

宫颈内膜癌差异化甲基化区域报告

艾米森生命科技有限公司

2019-05-31

Contents

1	样本信息	3
2	差异甲基化区域 (DMR)	4

Chapter 1

样本信息

根据 TCGA 数据库下载的 HumanMethylation450k 数据集及其临床信息，我们整理出实际可用的样本信息如下：

Table 1.1: 结直肠各部位样本数		
部位	样本类别	样本数量
Endometrium	cancer	419
Endometrium	normal	34
—	cancer	0
—	normal	12
Fundus uteri	cancer	4
Fundus uteri	normal	0
Isthmus uteri	cancer	3
Isthmus uteri	normal	0
Corpus uteri	cancer	2
Corpus uteri	normal	0
TOTAL	cancer	428
TOTAL	normal	46

Chapter 2

差异甲基化区域 (DMR)

Warning in styling_latex_scale_down(out, table_info): Longtable cannot be
resized.

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	822	0.110	0.568	0.459	0.689	1.000	0.999
L1TD1	chr1	6.22e+07	6.22e+07	238	0.116	0.711	0.596	0.946	1.000	0.999
LINC00391	chr13	9.47e+07	9.47e+07	377	0.112	0.628	0.516	0.794	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	1001	0.114	0.549	0.434	0.645	1.000	0.999
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	746	0.190	0.692	0.501	0.916	1.000	0.999
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	802	0.170	0.658	0.489	0.897	1.000	0.999
L1TD1	chr1	6.22e+07	6.22e+07	306	0.170	0.728	0.558	0.958	1.000	0.999
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	897	0.157	0.663	0.506	0.904	1.000	0.999
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	1155	0.197	0.677	0.480	0.916	1.000	0.999
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	1410	0.186	0.668	0.482	0.907	1.000	0.999
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	2253	0.128	0.564	0.436	0.687	1.000	0.999
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	1152	0.150	0.655	0.505	0.888	1.000	0.999
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1619	0.134	0.583	0.448	0.766	1.000	0.999
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	2128	0.129	0.557	0.428	0.680	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	563	0.121	0.559	0.438	0.668	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	742	0.125	0.538	0.414	0.636	1.000	0.999
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	229	0.173	0.668	0.495	0.900	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	359	0.104	0.560	0.456	0.671	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	547	0.126	0.556	0.430	0.673	1.000	0.999
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	265	0.145	0.623	0.478	0.818	1.000	0.999
LINC00391	chr13	9.47e+07	9.47e+07	928	0.182	0.658	0.476	0.879	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	375	0.103	0.564	0.461	0.668	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	634	0.093	0.573	0.481	0.685	1.000	0.999
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	655	0.171	0.609	0.438	0.804	1.000	0.999
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1494	0.137	0.576	0.439	0.750	1.000	0.999
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1775	0.129	0.568	0.439	0.710	1.000	0.999
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1615	0.143	0.608	0.465	0.808	1.000	0.999

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	2322	0.128	0.564	0.436	0.689	1.000	0.999
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	726	0.130	0.532	0.402	0.617	1.000	0.999
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1490	0.147	0.604	0.457	0.815	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	2197	0.129	0.557	0.429	0.678	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	942	0.158	0.616	0.457	0.811	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1131	0.140	0.639	0.499	0.860	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1384	0.165	0.600	0.435	0.806	1.000	0.998
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	351	0.122	0.577	0.454	0.708	1.000	0.998
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	539	0.145	0.567	0.422	0.687	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	434	0.103	0.684	0.581	0.867	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1006	0.145	0.641	0.496	0.864	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1388	0.150	0.568	0.418	0.710	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1650	0.131	0.561	0.430	0.694	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	427	0.161	0.578	0.418	0.717	1.000	0.998
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	718	0.145	0.536	0.391	0.631	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	714	0.147	0.594	0.447	0.759	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1008	0.148	0.632	0.484	0.841	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	900	0.166	0.645	0.479	0.874	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	2022	0.138	0.548	0.411	0.671	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	918	0.122	0.596	0.474	0.757	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1053	0.147	0.636	0.489	0.848	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	570	0.154	0.653	0.499	0.874	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1054	0.156	0.595	0.439	0.780	1.000	0.998
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	487	0.182	0.608	0.426	0.813	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	780	0.138	0.618	0.480	0.808	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	238	0.193	0.672	0.479	0.932	1.000	0.998
EOMES	chr3	2.77e+07	2.77e+07	264	0.177	0.643	0.466	0.860	1.000	0.998
HIST2H2BB;HIST2F998N21.10;RP5-998N21.7	chr1	1.44e+08	1.44e+08	382	0.159	0.455	0.296	0.297	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1091	0.153	0.630	0.477	0.848	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	216	0.190	0.679	0.489	0.937	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	922	0.110	0.549	0.439	0.673	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1058	0.139	0.557	0.418	0.694	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	245	0.191	0.682	0.491	0.935	1.000	0.998
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	666	0.174	0.560	0.386	0.696	1.000	0.998
EOMES	chr3	2.77e+07	2.77e+07	315	0.161	0.639	0.478	0.848	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	232	0.126	0.625	0.499	0.834	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	220	0.195	0.674	0.478	0.937	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	327	0.191	0.674	0.482	0.935	1.000	0.998

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	334	0.190	0.682	0.493	0.937	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	367	0.200	0.706	0.506	0.956	1.000	0.998
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	299	0.167	0.644	0.477	0.843	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	825	0.137	0.625	0.487	0.829	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1108	0.157	0.636	0.479	0.862	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1692	0.129	0.538	0.410	0.657	1.000	0.998
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1544	0.141	0.551	0.410	0.671	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	331	0.196	0.670	0.474	0.935	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	262	0.195	0.691	0.496	0.942	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	351	0.194	0.691	0.497	0.942	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	338	0.194	0.678	0.484	0.937	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	267	0.196	0.691	0.495	0.942	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	262	0.200	0.698	0.498	0.946	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	269	0.194	0.698	0.504	0.946	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	358	0.193	0.697	0.504	0.946	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	238	0.199	0.680	0.481	0.930	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	355	0.197	0.686	0.489	0.942	1.000	0.998
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	362	0.196	0.693	0.497	0.946	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	744	0.136	0.614	0.478	0.794	1.000	0.998
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	678	0.148	0.580	0.432	0.731	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	863	0.146	0.619	0.473	0.829	1.000	0.997
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	2091	0.136	0.550	0.413	0.666	1.000	0.997
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	356	0.195	0.691	0.496	0.944	1.000	0.997
PON3	chr7	9.54e+07	9.54e+07	360	0.198	0.687	0.489	0.944	1.000	0.997
EOMES	chr3	2.77e+07	2.77e+07	253	0.163	0.656	0.493	0.857	1.000	0.997
RP11-2H3.7	chr4	3.86e+05	3.87e+05	240	0.187	0.628	0.441	0.918	1.000	0.997
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	698	0.145	0.640	0.495	0.867	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1114	0.153	0.626	0.473	0.850	1.000	0.997
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	356	0.165	0.635	0.470	0.846	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	789	0.136	0.623	0.487	0.832	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	880	0.152	0.628	0.476	0.846	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	827	0.146	0.617	0.470	0.827	1.000	0.997
DLX2-AS1	chr2	1.72e+08	1.72e+08	356	0.147	0.736	0.589	0.942	1.000	0.997
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	562	0.159	0.617	0.458	0.841	1.000	0.997
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	1402	0.156	0.675	0.519	0.900	1.000	0.997
AC003006.7;ZNF154	chr19	5.77e+07	5.77e+07	200	0.137	0.725	0.587	0.963	1.000	0.997
EOMES	chr3	2.77e+07	2.77e+07	202	0.186	0.667	0.480	0.888	1.000	0.997

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DLX2-AS1	chr2	1.72e+08	1.72e+08	402	0.181	0.747	0.566	0.958	1.000	0.997
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1214	0.131	0.540	0.409	0.650	1.000	0.997
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	347	0.193	0.707	0.514	0.928	1.000	0.997
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	1472	0.148	0.638	0.490	0.857	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1674	0.149	0.639	0.489	0.874	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1800	0.158	0.638	0.480	0.879	1.000	0.997
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	883	0.151	0.664	0.512	0.876	1.000	0.997
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	242	0.150	0.645	0.495	0.841	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	354	0.152	0.641	0.489	0.860	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1239	0.155	0.632	0.477	0.864	1.000	0.997
AC003006.7;ZNF154	chr19	5.77e+07	5.77e+07	222	0.140	0.731	0.591	0.963	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1276	0.152	0.637	0.484	0.871	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	399	0.148	0.646	0.497	0.871	1.000	0.997
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	573	0.152	0.643	0.491	0.871	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	844	0.153	0.627	0.474	0.853	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	886	0.147	0.617	0.470	0.836	1.000	0.997
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1556	0.107	0.529	0.422	0.631	1.000	0.997
AC009487.5;SLC4A10	chr2	1.61e+08	1.61e+08	502	0.195	0.641	0.447	0.834	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	391	0.169	0.550	0.381	0.643	1.000	0.997
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1377	0.155	0.641	0.486	0.883	1.000	0.997
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	437	0.173	0.613	0.440	0.829	1.000	0.997
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	575	0.183	0.662	0.479	0.890	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1011	0.151	0.625	0.474	0.853	1.000	0.996
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	467	0.183	0.648	0.466	0.886	1.000	0.996
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	629	0.159	0.542	0.384	0.640	1.000	0.996
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	1056	0.154	0.673	0.520	0.881	1.000	0.996
HIST2H2BB;HIST2F	chr1	1.44e+08	1.44e+08	442	0.149	0.463	0.314	0.350	1.000	0.996
998N21.10;RP5-998N21.7										
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	288	0.178	0.604	0.426	0.776	1.000	0.996

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1446	0.145	0.634	0.488	0.864	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	437	0.158	0.633	0.475	0.864	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1048	0.148	0.631	0.483	0.867	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1572	0.155	0.634	0.479	0.864	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1149	0.151	0.635	0.485	0.876	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	850	0.148	0.615	0.467	0.836	1.000	0.996
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	648	0.179	0.676	0.498	0.918	1.000	0.996
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	584	0.193	0.713	0.520	0.974	1.000	0.996
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	621	0.144	0.617	0.472	0.806	1.000	0.996
RIPPLY3	chr21	3.70e+07	3.70e+07	229	0.193	0.693	0.501	0.911	1.000	0.996
RIPPLY3	chr21	3.70e+07	3.70e+07	631	0.148	0.525	0.377	0.657	1.000	0.996
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	979	0.189	0.700	0.511	0.944	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1410	0.145	0.634	0.488	0.869	1.000	0.996
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	384	0.165	0.569	0.404	0.783	1.000	0.996
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1078	0.105	0.530	0.424	0.614	1.000	0.996
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	714	0.171	0.630	0.459	0.820	1.000	0.996
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	1126	0.144	0.628	0.484	0.820	1.000	0.996
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1761	0.128	0.541	0.413	0.664	1.000	0.996
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	787	0.170	0.648	0.478	0.874	1.000	0.996
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	936	0.154	0.516	0.362	0.549	1.000	0.996
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	802	0.178	0.653	0.475	0.904	1.000	0.996
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1536	0.156	0.634	0.478	0.871	1.000	0.996
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1118	0.181	0.673	0.492	0.904	1.000	0.996
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	463	0.144	0.581	0.437	0.731	1.000	0.996
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	537	0.144	0.656	0.511	0.841	1.000	0.996
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	368	0.140	0.533	0.392	0.636	1.000	0.995
RIPPLY3	chr21	3.70e+07	3.70e+07	1025	0.129	0.430	0.300	0.180	1.000	0.995
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	975	0.151	0.624	0.473	0.853	1.000	0.995
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	454	0.163	0.643	0.479	0.886	1.000	0.995
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1012	0.148	0.630	0.482	0.867	1.000	0.995
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	847	0.168	0.643	0.475	0.862	1.000	0.995

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	332	0.168	0.674	0.507	0.893	1.000	0.995
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	1917	0.168	0.648	0.481	0.867	1.000	0.995
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	942	0.180	0.654	0.474	0.888	1.000	0.995
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1113	0.151	0.636	0.484	0.883	1.000	0.995
CBLN4	chr20	5.60e+07	5.60e+07	608	0.156	0.614	0.458	0.855	1.000	0.995
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	1293	0.177	0.648	0.471	0.888	1.000	0.995
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	1872	0.174	0.656	0.482	0.883	1.000	0.995
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	1338	0.169	0.640	0.472	0.867	1.000	0.995
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	574	0.167	0.524	0.357	0.582	1.000	0.995
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1273	0.187	0.674	0.487	0.916	1.000	0.995
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	785	0.147	0.498	0.351	0.486	1.000	0.995
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	638	0.170	0.603	0.433	0.764	1.000	0.995
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1387	0.174	0.636	0.463	0.848	1.000	0.995
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1718	0.181	0.656	0.475	0.890	1.000	0.995
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	221	0.111	0.592	0.481	0.769	1.000	0.995
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	267	0.150	0.631	0.481	0.836	1.000	0.995
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1020	0.151	0.643	0.492	0.886	1.000	0.995
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	984	0.149	0.551	0.402	0.687	1.000	0.995
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	460	0.156	0.627	0.470	0.864	1.000	0.995
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1008	0.146	0.546	0.400	0.666	1.000	0.995
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	408	0.149	0.573	0.424	0.738	1.000	0.995
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	545	0.169	0.580	0.411	0.808	1.000	0.995
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	844	0.138	0.541	0.404	0.647	1.000	0.995
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	1146	0.162	0.642	0.481	0.888	1.000	0.994
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	211	0.171	0.667	0.496	0.871	1.000	0.994
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	931	0.198	0.587	0.389	0.825	1.000	0.994
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	362	0.138	0.642	0.504	0.850	1.000	0.994
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	869	0.182	0.641	0.459	0.843	1.000	0.994
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	723	0.158	0.646	0.488	0.895	1.000	0.994
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	1092	0.146	0.484	0.338	0.449	1.000	0.994
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	516	0.132	0.607	0.475	0.762	1.000	0.994

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	336	0.099	0.558	0.460	0.666	1.000	0.994
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	593	0.187	0.599	0.412	0.748	1.000	0.994
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	617	0.134	0.637	0.503	0.850	1.000	0.994
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	585	0.159	0.635	0.476	0.886	1.000	0.994
RP11-89K21.1;Six3os1_2	chr2	4.49e+07	4.49e+07	200	0.195	0.671	0.476	0.864	1.000	0.994
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	2167	0.198	0.579	0.381	0.722	1.000	0.994
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1453	0.180	0.621	0.441	0.829	1.000	0.994
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	622	0.155	0.641	0.486	0.890	1.000	0.994
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	284	0.184	0.566	0.381	0.776	1.000	0.994
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	316	0.107	0.616	0.509	0.808	1.000	0.994
RNF219-AS1;RP11-52L5.6	chr13	7.86e+07	7.86e+07	285	0.186	0.715	0.529	0.960	1.000	0.994
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1784	0.186	0.641	0.454	0.857	1.000	0.994
CBLN4	chr20	5.60e+07	5.60e+07	482	0.178	0.669	0.491	0.907	1.000	0.994
RP11-535M15.1	chr9	9.67e+07	9.67e+07	376	0.160	0.495	0.335	0.435	1.000	0.994
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1061	0.149	0.542	0.393	0.657	1.000	0.994
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	227	0.158	0.676	0.518	0.874	1.000	0.994
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	571	0.108	0.615	0.507	0.815	1.000	0.994
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	733	0.141	0.650	0.510	0.893	1.000	0.994
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1314	0.175	0.623	0.448	0.806	1.000	0.994
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1037	0.152	0.545	0.393	0.668	1.000	0.994
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1811	0.179	0.629	0.450	0.839	1.000	0.994
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	859	0.153	0.649	0.496	0.890	1.000	0.994
CBLN4	chr20	5.60e+07	5.60e+07	545	0.145	0.599	0.454	0.808	1.000	0.994
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	805	0.122	0.521	0.399	0.570	1.000	0.994
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1663	0.199	0.560	0.361	0.685	1.000	0.994
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	590	0.119	0.593	0.474	0.738	1.000	0.994
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1480	0.173	0.610	0.437	0.804	1.000	0.993
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	548	0.182	0.563	0.381	0.776	1.000	0.993
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	706	0.199	0.541	0.342	0.650	1.000	0.993
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	204	0.151	0.629	0.478	0.773	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	868	0.136	0.537	0.401	0.626	1.000	0.993
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	881	0.160	0.496	0.337	0.474	1.000	0.993

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1856	0.176	0.631	0.456	0.848	1.000	0.993
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1625	0.110	0.534	0.424	0.640	1.000	0.993
AC009487.5;SLC4A1	chr2	1.61e+08	1.61e+08	431	0.164	0.622	0.458	0.778	1.000	0.993
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	436	0.147	0.654	0.507	0.907	1.000	0.993
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	1556	0.165	0.626	0.461	0.834	1.000	0.993
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1377	0.189	0.625	0.436	0.893	1.000	0.993
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	335	0.143	0.650	0.507	0.902	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1086	0.161	0.556	0.396	0.720	1.000	0.993
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	1071	0.165	0.694	0.528	0.918	1.000	0.993
AC009487.5;SLC4A10	chr2	1.61e+08	1.61e+08	280	0.192	0.624	0.432	0.792	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1019	0.153	0.565	0.412	0.743	1.000	0.993
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	520	0.120	0.643	0.523	0.813	1.000	0.993
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	298	0.146	0.645	0.499	0.900	1.000	0.993
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1404	0.174	0.569	0.395	0.743	1.000	0.993
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	667	0.145	0.651	0.507	0.900	1.000	0.993
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1824	0.178	0.563	0.385	0.675	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1075	0.156	0.540	0.384	0.659	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1072	0.155	0.560	0.404	0.722	1.000	0.993
CBLN4	chr20	5.60e+07	5.60e+07	503	0.163	0.618	0.455	0.841	1.000	0.993
ZNF300P1	chr5	1.51e+08	1.51e+08	240	0.166	0.605	0.438	0.785	1.000	0.993
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1867	0.172	0.627	0.454	0.834	1.000	0.993
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	603	0.171	0.622	0.451	0.799	1.000	0.993
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	487	0.190	0.524	0.334	0.607	1.000	0.993
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	793	0.158	0.650	0.492	0.897	1.000	0.993
AC009487.5;SLC4A1	chr2	1.61e+08	1.61e+08	290	0.162	0.610	0.448	0.764	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	672	0.135	0.543	0.409	0.629	1.000	0.993
TCAF1	chr7	1.44e+08	1.44e+08	354	0.180	0.628	0.448	0.883	1.000	0.993
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	1135	0.139	0.459	0.320	0.353	1.000	0.993
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1508	0.162	0.518	0.355	0.554	1.000	0.993
CDX2	chr13	2.80e+07	2.80e+07	223	0.135	0.651	0.517	0.841	1.000	0.993
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	492	0.167	0.697	0.530	0.935	1.000	0.993
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	619	0.133	0.516	0.383	0.551	1.000	0.993

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	210	0.129	0.629	0.500	0.806	1.000	0.993
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	279	0.197	0.644	0.447	0.923	1.000	0.993
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1380	0.182	0.607	0.425	0.785	1.000	0.993
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	407	0.093	0.620	0.527	0.820	1.000	0.993
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1988	0.167	0.618	0.450	0.811	1.000	0.993
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	1340	0.151	0.624	0.473	0.836	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	945	0.139	0.536	0.398	0.633	1.000	0.993
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1525	0.170	0.615	0.445	0.811	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1092	0.155	0.555	0.400	0.701	1.000	0.993
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	1280	0.148	0.644	0.496	0.841	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	998	0.144	0.533	0.389	0.619	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1220	0.157	0.555	0.399	0.722	1.000	0.993
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1226	0.152	0.554	0.403	0.701	1.000	0.993
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	828	0.139	0.467	0.328	0.374	1.000	0.993
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	269	0.148	0.652	0.503	0.911	1.000	0.992
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	370	0.153	0.656	0.504	0.911	1.000	0.992
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	430	0.182	0.610	0.428	0.787	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	812	0.152	0.557	0.405	0.696	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1051	0.159	0.543	0.384	0.673	1.000	0.992
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	426	0.183	0.606	0.423	0.853	1.000	0.992
ZNF300P1	chr5	1.51e+08	1.51e+08	221	0.172	0.602	0.430	0.750	1.000	0.992
ZNF300P1	chr5	1.51e+08	1.51e+08	237	0.172	0.597	0.425	0.748	1.000	0.992
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	332	0.199	0.758	0.559	0.960	1.000	0.992
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	376	0.143	0.665	0.522	0.883	1.000	0.992
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	284	0.055	0.538	0.483	0.629	1.000	0.992
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	232	0.153	0.646	0.493	0.909	1.000	0.992
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	341	0.170	0.606	0.436	0.841	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	271	0.189	0.616	0.427	0.853	1.000	0.992
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1682	0.154	0.598	0.445	0.769	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1078	0.149	0.558	0.409	0.692	1.000	0.992

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	276	0.063	0.570	0.507	0.706	1.000	0.992
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	701	0.143	0.629	0.486	0.820	1.000	0.992
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1536	0.167	0.611	0.444	0.806	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1209	0.152	0.541	0.389	0.666	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1177	0.147	0.548	0.401	0.671	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1311	0.145	0.548	0.403	0.671	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1624	0.168	0.491	0.323	0.404	1.000	0.992
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	576	0.182	0.600	0.417	0.780	1.000	0.992
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	748	0.165	0.643	0.478	0.893	1.000	0.992
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	1807	0.169	0.634	0.464	0.860	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1188	0.149	0.568	0.419	0.736	1.000	0.992
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	359	0.170	0.643	0.473	0.811	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1163	0.141	0.550	0.409	0.675	1.000	0.992
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1407	0.174	0.597	0.423	0.759	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	471	0.178	0.635	0.457	0.883	1.000	0.992
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	1195	0.133	0.432	0.300	0.294	1.000	0.992
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	266	0.196	0.659	0.463	0.930	1.000	0.992
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	461	0.188	0.616	0.428	0.888	1.000	0.992
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	622	0.150	0.644	0.493	0.893	1.000	0.992
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	1134	0.173	0.639	0.466	0.848	1.000	0.992
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	670	0.140	0.570	0.430	0.706	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1025	0.147	0.563	0.416	0.713	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1110	0.138	0.554	0.415	0.675	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1241	0.151	0.563	0.413	0.727	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1322	0.139	0.539	0.400	0.657	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1389	0.152	0.559	0.407	0.720	1.000	0.992
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1657	0.162	0.603	0.441	0.766	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1255	0.155	0.561	0.405	0.724	1.000	0.992
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	376	0.178	0.618	0.440	0.881	1.000	0.992
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	860	0.116	0.537	0.421	0.612	1.000	0.992

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-714M23.2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	658	0.180	0.624	0.445	0.843	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	234	0.180	0.631	0.451	0.862	1.000	0.992
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	753	0.185	0.628	0.443	0.825	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1115	0.170	0.602	0.432	0.815	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	865	0.156	0.548	0.392	0.682	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	879	0.146	0.561	0.415	0.717	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1237	0.145	0.544	0.399	0.673	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1231	0.149	0.544	0.395	0.680	1.000	0.992
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	325	0.160	0.648	0.488	0.911	1.000	0.992
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	995	0.192	0.556	0.364	0.722	1.000	0.992
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	416	0.198	0.661	0.463	0.879	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	524	0.178	0.658	0.480	0.918	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1890	0.164	0.460	0.296	0.271	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	320	0.166	0.583	0.417	0.797	1.000	0.992
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	608	0.100	0.534	0.434	0.598	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	561	0.184	0.644	0.460	0.902	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	2027	0.155	0.448	0.294	0.255	1.000	0.992
DMRT1	chr9	8.41e+05	8.43e+05	1479	0.082	0.265	0.183	0.037	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1012	0.154	0.532	0.378	0.633	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1185	0.155	0.543	0.389	0.685	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1400	0.147	0.550	0.404	0.692	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	845	0.178	0.656	0.477	0.902	1.000	0.992
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1065	0.136	0.500	0.364	0.556	1.000	0.992
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1220	0.144	0.530	0.386	0.626	1.000	0.992
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	508	0.146	0.610	0.464	0.780	1.000	0.992
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	434	0.169	0.651	0.483	0.897	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1142	0.155	0.541	0.386	0.638	1.000	0.991
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2084	0.171	0.617	0.446	0.787	1.000	0.991
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	556	0.187	0.560	0.374	0.757	1.000	0.991
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1295	0.165	0.529	0.364	0.610	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	2487	0.167	0.624	0.457	0.848	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	3027	0.157	0.619	0.461	0.811	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1078	0.162	0.605	0.443	0.829	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	2051	0.146	0.430	0.284	0.222	1.000	0.991
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1279	0.106	0.386	0.279	0.054	1.000	0.991
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1835	0.149	0.558	0.409	0.668	1.000	0.991

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	710	0.168	0.640	0.472	0.893	1.000	0.991
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1008	0.176	0.540	0.364	0.636	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	693	0.164	0.648	0.484	0.897	1.000	0.991
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	217	0.121	0.622	0.502	0.825	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	918	0.158	0.639	0.481	0.850	1.000	0.991
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1283	0.103	0.331	0.228	0.049	1.000	0.991
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2156	0.170	0.611	0.441	0.773	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	584	0.152	0.641	0.489	0.893	1.000	0.991
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1356	0.091	0.288	0.197	0.037	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	399	0.128	0.663	0.535	0.871	1.000	0.991
RP11-432B6.3;TRIM59	chr3	1.60e+08	1.60e+08	202	0.177	0.520	0.343	0.528	1.000	0.991
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	219	0.186	0.704	0.518	0.909	1.000	0.991
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	749	0.104	0.527	0.423	0.605	1.000	0.991
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	804	0.164	0.620	0.456	0.780	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	525	0.166	0.656	0.490	0.883	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	224	0.156	0.641	0.485	0.907	1.000	0.991
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	373	0.167	0.565	0.398	0.738	1.000	0.991
RIPPLY3	chr21	3.70e+07	3.70e+07	498	0.104	0.462	0.358	0.416	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1105	0.146	0.533	0.387	0.610	1.000	0.991
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	546	0.105	0.530	0.425	0.591	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	567	0.145	0.651	0.506	0.895	1.000	0.991
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1395	0.160	0.537	0.377	0.638	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	1591	0.158	0.633	0.475	0.862	1.000	0.991
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	888	0.132	0.435	0.303	0.292	1.000	0.991
CROCC;MST1L	chr1	1.68e+07	1.68e+07	202	0.199	0.549	0.350	0.731	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	872	0.156	0.559	0.404	0.722	1.000	0.991
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	699	0.162	0.529	0.368	0.593	1.000	0.991
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	234	0.113	0.586	0.472	0.750	1.000	0.991
CTD-2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	224	0.138	0.534	0.397	0.640	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1246	0.144	0.487	0.342	0.407	1.000	0.991
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	267	0.126	0.578	0.453	0.731	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	2811	0.147	0.616	0.469	0.820	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	2113	0.139	0.413	0.274	0.189	1.000	0.991
SLC2A14	chr12	7.87e+06	7.87e+06	253	0.156	0.540	0.384	0.734	1.000	0.991

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	550	0.113	0.548	0.435	0.664	1.000	0.991
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	764	0.103	0.506	0.403	0.528	1.000	0.991
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1452	0.171	0.603	0.433	0.776	1.000	0.991
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1753	0.166	0.603	0.437	0.757	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	561	0.135	0.643	0.508	0.879	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	562	0.169	0.664	0.495	0.893	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	687	0.160	0.642	0.482	0.886	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	537	0.165	0.625	0.460	0.813	1.000	0.991
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1455	0.156	0.588	0.431	0.745	1.000	0.991
PCDHGA1;PCDHGA2;PCDHGA3;PCDHGA4;PCDHGA5;PCDHGA6;PCDHGA7;PCDHGA8;PCDHGA9;PCDHGA10;PCDHGA11;PCDHGA12;PCDHGA13;PCDHGA14;PCDHGA15;PCDHGA16;PCDHGA17;PCDHGA18;PCDHGA19;PCDHGA20;PCDHGA21;PCDHGA22;PCDHGA23;PCDHGA24;PCDHGA25;PCDHGA26;PCDHGA27;PCDHGA28;PCDHGA29;PCDHGA30;PCDHGA31;PCDHGA32;PCDHGA33;PCDHGA34;PCDHGA35;PCDHGA36;PCDHGA37;PCDHGA38;PCDHGA39;PCDHGA40;PCDHGA41;PCDHGA42;PCDHGA43;PCDHGA44;PCDHGA45;PCDHGA46;PCDHGA47;PCDHGA48;PCDHGA49;PCDHGA50;PCDHGA51;PCDHGA52;PCDHGA53;PCDHGA54;PCDHGA55;PCDHGA56;PCDHGA57;PCDHGA58;PCDHGA59;PCDHGA60;PCDHGA61;PCDHGA62;PCDHGA63;PCDHGA64;PCDHGA65;PCDHGA66;PCDHGA67;PCDHGA68;PCDHGA69;PCDHGA70;PCDHGA71;PCDHGA72;PCDHGA73;PCDHGA74;PCDHGA75;PCDHGA76;PCDHGA77;PCDHGA78;PCDHGA79;PCDHGA80;PCDHGA81;PCDHGA82;PCDHGA83;PCDHGA84;PCDHGA85;PCDHGA86;PCDHGA87;PCDHGA88;PCDHGA89;PCDHGA90;PCDHGA91;PCDHGA92;PCDHGA93;PCDHGA94;PCDHGA95;PCDHGA96;PCDHGA97;PCDHGA98;PCDHGA99;PCDHGA100	chr8	2.37e+07	2.37e+07	436	0.141	0.671	0.530	0.888	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	200	0.173	0.673	0.499	0.890	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	853	0.167	0.644	0.477	0.841	1.000	0.991
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1702	0.178	0.599	0.421	0.783	1.000	0.991
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	934	0.195	0.644	0.450	0.864	1.000	0.991
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	287	0.164	0.646	0.482	0.907	1.000	0.991
RPH3A	chr12	1.13e+08	1.13e+08	280	0.149	0.489	0.340	0.465	1.000	0.991
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	879	0.165	0.545	0.380	0.668	1.000	0.991
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1209	0.135	0.472	0.337	0.339	1.000	0.991
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	885	0.140	0.558	0.419	0.694	1.000	0.991
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	2271	0.157	0.622	0.465	0.850	1.000	0.991
CTD-2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	295	0.100	0.498	0.399	0.563	1.000	0.991
KCNS1	chr20	4.51e+07	4.51e+07	325	0.182	0.501	0.319	0.449	1.000	0.991
RIPPLY3	chr21	3.70e+07	3.70e+07	892	0.091	0.358	0.267	0.014	1.000	0.991
SLC2A14	chr12	7.87e+06	7.87e+06	200	0.173	0.543	0.370	0.722	1.000	0.990
SLC2A14	chr12	7.87e+06	7.87e+06	247	0.167	0.527	0.360	0.668	1.000	0.990
RP11-432B6.3;TRIM59	chr3	1.60e+08	1.60e+08	223	0.149	0.434	0.285	0.250	1.000	0.990
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	331	0.116	0.495	0.380	0.488	1.000	0.990
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1196	0.146	0.531	0.386	0.636	1.000	0.990
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2609	0.168	0.609	0.441	0.785	1.000	0.990
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	424	0.182	0.646	0.464	0.862	1.000	0.990

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	919	0.191	0.657	0.466	0.871	1.000	0.990
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1709	0.169	0.581	0.412	0.729	1.000	0.990
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	970	0.131	0.549	0.418	0.659	1.000	0.990
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	533	0.144	0.635	0.492	0.836	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	3766	0.120	0.513	0.392	0.575	1.000	0.990
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	298	0.132	0.651	0.519	0.850	1.000	0.990
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	270	0.157	0.658	0.501	0.911	1.000	0.990
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1009	0.146	0.530	0.384	0.626	1.000	0.990
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	976	0.142	0.484	0.342	0.376	1.000	0.990
RPH3A	chr12	1.13e+08	1.13e+08	447	0.125	0.439	0.314	0.325	1.000	0.990
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1783	0.159	0.554	0.395	0.657	1.000	0.990
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	561	0.187	0.555	0.368	0.736	1.000	0.990
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1793	0.161	0.530	0.369	0.614	1.000	0.990
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1455	0.190	0.619	0.429	0.815	1.000	0.990
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	278	0.107	0.572	0.465	0.729	1.000	0.990
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	445	0.183	0.581	0.398	0.825	1.000	0.990
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	909	0.151	0.521	0.370	0.586	1.000	0.990
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	850	0.132	0.474	0.342	0.449	1.000	0.990
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1146	0.149	0.533	0.384	0.633	1.000	0.990
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	609	0.177	0.549	0.372	0.699	1.000	0.990
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1048	0.143	0.565	0.422	0.717	1.000	0.990
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	474	0.158	0.502	0.344	0.488	1.000	0.990
NKX2-6;RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	264	0.149	0.650	0.501	0.904	1.000	0.990
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	622	0.161	0.532	0.371	0.621	1.000	0.990
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	964	0.122	0.524	0.402	0.593	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1608	0.150	0.542	0.392	0.619	1.000	0.990
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	687	0.109	0.522	0.413	0.570	1.000	0.990
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1362	0.152	0.460	0.308	0.287	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2700	0.122	0.524	0.402	0.600	1.000	0.990
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	216	0.120	0.582	0.461	0.750	1.000	0.990
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1463	0.167	0.600	0.434	0.771	1.000	0.990

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2624	0.166	0.602	0.436	0.771	1.000	0.990
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	423	0.159	0.580	0.421	0.736	1.000	0.990
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1056	0.119	0.485	0.365	0.493	1.000	0.990
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1384	0.162	0.595	0.434	0.773	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2697	0.130	0.539	0.408	0.624	1.000	0.990
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1013	0.158	0.545	0.387	0.682	1.000	0.990
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1825	0.166	0.598	0.432	0.748	1.000	0.990
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1544	0.142	0.463	0.322	0.357	1.000	0.990
RP11-714M23.2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	307	0.193	0.686	0.493	0.888	1.000	0.990
PCDHGA1;PCDHGA2;PCDHGA3;PCDHGA4;PCDHGA5;PCDHGA6;PCDHGA7;PCDHGA8;PCDHGA9;PCDHGA10;PCDHGA11;PCDHGA12;PCDHGA13;PCDHGA14;PCDHGA15;PCDHGA16;PCDHGA17;PCDHGA18;PCDHGA19;PCDHGA20;PCDHGA21;PCDHGA22;PCDHGA23;PCDHGA24;PCDHGA25;PCDHGA26;PCDHGA27;PCDHGA28;PCDHGA29;PCDHGA30;PCDHGA31;PCDHGA32;PCDHGA33;PCDHGA34;PCDHGA35;PCDHGA36;PCDHGA37;PCDHGA38;PCDHGA39;PCDHGA40;PCDHGA41;PCDHGA42;PCDHGA43;PCDHGA44;PCDHGA45;PCDHGA46;PCDHGA47;PCDHGA48;PCDHGA49;PCDHGA50;PCDHGA51;PCDHGA52;PCDHGA53;PCDHGA54;PCDHGA55;PCDHGA56;PCDHGA57;PCDHGA58;PCDHGA59;PCDHGA60;PCDHGA61;PCDHGA62;PCDHGA63;PCDHGA64;PCDHGA65;PCDHGA66;PCDHGA67;PCDHGA68;PCDHGA69;PCDHGA70;PCDHGA71;PCDHGA72;PCDHGA73;PCDHGA74;PCDHGA75;PCDHGA76;PCDHGA77;PCDHGA78;PCDHGA79;PCDHGA80;PCDHGA81;PCDHGA82;PCDHGA83;PCDHGA84;PCDHGA85;PCDHGA86;PCDHGA87;PCDHGA88;PCDHGA89;PCDHGA90;PCDHGA91;PCDHGA92;PCDHGA93;PCDHGA94;PCDHGA95;PCDHGA96;PCDHGA97;PCDHGA98;PCDHGA99;PCDHGA100	chr8	5.64e+07	5.64e+07	488	0.124	0.546	0.423	0.659	1.000	0.990
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	488	0.124	0.546	0.423	0.659	1.000	0.990
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1141	0.136	0.615	0.479	0.811	1.000	0.990
DMRT1	chr9	8.41e+05	8.43e+05	1744	0.107	0.329	0.222	0.051	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2544	0.131	0.563	0.432	0.682	1.000	0.990
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	702	0.107	0.498	0.392	0.505	1.000	0.990
CTD-2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	436	0.161	0.547	0.385	0.675	1.000	0.990
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1330	0.173	0.568	0.395	0.778	1.000	0.990
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.41e+06	637	0.147	0.645	0.499	0.846	1.000	0.990
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1621	0.118	0.357	0.239	0.058	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1087	0.176	0.562	0.386	0.703	1.000	0.990
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1628	0.150	0.429	0.280	0.203	1.000	0.990
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2576	0.197	0.549	0.352	0.699	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2702	0.117	0.513	0.396	0.568	1.000	0.990
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	432	0.184	0.561	0.377	0.699	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2018	0.148	0.551	0.403	0.671	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2015	0.142	0.581	0.439	0.729	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2168	0.139	0.551	0.412	0.666	1.000	0.990
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2547	0.123	0.545	0.422	0.654	1.000	0.990
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1548	0.133	0.405	0.272	0.065	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	3613	0.120	0.524	0.404	0.600	1.000	0.989
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1264	0.175	0.596	0.421	0.773	1.000	0.989
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1765	0.141	0.419	0.279	0.194	1.000	0.989
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1534	0.197	0.567	0.370	0.778	1.000	0.989

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LINC01551;RP11-966I7.2	chr14	2.88e+07	2.88e+07	324	0.132	0.659	0.527	0.808	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1865	0.152	0.585	0.433	0.759	1.000	0.989
GHSR	chr3	1.72e+08	1.72e+08	260	0.069	0.599	0.531	0.759	1.000	0.989
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	870	0.174	0.603	0.428	0.750	1.000	0.989
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1137	0.173	0.618	0.445	0.815	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2549	0.117	0.531	0.414	0.607	1.000	0.989
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2278	0.164	0.596	0.432	0.752	1.000	0.989
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1407	0.148	0.523	0.375	0.603	1.000	0.989
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1325	0.145	0.444	0.299	0.243	1.000	0.989
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1391	0.154	0.576	0.422	0.715	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1173	0.182	0.593	0.411	0.766	1.000	0.989
PCDHGA1;PCDHG	chr5	1.41e+08	1.41e+08	361	0.101	0.652	0.551	0.808	1.000	0.989
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	798	0.179	0.584	0.404	0.759	1.000	0.989
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	387	0.176	0.558	0.382	0.736	1.000	0.989
CTD-2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	331	0.089	0.499	0.411	0.579	1.000	0.989
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1157	0.140	0.521	0.381	0.603	1.000	0.989
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	513	0.089	0.467	0.378	0.442	1.000	0.989
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1086	0.129	0.461	0.332	0.414	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2710	0.115	0.509	0.394	0.551	1.000	0.989
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	521	0.166	0.555	0.390	0.722	1.000	0.989
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2769	0.174	0.605	0.431	0.790	1.000	0.989
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1789	0.133	0.402	0.269	0.175	1.000	0.989
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	662	0.127	0.475	0.348	0.425	1.000	0.989
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1584	0.162	0.592	0.431	0.748	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	645	0.163	0.619	0.456	0.806	1.000	0.989
CSDAP1	chr16	3.16e+07	3.16e+07	400	0.106	0.502	0.395	0.523	1.000	0.989
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	219	0.133	0.591	0.458	0.773	1.000	0.989
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2797	0.174	0.601	0.427	0.771	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	3571	0.117	0.509	0.392	0.572	1.000	0.989
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	2155	0.171	0.537	0.367	0.636	1.000	0.989
DCHS2	chr4	1.54e+08	1.54e+08	746	0.191	0.512	0.322	0.544	1.000	0.989
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	1229	0.135	0.424	0.288	0.283	1.000	0.989

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTD-2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	494	0.135	0.530	0.396	0.640	1.000	0.989
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	452	0.110	0.576	0.466	0.727	1.000	0.989
CTD-2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	472	0.140	0.538	0.398	0.657	1.000	0.989
PCDH17;RP11-95F22.1	chr13	5.76e+07	5.76e+07	580	0.168	0.659	0.491	0.839	1.000	0.989
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1092	0.152	0.450	0.298	0.238	1.000	0.989
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1552	0.197	0.567	0.370	0.771	1.000	0.989
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	704	0.137	0.623	0.485	0.820	1.000	0.989
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	1465	0.144	0.546	0.402	0.629	1.000	0.989
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2867	0.109	0.505	0.396	0.554	1.000	0.989
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1851	0.126	0.386	0.260	0.159	1.000	0.989
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2045	0.195	0.540	0.345	0.654	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	219	0.079	0.631	0.552	0.776	1.000	0.988
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	529	0.165	0.586	0.421	0.801	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2293	0.162	0.590	0.428	0.748	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	3149	0.172	0.600	0.428	0.785	1.000	0.988
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	626	0.109	0.464	0.355	0.388	1.000	0.988
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	472	0.118	0.495	0.376	0.498	1.000	0.988
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	380	0.154	0.594	0.439	0.762	1.000	0.988
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	228	0.130	0.647	0.517	0.762	1.000	0.988
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2557	0.114	0.525	0.411	0.598	1.000	0.988
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1591	0.143	0.412	0.268	0.168	1.000	0.988
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	804	0.140	0.599	0.459	0.778	1.000	0.988
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	1024	0.147	0.530	0.383	0.633	1.000	0.988
MIR124-2;MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	365	0.130	0.640	0.510	0.853	1.000	0.988
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1392	0.146	0.627	0.481	0.841	1.000	0.988
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	208	0.187	0.583	0.396	0.783	1.000	0.988
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1326	0.170	0.538	0.368	0.624	1.000	0.988
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	566	0.137	0.622	0.486	0.811	1.000	0.988
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	645	0.151	0.588	0.437	0.769	1.000	0.988
KCNS1	chr20	4.51e+07	4.51e+07	812	0.198	0.476	0.278	0.339	1.000	0.988
DAW1;TDGF1P2	chr2	2.28e+08	2.28e+08	207	0.143	0.694	0.551	0.921	1.000	0.988
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	2612	0.137	0.610	0.472	0.801	1.000	0.988
RP11-432B6.3;TRIM59	chr3	1.60e+08	1.60e+08	242	0.148	0.386	0.238	0.187	1.000	0.988

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1393	0.133	0.579	0.446	0.741	1.000	0.988
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2416	0.191	0.539	0.348	0.654	1.000	0.988
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2756	0.199	0.546	0.347	0.682	1.000	0.988
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	665	0.132	0.503	0.372	0.519	1.000	0.988
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1728	0.134	0.403	0.268	0.175	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	707	0.107	0.615	0.509	0.776	1.000	0.988
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	448	0.195	0.560	0.364	0.764	1.000	0.988
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1769	0.160	0.531	0.372	0.629	1.000	0.988
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1752	0.126	0.385	0.259	0.159	1.000	0.988
DAW1;TDGF1P2	chr2	2.28e+08	2.28e+08	202	0.140	0.678	0.538	0.909	1.000	0.988
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	3418	0.117	0.521	0.404	0.600	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	897	0.166	0.591	0.426	0.727	1.000	0.988
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	351	0.097	0.607	0.510	0.804	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2438	0.171	0.593	0.423	0.755	1.000	0.988
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2714	0.108	0.520	0.411	0.593	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	627	0.113	0.605	0.492	0.773	1.000	0.988
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1358	0.149	0.413	0.264	0.161	1.000	0.988
SCDP1	chr17	2.08e+07	2.08e+07	232	0.155	0.442	0.287	0.271	1.000	0.988
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	532	0.152	0.537	0.385	0.671	1.000	0.988
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	922	0.135	0.425	0.290	0.290	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	653	0.109	0.616	0.507	0.787	1.000	0.988
AC009487.5;SLC4A10	chr2	1.61e+08	1.61e+08	275	0.182	0.614	0.432	0.787	1.000	0.988
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	342	0.173	0.575	0.402	0.773	1.000	0.988
RP11-714M23.2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	710	0.172	0.643	0.470	0.853	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	681	0.109	0.607	0.498	0.776	1.000	0.988
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2466	0.171	0.590	0.419	0.752	1.000	0.988
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	707	0.103	0.486	0.383	0.551	1.000	0.988
CLEC14A	chr14	3.83e+07	3.83e+07	298	0.167	0.701	0.534	0.949	1.000	0.988
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2209	0.199	0.500	0.301	0.505	1.000	0.988
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	2072	0.147	0.616	0.468	0.832	1.000	0.988
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	2275	0.140	0.600	0.460	0.787	1.000	0.988
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	273	0.149	0.503	0.354	0.540	1.000	0.988
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	719	0.141	0.631	0.491	0.827	1.000	0.987
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1303	0.142	0.561	0.418	0.673	1.000	0.987
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1814	0.120	0.369	0.249	0.140	1.000	0.987
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2871	0.111	0.503	0.391	0.554	1.000	0.987
SIX3;SIX3-AS1	chr2	4.49e+07	4.49e+07	479	0.173	0.585	0.411	0.755	1.000	0.987
KCNC2	chr12	7.52e+07	7.52e+07	247	0.102	0.597	0.495	0.771	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2347	0.188	0.509	0.321	0.542	1.000	0.987

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1495	0.138	0.403	0.265	0.159	1.000	0.987
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	295	0.165	0.633	0.468	0.855	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2180	0.198	0.494	0.296	0.474	1.000	0.987
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1680	0.166	0.593	0.428	0.745	1.000	0.987
GS1- 72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	689	0.131	0.506	0.375	0.530	1.000	0.987
CSDAP1	chr16	3.16e+07	3.16e+07	300	0.062	0.411	0.349	0.294	1.000	0.987
CTD- 2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	353	0.092	0.498	0.406	0.579	1.000	0.987
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	672	0.129	0.484	0.355	0.418	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3458	0.192	0.531	0.339	0.664	1.000	0.987
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1519	0.129	0.383	0.255	0.166	1.000	0.987
CLEC14A	chr14	3.83e+07	3.83e+07	271	0.150	0.695	0.545	0.939	1.000	0.987
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1996	0.176	0.564	0.388	0.671	1.000	0.987
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1055	0.152	0.617	0.465	0.832	1.000	0.987
NETO1;RP11- 676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	470	0.127	0.593	0.466	0.790	1.000	0.987
SIX3;SIX3-AS1	chr2	4.49e+07	4.49e+07	282	0.200	0.567	0.367	0.720	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3058	0.193	0.521	0.328	0.610	1.000	0.987
PENK;RP11- 17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	487	0.114	0.472	0.358	0.463	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2434	0.192	0.541	0.349	0.664	1.000	0.987
NETO1;RP11- 676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	658	0.128	0.571	0.442	0.724	1.000	0.987
GS1- 72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	493	0.121	0.469	0.348	0.395	1.000	0.987
RP11- 849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	884	0.157	0.560	0.403	0.689	1.000	0.987
HTR1A;RP11- 158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	1249	0.134	0.413	0.279	0.271	1.000	0.987
ARL5C;RP5- 906A24.1	chr17	3.92e+07	3.92e+07	401	0.161	0.656	0.495	0.867	1.000	0.987
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	955	0.153	0.639	0.486	0.869	1.000	0.987
RP11- 849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1166	0.131	0.561	0.430	0.689	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3760	0.187	0.508	0.321	0.575	1.000	0.987
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	295	0.167	0.595	0.429	0.713	1.000	0.987
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2818	0.169	0.589	0.420	0.759	1.000	0.987
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	909	0.148	0.525	0.377	0.610	1.000	0.987
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	2175	0.139	0.612	0.473	0.801	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2265	0.192	0.560	0.368	0.706	1.000	0.987
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2718	0.185	0.510	0.325	0.561	1.000	0.987
LINC01551;RP11- 966I7.2	chr14	2.88e+07	2.88e+07	413	0.151	0.647	0.496	0.811	1.000	0.987
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	636	0.136	0.617	0.481	0.813	1.000	0.987
HTR1A;RP11- 158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	722	0.120	0.436	0.316	0.325	1.000	0.987

