	NXNL2	chr9	91143988	91144116	-0.100271281926932	0.000478690127036644
ENSG00000080854	IGSF9B	chr11	133782522	133782551	-0.117875542189833	0.000479410787317617
ENSG00000202395	RN7SKP1	chr13	37746233	37746262	-0.102423589324938	0.000481350599283667
ENSG00000266761	MIR3194	chr20	50108815	50108828	-0.144919965539236	0.000482616386711589
ENSG00000264754	CTD-2653B5.1	chr17	65602594	65602619	-0.117874869321471	0.000484594196535854
ENSG00000196758	AC079612.1	chr2	240508607	240508733	-0.142969133344811	0.000484927334249654
ENSG00000182319	SGK223	chr8	8188543	8188548	-0.211931457572221	0.000486453143698026
ENSG00000262585	RP11-353N14.5	chr17	77881683	77881721	-0.114239803255249	0.000486470946180544
ENSG00000259631	RP11-557C18.4	chr8	123928360	123928467	-0.102199211564987	0.000487198342405843
ENSG00000236800	RP11-534L6.2	chr10	49879961	49880033	-0.110584186410112	0.000487465863694812
ENSG00000260564	RP11-403N16.3	chr9	82552101	82552146	-0.134654912500238	0.000488321995005325
ENSG00000199219	RNU6-500P	chr5	172769300	172769342	-0.139380331994144	0.000489226541335392
ENSG00000248302	Z95704.4	chr4	50194	50247	-0.106657063320579	0.000491050981582049
ENSG00000263512	MIR4311	chr15	66373169	66373260	-0.100572058955609	0.00049365255569413
ENSG00000139973	SYT16	chr14	62440810	62440838	-0.124405974290036	0.000497264401024726
ENSG00000264106	AC116562.2	chr4	4036653	4036719	-0.166613977858129	0.000498056630770139

ENSG00000168995	SIGLEC7	chr19	51644554	51644598	-0.144655562629149	0.000498134163274998
ENSG00000265378	RP11-123I22.1	chr18	76270290	76270362	-0.140011541645563	0.000498388864153572
ENSG00000157927	RADIL	chr7	4836371	4836415	-0.112261672296241	0.000498403235694247
ENSG00000212864	RNF208	chr9	140113376	140113405	-0.132393401068865	0.000499985820260457
ENSG00000223060	Y_RNA	chr19	56618004	56618042	-0.187490889911781	0.000500086743703724
ENSG00000234402	ELK2BP	chr14	106010200	106010225	-0.162372052491122	0.000500399053387725
ENSG00000188155	KRTAP10-6	chr21	46013602	46013643	-0.155318948494615	0.000500706949943164
ENSG00000232380	ZDHC20P4	chr13	69459742	69459746	-0.137156060311711	0.000503524315333119
ENSG00000205084	TMEM231	chr16	75569960	75569972	-0.232381149172654	0.000503712545354962
ENSG00000201395	RN7SKP257	chr14	37058297	37058334	-0.108108976840717	0.000504578335414412
ENSG00000259749	CTD-2022H16.2	chr15	30277664	30277749	-0.118976638103167	0.000504879214061812
ENSG00000188334	BSPH1	chr19	48442799	48442874	-0.13039066972087	0.000505672777781867
ENSG00000233483	CTD-2020K17.4	chr17	43321243	43321405	-0.161221835271789	0.000508671744091161
ENSG00000260089	ADAM3B	chr16	49564462	49564469	-0.157188852378642	0.000509715994046775
ENSG00000248490	CTD-3007L5.1	chr5	27439592	27439629	-0.141552779598298	0.00051330579397707
ENSG00000099625	C19orf26	chr19	1233170	1233232	-0.150122716575355	0.000513802070878392
ENSG00000129282	MRM1	chr17	34965300	34965341	-0.130794430158712	0.00051389906057984
ENSG00000254475	OR2AT1P	chr11	74870166	74870235	-0.112303069199053	0.000514803054530285
ENSG00000136861	CDK5RAP2	chr9	123145991	123145999	-0.124564357764861	0.000516377725193031
ENSG00000213828	AC017028.1	chr2	240135068	240135095	-0.134260996190406	0.000517040536971782
ENSG00000159224	GIP	chr17	47046304	47046336	-0.158820138412738	0.000519386136769378
ENSG00000269095	AC010646.3	chr19	17347921	17347954	-0.113260029169304	0.00051949735736911
ENSG00000149968	MMP3	chr11	102706722	102706747	-0.10679242475311	0.000520468513591022
ENSG00000183579	ZNRF3	chr22	29280992	29281012	-0.145990295028159	0.000520993084332501
ENSG00000179403	VWA1	chr1	1369934	1369948	-0.157579127743964	0.000523464733562177
ENSG00000015133	CCDC88C	chr14	91735752	91735808	-0.171872376942306	0.000523917691102038
ENSG00000268852	AC132872.2	chr17	80225363	80225394	-0.10515648003864	0.00052499737159577
ENSG00000136286	MYO1G	chr7	45002112	45002551	-0.114014512550442	0.000525449819653637
ENSG00000166558	SLC38A8	chr16	84027936	84027967	-0.100494373717117	0.000525629575704999
ENSG00000161905	ALOX15	chr17	4534921	4534965	-0.121492216160828	0.00052611428863226
ENSG00000269970	RP11-498E2.9	chr9	125137580	125137594	-0.108853975134697	0.00052992048327418
ENSG00000153885	KCTD15	chr19	34271951	34271995	-0.333786118861655	0.000533848922903788
ENSG00000238283	TBC1D3P1	chr17	58085979	58086024	-0.132604287915589	0.000534121651194858
ENSG00000260776	RP11-114H24.2	chr15	78200394	78200444	-0.126862305864109	0.00053415061520428
ENSG00000252460	RNU6-635P	chr4	104859384	104859501	-0.104237673100164	0.000534807642991427
ENSG00000155666	KDM8	chr16	27219604	27219683	-0.110290513214655	0.000534857007607075
ENSG00000175911	AC127496.1	chr17	78982137	78982177	-0.150146120755895	0.000538533531829992
ENSG00000132000	PODNL1	chr19	14049401	14049442	-0.113015393622953	0.000539475933378995
ENSG00000251142	RP11-513O17.1	chr8	58132500	58132503	-0.102001401688948	0.000540550396965123
ENSG00000230335	RP11-159H20.1	chr9	79499190	79499202	-0.174363463503372	0.000542937430850396
ENSG00000266429	AL442639.1	chr9	26614009	26614047	-0.157061596283482	0.000543506170118473
ENSG00000207601	MIR611	chr11	61555921	61555930	-0.122811265468127	0.000546773386546682
ENSG00000175920	DOK7	chr4	3468031	3468162	-0.103278264164703	0.000547093709850528
ENSG00000259854	RP11-211G23.1	chr11	69218613	69218633	-0.178434697886351	0.000549627789348222
ENSG00000232024	LSM12P1	chr8	35401664	35401670	-0.151371001131401	0.000553295814464089
ENSG00000257748	RP11-966I7.3	chr14	29273954	29273968	-0.159565970660455	0.000553661227483395
ENSG00000160838	LRRC71	chr1	156878352	156878527	-0.108839401432008	0.000553731532499263
ENSG00000242673	RN7SL167P	chr11	130903093	130903135	-0.161209416577295	0.000553735588107921
ENSG00000238685	ACA64	chr16	12352170	12352233	-0.144302874834644	0.00055410666801502
ENSG00000259899	CTD-3037G24.3	chr16	12667588	12667615	-0.144966583332057	0.000554321354702363
ENSG00000271011	RP11-171I2.5	chr2	179428333	179428373	-0.100542114322323	0.000557099189317175
ENSG00000075539	FRYL	chr4	48496404	48496453	-0.104999613014435	0.000557182909198858
ENSG00000265096	C1QTNF1-AS1	chr17	77016289	77016308	-0.189746679218995	0.000557499651261221
ENSG00000263933	AL365502.1	chr9	140419911	140419988	-0.129465893995261	0.000558191374100875
ENSG00000266855	MIR3910-2	chr9	94484808	94484841	-0.179390444098143	0.000558594388507352
ENSG00000224764	RP11-54O15.3	chr9	97691806	97691875	-0.139569914849576	0.000559168173648675
ENSG00000239595	RN7SL79P	chr17	29758908	29758955	-0.185185033465261	0.000559481901164584
ENSG00000215432	OR7E104P	chr13	64408417	64408456	-0.117259076772661	0.000562822714268
ENSG00000273443	RP11-54O7.18	chr1	998672	998722	-0.116244546395739	0.000565671261324073
ENSG00000248880	NARG2P1	chr4	189312145	189312178	-0.111359051022715	0.000567574781901111
ENSG00000141959	PFKL	chr21	45722837	45722853	-0.272225826408108	0.000568990224978876
ENSG00000264904	AL139300.1	chr14	104091363	104091420	-0.121047855812116	0.000569029554955018
ENSG00000231106	AP000688.8	chr21	37377704	37377753	-0.119800775224888	0.000571556770503106
ENSG00000258573	RP11-14J7.6	chr14	21055927	21055941	-0.164814368664622	0.000573820357003619
ENSG00000206047	DEFA1	chr8	6837381	6837434	-0.15298325368787	0.000574357125271892
ENSG00000222795	RNU4-83P	chr8	101821998	101822132	-0.146081501871861	0.000575412557238241
ENSG00000197705	KLHL14	chr18	30253144	30253150	-0.132845378053972	0.000577295666178757
ENSG00000126226	PCID2	chr13	113841687	113841799	-0.102318709778279	0.000578184215711686
ENSG00000186907	RTN4RL2	chr11	57231114	57231157	-0.11900225802386	0.000581799066307894

ENSG00000207369	RNU6-665P	chr8	48572541	48572586	-0.103805782170714	0.000584887746844761
ENSG00000271423	CYCSP1	chr14	77065977	77065980	-0.115359582105399	0.000587654972968575
ENSG00000269066	CTD-2528A14.5	chr19	17219040	17219119	-0.102060913086554	0.000588057717382386
ENSG00000226356	RPS6P20	chr12	131771940	131771971	-0.115914019457456	0.000589892169997729
ENSG00000109854	HTATIP2	chr11	20382568	20382610	-0.171200384008071	0.000590364931263755
ENSG00000175699	LINC00521	chr14	94461887	94461913	-0.103600169257131	0.000591006694355696
ENSG00000237993	RP11-159M11.2	chr1	116594364	116594402	-0.155620345601052	0.000593132590572663
