

TSG	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	89,3%	74,5%	59,1%	41,6%	26,8%	29,5%	40,9%	89,3%
Trans	99,1%	97,7%	96,3%	87,0%	74,5%	69,4%	82,4%	99,1%
Exon1	63,1%	49,0%	28,7%	14,6%	7,6%	8,3%	19,1%	63,1%
Intron1	92,0%	84,4%	69,3%	58,3%	46,7%	37,7%	55,8%	89,9%
UTR5p	35,0%	25,4%	12,8%	6,4%	3,2%	3,8%	8,2%	36,4%
UTR3p	44,6%	27,7%	14,9%	11,5%	5,4%	4,1%	6,1%	47,3%

Genome	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	94,7%	85,8%	68,3%	53,3%	37,7%	39,7%	54,4%	94,8%
Trans	96,6%	95,3%	90,6%	83,1%	70,6%	72,4%	83,5%	96,8%
Exon1	61,9%	47,8%	27,3%	15,7%	8,0%	9,8%	19,3%	66,9%
Intron1	92,3%	86,9%	73,0%	58,7%	42,9%	45,4%	61,0%	92,2%
UTR5p	37,9%	27,1%	14,4%	8,2%	4,2%	5,1%	10,0%	43,2%
UTR3p	56,2%	42,8%	26,2%	16,5%	9,3%	10,2%	16,5%	55,5%

cTSG.mean	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	94,8%	85,9%	68,5%	53,4%	37,8%	39,8%	54,6%	94,9%
Trans	96,7%	95,4%	90,6%	83,1%	70,5%	72,5%	83,5%	96,8%
Exon1	62,0%	47,8%	27,5%	15,8%	8,0%	9,9%	19,4%	67,1%
Intron1	92,4%	86,8%	72,8%	58,5%	42,7%	45,3%	60,9%	92,2%
UTR5p	38,1%	27,3%	14,5%	8,3%	4,2%	5,2%	10,1%	43,5%
UTR3p	56,7%	43,3%	26,4%	16,9%	9,4%	10,3%	16,6%	56,1%

sd	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	2,5%	4,1%	5,5%	6,1%	5,9%	5,8%	6,1%	2,5%
Trans	1,8%	2,1%	3,2%	4,6%	6,0%	5,9%	4,5%	1,8%
Exon1	5,5%	5,3%	4,9%	4,1%	2,9%	3,2%	4,4%	5,2%
Intron1	3,0%	3,9%	5,6%	6,3%	6,5%	6,5%	6,0%	3,0%
UTR5p	4,7%	4,2%	3,3%	2,6%	1,9%	2,0%	2,8%	4,8%
UTR3p	6,5%	6,6%	5,9%	4,9%	3,7%	4,0%	4,8%	6,6%

btTSGgr	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	9,98E-01	1,00E+00	9,93E-01	9,98E-01	9,98E-01	9,96E-01	1,00E+00	9,98E-01
Trans	2,28E-02	5,53E-02	1,10E-03	6,72E-02	1,12E-01	8,56E-01	7,08E-01	3,05E-02
Exon1	4,15E-01	4,03E-01	3,81E-01	6,77E-01	6,05E-01	7,82E-01	5,52E-01	8,63E-01
Intron1	6,39E-01	8,68E-01	8,93E-01	5,79E-01	1,53E-01	9,88E-01	9,42E-01	9,00E-01
UTR5p	8,80E-01	7,85E-01	8,17E-01	9,08E-01	8,58E-01	8,94E-01	8,91E-01	9,95E-01
UTR3p	9,98E-01	1,00E+00	1,00E+00	9,65E-01	9,70E-01	9,98E-01	1,00E+00	9,82E-01

btTSGle	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	5,58E-03	1,86E-04	1,07E-02	2,72E-03	3,33E-03	6,59E-03	6,78E-04	4,70E-03
Trans	9,95E-01	9,77E-01	1,00E+00	9,55E-01	9,14E-01	1,81E-01	3,57E-01	9,93E-01
Exon1	6,48E-01	6,57E-01	6,85E-01	4,06E-01	5,13E-01	3,09E-01	5,28E-01	1,77E-01
Intron1	4,63E-01	1,79E-01	1,39E-01	4,77E-01	8,78E-01	1,71E-02	7,62E-02	1,49E-01
UTR5p	1,45E-01	2,53E-01	2,28E-01	1,32E-01	2,18E-01	1,63E-01	1,49E-01	6,39E-03
UTR3p	2,98E-03	1,02E-04	7,07E-04	5,83E-02	6,10E-02	5,40E-03	1,23E-04	2,71E-02

pg.TSG	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	9,86E-01	9,98E-01	9,55E-01	9,74E-01	9,69E-01	9,63E-01	9,87E-01	9,87E-01
Trans	8,78E-02	1,38E-01	3,93E-02	1,92E-01	2,51E-01	6,95E-01	5,98E-01	1,02E-01
Exon1	4,27E-01	4,08E-01	4,09E-01	6,12E-01	5,47E-01	6,98E-01	5,22E-01	7,79E-01
Intron1	5,59E-01	7,28E-01	7,31E-01	5,14E-01	2,68E-01	8,78E-01	8,03E-01	7,80E-01
UTR5p	7,44E-01	6,73E-01	6,95E-01	7,62E-01	7,08E-01	7,51E-01	7,60E-01	9,28E-01
UTR3p	9,68E-01	9,91E-01	9,75E-01	8,66E-01	8,56E-01	9,41E-01	9,85E-01	9,09E-01

pl.TSG	G4H1	G4H1.2	G4H1.52	G4H1.76	G4H2	QP37	QP312	QP27
Prom	1,37E-02	2,48E-03	4,49E-02	2,63E-02	3,12E-02	3,68E-02	1,27E-02	1,32E-02
Trans	9,12E-01	8,62E-01	9,61E-01	8,08E-01	7,49E-01	3,05E-01	4,02E-01	8,98E-01
Exon1	5,73E-01	5,92E-01	5,91E-01	3,88E-01	4,53E-01	3,02E-01	4,78E-01	2,21E-01
Intron1	4,41E-01	2,72E-01	2,69E-01	4,86E-01	7,32E-01	1,22E-01	1,97E-01	2,20E-01
UTR5p	2,56E-01	3,27E-01	3,05E-01	2,38E-01	2,92E-01	2,49E-01	2,40E-01	7,22E-02
UTR3p	3,20E-02	9,26E-03	2,52E-02	1,34E-01	1,44E-01	5,86E-02	1,48E-02	9,08E-02