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1581	0.122	0.366	0.245	0.143	1.000	0.986
PKLR	chr1	1.55e+08	1.55e+08	353	0.190	0.579	0.389	0.743	1.000	0.986
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1735	0.152	0.605	0.454	0.827	1.000	0.986
CLEC14A	chr14	3.83e+07	3.83e+07	691	0.198	0.699	0.501	0.939	1.000	0.986
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	685	0.108	0.564	0.456	0.671	1.000	0.986
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	237	0.147	0.608	0.461	0.829	1.000	0.986
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1173	0.128	0.434	0.306	0.313	1.000	0.986
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2718	0.111	0.516	0.405	0.591	1.000	0.986
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2893	0.114	0.500	0.386	0.551	1.000	0.986
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1752	0.166	0.589	0.423	0.741	1.000	0.986
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	719	0.087	0.391	0.304	0.217	1.000	0.986
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1635	0.153	0.621	0.468	0.848	1.000	0.986
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1223	0.190	0.585	0.395	0.799	1.000	0.986
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	642	0.118	0.624	0.506	0.801	1.000	0.986
ZNF732	chr4	3.05e+05	3.06e+05	259	0.186	0.659	0.473	0.914	0.978	0.986
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	942	0.163	0.599	0.436	0.752	1.000	0.986
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	614	0.165	0.563	0.397	0.692	1.000	0.986
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1310	0.117	0.405	0.288	0.250	1.000	0.986
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	700	0.143	0.539	0.396	0.643	1.000	0.986
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	353	0.155	0.550	0.395	0.706	1.000	0.986
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1894	0.148	0.593	0.445	0.794	1.000	0.986
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1489	0.197	0.580	0.383	0.736	1.000	0.986
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	864	0.154	0.536	0.382	0.614	1.000	0.986
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	891	0.127	0.495	0.369	0.512	1.000	0.986
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1307	0.150	0.518	0.368	0.586	1.000	0.986
ZNF732	chr4	3.05e+05	3.06e+05	261	0.192	0.690	0.498	0.930	0.978	0.986
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2736	0.186	0.514	0.328	0.572	1.000	0.986
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2205	0.164	0.588	0.424	0.734	1.000	0.986
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	456	0.199	0.557	0.358	0.745	1.000	0.986
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	1255	0.127	0.403	0.276	0.276	1.000	0.986
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	425	0.144	0.577	0.432	0.755	1.000	0.986
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	776	0.117	0.409	0.291	0.175	1.000	0.986
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	1267	0.123	0.400	0.277	0.290	1.000	0.986
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	674	0.173	0.616	0.444	0.860	1.000	0.986
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	830	0.092	0.478	0.385	0.481	1.000	0.986
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3112	0.191	0.499	0.308	0.514	1.000	0.986
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	557	0.142	0.697	0.555	0.928	1.000	0.986
CSDAP1	chr16	3.16e+07	3.16e+07	375	0.071	0.392	0.321	0.196	1.000	0.986
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	837	0.122	0.581	0.459	0.703	1.000	0.986

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GABRA4;GABRB1	chr4	4.70e+07	4.70e+07	307	0.150	0.505	0.355	0.533	1.000	0.986
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	302	0.146	0.622	0.476	0.839	1.000	0.986
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	369	0.193	0.728	0.535	0.907	1.000	0.986
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	522	0.138	0.667	0.529	0.900	1.000	0.986
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1329	0.108	0.386	0.278	0.217	1.000	0.986
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1224	0.099	0.459	0.360	0.421	1.000	0.986
ZNF732	chr4	3.05e+05	3.06e+05	290	0.191	0.703	0.511	0.939	0.978	0.986
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	403	0.145	0.736	0.591	0.944	1.000	0.986
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	489	0.124	0.615	0.491	0.790	1.000	0.986
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2401	0.186	0.483	0.297	0.449	1.000	0.986
GABRA4;GABRB1	chr4	4.70e+07	4.70e+07	435	0.122	0.492	0.369	0.500	1.000	0.985
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	368	0.137	0.694	0.557	0.904	1.000	0.985
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	800	0.166	0.565	0.399	0.717	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1407	0.176	0.579	0.403	0.778	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1241	0.191	0.582	0.391	0.790	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3703	0.180	0.497	0.317	0.526	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3475	0.196	0.523	0.328	0.633	1.000	0.985
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	813	0.106	0.480	0.375	0.474	1.000	0.985
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	504	0.126	0.642	0.516	0.874	1.000	0.985
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	539	0.135	0.686	0.552	0.914	1.000	0.985
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2740	0.113	0.512	0.399	0.579	1.000	0.985
GABRA4;GABRB1	chr4	4.70e+07	4.70e+07	272	0.173	0.500	0.327	0.491	1.000	0.985
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1900	0.181	0.561	0.380	0.720	1.000	0.985
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	850	0.148	0.690	0.543	0.925	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2263	0.196	0.473	0.277	0.421	1.000	0.985
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	3324	0.112	0.513	0.402	0.582	1.000	0.985
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	270	0.157	0.637	0.480	0.794	1.000	0.985
ZNF732	chr4	3.05e+05	3.06e+05	288	0.187	0.683	0.496	0.932	0.978	0.985
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	953	0.159	0.596	0.437	0.752	1.000	0.985
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	338	0.134	0.603	0.469	0.766	1.000	0.985
RP11-714M23.2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	327	0.167	0.604	0.437	0.815	1.000	0.985
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	849	0.121	0.586	0.465	0.715	1.000	0.985
LINC01551;RP11-966I7.2	chr14	2.88e+07	2.88e+07	263	0.181	0.663	0.481	0.860	1.000	0.985
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	525	0.135	0.601	0.465	0.731	1.000	0.985
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	791	0.127	0.531	0.404	0.621	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	852	0.198	0.595	0.397	0.815	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2772	0.183	0.486	0.303	0.458	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3155	0.184	0.480	0.296	0.442	1.000	0.985
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1924	0.166	0.530	0.365	0.633	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3814	0.185	0.489	0.303	0.493	1.000	0.985
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	809	0.153	0.514	0.361	0.554	1.000	0.985
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1595	0.171	0.555	0.384	0.664	1.000	0.985

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	706	0.136	0.539	0.403	0.633	1.000	0.985
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1354	0.167	0.599	0.432	0.825	1.000	0.985
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2220	0.162	0.581	0.419	0.720	1.000	0.985
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	522	0.165	0.526	0.361	0.610	1.000	0.985
TFAP2B	chr6	5.08e+07	5.08e+07	336	0.161	0.595	0.434	0.769	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2813	0.197	0.521	0.323	0.629	1.000	0.985
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	914	0.123	0.481	0.357	0.484	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4047	0.199	0.516	0.316	0.626	1.000	0.985
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	260	0.191	0.628	0.437	0.860	1.000	0.985
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	555	0.153	0.535	0.382	0.579	1.000	0.985
MPDU1;SOX15	chr17	7.59e+06	7.59e+06	278	0.164	0.551	0.387	0.694	1.000	0.985
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2234	0.194	0.465	0.270	0.388	1.000	0.985
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	869	0.141	0.551	0.409	0.664	1.000	0.985
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	696	0.153	0.716	0.564	0.930	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3401	0.188	0.500	0.313	0.544	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4111	0.189	0.502	0.313	0.544	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3224	0.176	0.459	0.284	0.353	1.000	0.984
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	438	0.120	0.638	0.518	0.825	1.000	0.984
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1021	0.148	0.545	0.396	0.666	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2444	0.177	0.461	0.283	0.360	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4349	0.191	0.511	0.320	0.591	1.000	0.984
RIPPLY3	chr21	3.70e+07	3.70e+07	403	0.070	0.367	0.297	0.012	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4167	0.192	0.507	0.315	0.589	1.000	0.984
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	942	0.134	0.413	0.280	0.273	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3777	0.191	0.503	0.312	0.570	1.000	0.984
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	740	0.160	0.579	0.419	0.703	1.000	0.984
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	537	0.145	0.469	0.324	0.439	1.000	0.984
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	509	0.184	0.545	0.361	0.685	1.000	0.984
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	832	0.143	0.681	0.538	0.911	1.000	0.984
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	461	0.197	0.552	0.355	0.722	1.000	0.984
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1669	0.162	0.528	0.365	0.607	1.000	0.984
GYPC	chr2	1.27e+08	1.27e+08	278	0.144	0.656	0.511	0.911	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3695	0.193	0.511	0.318	0.614	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4231	0.183	0.495	0.312	0.530	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2790	0.184	0.491	0.307	0.491	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3857	0.179	0.471	0.292	0.421	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4469	0.185	0.503	0.318	0.563	1.000	0.984
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2365	0.171	0.586	0.415	0.741	1.000	0.984
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	382	0.148	0.616	0.469	0.811	1.000	0.984
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1074	0.155	0.588	0.433	0.734	1.000	0.984
SIX3;SIX3-AS1	chr2	4.49e+07	4.49e+07	236	0.117	0.551	0.434	0.675	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3465	0.177	0.486	0.309	0.484	1.000	0.984
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	928	0.156	0.676	0.520	0.918	1.000	0.984
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	435	0.137	0.616	0.479	0.787	1.000	0.984

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	267	0.179	0.606	0.427	0.822	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3357	0.168	0.441	0.273	0.301	1.000	0.984
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2393	0.171	0.583	0.411	0.731	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2815	0.175	0.465	0.290	0.388	1.000	0.984
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	749	0.133	0.601	0.468	0.759	1.000	0.984
TFAP2B	chr6	5.08e+07	5.08e+07	211	0.197	0.626	0.428	0.839	1.000	0.984
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	510	0.187	0.515	0.328	0.549	1.000	0.984
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2089	0.180	0.547	0.367	0.657	1.000	0.984
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	274	0.181	0.607	0.426	0.829	1.000	0.984
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	816	0.116	0.542	0.427	0.598	1.000	0.984
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	626	0.150	0.541	0.391	0.652	1.000	0.984
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	950	0.061	0.360	0.298	0.047	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2306	0.186	0.450	0.264	0.325	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2513	0.168	0.438	0.269	0.294	1.000	0.984
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	211	0.168	0.570	0.401	0.664	1.000	0.984
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2745	0.169	0.582	0.413	0.736	1.000	0.984
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	660	0.157	0.594	0.437	0.734	1.000	0.984
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1024	0.152	0.532	0.380	0.631	1.000	0.984
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1926	0.157	0.522	0.365	0.586	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4283	0.186	0.496	0.310	0.537	1.000	0.984
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	781	0.083	0.405	0.322	0.287	1.000	0.984
DCHS2	chr4	1.54e+08	1.54e+08	543	0.159	0.450	0.291	0.341	1.000	0.984
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1164	0.046	0.254	0.208	0.030	1.000	0.984
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3926	0.172	0.452	0.281	0.341	1.000	0.983
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2247	0.169	0.535	0.366	0.643	1.000	0.983
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	897	0.103	0.488	0.385	0.479	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4347	0.177	0.485	0.308	0.500	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2833	0.177	0.471	0.294	0.425	1.000	0.983
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	910	0.153	0.665	0.512	0.907	1.000	0.983
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1726	0.125	0.565	0.439	0.708	1.000	0.983
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1399	0.126	0.613	0.487	0.783	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2884	0.167	0.443	0.276	0.322	1.000	0.983
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	239	0.170	0.547	0.377	0.659	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2282	0.197	0.546	0.349	0.687	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2109	0.167	0.550	0.383	0.694	1.000	0.983
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	774	0.163	0.690	0.528	0.918	1.000	0.983
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2255	0.116	0.547	0.431	0.659	1.000	0.983
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	508	0.161	0.624	0.463	0.853	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3997	0.188	0.492	0.304	0.535	1.000	0.983
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1576	0.135	0.567	0.432	0.731	1.000	0.983
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	960	0.122	0.399	0.277	0.299	1.000	0.983
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1953	0.139	0.501	0.362	0.521	1.000	0.983

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1541	0.100	0.470	0.369	0.472	1.000	0.983
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1940	0.147	0.515	0.368	0.565	1.000	0.983
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	200	0.102	0.483	0.381	0.477	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4059	0.165	0.435	0.270	0.269	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2646	0.160	0.417	0.257	0.227	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2902	0.169	0.450	0.282	0.339	1.000	0.983
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	749	0.164	0.479	0.315	0.435	1.000	0.983
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	948	0.126	0.402	0.276	0.280	1.000	0.983
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	522	0.131	0.584	0.453	0.741	1.000	0.983
RP5-991G20.1;ZFHX3	chr16	7.28e+07	7.28e+07	426	0.190	0.644	0.454	0.820	1.000	0.983
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1432	0.137	0.528	0.391	0.626	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4585	0.180	0.494	0.314	0.537	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2375	0.176	0.426	0.250	0.266	1.000	0.983
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1554	0.141	0.527	0.386	0.638	1.000	0.983
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2479	0.195	0.531	0.336	0.593	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2277	0.184	0.440	0.256	0.301	1.000	0.983
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	226	0.193	0.572	0.379	0.755	1.000	0.983
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	526	0.156	0.531	0.375	0.612	1.000	0.983
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1472	0.134	0.588	0.454	0.783	1.000	0.983
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	582	0.123	0.415	0.291	0.229	1.000	0.983
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	883	0.156	0.583	0.427	0.757	1.000	0.983
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	531	0.172	0.602	0.430	0.783	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3017	0.159	0.423	0.264	0.245	1.000	0.983
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	282	0.148	0.660	0.512	0.853	1.000	0.983
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	892	0.134	0.382	0.248	0.143	1.000	0.983
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2258	0.108	0.528	0.420	0.621	1.000	0.983
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	775	0.192	0.493	0.302	0.479	1.000	0.983
PCDHGA1;PCDHGA2	chr5	1.41e+08	1.41e+08	216	0.169	0.570	0.401	0.701	1.000	0.983
PKLR	chr1	1.55e+08	1.55e+08	346	0.156	0.572	0.416	0.706	1.000	0.983
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1456	0.124	0.498	0.373	0.521	1.000	0.983
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	3129	0.108	0.509	0.402	0.579	1.000	0.983
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	1485	0.107	0.446	0.339	0.397	1.000	0.983
PCDHGA1;PCDHGA2;PCDHGA3;PCDHGA4;PCDHGA5;PCDHGA6;PCDHGA7;PCDHGA8;PCDHGA9;PCDHGA10;PCDHGA11;PCDHGA12;PCDHGA13;PCDHGA14;PCDHGA15;PCDHGA16;PCDHGA17;PCDHGA18;PCDHGA19;PCDHGA20;PCDHGA21;PCDHGA22;PCDHGA23;PCDHGA24;PCDHGA25;PCDHGA26;PCDHGA27;PCDHGA28;PCDHGA29;PCDHGA30;PCDHGA31;PCDHGA32;PCDHGA33;PCDHGA34;PCDHGA35;PCDHGA36;PCDHGA37;PCDHGA38;PCDHGA39;PCDHGA40;PCDHGA41;PCDHGA42;PCDHGA43;PCDHGA44;PCDHGA45;PCDHGA46;PCDHGA47;PCDHGA48;PCDHGA49;PCDHGA50;PCDHGA51;PCDHGA52;PCDHGA53;PCDHGA54;PCDHGA55;PCDHGA56;PCDHGA57;PCDHGA58;PCDHGA59;PCDHGA60;PCDHGA61;PCDHGA62;PCDHGA63;PCDHGA64;PCDHGA65;PCDHGA66;PCDHGA67;PCDHGA68;PCDHGA69;PCDHGA70;PCDHGA71;PCDHGA72;PCDHGA73;PCDHGA74;PCDHGA75;PCDHGA76;PCDHGA77;PCDHGA78;PCDHGA79;PCDHGA80;PCDHGA81;PCDHGA82;PCDHGA83;PCDHGA84;PCDHGA85;PCDHGA86;PCDHGA87;PCDHGA88;PCDHGA89;PCDHGA90;PCDHGA91;PCDHGA92;PCDHGA93;PCDHGA94;PCDHGA95;PCDHGA96;PCDHGA97;PCDHGA98;PCDHGA99;PCDHGA100	chr5	1.41e+08	1.41e+08	216	0.169	0.570	0.401	0.701	1.000	0.983
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4585	0.182	0.479	0.297	0.484	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3035	0.161	0.431	0.270	0.266	1.000	0.982
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2260	0.103	0.515	0.412	0.586	1.000	0.982
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1958	0.133	0.500	0.367	0.519	1.000	0.982
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	290	0.194	0.593	0.399	0.743	1.000	0.982

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2484	0.186	0.529	0.342	0.593	1.000	0.982
KCNC2	chr12	7.52e+07	7.52e+07	555	0.180	0.627	0.447	0.841	1.000	0.982
C5orf38	chr5	2.76e+06	2.76e+06	219	0.070	0.512	0.442	0.544	1.000	0.982
FAIM2	chr12	4.99e+07	4.99e+07	213	0.163	0.677	0.514	0.897	1.000	0.982
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	329	0.149	0.740	0.591	0.937	1.000	0.982
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	240	0.170	0.593	0.423	0.766	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2508	0.166	0.404	0.238	0.206	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3545	0.192	0.493	0.301	0.507	1.000	0.982
LINC00605	chr14	1.03e+08	1.03e+08	350	0.125	0.574	0.449	0.748	1.000	0.982
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	653	0.108	0.548	0.440	0.650	1.000	0.982
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1780	0.113	0.587	0.474	0.750	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3783	0.193	0.502	0.309	0.544	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4649	0.174	0.469	0.295	0.453	1.000	0.982
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1386	0.165	0.541	0.376	0.650	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4887	0.176	0.478	0.302	0.479	1.000	0.982
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	294	0.168	0.738	0.570	0.944	0.978	0.982
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1876	0.102	0.558	0.456	0.673	1.000	0.982
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	510	0.169	0.617	0.448	0.848	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3831	0.189	0.484	0.295	0.484	1.000	0.982
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	445	0.173	0.614	0.441	0.776	1.000	0.982
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	910	0.145	0.556	0.412	0.671	1.000	0.982
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	503	0.093	0.626	0.534	0.794	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3392	0.175	0.500	0.325	0.528	1.000	0.982
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	917	0.138	0.539	0.401	0.636	1.000	0.982
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	790	0.170	0.462	0.292	0.362	1.000	0.982
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	416	0.132	0.621	0.489	0.832	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2502	0.193	0.527	0.334	0.624	1.000	0.982
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2346	0.173	0.415	0.242	0.238	1.000	0.982
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	241	0.090	0.363	0.273	0.227	1.000	0.982
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	586	0.106	0.541	0.435	0.610	1.000	0.982
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1170	0.160	0.590	0.430	0.729	1.000	0.982
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	660	0.107	0.530	0.423	0.589	1.000	0.982
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	208	0.146	0.555	0.409	0.694	1.000	0.982
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	368	0.141	0.637	0.496	0.850	1.000	0.982
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	560	0.137	0.457	0.319	0.435	1.000	0.982
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	377	0.142	0.562	0.420	0.708	1.000	0.982

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	911	0.143	0.588	0.445	0.766	1.000	0.981
RP5-991G20.1;ZFHX3	chr16	7.28e+07	7.28e+07	214	0.092	0.582	0.489	0.701	1.000	0.981
LINC00605	chr14	1.03e+08	1.03e+08	206	0.156	0.590	0.433	0.797	1.000	0.981
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	407	0.163	0.702	0.539	0.923	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4051	0.187	0.475	0.289	0.460	1.000	0.981
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	406	0.112	0.570	0.458	0.706	1.000	0.981
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	299	0.127	0.541	0.415	0.647	1.000	0.981
ZAR1	chr4	4.85e+07	4.85e+07	624	0.170	0.347	0.177	0.070	1.000	0.981
FAIM2	chr12	4.99e+07	4.99e+07	206	0.149	0.663	0.514	0.890	1.000	0.981
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	663	0.155	0.576	0.421	0.724	1.000	0.981
PHOX2B;RP11-227F19.1	chr4	4.17e+07	4.17e+07	368	0.197	0.646	0.449	0.857	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3874	0.182	0.468	0.285	0.418	1.000	0.981
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2268	0.101	0.510	0.409	0.572	1.000	0.981
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	436	0.134	0.618	0.484	0.836	1.000	0.981
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	256	0.102	0.648	0.546	0.848	1.000	0.981
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	750	0.121	0.572	0.451	0.687	1.000	0.981
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	443	0.169	0.501	0.331	0.521	1.000	0.981
RIPPLY3	chr21	3.70e+07	3.70e+07	797	0.064	0.261	0.196	0.012	1.000	0.981
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	355	0.162	0.565	0.404	0.689	1.000	0.981
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	991	0.129	0.511	0.382	0.537	1.000	0.981
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1458	0.119	0.492	0.372	0.519	1.000	0.981
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	214	0.137	0.553	0.416	0.687	1.000	0.981
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	309	0.105	0.658	0.553	0.843	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2479	0.163	0.393	0.230	0.182	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3090	0.183	0.504	0.321	0.544	1.000	0.981
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	306	0.091	0.562	0.471	0.668	1.000	0.981
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	738	0.122	0.564	0.442	0.678	1.000	0.981
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	204	0.106	0.595	0.490	0.792	1.000	0.981
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	252	0.158	0.618	0.460	0.867	1.000	0.981
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1158	0.133	0.349	0.216	0.098	1.000	0.981
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	659	0.187	0.672	0.484	0.900	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3943	0.175	0.450	0.275	0.341	1.000	0.981
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	543	0.117	0.610	0.493	0.769	1.000	0.981
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1097	0.109	0.508	0.399	0.577	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3154	0.172	0.489	0.317	0.491	1.000	0.981

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	553	0.091	0.536	0.445	0.624	1.000	0.981
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	756	0.126	0.425	0.299	0.318	1.000	0.981
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1971	0.133	0.499	0.366	0.526	1.000	0.981
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1242	0.161	0.585	0.424	0.717	1.000	0.981
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2340	0.174	0.525	0.351	0.621	1.000	0.981
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	757	0.157	0.428	0.271	0.264	1.000	0.981
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	712	0.138	0.479	0.341	0.474	1.000	0.981
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	244	0.147	0.574	0.427	0.773	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4639	0.180	0.463	0.283	0.425	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4094	0.181	0.460	0.279	0.407	1.000	0.981
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3372	0.166	0.424	0.258	0.248	1.000	0.980
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	806	0.173	0.566	0.393	0.682	1.000	0.980
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	685	0.167	0.564	0.397	0.727	1.000	0.980
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2425	0.096	0.505	0.409	0.565	1.000	0.980
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	438	0.133	0.613	0.480	0.829	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4703	0.173	0.455	0.282	0.386	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4076	0.168	0.433	0.265	0.266	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4941	0.175	0.464	0.289	0.428	1.000	0.980
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2680	0.110	0.515	0.405	0.596	1.000	0.980
PIEZO2	chr18	1.11e+07	1.11e+07	372	0.179	0.688	0.508	0.914	1.000	0.980
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	932	0.156	0.595	0.439	0.829	1.000	0.980
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	732	0.170	0.565	0.395	0.731	1.000	0.980
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	539	0.129	0.429	0.300	0.294	1.000	0.980
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	205	0.157	0.594	0.437	0.825	1.000	0.980
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	947	0.123	0.610	0.487	0.783	1.000	0.980
PENK;RP11-17A4.2	chr8	5.64e+07	5.64e+07	215	0.100	0.457	0.357	0.407	1.000	0.980
PCDHGA1;PCDHG.	chr5	1.41e+08	1.41e+08	242	0.166	0.577	0.411	0.668	1.000	0.980
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	1202	0.160	0.449	0.289	0.379	1.000	0.980
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	734	0.101	0.499	0.398	0.519	1.000	0.980
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1472	0.112	0.487	0.375	0.507	1.000	0.980
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2497	0.183	0.526	0.343	0.591	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	558	0.176	0.580	0.404	0.783	1.000	0.980
LINC00605	chr14	1.03e+08	1.03e+08	289	0.076	0.532	0.456	0.621	1.000	0.980
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	829	0.145	0.545	0.400	0.633	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1085	0.159	0.573	0.414	0.771	1.000	0.980
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1295	0.123	0.346	0.223	0.117	1.000	0.980
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1887	0.109	0.374	0.264	0.210	1.000	0.980

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	1200	0.187	0.482	0.296	0.500	1.000	0.980
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	516	0.179	0.625	0.446	0.871	1.000	0.980
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1485	0.105	0.473	0.368	0.470	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4163	0.174	0.444	0.270	0.322	1.000	0.980
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1695	0.159	0.584	0.425	0.715	1.000	0.980
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	713	0.149	0.574	0.425	0.750	1.000	0.980
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	461	0.125	0.598	0.473	0.794	1.000	0.980
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	2000	0.105	0.357	0.251	0.192	1.000	0.980
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	498	0.120	0.602	0.482	0.794	1.000	0.980
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	900	0.157	0.453	0.297	0.400	1.000	0.980
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	437	0.140	0.678	0.539	0.867	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4746	0.169	0.442	0.274	0.322	1.000	0.980
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	529	0.123	0.560	0.437	0.661	1.000	0.980
RCN1	chr11	3.18e+07	3.18e+07	245	0.161	0.650	0.489	0.808	1.000	0.980
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	666	0.175	0.652	0.477	0.876	1.000	0.980
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	611	0.136	0.663	0.527	0.848	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4984	0.171	0.452	0.281	0.371	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4074	0.163	0.419	0.256	0.217	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4682	0.175	0.449	0.274	0.357	1.000	0.980
PCDHGA1;PCDHG	chr5	1.41e+08	1.41e+08	288	0.151	0.568	0.417	0.640	1.000	0.980
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	240	0.151	0.582	0.431	0.706	1.000	0.980
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	1281	0.178	0.624	0.446	0.762	1.000	0.980
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1319	0.114	0.331	0.217	0.105	1.000	0.980
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	959	0.160	0.569	0.408	0.724	1.000	0.980
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5053	0.165	0.438	0.272	0.306	1.000	0.979
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	833	0.163	0.559	0.396	0.673	1.000	0.979
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1883	0.168	0.579	0.412	0.715	1.000	0.979
IRX4	chr5	1.88e+06	1.88e+06	295	0.141	0.557	0.416	0.666	1.000	0.979
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	377	0.103	0.530	0.427	0.603	1.000	0.979
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	794	0.116	0.614	0.499	0.804	1.000	0.979
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	2052	0.099	0.536	0.438	0.617	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2661	0.158	0.399	0.241	0.175	1.000	0.979
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1855	0.167	0.582	0.416	0.729	1.000	0.979
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	485	0.139	0.527	0.388	0.596	1.000	0.979
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2429	0.099	0.502	0.403	0.568	1.000	0.979
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2267	0.187	0.550	0.362	0.640	1.000	0.979
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	560	0.093	0.516	0.423	0.556	1.000	0.979
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	654	0.180	0.551	0.371	0.680	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4296	0.168	0.428	0.261	0.236	1.000	0.979

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	550	0.122	0.605	0.482	0.794	1.000	0.979
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	535	0.186	0.631	0.445	0.886	1.000	0.979
ZNF876P	chr4	2.13e+05	2.13e+05	316	0.104	0.526	0.421	0.582	1.000	0.979
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1710	0.157	0.577	0.421	0.713	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2126	0.175	0.536	0.361	0.654	1.000	0.979
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	211	0.134	0.626	0.492	0.855	1.000	0.979
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	210	0.158	0.668	0.510	0.886	1.000	0.979
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	231	0.135	0.621	0.485	0.843	1.000	0.979
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	675	0.168	0.640	0.471	0.860	1.000	0.979
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1808	0.112	0.496	0.384	0.549	1.000	0.979
SMIM17	chr19	5.66e+07	5.66e+07	561	0.178	0.594	0.416	0.738	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4751	0.169	0.434	0.265	0.273	1.000	0.979
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	987	0.148	0.575	0.427	0.736	1.000	0.979
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	641	0.143	0.568	0.425	0.685	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4815	0.163	0.428	0.265	0.266	1.000	0.979
ZNF876P	chr4	2.13e+05	2.13e+05	313	0.074	0.463	0.389	0.404	1.000	0.979
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	1221	0.140	0.601	0.461	0.799	1.000	0.979
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2306	0.167	0.536	0.369	0.614	1.000	0.979
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	353	0.149	0.569	0.421	0.748	1.000	0.979
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	206	0.157	0.576	0.419	0.729	1.000	0.979
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	1000	0.129	0.608	0.478	0.804	1.000	0.979
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	789	0.182	0.492	0.310	0.491	1.000	0.979
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	534	0.189	0.534	0.345	0.636	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5186	0.160	0.424	0.264	0.252	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3032	0.157	0.406	0.248	0.201	1.000	0.979
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2235	0.165	0.579	0.414	0.715	1.000	0.979
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	267	0.143	0.655	0.512	0.869	1.000	0.979
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	589	0.198	0.641	0.443	0.897	1.000	0.979
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	791	0.143	0.439	0.296	0.360	1.000	0.979
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	624	0.082	0.470	0.387	0.451	1.000	0.979
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	334	0.117	0.618	0.501	0.738	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3050	0.160	0.414	0.254	0.217	1.000	0.979
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1490	0.102	0.475	0.373	0.491	1.000	0.979
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	792	0.138	0.598	0.459	0.771	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4884	0.163	0.420	0.257	0.215	1.000	0.979
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1977	0.129	0.498	0.369	0.528	1.000	0.979
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2503	0.176	0.523	0.347	0.591	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4948	0.157	0.414	0.257	0.213	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1067	0.152	0.575	0.423	0.780	1.000	0.979

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	686	0.110	0.338	0.227	0.114	1.000	0.979
DMRT1	chr9	8.41e+05	8.43e+05	1364	0.048	0.179	0.131	0.028	1.000	0.979
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3440	0.166	0.413	0.247	0.213	1.000	0.978
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	592	0.198	0.640	0.441	0.893	1.000	0.978
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	233	0.135	0.615	0.480	0.836	1.000	0.978
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	589	0.114	0.615	0.501	0.811	1.000	0.978
KCNS1	chr20	4.51e+07	4.51e+07	591	0.184	0.401	0.217	0.199	1.000	0.978
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	283	0.148	0.642	0.495	0.815	1.000	0.978
PCDHGA1;PCDHGA10;PCDHGA12;PCDHGA13;PCDHGA14;PCDHGA15;PCDHGA16;PCDHGA17;PCDHGA18;PCDHGA19	chr5	1.79e+08	1.79e+08	350	0.114	0.615	0.501	0.811	1.000	0.978
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	1489	0.186	0.620	0.434	0.766	1.000	0.978
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	427	0.105	0.624	0.519	0.822	1.000	0.978
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	462	0.133	0.501	0.368	0.537	1.000	0.978
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	293	0.118	0.601	0.483	0.799	1.000	0.978
AC003986.5;FERD3I	chr7	1.91e+07	1.91e+07	283	0.133	0.597	0.464	0.734	1.000	0.978
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	257	0.170	0.686	0.516	0.886	1.000	0.978
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	541	0.122	0.570	0.448	0.682	1.000	0.978
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	607	0.174	0.575	0.401	0.729	1.000	0.978
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	256	0.125	0.597	0.472	0.797	1.000	0.978
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	712	0.175	0.577	0.402	0.769	1.000	0.978
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3236	0.158	0.490	0.332	0.493	1.000	0.978
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	1011	0.085	0.426	0.340	0.367	1.000	0.978
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	457	0.141	0.632	0.491	0.808	1.000	0.978
PCDHGA1;PCDHGA10;PCDHGA12;PCDHGA13;PCDHGA14;PCDHGA15;PCDHGA16;PCDHGA17;PCDHGA18;PCDHGA19	chr5	1.79e+08	1.79e+08	230	0.114	0.615	0.501	0.811	1.000	0.978
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2101	0.122	0.492	0.369	0.521	1.000	0.978
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2627	0.165	0.514	0.350	0.568	1.000	0.978
DUOXA2	chr15	4.51e+07	4.51e+07	459	0.177	0.671	0.494	0.893	1.000	0.978
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	2076	0.102	0.508	0.406	0.561	1.000	0.978
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	274	0.136	0.635	0.499	0.855	1.000	0.978
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	345	0.122	0.605	0.483	0.808	1.000	0.978
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	878	0.161	0.573	0.412	0.696	1.000	0.978
TFAP2B	chr6	5.08e+07	5.08e+07	218	0.143	0.675	0.532	0.860	1.000	0.978
RP11-714M23.2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	379	0.161	0.632	0.471	0.839	1.000	0.978
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	459	0.136	0.622	0.486	0.848	1.000	0.978
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2051	0.123	0.490	0.367	0.512	1.000	0.978
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	800	0.192	0.589	0.397	0.745	1.000	0.978
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	516	0.171	0.595	0.424	0.757	1.000	0.978
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	633	0.123	0.615	0.492	0.815	1.000	0.978

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	795	0.130	0.608	0.478	0.808	1.000	0.978
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1168	0.058	0.219	0.162	0.023	1.000	0.978
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	874	0.164	0.563	0.399	0.699	1.000	0.978
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	331	0.170	0.679	0.509	0.897	1.000	0.978
LHX1;RP11-445F12.2	chr17	3.69e+07	3.69e+07	741	0.184	0.693	0.509	0.918	1.000	0.978
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	217	0.147	0.642	0.495	0.864	1.000	0.978
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2577	0.168	0.514	0.346	0.570	1.000	0.978
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	465	0.139	0.515	0.376	0.584	1.000	0.978
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	450	0.198	0.671	0.473	0.890	1.000	0.978
NETO1;RP11-676J15.1	chr18	7.29e+07	7.29e+07	207	0.138	0.561	0.422	0.717	1.000	0.978
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	863	0.142	0.508	0.365	0.551	1.000	0.978
DMRT1	chr9	8.42e+05	8.43e+05	1241	0.052	0.189	0.138	0.026	1.000	0.978
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2419	0.162	0.526	0.364	0.636	1.000	0.978
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2346	0.173	0.516	0.343	0.596	1.000	0.978
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1479	0.173	0.539	0.365	0.612	1.000	0.978
CTD-2194D22.4;IRX4	chr5	1.89e+06	1.89e+06	628	0.193	0.655	0.462	0.890	1.000	0.977
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	389	0.110	0.405	0.295	0.287	1.000	0.977
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	634	0.088	0.482	0.394	0.491	1.000	0.977
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	381	0.131	0.580	0.449	0.752	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4142	0.163	0.409	0.246	0.192	1.000	0.977
CTC-543D15.3;ZNF560	chr19	9.50e+06	9.50e+06	258	0.105	0.416	0.311	0.301	1.000	0.977
SCDP1	chr17	2.08e+07	2.08e+07	215	0.148	0.328	0.179	0.028	1.000	0.977
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	379	0.105	0.605	0.500	0.787	1.000	0.977
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	1452	0.122	0.472	0.350	0.498	1.000	0.977
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1381	0.108	0.317	0.209	0.103	1.000	0.977
RP11-432B6.3;TRIM59	chr3	1.60e+08	1.60e+08	210	0.121	0.333	0.212	0.171	1.000	0.977
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2451	0.103	0.499	0.396	0.565	1.000	0.977
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	772	0.138	0.403	0.266	0.248	1.000	0.977
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	585	0.125	0.597	0.472	0.778	1.000	0.977
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	290	0.167	0.605	0.438	0.769	1.000	0.977
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1252	0.144	0.532	0.389	0.603	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4091	0.167	0.419	0.252	0.213	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4083	0.166	0.402	0.237	0.196	1.000	0.977
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	355	0.143	0.621	0.478	0.785	1.000	0.977

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	706	0.161	0.660	0.499	0.834	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2523	0.164	0.386	0.222	0.168	1.000	0.977
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2485	0.106	0.511	0.405	0.582	1.000	0.977
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1234	0.135	0.521	0.386	0.570	1.000	0.977
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	889	0.157	0.573	0.416	0.694	1.000	0.977
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	645	0.138	0.546	0.408	0.607	1.000	0.977
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	776	0.125	0.412	0.287	0.304	1.000	0.977
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	932	0.135	0.581	0.446	0.755	1.000	0.977
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1091	0.162	0.523	0.361	0.589	1.000	0.977
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	673	0.139	0.404	0.265	0.208	1.000	0.977
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	1554	0.179	0.581	0.403	0.699	1.000	0.977
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	578	0.114	0.423	0.309	0.353	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3766	0.165	0.401	0.236	0.178	1.000	0.977
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	808	0.172	0.552	0.379	0.682	1.000	0.977
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	1142	0.150	0.543	0.394	0.657	1.000	0.977
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	1055	0.088	0.430	0.343	0.339	1.000	0.977
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	565	0.128	0.600	0.472	0.785	1.000	0.977
CTC-543D15.3;ZNF560	chr19	9.50e+06	9.50e+06	389	0.111	0.383	0.272	0.210	1.000	0.977
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	297	0.094	0.652	0.558	0.843	1.000	0.977
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	357	0.097	0.611	0.513	0.797	1.000	0.977
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	202	0.176	0.546	0.370	0.696	1.000	0.977
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	334	0.089	0.616	0.527	0.794	1.000	0.977
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	359	0.105	0.610	0.505	0.799	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4271	0.167	0.404	0.236	0.210	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	703	0.196	0.470	0.274	0.381	1.000	0.977
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	576	0.158	0.494	0.336	0.474	1.000	0.977
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1212	0.191	0.565	0.374	0.645	1.000	0.977
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1082	0.124	0.577	0.452	0.724	1.000	0.977
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2934	0.164	0.493	0.329	0.509	1.000	0.977
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	202	0.173	0.527	0.354	0.605	1.000	0.976

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	563	0.126	0.599	0.474	0.771	1.000	0.976
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	941	0.117	0.597	0.480	0.759	1.000	0.976
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	454	0.117	0.502	0.385	0.537	1.000	0.976
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	1170	0.141	0.552	0.411	0.675	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	879	0.163	0.569	0.406	0.757	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4785	0.163	0.399	0.236	0.182	1.000	0.976
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1611	0.113	0.555	0.441	0.673	1.000	0.976
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	361	0.119	0.578	0.460	0.745	1.000	0.976
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	283	0.134	0.623	0.489	0.829	1.000	0.976
LINC00605	chr14	1.03e+08	1.03e+08	532	0.148	0.577	0.428	0.752	1.000	0.976
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	594	0.129	0.539	0.410	0.579	1.000	0.976
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1503	0.104	0.476	0.372	0.493	1.000	0.976
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	790	0.177	0.642	0.465	0.804	1.000	0.976
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	842	0.195	0.639	0.444	0.825	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3118	0.160	0.402	0.243	0.182	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4468	0.162	0.398	0.236	0.175	1.000	0.976
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	860	0.138	0.495	0.357	0.516	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	850	0.182	0.574	0.392	0.759	1.000	0.976
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	449	0.098	0.493	0.395	0.521	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3100	0.158	0.394	0.236	0.173	1.000	0.976
MIR663A;MIR663AI	chr20	2.62e+07	2.62e+07	664	0.197	0.647	0.450	0.867	1.000	0.976
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	531	0.108	0.587	0.480	0.736	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2998	0.153	0.477	0.324	0.451	1.000	0.976
CTD-2194D22.4;IRX4	chr5	1.89e+06	1.89e+06	590	0.177	0.648	0.471	0.876	1.000	0.976
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	346	0.099	0.369	0.270	0.238	1.000	0.976
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	245	0.100	0.664	0.564	0.853	1.000	0.976
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	532	0.168	0.672	0.503	0.841	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4311	0.166	0.414	0.248	0.203	1.000	0.976
SSTR1	chr14	3.82e+07	3.82e+07	362	0.189	0.630	0.441	0.832	1.000	0.976
PCDHGA1;PCDHGA10;PCDHGA11;PCDHGA12;PCDHGA13;PCDHGA14;PCDHGA15;PCDHGA16;PCDHGA17;PCDHGA18;PCDHGA19;PCDHGA20;PCDHGA21;PCDHGA22;PCDHGA23;PCDHGA24;PCDHGA25;PCDHGA26;PCDHGA27;PCDHGA28;PCDHGA29;PCDHGA30;PCDHGA31;PCDHGA32;PCDHGA33;PCDHGA34;PCDHGA35;PCDHGA36;PCDHGA37;PCDHGA38;PCDHGA39;PCDHGA40;PCDHGA41;PCDHGA42;PCDHGA43;PCDHGA44;PCDHGA45;PCDHGA46;PCDHGA47;PCDHGA48;PCDHGA49;PCDHGA50;PCDHGA51;PCDHGA52;PCDHGA53;PCDHGA54;PCDHGA55;PCDHGA56;PCDHGA57;PCDHGA58;PCDHGA59;PCDHGA60;PCDHGA61;PCDHGA62;PCDHGA63;PCDHGA64;PCDHGA65;PCDHGA66;PCDHGA67;PCDHGA68;PCDHGA69;PCDHGA70;PCDHGA71;PCDHGA72;PCDHGA73;PCDHGA74;PCDHGA75;PCDHGA76;PCDHGA77;PCDHGA78;PCDHGA79;PCDHGA80;PCDHGA81;PCDHGA82;PCDHGA83;PCDHGA84;PCDHGA85;PCDHGA86;PCDHGA87;PCDHGA88;PCDHGA89;PCDHGA90;PCDHGA91;PCDHGA92;PCDHGA93;PCDHGA94;PCDHGA95;PCDHGA96;PCDHGA97;PCDHGA98;PCDHGA99;PCDHGA100	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4973	0.165	0.401	0.236	0.189	1.000	0.976
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1010	0.152	0.566	0.414	0.687	1.000	0.976
ZNF808	chr19	5.25e+07	5.25e+07	300	0.115	0.513	0.398	0.661	1.000	0.976
ELAVL4	chr1	5.00e+07	5.00e+07	226	0.142	0.627	0.484	0.841	1.000	0.976
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1614	0.105	0.533	0.428	0.624	1.000	0.976
LHX8;RP11-510C10.2;RP11-510C10.3	chr1	7.51e+07	7.51e+07	243	0.164	0.556	0.393	0.680	1.000	0.976
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	709	0.115	0.604	0.488	0.764	1.000	0.976
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2557	0.163	0.518	0.355	0.589	1.000	0.976

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	906	0.144	0.434	0.290	0.383	1.000	0.976
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2206	0.120	0.492	0.371	0.528	1.000	0.976
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	794	0.114	0.396	0.282	0.315	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4899	0.162	0.407	0.245	0.182	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4963	0.157	0.402	0.246	0.178	1.000	0.976
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	1247	0.154	0.438	0.285	0.355	1.000	0.976
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5201	0.159	0.412	0.253	0.210	1.000	0.975
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1616	0.100	0.517	0.417	0.596	1.000	0.975
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2732	0.161	0.513	0.352	0.568	1.000	0.975
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2512	0.167	0.518	0.351	0.612	1.000	0.975
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	681	0.155	0.543	0.388	0.640	1.000	0.975
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	373	0.082	0.480	0.398	0.470	1.000	0.975
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	215	0.132	0.675	0.543	0.853	1.000	0.975
CTC-543D15.3;ZNF560	chr19	9.50e+06	9.50e+06	396	0.113	0.364	0.251	0.192	1.000	0.975
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	782	0.118	0.400	0.282	0.306	1.000	0.975
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	696	0.154	0.585	0.431	0.808	1.000	0.975
GS1-72M22.1;NEFM	chr8	2.49e+07	2.49e+07	213	0.154	0.522	0.367	0.638	1.000	0.975
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	540	0.125	0.602	0.477	0.778	1.000	0.975
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	404	0.083	0.608	0.525	0.741	1.000	0.975
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1726	0.137	0.517	0.380	0.614	1.000	0.975
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	542	0.117	0.650	0.533	0.841	1.000	0.975
LHX1;RP11-445F12.2	chr17	3.69e+07	3.69e+07	331	0.179	0.658	0.480	0.876	1.000	0.975
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2257	0.195	0.431	0.236	0.283	1.000	0.975
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1225	0.158	0.520	0.362	0.596	1.000	0.975
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	1103	0.083	0.401	0.318	0.294	1.000	0.975
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	681	0.176	0.618	0.442	0.883	1.000	0.975
HCG4P8;HLA-G	chr6	2.98e+07	2.98e+07	221	0.114	0.607	0.493	0.792	1.000	0.975
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2729	0.158	0.387	0.228	0.168	1.000	0.975
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	601	0.167	0.583	0.416	0.731	1.000	0.975
SMIM17	chr19	5.66e+07	5.66e+07	274	0.162	0.573	0.410	0.692	1.000	0.975
RPH3A	chr12	1.13e+08	1.13e+08	346	0.086	0.380	0.294	0.257	1.000	0.975
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	1245	0.175	0.465	0.290	0.414	1.000	0.975
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	483	0.070	0.405	0.335	0.290	1.000	0.975
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3761	0.160	0.393	0.233	0.175	1.000	0.975
CTD-2194D22.4;IRX4	chr5	1.89e+06	1.89e+06	284	0.180	0.652	0.471	0.883	1.000	0.975
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1038	0.113	0.612	0.499	0.785	1.000	0.975
MIR663A;MIR663AI	chr20	2.62e+07	2.62e+07	683	0.169	0.673	0.505	0.879	1.000	0.975

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	503	0.137	0.625	0.487	0.813	1.000	0.975
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3444	0.159	0.391	0.232	0.171	1.000	0.975
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	258	0.095	0.494	0.400	0.516	1.000	0.975
RCN1	chr11	3.18e+07	3.18e+07	457	0.198	0.594	0.396	0.759	1.000	0.975
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1418	0.092	0.538	0.447	0.629	1.000	0.975
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3743	0.158	0.385	0.226	0.166	1.000	0.975
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2394	0.116	0.483	0.367	0.507	1.000	0.975
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	489	0.117	0.487	0.370	0.516	1.000	0.975
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	1274	0.140	0.531	0.390	0.626	1.000	0.975
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	339	0.198	0.661	0.463	0.895	1.000	0.975
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1322	0.103	0.570	0.466	0.713	1.000	0.974
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	896	0.158	0.538	0.380	0.636	1.000	0.974
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	921	0.189	0.656	0.467	0.841	1.000	0.974
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	228	0.173	0.667	0.494	0.853	0.978	0.974
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	362	0.138	0.481	0.343	0.491	1.000	0.974
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	492	0.181	0.657	0.476	0.857	0.978	0.974
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2392	0.155	0.524	0.369	0.572	1.000	0.974
PCDHGA1;PCDHG	chr5	1.41e+08	1.41e+08	338	0.125	0.566	0.440	0.647	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1581	0.154	0.534	0.380	0.654	1.000	0.974
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2353	0.171	0.534	0.363	0.607	1.000	0.974
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	645	0.141	0.647	0.506	0.834	1.000	0.974
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	365	0.144	0.500	0.355	0.530	1.000	0.974
NKX1-1	chr4	1.41e+06	1.41e+06	541	0.111	0.558	0.448	0.678	1.000	0.974
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	451	0.156	0.624	0.468	0.822	1.000	0.974
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2920	0.155	0.504	0.349	0.549	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3426	0.157	0.383	0.225	0.159	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4159	0.167	0.408	0.242	0.192	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3949	0.162	0.394	0.233	0.199	1.000	0.974
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	790	0.157	0.539	0.382	0.643	1.000	0.974
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	1246	0.148	0.520	0.372	0.593	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	899	0.160	0.572	0.412	0.771	1.000	0.974
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1141	0.133	0.617	0.484	0.799	1.000	0.974
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1099	0.122	0.519	0.396	0.617	1.000	0.974
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	852	0.124	0.495	0.370	0.516	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3931	0.160	0.387	0.227	0.185	1.000	0.974
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	354	0.119	0.478	0.359	0.479	1.000	0.974
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1222	0.155	0.510	0.354	0.554	1.000	0.974
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	377	0.150	0.602	0.452	0.792	1.000	0.974
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1509	0.102	0.477	0.375	0.498	1.000	0.974
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	793	0.130	0.537	0.407	0.624	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2494	0.161	0.374	0.213	0.157	1.000	0.974