ENSG00000255186	RP11-514F3.5	chr11	36407062	36407087	-0.174068505815169	0.000594909442937526
ENSG00000253741	CTD-2292P10.4	chr8	143784771	143784832	-0.106358936881476	0.000597948465593901
ENSG00000253929	RP11-382A18.2	chr8	128342839	128342847	-0.247341684268361	0.000600439352443005
ENSG00000255229	RP11-304M2.3	chr11	135196	135245	-0.173316259260648	0.000605286088639751
ENSG00000239079	snoU13	chr11	122612776	122612819	-0.160535248281027	0.000606598075307183
ENSG00000093010	COMT	chr22	19925258	19925308	-0.210490044004517	0.000607455285099192
ENSG00000268461	AC007204.1	chr19	20075416	20075444	-0.110647414719493	0.000607665862789651
ENSG00000053702	NRIP2	chr12	2943858	2943952	-0.111709144510068	0.000607797884842038
ENSG00000212421	SNORA26	chr9	89867147	89867169	-0.109175008744365	0.000608309112005112
ENSG00000229605	RP11-492M23.2	chr10	29228906	29228943	-0.112489880425113	0.000608629519645237
ENSG00000249347	RP11-747H12.4	chr4	8992449	8992513	-0.1077340013734	0.000608672002283217
ENSG00000063854	HAGH	chr16	1843811	1843926	-0.116223036513258	0.000609998939154303
ENSG00000264730	AC017028.5	chr2	239997270	239997355	-0.119631085395826	0.000611603687945856
ENSG00000199702	RNU6-170P	chr18	12304921	12304962	-0.129484368215945	0.000612233762185175
ENSG00000262370	RP11-473M20.9	chr16	3125698	3125829	-0.291399248336871	0.00061258726806408
ENSG00000229155	RP11-528A4.2	chr3	193587649	193587692	-0.116291407121094	0.000613037879649168
ENSG00000175416	CLTB	chr5	175819790	175819824	-0.110292210115006	0.000614623945106955
ENSG00000253550	RP11-115C21.4	chr8	6323131	6323202	-0.158280091571926	0.000619480752099111
ENSG00000221519	AL390071.1	chr13	36166629	36166637	-0.115062029419246	0.000619921098999496
ENSG00000110075	PPP6R3	chr11	68223655	68223665	-0.141885109640046	0.000623276878491879
ENSG00000167106	FAM102A	chr9	130712949	130712995	-0.130671156686711	0.000625709309379133
ENSG00000252470	RNU6-551P	chr4	108275553	108275683	-0.145786018251579	0.000630733169098699
ENSG00000147485	PXDNL	chr8	52282581	52282618	-0.1004479247502	0.000631509030846486
ENSG00000253228	NRBF2P4	chr8	108996245	108996293	-0.159354229153151	0.000631790865213565
ENSG00000239099	RNU7-23P	chr11	66659954	66660055	-0.139770515391521	0.00063259542242641
ENSG00000250971	RP11-696F12.1	chr4	187981560	187981566	-0.133771907870178	0.000633621824203249
ENSG00000250041	CTD-2003C8.2	chr11	10921134	10921169	-0.146844379908287	0.000636992642599509
ENSG00000178773	CPNE7	chr16	89660453	89660490	-0.134091035623642	0.000643143379377184
ENSG00000104228	TRIM35	chr8	27125663	27125698	-0.126908830278621	0.000643880252319626
ENSG00000256745	RP11-680H20.1	chr11	93905019	93905047	-0.176114415637647	0.000643948147656055
ENSG00000182208	MOB2	chr11	1483169	1483198	-0.103030026884759	0.000645171448579976
ENSG00000176155	CCDC57	chr17	80062062	80062106	-0.125294767536485	0.000650085613885257
ENSG00000126062	TMEM115	chr3	50395822	50395866	-0.104556564389456	0.000650421388535631
ENSG00000166140	ZFYVE19	chr15	41091053	41091145	-0.143269546774061	0.000651453748224648
ENSG00000186469	GN2	chr14	52294766	52294781	-0.201815688930734	0.000653735495987859
ENSG00000241228	RP5-916O11.1	chr11	36020472	36020519	-0.12475341332791	0.000656418350309769
ENSG00000269422	AC092384.1	chr16	88898787	88898862	-0.217801566718336	0.000658262841923661
ENSG00000168310	IRF2	chr4	185306147	185306187	-0.118977726721852	0.000661770394727456
ENSG00000134864	GGACT	chr13	101169860	101169883	-0.173834934835529	0.00067295300599525
ENSG00000139364	TMEM132B	chr12	125725437	125725480	-0.11434223225442	0.000674221759519927
ENSG00000271048	CTD-2342N23.2	chr8	135705864	135705913	-0.134876360355166	0.000677190822225591
ENSG00000225770	AC092933.3	chr3	196260406	196260493	-0.202496062380354	0.000679560780165338
ENSG00000263637	RP11-106E15.1	chr18	66464304	66464318	-0.191001652280433	0.00068312789534671
ENSG00000136205	TNS3	chr7	47367832	47367916	-0.137885914154217	0.000686327834220358
ENSG00000212373	RNA5SP171	chr4	167763368	167763391	-0.112405970952535	0.000690355938133602
ENSG00000182648	LINC01006	chr7	156309308	156309436	-0.165579560614004	0.000698596205559575
ENSG00000255504	RP11-788M5.3	chr11	101101073	101101153	-0.105811693648725	0.000699680864284597
ENSG00000233208	LINC00642	chr14	90920585	90920641	-0.100164730895568	0.000699784688513511
ENSG00000226633	PPIAP28	chr13	20753975	20754025	-0.110188028976498	0.000701033327245442
ENSG00000259448	RP11-16E12.1	chr15	31441133	31441174	-0.110736946079098	0.000702592830657927
ENSG00000006015	C19orf60	chr19	18707531	18707558	-0.148972137857151	0.000702754143433872
ENSG00000250681	RP3-368B9.2	chr4	3642265	3642295	-0.107965901655217	0.000705160728279293
ENSG00000164508	HIST1H2AA	chr6	25710484	25710599	-0.199094544072474	0.000705744206560641
ENSG00000196136	SERPINA3	chr14	95078599	95078636	-0.106071078009876	0.000713295213001591
ENSG00000214465	SMARCE1P6	chr2	26372951	26372983	-0.122739407536046	0.000713490730548497
ENSG00000249519	RP11-777N19.1	chr4	111720430	111720433	-0.155070836043253	0.000717273266658313
ENSG00000231806	PCAT7	chr9	97317354	97317394	-0.105409523501813	0.000718007896372174
ENSG00000182585	EPGN	chr4	75149810	75149859	-0.106127934657327	0.000721513685177059
ENSG00000261441	RP11-217B1.2	chr15	89876864	89876978	-0.128586955802856	0.00072151608040889
ENSG00000253293	HOXA10	chr7	27215381	27215473	-0.122413438958275	0.000724124762333127
ENSG00000260328	RP11-416I2.1	chr17	16924552	16924597	-0.120811227631282	0.000724300081306809
ENSG00000231892	AC073316.2	chr7	3227267	3227354	-0.187665767987174	0.000724687124586277

ENSG00000174516	PELI3	chr11	66233005	66233008	-0.124415880721778	0.000725062200658276
ENSG00000223923	AC010136.2	chr2	218867464	218867514	-0.161351036676888	0.000726270039557253
ENSG00000271437	RP11-295B17.6	chr13	99209268	99209304	-0.1502070903848	0.000728014223057786
ENSG00000218512	SPTLC1P2	chr6	23804591	23804637	-0.308486150939449	0.00072804850766147
ENSG00000258540	RP11-692C24.3	chr15	92237905	92237946	-0.116194322302476	0.000729217530103758
ENSG00000224361	AC011239.1	chr2	23777236	23777251	-0.14251016348654	0.000730048733933784
ENSG00000229414	KCNQ1-AS1	chr11	2846795	2846798	-0.113205704870112	0.000735752444018395
ENSG00000140548	ZNF710	chr15	90543270	90543317	-0.100768160552761	0.000737779852461384
ENSG00000148942	SLC5A12	chr11	26743403	26743425	-0.106073542138297	0.000742645642005733
ENSG00000163914	RHO	chr3	129252522	129252554	-0.100918311554215	0.000743905464706001
ENSG00000234303	CLYBL-AS1	chr13	100376892	100376969	-0.133160174103521	0.000746063670955105
ENSG00000078674	PCM1	chr8	17773381	17773397	-0.126302794172926	0.000746786429610303
ENSG00000264843	RP11-856M7.2	chr18	10696987	10697032	-0.101190452778993	0.000747791922167071
ENSG00000252703	RNU6-1182P	chr11	132374638	132374668	-0.179358884469841	0.000748224865649155
ENSG00000204277	RP11-219G17.4	chr17	76259433	76259463	-0.154287931456697	0.000749054962525039
ENSG00000248115	RP11-752D24.2	chr4	53823701	53823749	-0.108413146475353	0.000749556518652581
ENSG00000171885	AQP4	chr18	24445692	24445723	-0.105751596955188	0.00074989947520571
ENSG00000253915	MAPRE1P1	chr8	136596476	136596496	-0.169310364914602	0.000750296567334482
ENSG00000269223	AL158091.1	chr20	62466947	62466992	-0.131879600798381	0.000751807591337784
ENSG00000149927	DOC2A	chr16	30017306	30017379	-0.136045838910087	0.000754024254588906
ENSG00000151623	NR3C2	chr4	148928685	148928718	-0.183426073207243	0.000762148153975606
ENSG00000268618	AC092316.1	chr19	8618027	8618109	-0.186400909405182	0.000762215705632878
ENSG00000221768	AL356309.1	chr9	129294413	129294463	-0.138308556090439	0.000762304422720983
ENSG00000250659	RP11-864I4.3	chr11	62272928	62272985	-0.106661734419542	0.000763497384112085
ENSG00000223815	DIAPH3-AS2	chr13	60734077	60734141	-0.107754113292294	0.000764678623159057
ENSG00000131471	AOC3	chr17	41003256	41003306	-0.112578049688579	0.000767112693554247
ENSG00000269679	AC018445.1	chr18	77278626	77278709	-0.13801494045143	0.0007731400930877
ENSG00000201999	RNA5SP428	chr16	66298594	66298765	-0.100534691416297	0.000773699418274683
ENSG00000224124	POM121L10P	chr22	25044214	25044298	-0.145394865770593	0.000776978171194641
