

Figure S1. The top 10 biological process or cellular component terms enriched in *SPIN4* upregulation. The genes that were coexpressed with *SPIN4* in NPC from the TCGA database ($n = 523$) were analyzed using the cBioPortal online platform. The genes (top 200 transcripts) with positive associations were further analyzed using the PANTHER classification system in accordance with (A) biological processes or (B) cellular components and were rated by *fold enrichment* for functional annotation.

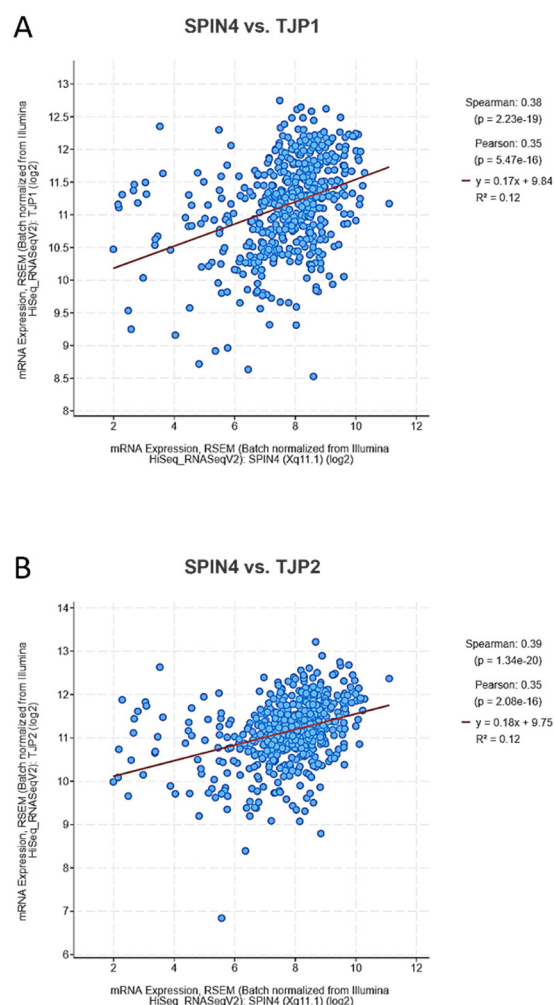


Figure S2. Associations among the expression levels of *SPIN4*, *TJP1*, and *TJP2*. The data were exported from the TCGA database (n = 523) using the cBioPortal online platform.

Table S1. The top 200 genes positively correlated with *SPIN4*.

Correlated Gene	Cytoband	Spearman's Correlation	p-Value	q-Value
RAB27B	18q21.2	0.474	3.05E-30	6.11E-26
IRAK2	3p25.3	0.468	2.08E-29	2.08E-25
PDCD6IP	3p22.3	0.442	5.43E-26	2.18E-22
FCHO2	5q13.2	0.438	1.32E-25	3.78E-22
TAB3	Xp21.2	0.433	6.67E-25	1.34E-21
EPS15	1p32.3	0.425	5.24E-24	9.55E-21
ADGRG6	6q24.2	0.423	9.65E-24	1.61E-20
PKN2	1p22.2	0.421	1.37E-23	2.11E-20
CLASP2	3p22.3	0.42	1.86E-23	2.67E-20
MIER1	1p31.3	0.419	2.90E-23	3.75E-20
SLMAP	3p14.3	0.418	3.00E-23	3.75E-20
GNG12	1p31.3	0.417	4.84E-23	5.71E-20
PTAFR	1p35.3	0.415	6.73E-23	7.49E-20
ITSN2	2p23.3	0.414	1.02E-22	1.03E-19
SLC25A24	1p13.3	0.412	1.48E-22	1.41E-19
ANKRD13C	1p31.1	0.41	2.65E-22	2.31E-19
CRYBG1	6q21	0.409	3.09E-22	2.48E-19