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NAALADL1	chr11	6.50e+07	6.50e+07	454	0.177	0.592	0.415	0.794	1.000	0.974
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	647	0.084	0.598	0.515	0.757	1.000	0.974
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1410	0.175	0.603	0.429	0.790	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4802	0.166	0.400	0.233	0.180	1.000	0.974
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4990	0.168	0.401	0.233	0.187	1.000	0.974
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	1056	0.102	0.444	0.342	0.435	1.000	0.974
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	1253	0.157	0.535	0.378	0.563	1.000	0.974
ZNF177;ZNF559- ZNF177	chr19	9.36e+06	9.36e+06	283	0.155	0.689	0.533	0.923	1.000	0.974
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	425	0.181	0.627	0.446	0.841	1.000	0.974
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	379	0.161	0.597	0.436	0.797	1.000	0.974
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	394	0.116	0.576	0.460	0.736	1.000	0.974
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	361	0.177	0.599	0.422	0.759	1.000	0.974
RP11- 849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1624	0.099	0.512	0.413	0.584	1.000	0.974
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1137	0.100	0.591	0.491	0.717	1.000	0.974
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1810	0.123	0.507	0.384	0.584	1.000	0.974
ZNF177;ZNF559- ZNF177	chr19	9.36e+06	9.36e+06	207	0.165	0.691	0.526	0.930	1.000	0.974
TMEM101	chr17	4.40e+07	4.40e+07	245	0.122	0.584	0.462	0.727	1.000	0.974
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	461	0.196	0.630	0.434	0.867	1.000	0.974
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	469	0.056	0.571	0.515	0.699	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2326	0.182	0.405	0.223	0.213	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3372	0.159	0.378	0.219	0.164	1.000	0.973
BOLL	chr2	1.98e+08	1.98e+08	325	0.175	0.704	0.529	0.902	1.000	0.973
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	385	0.173	0.609	0.436	0.829	1.000	0.973
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	210	0.097	0.647	0.550	0.834	1.000	0.973
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1633	0.098	0.472	0.374	0.484	1.000	0.973
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1819	0.167	0.566	0.399	0.680	1.000	0.973
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1271	0.183	0.613	0.430	0.787	1.000	0.973
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2171	0.164	0.566	0.402	0.682	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1552	0.168	0.532	0.364	0.645	1.000	0.973
RPH3A	chr12	1.13e+08	1.13e+08	316	0.069	0.342	0.273	0.231	1.000	0.973
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1583	0.097	0.469	0.372	0.479	1.000	0.973
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	251	0.146	0.506	0.361	0.554	1.000	0.973
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	412	0.061	0.440	0.378	0.386	1.000	0.973
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	404	0.182	0.618	0.436	0.855	1.000	0.973
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1393	0.172	0.608	0.436	0.801	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4379	0.166	0.405	0.239	0.189	1.000	0.973
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1240	0.119	0.599	0.480	0.736	1.000	0.973
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	489	0.110	0.588	0.478	0.745	1.000	0.973
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1106	0.158	0.570	0.412	0.692	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5269	0.159	0.404	0.245	0.182	1.000	0.973
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	960	0.193	0.597	0.404	0.755	1.000	0.973
RP11- 849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	900	0.134	0.521	0.387	0.605	1.000	0.973
TFAP2D	chr6	5.07e+07	5.07e+07	504	0.110	0.627	0.517	0.776	1.000	0.973

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TMEM101	chr17	4.40e+07	4.40e+07	217	0.130	0.600	0.470	0.785	1.000	0.973
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	458	0.196	0.630	0.434	0.871	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3055	0.158	0.375	0.217	0.157	1.000	0.973
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	510	0.113	0.552	0.440	0.685	1.000	0.973
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	674	0.130	0.536	0.406	0.617	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1414	0.160	0.527	0.366	0.636	1.000	0.973
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	278	0.103	0.448	0.345	0.439	1.000	0.973
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	991	0.158	0.525	0.367	0.607	1.000	0.973
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1483	0.168	0.578	0.410	0.748	1.000	0.973
SMIM17	chr19	5.66e+07	5.66e+07	288	0.182	0.623	0.441	0.778	1.000	0.973
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1781	0.093	0.506	0.413	0.577	1.000	0.973
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	679	0.160	0.557	0.396	0.661	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5912	0.159	0.396	0.237	0.173	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4485	0.166	0.399	0.233	0.178	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	6100	0.161	0.397	0.237	0.187	1.000	0.973
TULP1	chr6	3.55e+07	3.55e+07	263	0.180	0.746	0.566	0.911	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4967	0.162	0.398	0.236	0.171	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5031	0.157	0.394	0.237	0.159	1.000	0.973
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	498	0.143	0.705	0.562	0.862	1.000	0.973
ZNF454;RP11-281O15.8	chr5	1.79e+08	1.79e+08	207	0.161	0.622	0.461	0.813	1.000	0.973
ZBED3	chr5	7.71e+07	7.71e+07	370	0.194	0.639	0.445	0.850	1.000	0.973
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1136	0.112	0.521	0.409	0.626	1.000	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5022	0.166	0.396	0.230	0.175	1.000	0.973
ASCL4	chr12	1.08e+08	1.08e+08	237	0.194	0.654	0.460	0.879	1.000	0.973
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	265	0.158	0.670	0.512	0.893	0.978	0.973
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5210	0.167	0.398	0.231	0.185	1.000	0.972
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1791	0.166	0.568	0.402	0.687	1.000	0.972
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1281	0.110	0.590	0.480	0.699	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1839	0.171	0.594	0.423	0.773	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3560	0.161	0.380	0.219	0.171	1.000	0.972
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1631	0.157	0.567	0.410	0.685	1.000	0.972
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1178	0.092	0.581	0.489	0.692	1.000	0.972
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1847	0.114	0.511	0.396	0.591	1.000	0.972
TULP1	chr6	3.55e+07	3.55e+07	283	0.160	0.762	0.602	0.918	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1138	0.118	0.580	0.462	0.734	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5610	0.162	0.390	0.228	0.157	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5674	0.157	0.387	0.230	0.150	1.000	0.972
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	401	0.075	0.486	0.411	0.514	1.000	0.972
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	730	0.135	0.530	0.395	0.617	1.000	0.972
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2412	0.114	0.483	0.369	0.514	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5595	0.159	0.395	0.236	0.161	1.000	0.972

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5798	0.163	0.392	0.229	0.168	1.000	0.972
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1547	0.139	0.488	0.349	0.498	1.000	0.972
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	352	0.198	0.676	0.478	0.860	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2459	0.170	0.382	0.211	0.175	1.000	0.972
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1178	0.159	0.567	0.408	0.689	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	967	0.190	0.633	0.444	0.825	1.000	0.972
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	632	0.125	0.596	0.471	0.741	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1164	0.174	0.603	0.429	0.778	1.000	0.972
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2395	0.143	0.512	0.368	0.556	1.000	0.972
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	980	0.180	0.568	0.389	0.654	1.000	0.972
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	437	0.194	0.630	0.435	0.864	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1822	0.168	0.597	0.429	0.776	1.000	0.972
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1646	0.155	0.562	0.406	0.680	1.000	0.972
UNC5D	chr8	3.52e+07	3.52e+07	536	0.126	0.634	0.507	0.815	1.000	0.972
GPR25	chr1	2.01e+08	2.01e+08	462	0.174	0.512	0.338	0.568	1.000	0.972
VAMP5	chr2	8.56e+07	8.56e+07	242	0.185	0.627	0.442	0.874	1.000	0.972
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2938	0.151	0.503	0.352	0.554	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5862	0.159	0.388	0.230	0.159	1.000	0.972
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	670	0.200	0.486	0.286	0.472	1.000	0.972
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2441	0.104	0.498	0.394	0.561	1.000	0.972
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	547	0.131	0.378	0.247	0.196	1.000	0.972
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	355	0.150	0.590	0.440	0.794	1.000	0.972
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1123	0.111	0.488	0.378	0.523	1.000	0.972
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1851	0.106	0.509	0.403	0.589	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1350	0.180	0.632	0.451	0.808	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1570	0.175	0.588	0.413	0.771	1.000	0.972
CTD-2194D22.4;IRX4	chr5	1.89e+06	1.89e+06	307	0.182	0.675	0.493	0.883	1.000	0.972
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1140	0.102	0.518	0.415	0.603	1.000	0.972
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	611	0.136	0.528	0.392	0.605	1.000	0.972
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	361	0.166	0.605	0.439	0.825	1.000	0.972
VAMP5	chr2	8.56e+07	8.56e+07	231	0.180	0.633	0.453	0.871	1.000	0.972
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	599	0.134	0.540	0.407	0.614	1.000	0.972
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	353	0.133	0.594	0.460	0.785	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1601	0.153	0.541	0.388	0.678	1.000	0.972
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2729	0.158	0.512	0.354	0.582	1.000	0.972
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	380	0.177	0.615	0.438	0.853	1.000	0.972
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	464	0.119	0.579	0.459	0.743	1.000	0.972
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	434	0.193	0.630	0.437	0.867	1.000	0.972
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1912	0.165	0.571	0.406	0.738	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2591	0.164	0.374	0.210	0.157	1.000	0.972
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	4705	0.165	0.395	0.230	0.171	1.000	0.972
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.40e+06	612	0.152	0.453	0.302	0.369	1.000	0.972
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	335	0.134	0.523	0.388	0.568	1.000	0.972
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	586	0.186	0.621	0.435	0.832	1.000	0.972
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2356	0.156	0.519	0.363	0.593	1.000	0.972

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	743	0.199	0.657	0.458	0.843	1.000	0.972
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1288	0.122	0.584	0.461	0.685	1.000	0.972
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	656	0.164	0.535	0.371	0.657	1.000	0.971
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1383	0.178	0.532	0.354	0.596	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	298	0.199	0.632	0.434	0.874	1.000	0.971
CTD- 2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	854	0.172	0.450	0.278	0.341	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	209	0.175	0.595	0.420	0.825	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	215	0.193	0.617	0.424	0.869	1.000	0.971
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2643	0.153	0.509	0.356	0.549	1.000	0.971
NXPH1	chr7	8.44e+06	8.44e+06	290	0.132	0.559	0.427	0.591	1.000	0.971
RBFOX1;RP11- 420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	894	0.153	0.509	0.355	0.570	1.000	0.971
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1999	0.172	0.581	0.409	0.759	1.000	0.971
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	2003	0.166	0.577	0.411	0.741	1.000	0.971
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5357	0.157	0.385	0.229	0.145	1.000	0.971
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2423	0.132	0.499	0.367	0.533	1.000	0.971
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1216	0.140	0.457	0.318	0.381	1.000	0.971
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1214	0.146	0.512	0.366	0.554	1.000	0.971
CTD- 2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	293	0.161	0.610	0.449	0.717	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	222	0.168	0.605	0.437	0.836	1.000	0.971
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	5293	0.161	0.389	0.228	0.152	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	295	0.198	0.633	0.435	0.876	1.000	0.971
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	847	0.110	0.486	0.376	0.502	1.000	0.971
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1845	0.187	0.547	0.360	0.633	1.000	0.971
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	990	0.176	0.594	0.418	0.757	1.000	0.971
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1800	0.127	0.470	0.343	0.460	1.000	0.971
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1435	0.174	0.581	0.407	0.734	1.000	0.971
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	759	0.135	0.460	0.326	0.395	1.000	0.971
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	349	0.096	0.461	0.365	0.451	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	207	0.154	0.606	0.452	0.834	1.000	0.971
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	667	0.182	0.566	0.384	0.692	1.000	0.971
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1185	0.109	0.576	0.467	0.685	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	241	0.180	0.617	0.437	0.855	1.000	0.971
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1603	0.156	0.503	0.346	0.547	1.000	0.971
RP11- 849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1785	0.097	0.503	0.406	0.572	1.000	0.971
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	506	0.147	0.531	0.384	0.621	1.000	0.971
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	645	0.110	0.479	0.369	0.488	1.000	0.971
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	468	0.175	0.596	0.421	0.729	1.000	0.971
ZBED3	chr5	7.71e+07	7.71e+07	301	0.187	0.623	0.436	0.839	1.000	0.971
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	216	0.148	0.585	0.437	0.785	1.000	0.971
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	536	0.142	0.532	0.390	0.600	1.000	0.970
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1593	0.169	0.591	0.422	0.757	1.000	0.970
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	2266	0.192	0.528	0.336	0.563	1.000	0.970
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	958	0.142	0.503	0.362	0.521	1.000	0.970

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1594	0.089	0.516	0.427	0.575	1.000	0.970
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	347	0.131	0.542	0.412	0.612	1.000	0.970
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	273	0.199	0.649	0.451	0.893	1.000	0.970
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1232	0.178	0.598	0.420	0.783	1.000	0.970
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1986	0.164	0.579	0.415	0.736	1.000	0.970
NKX1-1	chr4	1.40e+06	1.40e+06	805	0.157	0.461	0.305	0.400	1.000	0.970
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2462	0.122	0.478	0.356	0.488	1.000	0.970
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	275	0.172	0.568	0.396	0.713	1.000	0.970
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1163	0.097	0.517	0.420	0.605	1.000	0.970
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	436	0.179	0.515	0.336	0.584	1.000	0.970
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	729	0.075	0.464	0.388	0.460	1.000	0.970
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	2076	0.162	0.558	0.396	0.706	1.000	0.970
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	469	0.199	0.519	0.320	0.600	1.000	0.970
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1211	0.128	0.480	0.352	0.474	1.000	0.970
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2376	0.117	0.481	0.363	0.540	1.000	0.970
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	694	0.168	0.558	0.389	0.671	1.000	0.970
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2384	0.141	0.504	0.362	0.551	1.000	0.970
CIDEA	chr18	1.23e+07	1.23e+07	421	0.186	0.563	0.377	0.645	1.000	0.970
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	2032	0.166	0.566	0.400	0.685	1.000	0.970
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	877	0.144	0.517	0.373	0.610	1.000	0.970
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1396	0.182	0.615	0.433	0.792	1.000	0.970
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	554	0.156	0.508	0.352	0.706	1.000	0.970
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	388	0.065	0.479	0.414	0.514	1.000	0.970
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	907	0.135	0.490	0.355	0.479	1.000	0.970
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3087	0.118	0.478	0.360	0.528	1.000	0.970
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1680	0.169	0.565	0.397	0.694	1.000	0.970
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1874	0.100	0.509	0.408	0.589	1.000	0.970
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1738	0.097	0.473	0.376	0.488	1.000	0.970
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2423	0.130	0.481	0.351	0.500	1.000	0.970
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1057	0.126	0.512	0.385	0.582	1.000	0.970
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	882	0.128	0.403	0.276	0.315	1.000	0.970
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	1095	0.155	0.501	0.346	0.547	1.000	0.970
TFAP2D	chr6	5.07e+07	5.07e+07	729	0.098	0.538	0.439	0.640	1.000	0.970
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	417	0.184	0.515	0.331	0.582	1.000	0.970
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.06e+05	230	0.172	0.556	0.384	0.694	1.000	0.970
SPAG6	chr10	2.23e+07	2.23e+07	214	0.125	0.589	0.464	0.780	1.000	0.970
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	334	0.125	0.558	0.433	0.692	1.000	0.970
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1514	0.172	0.601	0.428	0.769	1.000	0.970
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1007	0.147	0.657	0.510	0.850	1.000	0.970
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	731	0.106	0.574	0.468	0.685	1.000	0.970
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1231	0.090	0.498	0.408	0.575	1.000	0.970
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	458	0.146	0.662	0.516	0.862	1.000	0.970

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	684	0.129	0.417	0.288	0.140	1.000	0.970
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	362	0.108	0.489	0.381	0.514	1.000	0.969
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1302	0.118	0.547	0.430	0.645	1.000	0.969
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2646	0.143	0.500	0.357	0.540	1.000	0.969
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1313	0.120	0.561	0.441	0.668	1.000	0.969
C14orf39	chr14	6.05e+07	6.05e+07	208	0.149	0.545	0.396	0.638	1.000	0.969
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1215	0.176	0.603	0.427	0.783	1.000	0.969
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	277	0.137	0.656	0.519	0.839	1.000	0.969
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	739	0.165	0.574	0.409	0.710	1.000	0.969
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	623	0.123	0.485	0.362	0.493	1.000	0.969
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1942	0.094	0.493	0.399	0.565	1.000	0.969
UNC5D	chr8	3.52e+07	3.52e+07	725	0.147	0.620	0.473	0.815	1.000	0.969
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1025	0.197	0.501	0.305	0.516	1.000	0.969
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	2169	0.135	0.468	0.333	0.456	1.000	0.969
HOXD10	chr2	1.76e+08	1.76e+08	359	0.177	0.610	0.432	0.825	1.000	0.969
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	2163	0.168	0.567	0.400	0.731	1.000	0.969
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	644	0.164	0.528	0.364	0.586	1.000	0.969
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	680	0.139	0.612	0.473	0.748	1.000	0.969
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	590	0.105	0.520	0.415	0.596	1.000	0.969
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	471	0.099	0.515	0.415	0.589	1.000	0.969
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	292	0.144	0.666	0.521	0.848	1.000	0.969
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1012	0.148	0.511	0.363	0.570	1.000	0.969
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1305	0.171	0.572	0.401	0.731	1.000	0.969
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	219	0.073	0.519	0.446	0.582	1.000	0.969
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1419	0.171	0.582	0.411	0.743	1.000	0.969
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1807	0.101	0.500	0.399	0.570	1.000	0.969
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	265	0.132	0.640	0.508	0.829	1.000	0.969
SIX3;SIX3-AS1	chr2	4.49e+07	4.49e+07	761	0.183	0.592	0.410	0.703	1.000	0.969
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1080	0.168	0.542	0.374	0.650	1.000	0.969
ASCL4	chr12	1.08e+08	1.08e+08	550	0.164	0.662	0.498	0.846	1.000	0.969
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	750	0.160	0.574	0.414	0.708	1.000	0.969
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	2499	0.183	0.492	0.309	0.516	1.000	0.969
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	228	0.097	0.609	0.512	0.738	1.000	0.969
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	799	0.187	0.455	0.268	0.393	1.000	0.969
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2418	0.115	0.480	0.365	0.512	1.000	0.969
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1757	0.164	0.572	0.408	0.724	1.000	0.969
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	385	0.199	0.479	0.280	0.369	1.000	0.969
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	573	0.134	0.530	0.395	0.605	1.000	0.969
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1525	0.171	0.568	0.396	0.694	1.000	0.969
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1209	0.136	0.507	0.370	0.542	1.000	0.969
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2944	0.150	0.499	0.349	0.549	1.000	0.969
RP11-896J10.3;SFTA3	chr14	3.65e+07	3.65e+07	300	0.097	0.451	0.355	0.414	1.000	0.969

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1122	0.153	0.428	0.275	0.371	1.000	0.969
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	996	0.100	0.505	0.405	0.603	1.000	0.969
SIM2	chr21	3.67e+07	3.67e+07	402	0.198	0.629	0.432	0.839	1.000	0.969
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	407	0.104	0.660	0.556	0.848	1.000	0.969
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	270	0.150	0.503	0.353	0.526	1.000	0.969
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	789	0.198	0.630	0.432	0.818	1.000	0.969
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1926	0.094	0.465	0.371	0.484	1.000	0.969
LINC00605	chr14	1.03e+08	1.03e+08	471	0.117	0.546	0.428	0.659	1.000	0.969
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	510	0.140	0.653	0.513	0.841	1.000	0.968
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1618	0.094	0.487	0.393	0.519	1.000	0.968
SYCP1	chr1	1.15e+08	1.15e+08	242	0.198	0.606	0.407	0.766	1.000	0.968
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	551	0.142	0.522	0.380	0.759	0.978	0.968
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1392	0.178	0.582	0.405	0.764	1.000	0.968
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2917	0.163	0.362	0.199	0.145	1.000	0.968
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3234	0.164	0.366	0.202	0.154	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1877	0.168	0.568	0.400	0.694	1.000	0.968
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	595	0.161	0.534	0.373	0.631	1.000	0.968
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	712	0.136	0.493	0.358	0.514	1.000	0.968
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2674	0.132	0.489	0.357	0.502	1.000	0.968
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	1192	0.113	0.500	0.387	0.568	1.000	0.968
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	802	0.131	0.320	0.189	0.093	1.000	0.968
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	575	0.128	0.475	0.347	0.470	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	987	0.164	0.565	0.402	0.671	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1652	0.168	0.568	0.400	0.692	1.000	0.968
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	986	0.178	0.596	0.418	0.757	1.000	0.968
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1065	0.117	0.495	0.378	0.547	1.000	0.968
TFAP2D	chr6	5.07e+07	5.07e+07	226	0.073	0.481	0.408	0.495	1.000	0.968
KRT86;KRT87P	chr12	5.23e+07	5.23e+07	243	0.158	0.617	0.459	0.815	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1080	0.167	0.558	0.391	0.664	1.000	0.968
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	973	0.146	0.656	0.511	0.850	1.000	0.968
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1210	0.108	0.551	0.443	0.664	1.000	0.968
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	454	0.107	0.448	0.341	0.395	1.000	0.968
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3129	0.122	0.468	0.346	0.493	1.000	0.968
TTC6	chr14	3.76e+07	3.76e+07	250	0.178	0.700	0.521	0.864	1.000	0.968
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	413	0.125	0.527	0.402	0.624	1.000	0.968
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	518	0.064	0.417	0.352	0.393	1.000	0.968
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	748	0.061	0.392	0.331	0.360	1.000	0.968
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2418	0.122	0.470	0.348	0.505	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	871	0.154	0.566	0.412	0.694	1.000	0.968
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	209	0.136	0.586	0.450	0.720	1.000	0.968
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	283	0.099	0.502	0.403	0.533	1.000	0.968
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	716	0.163	0.659	0.496	0.862	1.000	0.968
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	662	0.148	0.532	0.385	0.612	1.000	0.968
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1316	0.112	0.538	0.425	0.636	1.000	0.968
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1160	0.120	0.465	0.345	0.446	1.000	0.968

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PROX1-AS1	chr1	2.14e+08	2.14e+08	352	0.191	0.588	0.397	0.696	1.000	0.968
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	424	0.145	0.663	0.518	0.855	1.000	0.968
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1560	0.175	0.589	0.414	0.755	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1432	0.164	0.559	0.396	0.673	1.000	0.968
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.06e+05	360	0.152	0.576	0.424	0.729	1.000	0.968
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	541	0.102	0.492	0.390	0.544	1.000	0.968
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	731	0.161	0.673	0.513	0.864	1.000	0.968
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1311	0.159	0.653	0.495	0.855	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	942	0.169	0.570	0.401	0.685	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1014	0.169	0.561	0.391	0.671	1.000	0.968
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	993	0.186	0.597	0.411	0.757	1.000	0.968
RP11-13J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	293	0.200	0.518	0.318	0.586	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1339	0.160	0.566	0.406	0.687	1.000	0.968
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1405	0.104	0.516	0.412	0.591	1.000	0.968
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3408	0.120	0.455	0.335	0.449	1.000	0.968
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2728	0.149	0.480	0.331	0.463	1.000	0.968
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2697	0.120	0.456	0.336	0.456	1.000	0.968
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1580	0.137	0.477	0.340	0.460	1.000	0.968
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2562	0.161	0.362	0.201	0.152	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	446	0.183	0.607	0.425	0.783	1.000	0.968
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2713	0.123	0.471	0.348	0.484	1.000	0.968
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	396	0.097	0.517	0.420	0.570	1.000	0.968
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1076	0.095	0.570	0.475	0.713	1.000	0.968
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	301	0.104	0.438	0.334	0.435	1.000	0.968
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2815	0.150	0.505	0.355	0.556	1.000	0.968
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	476	0.089	0.599	0.509	0.757	1.000	0.968
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1366	0.166	0.562	0.396	0.682	1.000	0.967
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1848	0.167	0.528	0.361	0.614	1.000	0.967
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	660	0.107	0.501	0.394	0.572	1.000	0.967
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1497	0.171	0.571	0.400	0.710	1.000	0.967
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1248	0.092	0.489	0.397	0.551	1.000	0.967
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1959	0.096	0.485	0.389	0.551	1.000	0.967
ELAVL2	chr9	2.38e+07	2.38e+07	588	0.038	0.346	0.308	0.215	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	231	0.125	0.634	0.508	0.818	1.000	0.967
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1492	0.159	0.567	0.409	0.694	1.000	0.967
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	212	0.133	0.466	0.333	0.416	1.000	0.967
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	312	0.192	0.569	0.378	0.717	1.000	0.967
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	502	0.147	0.532	0.384	0.629	1.000	0.967
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	402	0.114	0.581	0.466	0.731	1.000	0.967
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	959	0.162	0.569	0.407	0.692	1.000	0.967
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1507	0.157	0.561	0.404	0.689	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	258	0.143	0.667	0.524	0.843	1.000	0.967
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	1141	0.118	0.459	0.340	0.465	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	227	0.119	0.411	0.292	0.091	1.000	0.967

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2159	0.101	0.503	0.402	0.577	1.000	0.967
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	308	0.119	0.506	0.387	0.558	1.000	0.967
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	474	0.091	0.600	0.509	0.757	1.000	0.967
INSRR;NTRK1	chr1	1.57e+08	1.57e+08	256	0.183	0.555	0.372	0.591	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	953	0.153	0.646	0.493	0.836	1.000	0.967
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2708	0.149	0.470	0.322	0.430	1.000	0.967
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	914	0.168	0.574	0.407	0.694	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1502	0.153	0.643	0.490	0.839	1.000	0.967
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	467	0.099	0.604	0.505	0.762	1.000	0.967
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1583	0.165	0.562	0.397	0.699	1.000	0.967
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1288	0.131	0.501	0.370	0.568	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	686	0.131	0.433	0.302	0.196	1.000	0.967
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	368	0.123	0.548	0.425	0.659	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	243	0.133	0.655	0.522	0.836	1.000	0.967
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1067	0.108	0.480	0.372	0.507	1.000	0.967
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	413	0.106	0.594	0.488	0.748	1.000	0.967
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	764	0.194	0.611	0.418	0.818	1.000	0.967
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	799	0.094	0.478	0.385	0.502	1.000	0.967
UNC5D	chr8	3.52e+07	3.52e+07	589	0.110	0.591	0.481	0.766	1.000	0.967
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	812	0.181	0.586	0.405	0.731	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	743	0.158	0.681	0.523	0.867	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	787	0.153	0.647	0.494	0.832	1.000	0.967
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	231	0.079	0.425	0.346	0.376	1.000	0.967
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	395	0.107	0.572	0.465	0.715	1.000	0.967
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1312	0.118	0.470	0.352	0.467	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	333	0.141	0.653	0.511	0.839	1.000	0.967
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1294	0.165	0.570	0.405	0.699	1.000	0.967
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	421	0.115	0.438	0.323	0.364	1.000	0.967
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	465	0.147	0.610	0.463	0.785	1.000	0.967
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	882	0.143	0.647	0.504	0.834	1.000	0.967
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	211	0.104	0.603	0.498	0.783	1.000	0.967
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1070	0.101	0.474	0.373	0.495	1.000	0.967
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1043	0.184	0.507	0.323	0.547	1.000	0.967
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2818	0.141	0.497	0.356	0.530	1.000	0.967
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2938	0.104	0.471	0.367	0.516	1.000	0.967
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	772	0.096	0.566	0.470	0.687	1.000	0.966
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	263	0.094	0.606	0.512	0.769	1.000	0.966
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	967	0.160	0.571	0.410	0.699	1.000	0.966
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1277	0.159	0.653	0.493	0.843	1.000	0.966
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	466	0.080	0.499	0.419	0.535	1.000	0.966
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	701	0.154	0.527	0.373	0.612	1.000	0.966

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1599	0.098	0.482	0.384	0.535	1.000	0.966
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	1066	0.096	0.587	0.491	0.731	1.000	0.966
RP11-573G6.4	chr10	2.23e+07	2.23e+07	1003	0.196	0.496	0.300	0.542	1.000	0.966
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3422	0.166	0.369	0.203	0.164	1.000	0.966
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1052	0.165	0.560	0.395	0.680	1.000	0.966
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2856	0.132	0.467	0.335	0.477	1.000	0.966
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3567	0.132	0.465	0.333	0.463	1.000	0.966
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	471	0.153	0.618	0.464	0.790	1.000	0.966
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2474	0.119	0.485	0.366	0.528	1.000	0.966
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1039	0.161	0.567	0.405	0.692	1.000	0.966
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	986	0.168	0.563	0.395	0.685	1.000	0.966
TFAP2D	chr6	5.07e+07	5.07e+07	874	0.093	0.510	0.417	0.579	1.000	0.966
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	423	0.158	0.613	0.456	0.801	1.000	0.966
ZAR1	chr4	4.85e+07	4.85e+07	542	0.162	0.310	0.148	0.068	1.000	0.966
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	1068	0.094	0.587	0.493	0.734	1.000	0.966
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	524	0.160	0.616	0.455	0.794	1.000	0.966
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	994	0.118	0.564	0.446	0.710	1.000	0.966
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	1059	0.103	0.589	0.485	0.734	1.000	0.966
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	987	0.113	0.554	0.442	0.689	1.000	0.966
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	2246	0.099	0.492	0.393	0.556	1.000	0.966
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2227	0.102	0.473	0.371	0.530	1.000	0.966
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	421	0.174	0.628	0.454	0.813	1.000	0.966
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	316	0.101	0.525	0.424	0.600	1.000	0.966
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	960	0.126	0.532	0.406	0.633	1.000	0.966
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	666	0.139	0.408	0.268	0.119	1.000	0.966
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3000	0.153	0.503	0.350	0.563	1.000	0.966
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	1005	0.110	0.578	0.468	0.729	1.000	0.966
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3852	0.132	0.459	0.327	0.444	1.000	0.966
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1598	0.165	0.518	0.352	0.607	1.000	0.966
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	931	0.172	0.559	0.387	0.678	1.000	0.966
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	484	0.121	0.427	0.307	0.311	1.000	0.966
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	388	0.079	0.502	0.424	0.535	1.000	0.966
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	528	0.178	0.623	0.445	0.799	1.000	0.966
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	747	0.193	0.618	0.425	0.820	1.000	0.966
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1806	0.163	0.641	0.478	0.834	1.000	0.966
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	530	0.196	0.492	0.296	0.507	1.000	0.966
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1352	0.159	0.563	0.405	0.699	1.000	0.966
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1213	0.101	0.526	0.425	0.631	1.000	0.966
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	515	0.072	0.550	0.478	0.640	1.000	0.966
SIM2	chr21	3.67e+07	3.67e+07	390	0.193	0.646	0.453	0.853	1.000	0.966
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	772	0.148	0.636	0.488	0.806	1.000	0.966
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	542	0.194	0.483	0.289	0.474	1.000	0.966

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2846	0.131	0.487	0.356	0.512	1.000	0.966
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1529	0.132	0.463	0.331	0.439	1.000	0.966
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	453	0.108	0.636	0.528	0.769	1.000	0.966
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	786	0.142	0.591	0.449	0.722	1.000	0.966
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	399	0.067	0.464	0.397	0.439	1.000	0.966
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3141	0.132	0.460	0.328	0.451	1.000	0.966
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	466	0.101	0.488	0.387	0.544	1.000	0.966
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1556	0.172	0.659	0.488	0.860	1.000	0.966
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1944	0.093	0.466	0.373	0.498	1.000	0.966
UNC5D	chr8	3.52e+07	3.52e+07	542	0.121	0.608	0.487	0.797	1.000	0.966
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1521	0.111	0.519	0.407	0.603	1.000	0.965
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	268	0.087	0.608	0.521	0.776	1.000	0.965
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	481	0.084	0.489	0.405	0.523	1.000	0.965
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	837	0.184	0.581	0.397	0.750	1.000	0.965
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	998	0.083	0.371	0.288	0.248	1.000	0.965
SIX3;SIX3-AS1	chr2	4.49e+07	4.49e+07	818	0.182	0.559	0.377	0.675	1.000	0.965
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	278	0.078	0.602	0.523	0.771	1.000	0.965
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1628	0.150	0.486	0.336	0.514	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	903	0.171	0.563	0.392	0.664	1.000	0.965
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1876	0.150	0.510	0.360	0.577	1.000	0.965
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	216	0.094	0.606	0.512	0.792	1.000	0.965
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	4374	0.130	0.448	0.318	0.411	1.000	0.965
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	608	0.120	0.607	0.488	0.750	1.000	0.965
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1302	0.094	0.504	0.410	0.582	1.000	0.965
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	760	0.147	0.619	0.472	0.799	1.000	0.965
CTC-359M8.1	chr5	1.46e+08	1.46e+08	263	0.162	0.499	0.337	0.556	1.000	0.965
NAALADL1	chr11	6.50e+07	6.50e+07	330	0.152	0.542	0.391	0.675	1.000	0.965
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	2885	0.123	0.471	0.348	0.486	1.000	0.965
RBFOX1;RP11- 420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	458	0.150	0.524	0.374	0.605	1.000	0.965
C5orf66;C5orf66- AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	619	0.184	0.430	0.246	0.259	1.000	0.965
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	338	0.093	0.514	0.421	0.565	1.000	0.965
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	470	0.096	0.525	0.429	0.612	1.000	0.965
RP11-13J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	495	0.176	0.522	0.346	0.612	1.000	0.965
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	924	0.191	0.592	0.401	0.780	1.000	0.965

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	595	0.164	0.580	0.417	0.731	1.000	0.965
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	229	0.124	0.432	0.308	0.171	1.000	0.965
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	301	0.078	0.551	0.473	0.699	1.000	0.965
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	533	0.140	0.524	0.384	0.750	0.978	0.965
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	1136	0.141	0.509	0.368	0.533	1.000	0.965
CTC-359M8.1	chr5	1.46e+08	1.46e+08	214	0.158	0.474	0.316	0.470	1.000	0.965
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3663	0.130	0.449	0.318	0.409	1.000	0.965
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1035	0.180	0.664	0.484	0.867	1.000	0.965
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1047	0.174	0.672	0.497	0.867	1.000	0.965
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	315	0.174	0.479	0.305	0.407	1.000	0.965
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	1151	0.194	0.490	0.296	0.470	1.000	0.965
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1161	0.128	0.504	0.376	0.537	1.000	0.965
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	975	0.163	0.492	0.329	0.491	1.000	0.965
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	205	0.107	0.604	0.496	0.759	1.000	0.965
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1020	0.186	0.650	0.464	0.867	1.000	0.965
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	226	0.083	0.599	0.516	0.776	1.000	0.965
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1186	0.159	0.644	0.485	0.836	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	814	0.144	0.559	0.415	0.673	1.000	0.965
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	258	0.121	0.603	0.482	0.762	1.000	0.965
LYPD5	chr19	4.38e+07	4.38e+07	262	0.144	0.612	0.468	0.778	1.000	0.965
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1085	0.088	0.532	0.444	0.624	1.000	0.965
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	518	0.198	0.613	0.415	0.792	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	584	0.170	0.582	0.412	0.738	1.000	0.965
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	2077	0.192	0.525	0.333	0.568	1.000	0.965
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	420	0.112	0.540	0.428	0.624	1.000	0.965
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2679	0.156	0.464	0.308	0.397	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	512	0.197	0.576	0.379	0.738	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	769	0.148	0.564	0.415	0.682	1.000	0.965
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	900	0.124	0.498	0.374	0.533	1.000	0.965
VAX1	chr10	1.17e+08	1.17e+08	213	0.096	0.481	0.385	0.402	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	539	0.176	0.563	0.387	0.699	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	754	0.150	0.575	0.425	0.699	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	716	0.156	0.570	0.414	0.708	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1337	0.161	0.570	0.410	0.708	1.000	0.965
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	272	0.079	0.512	0.433	0.558	1.000	0.965
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	414	0.171	0.581	0.410	0.736	1.000	0.965
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1283	0.167	0.561	0.394	0.682	1.000	0.964
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1915	0.136	0.484	0.348	0.528	1.000	0.964
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1618	0.163	0.526	0.363	0.633	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	265	0.105	0.582	0.477	0.685	1.000	0.964
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	799	0.145	0.568	0.423	0.694	1.000	0.964
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2289	0.100	0.486	0.386	0.556	1.000	0.964

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	533	0.093	0.566	0.473	0.673	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	401	0.091	0.564	0.473	0.645	1.000	0.964
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	670	0.139	0.520	0.381	0.549	1.000	0.964
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	509	0.175	0.470	0.294	0.409	1.000	0.964
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1569	0.179	0.515	0.335	0.582	1.000	0.964
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	249	0.082	0.542	0.459	0.689	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	485	0.080	0.521	0.441	0.565	1.000	0.964
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2419	0.101	0.474	0.373	0.528	1.000	0.964
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	247	0.171	0.628	0.457	0.815	1.000	0.964
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	989	0.102	0.570	0.468	0.701	1.000	0.964
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	2051	0.175	0.648	0.474	0.848	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	221	0.073	0.498	0.426	0.509	1.000	0.964
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	328	0.173	0.540	0.367	0.600	1.000	0.964
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3814	0.131	0.448	0.317	0.409	1.000	0.964
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	4525	0.131	0.447	0.316	0.404	1.000	0.964
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	478	0.139	0.545	0.405	0.619	1.000	0.964
CYTH2	chr19	4.85e+07	4.85e+07	472	0.179	0.674	0.495	0.860	1.000	0.964
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	209	0.129	0.396	0.267	0.072	1.000	0.964
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.06e+05	432	0.145	0.535	0.389	0.650	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	620	0.113	0.568	0.454	0.666	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	704	0.102	0.536	0.434	0.586	1.000	0.964
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	706	0.134	0.572	0.438	0.715	1.000	0.964
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	4045	0.128	0.435	0.307	0.357	1.000	0.964
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	4756	0.128	0.435	0.307	0.357	1.000	0.964
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1522	0.174	0.660	0.486	0.860	1.000	0.964
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	596	0.195	0.463	0.268	0.393	1.000	0.964
OTX2-AS1;RP11-1085N6.5	chr14	5.68e+07	5.68e+07	224	0.105	0.511	0.406	0.561	1.000	0.964
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	253	0.132	0.552	0.420	0.652	1.000	0.964
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	1240	0.099	0.533	0.434	0.626	1.000	0.964
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1988	0.097	0.485	0.388	0.561	1.000	0.964
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	841	0.153	0.554	0.401	0.675	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	812	0.089	0.504	0.415	0.535	1.000	0.964
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	789	0.147	0.588	0.441	0.743	1.000	0.964
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	549	0.110	0.575	0.465	0.678	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	633	0.097	0.537	0.440	0.586	1.000	0.963
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1314	0.113	0.467	0.354	0.477	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1149	0.088	0.488	0.399	0.484	1.000	0.963
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	779	0.115	0.562	0.447	0.678	1.000	0.963
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	436	0.082	0.559	0.477	0.717	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1297	0.107	0.504	0.397	0.509	1.000	0.963
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	914	0.109	0.496	0.387	0.551	1.000	0.963

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	679	0.086	0.496	0.410	0.540	1.000	0.963
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	230	0.158	0.663	0.505	0.832	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	768	0.142	0.584	0.442	0.696	1.000	0.963
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	668	0.097	0.527	0.430	0.619	1.000	0.963
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2888	0.160	0.351	0.190	0.143	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	884	0.164	0.570	0.406	0.703	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	930	0.073	0.469	0.395	0.453	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	812	0.163	0.575	0.412	0.708	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	413	0.125	0.590	0.465	0.710	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	852	0.129	0.554	0.426	0.626	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	957	0.085	0.489	0.404	0.488	1.000	0.963
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1274	0.112	0.510	0.398	0.575	1.000	0.963
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	276	0.089	0.557	0.468	0.722	1.000	0.963
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	384	0.086	0.552	0.466	0.710	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	907	0.152	0.551	0.400	0.675	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	886	0.080	0.485	0.405	0.479	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	892	0.153	0.558	0.404	0.680	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	741	0.084	0.501	0.417	0.526	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	960	0.112	0.522	0.410	0.563	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1105	0.106	0.507	0.401	0.516	1.000	0.963
ZNF702P	chr19	5.30e+07	5.30e+07	285	0.092	0.632	0.540	0.750	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	738	0.067	0.468	0.401	0.453	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	722	0.097	0.526	0.429	0.568	1.000	0.963
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	705	0.125	0.508	0.383	0.586	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	826	0.155	0.561	0.406	0.682	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	484	0.126	0.579	0.452	0.673	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	525	0.065	0.455	0.391	0.442	1.000	0.963
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	943	0.121	0.491	0.370	0.507	1.000	0.963
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	415	0.152	0.535	0.384	0.605	1.000	0.963
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1100	0.172	0.462	0.290	0.437	1.000	0.963
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1328	0.105	0.464	0.359	0.481	1.000	0.963
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	557	0.137	0.559	0.422	0.745	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	782	0.178	0.561	0.384	0.671	1.000	0.963
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	930	0.075	0.528	0.453	0.629	1.000	0.963
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	528	0.154	0.564	0.409	0.755	1.000	0.963
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3205	0.161	0.355	0.193	0.143	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	743	0.151	0.559	0.408	0.668	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1078	0.084	0.483	0.399	0.470	1.000	0.963
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	400	0.178	0.568	0.390	0.694	1.000	0.963

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2580	0.119	0.483	0.364	0.535	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	593	0.069	0.484	0.414	0.477	1.000	0.963
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	2132	0.182	0.515	0.333	0.540	1.000	0.963
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	618	0.109	0.539	0.430	0.633	1.000	0.963
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	810	0.178	0.557	0.379	0.675	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	870	0.121	0.543	0.422	0.598	1.000	0.963
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1578	0.098	0.490	0.392	0.561	1.000	0.963
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	238	0.085	0.547	0.462	0.706	1.000	0.963
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1350	0.153	0.425	0.271	0.374	1.000	0.963
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	678	0.196	0.448	0.252	0.341	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	380	0.067	0.472	0.404	0.470	1.000	0.963
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	888	0.103	0.509	0.406	0.591	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	717	0.072	0.458	0.386	0.449	1.000	0.963
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	650	0.135	0.410	0.275	0.255	1.000	0.963
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1708	0.099	0.477	0.378	0.540	1.000	0.963
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	577	0.124	0.544	0.420	0.647	1.000	0.963
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1341	0.099	0.452	0.353	0.442	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	632	0.157	0.596	0.438	0.729	1.000	0.963
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	562	0.113	0.360	0.246	0.201	1.000	0.963
HTR1A;RP11- 158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	308	0.170	0.420	0.250	0.285	1.000	0.963
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1469	0.108	0.492	0.384	0.526	1.000	0.963
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	834	0.088	0.577	0.489	0.708	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	651	0.092	0.525	0.433	0.563	1.000	0.963
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1322	0.106	0.509	0.403	0.521	1.000	0.963
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1558	0.119	0.499	0.380	0.523	1.000	0.963
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	218	0.058	0.489	0.431	0.512	1.000	0.962
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	1158	0.080	0.362	0.282	0.229	1.000	0.962
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	1426	0.081	0.343	0.262	0.180	1.000	0.962
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	530	0.172	0.636	0.464	0.822	1.000	0.962
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	621	0.146	0.596	0.450	0.755	1.000	0.962
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1109	0.105	0.475	0.370	0.498	1.000	0.962
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3106	0.152	0.501	0.349	0.563	1.000	0.962
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	758	0.149	0.548	0.399	0.638	1.000	0.962
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1950	0.095	0.464	0.369	0.495	1.000	0.962
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1174	0.089	0.495	0.406	0.502	1.000	0.962
RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	238	0.106	0.568	0.463	0.708	1.000	0.962
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	691	0.193	0.439	0.246	0.299	1.000	0.962
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	229	0.049	0.445	0.396	0.386	1.000	0.962

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1277	0.094	0.489	0.395	0.561	1.000	0.962
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	928	0.142	0.515	0.374	0.593	1.000	0.962
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1431	0.175	0.653	0.477	0.843	1.000	0.962
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	783	0.060	0.366	0.306	0.306	1.000	0.962
CTD- 2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	784	0.170	0.603	0.433	0.727	1.000	0.962
TFAP2D	chr6	5.07e+07	5.07e+07	371	0.074	0.462	0.388	0.458	1.000	0.962
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1587	0.114	0.498	0.384	0.523	1.000	0.962
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2474	0.168	0.362	0.195	0.145	1.000	0.962
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	503	0.076	0.510	0.434	0.544	1.000	0.962
ASCL4	chr12	1.08e+08	1.08e+08	583	0.185	0.655	0.470	0.839	1.000	0.962
PHOX2B	chr4	4.17e+07	4.17e+07	328	0.141	0.494	0.353	0.528	1.000	0.962
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	676	0.186	0.436	0.250	0.299	1.000	0.962
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	550	0.153	0.630	0.477	0.832	1.000	0.962
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1292	0.191	0.678	0.487	0.874	1.000	0.962
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1838	0.162	0.505	0.343	0.575	1.000	0.962
CTC-359M8.1	chr5	1.46e+08	1.46e+08	388	0.149	0.432	0.283	0.320	1.000	0.962
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	329	0.061	0.455	0.394	0.437	1.000	0.962
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	290	0.075	0.500	0.425	0.523	1.000	0.962
CTD- 2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	1639	0.176	0.429	0.253	0.287	1.000	0.962
ZAR1	chr4	4.85e+07	4.85e+07	621	0.133	0.257	0.124	0.058	1.000	0.962
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	204	0.159	0.549	0.389	0.624	1.000	0.962
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1670	0.140	0.471	0.331	0.488	1.000	0.962
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	567	0.130	0.458	0.329	0.470	1.000	0.962
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	761	0.097	0.512	0.415	0.591	1.000	0.962
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	888	0.117	0.388	0.271	0.301	1.000	0.962
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	552	0.122	0.530	0.407	0.659	1.000	0.962
LECT1	chr13	5.27e+07	5.27e+07	722	0.159	0.552	0.394	0.661	1.000	0.962
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	571	0.120	0.401	0.281	0.257	1.000	0.962
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	559	0.188	0.452	0.264	0.348	1.000	0.962
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	571	0.187	0.448	0.261	0.343	1.000	0.962
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	663	0.137	0.372	0.235	0.047	1.000	0.962
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	474	0.059	0.439	0.380	0.409	1.000	0.962
CTD- 2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	992	0.181	0.602	0.421	0.731	1.000	0.962
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2275	0.115	0.478	0.363	0.542	1.000	0.962
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	490	0.178	0.462	0.284	0.355	1.000	0.961
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	688	0.185	0.425	0.240	0.248	1.000	0.961
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2594	0.116	0.478	0.362	0.528	1.000	0.961
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	577	0.138	0.565	0.426	0.757	1.000	0.961
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	497	0.122	0.564	0.441	0.689	1.000	0.961

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	772	0.087	0.487	0.399	0.528	1.000	0.961
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	421	0.148	0.551	0.403	0.680	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	346	0.147	0.567	0.420	0.692	1.000	0.961
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	211	0.121	0.442	0.321	0.348	1.000	0.961
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	1072	0.142	0.578	0.436	0.699	1.000	0.961
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	545	0.112	0.521	0.409	0.638	1.000	0.961
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1818	0.164	0.496	0.332	0.540	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	301	0.154	0.575	0.422	0.696	1.000	0.961
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1272	0.115	0.489	0.374	0.533	1.000	0.961
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	473	0.085	0.484	0.399	0.512	1.000	0.961
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1346	0.096	0.455	0.360	0.465	1.000	0.961
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1103	0.085	0.492	0.407	0.500	1.000	0.961
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	569	0.120	0.503	0.383	0.568	1.000	0.961
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	551	0.100	0.522	0.422	0.605	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	205	0.145	0.556	0.410	0.680	1.000	0.961
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	786	0.091	0.472	0.381	0.498	1.000	0.961
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3120	0.148	0.495	0.347	0.556	1.000	0.961
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	708	0.109	0.372	0.263	0.201	1.000	0.961
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	562	0.148	0.491	0.343	0.526	1.000	0.961
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	955	0.075	0.479	0.404	0.481	1.000	0.961
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1371	0.103	0.498	0.396	0.495	1.000	0.961
ALDH1A3;RP11-66B24.8	chr15	1.01e+08	1.01e+08	452	0.170	0.444	0.274	0.262	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	274	0.142	0.574	0.432	0.699	1.000	0.961
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1223	0.086	0.484	0.398	0.470	1.000	0.961
BOLL	chr2	1.98e+08	1.98e+08	230	0.162	0.625	0.463	0.815	1.000	0.961
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1100	0.114	0.484	0.371	0.519	1.000	0.961
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	451	0.125	0.549	0.424	0.654	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	271	0.144	0.551	0.407	0.668	1.000	0.961
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1932	0.105	0.498	0.393	0.561	1.000	0.961
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	397	0.195	0.565	0.369	0.727	1.000	0.961
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1809	0.179	0.403	0.224	0.180	1.000	0.961
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	1280	0.198	0.672	0.475	0.869	1.000	0.961
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	693	0.120	0.540	0.420	0.685	1.000	0.961
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	239	0.069	0.487	0.418	0.500	1.000	0.961
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	565	0.154	0.507	0.353	0.551	1.000	0.961