ENSG00000250670	AC004063.1	chr4	105513135	105513214	-0.171681246153078	0.000777995184528492
ENSG00000126934	MAP2K2	chr19	4086822	4086867	-0.118135482541826	0.000778362126385958
ENSG00000177993	ZNRF3-AS1	chr22	29427729	29427773	-0.120197235808936	0.00077842332458023
ENSG00000243499	RPS6P21	chr12	132172358	132172405	-0.131013598341331	0.000779776245900179
ENSG00000202508	Y_RNA	chr10	13534652	13534679	-0.140527701330132	0.000780259074294716
ENSG00000145309	CABS1	chr4	71200534	71200583	-0.108796816967105	0.000781510573117186
ENSG00000221631	AP000897.1	chr18	7738828	7738863	-0.116160909727732	0.000781801027279823
ENSG00000106089	STX1A	chr7	73118359	73118452	-0.103472097750306	0.000782986457587187
ENSG00000257138	TAS2R38	chr7	141695876	141695906	-0.100188175160237	0.000784204487785688
ENSG00000253706	RP11-758M4.4	chr8	75654027	75654033	-0.174770597934397	0.0007847526906358
ENSG00000252094	RNA5SP410	chr16	34979635	34979671	-0.109614018334868	0.00078997340397105
ENSG00000234694	RP1-92O14.3	chr1	43814306	43814422	-0.103179953995925	0.000791303286625282
ENSG00000257737	RP11-341G23.2	chr12	104026544	104026583	-0.103533736580717	0.000792236778223453
ENSG00000225823	RPL7P45	chr13	105484270	105484348	-0.120293155775474	0.000793200994107226
ENSG00000225849	MKRN7P	chr20	45093624	45093670	-0.107296248127103	0.000795709859351322
ENSG00000251928	RNU6-585P	chr11	16945388	16945423	-0.168661363857454	0.000803678043248372
ENSG00000204060	FOXO6	chr1	41807755	41807840	-0.100029193457826	0.000804112583485844
ENSG00000255506	RP11-203F8.1	chr11	92498655	92498687	-0.260663609467577	0.000804648870680006
ENSG00000254847	RP11-51B23.3	chr11	12578612	12578661	-0.111116362677724	0.000805210177128839
ENSG00000267443	AC010641.1	chr19	401076	401200	-0.117365015690512	0.000808638627395411
ENSG00000180549	FUT7	chr9	139925244	139925643	-0.151592964275303	0.000808724469560603
ENSG00000165949	IFI27	chr14	94567395	94567408	-0.14650190319542	0.000815272514605066
ENSG0000010723	EXPH5	chr11	108365143	108365175	-0.140172803838473	0.000817277822476743
ENSG00000258429	PDF	chr16	69358572	69358656	-0.113773225143115	0.000818216737262477
ENSG00000243817	RN7SL189P	chr14	21439000	21439105	-0.21696743583739	0.000819579840567988
ENSG00000241032	RN7SL709P	chr8	37758540	37758549	-0.166351764011225	0.000819680666349157
ENSG00000132613	MTSS1L	chr16	70694371	70694453	-0.169937515854017	0.000822126394855947
ENSG00000205678	TECRL	chr4	64850659	64850661	-0.110601211005981	0.000825938309858923
ENSG00000181135	ZNF707	chr8	144762357	144762397	-0.149901858716578	0.000830796922142281
ENSG00000213563	C8orf82	chr8	145749776	145750452	-0.117698273476788	0.000838192881122121
ENSG00000248838	PGAM1P13	chr8	108669026	108669126	-0.111569007286933	0.00084719812762774
ENSG00000250571	GLI4	chr8	144347197	144347221	-0.177110917382758	0.000850617565243478
ENSG00000248484	RP11-375B1.1	chr5	176125380	176125405	-0.206903181311437	0.000850841933674872
ENSG00000221236	AL137190.1	chr14	96562617	96562667	-0.158960705423001	0.000855246948138605
ENSG00000183826	BTBD9	chr6	38141469	38141511	-0.125562482475314	0.000857350700037571
ENSG00000229257	RP11-229P13.22	chr9	139952100	139952258	-0.143296528821742	0.00085900870686376
ENSG00000255008	AP000442.4	chr11	59332406	59332413	-0.137792927488223	0.000860057302781327
ENSG00000099998	GGT5	chr22	24627294	24627325	-0.154907968662566	0.000865171529861149
ENSG00000242341	RN7SL646P	chr5	177799185	177799227	-0.110378152370173	0.000866876291205403
ENSG00000178226	PRSS36	chr16	31146983	31147108	-0.125008775367155	0.000867099476208171

ENSG00000260193	RP11-83N9.5	chr9	138991814	138991947	-0.121947142249308	0.000868447566288017
ENSG0000070367	EXOC5	chr14	57628563	57628596	-0.135165911404306	0.000873141181592258
ENSG00000229409	RP11-494O16.3	chr22	50239141	50239170	-0.108789527879488	0.000874235443368486
ENSG00000238569	snoU13	chr22	38146948	38146981	-0.129292513725678	0.000877045307477744
ENSG00000224596	ZMIZ1-AS1	chr10	80673607	80673634	-0.121285068968417	0.000877131749377425
ENSG00000267759	CTB-25B13.13	chr19	1415841	1415882	-0.114823779836603	0.000878147637380763
ENSG00000267563	CTC-503J8.4	chr19	6274289	6274320	-0.15347995178096	0.000883013075363643
ENSG00000228224	NACAP1	chr8	102373628	102373700	-0.109505467859839	0.00088486868649405
ENSG00000273143	RP11-525A16.4	chr10	112152868	112152906	-0.185173108844385	0.000884908960667927
ENSG00000221112	AP000908.1	chr11	113956944	113956970	-0.10464548629669	0.000887411711694384
ENSG00000204540	PSORS1C1	chr6	31082187	31082237	-0.134345173199339	0.000887808100587172
ENSG00000155393	HEATR3	chr16	50096867	50096907	-0.104079292001104	0.000896644841609534
ENSG00000109929	SC5D	chr11	121159723	121159792	-0.17763367676272	0.000899429193035151
ENSG00000258593	CTD-3051D23.4	chr14	105318459	105318552	-0.112146605290097	0.000900519046909716
ENSG00000199285	Y_RNA	chr14	39473271	39473294	-0.126793240268849	0.000900583730779983
ENSG00000104499	GML	chr8	143919486	143919495	-0.162746061130058	0.000903522764906344
ENSG00000250390	RP11-338H14.1	chr11	95289891	95289908	-0.129209948397956	0.000905803818382342
ENSG00000235159	RP6-109B7.4	chr22	46469874	46469954	-0.150207754011399	0.000907504564464595
ENSG00000171992	SYNPO	chr5	149980646	149980690	-0.106141540117562	0.000909744834195124
ENSG00000221134	AC007339.1	chr16	49673897	49674042	-0.104174244729628	0.000910623848226234
ENSG00000234678	RP11-465N4.4	chr1	201968995	201969065	-0.107338330591924	0.000911152534030258
ENSG00000261395	HSPE1P5	chr16	68741729	68741900	-0.190509256478481	0.000919559633733242
ENSG00000174600	CMKLR1	chr12	108696918	108696961	-0.103481317393724	0.000920194410536841
ENSG00000254481	PTP4A2P2	chr11	133993739	133993756	-0.135084536440921	0.000928606737373047
ENSG00000149923	PPP4C	chr16	30078964	30079003	-0.146745435179951	0.000928617398932691
ENSG00000162771	FAM71A	chr1	212799905	212799949	-0.137930409410141	0.000934965723226531
ENSG00000130413	STK33	chr11	8358451	8358476	-0.124136137750028	0.000937217984740564
ENSG00000236173	RP1-182D15.2	chr6	170201739	170201830	-0.155914679019106	0.000937641917252031
ENSG00000254781	GVINP2	chr11	6767624	6767668	-0.140467603902969	0.000940176562302342
ENSG00000169946	ZFPM2	chr8	106487553	106487619	-0.204109391783834	0.000940557688506739
ENSG00000232163	RPLP1P13	chr13	23954943	23954979	-0.115437150510121	0.000945977954575564
ENSG00000255273	AF238378.7	chr8	6951250	6951287	-0.100110135764433	0.000950844966499895
ENSG00000259564	RP11-16B9.1	chr15	62090739	62090794	-0.125826642487631	0.000953461847388978
ENSG00000253666	KB-1615E4.2	chr8	101471097	101471143	-0.104332714691995	0.000954653818887784
ENSG00000104897	SF3A2	chr19	2241089	2241205	-0.120293859901809	0.000958843955330886
ENSG00000199214	Y_RNA	chr15	26030628	26030670	-0.109648504411987	0.000959287298673457
ENSG00000266859	AP000719.1	chr11	71623181	71623252	-0.113188268222642	0.000965653500752892
ENSG00000184232	OAF	chr11	120078709	120078917	-0.113511649467956	0.000966692603168403
ENSG00000086475	SEPHS1	chr10	13388395	13388491	-0.109560760666023	0.000968304464665046
ENSG00000233588	CYP51A1P2	chr13	29290656	29290716	-0.145514527779079	0.000972609553240433
ENSG00000179253	RP11-429E11.3	chr20	60240119	60240202	-0.129018229704493	0.000977375066285845
ENSG00000242952	RP11-187O7.1	chr14	77110874	77110895	-0.1179153251148	0.000977475426124002
ENSG00000206181	TCEB3B	chr18	44558856	44558895	-0.101066047713396	0.000978107486031957
ENSG00000206854	RNY3P5	chr13	61330435	61330484	-0.111309054765837	0.000981986036394211
ENSG00000261268	RP11-308D13.3	chr4	140554357	140554366	-0.196840189992451	0.00098852099087987
ENSG00000159267	HLCS	chr21	38104729	38104803	-0.134063603689962	0.000989244583098775
ENSG00000142530	FAM71E1	chr19	50969614	50969681	-0.149552475605399	0.00098976000646455
ENSG00000147454	SLC25A37	chr8	23398316	23398393	-0.199601778274898	0.000990295776285293
ENSG0000026652	AGPAT4	chr6	161560585	161560623	-0.104144793255278	0.000991462386895084
ENSG00000137492	PRKRIR	chr11	76025109	76025189	-0.141111457858435	0.000996520311799038
ENSG00000136573	BLK	chr8	11351835	11351846	-0.110603321108449	0.000999417627766894
ENSG00000255015	RP11-716H6.1	chr11	122118564	122118610	-0.131315115646862	0.00100271742165029