TMOD3	15q21.2	0.409	3.23E-22	2.49E-19
MORC3	21q22.12	0.406	6.97E-22	4.66E-19
TRIM33	1p13.2	0.403	1.51E-21	9.15E-19
SLK	10q24.33-q25.1	0.402	1.97E-21	1.16E-18
ERI1	8p23.1	0.399	4.39E-21	2.44E-18
BMP2K	4q21.21	0.398	5.11E-21	2.69E-18
USP53	4q26	0.397	6.52E-21	3.35E-18
OXSR1	3p22.2	0.397	7.56E-21	3.70E-18
PDS5A	4p14	0.396	9.40E-21	4.49E-18
TJP2	9q21.11	0.394	1.34E-20	6.09E-18
GSTCD	4q24	0.394	1.38E-20	6.14E-18
PI4K2B	4p15.2	0.393	1.62E-20	7.05E-18
UGCG	9q31.3	0.392	2.30E-20	9.59E-18
RAP2C	Xq26.2	0.39	3.53E-20	1.39E-17
AMPD3	11p15.4	0.39	3.76E-20	1.45E-17
TAOK3	12q24.23	0.389	4.33E-20	1.64E-17
MAST4	5q12.3	0.386	9.79E-20	3.38E-17
ABCD3	1p21.3	0.385	1.26E-19	4.00E-17
CLOCK	4q12	0.384	1.58E-19	4.96E-17
CHM	Xq21.2	0.383	1.96E-19	6.05E-17
TJP1	15q13.1	0.382	2.23E-19	6.67E-17
OTUD4	4q31.21	0.382	2.52E-19	7.42E-17
KBTBD8	3p14.1	0.381	2.98E-19	8.18E-17
CCDC186	10q25.3	0.381	2.98E-19	8.18E-17
BACH1	21q21.3	0.38	3.79E-19	1.03E-16
DDX3X	Xp11.4	0.379	4.61E-19	1.22E-16
DHX15	4p15.2	0.379	4.87E-19	1.27E-16
MTF1	1p34.3	0.379	5.28E-19	1.36E-16
ZFYVE16	5q14.1	0.378	5.99E-19	1.52E-16
LTN1	21q21.3	0.378	6.43E-19	1.59E-16
EEA1	12q22	0.377	7.22E-19	1.76E-16
ARHGEF3	3p14.3	0.377	7.92E-19	1.89E-16
NRAS	1p13.2	0.375	1.24E-18	2.77E-16
FAM199X	Xq22.2	0.373	1.96E-18	4.27E-16
NIPAL1	4p12	0.372	2.67E-18	5.70E-16
RREB1	6p24.3	0.369	4.24E-18	8.34E-16
MBNL3	Xq26.2	0.369	4.40E-18	8.52E-16
FRYL	4p11	0.368	6.37E-18	1.20E-15
RBM41	Xq22.3	0.368	6.39E-18	1.20E-15
LIG4	13q33.3	0.367	6.58E-18	1.22E-15
FAM126B	2q33.1	0.366	8.27E-18	1.52E-15
VPS4B	18q21.33	0.366	8.77E-18	1.58E-15
USP33	1p31.1	0.365	1.05E-17	1.88E-15
MED14	Xp11.4	0.365	1.07E-17	1.89E-15
CPEB3	10q23.32	0.365	1.18E-17	2.07E-15
PGM2	4p14	0.364	1.40E-17	2.42E-15
SEC24B	4q25	0.364	1.43E-17	2.46E-15
FER	5q21.3	0.364	1.49E-17	2.53E-15
EHF	11p13	0.363	1.65E-17	2.75E-15
PTPN13	4q21.3	0.363	1.66E-17	2.75E-15
EPG5	18q12.3-q21.1	0.362	1.98E-17	3.21E-15

