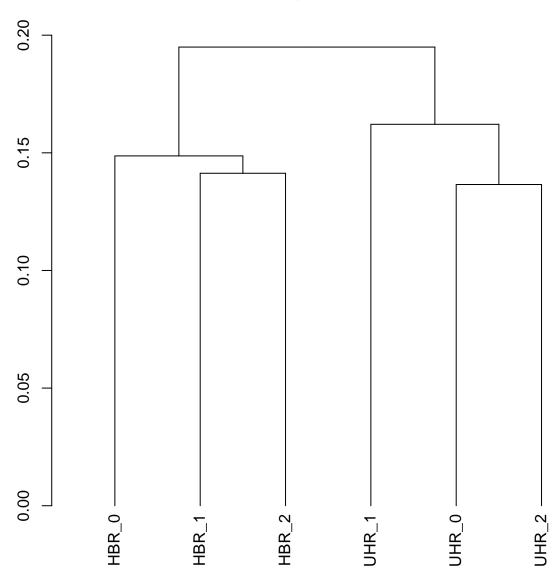
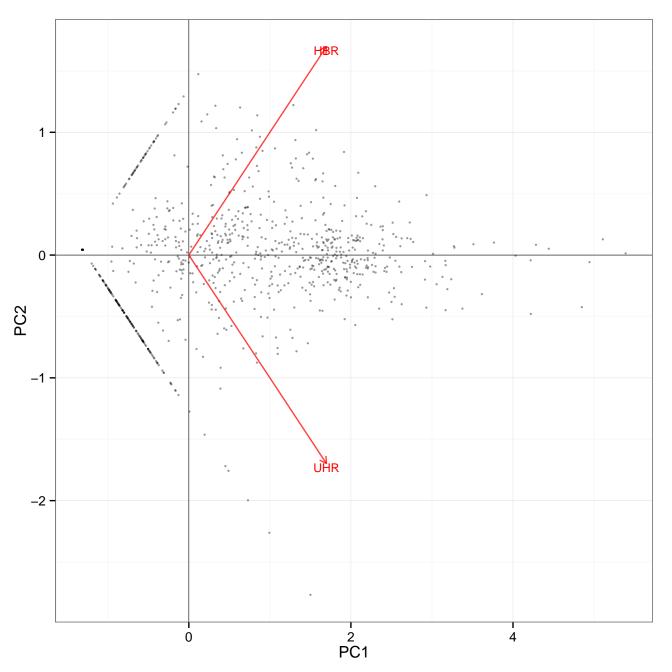


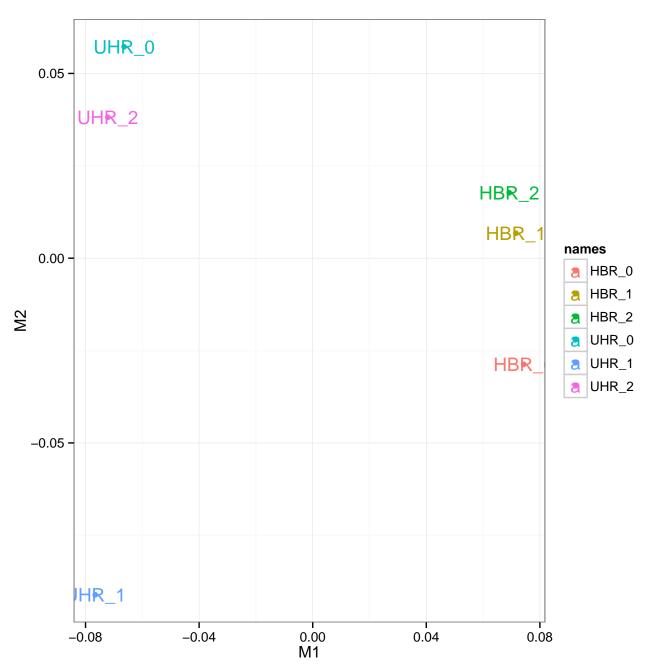
genes: HBR/UHR 4 -3 --log₁₀(p value) 0 -10 20 -10 -20 log₂(fold change)

All genes(cuff)



UHR_2 -	0.187	0.184	0.185	0.157	0.137	0.000	
UHR_0 -	0.189	0.181	0.181	0.162	0.000	0.137	
UHR_1 -	0.193	0.194	0.195	0.000	0.162	0.157	JS Distance - 0.15 - 0.10 - 0.05 - 0.00
HBR_2 -	0.149	0.141	0.000	0.195	0.181	0.185	
HBR_1 -	0.142	0.000	0.141	0.194	0.181	0.184	
HBR_0 -	0.000	0.142	0.149	0.193	0.189	0.187	
	HBR_0	HBR_1	HBR_2	UHR_1	UHR_0	UHR_2	







C H R