ENSG00000249460	RP11-665C14.2	chr4	182230330	182230345	-0.104320539836153	0.00100973030121538
ENSG00000255421	CTD-2011F17.2	chr11	75831872	75831882	-0.141483203732996	0.00101453067564371
ENSG00000160404	TOR2A	chr9	130486310	130486415	-0.132137583760493	0.00101569913927541
ENSG00000253733	LZTS1-AS1	chr8	20147984	20147996	-0.171837197535133	0.00101903191246916
ENSG00000085733	CTTN	chr11	70245828	70245956	-0.105119834889996	0.00101970508688897
ENSG00000221321	AC016764.1	chr2	121776445	121776645	-0.168082021655556	0.00102133801667203
ENSG00000113532	ST8SIA4	chr5	100110670	100110753	-0.109034411569055	0.00102494810871296
ENSG00000221351	AC068570.1	chr8	129807058	129807081	-0.19307344485596	0.00103056322591274
ENSG00000213772	RP11-385J23.1	chr2	9388328	9388361	-0.154355314580131	0.00103828640294588
ENSG00000124496	TRERF1	chr6	42231057	42231117	-0.111906380823219	0.00104195578007695
ENSG00000215127	SYT14L	chr4	68930597	68930607	-0.144573097602555	0.00104214369137863
ENSG00000196456	ZNF775	chr7	150068736	150068853	-0.146091181557693	0.0010436620710746
ENSG00000221227	MIR1305	chr4	183089305	183089335	-0.114648032100387	0.00104434110848286
ENSG00000240652	RP11-832N8.1	chr11	107732527	107732597	-0.186869076920206	0.00104468762201834
ENSG00000232190	RP11-134D3.1	chr16	87093539	87093559	-0.118803031752599	0.00104482316385128
ENSG00000131153	GIN52	chr16	85707941	85707950	-0.117268951631829	0.00104853705296996
ENSG00000230142	LINC01075	chr13	62723554	62723579	-0.199080696131084	0.00104954985436322

ENSG00000254392	RP11-759A9.2	chr8	51530172	51530196	-0.208100606189302	0.00105610636397622
ENSG00000238054	RP11-316I3.2	chr1	188783395	188783440	-0.109754669549622	0.00105682931090827
ENSG00000255235	RP11-313I2.8	chr11	89609991	89610004	-0.139655452282629	0.00105775922813403
ENSG00000253627	RP11-513H8.1	chr8	135218245	135218249	-0.177876459032964	0.00106246674527849
ENSG00000227258	SMIM2-AS1	chr13	44707126	44707133	-0.102968476601965	0.00106342770346066
ENSG00000199038	MIR210	chr11	567480	567495	-0.101929390232645	0.00106796498256147
ENSG00000260029	RP11-401P9.1	chr16	50584512	50584603	-0.103695054498555	0.00106845375223334
ENSG00000207952	MIR624	chr14	31484281	31484326	-0.115538206754923	0.00108038016174739
ENSG00000104643	MTMR9	chr8	11144671	11144748	-0.207476914024867	0.00108728400463003
ENSG00000215418	PEX12P1	chr13	90661414	90661463	-0.154940938030438	0.00109096463521742
ENSG00000072832	CRMP1	chr4	5754217	5754259	-0.146417948015377	0.00109514193120135
ENSG00000240280	TCAM1P	chr17	61934440	61934477	-0.107423432629979	0.00109636764000192
ENSG00000243498	UBA52P5	chr8	124248237	124248249	-0.258685996940607	0.00109777507513908
ENSG00000196810	CTBP1-AS2	chr4	1237972	1238072	-0.149824579173982	0.00109979522556863
ENSG00000116147	TNR	chr1	175308038	175308084	-0.172286434879396	0.0011039089530807
ENSG00000239426	OR8F1P	chr11	124078517	124078552	-0.137877766999793	0.00110469649913427
ENSG00000112081	SRSF3	chr6	36566714	36566753	-0.109174850572811	0.00111075771106894
ENSG00000231160	RP11-617D20.1	chr4	38607089	38607116	-0.143491181183091	0.00111224468675467
ENSG00000173597	SULT1B1	chr4	70523956	70524003	-0.10683165935244	0.00111523472352429
ENSG00000273209	RP11-107N15.1	chr2	202879617	202879666	-0.177222067926676	0.00112212457380032
ENSG00000118046	STK11	chr19	1155256	1155343	-0.105330621548212	0.00113534986174803
ENSG00000115457	IGFBP2	chr2	217500575	217500624	-0.190564268992295	0.00113651435941688
ENSG00000250200	RP13-577H12.3	chr4	175839604	175839610	-0.119126570177585	0.00114106488418724
ENSG00000230720	RP11-14C22.6	chr10	30993356	30993381	-0.110003006771167	0.00114666006960825
ENSG00000265874	MIR4489	chr11	65414195	65414579	-0.10163783520207	0.00116005428438318
ENSG00000251468	RP11-369K16.1	chr8	12837990	12838022	-0.100033486269966	0.00116237042269172
ENSG00000207739	MIR218-2	chr5	168195318	168195355	-0.105447558150644	0.00116938675573507
ENSG00000243373	RN7SL173P	chr6	158896800	158896835	-0.135709148123493	0.00117026537984551
ENSG00000065717	TLE2	chr19	2995143	2995187	-0.145976291320184	0.0011749410967651
ENSG00000238763	snoU13	chr11	65894463	65894499	-0.156398766233161	0.00117629548163583
ENSG00000228032	C14orf144	chr14	104733648	104733862	-0.162736819246947	0.00118042426520423
ENSG00000157335	CLEC18C	chr16	70207284	70207363	-0.110076781671198	0.0011823995749529
ENSG00000200999	SNORD74	chr4	26755598	26755627	-0.189379622879685	0.00118786394974489
ENSG00000253840	RP11-767C6.1	chr8	55162267	55162414	-0.109091773532798	0.00119726425308499
ENSG00000255480	RP4-710M3.2	chr11	30502936	30502981	-0.142487919598994	0.00119737214376481
ENSG00000239524	RPL32P34	chr19	5290429	5290521	-0.113145906343962	0.00119976312122584
ENSG00000072041	SLC6A15	chr12	85187905	85187944	-0.13568391630149	0.00120520785889848
ENSG00000141428	C18orf21	chr18	33548668	33548724	-0.130198855681625	0.00121256079440246
ENSG00000254303	RP11-398G24.2	chr8	122988410	122988442	-0.119398372468419	0.001216599832512
ENSG00000253397	RP11-597M17.1	chr8	27765862	27765942	-0.173482036093738	0.00121693490592365
ENSG00000141560	FN3KRP	chr17	80673653	80673675	-0.121443428099815	0.00122039069229636
ENSG00000222455	RNA5SP296	chr9	130608923	130609090	-0.130394019073986	0.00122099689032961
ENSG00000263726	CTB-187M2.3	chr17	19374159	19374241	-0.116345602853867	0.00123313534205576
ENSG00000236823	RP1-249F5.3	chr6	160321026	160321056	-0.121430108054866	0.00123318739673868
ENSG00000180068	OR3A4P	chr17	3212451	3212499	-0.1043084403843	0.00123614888990733
ENSG00000271509	RP11-382A18.3	chr8	128306933	128306948	-0.374444232398243	0.00123665645507083
ENSG00000250892	RP11-1365D11.1	chr4	199515	199556	-0.130749895766496	0.0012393907378903
ENSG00000261490	RP11-448G15.3	chr4	10042974	10042978	-0.108164019484711	0.00124551346224687
ENSG00000264102	MIR4688	chr11	46385436	46385477	-0.125440078551369	0.00124889688969714
ENSG00000268885	AC026740.1	chr5	669809	669891	-0.161856067795085	0.00125197272719299
ENSG00000250024	RP11-818C3.1	chr4	189979810	189979877	-0.109207575798955	0.00126379731275543
ENSG00000244405	ETV5	chr3	185763021	185763056	-0.151483999907339	0.00126776793809957
ENSG00000254802	AC022182.3	chr8	61874149	61874174	-0.151311619857769	0.00126860271526412
ENSG00000149575	SCN2B	chr11	118047180	118047203	-0.113050701204167	0.00127145287241016
ENSG00000157064	NMNAT2	chr1	183187573	183187613	-0.146596415198624	0.00128221292523937
ENSG00000225187	AC073283.7	chr2	47335527	47335602	-0.122303052957026	0.00128373241328093
ENSG00000114923	SLC4A3	chr2	220495939	220495965	-0.121609137592761	0.00129941240954166
ENSG00000103855	CD276	chr15	73975226	73975236	-0.125022508977375	0.00130001060036958
ENSG00000156269	NAA11	chr4	80131627	80131661	-0.119724310299792	0.00130396592036043
ENSG00000255127	RP11-676F20.2	chr11	92602408	92602435	-0.106462342281657	0.00130501548062962
ENSG00000108010	GLRX3	chr10	132031258	132031327	-0.116111340240334	0.00131522446529508
ENSG00000248817	RP11-562F9.1	chr4	93139174	93139223	-0.196726100729191	0.00131809705377735
ENSG00000253665	RP11-359E19.2	chr8	39973431	39973462	-0.116913534441999	0.00132386396755456
ENSG00000130311	DDA1	chr19	17423005	17423054	-0.121855674097476	0.00132453713459516
ENSG00000106018	VIPR2	chr7	158820634	158820670	-0.1389919662834	0.0013256376911698
ENSG00000144596	GRIP2	chr3	14494694	14494763	-0.101432858414416	0.0013350418572793
ENSG00000234125	EEF1GP8	chr4	130995543	130995584	-0.107661025055745	0.00133779101619187
ENSG00000253784	RP11-1145L24.1	chr8	73794027	73794075	-0.114268307254636	0.00133987292374291
ENSG00000241613	RN7SL618P	chr13	53813801	53813861	-0.129282112106093	0.001346867365292

ENSG00000259093	RP11-1112J20.2	chr14	63590208	63590232	-0.329282258045836	0.00134715336971979
ENSG00000198054	DSCR8	chr21	39448451	39448490	-0.11802321729885	0.00134819771937052
ENSG00000252785	AC103809.1	chr17	72306290	72306339	-0.109971971435577	0.00134900718336708
ENSG00000272327	RP11-1002K11.1	chr8	32582132	32582153	-0.159424043394978	0.00135289829326724
ENSG00000236242	MYO16-AS1	chr13	109807772	109807785	-0.154851174055873	0.00136115451156044
ENSG00000256725	RP11-662M24.2	chr12	131057280	131057369	-0.100342112523811	0.00136177445400477
ENSG00000242262	RP11-100N21.1	chr4	47706915	47706936	-0.117286491294613	0.0013671607281064