CRLF3	17q11.2	0.362	2.07E-17	3.27E-15
WDR44	Xq24	0.361	2.91E-17	4.33E-15
GMEB1	1p35.3	0.36	3.10E-17	4.46E-15
PKP2	12p11.21	0.36	3.18E-17	4.56E-15
HIPK1	1p13.2	0.36	3.31E-17	4.70E-15
ITPR2	12p11.23	0.36	3.40E-17	4.80E-15
RAD18	3p25.3	0.36	3.59E-17	5.00E-15
CD2AP	6p12.3	0.359	4.03E-17	5.53E-15
CNOT6	5q35.3	0.359	4.45E-17	6.03E-15
MPP5	14q23.3	0.359	4.59E-17	6.14E-15
PRKAR2A	3p21.31	0.358	4.75E-17	6.31E-15
GCOM1	15q21.3	0.358	5.10E-17	6.73E-15
NCOA4	10q11.22	0.358	5.38E-17	7.01E-15
MBP	18q23	0.357	6.60E-17	8.38E-15
DMXL1	5q23.1	0.357	6.70E-17	8.45E-15
STK4	20q13.12	0.356	7.46E-17	9.34E-15
OSBPL8	12q21.2	0.356	7.50E-17	9.34E-15
STRN	2p22.2	0.356	7.71E-17	9.55E-15
EAF1	3p25.1	0.356	8.03E-17	9.88E-15
C18ORF25	18q21.1	0.356	8.47E-17	1.03E-14
TASOR	3p14.3	0.355	8.95E-17	1.08E-14
SERPINB2	18q21.33-q22.1	0.355	9.64E-17	1.14E-14
USP24	1p32.3	0.354	1.09E-16	1.27E-14
ATXN7	3p14.1	0.353	1.39E-16	1.55E-14
SGMS2	4q25	0.353	1.44E-16	1.59E-14
ELOVL7	5q12.1	0.353	1.50E-16	1.66E-14
TNKS2	10q23.32	0.353	1.54E-16	1.69E-14
MINDY2	15q21.3-q22.1	0.352	1.70E-16	1.83E-14
CMTR2	16q22.2	0.352	1.89E-16	2.02E-14
KIF20B	10q23.31	0.351	2.03E-16	2.17E-14
RASSF3	12q14.2	0.351	2.17E-16	2.30E-14
USP38	4q31.21	0.351	2.48E-16	2.58E-14
HNRNPF	10q11.21	0.35	2.53E-16	2.62E-14
KAT2B	3p24.3	0.349	3.12E-16	3.13E-14
MTM1	Xq28	0.349	3.17E-16	3.17E-14
MBLAC2	5q14.3	0.349	3.67E-16	3.57E-14
NFKB1	4q24	0.348	3.84E-16	3.68E-14
LRRC40	1p31.1	0.348	3.84E-16	3.68E-14
NBPF10	1q21.1	0.348	4.03E-16	3.84E-14
PHACTR2	6q24.2	0.348	4.08E-16	3.84E-14
SERPINB8	18q22.1	0.347	4.65E-16	4.31E-14
GOLGA4	3p22.2	0.347	4.93E-16	4.53E-14
GPSM2	1p13.3	0.346	6.24E-16	5.63E-14
BDP1	5q13.2	0.345	6.98E-16	6.25E-14
DENND2C	1p13.2	0.345	7.50E-16	6.65E-14
SMC1A	Xp11.22	0.345	7.84E-16	6.89E-14
SLC28A3	9q21.32-q21.33	0.345	8.02E-16	7.02E-14
PRR11	17q22	0.344	8.70E-16	7.55E-14
HIVEP1	6p24.1	0.344	8.84E-16	7.64E-14
DENND4C	9p22.1	0.344	9.82E-16	8.45E-14
MYD88	3p22.2	0.343	1.04E-15	8.86E-14