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	998	0.118	0.518	0.400	0.647	1.000	0.961
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	686	0.175	0.412	0.237	0.220	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	439	0.156	0.556	0.400	0.671	1.000	0.961
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	457	0.183	0.450	0.266	0.393	1.000	0.961
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	843	0.110	0.543	0.433	0.678	1.000	0.961
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	711	0.107	0.520	0.413	0.607	1.000	0.961
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	1148	0.132	0.504	0.371	0.544	1.000	0.961
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.06e+05	435	0.136	0.502	0.365	0.533	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	373	0.158	0.559	0.401	0.678	1.000	0.961
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2426	0.153	0.481	0.328	0.474	1.000	0.961
LECT1	chr13	5.27e+07	5.27e+07	672	0.143	0.552	0.409	0.687	1.000	0.961
CIDEA	chr18	1.23e+07	1.23e+07	426	0.165	0.557	0.391	0.643	1.000	0.961
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1947	0.084	0.380	0.296	0.194	1.000	0.961
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	622	0.156	0.556	0.399	0.645	1.000	0.960
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1796	0.089	0.406	0.317	0.264	1.000	0.960
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2006	0.100	0.470	0.369	0.509	1.000	0.960
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	367	0.154	0.559	0.406	0.687	1.000	0.960
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1418	0.102	0.508	0.406	0.596	1.000	0.960
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	301	0.065	0.440	0.374	0.416	1.000	0.960
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	303	0.109	0.581	0.472	0.734	1.000	0.960
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	727	0.101	0.355	0.255	0.192	1.000	0.960
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1377	0.089	0.433	0.344	0.339	1.000	0.960
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	526	0.172	0.571	0.399	0.671	1.000	0.960
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	229	0.150	0.587	0.437	0.715	1.000	0.960
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	666	0.068	0.444	0.376	0.423	1.000	0.960
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1785	0.096	0.416	0.320	0.283	1.000	0.960
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1949	0.079	0.358	0.278	0.150	1.000	0.960

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DPYS	chr8	1.04e+08	1.04e+08	261	0.109	0.564	0.455	0.696	1.000	0.960
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	214	0.091	0.555	0.465	0.636	1.000	0.960
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	433	0.124	0.565	0.440	0.668	1.000	0.960
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	428	0.150	0.466	0.316	0.425	1.000	0.960
CTD- 2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	1057	0.173	0.560	0.387	0.657	1.000	0.960
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1366	0.096	0.447	0.350	0.383	1.000	0.960
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1936	0.090	0.386	0.296	0.199	1.000	0.960
RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	315	0.090	0.545	0.455	0.657	1.000	0.960
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	651	0.177	0.419	0.242	0.236	1.000	0.960
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	639	0.177	0.420	0.242	0.236	1.000	0.960
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1431	0.175	0.507	0.332	0.561	1.000	0.960
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1295	0.109	0.468	0.358	0.477	1.000	0.960
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	561	0.077	0.431	0.354	0.425	1.000	0.960
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	390	0.136	0.564	0.428	0.759	1.000	0.960
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1205	0.120	0.296	0.177	0.077	1.000	0.960
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1106	0.089	0.463	0.374	0.460	1.000	0.960
ELAVL2	chr9	2.38e+07	2.38e+07	592	0.038	0.343	0.305	0.255	1.000	0.960
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2490	0.143	0.465	0.322	0.411	1.000	0.960
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1121	0.074	0.296	0.222	0.103	1.000	0.960
CTC-359M8.1	chr5	1.46e+08	1.46e+08	339	0.142	0.393	0.251	0.236	1.000	0.960
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1938	0.084	0.361	0.277	0.143	1.000	0.960
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	775	0.196	0.572	0.376	0.734	1.000	0.960
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	436	0.124	0.489	0.365	0.463	1.000	0.960
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	678	0.193	0.586	0.393	0.685	1.000	0.960
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	816	0.081	0.366	0.285	0.227	1.000	0.960
GJD2;RP11- 814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	414	0.124	0.477	0.353	0.495	1.000	0.960
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	435	0.162	0.581	0.419	0.731	1.000	0.960
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1095	0.098	0.482	0.384	0.519	1.000	0.960
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	301	0.156	0.564	0.408	0.689	1.000	0.960
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	362	0.122	0.576	0.453	0.694	1.000	0.960
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1152	0.083	0.480	0.398	0.467	1.000	0.960

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SSTR1	chr14	3.82e+07	3.82e+07	1224	0.197	0.532	0.335	0.598	1.000	0.960
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	545	0.119	0.436	0.317	0.348	1.000	0.960
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	320	0.153	0.548	0.395	0.687	1.000	0.960
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	854	0.187	0.629	0.441	0.832	1.000	0.960
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	545	0.103	0.484	0.381	0.530	1.000	0.960
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	647	0.080	0.369	0.289	0.259	1.000	0.960
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1032	0.071	0.321	0.249	0.138	1.000	0.960
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	912	0.114	0.461	0.348	0.465	1.000	0.960
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1645	0.112	0.484	0.372	0.505	1.000	0.960
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1372	0.100	0.523	0.423	0.629	1.000	0.960
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1198	0.119	0.486	0.367	0.507	1.000	0.960
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1384	0.121	0.478	0.358	0.495	1.000	0.960
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	742	0.074	0.471	0.397	0.467	1.000	0.960
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	553	0.062	0.374	0.312	0.313	1.000	0.960
OTX2-AS1;RP11-1085N6.5	chr14	5.68e+07	5.68e+07	433	0.107	0.486	0.379	0.512	1.000	0.960
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	2365	0.174	0.477	0.304	0.498	1.000	0.960
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1380	0.149	0.415	0.266	0.350	1.000	0.960
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2541	0.151	0.454	0.303	0.376	1.000	0.960
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	1586	0.079	0.338	0.259	0.175	1.000	0.960
GPRIN1	chr5	1.77e+08	1.77e+08	221	0.187	0.607	0.420	0.797	1.000	0.960
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1035	0.107	0.521	0.415	0.650	1.000	0.960
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2317	0.120	0.467	0.347	0.493	1.000	0.960
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	547	0.113	0.514	0.401	0.607	1.000	0.960
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	404	0.131	0.548	0.417	0.689	1.000	0.960
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.06e+05	456	0.128	0.501	0.373	0.537	1.000	0.960
MAML3;MGST2	chr4	1.40e+08	1.40e+08	1015	0.179	0.448	0.269	0.320	1.000	0.960
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2164	0.075	0.323	0.248	0.089	1.000	0.960
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	547	0.084	0.469	0.385	0.519	1.000	0.959
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	1004	0.073	0.468	0.394	0.451	1.000	0.959
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3393	0.163	0.359	0.195	0.152	1.000	0.959
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2161	0.079	0.340	0.261	0.107	1.000	0.959
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2167	0.072	0.307	0.235	0.075	1.000	0.959
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1162	0.172	0.559	0.388	0.673	1.000	0.959
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	458	0.135	0.546	0.411	0.661	1.000	0.959
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	375	0.141	0.377	0.236	0.213	1.000	0.959

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2406	0.154	0.470	0.316	0.428	1.000	0.959
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	637	0.153	0.543	0.391	0.624	1.000	0.959
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	458	0.098	0.331	0.233	0.016	1.000	0.959
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2596	0.118	0.453	0.334	0.458	1.000	0.959
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2470	0.142	0.453	0.311	0.371	1.000	0.959
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	495	0.133	0.481	0.348	0.495	1.000	0.959
ZNF702P	chr19	5.30e+07	5.30e+07	342	0.136	0.610	0.474	0.731	1.000	0.959
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	764	0.113	0.475	0.363	0.488	1.000	0.959
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1227	0.113	0.486	0.373	0.507	1.000	0.959
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1229	0.110	0.285	0.175	0.089	1.000	0.959
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1316	0.104	0.444	0.340	0.379	1.000	0.959
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2150	0.083	0.342	0.259	0.112	1.000	0.959
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1261	0.086	0.508	0.422	0.575	1.000	0.959
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	538	0.168	0.427	0.259	0.269	1.000	0.959
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2153	0.079	0.324	0.245	0.086	1.000	0.959
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2156	0.075	0.307	0.232	0.075	1.000	0.959
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	323	0.103	0.510	0.407	0.598	1.000	0.959
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1398	0.156	0.493	0.337	0.512	1.000	0.959
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1745	0.106	0.472	0.366	0.493	1.000	0.959
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2195	0.069	0.294	0.225	0.072	1.000	0.959
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	581	0.162	0.588	0.426	0.713	1.000	0.959
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1413	0.115	0.479	0.364	0.500	1.000	0.959
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	661	0.166	0.395	0.229	0.192	1.000	0.959
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1749	0.200	0.415	0.215	0.273	1.000	0.959
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2184	0.072	0.293	0.221	0.077	1.000	0.959
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	406	0.089	0.461	0.372	0.444	1.000	0.959
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1735	0.102	0.410	0.308	0.259	1.000	0.959
MAML3;MGST2	chr4	1.40e+08	1.40e+08	520	0.159	0.474	0.315	0.444	1.000	0.959

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MAML3;MGST2	chr4	1.40e+08	1.40e+08	831	0.131	0.384	0.253	0.100	1.000	0.959
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1129	0.162	0.452	0.289	0.421	1.000	0.959
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	407	0.174	0.578	0.404	0.759	1.000	0.959
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1789	0.176	0.490	0.314	0.509	1.000	0.959
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1098	0.118	0.454	0.336	0.458	1.000	0.959
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1375	0.092	0.502	0.410	0.579	1.000	0.959
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2755	0.131	0.464	0.332	0.472	1.000	0.959
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	869	0.187	0.613	0.426	0.773	1.000	0.959
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2606	0.115	0.473	0.359	0.526	1.000	0.959
SIM2	chr21	3.67e+07	3.67e+07	450	0.176	0.564	0.388	0.671	1.000	0.959
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	989	0.174	0.370	0.196	0.100	1.000	0.959
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	649	0.165	0.393	0.228	0.196	1.000	0.959
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1888	0.089	0.352	0.263	0.124	1.000	0.959
AC009404.2	chr2	1.18e+08	1.18e+08	444	0.186	0.549	0.363	0.673	1.000	0.959
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1068	0.131	0.292	0.161	0.072	1.000	0.959
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1045	0.107	0.485	0.378	0.514	1.000	0.959
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1886	0.095	0.378	0.283	0.175	1.000	0.959
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1039	0.096	0.517	0.421	0.621	1.000	0.959
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	281	0.136	0.565	0.429	0.710	1.000	0.959
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2199	0.066	0.283	0.217	0.075	1.000	0.959
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3132	0.145	0.490	0.345	0.551	1.000	0.959
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	541	0.163	0.551	0.388	0.645	1.000	0.958
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	804	0.113	0.535	0.423	0.650	1.000	0.958
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	686	0.191	0.571	0.380	0.701	1.000	0.958
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	255	0.125	0.427	0.302	0.348	1.000	0.958
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	454	0.152	0.552	0.401	0.643	1.000	0.958
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	908	0.141	0.542	0.401	0.631	1.000	0.958
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1964	0.095	0.497	0.402	0.572	1.000	0.958

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2188	0.069	0.281	0.212	0.079	1.000	0.958
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	606	0.072	0.379	0.306	0.294	1.000	0.958
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	290	0.156	0.556	0.400	0.640	1.000	0.958
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	2134	0.105	0.464	0.359	0.493	1.000	0.958
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1749	0.102	0.484	0.382	0.535	1.000	0.958
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	544	0.118	0.523	0.404	0.617	1.000	0.958
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2294	0.064	0.272	0.208	0.075	1.000	0.958
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	540	0.097	0.498	0.401	0.572	1.000	0.958
PROX1-AS1	chr1	2.14e+08	2.14e+08	269	0.182	0.567	0.385	0.650	1.000	0.958
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1377	0.088	0.488	0.401	0.551	1.000	0.958
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	289	0.148	0.499	0.351	0.565	1.000	0.958
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2283	0.067	0.270	0.203	0.079	1.000	0.958
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3040	0.131	0.457	0.325	0.449	1.000	0.958
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2100	0.087	0.332	0.245	0.098	1.000	0.958
CDO1	chr5	1.16e+08	1.16e+08	593	0.131	0.483	0.352	0.509	1.000	0.958
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1764	0.104	0.458	0.355	0.484	1.000	0.958
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2103	0.082	0.313	0.230	0.082	1.000	0.958
MAP10	chr1	2.33e+08	2.33e+08	355	0.179	0.650	0.471	0.871	1.000	0.958
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	862	0.117	0.499	0.382	0.565	1.000	0.958
MAP10	chr1	2.33e+08	2.33e+08	216	0.171	0.620	0.449	0.804	1.000	0.958
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	791	0.073	0.459	0.386	0.444	1.000	0.958
MAP10	chr1	2.33e+08	2.33e+08	293	0.141	0.613	0.472	0.797	1.000	0.958
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	494	0.138	0.502	0.364	0.563	1.000	0.958
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2106	0.078	0.295	0.218	0.077	1.000	0.958

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-896J10.3;SFTA3	chr14	3.65e+07	3.65e+07	369	0.107	0.431	0.324	0.343	1.000	0.958
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	365	0.138	0.370	0.232	0.133	1.000	0.958
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1555	0.150	0.362	0.211	0.103	1.000	0.957
AC055876.1;PDCD61578F21.10	chr15	2.88e+07	2.88e+07	263	0.113	0.513	0.401	0.572	1.000	0.957
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1146	0.143	0.435	0.291	0.383	1.000	0.957
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1359	0.098	0.458	0.359	0.470	1.000	0.957
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2134	0.074	0.281	0.207	0.077	1.000	0.957
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	1225	0.111	0.445	0.335	0.423	1.000	0.957
SORCS1	chr10	1.07e+08	1.07e+08	586	0.116	0.552	0.436	0.694	1.000	0.957
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	372	0.105	0.564	0.459	0.771	1.000	0.957
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2377	0.163	0.462	0.298	0.400	1.000	0.957
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	309	0.161	0.592	0.432	0.745	1.000	0.957
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	531	0.167	0.559	0.392	0.815	0.978	0.957
RP4-668J24.2	chr6	1.38e+06	1.38e+06	290	0.113	0.444	0.331	0.402	1.000	0.957
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2112	0.101	0.468	0.367	0.505	1.000	0.957
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2608	0.112	0.468	0.356	0.519	1.000	0.957
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	509	0.131	0.527	0.396	0.633	1.000	0.957
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1471	0.113	0.466	0.353	0.488	1.000	0.957
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	547	0.081	0.449	0.369	0.465	1.000	0.957
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2126	0.099	0.470	0.371	0.535	1.000	0.957
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	220	0.133	0.568	0.436	0.675	1.000	0.957
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	1163	0.143	0.441	0.297	0.381	1.000	0.957
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2441	0.150	0.444	0.295	0.346	1.000	0.957
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	739	0.172	0.586	0.414	0.703	1.000	0.957
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3134	0.141	0.484	0.343	0.547	1.000	0.957
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	581	0.158	0.535	0.377	0.671	1.000	0.957
RP11-896J10.3;SFTA3	chr14	3.65e+07	3.65e+07	383	0.100	0.419	0.319	0.341	1.000	0.957
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2138	0.071	0.270	0.199	0.079	1.000	0.957
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1677	0.139	0.547	0.409	0.650	1.000	0.957
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3562	0.130	0.445	0.315	0.416	1.000	0.957
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1062	0.091	0.516	0.425	0.621	1.000	0.957
SIX3;SIX3-AS1	chr2	4.49e+07	4.49e+07	775	0.160	0.566	0.406	0.675	1.000	0.957
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2233	0.069	0.259	0.190	0.079	1.000	0.957

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX9	chr14	3.67e+07	3.67e+07	386	0.192	0.609	0.417	0.783	1.000	0.957
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	1075	0.079	0.338	0.259	0.166	1.000	0.957
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	618	0.159	0.394	0.235	0.206	1.000	0.957
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	870	0.107	0.481	0.374	0.528	1.000	0.957
TSPYL5	chr8	9.73e+07	9.73e+07	431	0.168	0.559	0.391	0.731	1.000	0.956
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	950	0.193	0.541	0.348	0.626	1.000	0.956
AC055876.1;PDCD6	chr15	2.88e+07	2.88e+07	268	0.113	0.509	0.397	0.551	1.000	0.956
578F21.10										
AC055876.1;PDCD6	chr15	2.88e+07	2.88e+07	271	0.118	0.515	0.397	0.551	1.000	0.956
578F21.10										
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	510	0.140	0.563	0.424	0.757	1.000	0.956
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	853	0.127	0.489	0.361	0.507	1.000	0.956
RP11-13J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	203	0.136	0.481	0.345	0.472	1.000	0.956
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3713	0.131	0.444	0.314	0.404	1.000	0.956
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1285	0.110	0.470	0.360	0.495	1.000	0.956
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	230	0.123	0.525	0.402	0.643	1.000	0.956
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1818	0.185	0.388	0.203	0.194	1.000	0.956
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	2004	0.166	0.405	0.239	0.220	1.000	0.956
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3944	0.127	0.431	0.304	0.353	1.000	0.956
CTC-359M8.1	chr5	1.46e+08	1.46e+08	442	0.137	0.391	0.254	0.248	1.000	0.956
RSPH9	chr6	4.36e+07	4.36e+07	458	0.159	0.544	0.385	0.614	1.000	0.956
COL9A1	chr6	7.03e+07	7.03e+07	414	0.144	0.598	0.454	0.713	1.000	0.956
AC115286.1;C1orf94	chr1	3.42e+07	3.42e+07	214	0.188	0.630	0.442	0.759	1.000	0.956
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1482	0.074	0.306	0.232	0.103	1.000	0.956
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	1161	0.173	0.481	0.308	0.495	1.000	0.956
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1130	0.084	0.496	0.411	0.579	1.000	0.956
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	841	0.188	0.423	0.235	0.276	1.000	0.956
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	318	0.076	0.470	0.394	0.493	1.000	0.956
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	444	0.157	0.540	0.383	0.643	1.000	0.956
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1651	0.171	0.480	0.308	0.442	1.000	0.956
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	714	0.189	0.565	0.376	0.696	1.000	0.956
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1041	0.133	0.511	0.378	0.561	1.000	0.956
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1089	0.193	0.543	0.350	0.621	1.000	0.956
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1398	0.098	0.329	0.230	0.178	1.000	0.956
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1677	0.134	0.466	0.332	0.486	1.000	0.956
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	539	0.121	0.558	0.436	0.743	1.000	0.956
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	878	0.116	0.482	0.365	0.498	1.000	0.956
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1214	0.132	0.444	0.311	0.428	1.000	0.956
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1285	0.092	0.475	0.383	0.514	1.000	0.956
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	508	0.138	0.546	0.408	0.678	1.000	0.956
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	1291	0.103	0.275	0.172	0.086	1.000	0.956
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1064	0.148	0.549	0.400	0.647	1.000	0.956

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MAP10	chr1	2.33e+08	2.33e+08	476	0.196	0.657	0.461	0.869	1.000	0.956
MAML3;MGST2	chr4	1.40e+08	1.40e+08	388	0.158	0.450	0.293	0.369	1.000	0.956
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1571	0.106	0.455	0.348	0.481	1.000	0.956
RP11-432B6.3;TRIM59	chr3	1.60e+08	1.60e+08	229	0.126	0.297	0.172	0.133	1.000	0.956
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2126	0.099	0.464	0.365	0.505	1.000	0.956
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1149	0.112	0.436	0.324	0.353	1.000	0.956
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1237	0.121	0.449	0.328	0.456	1.000	0.956
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	875	0.176	0.620	0.444	0.794	1.000	0.956
LECT1	chr13	5.27e+07	5.27e+07	317	0.157	0.548	0.391	0.682	1.000	0.955
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	458	0.190	0.423	0.233	0.266	1.000	0.955
CCDC105;SLC1A6	chr19	1.50e+07	1.50e+07	223	0.104	0.506	0.402	0.596	1.000	0.955
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	1316	0.185	0.490	0.305	0.472	1.000	0.955
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	374	0.126	0.529	0.403	0.626	1.000	0.955
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1719	0.100	0.364	0.264	0.143	1.000	0.955
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	200	0.123	0.604	0.480	0.806	1.000	0.955
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	202	0.119	0.603	0.484	0.811	1.000	0.955
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1241	0.114	0.458	0.344	0.493	1.000	0.955
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	580	0.112	0.459	0.346	0.463	1.000	0.955
MAML3;MGST2	chr4	1.40e+08	1.40e+08	699	0.123	0.344	0.221	0.009	1.000	0.955
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	224	0.144	0.512	0.368	0.526	1.000	0.955
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1568	0.109	0.399	0.290	0.224	1.000	0.955
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	519	0.170	0.414	0.245	0.257	1.000	0.955
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1810	0.133	0.524	0.390	0.596	1.000	0.955
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	206	0.119	0.607	0.488	0.815	1.000	0.955
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	221	0.103	0.589	0.486	0.783	1.000	0.955
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1721	0.093	0.337	0.244	0.107	1.000	0.955
OTX1	chr2	6.31e+07	6.31e+07	249	0.144	0.618	0.475	0.780	1.000	0.955
SORCS1	chr10	1.07e+08	1.07e+08	235	0.070	0.537	0.467	0.661	1.000	0.955
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	2144	0.186	0.414	0.228	0.236	1.000	0.955
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	260	0.127	0.516	0.389	0.584	1.000	0.955

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1385	0.088	0.486	0.398	0.542	1.000	0.955
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	218	0.151	0.564	0.413	0.657	1.000	0.955
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	662	0.122	0.532	0.410	0.612	1.000	0.955
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1847	0.138	0.528	0.390	0.598	1.000	0.955
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	882	0.120	0.488	0.369	0.502	1.000	0.955
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1385	0.104	0.458	0.354	0.484	1.000	0.955
AC108025.2;LINC01158	chr2	5.69e+06	5.69e+06	894	0.107	0.520	0.414	0.626	1.000	0.955
PHOX2A	chr11	7.22e+07	7.22e+07	226	0.166	0.530	0.365	0.579	1.000	0.955
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	229	0.168	0.640	0.472	0.839	1.000	0.955
HOXC13	chr12	5.39e+07	5.39e+07	344	0.080	0.358	0.278	0.227	1.000	0.955
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	209	0.116	0.598	0.482	0.808	1.000	0.955
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1933	0.090	0.316	0.226	0.084	1.000	0.955
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1106	0.075	0.499	0.424	0.561	1.000	0.955
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	989	0.076	0.369	0.293	0.278	1.000	0.955
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	236	0.112	0.592	0.480	0.790	1.000	0.955
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	288	0.045	0.408	0.362	0.357	1.000	0.955
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1177	0.080	0.366	0.286	0.222	1.000	0.955
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1393	0.072	0.328	0.256	0.152	1.000	0.955
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1489	0.093	0.457	0.364	0.474	1.000	0.955
TSPYL5	chr8	9.73e+07	9.73e+07	350	0.172	0.554	0.382	0.722	1.000	0.955
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	548	0.102	0.503	0.400	0.607	1.000	0.955
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	872	0.099	0.466	0.368	0.493	1.000	0.955
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	628	0.148	0.368	0.220	0.182	1.000	0.955
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	691	0.071	0.460	0.389	0.451	1.000	0.955
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1936	0.085	0.297	0.212	0.082	1.000	0.955
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	490	0.158	0.574	0.416	0.743	1.000	0.955
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	807	0.104	0.510	0.405	0.610	1.000	0.955
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1590	0.104	0.441	0.337	0.465	1.000	0.955
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1365	0.097	0.459	0.363	0.474	1.000	0.955
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1960	0.105	0.449	0.344	0.470	1.000	0.954
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1939	0.080	0.279	0.199	0.077	1.000	0.954
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	642	0.195	0.566	0.371	0.729	1.000	0.954
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	368	0.178	0.596	0.419	0.715	1.000	0.954
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	454	0.079	0.348	0.269	0.210	1.000	0.954
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	668	0.137	0.605	0.468	0.752	1.000	0.954

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1542	0.083	0.482	0.400	0.549	1.000	0.954
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1469	0.142	0.493	0.352	0.516	1.000	0.954
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	596	0.098	0.545	0.448	0.678	1.000	0.954
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	837	0.094	0.416	0.321	0.332	1.000	0.954
MAP10	chr1	2.33e+08	2.33e+08	414	0.172	0.631	0.459	0.827	1.000	0.954
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1967	0.076	0.266	0.190	0.079	1.000	0.954
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2717	0.110	0.462	0.352	0.505	1.000	0.954
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	772	0.150	0.617	0.467	0.766	1.000	0.954
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1202	0.158	0.500	0.342	0.516	1.000	0.954
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	1034	0.072	0.336	0.264	0.178	1.000	0.954
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1285	0.102	0.345	0.242	0.192	1.000	0.954
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1439	0.092	0.453	0.360	0.460	1.000	0.954
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1572	0.122	0.532	0.410	0.610	1.000	0.954
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	571	0.143	0.566	0.423	0.717	1.000	0.954
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	951	0.129	0.430	0.300	0.357	1.000	0.954
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	559	0.126	0.565	0.438	0.755	1.000	0.954
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1120	0.172	0.390	0.218	0.192	1.000	0.954
AC108025.2;LINC01481	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1046	0.108	0.513	0.405	0.610	1.000	0.954
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1404	0.090	0.471	0.382	0.521	1.000	0.954
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	303	0.164	0.626	0.462	0.815	1.000	0.954
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1951	0.172	0.364	0.192	0.150	1.000	0.954
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	604	0.163	0.529	0.367	0.636	1.000	0.954
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2768	0.107	0.455	0.348	0.477	1.000	0.954
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	975	0.080	0.381	0.301	0.287	1.000	0.954
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	625	0.071	0.349	0.278	0.224	1.000	0.954
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	283	0.107	0.588	0.482	0.785	1.000	0.954
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	407	0.176	0.638	0.462	0.836	1.000	0.954
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	590	0.148	0.485	0.337	0.486	1.000	0.954
CCDC81	chr11	8.64e+07	8.64e+07	312	0.155	0.634	0.479	0.738	1.000	0.954
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3243	0.139	0.478	0.339	0.537	1.000	0.954
TSPYL5	chr8	9.73e+07	9.73e+07	269	0.174	0.543	0.370	0.689	1.000	0.954
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1016	0.134	0.555	0.421	0.647	1.000	0.954
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	206	0.195	0.648	0.453	0.862	1.000	0.954
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1864	0.121	0.478	0.357	0.533	1.000	0.954
AC108025.2;LINC01248;SIX6	chr2	5.69e+06	5.69e+06	868	0.125	0.546	0.421	0.671	1.000	0.954
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	270	0.160	0.556	0.397	0.685	1.000	0.954
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1142	0.175	0.434	0.259	0.336	1.000	0.954
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1877	0.127	0.518	0.392	0.579	1.000	0.954
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1414	0.144	0.413	0.269	0.360	1.000	0.954
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	569	0.146	0.603	0.457	0.773	1.000	0.954
AC055876.1;PDCD6IP;RP12-88F21.10	chr21	2.88e+07	2.88e+07	278	0.152	0.539	0.386	0.624	1.000	0.954

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3294	0.135	0.471	0.336	0.526	1.000	0.954
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2773	0.105	0.451	0.347	0.472	1.000	0.954
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	216	0.098	0.585	0.487	0.773	1.000	0.954
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1197	0.141	0.522	0.381	0.591	1.000	0.954
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	761	0.190	0.568	0.378	0.717	1.000	0.954
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1404	0.101	0.443	0.342	0.463	1.000	0.954
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	787	0.167	0.624	0.457	0.778	1.000	0.954
CCDC81	chr11	8.64e+07	8.64e+07	291	0.178	0.659	0.481	0.811	1.000	0.954
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1147	0.087	0.486	0.399	0.556	1.000	0.954
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	214	0.092	0.581	0.489	0.771	1.000	0.953
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	298	0.115	0.592	0.477	0.787	1.000	0.953
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	861	0.157	0.530	0.373	0.626	1.000	0.953
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1774	0.103	0.451	0.348	0.477	1.000	0.953
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	959	0.181	0.618	0.437	0.792	1.000	0.953
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	239	0.125	0.475	0.349	0.397	1.000	0.953
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1998	0.127	0.504	0.377	0.547	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	571	0.150	0.614	0.464	0.762	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	673	0.159	0.617	0.457	0.780	1.000	0.953
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	650	0.163	0.556	0.393	0.715	1.000	0.953
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1980	0.133	0.509	0.376	0.570	1.000	0.953
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	875	0.092	0.461	0.369	0.481	1.000	0.953
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1971	0.073	0.254	0.182	0.082	1.000	0.953
AC108025.2;LINC01248	chr2	5.69e+06	5.69e+06	606	0.102	0.522	0.421	0.624	1.000	0.953
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	896	0.095	0.487	0.391	0.568	1.000	0.953
RSPH9	chr6	4.36e+07	4.36e+07	386	0.141	0.481	0.341	0.465	1.000	0.953
AC108025.2;LINC01248;SOX1	chr2	5.69e+06	5.69e+06	289	0.162	0.621	0.459	0.829	1.000	0.953
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2792	0.102	0.447	0.345	0.470	1.000	0.953
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2239	0.157	0.449	0.292	0.367	1.000	0.953
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3299	0.131	0.466	0.335	0.509	1.000	0.953
RP11-573G6.4	chr10	2.23e+07	2.23e+07	704	0.151	0.448	0.298	0.383	1.000	0.953
LINC00403	chr13	1.12e+08	1.12e+08	226	0.082	0.432	0.350	0.388	1.000	0.953
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1607	0.096	0.473	0.378	0.537	1.000	0.953
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	205	0.143	0.543	0.400	0.629	1.000	0.953
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	414	0.103	0.531	0.428	0.666	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1103	0.140	0.586	0.446	0.722	1.000	0.953
AC055876.1;PDCD6IP;RP11-578F21.10	chr15	2.88e+07	2.88e+07	283	0.169	0.560	0.390	0.668	1.000	0.953
AC055876.1;PDCD6IP;RP11-578F21.10	chr15	2.88e+07	2.88e+07	285	0.191	0.581	0.390	0.710	1.000	0.953
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	2066	0.070	0.243	0.173	0.079	1.000	0.953
CTD-2291D10.3	chr19	2.31e+07	2.31e+07	298	0.099	0.586	0.488	0.755	1.000	0.953

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	520	0.129	0.367	0.238	0.166	1.000	0.953
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	973	0.092	0.362	0.271	0.194	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	688	0.178	0.626	0.447	0.804	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1281	0.149	0.581	0.432	0.717	1.000	0.953
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	979	0.115	0.425	0.310	0.315	1.000	0.953
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	288	0.110	0.591	0.481	0.790	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	422	0.195	0.645	0.450	0.857	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1314	0.168	0.595	0.427	0.743	1.000	0.953
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	315	0.117	0.390	0.273	0.259	1.000	0.953
AC108025.2;LINC01	chr2	5.69e+06	5.69e+06	580	0.126	0.562	0.436	0.687	1.000	0.953
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2138	0.098	0.459	0.362	0.502	1.000	0.953
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3318	0.128	0.462	0.334	0.500	1.000	0.953
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	303	0.117	0.593	0.476	0.790	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1296	0.162	0.590	0.428	0.741	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1299	0.157	0.587	0.430	0.727	1.000	0.953
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	708	0.122	0.478	0.356	0.481	1.000	0.953
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1594	0.092	0.459	0.366	0.479	1.000	0.953
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1108	0.125	0.506	0.382	0.549	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	244	0.193	0.648	0.455	0.857	1.000	0.953
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1008	0.153	0.596	0.443	0.755	1.000	0.953
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1549	0.101	0.347	0.246	0.136	1.000	0.953
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	517	0.147	0.501	0.354	0.549	1.000	0.953
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	678	0.195	0.556	0.361	0.671	1.000	0.953
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1551	0.093	0.319	0.226	0.098	1.000	0.953
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1750	0.140	0.371	0.231	0.140	1.000	0.953
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1690	0.125	0.457	0.332	0.479	1.000	0.953
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2303	0.143	0.431	0.288	0.327	1.000	0.952
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	247	0.134	0.550	0.415	0.626	1.000	0.952
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	305	0.116	0.593	0.477	0.792	1.000	0.952
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	2051	0.169	0.415	0.246	0.273	1.000	0.952
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	318	0.092	0.453	0.362	0.439	1.000	0.952
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	496	0.179	0.597	0.419	0.724	1.000	0.952
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	290	0.109	0.590	0.481	0.792	1.000	0.952

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	472	0.165	0.613	0.448	0.783	1.000	0.952
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	544	0.146	0.611	0.464	0.736	1.000	0.952
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	585	0.119	0.512	0.393	0.598	1.000	0.952
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2797	0.100	0.443	0.343	0.460	1.000	0.952
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	740	0.070	0.448	0.379	0.437	1.000	0.952
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1118	0.155	0.596	0.440	0.743	1.000	0.952
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	330	0.172	0.544	0.373	0.659	1.000	0.952
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1398	0.112	0.384	0.273	0.201	1.000	0.952
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2542	0.167	0.350	0.183	0.143	1.000	0.952
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1786	0.184	0.443	0.259	0.285	1.000	0.952
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	563	0.149	0.535	0.386	0.664	1.000	0.952
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1069	0.126	0.516	0.390	0.572	1.000	0.952
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	473	0.150	0.577	0.427	0.741	1.000	0.952
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3323	0.125	0.457	0.332	0.493	1.000	0.952
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	316	0.117	0.591	0.474	0.794	1.000	0.952
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1023	0.168	0.605	0.437	0.769	1.000	0.952
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	614	0.076	0.341	0.265	0.201	1.000	0.952
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1477	0.094	0.487	0.393	0.561	1.000	0.952
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1547	0.149	0.480	0.331	0.481	1.000	0.952
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	803	0.116	0.517	0.401	0.572	1.000	0.952
CYP26C1;RP11- 348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	576	0.150	0.480	0.330	0.474	1.000	0.952
MAML3;MGST2	chr4	1.40e+08	1.40e+08	343	0.140	0.383	0.243	0.061	1.000	0.952
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	295	0.089	0.459	0.369	0.467	1.000	0.952
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	278	0.103	0.585	0.482	0.783	1.000	0.952
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	607	0.104	0.527	0.423	0.654	1.000	0.952
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	455	0.190	0.622	0.432	0.769	1.000	0.952
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1279	0.197	0.428	0.231	0.285	1.000	0.952
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2131	0.124	0.489	0.366	0.526	1.000	0.952
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	276	0.097	0.581	0.484	0.778	1.000	0.952
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	608	0.102	0.540	0.438	0.666	1.000	0.952
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2047	0.127	0.506	0.379	0.556	1.000	0.952
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	374	0.116	0.590	0.474	0.790	1.000	0.952
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	940	0.116	0.470	0.354	0.495	1.000	0.952
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2344	0.136	0.462	0.326	0.474	1.000	0.952
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	427	0.147	0.535	0.388	0.640	1.000	0.952
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1782	0.089	0.451	0.362	0.467	1.000	0.952
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	445	0.165	0.609	0.444	0.766	1.000	0.952
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1710	0.118	0.449	0.331	0.465	1.000	0.952
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1211	0.104	0.462	0.358	0.472	1.000	0.952
NOL4	chr18	3.42e+07	3.42e+07	315	0.083	0.531	0.448	0.629	1.000	0.952
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	599	0.159	0.379	0.220	0.196	1.000	0.952
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	301	0.110	0.589	0.478	0.790	1.000	0.952

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	292	0.121	0.525	0.404	0.621	1.000	0.952
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1278	0.121	0.468	0.347	0.516	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	283	0.106	0.587	0.482	0.787	1.000	0.951
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1906	0.125	0.466	0.340	0.502	1.000	0.951
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	773	0.161	0.609	0.448	0.755	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	359	0.110	0.587	0.478	0.790	1.000	0.951
MAML3;MGST2	chr4	1.40e+08	1.40e+08	654	0.100	0.264	0.164	0.007	1.000	0.951
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1421	0.163	0.404	0.241	0.231	1.000	0.951
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	236	0.136	0.512	0.376	0.598	1.000	0.951
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr11	5.69e+06	5.69e+06	758	0.104	0.513	0.408	0.607	1.000	0.951
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	904	0.142	0.583	0.441	0.734	1.000	0.951
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	438	0.126	0.448	0.322	0.404	1.000	0.951
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1066	0.180	0.566	0.386	0.706	1.000	0.951
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	999	0.129	0.574	0.444	0.696	1.000	0.951
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1264	0.132	0.516	0.384	0.575	1.000	0.951
LECT1	chr13	5.27e+07	5.27e+07	367	0.173	0.550	0.377	0.643	1.000	0.951
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1795	0.178	0.419	0.241	0.243	1.000	0.951
CTC-359M8.1	chr5	1.46e+08	1.46e+08	393	0.129	0.352	0.223	0.194	1.000	0.951
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2140	0.095	0.454	0.359	0.481	1.000	0.951
NOL4	chr18	3.42e+07	3.42e+07	217	0.093	0.593	0.500	0.771	1.000	0.951
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1742	0.123	0.511	0.388	0.565	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	285	0.106	0.588	0.482	0.787	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	384	0.117	0.593	0.476	0.804	1.000	0.951
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1195	0.150	0.577	0.427	0.701	1.000	0.951
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1763	0.090	0.298	0.207	0.091	1.000	0.951
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	578	0.143	0.575	0.433	0.731	1.000	0.951
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	1130	0.084	0.463	0.379	0.500	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	281	0.101	0.584	0.483	0.780	1.000	0.951
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1177	0.140	0.569	0.429	0.687	1.000	0.951
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	885	0.088	0.384	0.296	0.271	1.000	0.951
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	963	0.140	0.514	0.373	0.561	1.000	0.951
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2185	0.123	0.451	0.327	0.456	1.000	0.951
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1879	0.110	0.435	0.325	0.442	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	369	0.111	0.590	0.479	0.801	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	382	0.116	0.591	0.475	0.804	1.000	0.951
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1766	0.085	0.279	0.194	0.086	1.000	0.951
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	959	0.130	0.530	0.400	0.624	1.000	0.951
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	202	0.154	0.624	0.471	0.813	1.000	0.951

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	737	0.125	0.505	0.379	0.547	1.000	0.951
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	213	0.085	0.594	0.509	0.724	1.000	0.951
CCDC81	chr11	8.64e+07	8.64e+07	239	0.092	0.593	0.501	0.685	1.000	0.951
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1546	0.088	0.481	0.393	0.549	1.000	0.951
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2629	0.136	0.455	0.319	0.451	1.000	0.951
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	242	0.136	0.529	0.393	0.661	1.000	0.951
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	795	0.117	0.497	0.380	0.533	1.000	0.951
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	217	0.188	0.638	0.450	0.841	1.000	0.951
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1451	0.184	0.520	0.336	0.568	1.000	0.951
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2818	0.099	0.439	0.340	0.458	1.000	0.951
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2198	0.119	0.488	0.369	0.523	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	296	0.107	0.586	0.479	0.787	1.000	0.951
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1599	0.150	0.518	0.368	0.579	1.000	0.951
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	397	0.122	0.594	0.472	0.804	1.000	0.951
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	399	0.136	0.536	0.400	0.678	1.000	0.951
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2965	0.096	0.430	0.333	0.421	1.000	0.950
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	352	0.118	0.439	0.321	0.414	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	283	0.101	0.584	0.483	0.785	1.000	0.950
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2975	0.094	0.422	0.328	0.407	1.000	0.950
CD163L1;RP11-157G21.2	chr12	7.44e+06	7.44e+06	347	0.142	0.380	0.239	0.075	1.000	0.950
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	425	0.131	0.545	0.413	0.668	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3302	0.135	0.442	0.307	0.409	1.000	0.950
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1921	0.185	0.409	0.224	0.241	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1283	0.121	0.443	0.322	0.439	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3151	0.134	0.443	0.309	0.414	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	294	0.102	0.583	0.480	0.780	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	354	0.107	0.585	0.478	0.783	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	433	0.117	0.588	0.471	0.804	1.000	0.950
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1769	0.079	0.261	0.182	0.082	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	448	0.123	0.590	0.468	0.804	1.000	0.950
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	297	0.138	0.429	0.291	0.418	1.000	0.950
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3344	0.123	0.453	0.330	0.486	1.000	0.950
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1186	0.133	0.522	0.389	0.589	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1547	0.124	0.484	0.360	0.551	1.000	0.950
ZSCAN12	chr6	2.84e+07	2.84e+07	235	0.089	0.591	0.502	0.771	1.000	0.950
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3491	0.120	0.444	0.323	0.463	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	251	0.097	0.573	0.477	0.762	1.000	0.950
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	807	0.155	0.587	0.433	0.741	1.000	0.950
CCDC81	chr11	8.64e+07	8.64e+07	218	0.101	0.613	0.512	0.708	1.000	0.950
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	442	0.170	0.556	0.386	0.715	1.000	0.950

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CD163L1;RP11-157G21.2	chr12	7.44e+06	7.44e+06	499	0.198	0.463	0.265	0.421	1.000	0.950
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2050	0.123	0.486	0.364	0.505	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3533	0.131	0.428	0.297	0.350	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	352	0.102	0.582	0.479	0.773	1.000	0.950
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	1053	0.071	0.316	0.245	0.133	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	364	0.108	0.588	0.480	0.799	1.000	0.950
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	838	0.195	0.577	0.381	0.729	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1171	0.166	0.430	0.263	0.334	1.000	0.950
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	546	0.135	0.393	0.258	0.222	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	517	0.119	0.589	0.470	0.804	1.000	0.950
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1797	0.075	0.248	0.173	0.082	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1176	0.089	0.486	0.397	0.565	1.000	0.950
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3501	0.117	0.436	0.318	0.423	1.000	0.950
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	403	0.152	0.561	0.409	0.650	1.000	0.950
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1040	0.108	0.456	0.349	0.479	1.000	0.950
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	452	0.076	0.334	0.257	0.182	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	532	0.124	0.591	0.467	0.806	1.000	0.950
SOX1	chr13	1.12e+08	1.12e+08	499	0.110	0.497	0.387	0.551	1.000	0.950
CD163L1;RP11-157G21.2	chr12	7.44e+06	7.44e+06	485	0.135	0.346	0.211	0.033	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	377	0.113	0.589	0.476	0.801	1.000	0.950
ZSCAN12	chr6	2.84e+07	2.84e+07	366	0.090	0.587	0.497	0.757	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1188	0.149	0.417	0.268	0.318	1.000	0.950
ONECUT2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	520	0.141	0.512	0.371	0.563	1.000	0.950
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1562	0.119	0.425	0.306	0.371	1.000	0.950
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	585	0.134	0.581	0.447	0.741	1.000	0.950
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	561	0.120	0.587	0.467	0.804	1.000	0.949
ZSCAN12	chr6	2.84e+07	2.84e+07	293	0.082	0.595	0.514	0.778	1.000	0.949
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1090	0.187	0.536	0.349	0.643	1.000	0.949
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	902	0.138	0.576	0.438	0.694	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1450	0.157	0.404	0.247	0.238	1.000	0.949
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1893	0.113	0.487	0.374	0.512	1.000	0.949
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2116	0.114	0.458	0.344	0.425	1.000	0.949
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	576	0.125	0.589	0.465	0.806	1.000	0.949
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1312	0.184	0.515	0.332	0.547	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1280	0.126	0.482	0.356	0.551	1.000	0.949
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	203	0.126	0.504	0.378	0.561	1.000	0.949
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	271	0.132	0.508	0.376	0.584	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1279	0.128	0.434	0.306	0.409	1.000	0.949

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTD-2291D10.3	chr19	2.31e+07	2.31e+07	548	0.132	0.552	0.421	0.680	1.000	0.949
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	364	0.129	0.476	0.347	0.507	1.000	0.949
SPHKAP	chr2	2.28e+08	2.28e+08	487	0.110	0.556	0.446	0.661	1.000	0.949
VAX1	chr10	1.17e+08	1.17e+08	371	0.098	0.441	0.343	0.390	1.000	0.949
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3032	0.093	0.418	0.325	0.397	1.000	0.949
AC007228.5;ZNF835	chr19	5.67e+07	5.67e+07	253	0.125	0.553	0.428	0.703	1.000	0.949
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1575	0.158	0.520	0.362	0.579	1.000	0.949
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	227	0.124	0.479	0.355	0.495	1.000	0.949
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1651	0.143	0.478	0.334	0.505	1.000	0.949
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	256	0.101	0.577	0.476	0.766	1.000	0.949
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1801	0.071	0.237	0.165	0.084	1.000	0.949
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	1179	0.191	0.607	0.416	0.773	1.000	0.949
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	246	0.140	0.584	0.444	0.696	1.000	0.949
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	200	0.112	0.410	0.298	0.341	1.000	0.949
ZSCAN12	chr6	2.84e+07	2.84e+07	266	0.081	0.592	0.511	0.759	1.000	0.949
ANO4	chr12	1.01e+08	1.01e+08	1313	0.177	0.498	0.321	0.533	1.000	0.949
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	773	0.194	0.539	0.344	0.643	1.000	0.949
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1896	0.069	0.226	0.158	0.079	1.000	0.949
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	362	0.104	0.585	0.481	0.794	1.000	0.949
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	649	0.127	0.590	0.463	0.755	1.000	0.949
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3558	0.115	0.432	0.316	0.418	1.000	0.949
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	428	0.115	0.586	0.471	0.801	1.000	0.949
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.75e+06	573	0.093	0.381	0.288	0.217	1.000	0.949
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	321	0.138	0.491	0.354	0.528	1.000	0.949
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	206	0.120	0.337	0.217	0.009	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1564	0.189	0.416	0.227	0.238	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1580	0.186	0.435	0.249	0.313	1.000	0.949
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1332	0.163	0.527	0.364	0.598	1.000	0.949
DLEU7;DLEU7-AS1	chr13	5.08e+07	5.08e+07	218	0.095	0.619	0.524	0.804	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	980	0.126	0.424	0.298	0.353	1.000	0.949
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	246	0.100	0.566	0.466	0.755	1.000	0.949
CD163L1;RP11-157G21.2	chr12	7.44e+06	7.44e+06	587	0.191	0.385	0.193	0.072	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1558	0.125	0.415	0.290	0.339	1.000	0.949
CDH4	chr20	6.13e+07	6.13e+07	1766	0.128	0.548	0.420	0.722	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1320	0.127	0.454	0.327	0.470	1.000	0.949
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1239	0.127	0.495	0.369	0.535	1.000	0.949
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2183	0.120	0.475	0.354	0.484	1.000	0.949
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	258	0.101	0.578	0.477	0.773	1.000	0.949

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	344	0.194	0.634	0.439	0.748	1.000	0.949
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1467	0.143	0.396	0.253	0.255	1.000	0.949
AC108025.2;LINC01248	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1181	0.136	0.545	0.409	0.673	1.000	0.949
SORCS1	chr10	1.07e+08	1.07e+08	352	0.135	0.477	0.341	0.451	1.000	0.949
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	269	0.103	0.576	0.474	0.771	1.000	0.948
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1922	0.182	0.405	0.223	0.222	1.000	0.948
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	387	0.093	0.416	0.323	0.336	1.000	0.948
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2249	0.094	0.449	0.354	0.474	1.000	0.948
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	375	0.110	0.587	0.477	0.799	1.000	0.948
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	248	0.194	0.538	0.344	0.717	1.000	0.948
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	609	0.147	0.351	0.205	0.180	1.000	0.948
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2300	0.092	0.442	0.350	0.460	1.000	0.948
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2249	0.113	0.450	0.337	0.395	1.000	0.948
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1059	0.105	0.440	0.335	0.470	1.000	0.948
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1429	0.106	0.449	0.343	0.472	1.000	0.948
SPHKAP	chr2	2.28e+08	2.28e+08	378	0.115	0.536	0.421	0.596	1.000	0.948
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1308	0.175	0.530	0.355	0.596	1.000	0.948
AC108025.2;LINC01248;SOX15	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1633	0.124	0.516	0.393	0.621	1.000	0.948
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3036	0.091	0.413	0.321	0.386	1.000	0.948
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1506	0.174	0.509	0.336	0.530	1.000	0.948
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2934	0.176	0.433	0.256	0.325	1.000	0.948
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	239	0.175	0.558	0.383	0.692	1.000	0.948
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1256	0.139	0.427	0.289	0.371	1.000	0.948
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1721	0.136	0.443	0.306	0.418	1.000	0.948
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1599	0.124	0.436	0.312	0.411	1.000	0.948
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1800	0.088	0.452	0.364	0.479	1.000	0.948
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2305	0.090	0.438	0.349	0.458	1.000	0.948
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	411	0.112	0.574	0.461	0.745	1.000	0.948
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	551	0.193	0.536	0.343	0.675	1.000	0.948
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	327	0.103	0.576	0.473	0.769	1.000	0.948
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	380	0.106	0.538	0.432	0.612	1.000	0.948
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1568	0.093	0.479	0.386	0.547	1.000	0.948
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3562	0.113	0.426	0.313	0.400	1.000	0.948
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	637	0.087	0.542	0.455	0.666	1.000	0.948
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	512	0.117	0.586	0.470	0.801	1.000	0.948
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	268	0.100	0.512	0.411	0.558	1.000	0.948
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	779	0.153	0.618	0.465	0.776	1.000	0.948
CMTM2;CKLF-CMTM1;CMTM1	chr16	6.66e+07	6.66e+07	252	0.176	0.606	0.429	0.799	1.000	0.948
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	209	0.148	0.594	0.446	0.722	1.000	0.948
HOXC12	chr12	5.40e+07	5.40e+07	451	0.148	0.399	0.251	0.180	1.000	0.948