ENSG00000252563	RNA5SP45	chr1	41898212	41898247	-0.127463792945248	0.00136726253980926
ENSG00000175591	P2RY2	chr11	72939078	72939273	-0.162493381802591	0.00136798810812305
ENSG00000133980	VRTN	chr14	74766197	74766220	-0.198477643845271	0.00136963097055862
ENSG00000260027	HOXB7	chr17	46685255	46685379	-0.182546957341751	0.00137253248332164
ENSG00000141837	CACNA1A	chr19	13319727	13319777	-0.107642343203304	0.00137873036560257
LRG_7	LRG_7	chr19	13319727	13319777	-0.107642343203304	0.00137873036560257
ENSG00000109158	GABRA4	chr4	46834282	46834376	-0.103206264645262	0.00137883844522932
ENSG00000254306	RP11-150O12.4	chr8	37457295	37457336	-0.224998688297382	0.00137917976411158
ENSG00000253701	AL928768.3	chr14	106170956	106170967	-0.129121727187042	0.00137979252318895
ENSG00000265524	AC134300.1	chr16	19886575	19886681	-0.155318054636198	0.00139476712178332
ENSG00000087253	LPCAT2	chr16	55540023	55540069	-0.117161764402626	0.0014022099870491
ENSG00000109180	OCIAD1	chr4	48754960	48754970	-0.111671750193381	0.0014078495988361
ENSG00000022976	ZNF839	chr14	102775238	102775268	-0.146656461144396	0.00140941501517904
ENSG00000239991	RP11-889D3.1	chr3	55123709	55123755	-0.12924598773361	0.00141307194760322
ENSG00000227514	RP11-709P2.1	chr8	114058699	114058818	-0.112168641733657	0.00141447178995691
ENSG00000254142	RP11-53M11.3	chr8	55467159	55467240	-0.111226581957485	0.00141780280917327
ENSG00000201610	RNA5SP84	chr2	11636196	11636220	-0.10490995944832	0.00141929961833548
ENSG00000103199	ZNF500	chr16	4793664	4793727	-0.123169401630417	0.00142048998386112
ENSG00000253893	FAM85B	chr8	8032994	8033000	-0.109589193300865	0.00142699787333874
ENSG00000212061	AC016543.1	chr14	76815489	76815559	-0.149880915313088	0.00143059841844899
ENSG00000083454	P2RX5	chr17	3593585	3593623	-0.124094337460194	0.00143881218853933
ENSG00000156427	FGF18	chr5	170876624	170876672	-0.171733823588484	0.00144347038000366
ENSG00000272923	RP11-391L3.1	chr16	81434804	81434947	-0.121949446012412	0.00144667493683226
ENSG00000261837	RP11-264L1.3	chr16	78617570	78617601	-0.146103466868598	0.00145764162780786
ENSG00000258900	HNRNPCP1	chr14	59007027	59007063	-0.157468445232022	0.00146360816967018
ENSG00000252550	SNORA25	chr13	106622252	106622302	-0.109688509812964	0.00146444282720299
ENSG00000206719	Y_RNA	chr8	114992661	114992667	-0.12305989580793	0.00146591790123696
ENSG00000228812	RP11-157P1.5	chr20	60928003	60928051	-0.112953888359703	0.00146761635694617
ENSG00000175274	TP53I1	chr11	44914828	44914831	-0.17213224731492	0.00147818176726945
ENSG00000186509	OR9Q1	chr11	57791502	57791611	-0.110242975968065	0.0014825557320864
ENSG00000223294	SNORD83	chr12	64954563	64954608	-0.106904752515032	0.00148314780999928
ENSG00000268375	CTD-2568A17.8	chr19	51294851	51294929	-0.163927410217675	0.00149041153776522
ENSG00000231133	HAR1B	chr20	61720929	61721061	-0.101264613963807	0.0014951001181964
ENSG00000221933	OR2A25	chr7	143771513	143771539	-0.131584794645781	0.00149759274141428
ENSG00000253602	CTD-3135A9.3	chr8	143341020	143341099	-0.139769256521532	0.0015088476123416
ENSG00000261644	RP11-327F22.2	chr16	50769828	50769852	-0.113511831198809	0.00150915630327505
ENSG00000188511	C22orf34	chr22	49809510	49809539	-0.105227542612761	0.00151079108014851
ENSG00000107929	LARP4B	chr10	851120	851518	-0.106249207366506	0.00151252533574161
ENSG00000109323	MANBA	chr4	103542205	103542236	-0.100846635414248	0.00151496299365554
ENSG00000167513	CDT1	chr16	88859797	88859958	-0.113977572328583	0.00151933146954243
ENSG00000133105	RXFP2	chr13	32348463	32348507	-0.108873705628255	0.00153010712530057
ENSG00000132286	TIMM10B	chr11	6501850	6501879	-0.123239898089612	0.00153303423850404
ENSG00000169992	NLGN2	chr17	7314138	7314179	-0.117422686529964	0.00153884017079845
ENSG00000101670	LIPG	chr18	47090413	47090429	-0.136113667093309	0.00154537182363717
ENSG00000228800	RP11-253D19.1	chr10	30843022	30843052	-0.115319592907655	0.00155216960048081
ENSG00000164855	TMEM184A	chr7	1583137	1583233	-0.110410792042995	0.00157154688758521
ENSG00000231138	RP11-391M7.3	chr10	125521519	125521610	-0.12393214016638	0.00157811934972467
ENSG00000168350	DEGS2	chr14	100608798	100608832	-0.136224338771512	0.00158739220494983
ENSG00000264588	RN7SL872P	chr8	4188646	4188660	-0.128670670504715	0.0016057277116372
ENSG00000172482	AGXT	chr2	241816188	241816212	-0.129825416813837	0.00161186024117329
ENSG00000023171	GRAMD1B	chr11	123388890	123388931	-0.107149519411581	0.00161361028675886
ENSG00000161082	CELF5	chr19	3229762	3229812	-0.104640974705166	0.00162507236870678
ENSG00000204099	NEU4	chr2	242756134	242756178	-0.246778942775479	0.00162531586018073
ENSG00000212089	AP002490.1	chr11	71790208	71790370	-0.126558224709842	0.00162559873146999
ENSG00000130540	SULT4A1	chr22	44220866	44220938	-0.108208287343906	0.00163324953309394
ENSG00000255514	OR4B2P	chr11	48251706	48251831	-0.112507238940436	0.00163469406921151
ENSG00000218416	AC110619.2	chr2	241387006	241387038	-0.116276017634058	0.00163620981358531
ENSG00000214335	CTAGE16P	chr13	59107606	59107647	-0.11213316505323	0.00164036474992438
ENSG00000253493	RP11-89A16.1	chr8	65936235	65936261	-0.12583462641979	0.00164534494940025
ENSG00000147799	ARHGAP39	chr8	145758263	145758277	-0.127501544273366	0.00164695958125504
ENSG00000167645	YIF1B	chr19	38796040	38796139	-0.155714833664492	0.00165214665348906
ENSG00000248802	RP11-184M15.2	chr4	129522698	129522733	-0.101730127649318	0.00165396480060616

ENSG00000233077	RP11-290F20.2	chr20	48960312	48960357	-0.100770629783079	0.0016723611755965
ENSG00000251888	RN7SKP190	chr16	82259324	82259334	-0.116893525335421	0.00167453821993077
ENSG00000251326	RP11-521E5.1	chr4	131205749	131205762	-0.137630800101894	0.00167653538505881
ENSG00000230345	RP13-455A7.1	chr22	48244399	48244428	-0.108962498150201	0.00167761763787042
ENSG00000238290	RP11-431K24.1	chr1	8087499	8087542	-0.108279466912361	0.00167774197744786
ENSG00000258630	RP11-725G5.2	chr14	95784890	95784922	-0.100761625117232	0.0016921471482305
ENSG0000080166	DCT	chr13	94979759	94979789	-0.17642968865516	0.00169405483734508
ENSG00000259859	RP11-439I14.2	chr16	64649992	64650041	-0.14420041840297	0.00170294173727598
ENSG00000115705	TPO	chr2	14171106	14171198	-0.111351691389992	0.00170874629229404
ENSG00000231248	RP11-160N1.9	chr9	44823230	44823314	-0.104936696539025	0.00171015538720398
ENSG00000219902	RPL35P3	chr6	105750679	105750720	-0.18770423318885	0.00172443211920497
ENSG00000166396	SERPINB7	chr18	61472185	61472229	-0.143955035745447	0.00172620022634777
ENSG00000214063	TSPAN4	chr11	841456	841540	-0.140407826026151	0.00172892748783782
ENSG00000237816	RPL21P109	chr13	72334395	72334420	-0.179699238975752	0.00173150556754842
ENSG00000207200	RNU6-45P	chr11	63729119	63729256	-0.116070344821214	0.0017321633657659
ENSG00000230266	XXYL1-AS2	chr3	194868774	194868798	-0.151323170131285	0.00173266422967626
ENSG00000102977	ACD	chr16	67687340	67687859	-0.10271876784501	0.00173530348499808
ENSG00000197217	ENTPD4	chr8	23223490	23223540	-0.166640658856856	0.00174603244451479
ENSG00000250186	RP11-1079K10.4	chr17	47486755	47486796	-0.124166886111648	0.00175135438047627
ENSG00000175611	LINC00476	chr9	98481422	98481433	-0.116343068435579	0.00175400372877844
ENSG00000164113	ADAD1	chr4	123299167	123299169	-0.164407954728817	0.00175667529055399
LRG_22	LRG_22	chr1	22965523	22965630	-0.115831468040751	0.00176264655252404
ENSG00000237118	CYP2F2P	chr19	41330815	41330851	-0.117375208793111	0.00176396910065413
ENSG00000214727	RPL5P35	chr22	50157940	50157990	-0.103007177528114	0.00176475694239695
ENSG00000171812	COL8A2	chr1	36574828	36574856	-0.107971652121611	0.00176739795594282
ENSG00000232633	CTD-2201G3.1	chr5	112538999	112539022	-0.112754224271543	0.00176817485465115
ENSG00000229436	AC073850.6	chr7	80291655	80291698	-0.149019201351413	0.00176935329401364
ENSG00000263677	RP11-17A19.2	chr18	24276356	24276388	-0.101323197509421	0.00177647067617772
ENSG00000261925	RP11-388M20.9	chr16	31238134	31238217	-0.100117465354423	0.00178239714711774
ENSG00000130997	POLN	chr4	2073751	2073761	-0.118314832553766	0.00178725279290515
ENSG0000010810	FYN	chr6	112007527	112007618	-0.163396801526226	0.00178825206988087