DDI2	1p36.21	0.343	1.04E-15	8.86E-14
CARNMT1	9q21.13	0.343	1.16E-15	9.70E-14
LYSMD3	5q14.3	0.343	1.16E-15	9.70E-14
CTTNBP2NL	1p13.2	0.343	1.19E-15	9.98E-14
EYA3	1p35.3	0.343	1.21E-15	1.01E-13
POLR3A	10q22.3	0.343	1.25E-15	1.02E-13
PBRM1	3p21.1	0.342	1.29E-15	1.04E-13
DENND6A	3p14.3	0.341	1.65E-15	1.30E-13
C12ORF29	12q21.32	0.341	1.67E-15	1.31E-13
YTHDC2	5q22.2	0.341	1.67E-15	1.31E-13
RSC1A1	1p36.21	0.34	1.92E-15	1.49E-13
GORASP1	3p22.2	0.339	2.39E-15	1.82E-13
RASA1	5q14.3	0.339	2.53E-15	1.90E-13
FOXP2	2p16.3	0.339	2.53E-15	1.90E-13
DOCK9	13q32.3	0.339	2.67E-15	2.00E-13
VPS13A	9q21.2	0.338	2.86E-15	2.13E-13
STXB3	1p13.3	0.338	3.06E-15	2.27E-13
MALT1	18q21.32	0.338	3.09E-15	2.29E-13
MICALCL	11p15.3	0.338	3.12E-15	2.30E-13
KIF2A	5q12.1	0.338	3.21E-15	2.35E-13
SYNJ1	21q22.11	0.337	3.52E-15	2.58E-13
PTBP3	9q32	0.337	3.99E-15	2.86E-13
AQR	15q14	0.337	4.07E-15	2.90E-13
ASCC3	6q16.3	0.337	4.15E-15	2.93E-13
RNF144B	6p22.3	0.336	4.50E-15	3.13E-13
TTC37	5q15	0.336	4.77E-15	3.29E-13
PATL1	11q12.1	0.336	5.10E-15	3.50E-13
GABPA	21q21.3	0.335	5.66E-15	3.86E-13
METTL14	4q26	0.335	5.90E-15	4.00E-13
APAF1	12q23.1	0.335	5.90E-15	4.00E-13
PDE12	3p14.3	0.335	6.22E-15	4.18E-13
SLC38A1	12q13.11	0.334	6.91E-15	4.60E-13
RP2	Xp11.3	0.334	7.08E-15	4.68E-13
ARAP2	4p14	0.333	8.31E-15	5.31E-13
DIP2A	21q22.3	0.333	8.49E-15	5.39E-13
FBXO3	11p13	0.333	8.50E-15	5.39E-13
HERC3	4q22.1	0.333	8.99E-15	5.69E-13
NDFIP2	13q31.1	0.333	9.20E-15	5.79E-13
CAB39	2q37.1	0.331	1.18E-14	7.35E-13
FMR1	Xq27.3	0.331	1.20E-14	7.46E-13
EPB41L5	2q14.2	0.331	1.23E-14	7.61E-13
EIF3A	10q26.11	0.331	1.25E-14	7.67E-13
RCAN3	1p36.11	0.33	1.38E-14	8.40E-13
MYO18A	17q11.2	0.33	1.41E-14	8.54E-13
CLSPN	1p34.3	0.33	1.43E-14	8.59E-13
NCOA2	8q13.3	0.33	1.65E-14	9.89E-13
SLC4A7	3p24.1	0.329	1.70E-14	1.01E-12
APPL1	3p14.3	0.329	1.88E-14	1.11E-12
HS3ST1	4p15.33	0.329	1.88E-14	1.11E-12
GAS2L3	12q23.1	0.329	1.96E-14	1.15E-12
BRWD3	Xq21.1	0.328	2.25E-14	1.31E-12

KIF13B	8p12	0.328	2.35E-14	1.36E-12
NEK7	1q31.3	0.328	2.35E-14	1.36E-12
RIC1	9p24.1	0.327	2.57E-14	1.48E-12
CCDC15	11q24.2	0.327	2.57E-14	1.48E-12
CREB1	2q33.3	0.327	2.66E-14	1.53E-12
ARNTL2	12p11.23	0.327	2.74E-14	1.56E-12
CAPZA1	1p13.2	0.327	2.86E-14	1.62E-12
WDR11	10q26.12	0.326	2.96E-14	1.68E-12
PPP4R2	3p13	0.326	3.00E-14	1.69E-12
RBM47	4p14	0.326	3.01E-14	1.69E-12
TMF1	3p14.1	0.326	3.09E-14	1.73E-12
FBXL3	13q22.3	0.326	3.17E-14	1.76E-12
RNF169	11q13.4	0.326	3.26E-14	1.81E-12
WAPL	10q23.2	0.326	3.33E-14	1.84E-12
RELCH	18q21.33	0.325	3.60E-14	1.97E-12
AP4E1	15q21.2	0.325	3.70E-14	2.01E-12
FBXW11	5q35.1	0.325	3.78E-14	2.05E-12
SLC25A43	Xq24	0.325	3.86E-14	2.09E-12
CHAMP1	13q34	0.325	3.89E-14	2.10E-12
TFDP1	13q34	0.325	4.04E-14	2.17E-12
SEC24A	5q31.1	0.325	4.23E-14	2.26E-12
SLC9A6	Xq26.3	0.325	4.24E-14	2.26E-12
HIPK3	11p13	0.325	4.29E-14	2.28E-12
MFAP3	5q33.2	0.324	4.34E-14	2.29E-12
ADNP2	18q23	0.324	4.34E-14	2.29E-12
NOTCH2	1p12	0.324	4.82E-14	2.52E-12
NUP58	13q12.13	0.324	4.96E-14	2.59E-12
AFDN	6q27	0.323	5.35E-14	2.76E-12
AMMECR1	Xq23	0.323	5.64E-14	2.89E-12
ZNF860	3p23-p22.3	0.322	6.28E-14	3.21E-12