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1737	0.099	0.491	0.392	0.556	1.000	0.948
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2950	0.176	0.443	0.267	0.357	1.000	0.948
INSRR;NTRK1	chr1	1.57e+08	1.57e+08	343	0.192	0.522	0.330	0.551	1.000	0.948
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1080	0.149	0.570	0.421	0.692	1.000	0.948
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1535	0.134	0.407	0.273	0.304	1.000	0.948
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1589	0.129	0.471	0.342	0.514	1.000	0.948
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	324	0.128	0.503	0.375	0.530	1.000	0.948
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	556	0.118	0.585	0.467	0.801	1.000	0.948
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1337	0.118	0.488	0.370	0.502	1.000	0.948
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	862	0.109	0.494	0.384	0.530	1.000	0.948
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	426	0.112	0.583	0.472	0.799	1.000	0.948
DLEU7;DLEU7-AS1	chr13	5.08e+07	5.08e+07	378	0.087	0.615	0.528	0.776	1.000	0.948
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	888	0.135	0.429	0.293	0.388	1.000	0.948
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2250	0.116	0.475	0.359	0.481	1.000	0.948
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	251	0.104	0.570	0.466	0.759	1.000	0.948
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	610	0.192	0.538	0.346	0.668	1.000	0.948
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1090	0.091	0.539	0.449	0.661	1.000	0.948
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	626	0.117	0.462	0.345	0.435	1.000	0.948
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	414	0.151	0.505	0.353	0.575	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	997	0.110	0.409	0.299	0.332	1.000	0.947
TFAP2B	chr6	5.08e+07	5.08e+07	312	0.155	0.605	0.451	0.759	1.000	0.947
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	561	0.101	0.568	0.467	0.715	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2006	0.136	0.435	0.299	0.397	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2027	0.140	0.467	0.327	0.498	1.000	0.947
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1384	0.154	0.480	0.326	0.519	1.000	0.947
PRLHR	chr10	1.19e+08	1.19e+08	497	0.191	0.466	0.275	0.463	1.000	0.947
SPHKAP	chr2	2.28e+08	2.28e+08	558	0.113	0.558	0.445	0.652	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	337	0.104	0.580	0.475	0.783	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1868	0.126	0.454	0.328	0.472	1.000	0.947
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2316	0.110	0.452	0.342	0.402	1.000	0.947
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	897	0.111	0.402	0.291	0.262	1.000	0.947
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2324	0.088	0.435	0.347	0.451	1.000	0.947
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	609	0.145	0.537	0.392	0.645	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	253	0.104	0.572	0.468	0.773	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1626	0.163	0.422	0.258	0.313	1.000	0.947
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	1554	0.182	0.477	0.295	0.458	1.000	0.947

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	672	0.150	0.537	0.387	0.682	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1694	0.153	0.429	0.276	0.355	1.000	0.947
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	469	0.147	0.533	0.386	0.610	1.000	0.947
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1316	0.107	0.358	0.251	0.168	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1609	0.178	0.432	0.254	0.320	1.000	0.947
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	374	0.105	0.494	0.388	0.563	1.000	0.947
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	1099	0.113	0.509	0.395	0.610	1.000	0.947
C5orf66;C5orf66- AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1797	0.147	0.387	0.240	0.203	1.000	0.947
LHX8;RP11- 510C10.2;RP11- 510C10.3	chr1	7.51e+07	7.51e+07	207	0.094	0.463	0.369	0.465	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	510	0.114	0.584	0.470	0.799	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1758	0.140	0.452	0.312	0.439	1.000	0.947
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.75e+06	432	0.122	0.480	0.358	0.481	1.000	0.947
KCNC3;NR1H2	chr19	5.03e+07	5.03e+07	465	0.136	0.531	0.395	0.610	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1717	0.144	0.435	0.291	0.386	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1715	0.104	0.469	0.365	0.535	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	350	0.111	0.582	0.471	0.792	1.000	0.947
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	756	0.189	0.512	0.322	0.607	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2985	0.138	0.445	0.307	0.414	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	264	0.105	0.570	0.465	0.773	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	554	0.115	0.583	0.468	0.799	1.000	0.947
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1467	0.096	0.319	0.224	0.100	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	3216	0.133	0.430	0.297	0.367	1.000	0.947
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3641	0.112	0.424	0.312	0.407	1.000	0.947
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	612	0.073	0.327	0.254	0.173	1.000	0.947
TPTEP1	chr22	1.66e+07	1.66e+07	595	0.117	0.536	0.418	0.717	1.000	0.947
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1739	0.146	0.479	0.333	0.509	1.000	0.947
RP11- 849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1093	0.083	0.513	0.429	0.612	1.000	0.947
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1469	0.087	0.291	0.204	0.093	1.000	0.947
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1104	0.131	0.387	0.256	0.297	1.000	0.947
TFAP2B	chr6	5.08e+07	5.08e+07	279	0.172	0.591	0.419	0.738	1.000	0.947
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	3115	0.091	0.411	0.320	0.381	1.000	0.947
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1367	0.172	0.504	0.332	0.533	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2312	0.140	0.459	0.319	0.465	1.000	0.947
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	831	0.158	0.512	0.354	0.570	1.000	0.947
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2121	0.116	0.439	0.323	0.350	1.000	0.947

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LECT1	chr13	5.27e+07	5.27e+07	356	0.081	0.569	0.488	0.703	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	209	0.103	0.557	0.455	0.748	1.000	0.947
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	734	0.132	0.465	0.333	0.467	1.000	0.947
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	300	0.105	0.363	0.258	0.227	1.000	0.947
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	512	0.097	0.389	0.292	0.308	1.000	0.947
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	322	0.105	0.570	0.465	0.769	1.000	0.947
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1322	0.131	0.468	0.337	0.502	1.000	0.947
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1060	0.196	0.487	0.291	0.470	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2043	0.140	0.444	0.304	0.421	1.000	0.946
AC108025.2;LINC01	chr2	5.69e+06	5.69e+06	2341	0.121	0.511	0.389	0.603	1.000	0.946
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2170	0.160	0.437	0.277	0.339	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1865	0.180	0.424	0.244	0.266	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1601	0.128	0.450	0.322	0.446	1.000	0.946
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	456	0.138	0.511	0.373	0.544	1.000	0.946
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	772	0.106	0.501	0.395	0.575	1.000	0.946
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2329	0.086	0.430	0.345	0.439	1.000	0.946
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	401	0.112	0.578	0.466	0.792	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1760	0.142	0.464	0.321	0.481	1.000	0.946
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1098	0.138	0.501	0.363	0.537	1.000	0.946
CDH4	chr20	6.13e+07	6.13e+07	1057	0.142	0.546	0.404	0.694	1.000	0.946
AC009404.2	chr2	1.18e+08	1.18e+08	203	0.129	0.498	0.370	0.535	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2834	0.137	0.445	0.308	0.416	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2002	0.143	0.427	0.284	0.357	1.000	0.946
RIC3;RP11-379P15.1	chr11	8.17e+06	8.17e+06	433	0.097	0.450	0.352	0.442	1.000	0.946
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	200	0.103	0.576	0.473	0.771	1.000	0.946
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	304	0.105	0.365	0.260	0.236	1.000	0.946
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	275	0.093	0.516	0.423	0.570	1.000	0.946
CMTM2;CKLF-CMTM1;CMTM1	chr16	6.66e+07	6.66e+07	214	0.196	0.593	0.396	0.799	1.000	0.946
CMTM2;CKLF-CMTM1;CMTM1	chr16	6.66e+07	6.66e+07	312	0.184	0.604	0.420	0.806	1.000	0.946
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1889	0.105	0.432	0.327	0.446	1.000	0.946
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	381	0.103	0.532	0.429	0.666	1.000	0.946
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1098	0.159	0.579	0.420	0.706	1.000	0.946
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	451	0.165	0.434	0.268	0.355	1.000	0.946
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	300	0.121	0.487	0.365	0.502	1.000	0.946
SPHKAP	chr2	2.28e+08	2.28e+08	449	0.117	0.544	0.427	0.612	1.000	0.946
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1390	0.115	0.470	0.355	0.460	1.000	0.946
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	332	0.107	0.575	0.468	0.783	1.000	0.946
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	376	0.104	0.372	0.268	0.287	1.000	0.946
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	430	0.134	0.569	0.436	0.675	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2528	0.134	0.421	0.287	0.341	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2679	0.135	0.421	0.287	0.346	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2045	0.142	0.456	0.314	0.446	1.000	0.946
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	338	0.169	0.548	0.379	0.661	1.000	0.946

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CMTM2;CKLF-CMTM1;CMTM1	chr16	6.66e+07	6.66e+07	266	0.191	0.596	0.405	0.792	1.000	0.946
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1167	0.169	0.453	0.283	0.386	1.000	0.946
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	1012	0.104	0.492	0.388	0.582	1.000	0.946
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1739	0.165	0.468	0.303	0.491	1.000	0.946
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.38e+05	7.38e+05	400	0.053	0.391	0.338	0.360	1.000	0.946
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	735	0.137	0.311	0.173	0.072	1.000	0.946
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	605	0.141	0.526	0.385	0.593	1.000	0.946
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	343	0.123	0.450	0.327	0.439	1.000	0.946
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	244	0.148	0.557	0.409	0.696	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1065	0.102	0.423	0.321	0.402	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1088	0.094	0.432	0.338	0.432	1.000	0.946
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	345	0.113	0.577	0.464	0.792	1.000	0.946
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1536	0.091	0.327	0.236	0.133	1.000	0.946
CTC-467M3.1;LINC00461	chr5	8.87e+07	8.87e+07	278	0.180	0.615	0.435	0.792	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1979	0.152	0.421	0.270	0.322	1.000	0.946
CDH4	chr20	6.13e+07	6.13e+07	1317	0.121	0.538	0.418	0.713	1.000	0.946
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	426	0.155	0.516	0.361	0.629	1.000	0.946
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2716	0.138	0.430	0.292	0.367	1.000	0.946
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.75e+06	252	0.090	0.442	0.351	0.397	1.000	0.946
NOL4	chr18	3.42e+07	3.42e+07	320	0.090	0.536	0.446	0.654	1.000	0.946
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	780	0.152	0.579	0.427	0.717	1.000	0.946
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2254	0.115	0.433	0.318	0.334	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	214	0.107	0.563	0.456	0.752	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	485	0.114	0.579	0.465	0.794	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2565	0.137	0.430	0.293	0.369	1.000	0.945
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	356	0.123	0.481	0.358	0.535	1.000	0.945
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	396	0.176	0.498	0.322	0.554	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2910	0.130	0.405	0.276	0.287	1.000	0.945
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2868	0.166	0.339	0.173	0.126	1.000	0.945
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	291	0.152	0.564	0.412	0.706	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2947	0.133	0.414	0.282	0.311	1.000	0.945
RIC3;RP11-379P15.1	chr11	8.17e+06	8.17e+06	212	0.074	0.445	0.371	0.425	1.000	0.945
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2125	0.113	0.417	0.304	0.304	1.000	0.945
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	871	0.187	0.579	0.392	0.738	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2949	0.135	0.426	0.291	0.341	1.000	0.945
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	274	0.124	0.474	0.350	0.460	1.000	0.945
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1818	0.148	0.460	0.312	0.444	1.000	0.945
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	706	0.114	0.452	0.338	0.449	1.000	0.945
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1095	0.080	0.495	0.416	0.572	1.000	0.945

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1092	0.089	0.443	0.354	0.470	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2718	0.140	0.441	0.301	0.402	1.000	0.945
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1797	0.140	0.469	0.329	0.474	1.000	0.945
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	400	0.181	0.517	0.337	0.638	1.000	0.945
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	746	0.120	0.422	0.302	0.325	1.000	0.945
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	748	0.191	0.495	0.304	0.575	1.000	0.945
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1945	0.110	0.469	0.359	0.460	1.000	0.945
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1093	0.164	0.516	0.352	0.607	1.000	0.945
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	863	0.163	0.616	0.453	0.778	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	529	0.116	0.578	0.462	0.794	1.000	0.945
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	283	0.178	0.543	0.365	0.614	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	216	0.107	0.565	0.458	0.762	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1911	0.161	0.414	0.253	0.283	1.000	0.945
CDH4	chr20	6.13e+07	6.13e+07	450	0.135	0.553	0.418	0.703	1.000	0.945
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1806	0.091	0.451	0.361	0.474	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1894	0.174	0.422	0.248	0.278	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2567	0.139	0.442	0.302	0.407	1.000	0.945
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	459	0.183	0.525	0.342	0.636	1.000	0.945
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	314	0.121	0.525	0.404	0.633	1.000	0.945
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1472	0.156	0.481	0.326	0.512	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	205	0.107	0.581	0.473	0.787	1.000	0.945
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	875	0.133	0.567	0.434	0.680	1.000	0.945
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2958	0.184	0.443	0.260	0.360	1.000	0.945
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	630	0.198	0.540	0.342	0.675	1.000	0.945
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2321	0.112	0.436	0.324	0.360	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	396	0.115	0.574	0.459	0.792	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	587	0.137	0.527	0.390	0.659	1.000	0.945
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	574	0.104	0.527	0.423	0.657	1.000	0.945
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2258	0.112	0.412	0.301	0.292	1.000	0.945
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2766	0.171	0.421	0.250	0.285	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	227	0.108	0.564	0.456	0.762	1.000	0.945
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1681	0.085	0.271	0.186	0.089	1.000	0.945
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	536	0.128	0.556	0.428	0.699	1.000	0.945
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	319	0.107	0.572	0.465	0.694	1.000	0.945
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	285	0.108	0.564	0.457	0.759	1.000	0.945
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	915	0.171	0.525	0.353	0.633	1.000	0.945
CDH4	chr20	6.13e+07	6.13e+07	710	0.121	0.543	0.422	0.764	1.000	0.945
ANO4	chr12	1.01e+08	1.01e+08	591	0.199	0.501	0.302	0.533	1.000	0.945
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2086	0.179	0.394	0.215	0.217	1.000	0.945
CMTM2;CKLF-CMTM1;CMTM1	chr16	6.66e+07	6.66e+07	319	0.195	0.613	0.419	0.808	1.000	0.944

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	262	0.116	0.370	0.254	0.220	1.000	0.944
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1141	0.118	0.411	0.293	0.388	1.000	0.944
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	487	0.178	0.374	0.196	0.215	1.000	0.944
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2011	0.102	0.440	0.338	0.371	1.000	0.944
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	207	0.107	0.581	0.474	0.794	1.000	0.944
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	244	0.127	0.514	0.387	0.638	1.000	0.944
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	377	0.108	0.534	0.426	0.661	1.000	0.944
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	799	0.111	0.475	0.365	0.549	1.000	0.944
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2524	0.139	0.412	0.273	0.308	1.000	0.944
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2930	0.158	0.393	0.235	0.194	1.000	0.944
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1871	0.134	0.450	0.315	0.428	1.000	0.944
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	212	0.146	0.480	0.334	0.498	1.000	0.944
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2350	0.085	0.427	0.342	0.428	1.000	0.944
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	480	0.117	0.575	0.458	0.794	1.000	0.944
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	239	0.146	0.536	0.390	0.647	1.000	0.944
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	226	0.184	0.530	0.346	0.629	1.000	0.944
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	418	0.150	0.497	0.347	0.579	1.000	0.944
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	624	0.120	0.529	0.409	0.647	1.000	0.944
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.75e+06	621	0.084	0.343	0.259	0.173	1.000	0.944
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3185	0.167	0.344	0.177	0.140	1.000	0.944
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1684	0.079	0.252	0.173	0.086	1.000	0.944
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	635	0.176	0.526	0.349	0.610	1.000	0.944
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2497	0.083	0.417	0.334	0.411	1.000	0.944
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	274	0.144	0.513	0.369	0.600	1.000	0.944
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2151	0.110	0.397	0.286	0.255	1.000	0.944
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2675	0.140	0.414	0.273	0.315	1.000	0.944
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	524	0.118	0.574	0.456	0.794	1.000	0.944
TPTEP1	chr22	1.66e+07	1.66e+07	306	0.168	0.502	0.334	0.577	1.000	0.944
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr1	5.69e+06	5.69e+06	893	0.139	0.551	0.412	0.694	1.000	0.944
AC108025.2;LINC01248	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1345	0.124	0.517	0.393	0.629	1.000	0.944
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	218	0.109	0.579	0.470	0.792	1.000	0.944
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	276	0.108	0.578	0.470	0.787	1.000	0.944
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2507	0.081	0.410	0.329	0.390	1.000	0.944
CMTM2;CKLF-CMTM1	chr16	6.66e+07	6.66e+07	324	0.191	0.610	0.419	0.801	1.000	0.944
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	295	0.116	0.477	0.361	0.479	1.000	0.944
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	295	0.110	0.570	0.460	0.783	1.000	0.944
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	361	0.101	0.520	0.419	0.596	1.000	0.944
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2325	0.109	0.417	0.308	0.306	1.000	0.944
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2387	0.172	0.404	0.232	0.236	1.000	0.944

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	206	0.117	0.462	0.345	0.446	1.000	0.944
ASCL4	chr12	1.08e+08	1.08e+08	314	0.125	0.635	0.510	0.799	1.000	0.944
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2906	0.134	0.397	0.262	0.264	1.000	0.944
DLEU7;DLEU7-AS1	chr13	5.08e+07	5.08e+07	461	0.157	0.657	0.500	0.822	1.000	0.944
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	308	0.116	0.572	0.456	0.787	1.000	0.944
SLC12A5	chr20	4.60e+07	4.60e+07	430	0.140	0.437	0.297	0.346	1.000	0.944
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2501	0.147	0.406	0.258	0.276	1.000	0.944
AC108025.2;LINC01248;SIX1	chr15	5.69e+06	5.69e+06	2669	0.136	0.530	0.394	0.640	1.000	0.944
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1687	0.074	0.236	0.162	0.079	1.000	0.944
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	770	0.161	0.568	0.407	0.689	1.000	0.943
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	757	0.093	0.505	0.412	0.563	1.000	0.943
LINC00605	chr14	1.03e+08	1.03e+08	327	0.100	0.529	0.429	0.631	1.000	0.943
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1121	0.144	0.497	0.353	0.575	1.000	0.943
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1563	0.182	0.439	0.257	0.280	1.000	0.943
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1715	0.069	0.223	0.154	0.079	1.000	0.943
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	286	0.110	0.583	0.473	0.797	1.000	0.943
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1447	0.091	0.349	0.258	0.180	1.000	0.943
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	417	0.112	0.397	0.285	0.262	1.000	0.943
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2652	0.148	0.408	0.260	0.299	1.000	0.943
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	373	0.114	0.529	0.415	0.647	1.000	0.943
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2284	0.109	0.394	0.285	0.257	1.000	0.943
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1572	0.176	0.413	0.237	0.243	1.000	0.943
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	303	0.103	0.394	0.291	0.348	1.000	0.943
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1112	0.135	0.494	0.359	0.512	1.000	0.943
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	359	0.118	0.569	0.451	0.785	1.000	0.943
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	366	0.125	0.585	0.461	0.694	1.000	0.943
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1600	0.163	0.459	0.296	0.479	1.000	0.943
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1770	0.084	0.337	0.253	0.171	1.000	0.943
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2960	0.188	0.448	0.261	0.376	1.000	0.943
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1129	0.099	0.456	0.357	0.505	1.000	0.943
LINC01435	chr10	1.08e+08	1.08e+08	329	0.110	0.546	0.436	0.664	1.000	0.943
NOL4	chr18	3.42e+07	3.42e+07	222	0.099	0.580	0.480	0.769	1.000	0.943
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	299	0.117	0.585	0.468	0.799	1.000	0.943
KCNC3;NR1H2	chr19	5.03e+07	5.03e+07	635	0.130	0.536	0.406	0.629	1.000	0.943
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	605	0.116	0.560	0.444	0.668	1.000	0.943
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1530	0.149	0.470	0.322	0.495	1.000	0.943
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	414	0.132	0.409	0.277	0.255	1.000	0.943
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	438	0.083	0.313	0.230	0.147	1.000	0.943

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	628	0.105	0.523	0.418	0.621	1.000	0.943
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2883	0.141	0.390	0.249	0.236	1.000	0.943
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2564	0.080	0.406	0.326	0.381	1.000	0.943
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.37e+05	7.37e+05	466	0.088	0.449	0.362	0.446	1.000	0.943
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2433	0.155	0.397	0.242	0.245	1.000	0.943
PDX1	chr13	2.79e+07	2.79e+07	335	0.118	0.428	0.310	0.369	1.000	0.943
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	742	0.133	0.492	0.359	0.523	1.000	0.943
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	267	0.141	0.570	0.429	0.685	1.000	0.943
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.75e+06	480	0.100	0.396	0.296	0.273	1.000	0.943
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	208	0.112	0.587	0.475	0.811	1.000	0.943
DLEU7;DLEU7-AS1	chr13	5.08e+07	5.08e+07	455	0.144	0.654	0.509	0.825	1.000	0.943
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	465	0.110	0.496	0.386	0.570	1.000	0.943
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	594	0.112	0.464	0.352	0.481	1.000	0.943
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2946	0.159	0.409	0.249	0.250	1.000	0.943
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2416	0.167	0.403	0.237	0.245	1.000	0.943
CTC-543D15.3;ZNF560	chr19	9.50e+06	9.50e+06	206	0.113	0.370	0.256	0.215	1.000	0.943
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2351	0.107	0.399	0.292	0.276	1.000	0.943
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	350	0.119	0.581	0.462	0.799	1.000	0.943
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	348	0.123	0.537	0.414	0.572	1.000	0.942
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	338	0.044	0.400	0.356	0.353	1.000	0.942
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	266	0.111	0.585	0.475	0.806	1.000	0.942
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	625	0.090	0.380	0.290	0.278	1.000	0.942
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2152	0.163	0.427	0.264	0.332	1.000	0.942
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	443	0.120	0.571	0.451	0.787	1.000	0.942
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1719	0.066	0.213	0.147	0.079	1.000	0.942
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1231	0.101	0.384	0.283	0.262	1.000	0.942
AC108025.2;LINC011	chr2	5.69e+06	5.69e+06	2850	0.135	0.534	0.399	0.647	1.000	0.942
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	487	0.121	0.570	0.449	0.790	1.000	0.942
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	364	0.127	0.529	0.402	0.652	1.000	0.942
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1529	0.157	0.418	0.261	0.369	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2538	0.170	0.406	0.236	0.252	1.000	0.942
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1604	0.141	0.449	0.308	0.439	1.000	0.942
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.75e+06	683	0.096	0.390	0.293	0.273	1.000	0.942
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	614	0.186	0.562	0.376	0.710	1.000	0.942
RIC3;RP11-379P15.1	chr11	8.17e+06	8.17e+06	346	0.114	0.481	0.367	0.533	1.000	0.942
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2568	0.079	0.401	0.322	0.374	1.000	0.942
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1554	0.095	0.474	0.379	0.526	1.000	0.942

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	651	0.098	0.521	0.423	0.624	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1398	0.106	0.475	0.370	0.544	1.000	0.942
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	227	0.109	0.469	0.360	0.463	1.000	0.942
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	644	0.111	0.542	0.431	0.654	1.000	0.942
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	578	0.129	0.408	0.279	0.304	1.000	0.942
ONECUT2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	833	0.134	0.485	0.351	0.514	1.000	0.942
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1103	0.081	0.491	0.411	0.561	1.000	0.942
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1146	0.162	0.484	0.322	0.479	1.000	0.942
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	377	0.114	0.529	0.414	0.554	1.000	0.942
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	369	0.172	0.533	0.361	0.643	1.000	0.942
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	259	0.103	0.533	0.430	0.596	1.000	0.942
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	570	0.109	0.528	0.420	0.650	1.000	0.942
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1053	0.147	0.562	0.415	0.680	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2584	0.155	0.400	0.245	0.245	1.000	0.942
LINC01435	chr10	1.08e+08	1.08e+08	438	0.125	0.558	0.433	0.685	1.000	0.942
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	276	0.113	0.590	0.477	0.820	1.000	0.942
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	587	0.073	0.336	0.263	0.203	1.000	0.942
CTC-467M3.1;LINC00461	chr5	8.87e+07	8.87e+07	202	0.193	0.585	0.392	0.750	1.000	0.942
TBX5;TBX5-AS1	chr12	1.14e+08	1.14e+08	345	0.100	0.478	0.378	0.521	1.000	0.942
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	510	0.147	0.459	0.312	0.428	1.000	0.942
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	1160	0.129	0.469	0.340	0.500	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2769	0.160	0.385	0.225	0.208	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2567	0.165	0.406	0.240	0.262	1.000	0.942
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	530	0.057	0.412	0.355	0.381	1.000	0.942
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	434	0.121	0.582	0.461	0.801	1.000	0.942
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	282	0.111	0.483	0.373	0.523	1.000	0.942
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1814	0.063	0.204	0.140	0.077	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2237	0.176	0.398	0.222	0.234	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	719	0.090	0.497	0.408	0.586	1.000	0.942
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1862	0.096	0.458	0.361	0.493	1.000	0.942
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	557	0.082	0.495	0.413	0.528	1.000	0.942
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	230	0.094	0.426	0.332	0.388	1.000	0.942
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1389	0.113	0.465	0.351	0.453	1.000	0.942
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1196	0.100	0.472	0.372	0.544	1.000	0.942
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	479	0.102	0.491	0.389	0.540	1.000	0.942
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	642	0.097	0.391	0.293	0.304	1.000	0.942
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1260	0.076	0.487	0.411	0.556	1.000	0.942
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1442	0.111	0.452	0.341	0.430	1.000	0.941
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2016	0.105	0.421	0.316	0.327	1.000	0.941

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	289	0.120	0.591	0.472	0.822	1.000	0.941
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	287	0.137	0.546	0.408	0.586	1.000	0.941
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2815	0.147	0.382	0.235	0.224	1.000	0.941
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	451	0.169	0.501	0.332	0.516	1.000	0.941
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	249	0.096	0.449	0.354	0.465	1.000	0.941
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	834	0.070	0.334	0.264	0.210	1.000	0.941
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	478	0.122	0.580	0.458	0.804	1.000	0.941
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	922	0.107	0.527	0.420	0.652	1.000	0.941
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2798	0.156	0.386	0.230	0.222	1.000	0.941
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	917	0.061	0.323	0.261	0.229	1.000	0.941
IRF4	chr6	3.93e+05	3.93e+05	556	0.143	0.547	0.404	0.671	1.000	0.941
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	919	0.123	0.530	0.407	0.657	1.000	0.941
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	344	0.115	0.579	0.464	0.717	1.000	0.941
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	456	0.089	0.445	0.356	0.460	1.000	0.941
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1021	0.056	0.318	0.263	0.241	1.000	0.941
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1681	0.084	0.358	0.274	0.215	1.000	0.941
CDH4	chr20	6.13e+07	6.13e+07	608	0.138	0.530	0.391	0.675	1.000	0.941
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	374	0.100	0.358	0.258	0.227	1.000	0.941
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	479	0.192	0.530	0.338	0.645	1.000	0.941
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2647	0.079	0.400	0.321	0.374	1.000	0.941
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	316	0.124	0.534	0.409	0.563	1.000	0.941
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	341	0.137	0.596	0.459	0.745	1.000	0.941
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	340	0.121	0.587	0.465	0.822	1.000	0.941
PFN3	chr5	1.77e+08	1.77e+08	537	0.172	0.598	0.426	0.727	1.000	0.941
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1510	0.132	0.418	0.287	0.388	1.000	0.941
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	720	0.108	0.378	0.270	0.208	1.000	0.941
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	704	0.101	0.487	0.386	0.558	1.000	0.941
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1131	0.106	0.472	0.366	0.542	1.000	0.941
DLEU7;DLEU7-AS1	chr13	5.08e+07	5.08e+07	238	0.161	0.647	0.486	0.806	1.000	0.941
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr15	5.69e+06	5.69e+06	2053	0.121	0.510	0.389	0.603	1.000	0.941
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	876	0.101	0.482	0.381	0.537	1.000	0.941
PFN3	chr5	1.77e+08	1.77e+08	306	0.109	0.574	0.465	0.692	1.000	0.941
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1925	0.165	0.417	0.253	0.299	1.000	0.941
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	642	0.185	0.556	0.372	0.675	1.000	0.941
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	900	0.090	0.449	0.359	0.442	1.000	0.941
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1508	0.102	0.421	0.320	0.325	1.000	0.941
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2468	0.164	0.375	0.211	0.189	1.000	0.941
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1066	0.099	0.488	0.389	0.565	1.000	0.940
DLEU7;DLEU7-AS1	chr13	5.08e+07	5.08e+07	244	0.172	0.652	0.480	0.808	1.000	0.940
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	424	0.123	0.587	0.464	0.822	1.000	0.940
SLC12A5	chr20	4.60e+07	4.60e+07	428	0.134	0.430	0.295	0.320	1.000	0.940
PFN3	chr5	1.77e+08	1.77e+08	280	0.146	0.623	0.476	0.757	0.978	0.940
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1455	0.103	0.429	0.326	0.348	1.000	0.940
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	598	0.078	0.309	0.231	0.143	1.000	0.940

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	548	0.110	0.514	0.404	0.589	1.000	0.940
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	484	0.168	0.515	0.347	0.593	1.000	0.940
RP4-668J24.2	chr6	1.38e+06	1.38e+06	215	0.072	0.391	0.319	0.327	1.000	0.940
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	1083	0.177	0.604	0.427	0.759	1.000	0.940
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	223	0.115	0.539	0.424	0.703	1.000	0.940
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	763	0.078	0.308	0.230	0.138	1.000	0.940
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	555	0.194	0.463	0.268	0.437	1.000	0.940
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	432	0.124	0.430	0.306	0.386	1.000	0.940
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	1043	0.106	0.488	0.382	0.554	1.000	0.940
OTX1	chr2	6.31e+07	6.31e+07	312	0.184	0.672	0.488	0.876	1.000	0.940
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	777	0.199	0.548	0.349	0.668	1.000	0.940
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	468	0.125	0.586	0.461	0.822	1.000	0.940
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	635	0.092	0.463	0.370	0.477	1.000	0.940
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	592	0.181	0.421	0.241	0.278	1.000	0.940
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	1066	0.114	0.507	0.393	0.600	1.000	0.940
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2020	0.102	0.398	0.296	0.273	1.000	0.940
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1699	0.180	0.398	0.218	0.222	1.000	0.940
DPP6	chr7	1.54e+08	1.54e+08	207	0.158	0.530	0.372	0.647	1.000	0.940
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	349	0.124	0.384	0.260	0.271	1.000	0.940
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	263	0.169	0.525	0.356	0.565	1.000	0.940
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	566	0.114	0.524	0.410	0.645	1.000	0.940
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	803	0.063	0.287	0.224	0.114	1.000	0.940
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1465	0.091	0.389	0.297	0.306	1.000	0.940
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	785	0.103	0.434	0.331	0.432	1.000	0.940
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	766	0.116	0.505	0.390	0.561	1.000	0.940
AC018730.4;LINC01159	chr11	1.05e+08	1.05e+08	219	0.160	0.372	0.213	0.185	1.000	0.940
13J10.1										
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	3373	0.169	0.349	0.180	0.145	1.000	0.940
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	427	0.135	0.556	0.421	0.689	1.000	0.940
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	892	0.068	0.264	0.196	0.084	1.000	0.940
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	260	0.105	0.368	0.263	0.245	1.000	0.940
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	254	0.185	0.611	0.425	0.773	1.000	0.940
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1896	0.103	0.430	0.327	0.444	1.000	0.940
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	261	0.185	0.515	0.331	0.603	1.000	0.939
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	256	0.113	0.555	0.442	0.652	1.000	0.939
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	809	0.121	0.489	0.368	0.533	1.000	0.939
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	620	0.116	0.547	0.432	0.699	1.000	0.939
TPTEP1	chr22	1.66e+07	1.66e+07	777	0.109	0.428	0.320	0.339	1.000	0.939
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	848	0.146	0.527	0.381	0.654	1.000	0.939
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	1037	0.104	0.411	0.307	0.374	1.000	0.939
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	1040	0.118	0.484	0.366	0.530	1.000	0.939
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	1071	0.158	0.573	0.415	0.696	1.000	0.939

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	600	0.119	0.388	0.269	0.292	1.000	0.939
PRDM16	chr1	3.25e+06	3.25e+06	253	0.104	0.467	0.363	0.509	1.000	0.939
TPTEP1	chr22	1.66e+07	1.66e+07	696	0.124	0.442	0.319	0.390	1.000	0.939
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	270	0.173	0.614	0.441	0.792	1.000	0.939
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	438	0.087	0.331	0.244	0.201	1.000	0.939
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	378	0.161	0.483	0.322	0.549	1.000	0.939
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	619	0.146	0.580	0.434	0.734	1.000	0.939
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.75e+06	731	0.088	0.357	0.269	0.215	1.000	0.939
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	1528	0.101	0.450	0.349	0.421	1.000	0.939
ASCL4	chr12	1.08e+08	1.08e+08	347	0.165	0.635	0.469	0.792	1.000	0.939
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	776	0.084	0.482	0.398	0.549	1.000	0.939
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	331	0.087	0.517	0.430	0.624	1.000	0.939
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	393	0.089	0.312	0.223	0.136	1.000	0.939
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1280	0.189	0.459	0.270	0.388	1.000	0.939
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	224	0.140	0.538	0.398	0.605	1.000	0.939
SNTG1	chr8	4.99e+07	4.99e+07	421	0.147	0.520	0.374	0.596	1.000	0.939
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	832	0.145	0.496	0.351	0.551	1.000	0.939
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	226	0.190	0.547	0.357	0.675	1.000	0.939
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	306	0.127	0.521	0.394	0.584	1.000	0.939
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	435	0.111	0.502	0.392	0.540	1.000	0.939
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	300	0.069	0.561	0.492	0.731	1.000	0.939
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2954	0.170	0.413	0.243	0.252	1.000	0.939
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	986	0.086	0.376	0.290	0.271	1.000	0.939
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	758	0.181	0.512	0.331	0.629	1.000	0.939
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	736	0.092	0.487	0.394	0.565	1.000	0.939
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	201	0.136	0.492	0.356	0.551	1.000	0.938
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	672	0.106	0.368	0.262	0.280	1.000	0.938
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	504	0.113	0.371	0.258	0.210	1.000	0.938
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	534	0.089	0.341	0.252	0.199	1.000	0.938
IRF4	chr6	3.93e+05	3.93e+05	685	0.106	0.511	0.406	0.575	1.000	0.938
RIC3;RP11-379P15.1	chr11	8.17e+06	8.17e+06	339	0.136	0.455	0.319	0.449	1.000	0.938
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	234	0.057	0.573	0.515	0.745	1.000	0.938
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	2046	0.100	0.378	0.277	0.248	1.000	0.938
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2762	0.149	0.374	0.225	0.175	1.000	0.938
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1822	0.194	0.395	0.201	0.243	1.000	0.938
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	646	0.121	0.538	0.417	0.650	1.000	0.938
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	610	0.178	0.570	0.391	0.661	1.000	0.938
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1332	0.134	0.388	0.254	0.292	1.000	0.938
OPCML	chr11	1.33e+08	1.33e+08	644	0.079	0.434	0.355	0.444	1.000	0.938
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	902	0.088	0.448	0.360	0.456	1.000	0.938
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1108	0.183	0.493	0.309	0.523	1.000	0.938

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	432	0.188	0.443	0.255	0.355	1.000	0.938
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	708	0.113	0.474	0.361	0.507	1.000	0.938
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	1525	0.111	0.441	0.330	0.386	1.000	0.938
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	940	0.153	0.523	0.370	0.600	1.000	0.938
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	2163	0.155	0.463	0.308	0.451	1.000	0.938
TPTEP1	chr22	1.66e+07	1.66e+07	626	0.124	0.417	0.293	0.231	1.000	0.938
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	434	0.135	0.567	0.432	0.717	1.000	0.938
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr5	5.69e+06	5.69e+06	2381	0.138	0.532	0.394	0.645	1.000	0.938
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	821	0.113	0.472	0.359	0.502	1.000	0.938
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	202	0.112	0.589	0.477	0.815	1.000	0.938
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	594	0.170	0.389	0.219	0.159	1.000	0.938
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2679	0.140	0.406	0.265	0.318	1.000	0.937
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	641	0.101	0.343	0.242	0.180	1.000	0.937
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	285	0.125	0.519	0.394	0.547	1.000	0.937
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	969	0.136	0.473	0.336	0.451	1.000	0.937
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	747	0.126	0.487	0.362	0.549	1.000	0.937
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2956	0.175	0.421	0.245	0.294	1.000	0.937
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	374	0.119	0.502	0.384	0.549	1.000	0.937
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	924	0.102	0.470	0.368	0.512	1.000	0.937
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	792	0.096	0.530	0.434	0.659	1.000	0.937
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	916	0.082	0.447	0.365	0.465	1.000	0.937
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1966	0.169	0.344	0.175	0.129	1.000	0.937
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	990	0.113	0.502	0.388	0.589	1.000	0.937
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	428	0.151	0.516	0.365	0.629	1.000	0.937
POU4F2;AC093887.1	chr4	1.47e+08	1.47e+08	639	0.110	0.452	0.342	0.430	1.000	0.937
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	929	0.077	0.435	0.358	0.425	1.000	0.937
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	535	0.102	0.483	0.380	0.519	1.000	0.937
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	212	0.114	0.594	0.480	0.825	1.000	0.937
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	567	0.165	0.339	0.175	0.168	1.000	0.937
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	441	0.127	0.575	0.448	0.738	1.000	0.937
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	1062	0.120	0.505	0.386	0.593	1.000	0.937
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	979	0.090	0.368	0.278	0.231	1.000	0.937
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2184	0.087	0.345	0.258	0.196	1.000	0.937
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	505	0.120	0.585	0.466	0.759	1.000	0.937
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1755	0.161	0.421	0.260	0.343	1.000	0.937
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	469	0.173	0.398	0.225	0.203	1.000	0.937
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1979	0.101	0.427	0.326	0.437	1.000	0.937
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1968	0.098	0.457	0.359	0.491	1.000	0.937
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	578	0.132	0.478	0.346	0.512	1.000	0.937

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	660	0.093	0.327	0.235	0.180	1.000	0.937
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	994	0.175	0.559	0.384	0.682	1.000	0.937
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	711	0.198	0.405	0.207	0.245	1.000	0.937
LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	374	0.111	0.345	0.234	0.133	1.000	0.937
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1868	0.170	0.427	0.256	0.325	1.000	0.937
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	324	0.069	0.562	0.494	0.738	1.000	0.937
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	225	0.121	0.595	0.474	0.827	1.000	0.937
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	980	0.141	0.534	0.393	0.659	1.000	0.937
HOXC13	chr12	5.39e+07	5.39e+07	231	0.104	0.379	0.276	0.269	1.000	0.937
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	276	0.123	0.590	0.467	0.825	1.000	0.937
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1513	0.106	0.402	0.296	0.294	1.000	0.936
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	953	0.133	0.436	0.302	0.383	1.000	0.936
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	591	0.087	0.406	0.319	0.350	1.000	0.936
BARHL2	chr1	9.07e+07	9.07e+07	594	0.128	0.507	0.380	0.589	1.000	0.936
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	526	0.145	0.571	0.426	0.678	1.000	0.936
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	404	0.126	0.588	0.462	0.827	1.000	0.936
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1464	0.195	0.423	0.228	0.276	1.000	0.936
AC108025.2;LINC01	chr2	5.69e+06	5.69e+06	2562	0.137	0.537	0.400	0.657	1.000	0.936
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1932	0.153	0.410	0.257	0.299	1.000	0.936
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	371	0.143	0.486	0.343	0.514	1.000	0.936
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	863	0.106	0.466	0.360	0.514	1.000	0.936
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	524	0.092	0.513	0.421	0.629	1.000	0.936
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	895	0.176	0.515	0.339	0.640	1.000	0.936
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	378	0.190	0.465	0.275	0.453	1.000	0.936
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	360	0.125	0.590	0.465	0.827	1.000	0.936
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	553	0.082	0.307	0.225	0.126	1.000	0.936
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1434	0.195	0.405	0.210	0.224	1.000	0.936
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	765	0.094	0.487	0.393	0.568	1.000	0.936
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	241	0.080	0.435	0.356	0.397	1.000	0.936
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	1454	0.125	0.424	0.300	0.327	1.000	0.936
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	554	0.099	0.462	0.362	0.498	1.000	0.936
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	792	0.100	0.415	0.315	0.402	1.000	0.936
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	363	0.071	0.565	0.494	0.750	1.000	0.936
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	934	0.076	0.441	0.365	0.453	1.000	0.936
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	205	0.112	0.587	0.475	0.815	1.000	0.936
OTX2-AS1;RP11-1085N6.5	chr14	5.68e+07	5.68e+07	310	0.121	0.444	0.322	0.418	1.000	0.936
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	565	0.152	0.518	0.367	0.640	1.000	0.936
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	269	0.122	0.584	0.462	0.815	1.000	0.936
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1264	0.082	0.485	0.403	0.554	1.000	0.936
TMEM132D	chr12	1.30e+08	1.30e+08	338	0.118	0.423	0.306	0.367	1.000	0.936
CTC-512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	249	0.073	0.446	0.373	0.460	1.000	0.936
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	916	0.123	0.520	0.397	0.645	1.000	0.936

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1383	0.136	0.468	0.333	0.477	1.000	0.936
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	258	0.059	0.572	0.513	0.745	1.000	0.936
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2095	0.087	0.364	0.277	0.243	1.000	0.933
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	474	0.108	0.480	0.372	0.519	1.000	0.936
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	452	0.063	0.489	0.427	0.514	1.000	0.936
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	819	0.155	0.598	0.443	0.708	1.000	0.936
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	268	0.138	0.570	0.432	0.717	1.000	0.935
CTD- 2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	1081	0.107	0.492	0.385	0.584	1.000	0.935
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	218	0.120	0.589	0.469	0.820	1.000	0.935
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	407	0.177	0.508	0.331	0.535	1.000	0.935
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	254	0.181	0.498	0.317	0.502	1.000	0.935
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	879	0.102	0.479	0.378	0.554	1.000	0.935
CTC- 512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	202	0.081	0.437	0.356	0.430	1.000	0.935
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	353	0.125	0.585	0.460	0.822	1.000	0.935
CTC- 512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	262	0.066	0.425	0.359	0.409	1.000	0.935
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	272	0.066	0.554	0.487	0.738	1.000	0.935
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1460	0.107	0.407	0.300	0.315	1.000	0.935
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	262	0.136	0.330	0.194	0.084	1.000	0.935
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	397	0.126	0.583	0.457	0.820	1.000	0.935
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1982	0.095	0.453	0.357	0.488	1.000	0.935
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	276	0.159	0.506	0.347	0.540	1.000	0.935
RP11-573G6.4	chr10	2.23e+07	2.23e+07	583	0.119	0.413	0.294	0.283	1.000	0.935
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	990	0.177	0.369	0.192	0.154	1.000	0.935
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1473	0.187	0.396	0.210	0.231	1.000	0.935
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	616	0.100	0.468	0.368	0.472	1.000	0.935
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	302	0.130	0.493	0.363	0.551	1.000	0.935
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	207	0.061	0.570	0.509	0.752	1.000	0.935
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	314	0.112	0.511	0.399	0.542	1.000	0.935
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	341	0.072	0.493	0.421	0.540	1.000	0.935
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	297	0.064	0.571	0.507	0.764	1.000	0.935
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1579	0.160	0.416	0.256	0.350	1.000	0.935
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	1058	0.126	0.498	0.373	0.579	1.000	0.935
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	1438	0.120	0.385	0.265	0.276	1.000	0.935
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	331	0.073	0.561	0.488	0.745	1.000	0.935
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	461	0.121	0.423	0.302	0.397	1.000	0.935
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	318	0.145	0.488	0.343	0.509	1.000	0.935
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	859	0.168	0.435	0.267	0.322	1.000	0.935
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	249	0.122	0.576	0.454	0.797	1.000	0.935
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	778	0.076	0.460	0.384	0.537	1.000	0.935
CTD- 2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	1092	0.100	0.490	0.390	0.596	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	247	0.122	0.577	0.455	0.794	1.000	0.934
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1517	0.102	0.379	0.276	0.259	1.000	0.934

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	385	0.195	0.598	0.403	0.722	1.000	0.934
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	573	0.061	0.514	0.453	0.591	1.000	0.934
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	246	0.066	0.570	0.504	0.766	1.000	0.934
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	971	0.112	0.474	0.361	0.547	1.000	0.934
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	343	0.118	0.501	0.383	0.530	1.000	0.934
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	765	0.193	0.532	0.339	0.629	1.000	0.934
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	284	0.077	0.543	0.466	0.727	1.000	0.934
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1091	0.131	0.482	0.351	0.491	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	217	0.148	0.583	0.435	0.827	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	228	0.142	0.584	0.442	0.829	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	243	0.126	0.575	0.449	0.787	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	375	0.126	0.577	0.451	0.806	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	333	0.124	0.578	0.453	0.804	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	377	0.126	0.576	0.450	0.806	1.000	0.934
AJAP1	chr1	4.65e+06	4.65e+06	542	0.083	0.526	0.442	0.654	1.000	0.934
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	473	0.140	0.523	0.383	0.624	1.000	0.934
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	609	0.058	0.451	0.393	0.432	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	371	0.130	0.575	0.445	0.804	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	331	0.125	0.579	0.454	0.801	1.000	0.934
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	1109	0.113	0.510	0.397	0.584	1.000	0.934
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	883	0.192	0.474	0.282	0.453	1.000	0.934
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	554	0.062	0.497	0.436	0.549	1.000	0.934
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	669	0.110	0.514	0.405	0.640	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	261	0.147	0.579	0.432	0.827	1.000	0.934
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	431	0.159	0.477	0.317	0.458	1.000	0.934
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	490	0.135	0.431	0.296	0.374	1.000	0.934
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1010	0.081	0.361	0.280	0.283	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	272	0.142	0.580	0.438	0.829	1.000	0.934
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	1007	0.114	0.505	0.392	0.636	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	327	0.129	0.577	0.448	0.801	1.000	0.934
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	493	0.104	0.456	0.352	0.500	1.000	0.934
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1262	0.198	0.446	0.248	0.374	1.000	0.934
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	240	0.128	0.568	0.440	0.771	1.000	0.934
RP4-753D10.3;SSTR4	chr20	2.30e+07	2.30e+07	410	0.197	0.629	0.433	0.825	1.000	0.934
GPR25	chr1	2.01e+08	2.01e+08	328	0.169	0.384	0.215	0.231	1.000	0.934
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	471	0.162	0.364	0.202	0.103	1.000	0.934
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	369	0.124	0.375	0.252	0.264	1.000	0.934
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	478	0.103	0.405	0.302	0.371	1.000	0.934
CCDC140;PAX3	chr2	2.22e+08	2.22e+08	237	0.176	0.516	0.340	0.584	1.000	0.934
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1276	0.166	0.521	0.354	0.591	1.000	0.934
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	295	0.078	0.469	0.391	0.479	1.000	0.934