ENSG00000255376	RP11-360K13.2	chr11	96514572	96514614	-0.102580281847373	0.00178976894350977
ENSG00000252864	RNA5SP278	chr8	141985467	141985489	-0.153204712798319	0.00179277043102428
ENSG00000175764	TTL11	chr9	124584474	124584527	-0.168554090786736	0.00179706906652154
ENSG00000228648	RP11-568A7.2	chr6	167655358	167655379	-0.118844184201578	0.00180140471585347
ENSG00000228923	AP000355.2	chr22	24896553	24896651	-0.174831887331301	0.00180192559756606
ENSG00000271806	RP5-892K4.1	chr1	2068896	2068945	-0.166802805699531	0.00181244805205659
ENSG00000200506	Y_RNA	chr14	100046547	100046578	-0.103978638938199	0.0018140168450565
ENSG00000139318	DUSP6	chr12	89748773	89748821	-0.138875061234561	0.00181683573026572
ENSG00000127152	BCL11B	chr14	99645185	99645188	-0.150489512655151	0.00181945871493104
ENSG00000260082	RP11-2C24.5	chr16	30833246	30833478	-0.185002531301239	0.0018289701583267
ENSG00000157613	CREB3L1	chr11	46296114	46296193	-0.121365678608525	0.00183650428548487
ENSG00000103404	USP31	chr16	23071254	23071282	-0.110502502060484	0.00184031140583216
ENSG00000260566	RP11-20G6.3	chr16	23071254	23071282	-0.110502502060484	0.00184031140583216
ENSG00000257043	RP11-137N23.1	chr11	18690282	18690286	-0.139705228793776	0.00184084391906342
ENSG00000108405	P2RX1	chr17	3805053	3805207	-0.145465285956955	0.001841314120884
ENSG00000081041	CXCL2	chr4	74962195	74962221	-0.161983724840475	0.00184483808103969
ENSG00000197233	OR1J2	chr9	125273104	125273110	-0.110081269627769	0.00184942064797462
ENSG00000263381	MIR5584	chr1	45009259	45009301	-0.138741119217571	0.00185014041236516
ENSG00000103126	AXIN1	chr16	375477	375695	-0.130811120841075	0.00186454163441366
ENSG00000187997	C17orf99	chr17	76138578	76138608	-0.178739031612442	0.00186467806945706
ENSG00000270091	RP11-78O7.2	chr17	19773749	19773795	-0.125295386502456	0.00186590041699567
ENSG00000150403	TMCO3	chr13	114190128	114190142	-0.116984016653084	0.00187003007902379
ENSG00000225140	RP11-809C18.3	chr10	640036	640074	-0.102709409837302	0.00188305450883575
ENSG00000253416	RP11-48D4.2	chr8	77806288	77806297	-0.17945318613465	0.00188663402352049
ENSG00000215881	RP11-65D24.1	chr13	112292532	112292633	-0.171736130680523	0.00188931546577151
ENSG00000227150	RP11-473E2.3	chr9	137445294	137445315	-0.139465202656886	0.00189942480275603
ENSG00000100249	C22orf31	chr22	29456300	29456328	-0.161182089274641	0.00190274145548286
ENSG00000253468	KB-1517D11.2	chr8	99422517	99422528	-0.13123701781074	0.0019035423528168
ENSG00000255226	CTD-2210P24.3	chr11	45765692	45765695	-0.107794621894052	0.0019068702917917
ENSG00000164535	DAGLB	chr7	6438666	6438710	-0.114375647337503	0.00190822352371299
ENSG00000263015	RP5-1029F21.3	chr17	400381	400417	-0.123199730149997	0.00191199603647462
ENSG00000265247	MIR4472-1	chr8	143258990	143259126	-0.133501164753992	0.00191659188664805
ENSG00000071894	CPSF1	chr8	145616945	145617088	-0.112040843688195	0.0019208569995012
ENSG00000264124	AC104687.1	chr4	77752574	77752599	-0.107580069824142	0.00192690970171772
ENSG00000186918	ZNF395	chr8	28196926	28196990	-0.166906647079116	0.00192794993216945
ENSG00000264309	MIR4694	chr11	19849387	19849418	-0.147083315344345	0.00193260004146938
ENSG00000248820	RP11-15B17.3	chr4	100963094	100963184	-0.114861846328185	0.00193831118200223
ENSG00000123737	EXOSC9	chr4	122718499	122718511	-0.152229189834678	0.00195033632894786

ENSG00000178217	SH2D4B	chr10	82300583	82300611	-0.121917148507152	0.00195257695081427
ENSG00000235518	AC011196.3	chr15	26885386	26885430	-0.103959512965696	0.00195624547589073
ENSG00000232774	RP11-47I22.3	chr14	62075003	62075047	-0.105855219827455	0.00196839098626295
ENSG00000254083	RP11-452N4.1	chr8	136246220	136246265	-0.158303545050821	0.00196933520625259
ENSG00000244669	RP11-158O16.1	chr4	65590696	65590747	-0.108190815346154	0.00198867555182576
ENSG00000250884	OR7E85P	chr4	9485487	9485538	-0.107127799987372	0.00199773955490163
ENSG00000146826	C7orf43	chr7	99751561	99751601	-0.110905478696674	0.00200378186712792
ENSG00000254895	RP11-37O16.7	chr11	103197103	103197220	-0.108671135591778	0.00201250021675184
ENSG00000167612	ANKRD33	chr12	52281752	52281906	-0.110201203206988	0.00201347812645933
ENSG00000243920	RPS26P24	chr4	58131602	58131648	-0.167818633248675	0.00203710259650208
ENSG00000199475	RN7SKP104	chr7	97179143	97179182	-0.139383988097502	0.00203971414850382
ENSG00000230350	RPL35AP3	chr6	137281177	137281220	-0.156949968398676	0.00204201664498454
ENSG00000251188	RP11-478C6.6	chr4	253233	253292	-0.116361859149989	0.00204399655697168
ENSG00000249513	RP11-404I7.1	chr4	133902727	133902763	-0.101909179288336	0.00204525029965631
ENSG00000199585	RNA5SP119	chr2	212476269	212476309	-0.163207585270906	0.00204971004291574
ENSG00000266151	MIR3646	chr20	43029961	43030033	-0.111095228567383	0.00205448717900268
ENSG00000268085	AC051642.1	chr8	23405351	23405363	-0.117124965423318	0.002058115917117
ENSG00000259073	FOXN3-AS2	chr14	90006806	90006853	-0.191031480977704	0.00206436033448743
ENSG00000241612	RP13-585F24.1	chr4	19895949	19895957	-0.170778998011725	0.00207282089899473
ENSG00000262352	AP005530.1	chr18	11219	11257	-0.100152017265124	0.00208275655995574
ENSG00000165219	GAPVD1	chr9	128022192	128022294	-0.106541981363515	0.00208347477757228
ENSG00000255429	RP11-643G5.6	chr11	89322636	89322682	-0.111051062661821	0.00208582386707416
ENSG00000168925	CTRB1	chr16	75255660	75255776	-0.112885355891204	0.00210006862917175
ENSG00000265064	MIR4692	chr11	72489128	72489173	-0.15551594318739	0.00210134851536133
ENSG00000147324	MFHAS1	chr8	8630362	8630380	-0.122328034244888	0.00210872618647662
ENSG00000167094	TTC16	chr9	130484343	130484378	-0.204419246956829	0.00211734056340693
ENSG00000102743	SLC25A15	chr13	41372641	41372680	-0.185732040078338	0.00212893539899422
ENSG00000252260	RNA5SP461	chr18	75609001	75609089	-0.102796879197194	0.00213404197737666
ENSG00000006114	SYNRG	chr17	35870437	35870486	-0.165477463231718	0.00214363607099248
ENSG00000182919	C11orf54	chr11	93475912	93475962	-0.125379333580984	0.00215765124659389
ENSG00000103168	TAF1C	chr16	84210655	84210675	-0.123622031475077	0.0021599502374852
ENSG00000177679	SRRM3	chr7	75866186	75866229	-0.114585483873941	0.00216021627687907
ENSG00000185507	IRF7	chr11	613792	613863	-0.101880950424341	0.00216444262822709
ENSG00000270988	RP11-439C15.5	chr8	1947011	1947068	-0.123835561661312	0.00216594724286674
ENSG00000261007	RP11-382N13.3	chr16	5482304	5482435	-0.111418785848564	0.0021709373033086
ENSG00000265768	MIR4506	chr14	94419664	94419738	-0.116491905071734	0.00217658702455582
ENSG00000130720	FIBCD1	chr9	133783767	133783824	-0.153833815478892	0.00218003811774349
ENSG00000189319	FAM53B	chr10	126320737	126320784	-0.14324540567837	0.00218144322071544
ENSG00000151729	SLC25A4	chr4	186061059	186061063	-0.190458475715327	0.00218463122832432
ENSG00000229375	USP24P1	chr13	19587466	19587592	-0.112514175094606	0.0022056213556409
ENSG00000176978	DPP7	chr9	140011201	140011244	-0.187108234706035	0.00221317049708123
ENSG00000166997	CNPY4	chr7	99719912	99719932	-0.151296014260142	0.00221646992536136
ENSG00000171067	C11orf24	chr11	68037157	68037193	-0.136240557236768	0.00222266846799582
ENSG00000207732	MIR218-1	chr4	20529972	20529989	-0.115485400986307	0.00222581897916169
ENSG00000213512	GBP7	chr1	89594028	89594089	-0.205352369099012	0.00222726397085322
ENSG00000258866	RP11-991C1.2	chr14	95514039	95514113	-0.113898269620221	0.00225223971928959
ENSG00000176567	OR4X1	chr11	48285838	48285856	-0.167825679263565	0.00225266345366232
ENSG00000265215	MIR4269	chr2	240218482	240218520	-0.132647862493462	0.00225728356976842
ENSG00000162139	NEU3	chr11	74696651	74696653	-0.146758165925807	0.00226751277640793
ENSG00000261103	RP11-298D21.3	chr16	83688511	83688559	-0.119804410028298	0.00227842488431152
ENSG00000251643	RP11-91J3.1	chr4	188398549	188398565	-0.206303411873845	0.00228110714188519
ENSG00000170367	CST5	chr20	23849471	23849506	-0.113112713380689	0.00232291981209704
ENSG00000257021	HSPE1P20	chr12	127384842	127384868	-0.102841229920093	0.00232794336650831
ENSG00000172725	CORO1B	chr11	67210383	67210406	-0.112025742625076	0.00235221909554685
ENSG00000249430	CTD-2231H16.1	chr5	75520	75619	-0.129919653493333	0.00236593321178986