Table S2. The top 200 genes negatively correlated with *SPIN4*.

Correlated Gene	Cytoband	Spearman's Correlation	p-Value	q-Value
PRR5	22q13.31	-0.459	2.93E-28	1.96E-24
VPS37D	7q11.23	-0.45	4.77E-27	2.39E-23
RAB6B	3q22.1	-0.439	1.10E-25	3.67E-22
RHBDD3	22q12.2	-0.438	1.67E-25	4.18E-22
DGCR6	22q11.21 22q11	-0.434	4.22E-25	9.40E-22
PARL	3q27.1	-0.415	7.69E-23	8.11E-20
MAPK12	22q13.33	-0.412	1.69E-22	1.54E-19
SLC29A4	7p22.1	-0.41	2.81E-22	2.35E-19
ST3GAL3	1p34.1	-0.408	4.51E-22	3.35E-19
SHC2	19p13.3	-0.407	5.28E-22	3.78E-19
RAB3IL1	11q12.2-q12.3	-0.406	6.52E-22	4.50E-19
NCBP2AS2	3q29	-0.405	9.06E-22	5.86E-19
COPZ2	17q21.32	-0.404	1.16E-21	7.26E-19
ASPSCR1	17q25.3	-0.401	2.32E-21	1.33E-18
SMARCD3	7q36.1	-0.398	5.08E-21	2.69E-18
EGFL7	9q34.3	-0.397	6.94E-21	3.48E-18
DPP7	9q34.3	-0.396	9.80E-21	4.57E-18
TMEM9	1q32.1	-0.393	2.01E-20	8.59E-18