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	749	0.101	0.497	0.396	0.579	1.000	0.934
RP5-850E9.3;SCRT2	chr20	6.63e+05	6.65e+05	1119	0.166	0.424	0.258	0.393	1.000	0.934
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	265	0.066	0.569	0.503	0.748	1.000	0.934
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2481	0.141	0.400	0.259	0.311	1.000	0.934
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	534	0.115	0.450	0.335	0.458	1.000	0.934
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	374	0.117	0.451	0.334	0.458	1.000	0.933
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.38e+05	7.39e+05	1309	0.071	0.338	0.267	0.206	1.000	0.933
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	303	0.061	0.440	0.379	0.421	1.000	0.933
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	428	0.073	0.563	0.490	0.745	1.000	0.933
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	666	0.165	0.612	0.446	0.720	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	203	0.150	0.583	0.432	0.839	1.000	0.933
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	782	0.140	0.545	0.405	0.647	1.000	0.933
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1994	0.094	0.449	0.354	0.477	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	324	0.131	0.570	0.440	0.778	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	368	0.132	0.569	0.437	0.778	1.000	0.933
RP11-575F12.2;RP11-575F12.3	chr12	1.27e+08	1.27e+08	263	0.093	0.498	0.405	0.528	1.000	0.933
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	214	0.190	0.649	0.459	0.759	1.000	0.933
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1879	0.094	0.393	0.298	0.320	1.000	0.933
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	387	0.112	0.366	0.254	0.294	1.000	0.933
CACNA1A	chr19	1.35e+07	1.35e+07	221	0.099	0.468	0.369	0.514	1.000	0.933
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	282	0.182	0.540	0.358	0.643	1.000	0.933
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	592	0.172	0.507	0.336	0.563	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	230	0.143	0.589	0.446	0.836	1.000	0.933
TFAP2D	chr6	5.07e+07	5.07e+07	222	0.113	0.511	0.398	0.575	1.000	0.933
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	555	0.062	0.435	0.373	0.428	1.000	0.933
CTC-512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	309	0.078	0.440	0.362	0.437	1.000	0.933
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1464	0.103	0.380	0.277	0.266	1.000	0.933
CTD-2619J13.19;ZNF132	chr19	5.84e+07	5.84e+07	239	0.074	0.521	0.448	0.638	1.000	0.933
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	225	0.110	0.516	0.406	0.666	1.000	0.933
CTD-2012M11.3;IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	450	0.180	0.536	0.356	0.645	1.000	0.933
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1252	0.181	0.523	0.342	0.584	1.000	0.933
GPR149	chr3	1.54e+08	1.54e+08	307	0.092	0.427	0.335	0.364	1.000	0.933
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	762	0.170	0.518	0.348	0.643	1.000	0.933
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	573	0.082	0.445	0.364	0.491	1.000	0.933
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	775	0.164	0.494	0.331	0.516	1.000	0.933
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	724	0.126	0.459	0.332	0.456	1.000	0.933
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	384	0.068	0.407	0.339	0.383	1.000	0.933

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	362	0.089	0.411	0.321	0.350	1.000	0.933
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	237	0.135	0.489	0.354	0.535	1.000	0.933
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1286	0.088	0.483	0.395	0.554	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	274	0.143	0.585	0.442	0.834	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	341	0.136	0.578	0.441	0.806	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	213	0.133	0.578	0.445	0.792	1.000	0.933
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	893	0.114	0.451	0.336	0.442	1.000	0.933
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	798	0.128	0.462	0.335	0.467	1.000	0.933
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	612	0.102	0.476	0.375	0.547	1.000	0.933
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	610	0.094	0.459	0.366	0.516	1.000	0.933
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	279	0.145	0.585	0.439	0.829	1.000	0.933
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	214	0.069	0.567	0.498	0.752	1.000	0.933
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1830	0.157	0.407	0.250	0.306	1.000	0.933
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	325	0.093	0.500	0.407	0.584	1.000	0.933
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.37e+05	7.37e+05	458	0.074	0.439	0.365	0.442	1.000	0.933
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	462	0.185	0.577	0.392	0.759	1.000	0.933
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	967	0.117	0.455	0.338	0.449	1.000	0.932
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	297	0.136	0.580	0.444	0.801	1.000	0.932
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	505	0.193	0.571	0.378	0.696	1.000	0.932
SOX9-AS1	chr17	7.21e+07	7.21e+07	274	0.069	0.442	0.373	0.449	1.000	0.932
CTC-512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	314	0.083	0.454	0.371	0.465	1.000	0.932
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1543	0.100	0.359	0.258	0.227	1.000	0.932
OR2I1P	chr6	2.96e+07	2.96e+07	235	0.145	0.588	0.443	0.832	1.000	0.932
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	730	0.058	0.483	0.425	0.526	1.000	0.932
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	1018	0.104	0.500	0.397	0.631	1.000	0.932
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	914	0.105	0.426	0.322	0.379	1.000	0.932
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	589	0.059	0.521	0.462	0.600	1.000	0.932
SNTG1	chr8	4.99e+07	4.99e+07	326	0.139	0.515	0.376	0.577	1.000	0.932
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	385	0.186	0.517	0.331	0.575	1.000	0.932
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	406	0.114	0.470	0.356	0.495	1.000	0.932
TMC2	chr20	2.56e+06	2.56e+06	351	0.184	0.485	0.300	0.477	1.000	0.932
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	947	0.081	0.444	0.364	0.456	1.000	0.932
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	711	0.058	0.464	0.406	0.467	1.000	0.932
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1329	0.162	0.607	0.445	0.717	1.000	0.932
RUSC1;RUSC1-AS1	chr1	1.55e+08	1.55e+08	348	0.159	0.570	0.411	0.769	1.000	0.932
RUSC1;RUSC1-AS1	chr1	1.55e+08	1.55e+08	355	0.146	0.570	0.423	0.757	1.000	0.932
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1996	0.092	0.444	0.352	0.474	1.000	0.932
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	539	0.193	0.492	0.299	0.493	1.000	0.932
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	745	0.113	0.462	0.349	0.484	1.000	0.932
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	498	0.063	0.444	0.380	0.421	1.000	0.932

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	311	0.070	0.568	0.498	0.769	1.000	0.932
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	569	0.086	0.432	0.346	0.449	1.000	0.932
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	362	0.068	0.569	0.501	0.764	1.000	0.932
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	270	0.155	0.570	0.415	0.741	1.000	0.932
CTD- 2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	608	0.101	0.442	0.341	0.430	1.000	0.932
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	576	0.129	0.476	0.346	0.509	1.000	0.932
OPCML	chr11	1.33e+08	1.33e+08	555	0.089	0.450	0.361	0.493	1.000	0.932
CSMD3	chr8	1.13e+08	1.13e+08	226	0.108	0.464	0.356	0.477	1.000	0.932
OPCML	chr11	1.33e+08	1.33e+08	257	0.103	0.586	0.482	0.713	1.000	0.932
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	525	0.129	0.410	0.281	0.374	1.000	0.932
CTD- 2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	214	0.134	0.530	0.396	0.640	1.000	0.932
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	813	0.092	0.516	0.424	0.629	1.000	0.932
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	546	0.095	0.422	0.327	0.428	1.000	0.932
SNTG1	chr8	4.99e+07	4.99e+07	237	0.153	0.542	0.389	0.621	1.000	0.932
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2606	0.141	0.403	0.262	0.318	1.000	0.931
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	1175	0.126	0.538	0.412	0.680	1.000	0.931
SATB2;SATB2- AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1921	0.138	0.362	0.223	0.154	1.000	0.931
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	382	0.068	0.402	0.334	0.364	1.000	0.931
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	307	0.129	0.562	0.433	0.692	1.000	0.931
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	450	0.076	0.311	0.235	0.182	1.000	0.931
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	432	0.142	0.522	0.381	0.647	1.000	0.931
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	311	0.110	0.549	0.438	0.666	1.000	0.931
CTC- 512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	350	0.080	0.463	0.384	0.498	1.000	0.931
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1956	0.183	0.381	0.199	0.192	1.000	0.931
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	662	0.150	0.579	0.429	0.694	1.000	0.931
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	478	0.074	0.489	0.415	0.540	1.000	0.931
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	446	0.093	0.493	0.400	0.584	1.000	0.931
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1026	0.060	0.318	0.258	0.238	1.000	0.931
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	689	0.065	0.478	0.413	0.507	1.000	0.931
PTPRF	chr1	4.36e+07	4.36e+07	518	0.160	0.643	0.483	0.836	1.000	0.931
PTPRF	chr1	4.36e+07	4.36e+07	527	0.149	0.631	0.481	0.825	1.000	0.931
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	372	0.108	0.478	0.370	0.528	1.000	0.931
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1109	0.175	0.397	0.222	0.266	1.000	0.931
AJAP1	chr1	4.65e+06	4.65e+06	567	0.102	0.521	0.419	0.643	1.000	0.931
CACNA1E	chr1	1.81e+08	1.81e+08	345	0.171	0.506	0.334	0.582	1.000	0.931
IRF4	chr6	3.93e+05	3.94e+05	1062	0.097	0.483	0.386	0.530	1.000	0.931
IRF4	chr6	3.92e+05	3.94e+05	1486	0.105	0.487	0.382	0.537	1.000	0.931
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	746	0.057	0.493	0.436	0.537	1.000	0.931
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	201	0.132	0.501	0.369	0.610	1.000	0.931
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1490	0.101	0.358	0.258	0.224	1.000	0.931
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1362	0.131	0.382	0.251	0.278	1.000	0.931
HTR1A;RP11- 158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	375	0.116	0.366	0.251	0.278	1.000	0.931

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	802	0.100	0.407	0.306	0.381	1.000	0.930
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1077	0.078	0.446	0.368	0.465	1.000	0.930
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	334	0.101	0.542	0.441	0.647	1.000	0.930
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	278	0.101	0.568	0.468	0.745	1.000	0.930
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	290	0.102	0.557	0.455	0.731	1.000	0.930
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	1304	0.107	0.518	0.411	0.617	1.000	0.930
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	853	0.150	0.546	0.396	0.659	1.000	0.930
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	612	0.174	0.523	0.349	0.584	1.000	0.930
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	306	0.188	0.445	0.256	0.393	1.000	0.930
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1838	0.156	0.586	0.429	0.694	1.000	0.930
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2408	0.131	0.388	0.257	0.299	1.000	0.930
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	810	0.063	0.499	0.436	0.565	1.000	0.930
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	391	0.089	0.330	0.241	0.121	1.000	0.930
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	402	0.091	0.512	0.421	0.607	1.000	0.930
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	542	0.175	0.614	0.440	0.750	1.000	0.930
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	604	0.105	0.372	0.267	0.304	1.000	0.930
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	1347	0.109	0.527	0.418	0.654	1.000	0.930
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	482	0.101	0.495	0.395	0.577	1.000	0.930
LINC01475	chr10	9.95e+07	9.95e+07	394	0.190	0.503	0.313	0.558	1.000	0.930
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	383	0.071	0.484	0.413	0.533	1.000	0.930
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1929	0.077	0.529	0.452	0.638	1.000	0.930
RP11-514D23.1	chr16	8.63e+07	8.63e+07	577	0.116	0.448	0.332	0.460	1.000	0.930
C5orf38	chr5	2.75e+06	2.76e+06	265	0.075	0.373	0.297	0.269	1.000	0.930
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	382	0.094	0.542	0.448	0.675	1.000	0.930
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	383	0.127	0.560	0.432	0.708	1.000	0.930
GPR149	chr3	1.54e+08	1.54e+08	419	0.113	0.424	0.311	0.353	1.000	0.930
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	953	0.080	0.447	0.367	0.467	1.000	0.930
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	1016	0.109	0.485	0.375	0.565	1.000	0.930
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	2086	0.074	0.513	0.438	0.589	1.000	0.930
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	443	0.078	0.465	0.388	0.533	1.000	0.930
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1331	0.092	0.304	0.211	0.168	1.000	0.929
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	791	0.064	0.485	0.422	0.528	1.000	0.929
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2239	0.086	0.347	0.262	0.208	1.000	0.929
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	733	0.159	0.574	0.415	0.692	1.000	0.929
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1728	0.146	0.471	0.325	0.491	1.000	0.929
PTPRF	chr1	4.36e+07	4.36e+07	448	0.169	0.618	0.449	0.827	1.000	0.929
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	305	0.142	0.515	0.373	0.638	1.000	0.929
PTPRF	chr1	4.36e+07	4.36e+07	457	0.152	0.610	0.458	0.808	1.000	0.929
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	474	0.115	0.531	0.417	0.680	1.000	0.929
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	704	0.192	0.585	0.392	0.755	1.000	0.929
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	857	0.078	0.458	0.380	0.530	1.000	0.929
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1850	0.175	0.411	0.236	0.301	1.000	0.929

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	578	0.071	0.478	0.407	0.521	1.000	0.929
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1027	0.076	0.441	0.364	0.449	1.000	0.929
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2105	0.091	0.438	0.347	0.465	1.000	0.929
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	247	0.055	0.597	0.542	0.757	1.000	0.929
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	672	0.101	0.488	0.388	0.584	1.000	0.929
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2107	0.179	0.387	0.208	0.217	1.000	0.929
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	503	0.086	0.572	0.486	0.766	1.000	0.929
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	308	0.081	0.538	0.457	0.650	1.000	0.929
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	518	0.097	0.499	0.402	0.593	1.000	0.929
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2603	0.147	0.411	0.264	0.327	1.000	0.929
RUSC1;RUSC1-AS1	chr1	1.55e+08	1.55e+08	207	0.129	0.531	0.403	0.680	1.000	0.929
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1182	0.079	0.449	0.370	0.474	1.000	0.929
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	602	0.137	0.552	0.415	0.678	1.000	0.929
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	480	0.092	0.479	0.387	0.549	1.000	0.929
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2156	0.089	0.432	0.343	0.456	1.000	0.929
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1237	0.118	0.457	0.339	0.470	1.000	0.929
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1328	0.155	0.468	0.312	0.493	1.000	0.929
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	783	0.144	0.574	0.430	0.673	1.000	0.929
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	529	0.070	0.411	0.340	0.402	1.000	0.929
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	1476	0.096	0.512	0.416	0.605	1.000	0.929
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	857	0.085	0.476	0.391	0.540	1.000	0.929
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	697	0.118	0.543	0.426	0.643	1.000	0.929
CTC-512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	392	0.084	0.478	0.394	0.537	1.000	0.929
ERN2	chr16	2.37e+07	2.37e+07	214	0.188	0.548	0.360	0.673	1.000	0.929
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2337	0.148	0.376	0.229	0.173	1.000	0.929
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	826	0.061	0.506	0.445	0.570	1.000	0.929
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1624	0.166	0.598	0.433	0.706	1.000	0.929
SPRED3	chr19	3.84e+07	3.84e+07	240	0.129	0.648	0.519	0.771	1.000	0.929
RP11-573G6.4	chr10	2.23e+07	2.23e+07	554	0.145	0.326	0.181	0.086	1.000	0.929
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	881	0.075	0.439	0.364	0.437	1.000	0.929
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2161	0.086	0.428	0.342	0.449	1.000	0.929
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	604	0.062	0.425	0.364	0.409	1.000	0.929
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2002	0.159	0.583	0.424	0.689	1.000	0.929
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	724	0.175	0.515	0.340	0.568	1.000	0.928
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	704	0.122	0.453	0.332	0.451	1.000	0.928
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	744	0.108	0.444	0.336	0.409	1.000	0.928
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	304	0.131	0.349	0.218	0.143	1.000	0.928
HCG4P8;HLA-G	chr6	2.98e+07	2.98e+07	228	0.121	0.393	0.271	0.280	1.000	0.928
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	572	0.186	0.504	0.318	0.558	1.000	0.928
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1068	0.128	0.464	0.336	0.484	1.000	0.928
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	209	0.154	0.615	0.460	0.771	1.000	0.928
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	332	0.193	0.523	0.330	0.584	1.000	0.928
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	448	0.077	0.458	0.381	0.484	1.000	0.928

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	2182	0.154	0.472	0.318	0.488	1.000	0.928
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	851	0.093	0.407	0.313	0.374	1.000	0.928
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	803	0.190	0.522	0.332	0.598	1.000	0.928
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	873	0.109	0.445	0.336	0.432	1.000	0.928
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	343	0.171	0.392	0.221	0.189	1.000	0.928
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	2166	0.076	0.519	0.443	0.610	1.000	0.928
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	661	0.180	0.503	0.323	0.554	1.000	0.928
RUSC1;RUSC1-AS1	chr1	1.55e+08	1.55e+08	200	0.138	0.512	0.374	0.647	1.000	0.928
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	331	0.124	0.462	0.338	0.493	1.000	0.928
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	419	0.094	0.498	0.404	0.584	1.000	0.928
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1914	0.154	0.394	0.239	0.287	1.000	0.928
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1600	0.191	0.382	0.191	0.220	1.000	0.928
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2180	0.084	0.425	0.340	0.444	1.000	0.928
HCG4P8;HLA-G	chr6	2.98e+07	2.98e+07	240	0.141	0.446	0.305	0.421	1.000	0.928
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	865	0.155	0.484	0.329	0.491	1.000	0.928
SLC12A5	chr20	4.60e+07	4.60e+07	414	0.134	0.417	0.283	0.308	1.000	0.928
OPCML	chr11	1.33e+08	1.33e+08	388	0.063	0.369	0.306	0.255	1.000	0.928
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	761	0.091	0.465	0.374	0.540	1.000	0.928
HOXC12	chr12	5.40e+07	5.40e+07	463	0.139	0.347	0.208	0.133	1.000	0.928
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	579	0.097	0.407	0.310	0.350	1.000	0.928
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	577	0.150	0.313	0.163	0.152	1.000	0.928
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1370	0.076	0.442	0.365	0.465	1.000	0.928
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	917	0.125	0.474	0.349	0.470	1.000	0.928
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	613	0.181	0.601	0.420	0.757	1.000	0.927
GPR149	chr3	1.54e+08	1.54e+08	281	0.134	0.429	0.295	0.339	1.000	0.927
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1118	0.168	0.370	0.202	0.222	1.000	0.927
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	540	0.105	0.435	0.330	0.446	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	428	0.053	0.510	0.457	0.584	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	249	0.054	0.524	0.471	0.593	1.000	0.927
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2185	0.082	0.421	0.338	0.430	1.000	0.927
ERN2	chr16	2.37e+07	2.37e+07	290	0.136	0.496	0.360	0.549	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	444	0.052	0.519	0.466	0.584	1.000	0.927
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	2338	0.166	0.363	0.197	0.178	1.000	0.927
IRF4	chr6	3.92e+05	3.94e+05	1681	0.101	0.498	0.397	0.556	1.000	0.927
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	345	0.167	0.607	0.439	0.773	1.000	0.927
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1593	0.190	0.392	0.201	0.215	1.000	0.927
ULBP1	chr6	1.50e+08	1.50e+08	297	0.085	0.499	0.413	0.547	1.000	0.927
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	429	0.172	0.601	0.429	0.748	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	238	0.079	0.481	0.402	0.535	1.000	0.927
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	439	0.082	0.453	0.371	0.509	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	307	0.051	0.475	0.424	0.484	1.000	0.927
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	311	0.181	0.617	0.436	0.797	1.000	0.927
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	891	0.116	0.375	0.260	0.318	1.000	0.927
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2150	0.086	0.365	0.279	0.248	1.000	0.927

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MAGI2;MAGI2-AS3	chr7	7.95e+07	7.95e+07	245	0.141	0.531	0.391	0.626	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1206	0.071	0.536	0.465	0.640	1.000	0.927
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	583	0.092	0.505	0.413	0.554	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	233	0.055	0.515	0.460	0.577	1.000	0.927
SQSTM1	chr5	1.80e+08	1.80e+08	537	0.081	0.326	0.244	0.252	1.000	0.927
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	472	0.097	0.456	0.359	0.505	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	711	0.067	0.525	0.459	0.605	1.000	0.927
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	539	0.150	0.556	0.406	0.666	1.000	0.927
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1040	0.111	0.396	0.286	0.311	1.000	0.927
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	590	0.198	0.516	0.318	0.565	1.000	0.927
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1366	0.071	0.534	0.463	0.640	1.000	0.927
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2408	0.142	0.397	0.255	0.306	1.000	0.927
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	485	0.102	0.520	0.418	0.666	1.000	0.927
ST8SIA3	chr18	5.74e+07	5.74e+07	614	0.104	0.436	0.332	0.435	1.000	0.927
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	437	0.082	0.578	0.496	0.776	1.000	0.927
SIM1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	305	0.198	0.596	0.398	0.757	1.000	0.927
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	878	0.196	0.479	0.283	0.481	1.000	0.927
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	383	0.150	0.485	0.335	0.540	1.000	0.927
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	794	0.069	0.390	0.321	0.343	1.000	0.927
EPHA10	chr1	3.78e+07	3.78e+07	644	0.112	0.409	0.297	0.350	1.000	0.927
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	211	0.139	0.589	0.450	0.750	1.000	0.927
SSTR1	chr14	3.82e+07	3.82e+07	974	0.191	0.485	0.294	0.535	1.000	0.926
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	670	0.103	0.436	0.333	0.409	1.000	0.926
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1104	0.148	0.428	0.280	0.386	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1523	0.068	0.515	0.446	0.596	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1404	0.076	0.526	0.450	0.631	1.000	0.926
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2165	0.149	0.570	0.420	0.668	1.000	0.926
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1032	0.180	0.482	0.302	0.507	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	767	0.068	0.534	0.465	0.619	1.000	0.926
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	448	0.096	0.497	0.401	0.586	1.000	0.926
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1293	0.154	0.589	0.435	0.703	1.000	0.926
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1218	0.096	0.319	0.223	0.185	1.000	0.926
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	960	0.118	0.434	0.316	0.379	1.000	0.926
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2020	0.160	0.580	0.420	0.685	1.000	0.926
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	270	0.193	0.542	0.349	0.626	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1603	0.071	0.522	0.451	0.610	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1443	0.071	0.523	0.452	0.607	1.000	0.926
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	348	0.101	0.430	0.329	0.428	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1784	0.075	0.529	0.454	0.629	1.000	0.926
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	415	0.168	0.562	0.393	0.701	1.000	0.926
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	431	0.176	0.529	0.353	0.600	1.000	0.926
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	532	0.176	0.509	0.333	0.568	1.000	0.926
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1143	0.123	0.456	0.333	0.435	1.000	0.926

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	883	0.075	0.439	0.364	0.458	1.000	0.926
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	702	0.192	0.537	0.345	0.645	1.000	0.926
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	545	0.196	0.599	0.403	0.787	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1363	0.068	0.515	0.446	0.591	1.000	0.926
LYPLAL1;LYPLAL1-AS1	chr1	2.19e+08	2.19e+08	207	0.149	0.514	0.364	0.554	1.000	0.926
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	630	0.154	0.586	0.431	0.687	1.000	0.926
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1934	0.092	0.390	0.299	0.329	1.000	0.926
IRF4	chr6	3.92e+05	3.94e+05	1853	0.092	0.496	0.403	0.561	1.000	0.926
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2144	0.152	0.575	0.423	0.678	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	868	0.063	0.500	0.436	0.556	1.000	0.926
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1416	0.157	0.471	0.313	0.502	1.000	0.926
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	386	0.086	0.578	0.492	0.778	1.000	0.926
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	1117	0.082	0.376	0.294	0.320	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	948	0.067	0.511	0.444	0.586	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	924	0.065	0.510	0.444	0.584	1.000	0.926
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1561	0.073	0.509	0.436	0.586	1.000	0.926
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	1368	0.103	0.515	0.412	0.643	1.000	0.926
RP11-514D23.1	chr16	8.63e+07	8.63e+07	369	0.066	0.463	0.397	0.551	1.000	0.925
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	409	0.052	0.488	0.436	0.523	1.000	0.925
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	416	0.091	0.445	0.354	0.488	1.000	0.925
AJAP1	chr1	4.65e+06	4.65e+06	404	0.088	0.450	0.362	0.470	1.000	0.925
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1388	0.076	0.443	0.367	0.472	1.000	0.925
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1004	0.069	0.519	0.451	0.591	1.000	0.925
SPHKAP	chr2	2.28e+08	2.28e+08	368	0.101	0.517	0.417	0.579	1.000	0.925
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	239	0.067	0.568	0.501	0.787	1.000	0.925
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	897	0.070	0.439	0.369	0.470	1.000	0.925
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2321	0.145	0.354	0.209	0.136	1.000	0.925
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1241	0.120	0.455	0.336	0.470	1.000	0.925
TARID;TCF21	chr6	1.34e+08	1.34e+08	272	0.195	0.490	0.295	0.514	1.000	0.925
RP11-514D23.1	chr16	8.63e+07	8.63e+07	700	0.114	0.421	0.308	0.390	1.000	0.925
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	253	0.104	0.602	0.498	0.769	1.000	0.925
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	584	0.165	0.560	0.395	0.701	1.000	0.925
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	875	0.136	0.542	0.406	0.647	1.000	0.925
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2345	0.161	0.385	0.224	0.189	1.000	0.925
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	261	0.113	0.543	0.429	0.682	1.000	0.925
ST8SIA3	chr18	5.74e+07	5.74e+07	389	0.116	0.534	0.417	0.678	1.000	0.925
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	861	0.098	0.446	0.348	0.486	1.000	0.925
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	354	0.076	0.385	0.309	0.320	1.000	0.925
GPR149	chr3	1.54e+08	1.54e+08	474	0.119	0.439	0.320	0.414	1.000	0.925
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1662	0.175	0.364	0.189	0.166	1.000	0.925
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	742	0.132	0.542	0.410	0.619	1.000	0.925
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	614	0.134	0.561	0.427	0.689	1.000	0.925
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1589	0.078	0.532	0.454	0.643	1.000	0.925

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	480	0.047	0.386	0.339	0.308	1.000	0.925
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	377	0.181	0.538	0.357	0.675	1.000	0.925
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	910	0.066	0.427	0.361	0.416	1.000	0.925
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1274	0.098	0.400	0.302	0.339	1.000	0.925
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2263	0.083	0.348	0.264	0.213	1.000	0.925
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1014	0.111	0.448	0.337	0.430	1.000	0.925
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	721	0.153	0.523	0.370	0.577	1.000	0.925
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2206	0.082	0.418	0.336	0.421	1.000	0.925
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	214	0.054	0.488	0.433	0.516	1.000	0.925
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1641	0.075	0.516	0.441	0.607	1.000	0.925
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	448	0.143	0.331	0.188	0.194	1.000	0.925
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1209	0.110	0.416	0.306	0.350	1.000	0.925
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2324	0.079	0.340	0.261	0.215	1.000	0.925
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	879	0.186	0.414	0.227	0.322	1.000	0.925
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2334	0.078	0.340	0.262	0.234	1.000	0.925
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1437	0.193	0.392	0.199	0.222	1.000	0.925
RIC3;RP11-379P15.1	chr11	8.17e+06	8.17e+06	222	0.149	0.426	0.277	0.367	1.000	0.925
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	678	0.098	0.357	0.259	0.264	1.000	0.925
TMC2	chr20	2.56e+06	2.56e+06	386	0.139	0.413	0.274	0.381	1.000	0.925
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	453	0.085	0.497	0.412	0.533	1.000	0.925
IRF4	chr6	3.92e+05	3.93e+05	1497	0.093	0.504	0.411	0.600	1.000	0.924
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	318	0.072	0.387	0.315	0.306	1.000	0.924
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	606	0.091	0.507	0.417	0.561	1.000	0.924
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1072	0.129	0.461	0.333	0.484	1.000	0.924
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1751	0.129	0.355	0.227	0.152	1.000	0.924
WT1-AS;WT1-AS_6	chr11	3.24e+07	3.24e+07	333	0.115	0.472	0.357	0.467	1.000	0.924
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	829	0.083	0.404	0.321	0.343	1.000	0.924
AC005597.1	chr19	3.02e+07	3.02e+07	419	0.094	0.341	0.247	0.180	1.000	0.924
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2353	0.080	0.408	0.328	0.397	1.000	0.924
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	501	0.091	0.524	0.433	0.640	1.000	0.924
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2405	0.149	0.405	0.256	0.320	1.000	0.924
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	669	0.110	0.381	0.272	0.332	1.000	0.924
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2363	0.078	0.401	0.323	0.381	1.000	0.924
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	332	0.088	0.535	0.447	0.706	1.000	0.924
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	338	0.107	0.548	0.441	0.715	1.000	0.924
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1185	0.179	0.423	0.244	0.332	1.000	0.924
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	241	0.129	0.606	0.476	0.750	1.000	0.924
PRDM16	chr1	3.25e+06	3.25e+06	228	0.119	0.493	0.374	0.542	1.000	0.924
LYPLAL1;LYPLAL1 AS1	chr1	2.19e+08	2.19e+08	349	0.140	0.499	0.360	0.521	1.000	0.924
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1802	0.150	0.569	0.420	0.675	1.000	0.924
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1478	0.079	0.540	0.461	0.650	1.000	0.924

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	1060	0.148	0.418	0.270	0.327	1.000	0.924
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2420	0.077	0.397	0.320	0.376	1.000	0.924
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1467	0.181	0.375	0.194	0.227	1.000	0.924
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	915	0.066	0.434	0.368	0.446	1.000	0.924
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	223	0.120	0.436	0.315	0.393	1.000	0.924
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2347	0.168	0.396	0.229	0.220	1.000	0.924
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	488	0.122	0.486	0.364	0.570	1.000	0.923
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1221	0.068	0.534	0.466	0.640	1.000	0.923
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	666	0.091	0.339	0.248	0.220	1.000	0.923
OTX2-AS1;RP11-1085N6.5	chr14	5.68e+07	5.68e+07	210	0.120	0.420	0.301	0.379	1.000	0.923
ABO	chr9	1.33e+08	1.33e+08	999	0.085	0.407	0.322	0.393	1.000	0.923
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	645	0.118	0.423	0.306	0.376	1.000	0.923
CLK3P2;OR2L13	chr1	2.48e+08	2.48e+08	247	0.189	0.550	0.361	0.647	1.000	0.923
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1367	0.128	0.463	0.336	0.498	1.000	0.923
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	251	0.084	0.505	0.422	0.582	1.000	0.923
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	345	0.159	0.354	0.196	0.086	1.000	0.923
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1474	0.149	0.460	0.310	0.481	1.000	0.923
CTC-512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	237	0.080	0.490	0.410	0.572	1.000	0.923
MXN1;MXN1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	813	0.155	0.552	0.397	0.699	1.000	0.923
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	504	0.098	0.484	0.387	0.528	1.000	0.923
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	237	0.194	0.583	0.390	0.748	1.000	0.923
MYO3A	chr10	2.62e+07	2.62e+07	286	0.158	0.552	0.394	0.629	1.000	0.923
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2424	0.076	0.392	0.316	0.364	1.000	0.923
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2394	0.147	0.412	0.265	0.332	1.000	0.923
ST8SIA3	chr18	5.74e+07	5.74e+07	617	0.112	0.445	0.333	0.453	1.000	0.923
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2335	0.131	0.383	0.252	0.297	1.000	0.923
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	374	0.110	0.529	0.419	0.607	1.000	0.923
CACNA1E	chr1	1.81e+08	1.81e+08	225	0.184	0.484	0.300	0.521	1.000	0.923
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1966	0.153	0.568	0.415	0.675	1.000	0.923
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1198	0.136	0.470	0.333	0.512	1.000	0.923
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2319	0.151	0.334	0.182	0.091	1.000	0.923
CTD-2168K21.2;NEFL	chr8	2.50e+07	2.50e+07	272	0.098	0.526	0.428	0.657	1.000	0.923
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	340	0.137	0.509	0.372	0.633	1.000	0.923
RNF126P1	chr17	5.70e+07	5.70e+07	529	0.138	0.546	0.407	0.610	1.000	0.923
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	784	0.060	0.374	0.314	0.257	1.000	0.923
MXN1;MXN1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	644	0.154	0.551	0.396	0.689	1.000	0.923
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2174	0.083	0.364	0.281	0.269	1.000	0.923

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTC-359M8.1;POU4F3;RI449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	612	0.165	0.440	0.275	0.416	1.000	0.923
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	487	0.099	0.329	0.229	0.187	1.000	0.923
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1588	0.159	0.582	0.423	0.689	1.000	0.923
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	686	0.106	0.413	0.308	0.329	1.000	0.922
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	699	0.096	0.348	0.252	0.185	1.000	0.922
RNF126P1	chr17	5.70e+07	5.70e+07	369	0.148	0.480	0.332	0.486	1.000	0.922
CACNA1A	chr19	1.35e+07	1.35e+07	224	0.089	0.447	0.358	0.498	1.000	0.922
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1394	0.079	0.442	0.363	0.470	1.000	0.922
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1136	0.135	0.541	0.406	0.673	1.000	0.922
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2245	0.077	0.353	0.276	0.273	1.000	0.922
CLK3P2;OR2L13	chr1	2.48e+08	2.48e+08	241	0.181	0.560	0.379	0.657	0.978	0.922
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	215	0.108	0.594	0.485	0.755	1.000	0.922
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1259	0.074	0.526	0.452	0.617	1.000	0.922
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	522	0.095	0.447	0.351	0.446	1.000	0.922
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2235	0.079	0.355	0.276	0.262	1.000	0.922
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	491	0.094	0.432	0.338	0.465	1.000	0.922
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	748	0.094	0.357	0.262	0.266	1.000	0.922
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1302	0.173	0.468	0.295	0.477	1.000	0.922
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	863	0.100	0.533	0.433	0.657	1.000	0.922
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1061	0.068	0.537	0.469	0.636	1.000	0.922
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1588	0.188	0.397	0.210	0.245	1.000	0.922
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	281	0.190	0.590	0.400	0.773	1.000	0.922
RP11-944L7.4	chr3	4.47e+07	4.47e+07	267	0.072	0.595	0.523	0.715	1.000	0.922
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2034	0.169	0.333	0.164	0.131	1.000	0.922
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	622	0.065	0.534	0.469	0.624	1.000	0.922
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1259	0.169	0.459	0.290	0.442	1.000	0.922
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	967	0.131	0.539	0.408	0.666	1.000	0.922
CTC-512J12.4;ZNF229	chr19	4.44e+07	4.44e+07	205	0.085	0.492	0.407	0.589	1.000	0.922
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1542	0.158	0.454	0.295	0.432	1.000	0.922
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	339	0.127	0.563	0.435	0.713	1.000	0.922
ST8SIA3	chr18	5.74e+07	5.74e+07	392	0.123	0.520	0.397	0.661	1.000	0.922
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	893	0.150	0.557	0.407	0.671	1.000	0.922
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	334	0.117	0.570	0.452	0.720	1.000	0.922
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1376	0.083	0.547	0.464	0.666	1.000	0.922
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	554	0.051	0.335	0.284	0.173	1.000	0.922
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr1	5.69e+06	5.69e+06	314	0.123	0.507	0.384	0.610	1.000	0.922
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1795	0.162	0.340	0.178	0.138	1.000	0.922
ZIK1	chr19	5.76e+07	5.76e+07	236	0.107	0.588	0.481	0.755	1.000	0.922
IRF4	chr6	3.92e+05	3.94e+05	1874	0.090	0.491	0.401	0.563	1.000	0.922

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1994	0.146	0.426	0.280	0.360	1.000	0.922
ST8SIA3	chr18	5.74e+07	5.74e+07	482	0.087	0.412	0.325	0.343	1.000	0.922
ANO7P1	chr1	1.62e+07	1.62e+07	221	0.192	0.568	0.377	0.701	1.000	0.922
LINC01475	chr10	9.95e+07	9.95e+07	260	0.172	0.434	0.262	0.266	1.000	0.922
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1026	0.071	0.539	0.468	0.650	1.000	0.922
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	566	0.062	0.524	0.462	0.600	1.000	0.922
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	216	0.117	0.505	0.388	0.542	1.000	0.922
PRDM16	chr1	3.25e+06	3.25e+06	658	0.191	0.509	0.318	0.586	1.000	0.922
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	314	0.086	0.580	0.494	0.794	1.000	0.922
AC108025.2;LINC01475	chr2	5.69e+06	5.69e+06	766	0.109	0.475	0.366	0.521	1.000	0.922
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2322	0.114	0.371	0.257	0.276	1.000	0.922
ULBP1	chr6	1.50e+08	1.50e+08	352	0.106	0.493	0.386	0.540	1.000	0.922
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2335	0.154	0.363	0.209	0.145	1.000	0.921
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	203	0.130	0.503	0.372	0.614	1.000	0.921
CLK3P2;OR2L13	chr1	2.48e+08	2.48e+08	256	0.193	0.550	0.357	0.640	1.000	0.921
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	866	0.089	0.502	0.413	0.603	1.000	0.921
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	866	0.071	0.543	0.472	0.650	1.000	0.921
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1030	0.065	0.320	0.255	0.248	1.000	0.921
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	1237	0.096	0.458	0.362	0.456	1.000	0.921
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	452	0.098	0.511	0.412	0.661	1.000	0.921
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	204	0.093	0.581	0.488	0.797	1.000	0.921
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	234	0.124	0.410	0.286	0.320	1.000	0.921
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2029	0.081	0.371	0.290	0.299	1.000	0.921
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	995	0.163	0.528	0.365	0.607	1.000	0.921
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1548	0.141	0.437	0.296	0.421	1.000	0.921
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	879	0.101	0.422	0.321	0.407	1.000	0.921
PITX2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	402	0.146	0.515	0.370	0.621	1.000	0.921
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	335	0.130	0.538	0.408	0.668	1.000	0.921
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	349	0.131	0.442	0.311	0.390	1.000	0.921
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	348	0.103	0.545	0.442	0.710	1.000	0.921
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	477	0.090	0.478	0.388	0.584	1.000	0.921
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	393	0.120	0.566	0.445	0.671	1.000	0.921
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1064	0.077	0.529	0.453	0.633	1.000	0.921
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	761	0.166	0.455	0.290	0.430	1.000	0.921
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	562	0.122	0.432	0.310	0.383	1.000	0.921
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.38e+05	7.39e+05	1375	0.093	0.308	0.215	0.103	1.000	0.921
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2503	0.076	0.391	0.315	0.367	1.000	0.921
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2332	0.137	0.391	0.254	0.304	1.000	0.921
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	2966	0.160	0.467	0.307	0.474	1.000	0.921
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	834	0.190	0.480	0.290	0.507	1.000	0.921
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	578	0.177	0.501	0.325	0.570	1.000	0.921
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1958	0.088	0.386	0.298	0.327	1.000	0.921
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1018	0.113	0.447	0.333	0.421	1.000	0.921

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	371	0.065	0.530	0.465	0.598	1.000	0.921
GPR149	chr3	1.54e+08	1.54e+08	336	0.136	0.446	0.310	0.421	1.000	0.921
RP5-850E9.3;SCRT2	chr20	6.64e+05	6.65e+05	898	0.166	0.410	0.244	0.364	1.000	0.921
RP11-305P22.9	chr20	6.31e+07	6.31e+07	287	0.153	0.437	0.284	0.402	1.000	0.921
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	949	0.077	0.370	0.292	0.299	1.000	0.921
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	2019	0.083	0.374	0.291	0.297	1.000	0.921
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	524	0.122	0.484	0.362	0.505	1.000	0.921
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2291	0.147	0.416	0.269	0.346	1.000	0.921
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1271	0.075	0.245	0.169	0.084	1.000	0.921
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	494	0.154	0.499	0.345	0.535	1.000	0.921
AC018730.4;LINC0113J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	532	0.148	0.352	0.203	0.192	1.000	0.921
AC108025.2;LINC01248.1;SOX11	chr9	5.69e+06	5.69e+06	288	0.148	0.544	0.396	0.701	1.000	0.921
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	880	0.124	0.471	0.347	0.505	1.000	0.921
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1357	0.087	0.549	0.462	0.682	1.000	0.921
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	971	0.181	0.533	0.352	0.603	1.000	0.921
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2298	0.149	0.409	0.261	0.325	1.000	0.921
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.07e+05	9.07e+05	367	0.077	0.326	0.248	0.136	1.000	0.921
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1086	0.167	0.489	0.323	0.514	1.000	0.921
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	660	0.165	0.540	0.374	0.682	1.000	0.921
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	360	0.120	0.440	0.320	0.402	1.000	0.921
OLIG3	chr6	1.37e+08	1.37e+08	244	0.147	0.597	0.451	0.720	1.000	0.921
LYPLAL1;LYPLAL1-AS1	chr1	2.19e+08	2.19e+08	301	0.131	0.467	0.336	0.460	1.000	0.921
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	294	0.116	0.365	0.249	0.280	1.000	0.921
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	427	0.067	0.540	0.472	0.636	1.000	0.920
MAGI2;MAGI2-AS3	chr7	7.95e+07	7.95e+07	247	0.140	0.540	0.400	0.643	1.000	0.920
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1819	0.172	0.370	0.198	0.192	1.000	0.920
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2129	0.144	0.558	0.413	0.657	1.000	0.920
ADAMTS20	chr12	4.36e+07	4.36e+07	287	0.147	0.527	0.380	0.600	1.000	0.920
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	915	0.071	0.550	0.479	0.659	1.000	0.920
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1269	0.084	0.270	0.186	0.082	1.000	0.920
AC108025.2;LINC01248.1;SOX11	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1474	0.108	0.474	0.366	0.509	1.000	0.920
AC108025.2;LINC01248.1;SOX11	chr9	5.69e+06	5.69e+06	1983	0.129	0.513	0.384	0.610	1.000	0.920
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	408	0.056	0.250	0.194	0.112	1.000	0.920
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	568	0.122	0.548	0.426	0.687	1.000	0.920
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	803	0.179	0.481	0.302	0.444	1.000	0.920

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	246	0.173	0.553	0.380	0.692	1.000	0.920
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	345	0.141	0.485	0.344	0.542	1.000	0.920
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	203	0.157	0.520	0.364	0.638	1.000	0.920
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	589	0.142	0.547	0.405	0.617	1.000	0.920
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	487	0.068	0.302	0.234	0.138	1.000	0.920
OLIG3	chr6	1.37e+08	1.37e+08	616	0.134	0.528	0.394	0.638	1.000	0.920
MYO3A	chr10	2.62e+07	2.62e+07	345	0.159	0.526	0.367	0.584	1.000	0.920
AC108025.2;LINC01	chr2	5.69e+06	5.69e+06	740	0.123	0.495	0.371	0.570	1.000	0.920
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1252	0.147	0.567	0.420	0.668	1.000	0.920
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1118	0.095	0.307	0.212	0.107	1.000	0.920
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	342	0.087	0.534	0.447	0.701	1.000	0.920
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	507	0.115	0.476	0.361	0.502	1.000	0.920
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	498	0.101	0.455	0.354	0.467	1.000	0.920
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1984	0.155	0.567	0.412	0.673	1.000	0.920
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2253	0.148	0.418	0.270	0.341	1.000	0.920
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	203	0.116	0.556	0.441	0.685	1.000	0.920
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	217	0.100	0.531	0.431	0.629	1.000	0.920
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	868	0.084	0.484	0.400	0.556	1.000	0.920
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	237	0.101	0.446	0.345	0.404	1.000	0.920
ST8SIA3	chr18	5.74e+07	5.74e+07	257	0.097	0.546	0.449	0.699	1.000	0.920
RP11-514D23.1	chr16	8.63e+07	8.63e+07	209	0.126	0.396	0.270	0.297	1.000	0.920
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	953	0.077	0.538	0.460	0.650	1.000	0.920
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	1010	0.117	0.468	0.351	0.526	1.000	0.919
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.05e+05	9.05e+05	224	0.087	0.500	0.412	0.572	1.000	0.919
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1450	0.086	0.450	0.364	0.488	1.000	0.919
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	650	0.093	0.426	0.333	0.388	1.000	0.919
SDCCAG8	chr1	2.43e+08	2.43e+08	297	0.195	0.588	0.393	0.748	1.000	0.919
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2108	0.147	0.562	0.415	0.659	1.000	0.919
ANO7P1	chr1	1.62e+07	1.62e+07	223	0.190	0.563	0.373	0.692	1.000	0.919
APBA2	chr15	2.91e+07	2.91e+07	269	0.145	0.611	0.466	0.734	1.000	0.919
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	428	0.100	0.411	0.311	0.339	1.000	0.919
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	550	0.104	0.478	0.374	0.514	1.000	0.919
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	410	0.111	0.450	0.340	0.453	1.000	0.919
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	416	0.129	0.432	0.304	0.432	1.000	0.919

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	633	0.197	0.592	0.395	0.762	1.000	0.919
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	506	0.108	0.374	0.267	0.278	1.000	0.919
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	518	0.089	0.432	0.343	0.418	1.000	0.919
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	755	0.071	0.555	0.484	0.661	1.000	0.919
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	471	0.076	0.461	0.385	0.533	1.000	0.919
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	446	0.083	0.496	0.413	0.629	1.000	0.919
HOXB- AS4;HOXB7;MIR196A1	chr17	4.86e+07	4.86e+07	325	0.125	0.521	0.396	0.600	1.000	0.919
RP5-1180C18.1	chr1	3.73e+07	3.73e+07	324	0.091	0.386	0.295	0.315	1.000	0.919
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	452	0.099	0.441	0.341	0.442	1.000	0.919
CACNG8	chr19	5.40e+07	5.40e+07	393	0.147	0.522	0.375	0.619	1.000	0.919
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1396	0.127	0.382	0.255	0.285	1.000	0.919
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	700	0.097	0.356	0.259	0.276	1.000	0.919
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	654	0.074	0.463	0.388	0.507	1.000	0.919
CLIC6	chr21	3.47e+07	3.47e+07	472	0.169	0.610	0.441	0.722	1.000	0.919
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	891	0.101	0.533	0.432	0.664	1.000	0.919
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	490	0.098	0.452	0.354	0.423	1.000	0.919
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	678	0.082	0.321	0.239	0.199	1.000	0.919
AC108025.2;LINC01158	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1802	0.129	0.504	0.375	0.582	1.000	0.919
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1747	0.146	0.480	0.334	0.521	1.000	0.919
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1341	0.091	0.542	0.451	0.687	1.000	0.919
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1144	0.123	0.457	0.334	0.472	1.000	0.919
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	502	0.093	0.453	0.360	0.502	1.000	0.918
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	395	0.118	0.495	0.377	0.535	1.000	0.918
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	956	0.109	0.422	0.313	0.360	1.000	0.918
AC079154.1;CNTNAP5	chr2	1.24e+08	1.24e+08	326	0.150	0.548	0.398	0.689	1.000	0.918
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	493	0.122	0.443	0.321	0.425	1.000	0.918
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	492	0.045	0.293	0.248	0.114	1.000	0.918
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	671	0.105	0.588	0.483	0.773	1.000	0.918
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	813	0.076	0.560	0.484	0.682	1.000	0.918
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	653	0.076	0.568	0.491	0.682	1.000	0.918
LYPLAL1;LYPLAL1- AS1	chr1	2.19e+08	2.19e+08	231	0.118	0.420	0.302	0.346	1.000	0.918
PITX2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	339	0.121	0.523	0.402	0.636	1.000	0.918
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	535	0.122	0.538	0.416	0.626	1.000	0.918
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	264	0.153	0.546	0.393	0.621	1.000	0.918
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	321	0.086	0.463	0.377	0.493	1.000	0.918
AC079154.1;CNTNA5	chr2	1.24e+08	1.24e+08	334	0.174	0.563	0.389	0.720	1.000	0.918
CTC- 359M8.1;POU4F3;RP11- 449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	1356	0.142	0.401	0.259	0.280	1.000	0.918
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	865	0.114	0.508	0.394	0.624	1.000	0.918
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	440	0.099	0.463	0.364	0.505	1.000	0.918
LHX5;LHX5-AS1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	429	0.092	0.327	0.235	0.086	1.000	0.918
GMDS	chr6	1.62e+06	1.62e+06	392	0.165	0.543	0.378	0.629	1.000	0.918
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	316	0.067	0.554	0.487	0.647	1.000	0.918