ENSG00000144820	GPR128	chr3	100321183	100321209	-0.226900050482765	0.00236614536253346
ENSG00000117322	CR2	chr1	207596628	207596678	-0.100646692104018	0.00238552566247724
ENSG00000196843	ARID5A	chr2	97216215	97216224	-0.177739393259414	0.00238594149857749
ENSG00000137699	TRIM29	chr11	119978011	119978046	-0.165114370217147	0.00238791297199989
ENSG00000261058	RP11-252E2.2	chr16	75150799	75150819	-0.108109673227344	0.00240751198466003
ENSG00000257271	KIRREL3-AS1	chr11	126462779	126462818	-0.142038013339649	0.00242203444283659
ENSG00000187079	TEAD1	chr11	12699172	12699205	-0.106266961269516	0.00242345227567493
ENSG00000260264	AC004125.3	chr16	24231485	24231517	-0.123256559242019	0.00242940450796285
ENSG00000184144	CNTN2	chr1	205000905	205000955	-0.110129459738333	0.00243230961569953
ENSG00000252838	RN7SKP23	chr16	23434939	23434983	-0.11055270228714	0.00243987953555536
ENSG00000241081	RP11-488C13.1	chr14	77350013	77350023	-0.108115004825227	0.00244776225761216
ENSG00000226390	RP11-358D14.2	chr20	62082744	62082791	-0.109573097248596	0.00245250478687786
ENSG00000229915	AC016999.2	chr2	239348115	239348190	-0.138328275450932	0.00245655286055602
ENSG00000263744	MIR3664	chr11	70731484	70731587	-0.103795622428083	0.00246861310147824

ENSG00000230872	AC092338.5	chr16	22398879	22398917	-0.112756877407477	0.0024849001471987
ENSG00000199598	RNU6-859P	chr21	45344519	45344557	-0.107335974427125	0.00248588083139203
ENSG00000006453	BAIAP2L1	chr7	97916872	97916916	-0.103006315593466	0.00249486920137714
ENSG00000234005	GAPDHP22	chr13	99843860	99843906	-0.177588738735306	0.00251006691102486
ENSG00000035720	STAP1	chr4	68441194	68441222	-0.170893114620766	0.00251930570695894
ENSG00000181935	OR4C16	chr11	55355191	55355211	-0.190712209096584	0.00252902830655935
ENSG00000211918	IGHD2-15	chr14	106362954	106362962	-0.13751334328466	0.00253011322565073
ENSG00000233379	RP11-318G21.4	chr13	78507363	78507365	-0.111396464742302	0.00256946789919429
ENSG00000248370	RP11-366H4.1	chr4	189084704	189084728	-0.112443988141067	0.00259010426658687
ENSG00000226990	RP11-543F8.2	chr10	8408585	8408601	-0.214451598104799	0.00259323217637163
ENSG00000196914	ARHGEF12	chr11	120210408	120210437	-0.102383500860066	0.00260931519945118
ENSG00000254896	OPCML-IT1	chr11	133233931	133234006	-0.111170613254739	0.00261467871780293
ENSG00000260024	MRPS21P7	chr16	49736372	49736462	-0.14694922829619	0.00263873565788141
ENSG00000169885	CALML6	chr1	1841279	1841345	-0.113477973956929	0.00268873436720631
ENSG00000180432	CYP8B1	chr3	42881472	42881516	-0.114931789169458	0.00268953134728999
ENSG00000101190	TCFL5	chr20	61473219	61473269	-0.129661649626919	0.0027136002658137
ENSG00000264652	MIR4649	chr7	44152228	44152272	-0.212313003819633	0.00273150264994096
ENSG00000250546	RP11-8L2.1	chr4	84772730	84772826	-0.138005213885012	0.0027612724613083
ENSG00000107611	CUBN	chr10	16933392	16933419	-0.170309639775967	0.00277183181987729
ENSG00000270999	CH17-132F21.1	chr2	90417611	90417654	-0.148836203022578	0.00278114645419591
ENSG00000171840	NINJ2	chr12	681244	681282	-0.148481584935912	0.00278933034464264
ENSG00000197363	ZNF517	chr8	146021168	146021203	-0.117774114588313	0.00279144663870993
ENSG00000261532	RP11-304L19.8	chr16	2262802	2262852	-0.102576339390972	0.00280796429593045
ENSG00000109775	UFSP2	chr4	186321177	186321203	-0.128502685647561	0.0028108420169551
ENSG00000232676	ADH5P2	chr1	80026295	80026305	-0.10333949029899	0.00282843951282869
ENSG00000230082	PRRT3-AS1	chr3	9989123	9989434	-0.103945007678434	0.00283289954856101
ENSG00000229484	RP5-888M10.2	chr1	12600348	12600428	-0.135804134383837	0.00286557728055816
ENSG00000253656	KB-1568E2.1	chr8	131663355	131663384	-0.123000036286967	0.00286949185401152
ENSG00000133110	POSTN	chr13	38172754	38172766	-0.102783790781135	0.002886906627544
ENSG00000241026	CTD-2036J7.1	chr8	22241257	22241259	-0.106158624429042	0.00289035033509345
ENSG00000129515	SNX6	chr14	35032102	35032169	-0.130981433021727	0.00289584542955921
ENSG00000237136	C4orf51	chr4	146601437	146601512	-0.102382355289501	0.00291041429878569
ENSG00000202159	RNU6-742P	chr18	55400082	55400086	-0.126861047783747	0.0029107706218141
ENSG00000254615	RP11-395G23.3	chr8	107280990	107281075	-0.117828751963905	0.00291948146776465
ENSG00000198711	SSBP3-AS1	chr1	54725404	54725435	-0.1892179316882	0.00293858408208471
ENSG00000254651	RP11-430H10.3	chr11	45453032	45453058	-0.114845278781281	0.00295045358080328
ENSG00000139438	FAM222A	chr12	110149890	110149958	-0.100907712100027	0.00295710048655772
ENSG00000166408	OR5P1P	chr11	7795005	7795022	-0.174037620869247	0.00295954252344801
ENSG00000141668	CBLN2	chr18	70205122	70205162	-0.221432485512413	0.00296997856820883
ENSG00000149328	GLB1L2	chr11	134200144	134200151	-0.13630788897013	0.00297788224099051
ENSG00000217576	RP11-248G5.8	chr13	52735075	52735120	-0.116835910071701	0.00298110575124965
ENSG00000243406	MRPS31P5	chr13	52735075	52735120	-0.116835910071701	0.00298110575124965
ENSG00000251048	RP11-608B3.1	chr4	18700261	18700270	-0.110749712903316	0.00298556570491684
ENSG00000228874	AC090954.5	chr3	15160250	15160296	-0.133137585365817	0.00300196798778888
ENSG00000258474	RP11-187E13.1	chr14	32413685	32413729	-0.120682518350027	0.00301256363360295
ENSG00000249441	RP11-94H6.1	chr4	19741041	19741087	-0.116474046573138	0.00301508024599368
ENSG00000250819	RP11-576E20.1	chr4	17188598	17188604	-0.105014399953789	0.00308153170444324
ENSG00000255361	RP11-412B14.2	chr8	42578950	42578966	-0.123202080446243	0.00309470654434451
ENSG00000260787	RP11-797A18.4	chr15	77324607	77324758	-0.135418516546732	0.00309989748708433
ENSG00000204427	ABHD16A	chr6	31652969	31653009	-0.103281524382794	0.00311275535569678
ENSG00000226233	RP1-151B14.9	chr22	37608819	37608859	-0.10150048633682	0.00311829064926113
ENSG00000148908	RGS10	chr10	121201554	121201576	-0.109143851435712	0.00312968283152839
ENSG00000138316	ADAMTS14	chr10	72435259	72435304	-0.110299524817346	0.00313331889007202
ENSG00000170871	KIAA0232	chr4	6781526	6781535	-0.117667687857477	0.0031622423678232
ENSG00000252181	AC020703.1	chr4	154945195	154945254	-0.142847800009546	0.00317004718208617
ENSG00000259097	RP11-61O1.1	chr14	98489480	98489522	-0.119838696631	0.00318853315990258
ENSG00000248771	RP11-294O2.2	chr4	165675069	165675075	-0.105666129094292	0.00318927594565557
ENSG00000259910	RP11-616M22.2	chr16	1213519	1213642	-0.100630809601914	0.0032160885827
ENSG00000135636	DYSF	chr2	71823478	71823534	-0.141208808934252	0.00324099447772332
ENSG00000253307	RP11-10J21.4	chr8	142255553	142255563	-0.114068051393292	0.00325056405300895
ENSG00000137404	NRM	chr6	30659643	30659732	-0.138374254609647	0.00325687375754101
ENSG00000228919	AC097381.1	chr4	7893054	7893062	-0.100653727710211	0.00326073204710038
ENSG00000172457	OR9G4	chr11	56512503	56512525	-0.159304132565797	0.00329699925637347
ENSG00000237326	AC113608.1	chr2	15909070	15909106	-0.142265847181672	0.00330434186600658
ENSG00000266307	MIR5093	chr16	85337281	85337571	-0.113516404726339	0.00331614429873216
ENSG00000236860	RPL39P29	chr13	102925617	102925628	-0.16110107235399	0.00333345036219717
ENSG00000255965	RP11-408I18.9	chr12	124844874	124844921	-0.100121808238337	0.00333744963454726
ENSG00000252306	AC104183.1	chr3	21344613	21344670	-0.111515921180398	0.00334112602686966
ENSG00000168101	NUDT16L1	chr16	4730580	4730652	-0.160825479526878	0.00337491469206017

ENSG00000132965	ALOX5AP	chr13	31326405	31326440	-0.106864669263477	0.00337556698136806
ENSG00000252243	RNU6-412P	chr4	46478936	46478976	-0.120012683103335	0.00339027069202533
ENSG00000227403	AC009299.3	chr2	162101046	162101083	-0.100274068176864	0.00339409720058197
ENSG00000238228	OR7E7P	chr7	97580634	97580811	-0.149611748290266	0.00340239970123236
ENSG00000256394	ASIC5	chr4	156723671	156723708	-0.129263762401819	0.00342286030754154
ENSG00000215298	FP15737	chr8	23430678	23430845	-0.106521272044216	0.00345797422284847
ENSG00000104635	SLC39A14	chr8	22227271	22227320	-0.166659736117697	0.00347804875951584
ENSG00000207960	MIR153-2	chr7	157380991	157381025	-0.11430020504969	0.00347879102007738
ENSG00000260209	RP11-680F20.10	chr11	125744140	125744246	-0.170237324675676	0.00350485834720303
ENSG00000140107	SLC25A47	chr14	100791792	100791876	-0.14653253622596	0.00351119662073885