GLI4	8q24.3	-0.391	3.07E-20	1.26E-17
DIPK1B	9q34.3	-0.391	3.22E-20	1.29E-17
FLAD1	1q21.3	-0.389	5.01E-20	1.86E-17
PYCR2	1q42.12	-0.388	5.94E-20	2.16E-17
TP53I13	17q11.2	-0.388	6.57E-20	2.35E-17
FTH1	11q12.3	-0.387	8.42E-20	2.96E-17
TNK2	3q29	-0.386	9.95E-20	3.38E-17
IFT27	22q12.3	-0.386	1.03E-19	3.45E-17
MRPL55	1q42.13	-0.385	1.16E-19	3.83E-17
ZNF771	16p11.2	-0.385	1.21E-19	3.93E-17
TMEM121	14q32.33	-0.383	2.09E-19	6.36E-17
ALG3	3q27.1	-0.381	2.75E-19	8.00E-17
NUDT14	14q32.33	-0.381	2.83E-19	8.11E-17
ARHGEF25	12q13.3	-0.381	2.92E-19	8.18E-17
INAFM1	19q13.32	-0.38	3.85E-19	1.03E-16
NPDC1	9q34.3	-0.378	6.29E-19	1.58E-16
SLC22A17	14q11.2	-0.377	7.77E-19	1.88E-16
MAGED4	Xp11.22	-0.377	8.48E-19	2.00E-16
SSR2	1q22	-0.376	9.15E-19	2.13E-16
ZNF579	19q13.42	-0.376	9.63E-19	2.22E-16
ETFB	19q13.41	-0.376	9.95E-19	2.27E-16
FAAP20	1p36.33	-0.376	1.08E-18	2.43E-16
DGCR6L	22q11.21	-0.373	1.79E-18	3.95E-16
SAT2	17p13.1	-0.372	2.21E-18	4.76E-16
MZT2B	2q21.1	-0.371	2.73E-18	5.76E-16
NRSN2	20p13	-0.371	3.12E-18	6.51E-16
SMIM29	6p21.31	-0.371	3.19E-18	6.54E-16
NPAS1	19q13.32	-0.371	3.20E-18	6.54E-16
SWI5	9q34.11	-0.37	3.43E-18	6.94E-16
GSC	14q32.13	-0.37	3.78E-18	7.57E-16
TRAPPC6A	19q13.32	-0.37	4.15E-18	8.24E-16
LIMS2	2q14.3	-0.369	4.42E-18	8.52E-16
LRFN1	19q13.2	-0.369	5.10E-18	9.73E-16
DUSP15	20q11.21	-0.366	8.71E-18	1.58E-15
GPC1	2q37.3	-0.364	1.39E-17	2.42E-15
CYHR1	8q24.3	-0.363	1.63E-17	2.75E-15
PRR7	5q35.3	-0.363	1.87E-17	3.07E-15
TTLL1	22q13.2	-0.363	1.89E-17	3.08E-15
CHCHD10	22q11.23	-0.362	2.04E-17	3.27E-15
NDUFB9	8q24.13	-0.362	2.07E-17	3.27E-15
LRP3	19q13.11	-0.362	2.09E-17	3.27E-15
GPR162	12p13.31	-0.362	2.24E-17	3.49E-15
COA6	1q42.2	-0.362	2.39E-17	3.68E-15
YDJC	22q11.21	-0.361	2.58E-17	3.94E-15
ABCF3	3q27.1	-0.361	2.60E-17	3.94E-15
SLC25A1	22q11.21	-0.361	2.61E-17	3.94E-15
ZDHHC1	16q22.1	-0.361	2.87E-17	4.30E-15
AP2M1	3q27.1	-0.361	2.95E-17	4.34E-15
RNF215	22q12.2	-0.36	3.00E-17	4.39E-15
MIF	22q11.23	-0.36	3.05E-17	4.43E-15
JAKMIP3	10q26.3	-0.36	3.52E-17	4.94E-15