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MYO3A;RP11-435M3.2	chr10	2.59e+07	2.59e+07	211	0.068	0.564	0.496	0.722	1.000	0.918
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	973	0.102	0.473	0.371	0.493	1.000	0.918
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1688	0.100	0.402	0.302	0.350	1.000	0.918
AC108025.2;LINC01481	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1448	0.120	0.490	0.370	0.544	1.000	0.918
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	345	0.076	0.476	0.401	0.535	1.000	0.918
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	794	0.079	0.565	0.486	0.701	1.000	0.918
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	376	0.071	0.427	0.355	0.437	1.000	0.918
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	634	0.081	0.576	0.495	0.701	1.000	0.918
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2196	0.149	0.406	0.257	0.322	1.000	0.917
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1061	0.186	0.475	0.289	0.472	1.000	0.917
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	446	0.109	0.466	0.357	0.509	1.000	0.917
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1141	0.156	0.480	0.324	0.512	1.000	0.917
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	928	0.072	0.438	0.367	0.451	1.000	0.917
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1058	0.071	0.442	0.371	0.458	1.000	0.917
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1104	0.180	0.464	0.285	0.470	1.000	0.917
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	378	0.109	0.488	0.379	0.523	1.000	0.917
RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	404	0.103	0.335	0.232	0.194	1.000	0.917
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	532	0.117	0.381	0.263	0.264	1.000	0.917
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	379	0.118	0.433	0.315	0.367	1.000	0.917
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	379	0.156	0.516	0.359	0.617	1.000	0.917
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	365	0.127	0.449	0.322	0.451	1.000	0.917
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	784	0.132	0.504	0.372	0.549	1.000	0.917
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	832	0.123	0.439	0.316	0.402	1.000	0.917
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	851	0.083	0.545	0.462	0.675	1.000	0.917
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	460	0.125	0.552	0.428	0.689	1.000	0.917
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	512	0.078	0.414	0.336	0.350	1.000	0.917
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	832	0.086	0.547	0.461	0.678	1.000	0.917
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	824	0.092	0.441	0.350	0.432	1.000	0.917
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr5	5.69e+06	5.69e+06	1957	0.140	0.529	0.389	0.640	1.000	0.917
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1047	0.151	0.465	0.314	0.498	1.000	0.917
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	496	0.140	0.548	0.407	0.671	1.000	0.917
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	810	0.085	0.332	0.247	0.220	1.000	0.917
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1761	0.143	0.551	0.407	0.652	1.000	0.917
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1214	0.114	0.393	0.279	0.306	1.000	0.917
MYO3A	chr10	2.62e+07	2.62e+07	252	0.103	0.495	0.393	0.530	1.000	0.917
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	260	0.063	0.545	0.481	0.619	1.000	0.917
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1116	0.120	0.547	0.427	0.638	1.000	0.917
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	230	0.127	0.549	0.422	0.706	1.000	0.917
DRD5;SLC2A9	chr4	9.78e+06	9.78e+06	207	0.123	0.512	0.389	0.638	1.000	0.917
AC138647.1	chr8	1.42e+08	1.42e+08	331	0.094	0.426	0.332	0.414	1.000	0.917
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	471	0.193	0.385	0.192	0.178	1.000	0.917
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	396	0.141	0.592	0.451	0.741	1.000	0.917
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	504	0.148	0.519	0.371	0.647	1.000	0.917

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1483	0.075	0.228	0.153	0.082	1.000	0.917
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1344	0.163	0.449	0.287	0.414	1.000	0.916
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1061	0.176	0.453	0.277	0.421	1.000	0.916
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	493	0.094	0.386	0.291	0.327	1.000	0.916
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	369	0.091	0.465	0.374	0.477	1.000	0.916
ATP8A2	chr13	2.55e+07	2.55e+07	420	0.159	0.557	0.397	0.678	1.000	0.916
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1163	0.072	0.445	0.373	0.470	1.000	0.916
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	541	0.176	0.565	0.389	0.715	1.000	0.916
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	892	0.145	0.492	0.347	0.540	1.000	0.916
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	526	0.187	0.563	0.376	0.713	1.000	0.916
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	227	0.121	0.380	0.259	0.248	1.000	0.916
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	877	0.102	0.474	0.372	0.563	1.000	0.916
CACNA1E	chr1	1.81e+08	1.81e+08	213	0.167	0.469	0.302	0.486	1.000	0.916
CYYR1	chr21	2.66e+07	2.66e+07	289	0.129	0.562	0.434	0.678	1.000	0.916
AC108025.2;LINC01	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1776	0.142	0.522	0.380	0.626	1.000	0.916
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1796	0.149	0.419	0.270	0.353	1.000	0.916
RP11- 742D12.2;ST8SIA5	chr18	4.68e+07	4.68e+07	247	0.148	0.576	0.428	0.666	1.000	0.916
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	329	0.075	0.426	0.351	0.432	1.000	0.916
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1978	0.118	0.364	0.246	0.264	1.000	0.916
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	755	0.178	0.496	0.318	0.523	1.000	0.916
HIST1H2BB;HIST1H	chr6	2.60e+07	2.60e+07	325	0.131	0.481	0.351	0.500	1.000	0.916
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	1538	0.130	0.518	0.388	0.631	1.000	0.916
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	512	0.136	0.515	0.379	0.645	1.000	0.916
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	605	0.104	0.595	0.491	0.785	1.000	0.916
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	496	0.081	0.436	0.354	0.435	1.000	0.916
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	758	0.146	0.496	0.350	0.570	1.000	0.916
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1486	0.069	0.212	0.143	0.079	1.000	0.916
RP11- 849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	876	0.084	0.481	0.396	0.547	1.000	0.916
ERN2	chr16	2.37e+07	2.37e+07	347	0.143	0.473	0.330	0.521	1.000	0.916
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	393	0.069	0.431	0.362	0.453	1.000	0.916
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1556	0.088	0.449	0.362	0.493	1.000	0.916
LINC01233;ZNF98	chr19	2.25e+07	2.25e+07	276	0.186	0.552	0.365	0.717	1.000	0.916
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	612	0.099	0.398	0.299	0.308	1.000	0.916
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1351	0.070	0.437	0.368	0.456	1.000	0.916
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1112	0.125	0.465	0.339	0.493	1.000	0.915
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1245	0.175	0.357	0.182	0.192	1.000	0.915
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1163	0.094	0.535	0.442	0.689	1.000	0.915
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1925	0.148	0.552	0.403	0.654	1.000	0.915
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	380	0.171	0.531	0.360	0.668	1.000	0.915

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MAGI2;MAGI2-AS3	chr7	7.95e+07	7.95e+07	307	0.140	0.527	0.387	0.643	1.000	0.915
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	588	0.170	0.502	0.332	0.577	1.000	0.915
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	1219	0.098	0.539	0.441	0.699	1.000	0.915
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1039	0.066	0.310	0.245	0.236	1.000	0.915
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	650	0.105	0.428	0.323	0.442	1.000	0.915
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1033	0.078	0.477	0.399	0.547	1.000	0.915
SLC12A5	chr20	4.60e+07	4.60e+07	388	0.166	0.433	0.267	0.336	1.000	0.915
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	231	0.108	0.456	0.348	0.470	1.000	0.915
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	271	0.135	0.482	0.347	0.544	1.000	0.915
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	214	0.073	0.569	0.496	0.668	1.000	0.915
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	715	0.101	0.335	0.234	0.210	1.000	0.915
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	220	0.117	0.466	0.349	0.477	1.000	0.915
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	554	0.110	0.597	0.487	0.787	1.000	0.915
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	934	0.072	0.442	0.370	0.460	1.000	0.915
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1489	0.064	0.198	0.133	0.070	1.000	0.915
CTC-359M8.1;POU4F3;RI449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	449	0.162	0.453	0.292	0.437	1.000	0.915
HIST1H2BB;HIST1H3A	chr6	2.60e+07	2.60e+07	200	0.176	0.486	0.309	0.488	1.000	0.915
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	298	0.092	0.487	0.396	0.586	1.000	0.915
EIF2B5	chr3	1.85e+08	1.85e+08	230	0.165	0.631	0.467	0.813	1.000	0.915
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1031	0.161	0.445	0.284	0.418	1.000	0.915
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2100	0.151	0.403	0.252	0.308	1.000	0.915
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	960	0.112	0.424	0.312	0.364	1.000	0.915
ECEL1	chr2	2.32e+08	2.32e+08	373	0.187	0.467	0.279	0.507	1.000	0.915
APBA2	chr15	2.91e+07	2.91e+07	336	0.150	0.571	0.422	0.692	1.000	0.915
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1749	0.121	0.490	0.368	0.554	1.000	0.915
MYO3A;RP11-435M3.2	chr10	2.59e+07	2.59e+07	389	0.079	0.524	0.445	0.647	1.000	0.915
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1008	0.069	0.436	0.367	0.444	1.000	0.914
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	618	0.087	0.570	0.484	0.713	1.000	0.914
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	711	0.115	0.496	0.380	0.537	1.000	0.914
BRINP1	chr9	1.19e+08	1.19e+08	284	0.123	0.536	0.414	0.629	1.000	0.914
RBFOX1;RP11-420N3.3	chr16	6.02e+06	6.02e+06	288	0.135	0.416	0.281	0.350	1.000	0.914
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2093	0.149	0.409	0.260	0.334	1.000	0.914
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1374	0.147	0.432	0.285	0.435	1.000	0.914
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	497	0.064	0.231	0.167	0.077	1.000	0.914
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	553	0.097	0.529	0.432	0.673	1.000	0.914
PITX2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	538	0.167	0.526	0.359	0.633	1.000	0.914
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1570	0.086	0.445	0.359	0.477	1.000	0.914
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	988	0.153	0.429	0.275	0.374	1.000	0.914

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1135	0.154	0.469	0.315	0.509	1.000	0.914
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	379	0.101	0.495	0.394	0.586	1.000	0.914
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	993	0.117	0.479	0.362	0.563	1.000	0.914
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	1116	0.191	0.466	0.274	0.458	1.000	0.914
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	974	0.156	0.379	0.223	0.194	1.000	0.914
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	778	0.084	0.559	0.475	0.701	1.000	0.914
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1218	0.109	0.365	0.256	0.257	1.000	0.914
AC108025.2;LINC01111	chr2	5.69e+06	5.69e+06	588	0.147	0.512	0.365	0.584	1.000	0.914
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1369	0.070	0.439	0.370	0.467	1.000	0.914
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	497	0.124	0.443	0.319	0.437	1.000	0.914
CTD-2291D10.3	chr19	2.31e+07	2.31e+07	251	0.151	0.505	0.354	0.575	1.000	0.914
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1547	0.154	0.562	0.408	0.654	1.000	0.914
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1625	0.125	0.535	0.410	0.621	1.000	0.914
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2055	0.150	0.411	0.260	0.336	1.000	0.914
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	349	0.139	0.473	0.334	0.521	1.000	0.914
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1271	0.144	0.430	0.286	0.386	1.000	0.914
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	600	0.084	0.558	0.475	0.720	1.000	0.914
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	526	0.185	0.392	0.207	0.210	1.000	0.913
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1517	0.060	0.188	0.127	0.075	1.000	0.913
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	403	0.074	0.488	0.414	0.586	1.000	0.913
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	816	0.091	0.539	0.448	0.678	1.000	0.913
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	281	0.099	0.464	0.365	0.495	1.000	0.913
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2249	0.113	0.365	0.252	0.264	1.000	0.913
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	305	0.081	0.340	0.259	0.161	1.000	0.913
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	670	0.154	0.497	0.343	0.570	1.000	0.913
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	440	0.089	0.581	0.491	0.738	1.000	0.913
OLIG3	chr6	1.37e+08	1.37e+08	605	0.117	0.510	0.393	0.591	1.000	0.913
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2343	0.168	0.373	0.206	0.164	1.000	0.913
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	490	0.125	0.353	0.227	0.220	1.000	0.913
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	836	0.125	0.439	0.314	0.423	1.000	0.913
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	847	0.118	0.494	0.377	0.544	1.000	0.913
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2677	0.168	0.328	0.160	0.119	1.000	0.913
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1293	0.103	0.421	0.319	0.407	1.000	0.913
ZNF578	chr19	5.25e+07	5.25e+07	323	0.087	0.450	0.363	0.453	1.000	0.913
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	362	0.176	0.531	0.355	0.645	1.000	0.913
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2123	0.136	0.391	0.254	0.301	1.000	0.913
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1943	0.151	0.552	0.401	0.638	1.000	0.913
PAX1	chr20	2.17e+07	2.17e+07	718	0.100	0.376	0.276	0.283	1.000	0.913
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1789	0.133	0.538	0.405	0.631	1.000	0.913

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1723	0.131	0.399	0.268	0.318	1.000	0.913
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	488	0.118	0.418	0.300	0.350	1.000	0.913
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	1105	0.109	0.453	0.344	0.493	1.000	0.913
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	985	0.103	0.462	0.359	0.467	1.000	0.913
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2067	0.142	0.548	0.406	0.629	1.000	0.913
PRDM16	chr1	3.25e+06	3.25e+06	212	0.104	0.475	0.371	0.509	1.000	0.913
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	550	0.111	0.543	0.431	0.694	1.000	0.913
LY6H	chr8	1.43e+08	1.43e+08	315	0.124	0.363	0.239	0.273	1.000	0.912
LY6H	chr8	1.43e+08	1.43e+08	288	0.162	0.409	0.248	0.327	1.000	0.912
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	822	0.078	0.317	0.240	0.213	1.000	0.912
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	2088	0.140	0.545	0.405	0.621	1.000	0.912
BRINP1	chr9	1.19e+08	1.19e+08	682	0.129	0.528	0.400	0.617	1.000	0.912
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1582	0.085	0.441	0.357	0.472	1.000	0.912
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	935	0.110	0.457	0.347	0.449	1.000	0.912
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	446	0.059	0.392	0.333	0.350	1.000	0.912
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	515	0.131	0.515	0.384	0.647	1.000	0.912
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	224	0.103	0.472	0.369	0.526	1.000	0.912
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2360	0.168	0.322	0.154	0.107	1.000	0.912
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	361	0.149	0.527	0.377	0.664	1.000	0.912
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	414	0.109	0.492	0.384	0.584	1.000	0.912
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	266	0.196	0.522	0.326	0.636	1.000	0.912
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	517	0.120	0.517	0.397	0.650	1.000	0.912
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	420	0.084	0.445	0.360	0.500	1.000	0.912
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	724	0.096	0.519	0.423	0.661	1.000	0.912
MYO3A	chr10	2.62e+07	2.62e+07	311	0.123	0.480	0.357	0.502	1.000	0.912
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	1064	0.102	0.441	0.339	0.418	1.000	0.912
TRIM67	chr1	2.31e+08	2.31e+08	445	0.180	0.418	0.238	0.325	1.000	0.912
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	554	0.106	0.445	0.339	0.467	1.000	0.912
RP11-514D23.1	chr16	8.63e+07	8.63e+07	446	0.068	0.390	0.321	0.348	1.000	0.912
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	314	0.117	0.358	0.241	0.269	1.000	0.912
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	332	0.105	0.352	0.247	0.292	1.000	0.912
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	260	0.112	0.434	0.322	0.444	1.000	0.912
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	369	0.128	0.447	0.319	0.460	1.000	0.912
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	848	0.106	0.496	0.389	0.584	1.000	0.912
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	1086	0.123	0.438	0.315	0.402	1.000	0.912
AC079154.1;CNTNAP5	chr2	1.24e+08	1.24e+08	461	0.170	0.535	0.365	0.636	1.000	0.912
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	1453	0.102	0.525	0.423	0.647	1.000	0.912
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1068	0.070	0.308	0.238	0.238	1.000	0.912
RP11-514D23.1	chr16	8.63e+07	8.63e+07	492	0.078	0.413	0.335	0.386	1.000	0.912
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1146	0.184	0.462	0.278	0.411	1.000	0.912
TERC;Telomerase-vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	312	0.071	0.387	0.316	0.208	1.000	0.912
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	697	0.173	0.429	0.256	0.357	1.000	0.912
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1584	0.083	0.437	0.354	0.467	1.000	0.912

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MAGI2;MAGI2-AS3	chr7	7.95e+07	7.95e+07	309	0.133	0.524	0.391	0.650	1.000	0.912
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	1185	0.089	0.313	0.223	0.189	1.000	0.912
BRINP1	chr9	1.19e+08	1.19e+08	209	0.138	0.551	0.413	0.659	1.000	0.912
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2246	0.119	0.372	0.253	0.285	1.000	0.911
DRD4	chr11	6.36e+05	6.37e+05	716	0.192	0.556	0.364	0.680	1.000	0.911
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2027	0.137	0.386	0.249	0.292	1.000	0.911
TERC;Telomerase-vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	255	0.074	0.409	0.335	0.341	1.000	0.911
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1521	0.058	0.180	0.122	0.070	1.000	0.911
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	1119	0.119	0.487	0.368	0.554	1.000	0.911
TERC;Telomerase-vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	308	0.065	0.375	0.310	0.168	1.000	0.911
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	598	0.124	0.497	0.373	0.600	1.000	0.911
PAX1	chr20	2.17e+07	2.17e+07	211	0.093	0.356	0.263	0.241	1.000	0.911
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	623	0.137	0.458	0.321	0.493	1.000	0.911
RP11-742D12.2;ST8SIA5	chr18	4.68e+07	4.68e+07	436	0.141	0.549	0.408	0.621	1.000	0.911
AC079154.1;CNTNAP5	chr2	1.24e+08	1.24e+08	324	0.148	0.549	0.401	0.671	1.000	0.911
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	1624	0.141	0.440	0.299	0.381	1.000	0.911
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	859	0.095	0.330	0.235	0.217	1.000	0.911
GMDS	chr6	1.62e+06	1.63e+06	519	0.153	0.521	0.368	0.603	1.000	0.911
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	768	0.141	0.470	0.329	0.514	1.000	0.911
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	562	0.096	0.422	0.325	0.423	1.000	0.911
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	524	0.082	0.373	0.291	0.325	1.000	0.911
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	428	0.065	0.403	0.338	0.364	1.000	0.911
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	308	0.184	0.588	0.403	0.759	1.000	0.911
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	1109	0.093	0.424	0.331	0.430	1.000	0.911
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1244	0.106	0.343	0.237	0.224	1.000	0.911
PITX2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	475	0.153	0.534	0.381	0.647	1.000	0.911
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1296	0.136	0.501	0.365	0.577	1.000	0.911
AC108025.2;LINC01248	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1805	0.154	0.544	0.389	0.687	1.000	0.911
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1887	0.120	0.485	0.365	0.551	1.000	0.911
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	962	0.136	0.453	0.317	0.467	1.000	0.911
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.45e+06	284	0.127	0.449	0.321	0.423	1.000	0.911
OLIG3	chr6	1.37e+08	1.37e+08	233	0.127	0.604	0.478	0.717	1.000	0.911
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	482	0.112	0.601	0.489	0.797	1.000	0.911
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	590	0.161	0.500	0.339	0.584	1.000	0.911
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr2	5.69e+06	5.69e+06	453	0.164	0.525	0.362	0.568	1.000	0.911
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	235	0.152	0.571	0.420	0.731	1.000	0.911
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	987	0.194	0.492	0.298	0.537	1.000	0.911
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1037	0.085	0.476	0.391	0.549	1.000	0.911

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	312	0.170	0.563	0.393	0.715	1.000	0.911
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	423	0.128	0.443	0.315	0.397	1.000	0.910
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1193	0.145	0.457	0.312	0.474	1.000	0.910
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	651	0.099	0.475	0.377	0.509	1.000	0.910
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	514	0.126	0.362	0.236	0.241	1.000	0.910
SPHKAP	chr2	2.28e+08	2.28e+08	297	0.090	0.493	0.403	0.530	1.000	0.910
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2020	0.134	0.392	0.258	0.311	1.000	0.910
TERC;Telomerase- vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	668	0.085	0.405	0.320	0.299	1.000	0.910
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	678	0.085	0.426	0.342	0.437	1.000	0.910
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	239	0.142	0.545	0.403	0.687	1.000	0.910
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	484	0.080	0.437	0.358	0.477	1.000	0.910
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	656	0.092	0.558	0.465	0.713	1.000	0.910
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	2531	0.153	0.473	0.320	0.502	1.000	0.910
MAGI2;MAGI2- AS3	chr7	7.95e+07	7.95e+07	346	0.123	0.521	0.398	0.640	1.000	0.910
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	372	0.122	0.605	0.483	0.801	1.000	0.910
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	904	0.075	0.423	0.348	0.442	1.000	0.910
AVPR1A;RP11- 715H19.2	chr12	6.32e+07	6.32e+07	489	0.175	0.485	0.310	0.537	1.000	0.910
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1952	0.129	0.535	0.406	0.624	1.000	0.910
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1411	0.133	0.545	0.411	0.640	1.000	0.910
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	957	0.119	0.492	0.374	0.558	1.000	0.910
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	537	0.109	0.458	0.349	0.491	1.000	0.910
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	359	0.100	0.489	0.389	0.577	1.000	0.910
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1616	0.055	0.172	0.117	0.070	1.000	0.910
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	254	0.043	0.372	0.329	0.306	1.000	0.910
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	401	0.170	0.515	0.345	0.586	1.000	0.910
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1743	0.096	0.398	0.302	0.353	1.000	0.910
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	943	0.108	0.428	0.320	0.376	1.000	0.910
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	475	0.154	0.489	0.335	0.561	1.000	0.910
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1137	0.122	0.450	0.328	0.470	1.000	0.910
CTC- 359M8.1;POU4F3;RI 449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	1428	0.140	0.383	0.243	0.252	1.000	0.910
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1991	0.119	0.495	0.376	0.561	1.000	0.910
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	638	0.095	0.528	0.433	0.694	1.000	0.910
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1027	0.173	0.452	0.279	0.386	1.000	0.910
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	1581	0.152	0.472	0.320	0.467	1.000	0.910
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	303	0.070	0.454	0.383	0.519	1.000	0.910
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	887	0.078	0.418	0.340	0.416	1.000	0.910
SQSTM1	chr5	1.80e+08	1.80e+08	402	0.064	0.310	0.247	0.271	1.000	0.910
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	429	0.113	0.498	0.385	0.600	1.000	0.910
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1931	0.130	0.537	0.407	0.624	1.000	0.910

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CCDC181	chr1	1.69e+08	1.69e+08	232	0.070	0.564	0.495	0.650	1.000	0.910
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	635	0.091	0.456	0.365	0.498	1.000	0.910
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	208	0.085	0.443	0.358	0.479	1.000	0.910
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	417	0.149	0.561	0.412	0.696	1.000	0.910
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	496	0.099	0.573	0.473	0.724	1.000	0.910
CCDC181	chr1	1.69e+08	1.69e+08	234	0.064	0.567	0.502	0.652	1.000	0.910
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	718	0.123	0.355	0.232	0.231	1.000	0.910
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	1064	0.114	0.485	0.371	0.554	1.000	0.910
BRINP1	chr9	1.19e+08	1.19e+08	607	0.142	0.538	0.396	0.645	1.000	0.910
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	868	0.104	0.485	0.381	0.558	1.000	0.909
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	883	0.112	0.493	0.381	0.577	1.000	0.909
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	505	0.172	0.499	0.327	0.575	1.000	0.909
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	261	0.078	0.422	0.345	0.423	1.000	0.909
PITX2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	213	0.155	0.480	0.324	0.507	1.000	0.909
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2345	0.175	0.388	0.213	0.199	1.000	0.909
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1089	0.093	0.465	0.372	0.521	1.000	0.909
AC108025.2;LINC01	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1624	0.160	0.538	0.378	0.657	1.000	0.909
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1375	0.073	0.439	0.365	0.467	1.000	0.909
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1744	0.080	0.425	0.345	0.451	1.000	0.909
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	961	0.104	0.487	0.383	0.561	1.000	0.909
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	507	0.099	0.461	0.362	0.512	1.000	0.909
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1693	0.082	0.431	0.349	0.458	1.000	0.909
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	745	0.096	0.414	0.317	0.414	1.000	0.909
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	530	0.059	0.488	0.429	0.570	1.000	0.909
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1807	0.138	0.540	0.402	0.624	1.000	0.909
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	292	0.048	0.233	0.186	0.166	1.000	0.909
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	435	0.114	0.396	0.282	0.276	1.000	0.909
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	659	0.078	0.416	0.338	0.374	1.000	0.909
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1157	0.126	0.369	0.243	0.250	1.000	0.909
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	1203	0.178	0.526	0.348	0.633	1.000	0.909
RP5-1065O2.4	chr20	2.17e+07	2.17e+07	280	0.116	0.430	0.315	0.402	1.000	0.909
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	534	0.135	0.505	0.370	0.614	1.000	0.909
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	1181	0.086	0.433	0.347	0.465	1.000	0.909
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1982	0.134	0.391	0.257	0.294	1.000	0.909
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	344	0.122	0.546	0.424	0.682	1.000	0.909
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	506	0.157	0.545	0.388	0.673	1.000	0.909
TERC;Telomerase-vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	664	0.083	0.398	0.315	0.271	1.000	0.909
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	685	0.141	0.461	0.320	0.467	1.000	0.909
OPCML	chr11	1.33e+08	1.33e+08	299	0.070	0.361	0.291	0.213	1.000	0.909
CCDC181	chr1	1.69e+08	1.69e+08	222	0.069	0.569	0.500	0.657	1.000	0.909
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	620	0.124	0.478	0.354	0.507	1.000	0.909
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	780	0.076	0.515	0.439	0.643	1.000	0.909
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1749	0.078	0.421	0.343	0.446	1.000	0.909

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1105	0.165	0.418	0.253	0.336	1.000	0.909
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	495	0.142	0.465	0.322	0.507	1.000	0.909
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	694	0.100	0.534	0.434	0.696	1.000	0.909
CCDC181	chr1	1.69e+08	1.69e+08	224	0.063	0.570	0.507	0.657	1.000	0.909
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	236	0.045	0.380	0.334	0.318	1.000	0.909
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	561	0.082	0.428	0.346	0.458	1.000	0.909
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.45e+06	360	0.111	0.373	0.262	0.241	1.000	0.909
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	564	0.097	0.505	0.408	0.629	1.000	0.909
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1161	0.089	0.458	0.369	0.526	1.000	0.909
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	832	0.092	0.436	0.344	0.451	1.000	0.909
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	1059	0.092	0.475	0.383	0.547	1.000	0.909
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	609	0.116	0.434	0.318	0.383	1.000	0.909
LINC01197	chr15	9.53e+07	9.53e+07	209	0.175	0.502	0.327	0.549	1.000	0.909
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	464	0.086	0.386	0.301	0.301	1.000	0.909
AC016757.3;AC096574.1	chr2	2.38e+08	2.38e+08	296	0.174	0.504	0.330	0.603	1.000	0.909
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	816	0.158	0.608	0.450	0.792	1.000	0.909
AC079154.1;CNTNAP5	chr2	1.24e+08	1.24e+08	453	0.151	0.517	0.366	0.600	1.000	0.909
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	322	0.079	0.519	0.440	0.652	1.000	0.908
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1180	0.168	0.358	0.189	0.150	1.000	0.908
CACNG8	chr19	5.40e+07	5.40e+07	240	0.100	0.474	0.375	0.512	1.000	0.908
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	200	0.102	0.448	0.346	0.453	1.000	0.908
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	348	0.135	0.610	0.475	0.801	1.000	0.908
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	433	0.136	0.530	0.394	0.659	1.000	0.908
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	811	0.080	0.379	0.299	0.308	1.000	0.908
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1768	0.076	0.418	0.342	0.439	1.000	0.908
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.07e+05	9.08e+05	880	0.093	0.389	0.295	0.273	1.000	0.908
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2865	0.170	0.334	0.164	0.140	1.000	0.908
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	675	0.113	0.410	0.297	0.334	1.000	0.908
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	800	0.110	0.455	0.345	0.446	1.000	0.908
ZIC1;ZIC4	chr3	1.47e+08	1.47e+08	353	0.155	0.554	0.400	0.668	1.000	0.908
CCDC181	chr1	1.69e+08	1.69e+08	200	0.059	0.565	0.506	0.654	1.000	0.908
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	251	0.172	0.592	0.420	0.759	1.000	0.908
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	217	0.043	0.232	0.189	0.121	1.000	0.908
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	501	0.125	0.497	0.372	0.589	1.000	0.908
TERC;Telomerase-vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	611	0.094	0.430	0.337	0.442	1.000	0.908
RP11-1263C18.1	chr4	5.75e+05	5.75e+05	661	0.112	0.339	0.227	0.166	1.000	0.908
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	441	0.120	0.497	0.376	0.591	1.000	0.908
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	931	0.087	0.436	0.349	0.477	1.000	0.908
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	911	0.078	0.416	0.338	0.430	1.000	0.908
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	1267	0.136	0.432	0.296	0.418	1.000	0.908
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	215	0.102	0.486	0.384	0.568	1.000	0.908

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	572	0.116	0.470	0.354	0.502	1.000	0.908
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	560	0.120	0.487	0.367	0.568	1.000	0.908
PAX1	chr20	2.17e+07	2.17e+07	727	0.104	0.389	0.285	0.327	1.000	0.908
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	838	0.175	0.360	0.185	0.126	1.000	0.908
HTR1A;RP11-158J3.2	chr5	6.40e+07	6.40e+07	320	0.109	0.350	0.242	0.276	1.000	0.908
LINC01197	chr15	9.53e+07	9.53e+07	210	0.177	0.488	0.311	0.495	1.000	0.908
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	261	0.091	0.313	0.222	0.161	1.000	0.908
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	289	0.133	0.511	0.378	0.596	1.000	0.908
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	742	0.124	0.363	0.239	0.245	1.000	0.908
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	894	0.081	0.410	0.330	0.400	1.000	0.908
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1104	0.115	0.448	0.333	0.423	1.000	0.908
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	903	0.109	0.484	0.374	0.558	1.000	0.908
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	862	0.116	0.348	0.233	0.224	1.000	0.908
ABO	chr9	1.33e+08	1.33e+08	463	0.072	0.410	0.338	0.407	1.000	0.908
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1773	0.075	0.414	0.339	0.423	1.000	0.908
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1686	0.073	0.418	0.345	0.449	1.000	0.908
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	386	0.086	0.506	0.420	0.629	1.000	0.907
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	840	0.082	0.415	0.333	0.393	1.000	0.907
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	225	0.078	0.438	0.360	0.465	1.000	0.907
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	218	0.135	0.347	0.212	0.201	1.000	0.907
CCDC140	chr2	2.22e+08	2.22e+08	215	0.160	0.367	0.207	0.154	1.000	0.907
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	200	0.083	0.416	0.333	0.379	1.000	0.907
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1431	0.081	0.447	0.366	0.488	1.000	0.907
IRX1	chr5	3.60e+06	3.60e+06	243	0.130	0.417	0.287	0.379	1.000	0.907
RP5-1180C18.1	chr1	3.73e+07	3.73e+07	374	0.116	0.371	0.256	0.238	1.000	0.907
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	278	0.113	0.529	0.417	0.664	1.000	0.907
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	288	0.057	0.380	0.323	0.350	1.000	0.907
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	898	0.116	0.498	0.382	0.593	1.000	0.907
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	512	0.111	0.455	0.345	0.484	1.000	0.907
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	200	0.086	0.474	0.388	0.582	1.000	0.907
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	433	0.177	0.507	0.330	0.586	1.000	0.907
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1179	0.115	0.438	0.323	0.449	1.000	0.907
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	325	0.191	0.570	0.379	0.724	1.000	0.907
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	918	0.113	0.490	0.376	0.570	1.000	0.907
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1905	0.118	0.357	0.239	0.248	1.000	0.907
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	383	0.111	0.381	0.270	0.262	1.000	0.907
CYP26C1;RP11-348J12.2	chr10	9.31e+07	9.31e+07	411	0.148	0.416	0.267	0.341	1.000	0.907
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	886	0.117	0.357	0.239	0.236	1.000	0.907
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	350	0.079	0.433	0.354	0.453	1.000	0.907
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	970	0.126	0.497	0.371	0.586	1.000	0.907
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	995	0.083	0.431	0.348	0.472	1.000	0.907
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	325	0.074	0.458	0.384	0.530	1.000	0.907
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	947	0.128	0.524	0.396	0.668	1.000	0.907
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	828	0.107	0.491	0.384	0.570	1.000	0.907

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	202	0.127	0.490	0.362	0.558	1.000	0.907
PITX2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	349	0.187	0.508	0.322	0.570	1.000	0.907
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	783	0.132	0.445	0.313	0.435	1.000	0.900
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	661	0.077	0.420	0.343	0.414	1.000	0.906
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	924	0.120	0.482	0.362	0.558	1.000	0.906
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1669	0.074	0.414	0.340	0.437	1.000	0.906
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	893	0.125	0.497	0.372	0.584	1.000	0.906
CYP7B1	chr8	6.48e+07	6.48e+07	330	0.087	0.461	0.375	0.521	1.000	0.906
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	525	0.111	0.463	0.352	0.463	1.000	0.906
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	938	0.088	0.428	0.340	0.465	1.000	0.906
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	592	0.085	0.375	0.290	0.278	1.000	0.906
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	1029	0.121	0.488	0.367	0.565	1.000	0.906
SLC5A8	chr12	1.01e+08	1.01e+08	383	0.139	0.497	0.358	0.591	1.000	0.906
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	430	0.169	0.567	0.397	0.696	1.000	0.906
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	710	0.108	0.392	0.284	0.315	1.000	0.906
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1094	0.140	0.500	0.360	0.589	1.000	0.906
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	652	0.141	0.481	0.340	0.514	1.000	0.906
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	221	0.132	0.511	0.379	0.636	1.000	0.906
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	960	0.164	0.517	0.353	0.607	1.000	0.906
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	550	0.196	0.576	0.380	0.708	1.000	0.906
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	329	0.116	0.490	0.374	0.535	1.000	0.906
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	338	0.067	0.386	0.319	0.341	1.000	0.906
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1239	0.175	0.387	0.212	0.241	1.000	0.906
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	248	0.120	0.542	0.423	0.671	1.000	0.906
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	412	0.130	0.506	0.376	0.572	1.000	0.906
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	954	0.078	0.411	0.334	0.416	1.000	0.906
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	675	0.071	0.423	0.351	0.439	1.000	0.906
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	910	0.122	0.497	0.375	0.591	1.000	0.906
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2151	0.137	0.295	0.158	0.049	1.000	0.906
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1827	0.148	0.315	0.166	0.068	1.000	0.906
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	211	0.155	0.505	0.350	0.568	1.000	0.906
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	509	0.145	0.486	0.341	0.556	1.000	0.906
TBX5	chr12	1.14e+08	1.14e+08	252	0.092	0.406	0.315	0.339	1.000	0.906
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1767	0.092	0.393	0.301	0.346	1.000	0.906
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	314	0.121	0.353	0.232	0.213	1.000	0.906
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1025	0.093	0.463	0.371	0.535	1.000	0.906
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1298	0.071	0.300	0.229	0.224	1.000	0.906
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	722	0.093	0.487	0.394	0.600	1.000	0.906
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	305	0.114	0.456	0.342	0.488	1.000	0.906
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	230	0.108	0.494	0.386	0.591	1.000	0.906
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1713	0.082	0.427	0.346	0.484	1.000	0.906
AC108025.2;LINC01248;SOX15	chr15	5.69e+06	5.69e+06	1670	0.163	0.555	0.393	0.699	1.000	0.906

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	538	0.140	0.490	0.350	0.516	1.000	0.906
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	275	0.134	0.467	0.333	0.523	1.000	0.906
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1838	0.084	0.375	0.292	0.315	1.000	0.906
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	897	0.106	0.490	0.384	0.570	1.000	0.906
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	750	0.162	0.617	0.455	0.801	1.000	0.906
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	688	0.067	0.410	0.344	0.395	1.000	0.905
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	639	0.197	0.564	0.366	0.694	1.000	0.905
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1828	0.086	0.379	0.293	0.318	1.000	0.905
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	596	0.154	0.496	0.342	0.591	1.000	0.905
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	680	0.087	0.493	0.406	0.575	1.000	0.905
LINC01551	chr14	2.88e+07	2.88e+07	259	0.154	0.508	0.354	0.584	1.000	0.905
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	990	0.123	0.490	0.367	0.579	1.000	0.905
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1777	0.079	0.424	0.345	0.465	1.000	0.905
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr1	5.69e+06	5.69e+06	1161	0.144	0.507	0.363	0.579	1.000	0.905
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	519	0.174	0.552	0.378	0.682	1.000	0.905
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	422	0.110	0.393	0.282	0.329	1.000	0.905
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	280	0.124	0.496	0.372	0.579	1.000	0.905
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	539	0.104	0.376	0.273	0.287	1.000	0.905
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1064	0.107	0.426	0.320	0.439	1.000	0.905
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	839	0.092	0.420	0.328	0.437	1.000	0.905
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	451	0.105	0.322	0.217	0.182	1.000	0.905
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	540	0.160	0.529	0.369	0.607	1.000	0.905
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1072	0.084	0.423	0.338	0.453	1.000	0.905
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1941	0.073	0.401	0.329	0.400	1.000	0.905
CTC-359M8.1;POU4F3;RI449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	745	0.146	0.413	0.266	0.355	1.000	0.905
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1794	0.074	0.411	0.337	0.418	1.000	0.905
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1097	0.089	0.456	0.368	0.535	1.000	0.905
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	242	0.092	0.495	0.404	0.565	1.000	0.905
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1002	0.084	0.424	0.340	0.463	1.000	0.905
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1951	0.071	0.394	0.323	0.379	1.000	0.905
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	847	0.085	0.407	0.322	0.390	1.000	0.905
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2532	0.108	0.492	0.384	0.610	1.000	0.905
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	268	0.124	0.467	0.343	0.507	1.000	0.905
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	2035	0.121	0.502	0.381	0.570	1.000	0.905
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	772	0.184	0.486	0.302	0.512	1.000	0.905
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	341	0.149	0.619	0.470	0.799	1.000	0.905
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1068	0.088	0.475	0.387	0.563	1.000	0.905
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1164	0.086	0.357	0.271	0.273	1.000	0.905
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1208	0.105	0.483	0.378	0.572	1.000	0.905
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1026	0.197	0.475	0.278	0.472	1.000	0.905

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1902	0.124	0.364	0.240	0.259	1.000	0.905
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	930	0.119	0.489	0.370	0.572	1.000	0.905
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	937	0.080	0.406	0.326	0.409	1.000	0.905
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	583	0.178	0.476	0.298	0.509	1.000	0.905
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	699	0.173	0.621	0.447	0.808	1.000	0.905
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1020	0.145	0.553	0.409	0.675	1.000	0.905
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	896	0.133	0.483	0.350	0.549	1.000	0.905
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	988	0.105	0.418	0.313	0.414	1.000	0.905
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	1049	0.119	0.482	0.364	0.551	1.000	0.905
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1173	0.129	0.535	0.406	0.624	1.000	0.905
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	445	0.099	0.480	0.381	0.533	1.000	0.905
MYO3A;RP11-435M3.2	chr10	2.59e+07	2.59e+07	285	0.087	0.514	0.427	0.643	1.000	0.905
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	306	0.058	0.212	0.154	0.079	1.000	0.905
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	848	0.104	0.479	0.375	0.554	1.000	0.905
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1200	0.097	0.457	0.360	0.530	1.000	0.905
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	906	0.088	0.467	0.379	0.547	1.000	0.905
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	331	0.190	0.566	0.376	0.715	1.000	0.905
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	694	0.166	0.502	0.335	0.591	1.000	0.905
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	981	0.087	0.423	0.336	0.453	1.000	0.905
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	693	0.066	0.420	0.354	0.425	1.000	0.904
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	684	0.192	0.566	0.374	0.696	1.000	0.904
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1843	0.152	0.351	0.200	0.129	1.000	0.904
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	674	0.131	0.477	0.346	0.498	1.000	0.904
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	557	0.160	0.524	0.364	0.652	1.000	0.904
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	235	0.131	0.509	0.378	0.624	1.000	0.904
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1196	0.168	0.393	0.225	0.236	1.000	0.904
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	626	0.188	0.400	0.213	0.318	1.000	0.904
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2541	0.106	0.502	0.396	0.629	1.000	0.904
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1854	0.081	0.419	0.338	0.449	1.000	0.904
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1844	0.076	0.413	0.337	0.437	1.000	0.904
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	291	0.090	0.400	0.311	0.400	1.000	0.904
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	555	0.155	0.513	0.358	0.619	1.000	0.904
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	526	0.109	0.501	0.392	0.600	1.000	0.904
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	740	0.149	0.418	0.269	0.339	1.000	0.904
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1348	0.098	0.414	0.316	0.407	1.000	0.904
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	294	0.124	0.496	0.372	0.591	1.000	0.904
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1877	0.120	0.355	0.235	0.241	1.000	0.904
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	478	0.095	0.354	0.259	0.234	1.000	0.904
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	337	0.137	0.524	0.387	0.647	1.000	0.904
RP11-514D23.1	chr16	8.63e+07	8.63e+07	569	0.077	0.370	0.294	0.273	1.000	0.904
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2392	0.096	0.488	0.392	0.605	1.000	0.904
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	683	0.076	0.464	0.388	0.528	1.000	0.904

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1079	0.085	0.418	0.332	0.449	1.000	0.904
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	526	0.114	0.512	0.398	0.645	1.000	0.904
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1402	0.104	0.324	0.220	0.194	1.000	0.904
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	892	0.073	0.347	0.274	0.273	1.000	0.904
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	471	0.064	0.422	0.358	0.416	1.000	0.904
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	405	0.082	0.536	0.454	0.638	1.000	0.904
TERC;Telomerase- vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	542	0.093	0.438	0.345	0.479	1.000	0.904
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	266	0.079	0.390	0.311	0.299	1.000	0.904
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2157	0.110	0.484	0.374	0.589	1.000	0.904
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	955	0.132	0.394	0.262	0.294	1.000	0.904
EIF2B5	chr3	1.85e+08	1.85e+08	492	0.185	0.656	0.471	0.825	0.957	0.904
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2008	0.070	0.391	0.321	0.374	1.000	0.904
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	940	0.198	0.417	0.219	0.329	1.000	0.904
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	436	0.172	0.564	0.393	0.694	1.000	0.904
RP11-457M11.6	chr6	2.66e+07	2.66e+07	522	0.164	0.465	0.302	0.458	1.000	0.904
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	302	0.123	0.494	0.371	0.582	1.000	0.904
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	361	0.117	0.483	0.366	0.547	1.000	0.904
TERC;Telomerase- vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	538	0.104	0.462	0.358	0.568	1.000	0.904
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1337	0.138	0.539	0.401	0.633	1.000	0.904
SATB2;SATB2- AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	2153	0.132	0.325	0.193	0.096	1.000	0.904
FOXI2;RP11- 288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	225	0.127	0.627	0.500	0.783	1.000	0.904
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	222	0.071	0.448	0.377	0.477	1.000	0.904
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	241	0.083	0.368	0.285	0.231	1.000	0.904
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	773	0.193	0.557	0.364	0.678	1.000	0.904
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	462	0.116	0.523	0.407	0.668	1.000	0.904
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2401	0.095	0.499	0.404	0.629	1.000	0.904
AC108025.2;LINC01	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1489	0.172	0.551	0.379	0.682	1.000	0.904
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1191	0.128	0.506	0.378	0.593	1.000	0.904
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1213	0.119	0.485	0.366	0.544	1.000	0.904
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1045	0.083	0.420	0.336	0.446	1.000	0.904
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	904	0.161	0.476	0.314	0.493	1.000	0.903
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	286	0.055	0.368	0.312	0.318	1.000	0.903
GMDS	chr6	1.62e+06	1.63e+06	738	0.148	0.500	0.352	0.563	1.000	0.903
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2555	0.105	0.513	0.408	0.657	1.000	0.903
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1622	0.076	0.412	0.336	0.428	1.000	0.903
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	461	0.090	0.470	0.379	0.528	1.000	0.903
FOXI2;RP11- 288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	993	0.196	0.612	0.416	0.773	1.000	0.903
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	597	0.198	0.550	0.352	0.682	1.000	0.903
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	702	0.186	0.550	0.364	0.666	1.000	0.903
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	862	0.115	0.495	0.380	0.607	1.000	0.903
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1046	0.107	0.477	0.370	0.556	1.000	0.903

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	204	0.149	0.448	0.299	0.442	1.000	0.903
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	267	0.109	0.463	0.355	0.502	1.000	0.903
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	768	0.199	0.552	0.352	0.673	1.000	0.903
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	295	0.048	0.408	0.360	0.430	1.000	0.903
LY6H	chr8	1.43e+08	1.43e+08	304	0.134	0.421	0.287	0.425	1.000	0.903
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	242	0.117	0.493	0.376	0.584	1.000	0.903
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.38e+05	7.38e+05	286	0.044	0.352	0.307	0.346	1.000	0.903
CTC-359M8.1;POU4F3;RI449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	1270	0.146	0.367	0.221	0.217	1.000	0.903
LY6H	chr8	1.43e+08	1.43e+08	331	0.113	0.384	0.271	0.320	1.000	0.903
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	470	0.095	0.308	0.213	0.192	1.000	0.903
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	868	0.166	0.380	0.215	0.304	1.000	0.903
TBX5	chr12	1.14e+08	1.14e+08	290	0.088	0.397	0.309	0.348	1.000	0.903
RP5-1065O2.4	chr20	2.17e+07	2.17e+07	673	0.104	0.364	0.259	0.255	1.000	0.903
LINC01551	chr14	2.88e+07	2.88e+07	359	0.139	0.491	0.352	0.528	1.000	0.903
FGF12	chr3	1.92e+08	1.92e+08	578	0.067	0.340	0.273	0.259	1.000	0.903
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	752	0.094	0.395	0.301	0.379	1.000	0.903
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	525	0.176	0.552	0.376	0.675	1.000	0.903
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1614	0.080	0.422	0.342	0.456	1.000	0.903
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	250	0.083	0.412	0.328	0.362	1.000	0.903
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	690	0.196	0.547	0.351	0.673	1.000	0.903
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	243	0.126	0.537	0.410	0.631	1.000	0.903
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	571	0.170	0.546	0.376	0.643	1.000	0.903
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	817	0.144	0.472	0.328	0.514	1.000	0.903
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	340	0.117	0.420	0.303	0.364	1.000	0.903
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2470	0.091	0.519	0.428	0.673	1.000	0.903
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1871	0.083	0.422	0.338	0.463	1.000	0.903
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1500	0.131	0.535	0.403	0.617	1.000	0.903
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2438	0.094	0.513	0.418	0.664	1.000	0.903
CTD-2369P2.8;ICAM4	chr19	1.03e+07	1.03e+07	574	0.163	0.476	0.313	0.526	1.000	0.903
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1122	0.085	0.414	0.330	0.432	1.000	0.903
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	1153	0.192	0.602	0.410	0.778	1.000	0.903
AC016757.3;AC0965'	chr2	2.38e+08	2.38e+08	304	0.187	0.521	0.334	0.638	1.000	0.903
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	539	0.138	0.430	0.292	0.400	1.000	0.903
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	519	0.105	0.428	0.322	0.444	1.000	0.903
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2012	0.069	0.386	0.316	0.362	1.000	0.903
LINC01197	chr15	9.53e+07	9.53e+07	268	0.170	0.478	0.308	0.486	1.000	0.903
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1439	0.194	0.393	0.199	0.250	1.000	0.903
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	945	0.125	0.413	0.288	0.362	1.000	0.903
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	570	0.175	0.533	0.358	0.657	1.000	0.903

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2415	0.095	0.511	0.416	0.659	1.000	0.903
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	225	0.089	0.390	0.301	0.297	1.000	0.902
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	484	0.143	0.508	0.365	0.624	1.000	0.902
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1537	0.083	0.446	0.363	0.493	1.000	0.902
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	401	0.154	0.489	0.334	0.561	1.000	0.902
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	717	0.189	0.533	0.344	0.640	1.000	0.902
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	791	0.188	0.543	0.355	0.661	1.000	0.902
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	822	0.178	0.535	0.356	0.645	1.000	0.902
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	533	0.054	0.451	0.397	0.505	1.000	0.902
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1184	0.152	0.554	0.402	0.659	1.000	0.902
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	453	0.070	0.437	0.367	0.442	1.000	0.902
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1827	0.078	0.409	0.331	0.418	1.000	0.902
LINC01551	chr14	2.88e+07	2.88e+07	287	0.121	0.491	0.370	0.523	1.000	0.902
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1148	0.195	0.458	0.263	0.409	1.000	0.902
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	890	0.083	0.403	0.319	0.390	1.000	0.902
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1880	0.113	0.485	0.373	0.586	1.000	0.902
SLC12A5	chr20	4.61e+07	4.61e+07	363	0.196	0.526	0.330	0.612	1.000	0.902
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	1534	0.134	0.366	0.232	0.238	1.000	0.902
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2578	0.104	0.514	0.411	0.664	1.000	0.902
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2610	0.100	0.520	0.420	0.671	1.000	0.902
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	824	0.193	0.544	0.352	0.664	1.000	0.902
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	833	0.127	0.512	0.384	0.640	1.000	0.902
DRD4	chr11	6.36e+05	6.37e+05	1032	0.191	0.547	0.356	0.678	1.000	0.902
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1935	0.081	0.420	0.339	0.451	1.000	0.902
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	882	0.089	0.412	0.323	0.423	1.000	0.902
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1395	0.101	0.357	0.256	0.262	1.000	0.902
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1186	0.110	0.437	0.326	0.456	1.000	0.902
ADCYAP1;RP11-672L10.2;RP11-672L10.3	chr18	9.07e+05	9.08e+05	514	0.110	0.471	0.361	0.514	0.978	0.902
LHX5	chr12	1.13e+08	1.13e+08	456	0.063	0.392	0.329	0.400	1.000	0.902
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	461	0.112	0.373	0.261	0.278	1.000	0.902
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1347	0.139	0.544	0.404	0.624	1.000	0.902
TERC;Telomerase-vert	chr3	1.70e+08	1.70e+08	357	0.118	0.468	0.350	0.591	1.000	0.902
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	747	0.179	0.518	0.339	0.598	1.000	0.902
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	331	0.133	0.391	0.258	0.276	1.000	0.902
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	852	0.170	0.520	0.350	0.614	1.000	0.902
FGF12	chr3	1.92e+08	1.92e+08	720	0.084	0.377	0.293	0.297	1.000	0.902
HS3ST2	chr16	2.28e+07	2.28e+07	468	0.106	0.394	0.288	0.294	1.000	0.902
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1670	0.175	0.362	0.187	0.187	1.000	0.901
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	692	0.152	0.493	0.342	0.579	1.000	0.901
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	902	0.108	0.387	0.279	0.301	1.000	0.901