ENSG00000228968	AC096554.1	chr2	104640267	104640313	-0.151623511546831	0.00355415138285375
ENSG00000005249	PRKAR2B	chr7	106613147	106613189	-0.120378836226611	0.00355953003421686
ENSG00000269068	RP11-256I23.2	chr2	220422655	220422739	-0.123956924124852	0.00357480093807171
ENSG00000187608	ISG15	chr1	949780	949850	-0.165965587215367	0.00358600754155774
ENSG00000252556	RNU6-256P	chr11	121768236	121768240	-0.101135959310511	0.00360360012439145
ENSG00000254001	RP11-91P17.1	chr8	78923629	78923646	-0.111475395310374	0.00362427083745227
ENSG00000260403	RP11-616M22.1	chr16	1207043	1207208	-0.154178188270699	0.00365506187579277
ENSG00000215571	GRK6P1	chr13	21902991	21903039	-0.127999904506618	0.00365953003421686
ENSG00000173334	TRIB1	chr8	126403698	126403700	-0.117945333118069	0.00366058030003177
ENSG00000137571	SLCO5A1	chr8	70501472	70501554	-0.121319175107338	0.00369642772958443
ENSG00000164292	RHOBTB3	chr5	95047417	95047444	-0.110472110686042	0.00371830966529451
ENSG00000269908	RP11-1406H17.1	chr4	6244279	6244312	-0.134604592483846	0.00372252444029396
ENSG00000241123	KRTAP10-5	chr21	45999661	45999684	-0.102923280120822	0.00374123734156543
ENSG00000226627	SHANK2-AS1	chr11	70484486	70484490	-0.151609736863737	0.00374277257586875
ENSG00000253755	IGHGP	chr14	106130834	106130949	-0.143128083434604	0.00375648472874913
ENSG00000149591	TAGLN	chr11	117069966	117070130	-0.105783380067947	0.00376588026702697
ENSG00000234993	CUBNP2	chr10	45720017	45720134	-0.105375577399997	0.00376795863245563
ENSG00000254863	RP11-831A10.2	chr11	119846388	119846474	-0.123783244544034	0.00379148402469394
ENSG00000255749	GNAI2P1	chr12	14413055	14413090	-0.105496808704199	0.00381713797271363
ENSG00000100991	TRPC4AP	chr20	33585404	33585437	-0.129441123715937	0.00383063542432079
ENSG00000173918	C1QTNF1	chr17	77044439	77044488	-0.110951881529899	0.00384058835629481
ENSG00000174970	OR10AG1	chr11	55735597	55735637	-0.115811072040729	0.00388507384142944
ENSG00000184990	SIVA1	chr14	105215590	105215640	-0.141540552605786	0.00389065425094909
ENSG00000106628	POLD2	chr7	44152333	44152480	-0.184259206520549	0.00394044054790892
ENSG00000226722	LINC00424	chr13	22447059	22447106	-0.134864390750573	0.00396859053648876
ENSG00000255122	RP11-303G3.6	chr8	12460769	12460790	-0.103332038323782	0.00400316303199727
ENSG00000270375	REXO1L2P	chr8	86842818	86842828	-0.107201910112256	0.0040336575101381
ENSG00000253668	RP11-463C14.1	chr8	54557599	54557617	-0.119935679683408	0.00403954734566386
ENSG00000178381	ZFAND2A	chr7	1184291	1184355	-0.128386732622781	0.00405313322810684
ENSG00000130147	SH3BP4	chr2	235879289	235879308	-0.158437864199314	0.00405881071422971
ENSG00000223269	RN7SKP53	chr11	99051124	99051127	-0.102943658441307	0.0040590886559926
ENSG00000121742	GJB6	chr13	20796178	20796216	-0.115287306077551	0.004060957488215
ENSG00000202533	Y_RNA	chr5	131800530	131800575	-0.100371024584435	0.00406855381326391
ENSG00000189403	HMGB1	chr13	31061047	31061060	-0.130176511828845	0.00407403084084618
ENSG00000228120	AP001631.10	chr21	44574032	44574068	-0.101456838906501	0.00417011085934417
ENSG00000236510	AC011284.3	chr7	3920022	3920082	-0.115004564464955	0.00417823915014675
ENSG00000258805	ADIPOR1P2	chr14	95090393	95090431	-0.141509841931809	0.00424419075990854
ENSG00000140961	OSGIN1	chr16	83985717	83985744	-0.106492075970357	0.00425410788370968
ENSG00000249767	ENPP7P10	chr4	9074438	9074474	-0.105040123322485	0.00425817935620259
ENSG00000226093	RPS28P8	chr13	42575817	42575849	-0.128635440398355	0.00425875605135316
ENSG00000266213	RP11-100K18.1	chr18	75888512	75888525	-0.106431377128353	0.00427935392508017
ENSG00000187678	SPRY4	chr5	141616153	141616199	-0.194260967767834	0.00430127156185186
ENSG00000149091	DGKZ	chr11	46360707	46360763	-0.144798791827928	0.00436197427672172
ENSG00000248694	RP11-18D7.2	chr4	183686188	183686240	-0.101974838633138	0.00438563710905141
ENSG00000263723	SNORD39	chr2	238794837	238794899	-0.107909076887113	0.00445461563110524
ENSG00000251332	RP11-177C12.4	chr4	37990443	37990452	-0.137002487735971	0.00447585108721079
ENSG00000266216	AL359538.2	chr13	25120087	25120147	-0.190536033076579	0.00451249670905845
ENSG00000254939	CTD-2342I9.1	chr11	98327238	98327241	-0.100081405895336	0.00459607601239985
ENSG00000244521	RN7SL700P	chr13	48170314	48170336	-0.195478071046893	0.00467797713433268
ENSG00000221101	AL391417.1	chr6	87183160	87183199	-0.110284937820027	0.00468840297878893
ENSG00000249901	RP11-781M16.2	chr4	159442782	159442788	-0.181202366299749	0.0046929964407085
ENSG00000066427	ATXN3	chr14	92525005	92525017	-0.111145167124724	0.00477526614114237
ENSG00000259634	RP11-529H20.5	chr14	92525005	92525017	-0.111145167124724	0.00477526614114237
ENSG00000263389	MIR3973	chr11	36078752	36078755	-0.111366981337585	0.0047860942614452
ENSG00000186960	C14orf23	chr14	29241143	29241147	-0.104557832097847	0.00481208931758682
ENSG00000166321	NUDT13	chr10	74870971	74871031	-0.102776786176153	0.00485720675732225
ENSG00000207153	RNU6-933P	chr11	60779795	60779850	-0.109840269613442	0.00490746101066287
ENSG00000246889	AP000487.5	chr11	70213437	70213469	-0.114909105740552	0.00491162681607859
ENSG00000232591	RP5-1031D4.2	chr10	7466541	7466570	-0.118075118771838	0.00497604838150506

ENSG00000264788	MIR3148	chr8	29848579	29848651	-0.125419069446698	0.00497916524481895
ENSG00000133321	RARRES3	chr11	63296779	63296802	-0.19827839498183	0.00500996939965216
ENSG00000238522	snoU13	chr13	97766320	97766351	-0.149035555303302	0.00501042779960044
ENSG00000197457	STMN3	chr20	62276960	62277009	-0.101509765668292	0.00502592788593243
ENSG00000232216	IGHV3-43	chr14	106926649	106926675	-0.195417121084695	0.00503611012697677
ENSG00000249086	AC051649.12	chr11	1885088	1885097	-0.105212587797022	0.00504282544800019
ENSG00000212224	SNORA26	chr20	40356012	40356060	-0.10732146810189	0.00526479581257068
ENSG00000249244	RP11-548H18.2	chr4	120316366	120316394	-0.146337783517845	0.00527622129433602
ENSG00000104327	CALB1	chr8	91108147	91108188	-0.10310527724242	0.00529324596751941
ENSG00000207736	MIR657	chr17	79098772	79098813	-0.120053234056452	0.00539865654506822
ENSG00000198542	ITGBL1	chr13	102104807	102104848	-0.116586556797242	0.00552180563487311
ENSG00000248266	RP11-402C9.1	chr4	183068360	183068417	-0.175129093060755	0.00559753856087982
ENSG00000253433	AC083843.3	chr8	135850960	135850994	-0.114025778237121	0.00582587046890978
ENSG00000198768	APCDD1L	chr20	57041423	57041461	-0.11478075693254	0.00594297798188883
ENSG00000254089	RP11-388K12.2	chr8	94257330	94257369	-0.11419658065399	0.00600958350443794
ENSG00000135111	TBX3	chr12	115107610	115107694	-0.163766390767773	0.00618071032039621
ENSG00000241877	RP11-84H6.1	chr4	179208111	179208130	-0.111473192188529	0.00619678949577876
ENSG00000156194	PPEF2	chr4	76796944	76796960	-0.111717746900025	0.00626648916900484
ENSG00000120675	DNAJC15	chr13	43620878	43620940	-0.104908936168978	0.00627394736755088
ENSG00000170153	RNF150	chr4	141797779	141797799	-0.162102232311485	0.00629548710051734
ENSG00000251271	ALG1L7P	chr4	3928073	3928098	-0.103646977861416	0.00650233274108017
ENSG00000181004	BBS12	chr4	123664203	123664244	-0.169425490214261	0.00655701352785856
ENSG00000252307	RNA5SP153	chr4	9410117	9410136	-0.118794478798044	0.00664176035395471
ENSG00000202422	RNA5SP30	chr13	58439941	58439956	-0.154462490787389	0.00670583595069462
ENSG00000233220	LINC00167	chr11	129870723	129870729	-0.116067377629659	0.00676781838377889
ENSG00000151790	TDO2	chr4	156787741	156787747	-0.167525788976864	0.00679412134182542
ENSG00000253866	TMEM97P2	chr8	20725437	20725452	-0.135051694688355	0.00690044448293381
ENSG00000265085	AC110810.1	chr4	63461176	63461229	-0.137090252013312	0.00696825437828875
ENSG00000206780	SNORA75	chr4	17325387	17325429	-0.109925834878148	0.00697385137816409
ENSG00000253505	CTA-398F10.1	chr8	8241852	8241890	-0.143861705937339	0.00701111857620747
ENSG00000168924	LETM1	chr4	1810219	1810238	-0.109188095513145	0.00722257042253055
ENSG00000163995	ABLIM2	chr4	7967209	7967275	-0.12213820985566	0.0074126687908483
ENSG00000160948	VPS28	chr8	145643626	145643644	-0.104170255123824	0.00877884428844095
ENSG00000107404	DVL1	chr1	1269396	1269458	-0.105822525954398	0.00943803653871537