NENF	1q32.3	-0.359	3.89E-17	5.38E-15
USE1	19p13.11	-0.359	4.36E-17	5.95E-15
FTH1P3	2p23.3	-0.359	4.55E-17	6.13E-15
KIAA0930	22q13.31	-0.358	5.39E-17	7.01E-15
MLXIPL	7q11.23	-0.358	5.59E-17	7.23E-15
PANX2	22q13.33	-0.357	6.49E-17	8.34E-15
PRRX2	9q34.11	-0.357	6.59E-17	8.38E-15
MRPL24	1q23.1	-0.356	8.29E-17	1.01E-14
RFX8	2q11.2	-0.355	9.31E-17	1.11E-14
KRTCAP2	1q22	-0.355	9.34E-17	1.11E-14
SMYD3	1q44	-0.355	9.73E-17	1.15E-14
OSGIN1	16q23.3	-0.355	9.77E-17	1.15E-14
TMEM161A	19p13.11	-0.355	9.90E-17	1.15E-14
ADSL	22q13.1	-0.354	1.20E-16	1.38E-14
FASTK	7q36.1	-0.354	1.25E-16	1.44E-14
ADGRB1	8q24.3	-0.354	1.28E-16	1.46E-14
BRSK1	19q13.42	-0.354	1.33E-16	1.50E-14
B4GALNT4	11p15.5	-0.353	1.37E-16	1.54E-14
GSTO1	10q25.1	-0.353	1.43E-16	1.59E-14
NGRN	15q26.1	-0.353	1.62E-16	1.76E-14
MRPL47	3q26.33	-0.352	1.69E-16	1.83E-14
SOX12	20p13	-0.351	2.27E-16	2.40E-14
CBX8	17q25.3	-0.351	2.32E-16	2.44E-14
PSD	10q24.32	-0.351	2.45E-16	2.55E-14
NAT14	19q13.42	-0.35	2.73E-16	2.81E-14
CDIPT	16p11.2	-0.35	2.77E-16	2.83E-14
LRRC23	12p13.31	-0.35	2.78E-16	2.83E-14
ARL8A	1q32.1	-0.35	2.81E-16	2.84E-14
LAMTOR4	7q22.1	-0.35	2.93E-16	2.95E-14
WBP1	2p13.1	-0.349	3.27E-16	3.25E-14
ADAMTS13	9q34.2	-0.349	3.37E-16	3.33E-14
PLD3	19q13.2	-0.349	3.45E-16	3.39E-14
PARVB	22q13.31	-0.349	3.47E-16	3.40E-14
ECE2	3q27.1	-0.349	3.74E-16	3.62E-14
PVT1	8q24.21	-0.348	4.07E-16	3.84E-14
C15ORF61	15q23	-0.348	4.08E-16	3.84E-14
C1ORF56	1q21.3	-0.348	4.14E-16	3.88E-14
NME4	16p13.3	-0.347	4.61E-16	4.30E-14
MAF1	8q24.3	-0.347	4.83E-16	4.46E-14
FAM118A	22q13.31	-0.347	5.57E-16	5.10E-14
ATRAID	2p23.3	-0.346	5.68E-16	5.17E-14
DTX3	12q13.3	-0.346	5.86E-16	5.31E-14
HTRA3	4p16.1	-0.346	6.34E-16	5.70E-14
C1QTNF12	1p36.33	-0.345	7.31E-16	6.51E-14
SYNDIG1	20p11.21	-0.345	7.79E-16	6.88E-14
SELENOM	22q12.2	-0.345	8.39E-16	7.31E-14
DDIT3	12q13.3	-0.344	9.91E-16	8.49E-14
ZDHHC24	11q13.2	-0.343	1.15E-15	9.70E-14
NECAB2	16q23.3	-0.343	1.22E-15	1.01E-13
FBRSL1	12q24.33	-0.343	1.24E-15	1.02E-13
MSI1	12q24.31	-0.343	1.24E-15	1.02E-13

SMARCB1	22q11.23 22q11	-0.342	1.28E-15	1.04E-13
CLEC11A	19q13.33	-0.342	1.33E-15	1.08E-13
TNFRSF18	1p36.33	-0.342	1.42E-15	1.14E-13
NUMBL	19q13.2	-0.342	1.45E-15	1.16E-13
ZNF580	19q13.42	-0.342	1.46E-15	1.17E-13
POLR2F	22q13.1	-0.342	1.49E-15	1.19E-13
B4GALT7	5q35.3	-0.341	1.57E-15	1.25E-13
P3H3	12p13.31	-0.341	1.62E-15	1.28E-13
FTL	19q13.33	-0.341	1.84E-15	1.43E-13
C12ORF57	12p13.31	-0.34	2.03E-15	1.56E-13
SELENOO	22q13.33	-0.34	2.09E-15	1.61E-13
CDPF1	22q13.31	-0.34	2.18E-15	1.67E-13
BUD23	7q11.23	-0.339	2.46E-15	1.87E-13
ZNF358	19p13.2	-0.339	2.50E-15	1.89E-13
ATXN10	22q13.31	-0.337	3.58E-15	2.61E-13
TPRA1	3q21.3	-0.337	3.60E-15	2.62E-13
NAGLU	17q21.2	-0.337	3.72E-15	2.69E-13
MAP6D1	3q27.1	-0.337	3.94E-15	2.84E-13
POLR2H	3q27.1	-0.337	3.96E-15	2.85E-13
MFRP	11q23.3	-0.337	4.01E-15	2.86E-13
TOP1MT	8q24.3	-0.337	4.13E-15	2.92E-13
PACS2	14q32.33	-0.336	4.26E-15	3.00E-13
GRP	18q21.32	-0.336	4.43E-15	3.09E-13
TTC28-AS1	22q12.1	-0.336	4.43E-15	3.09E-13
ADRA2C	4p16.3	-0.336	4.67E-15	3.24E-13
INHBE	12q13.3	-0.336	4.70E-15	3.25E-13
TCEA2	20q13.33	-0.335	5.22E-15	3.57E-13
JTB	1q21.3	-0.335	6.05E-15	4.08E-13
RTN4R	22q11.21	-0.334	6.34E-15	4.25E-13
RNF112	17p11.2	-0.334	6.40E-15	4.28E-13
PEMT	17p11.2	-0.334	6.98E-15	4.64E-13
SRRM3	7q11.23	-0.334	7.22E-15	4.76E-13
DDT	22q11.23	-0.334	7.25E-15	4.76E-13
EVA1B	1p34.3	-0.334	7.29E-15	4.78E-13
GABARAPL1	12p13.2	-0.334	7.35E-15	4.80E-13
ANAPC11	17q25.3	-0.334	7.38E-15	4.80E-13
POMC	2p23.3	-0.333	7.80E-15	5.06E-13
ENDOV	17q25.3	-0.333	7.90E-15	5.11E-13
FAHD2CP	2q11.2	-0.333	8.04E-15	5.18E-13
RHBDD2	7q11.23	-0.333	8.16E-15	5.24E-13
RNF7	3q23	-0.333	8.27E-15	5.30E-13
PLCB4	20p12.3-p12.2	-0.333	9.21E-15	5.79E-13
SLC38A10	17q25.3	-0.332	9.93E-15	6.22E-13
NAXE	1q22	-0.331	1.15E-14	7.19E-13
CD27-AS1	12p13.31	-0.331	1.22E-14	7.53E-13
PCGF1	2p13.1	-0.331	1.32E-14	8.07E-13
TSPAN7	Xp11.4	-0.331	1.35E-14	8.24E-13
PALM	19p13.3	-0.33	1.41E-14	8.54E-13
TMEM158	3p21.31	-0.33	1.41E-14	8.54E-13
CCL26	7q11.23	-0.33	1.58E-14	9.48E-13
THBS3	1q22	-0.329	1.84E-14	1.10E-12

PKN1	19p13.12	-0.329	1.86E-14	1.10E-12
RNF187	1q42.13	-0.329	1.91E-14	1.13E-12
GADD45G	9q22.2	-0.329	1.97E-14	1.15E-12
MDP1	14q12	-0.327	2.72E-14	1.56E-12
THOC5	22q12.2	-0.327	2.80E-14	1.59E-12
PRKCSH	19p13.2	-0.326	3.01E-14	1.69E-12
CRELD2	22q13.33	-0.326	3.12E-14	1.74E-12
THAP7	22q11.21	-0.326	3.20E-14	1.78E-12
INSYN1	15q24.1	-0.326	3.33E-14	1.84E-12
SEM1	7q21.3	-0.326	3.40E-14	1.87E-12
RAB34	17q11.2	-0.326	3.48E-14	1.90E-12
CCDC102A	16q21	-0.325	3.85E-14	2.08E-12
ELFN1	7p22.3	-0.325	4.08E-14	2.19E-12
CNPY3	6p21.1	-0.324	4.32E-14	2.29E-12
MXRA8	1p36.33	-0.324	4.63E-14	2.43E-12
MYL9	20q11.23	-0.324	4.69E-14	2.46E-12
SLC2A11	22q11.23	-0.324	4.70E-14	2.46E-12
PDE9A	21q22.3	-0.324	5.03E-14	2.61E-12
TMEM240	1p36.33	-0.324	5.04E-14	2.61E-12
BRI3	7q21.3	-0.323	5.28E-14	2.73E-12
GRASP	12q13.13	-0.323	5.59E-14	2.87E-12
METTL26	16p13.3	-0.322	6.47E-14	3.27E-12
SNF8	17q21.32	-0.322	6.82E-14	3.44E-12
UFSP1	7q22.1	-0.322	6.99E-14	3.51E-12
TANGO2	22q11.21	-0.322	7.00E-14	3.51E-12
SMIM7	19p13.11	-0.322	7.02E-14	3.51E-12
TMEM74B	20p13	-0.322	7.18E-14	3.58E-12
MCRIP2	16p13.3	-0.322	7.23E-14	3.60E-12
MAPKAPK5-AS1	12q24.12	-0.321	8.46E-14	4.17E-12