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1185	0.111	0.401	0.290	0.343	1.000	0.901
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	2037	0.116	0.370	0.254	0.287	1.000	0.901
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	396	0.083	0.342	0.259	0.213	1.000	0.901
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	685	0.073	0.450	0.377	0.486	1.000	0.901
BRINP1	chr9	1.19e+08	1.19e+08	558	0.131	0.511	0.380	0.605	1.000	0.901
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	511	0.155	0.596	0.442	0.755	1.000	0.901
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1479	0.133	0.538	0.405	0.614	1.000	0.901
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	559	0.098	0.477	0.378	0.519	1.000	0.901
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	911	0.180	0.529	0.349	0.636	1.000	0.901
RP11-742D12.2;ST8SIA5	chr18	4.68e+07	4.68e+07	259	0.102	0.524	0.423	0.579	1.000	0.901
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	664	0.125	0.551	0.426	0.650	1.000	0.901
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	354	0.044	0.240	0.195	0.196	1.000	0.901
FGF12	chr3	1.92e+08	1.92e+08	420	0.081	0.365	0.283	0.271	1.000	0.901
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1112	0.173	0.441	0.268	0.383	1.000	0.901
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	2012	0.082	0.415	0.333	0.444	1.000	0.901
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2091	0.069	0.385	0.316	0.367	1.000	0.901
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	902	0.068	0.320	0.252	0.243	1.000	0.901
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	230	0.151	0.622	0.471	0.790	1.000	0.901
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	232	0.098	0.475	0.377	0.516	1.000	0.901
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2017	0.098	0.479	0.381	0.572	1.000	0.901
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	208	0.052	0.268	0.216	0.236	1.000	0.901
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1551	0.081	0.442	0.361	0.481	1.000	0.901
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	309	0.160	0.635	0.475	0.804	0.978	0.901
LINC01551	chr14	2.88e+07	2.88e+07	219	0.114	0.445	0.331	0.430	1.000	0.901
RP5-850E9.3;SCRT2	chr20	6.63e+05	6.64e+05	817	0.150	0.409	0.259	0.386	1.000	0.901
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	627	0.182	0.627	0.444	0.811	1.000	0.901
FGF12	chr3	1.92e+08	1.92e+08	562	0.099	0.404	0.305	0.336	1.000	0.901
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	487	0.151	0.564	0.413	0.708	1.000	0.901
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1780	0.080	0.406	0.327	0.411	1.000	0.901
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	987	0.105	0.431	0.326	0.416	1.000	0.901
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1740	0.099	0.479	0.380	0.575	1.000	0.901
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2612	0.099	0.522	0.422	0.678	1.000	0.901
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	281	0.107	0.483	0.376	0.558	1.000	0.901
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	385	0.138	0.609	0.471	0.773	1.000	0.901
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	390	0.155	0.609	0.453	0.780	1.000	0.901
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	604	0.097	0.480	0.383	0.568	1.000	0.901
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	633	0.065	0.435	0.370	0.460	1.000	0.901
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	714	0.172	0.524	0.352	0.593	1.000	0.901
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	576	0.176	0.534	0.358	0.664	1.000	0.900

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AC016757.3;AC096574.4	chr2	2.38e+08	2.38e+08	317	0.183	0.512	0.329	0.612	1.000	0.900
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	842	0.187	0.532	0.345	0.645	1.000	0.900
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	941	0.172	0.516	0.344	0.607	1.000	0.900
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	437	0.137	0.554	0.417	0.678	1.000	0.900
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	202	0.177	0.451	0.274	0.404	1.000	0.900
RP11-457M11.6	chr6	2.66e+07	2.66e+07	636	0.132	0.455	0.323	0.470	1.000	0.900
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2472	0.091	0.521	0.430	0.671	1.000	0.900
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1233	0.110	0.461	0.351	0.530	1.000	0.900
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1282	0.162	0.360	0.198	0.189	1.000	0.900
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	713	0.195	0.539	0.344	0.647	1.000	0.900
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	803	0.172	0.505	0.333	0.570	1.000	0.900
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1772	0.083	0.414	0.331	0.435	1.000	0.900
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	908	0.164	0.507	0.344	0.589	1.000	0.900
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	657	0.056	0.390	0.334	0.353	1.000	0.900
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	325	0.131	0.520	0.389	0.598	1.000	0.900
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1355	0.143	0.541	0.398	0.629	1.000	0.900
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1098	0.152	0.502	0.350	0.575	1.000	0.900
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1294	0.086	0.427	0.342	0.467	1.000	0.900
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	701	0.199	0.492	0.293	0.528	1.000	0.900
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	329	0.136	0.410	0.274	0.341	1.000	0.900
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	999	0.132	0.385	0.253	0.287	1.000	0.900
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1637	0.100	0.369	0.269	0.280	1.000	0.900
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	356	0.189	0.497	0.308	0.479	1.000	0.900
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	762	0.198	0.479	0.281	0.481	1.000	0.900
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	248	0.087	0.441	0.354	0.484	1.000	0.900
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	842	0.200	0.419	0.219	0.294	1.000	0.900
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	517	0.200	0.633	0.433	0.815	0.978	0.900
AC079154.1;CNTNA	chr2	1.24e+08	1.24e+08	370	0.197	0.482	0.285	0.528	1.000	0.900
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1149	0.114	0.389	0.276	0.315	1.000	0.900
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	801	0.102	0.428	0.325	0.414	1.000	0.900
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	603	0.108	0.492	0.383	0.589	1.000	0.900
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	745	0.178	0.539	0.360	0.631	1.000	0.900
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	549	0.132	0.501	0.368	0.537	1.000	0.900
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	257	0.087	0.298	0.211	0.136	1.000	0.900
GPC5	chr13	9.14e+07	9.14e+07	306	0.097	0.364	0.266	0.262	1.000	0.900
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	670	0.113	0.383	0.270	0.294	1.000	0.900
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1372	0.093	0.406	0.313	0.390	1.000	0.900
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	837	0.172	0.421	0.249	0.430	1.000	0.900
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	562	0.098	0.416	0.318	0.432	1.000	0.900
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	639	0.088	0.461	0.373	0.528	1.000	0.900
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1511	0.142	0.390	0.248	0.308	1.000	0.900
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1941	0.115	0.364	0.248	0.262	1.000	0.900
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1443	0.084	0.384	0.300	0.332	1.000	0.900

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	220	0.175	0.491	0.316	0.565	1.000	0.900
RP5-850E9.3;SCRT2	chr20	6.63e+05	6.64e+05	678	0.130	0.417	0.287	0.409	1.000	0.900
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	743	0.184	0.522	0.338	0.605	1.000	0.899
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	997	0.166	0.504	0.338	0.577	1.000	0.899
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1326	0.143	0.549	0.406	0.626	1.000	0.899
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	510	0.159	0.562	0.403	0.675	1.000	0.899
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1810	0.160	0.321	0.161	0.117	1.000	0.899
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	570	0.152	0.478	0.326	0.551	1.000	0.899
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1199	0.104	0.430	0.326	0.439	1.000	0.899
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1232	0.134	0.491	0.356	0.561	1.000	0.899
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	656	0.088	0.468	0.380	0.523	1.000	0.899
FGF12	chr3	1.92e+08	1.92e+08	222	0.106	0.449	0.343	0.421	1.000	0.899
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1433	0.086	0.389	0.303	0.343	1.000	0.899
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1563	0.081	0.438	0.358	0.481	1.000	0.899
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	627	0.141	0.544	0.404	0.657	1.000	0.899
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	1156	0.097	0.545	0.448	0.682	1.000	0.899
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	252	0.080	0.466	0.386	0.521	1.000	0.899
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	817	0.138	0.517	0.379	0.598	1.000	0.899
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1575	0.139	0.330	0.191	0.093	1.000	0.899
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1336	0.131	0.505	0.375	0.579	1.000	0.899
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1202	0.145	0.517	0.372	0.603	1.000	0.899
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	962	0.180	0.520	0.339	0.629	1.000	0.899
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	805	0.166	0.493	0.327	0.542	1.000	0.899
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	802	0.174	0.436	0.262	0.343	1.000	0.899
PTPRN2	chr7	1.58e+08	1.58e+08	665	0.187	0.511	0.325	0.607	1.000	0.899
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	575	0.198	0.532	0.334	0.629	1.000	0.899
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	669	0.114	0.465	0.351	0.507	1.000	0.899
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	698	0.061	0.365	0.304	0.322	1.000	0.899
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	910	0.158	0.496	0.338	0.554	1.000	0.899
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1338	0.120	0.481	0.361	0.544	1.000	0.899
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1053	0.112	0.408	0.296	0.336	1.000	0.899
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	253	0.095	0.458	0.363	0.509	1.000	0.899
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	712	0.158	0.492	0.333	0.507	1.000	0.899
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1533	0.097	0.343	0.246	0.252	1.000	0.899
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2641	0.135	0.493	0.358	0.607	1.000	0.899
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1053	0.092	0.389	0.297	0.332	1.000	0.899
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	520	0.063	0.413	0.349	0.393	1.000	0.899
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1214	0.118	0.428	0.310	0.383	1.000	0.899
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	534	0.108	0.536	0.429	0.687	1.000	0.899
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1219	0.097	0.423	0.326	0.432	1.000	0.899
HOXB-AS4;HOXB7;MIR19c	chr17	4.86e+07	4.86e+07	307	0.134	0.493	0.359	0.547	1.000	0.899
C17orf64;USP32	chr17	6.04e+07	6.04e+07	589	0.177	0.565	0.388	0.727	1.000	0.899

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1378	0.117	0.363	0.246	0.273	1.000	0.899
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	297	0.132	0.467	0.336	0.505	1.000	0.899
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	674	0.165	0.561	0.396	0.657	1.000	0.899
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	799	0.176	0.508	0.331	0.568	1.000	0.898
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	1202	0.156	0.554	0.399	0.643	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	605	0.186	0.514	0.328	0.584	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	992	0.173	0.508	0.335	0.593	1.000	0.898
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1565	0.079	0.433	0.355	0.472	1.000	0.898
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	696	0.174	0.506	0.332	0.556	1.000	0.898
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	894	0.079	0.410	0.331	0.421	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	934	0.152	0.485	0.333	0.526	1.000	0.898
PAX1	chr20	2.17e+07	2.17e+07	508	0.092	0.344	0.252	0.192	1.000	0.898
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	941	0.073	0.437	0.364	0.458	1.000	0.898
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1934	0.110	0.367	0.258	0.271	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	829	0.158	0.481	0.323	0.502	1.000	0.898
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	836	0.072	0.433	0.361	0.444	1.000	0.898
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	693	0.075	0.452	0.377	0.477	1.000	0.898
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1329	0.125	0.497	0.372	0.561	1.000	0.898
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1588	0.117	0.346	0.229	0.231	1.000	0.898
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2650	0.132	0.503	0.371	0.626	1.000	0.898
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	736	0.116	0.472	0.356	0.528	1.000	0.898
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	477	0.100	0.491	0.391	0.563	1.000	0.898
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1388	0.091	0.410	0.319	0.416	1.000	0.898
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1351	0.117	0.480	0.362	0.542	1.000	0.898
AC016757.3;AC0965'	chr2	2.38e+08	2.38e+08	284	0.157	0.488	0.331	0.554	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	388	0.145	0.500	0.355	0.607	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	941	0.146	0.475	0.329	0.493	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	999	0.161	0.494	0.333	0.547	1.000	0.898
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	380	0.130	0.505	0.375	0.605	1.000	0.898
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	518	0.183	0.480	0.297	0.498	1.000	0.898
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	748	0.094	0.473	0.379	0.526	1.000	0.898
TBX5	chr12	1.14e+08	1.14e+08	303	0.056	0.398	0.342	0.376	1.000	0.898
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1136	0.097	0.455	0.358	0.535	1.000	0.898
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	594	0.088	0.438	0.349	0.449	1.000	0.898
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	470	0.143	0.513	0.370	0.640	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	836	0.151	0.471	0.319	0.486	1.000	0.898
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1048	0.167	0.497	0.330	0.563	1.000	0.898
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	790	0.104	0.478	0.374	0.535	1.000	0.898
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	502	0.068	0.424	0.355	0.400	1.000	0.898
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1129	0.070	0.429	0.359	0.451	1.000	0.897
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	850	0.070	0.452	0.382	0.491	1.000	0.897
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	948	0.147	0.516	0.369	0.598	1.000	0.897
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	801	0.169	0.495	0.326	0.535	1.000	0.897
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	750	0.113	0.486	0.373	0.558	1.000	0.897

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1433	0.123	0.509	0.386	0.579	1.000	0.897
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	268	0.073	0.456	0.383	0.514	1.000	0.897
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	250	0.160	0.524	0.363	0.619	1.000	0.897
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	506	0.183	0.447	0.265	0.411	1.000	0.897
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1023	0.155	0.483	0.329	0.514	1.000	0.897
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	731	0.136	0.505	0.369	0.575	1.000	0.897
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1455	0.117	0.492	0.376	0.556	1.000	0.897
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2664	0.129	0.513	0.384	0.643	1.000	0.897
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1516	0.117	0.421	0.305	0.418	1.000	0.897
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	590	0.099	0.453	0.354	0.512	1.000	0.897
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	806	0.166	0.577	0.411	0.706	1.000	0.897
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	959	0.141	0.548	0.407	0.650	1.000	0.897
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	231	0.132	0.378	0.246	0.222	1.000	0.897
BRINP1	chr9	1.19e+08	1.19e+08	556	0.107	0.519	0.412	0.610	1.000	0.897
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	229	0.082	0.354	0.272	0.210	1.000	0.897
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	890	0.086	0.417	0.331	0.437	1.000	0.897
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1380	0.152	0.308	0.156	0.082	1.000	0.897
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	699	0.087	0.443	0.356	0.495	1.000	0.897
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	1452	0.088	0.417	0.328	0.442	1.000	0.897
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	873	0.165	0.517	0.353	0.603	1.000	0.897
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1195	0.114	0.490	0.376	0.558	1.000	0.897
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	742	0.157	0.519	0.361	0.610	1.000	0.897
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1896	0.107	0.364	0.257	0.264	1.000	0.897
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	706	0.072	0.427	0.354	0.446	1.000	0.897
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	719	0.119	0.409	0.290	0.357	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	825	0.161	0.482	0.321	0.502	1.000	0.896
PTPRG-AS1	chr3	6.24e+07	6.24e+07	446	0.191	0.472	0.282	0.505	1.000	0.896
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1674	0.078	0.428	0.350	0.463	1.000	0.896
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1689	0.073	0.292	0.219	0.206	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1030	0.149	0.474	0.325	0.493	1.000	0.896
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	387	0.194	0.524	0.331	0.643	1.000	0.896
AC079154.1;CNTNAP5	chr2	1.24e+08	1.24e+08	451	0.150	0.508	0.358	0.570	1.000	0.896
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1540	0.096	0.334	0.238	0.236	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1050	0.162	0.488	0.325	0.533	1.000	0.896
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	445	0.111	0.417	0.306	0.355	1.000	0.896
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	537	0.113	0.443	0.329	0.449	1.000	0.896
SLC6A1	chr3	1.10e+07	1.10e+07	279	0.136	0.446	0.310	0.460	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	661	0.177	0.499	0.322	0.547	1.000	0.896
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	702	0.125	0.472	0.348	0.526	1.000	0.896
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1351	0.149	0.333	0.184	0.150	1.000	0.896
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2266	0.140	0.487	0.347	0.584	1.000	0.896
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	252	0.049	0.265	0.216	0.238	1.000	0.896
AC079154.1;CNTNA	chr2	1.24e+08	1.24e+08	424	0.187	0.443	0.256	0.404	1.000	0.896

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1324	0.102	0.380	0.278	0.313	1.000	0.896
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1235	0.110	0.453	0.344	0.502	1.000	0.896
EPHA10	chr1	3.78e+07	3.78e+07	602	0.108	0.382	0.274	0.315	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1367	0.136	0.445	0.308	0.453	1.000	0.896
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1725	0.076	0.421	0.345	0.451	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	943	0.142	0.466	0.323	0.477	1.000	0.896
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1322	0.112	0.400	0.288	0.313	1.000	0.896
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	498	0.141	0.464	0.323	0.521	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	838	0.147	0.461	0.314	0.465	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1262	0.141	0.439	0.298	0.435	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1390	0.131	0.425	0.294	0.414	1.000	0.896
HCG4;HLA-V	chr6	2.98e+07	2.98e+07	213	0.089	0.377	0.288	0.271	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1285	0.136	0.420	0.284	0.404	1.000	0.896
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2687	0.126	0.514	0.388	0.650	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1294	0.131	0.401	0.271	0.364	1.000	0.896
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	601	0.139	0.402	0.263	0.334	1.000	0.896
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1730	0.074	0.418	0.344	0.449	1.000	0.896
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	479	0.140	0.437	0.297	0.428	1.000	0.896
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1749	0.073	0.415	0.342	0.439	1.000	0.896
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1399	0.127	0.408	0.281	0.376	1.000	0.896
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2255	0.101	0.484	0.383	0.584	1.000	0.896
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	693	0.143	0.496	0.353	0.565	1.000	0.896
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	363	0.073	0.433	0.361	0.444	1.000	0.896
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1119	0.101	0.417	0.316	0.435	1.000	0.896
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1431	0.111	0.421	0.310	0.425	1.000	0.896
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1161	0.105	0.379	0.273	0.297	1.000	0.896
GATA2-AS1	chr3	1.28e+08	1.28e+08	627	0.177	0.433	0.256	0.404	1.000	0.895
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1147	0.070	0.432	0.362	0.456	1.000	0.895
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	689	0.107	0.451	0.344	0.488	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	832	0.154	0.471	0.317	0.484	1.000	0.895
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1851	0.168	0.365	0.198	0.159	1.000	0.895
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1324	0.103	0.376	0.273	0.285	1.000	0.895
TBX5	chr12	1.14e+08	1.14e+08	248	0.043	0.404	0.361	0.418	1.000	0.895
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1754	0.071	0.411	0.340	0.423	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	509	0.188	0.512	0.324	0.577	1.000	0.895
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1317	0.142	0.486	0.344	0.563	1.000	0.895
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2719	0.121	0.519	0.398	0.666	1.000	0.895
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	1082	0.093	0.393	0.299	0.364	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1074	0.156	0.478	0.322	0.509	1.000	0.895
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	535	0.055	0.437	0.381	0.465	1.000	0.895
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	837	0.145	0.546	0.401	0.626	1.000	0.895
LINC00621;NUS1P2	chr13	2.29e+07	2.29e+07	237	0.140	0.356	0.216	0.210	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1405	0.123	0.393	0.269	0.341	1.000	0.895
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	684	0.145	0.476	0.331	0.544	1.000	0.895

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1163	0.096	0.355	0.258	0.259	1.000	0.895
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	841	0.120	0.389	0.269	0.311	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1032	0.145	0.465	0.320	0.481	1.000	0.895
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	762	0.095	0.388	0.293	0.360	1.000	0.895
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1398	0.087	0.409	0.322	0.418	1.000	0.895
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	359	0.042	0.238	0.196	0.199	1.000	0.895
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2278	0.099	0.510	0.411	0.661	1.000	0.895
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	528	0.154	0.551	0.398	0.671	1.000	0.895
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	401	0.112	0.523	0.411	0.624	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1456	0.140	0.445	0.305	0.453	1.000	0.895
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	420	0.111	0.448	0.337	0.481	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1479	0.135	0.427	0.292	0.416	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1300	0.127	0.386	0.259	0.322	1.000	0.895
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	659	0.059	0.399	0.341	0.390	1.000	0.895
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	596	0.146	0.480	0.334	0.554	1.000	0.895
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1204	0.184	0.402	0.218	0.255	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1081	0.150	0.469	0.319	0.495	1.000	0.895
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2721	0.119	0.521	0.402	0.664	1.000	0.895
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	656	0.159	0.504	0.345	0.575	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1488	0.130	0.410	0.280	0.381	1.000	0.895
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2264	0.100	0.497	0.397	0.631	1.000	0.895
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2301	0.098	0.512	0.414	0.664	1.000	0.895
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	426	0.115	0.456	0.341	0.495	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1303	0.123	0.371	0.248	0.259	1.000	0.895
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1408	0.120	0.378	0.258	0.294	1.000	0.895
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2333	0.095	0.519	0.424	0.671	1.000	0.895
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	756	0.110	0.460	0.350	0.519	1.000	0.895
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	770	0.109	0.474	0.365	0.540	1.000	0.894
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	786	0.069	0.425	0.356	0.439	1.000	0.894
AC016757.3;AC0965'	chr2	2.38e+08	2.38e+08	292	0.174	0.510	0.335	0.598	1.000	0.894
FOXI2;RP11-288A5.2	chr10	1.28e+08	1.28e+08	278	0.125	0.573	0.448	0.741	1.000	0.894
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	712	0.073	0.432	0.359	0.453	1.000	0.894
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	1054	0.168	0.398	0.231	0.252	1.000	0.894
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	2005	0.095	0.324	0.229	0.220	1.000	0.894
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	483	0.061	0.539	0.477	0.685	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1420	0.116	0.364	0.248	0.234	1.000	0.894
PAX1	chr20	2.17e+07	2.17e+07	278	0.133	0.415	0.282	0.343	0.978	0.894
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1693	0.122	0.361	0.239	0.257	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1315	0.119	0.357	0.238	0.229	1.000	0.894
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1989	0.145	0.488	0.343	0.582	1.000	0.894
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1014	0.138	0.457	0.319	0.486	1.000	0.894

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	699	0.141	0.472	0.330	0.472	1.000	0.894
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	672	0.103	0.498	0.395	0.561	1.000	0.894
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	797	0.136	0.515	0.379	0.598	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	663	0.169	0.486	0.316	0.512	1.000	0.894
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1981	0.109	0.319	0.210	0.192	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1494	0.127	0.395	0.268	0.348	1.000	0.894
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	635	0.168	0.512	0.344	0.619	1.000	0.894
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1458	0.095	0.358	0.263	0.276	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1497	0.123	0.381	0.258	0.313	1.000	0.894
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1657	0.117	0.424	0.308	0.428	1.000	0.894
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	706	0.087	0.312	0.225	0.220	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1509	0.119	0.367	0.248	0.252	1.000	0.894
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	915	0.147	0.395	0.248	0.404	1.000	0.894
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1421	0.115	0.357	0.242	0.266	1.000	0.894
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	686	0.052	0.395	0.343	0.383	1.000	0.894
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1476	0.119	0.477	0.358	0.535	1.000	0.894
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	418	0.090	0.529	0.439	0.673	1.000	0.894
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	571	0.180	0.520	0.340	0.652	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1258	0.143	0.438	0.295	0.437	1.000	0.894
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	479	0.054	0.402	0.348	0.421	1.000	0.894
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	673	0.055	0.406	0.351	0.411	1.000	0.894
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	249	0.099	0.502	0.403	0.626	1.000	0.894
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	280	0.160	0.399	0.239	0.285	1.000	0.894
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	834	0.149	0.461	0.312	0.467	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1281	0.137	0.417	0.280	0.397	1.000	0.893
IRX1	chr5	3.59e+06	3.60e+06	865	0.130	0.406	0.276	0.362	1.000	0.893
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1922	0.069	0.398	0.329	0.397	1.000	0.893
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	708	0.103	0.431	0.328	0.474	1.000	0.893
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1423	0.092	0.343	0.252	0.238	1.000	0.893
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	971	0.161	0.497	0.336	0.600	1.000	0.893
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	727	0.169	0.515	0.346	0.600	1.000	0.893
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1775	0.071	0.408	0.337	0.418	1.000	0.893
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1580	0.118	0.488	0.371	0.554	1.000	0.893
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1484	0.137	0.310	0.173	0.117	1.000	0.893
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	411	0.084	0.471	0.387	0.561	1.000	0.893
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	858	0.176	0.514	0.339	0.603	1.000	0.893
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	923	0.082	0.386	0.304	0.360	1.000	0.893
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	255	0.165	0.498	0.333	0.565	1.000	0.893
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	905	0.086	0.428	0.341	0.444	1.000	0.893
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	816	0.150	0.552	0.403	0.631	1.000	0.893
CBLN1	chr16	4.93e+07	4.93e+07	477	0.095	0.427	0.332	0.430	1.000	0.893
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1622	0.148	0.356	0.208	0.150	1.000	0.893
LINC00621;NUS1P2	chr13	2.29e+07	2.29e+07	208	0.176	0.407	0.231	0.304	1.000	0.893
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1708	0.073	0.281	0.208	0.192	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1290	0.132	0.398	0.267	0.367	1.000	0.893

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	241	0.077	0.413	0.336	0.425	1.000	0.893
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1012	0.150	0.301	0.151	0.047	1.000	0.893
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1932	0.067	0.390	0.323	0.376	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	687	0.161	0.473	0.312	0.491	1.000	0.893
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	502	0.113	0.463	0.350	0.565	1.000	0.893
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	901	0.093	0.436	0.343	0.491	1.000	0.893
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1293	0.107	0.355	0.248	0.241	1.000	0.893
TBX4	chr17	6.15e+07	6.15e+07	404	0.127	0.520	0.393	0.638	1.000	0.893
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	627	0.043	0.398	0.355	0.442	1.000	0.893
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	558	0.122	0.367	0.245	0.238	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1083	0.147	0.461	0.314	0.479	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1507	0.142	0.442	0.300	0.437	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1530	0.137	0.425	0.288	0.411	1.000	0.893
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	585	0.104	0.479	0.375	0.579	1.000	0.893
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	931	0.094	0.468	0.374	0.544	1.000	0.893
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1262	0.086	0.323	0.237	0.224	1.000	0.893
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1429	0.087	0.330	0.243	0.229	1.000	0.893
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1246	0.145	0.526	0.381	0.617	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1296	0.128	0.382	0.255	0.313	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1539	0.132	0.408	0.276	0.376	1.000	0.893
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	268	0.122	0.328	0.206	0.103	1.000	0.893
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	502	0.159	0.511	0.352	0.582	1.000	0.893
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	1052	0.164	0.417	0.253	0.292	1.000	0.893
PAX1	chr20	2.17e+07	2.17e+07	517	0.099	0.371	0.272	0.285	1.000	0.893
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	691	0.054	0.408	0.354	0.411	1.000	0.893
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1380	0.133	0.515	0.382	0.591	1.000	0.893
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	342	0.123	0.380	0.257	0.292	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	565	0.178	0.496	0.317	0.535	1.000	0.893
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	430	0.094	0.533	0.439	0.694	1.000	0.893
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	303	0.115	0.499	0.384	0.577	1.000	0.893
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	398	0.051	0.253	0.201	0.206	1.000	0.893
AC016757.3;AC0965'	chr2	2.38e+08	2.38e+08	305	0.172	0.501	0.330	0.582	1.000	0.893
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1155	0.149	0.481	0.332	0.554	1.000	0.893
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2335	0.094	0.521	0.427	0.671	1.000	0.893
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	854	0.079	0.454	0.375	0.495	1.000	0.893
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1299	0.123	0.367	0.243	0.257	1.000	0.892
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1311	0.119	0.352	0.233	0.222	1.000	0.892
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	856	0.091	0.412	0.320	0.414	1.000	0.892
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1451	0.083	0.319	0.237	0.215	1.000	0.892
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1880	0.104	0.473	0.370	0.568	1.000	0.892
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1069	0.130	0.451	0.322	0.479	1.000	0.892
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1387	0.098	0.360	0.262	0.259	1.000	0.892
SLC5A8	chr12	1.01e+08	1.01e+08	477	0.140	0.450	0.310	0.470	1.000	0.892

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1597	0.122	0.353	0.231	0.234	1.000	0.892
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	526	0.196	0.470	0.274	0.439	1.000	0.892
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	446	0.076	0.451	0.375	0.521	1.000	0.892
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	235	0.185	0.519	0.334	0.605	1.000	0.892
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	1051	0.109	0.550	0.441	0.682	1.000	0.892
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	769	0.095	0.457	0.361	0.512	1.000	0.892
ADHFE1	chr8	6.64e+07	6.64e+07	217	0.051	0.476	0.425	0.549	1.000	0.892
C17orf64;USP32	chr17	6.04e+07	6.04e+07	266	0.069	0.508	0.438	0.636	1.000	0.892
RP11-13J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	251	0.138	0.403	0.266	0.285	1.000	0.892
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1545	0.129	0.394	0.265	0.341	1.000	0.892
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1560	0.122	0.368	0.246	0.255	1.000	0.892
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1548	0.125	0.381	0.255	0.308	1.000	0.892
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	436	0.118	0.465	0.347	0.509	1.000	0.892
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	227	0.155	0.522	0.367	0.612	1.000	0.892
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	827	0.111	0.376	0.265	0.306	1.000	0.892
ABO	chr9	1.33e+08	1.33e+08	1328	0.186	0.448	0.263	0.432	1.000	0.892
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	276	0.122	0.515	0.394	0.636	1.000	0.892
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	609	0.121	0.523	0.402	0.619	1.000	0.892
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1853	0.176	0.382	0.207	0.187	1.000	0.892
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	888	0.105	0.409	0.304	0.376	1.000	0.892
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1989	0.067	0.387	0.320	0.374	1.000	0.892
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	264	0.174	0.549	0.375	0.638	1.000	0.892
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	477	0.066	0.391	0.325	0.369	1.000	0.892
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	794	0.096	0.468	0.371	0.544	1.000	0.892
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	380	0.091	0.431	0.340	0.439	1.000	0.892
CTB-175E5.7;UBTF	chr17	4.42e+07	4.42e+07	257	0.136	0.509	0.373	0.605	1.000	0.892
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1153	0.074	0.432	0.358	0.456	1.000	0.892
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	694	0.153	0.462	0.309	0.467	1.000	0.892
CDH8	chr16	6.20e+07	6.20e+07	490	0.125	0.479	0.355	0.556	1.000	0.892
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1268	0.081	0.310	0.229	0.213	1.000	0.892
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	328	0.076	0.412	0.335	0.404	1.000	0.892
RP11-13J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	278	0.142	0.406	0.264	0.308	1.000	0.892
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	227	0.087	0.264	0.177	0.136	1.000	0.892
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1226	0.092	0.339	0.247	0.243	1.000	0.892
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	876	0.086	0.455	0.369	0.493	1.000	0.892
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	411	0.143	0.468	0.326	0.498	1.000	0.892
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	940	0.079	0.362	0.283	0.318	1.000	0.892
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	376	0.156	0.480	0.324	0.495	1.000	0.892
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	829	0.100	0.349	0.249	0.271	1.000	0.892
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1290	0.077	0.300	0.223	0.203	1.000	0.892
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	630	0.095	0.436	0.341	0.507	1.000	0.892
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	1071	0.081	0.389	0.308	0.362	1.000	0.892

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1499	0.119	0.501	0.382	0.561	1.000	0.891
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	287	0.131	0.547	0.416	0.645	1.000	0.891
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	210	0.140	0.331	0.191	0.192	1.000	0.891
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	692	0.167	0.560	0.393	0.633	1.000	0.891
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1804	0.119	0.346	0.227	0.236	1.000	0.891
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	342	0.166	0.430	0.264	0.379	1.000	0.891
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	853	0.071	0.345	0.274	0.271	1.000	0.891
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	847	0.083	0.413	0.330	0.416	1.000	0.891
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1477	0.125	0.517	0.391	0.591	1.000	0.891
RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	507	0.118	0.322	0.204	0.168	1.000	0.891
CBLN1	chr16	4.93e+07	4.93e+07	711	0.082	0.357	0.275	0.299	1.000	0.891
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1206	0.191	0.417	0.226	0.315	1.000	0.891
RP11-13J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	399	0.117	0.368	0.251	0.231	1.000	0.891
DIO3;DIO3OS;MIR1247.1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	578	0.074	0.363	0.288	0.287	1.000	0.891
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	276	0.133	0.474	0.341	0.523	1.000	0.891
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	542	0.135	0.479	0.344	0.547	1.000	0.891
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	688	0.163	0.509	0.346	0.563	1.000	0.891
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	311	0.124	0.326	0.201	0.079	1.000	0.891
LBX2	chr2	7.45e+07	7.45e+07	968	0.176	0.506	0.329	0.542	1.000	0.891
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	246	0.086	0.527	0.441	0.624	1.000	0.891
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	215	0.135	0.511	0.376	0.579	1.000	0.891
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	412	0.070	0.418	0.348	0.400	1.000	0.891
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	566	0.167	0.421	0.253	0.322	1.000	0.891
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	1114	0.186	0.438	0.252	0.371	1.000	0.891
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	639	0.072	0.367	0.296	0.297	1.000	0.891
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1169	0.112	0.459	0.348	0.540	1.000	0.891
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	233	0.081	0.416	0.335	0.442	1.000	0.891
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	1038	0.177	0.385	0.208	0.297	1.000	0.891
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	269	0.138	0.413	0.276	0.360	1.000	0.891
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1993	0.066	0.382	0.316	0.362	1.000	0.891
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1590	0.116	0.356	0.240	0.248	1.000	0.891
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	1015	0.097	0.390	0.293	0.360	1.000	0.891
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	844	0.096	0.411	0.315	0.418	1.000	0.891
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	642	0.149	0.448	0.299	0.477	1.000	0.891
ACSF2;CHAD	chr17	5.05e+07	5.05e+07	244	0.197	0.651	0.454	0.792	0.978	0.891
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	982	0.124	0.448	0.324	0.479	1.000	0.891
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	803	0.106	0.452	0.346	0.512	1.000	0.891
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1528	0.170	0.380	0.210	0.278	1.000	0.890
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1648	0.116	0.347	0.232	0.241	1.000	0.890
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1159	0.164	0.377	0.213	0.238	1.000	0.890
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	229	0.075	0.381	0.306	0.320	1.000	0.890
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	835	0.087	0.412	0.325	0.421	1.000	0.890
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	1088	0.079	0.374	0.294	0.320	1.000	0.890

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	380	0.127	0.503	0.377	0.579	1.000	0.890
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	567	0.170	0.482	0.312	0.505	1.000	0.890
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	931	0.128	0.516	0.388	0.647	1.000	0.890
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	1018	0.089	0.412	0.324	0.425	1.000	0.890
IRF4	chr6	3.92e+05	3.92e+05	368	0.086	0.513	0.427	0.621	1.000	0.890
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	574	0.098	0.396	0.298	0.353	1.000	0.890
RP5-850E9.3;SCRT2	chr20	6.63e+05	6.64e+05	222	0.110	0.448	0.338	0.437	1.000	0.890
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	894	0.117	0.360	0.244	0.262	1.000	0.890
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	255	0.079	0.391	0.312	0.334	1.000	0.890
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	441	0.068	0.393	0.325	0.379	1.000	0.890
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	1059	0.084	0.385	0.301	0.355	1.000	0.890
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	517	0.078	0.488	0.409	0.540	1.000	0.890
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	378	0.060	0.543	0.482	0.673	1.000	0.890
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	638	0.117	0.353	0.236	0.180	1.000	0.890
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	811	0.049	0.396	0.347	0.428	1.000	0.890
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	2072	0.066	0.381	0.315	0.367	1.000	0.890
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	696	0.148	0.451	0.303	0.446	1.000	0.890
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1120	0.141	0.428	0.286	0.418	1.000	0.890
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1143	0.094	0.407	0.313	0.414	1.000	0.890
RP11-742D12.2;ST8SIA5	chr18	4.68e+07	4.68e+07	247	0.095	0.507	0.412	0.549	1.000	0.890
AVPR1A;RP11-715H19.2	chr12	6.32e+07	6.32e+07	600	0.168	0.469	0.301	0.519	1.000	0.890
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	711	0.173	0.448	0.275	0.418	1.000	0.890
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1143	0.135	0.407	0.271	0.381	1.000	0.890
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	292	0.169	0.535	0.366	0.650	1.000	0.890
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	529	0.085	0.444	0.359	0.495	1.000	0.890
RP5-1180C18.1	chr1	3.73e+07	3.73e+07	257	0.106	0.291	0.186	0.070	1.000	0.890
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1209	0.082	0.441	0.359	0.477	1.000	0.890
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	347	0.117	0.299	0.181	0.175	1.000	0.890
TCERG1L	chr10	1.31e+08	1.31e+08	674	0.145	0.581	0.436	0.724	1.000	0.890
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	296	0.198	0.601	0.403	0.727	1.000	0.890
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1058	0.099	0.366	0.267	0.299	1.000	0.890
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1214	0.084	0.382	0.299	0.350	1.000	0.890
VXS2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	739	0.196	0.504	0.308	0.551	1.000	0.890
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	986	0.114	0.358	0.243	0.217	1.000	0.890
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1204	0.087	0.388	0.302	0.367	1.000	0.890
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1175	0.157	0.449	0.291	0.449	1.000	0.889
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	988	0.127	0.346	0.219	0.196	1.000	0.889
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1152	0.130	0.387	0.257	0.343	1.000	0.889
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	568	0.139	0.427	0.289	0.439	1.000	0.889
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1031	0.131	0.381	0.249	0.386	1.000	0.889
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	1342	0.143	0.353	0.210	0.201	1.000	0.889

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1801	0.127	0.354	0.227	0.248	1.000	0.889
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	250	0.142	0.493	0.351	0.591	1.000	0.889
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	436	0.194	0.508	0.314	0.558	1.000	0.889
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	336	0.114	0.526	0.412	0.636	1.000	0.889
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	224	0.089	0.507	0.418	0.589	1.000	0.889
CTC-	chr5	1.46e+08	1.46e+08	817	0.143	0.384	0.241	0.287	1.000	0.889
359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3										
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1552	0.114	0.351	0.238	0.224	1.000	0.889
MAGI2;MAGI2-AS3	chr7	7.95e+07	7.95e+07	228	0.116	0.515	0.398	0.636	1.000	0.889
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	241	0.067	0.369	0.302	0.299	1.000	0.889
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	700	0.140	0.437	0.297	0.435	1.000	0.889
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	255	0.091	0.440	0.349	0.481	1.000	0.889
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	2053	0.105	0.316	0.212	0.196	1.000	0.889
TBX5	chr12	1.14e+08	1.14e+08	396	0.067	0.383	0.316	0.341	1.000	0.889
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1603	0.106	0.473	0.367	0.554	1.000	0.889
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	279	0.160	0.483	0.323	0.507	1.000	0.889
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1561	0.147	0.390	0.243	0.297	1.000	0.889
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	222	0.094	0.267	0.173	0.119	1.000	0.889
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	591	0.161	0.469	0.308	0.491	1.000	0.889
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	372	0.129	0.533	0.404	0.621	1.000	0.889
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	338	0.102	0.413	0.311	0.355	1.000	0.889
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	928	0.088	0.316	0.228	0.224	1.000	0.889
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1624	0.120	0.497	0.376	0.561	1.000	0.889
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	455	0.110	0.509	0.399	0.582	1.000	0.889
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	841	0.138	0.526	0.388	0.624	1.000	0.889
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	825	0.140	0.464	0.324	0.514	1.000	0.889
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	1035	0.085	0.388	0.303	0.379	1.000	0.889
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	916	0.112	0.392	0.280	0.325	1.000	0.889
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	641	0.175	0.494	0.319	0.544	1.000	0.889
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	369	0.029	0.339	0.311	0.280	1.000	0.889
AC108025.2;LINC01248;SOX11	chr5	5.69e+06	5.69e+06	1218	0.134	0.518	0.385	0.614	1.000	0.889
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	601	0.159	0.465	0.306	0.465	1.000	0.889
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1111	0.142	0.382	0.240	0.301	1.000	0.889
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1158	0.126	0.371	0.245	0.285	1.000	0.889
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	431	0.095	0.521	0.426	0.617	1.000	0.889
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1463	0.145	0.436	0.290	0.416	1.000	0.889
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1405	0.086	0.408	0.322	0.423	1.000	0.888
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	418	0.125	0.485	0.360	0.547	1.000	0.888
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	590	0.082	0.441	0.359	0.498	1.000	0.888
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	1076	0.081	0.368	0.287	0.315	1.000	0.888
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	774	0.131	0.412	0.281	0.397	1.000	0.888
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	660	0.076	0.375	0.299	0.306	1.000	0.888
MIR124-2HG	chr8	6.44e+07	6.44e+07	219	0.096	0.286	0.190	0.084	1.000	0.888
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1161	0.121	0.355	0.234	0.243	1.000	0.888

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1592	0.147	0.365	0.218	0.269	1.000	0.888
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	438	0.115	0.468	0.353	0.521	1.000	0.888
TBX5	chr12	1.14e+08	1.14e+08	288	0.072	0.388	0.316	0.353	1.000	0.888
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2117	0.101	0.510	0.409	0.657	1.000	0.888
MNX1;MNX1-AS2	chr7	1.57e+08	1.57e+08	324	0.075	0.504	0.430	0.654	1.000	0.888
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2149	0.097	0.518	0.421	0.664	1.000	0.888
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	763	0.112	0.386	0.274	0.287	1.000	0.888
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1291	0.165	0.470	0.305	0.467	1.000	0.888
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1173	0.117	0.341	0.223	0.203	1.000	0.888
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	598	0.152	0.457	0.304	0.463	1.000	0.888
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	215	0.195	0.509	0.314	0.565	1.000	0.888
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	350	0.091	0.363	0.272	0.215	1.000	0.888
GRIK1	chr21	2.99e+07	2.99e+07	411	0.177	0.430	0.253	0.379	1.000	0.888
THY1;USP2-AS1	chr11	1.19e+08	1.19e+08	485	0.181	0.468	0.287	0.456	1.000	0.887
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	939	0.065	0.430	0.365	0.449	1.000	0.887
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	623	0.161	0.371	0.210	0.271	1.000	0.887
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	1068	0.124	0.455	0.330	0.488	1.000	0.887
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	525	0.074	0.370	0.296	0.329	1.000	0.887
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2094	0.103	0.508	0.405	0.652	1.000	0.887
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	390	0.127	0.459	0.332	0.493	1.000	0.887
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2151	0.096	0.520	0.423	0.668	1.000	0.887
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	892	0.095	0.333	0.238	0.248	1.000	0.887
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	934	0.082	0.302	0.220	0.210	1.000	0.887
OTX2-AS1	chr14	5.68e+07	5.68e+07	387	0.107	0.408	0.301	0.299	1.000	0.887
ASIP;RP4-785G19.5	chr20	3.43e+07	3.43e+07	227	0.193	0.559	0.366	0.717	1.000	0.887
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	492	0.183	0.490	0.307	0.512	1.000	0.887
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	422	0.096	0.406	0.310	0.353	1.000	0.887
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1488	0.084	0.407	0.322	0.425	1.000	0.887
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2080	0.104	0.493	0.389	0.624	1.000	0.887
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	366	0.103	0.286	0.182	0.173	1.000	0.887
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2071	0.106	0.478	0.372	0.591	1.000	0.887
FGF12	chr3	1.92e+08	1.92e+08	499	0.062	0.294	0.232	0.215	1.000	0.887
NMBR;RP11-137J7.2	chr6	1.42e+08	1.42e+08	270	0.116	0.295	0.179	0.070	1.000	0.887
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	543	0.192	0.390	0.198	0.264	1.000	0.887
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1302	0.124	0.401	0.277	0.381	1.000	0.887
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1315	0.084	0.440	0.356	0.481	1.000	0.887
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	445	0.190	0.404	0.213	0.271	1.000	0.887
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1561	0.129	0.392	0.263	0.325	1.000	0.886
RP11-95M5.1	chr3	1.48e+07	1.48e+07	247	0.072	0.356	0.284	0.290	1.000	0.886
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1127	0.063	0.423	0.360	0.446	1.000	0.886
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	887	0.174	0.425	0.252	0.353	1.000	0.886
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	554	0.145	0.439	0.294	0.437	1.000	0.886

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	476	0.026	0.327	0.301	0.259	1.000	0.886
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	271	0.154	0.457	0.303	0.488	1.000	0.886
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	477	0.138	0.291	0.153	0.152	1.000	0.886
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	361	0.097	0.494	0.396	0.589	1.000	0.886
RP11-95M5.1	chr3	1.48e+07	1.48e+07	579	0.059	0.284	0.225	0.180	1.000	0.886
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2030	0.100	0.508	0.408	0.647	1.000	0.886
FGF12	chr3	1.92e+08	1.92e+08	341	0.082	0.308	0.226	0.187	1.000	0.886
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1612	0.116	0.479	0.363	0.549	1.000	0.886
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1141	0.094	0.286	0.192	0.171	1.000	0.886
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	208	0.153	0.568	0.415	0.647	1.000	0.886
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	715	0.125	0.467	0.342	0.519	1.000	0.886
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	261	0.140	0.528	0.388	0.563	1.000	0.886
FOXF2	chr6	1.39e+06	1.39e+06	340	0.156	0.454	0.299	0.435	1.000	0.886
SLC5A8	chr12	1.01e+08	1.01e+08	255	0.096	0.439	0.343	0.472	1.000	0.886
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	671	0.080	0.381	0.301	0.308	1.000	0.886
MIR137HG;MIR2682	chr1	9.80e+07	9.80e+07	372	0.100	0.488	0.388	0.547	1.000	0.886
KCNC3;NR1H2	chr19	5.03e+07	5.03e+07	520	0.114	0.552	0.438	0.673	1.000	0.886
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	956	0.078	0.292	0.214	0.199	1.000	0.886
QRFR	chr4	1.21e+08	1.21e+08	244	0.122	0.478	0.355	0.579	1.000	0.886
ADCYAP1;RP11-672L10.3	chr18	9.08e+05	9.09e+05	216	0.122	0.464	0.341	0.512	1.000	0.886
NR2E1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	308	0.172	0.463	0.292	0.442	1.000	0.886
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	387	0.187	0.502	0.315	0.561	1.000	0.886
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	834	0.064	0.426	0.362	0.439	1.000	0.886
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	444	0.113	0.467	0.354	0.526	1.000	0.886
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	211	0.084	0.373	0.288	0.280	1.000	0.886
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1192	0.134	0.447	0.313	0.463	1.000	0.886
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1062	0.095	0.338	0.243	0.236	1.000	0.886
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	250	0.080	0.390	0.310	0.355	1.000	0.886
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2007	0.103	0.474	0.371	0.579	1.000	0.886
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2085	0.095	0.519	0.424	0.668	1.000	0.886
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	236	0.104	0.522	0.418	0.605	1.000	0.886
TJP2	chr9	6.92e+07	6.92e+07	783	0.066	0.307	0.241	0.252	1.000	0.886
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	423	0.184	0.493	0.309	0.526	1.000	0.885
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1305	0.116	0.353	0.237	0.266	1.000	0.885
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	442	0.187	0.503	0.316	0.617	1.000	0.885
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	696	0.078	0.392	0.314	0.341	1.000	0.885
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2053	0.099	0.511	0.412	0.650	1.000	0.885
ASIP;RP4-785G19.5	chr20	3.43e+07	3.43e+07	306	0.166	0.551	0.386	0.685	1.000	0.885
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	437	0.072	0.359	0.287	0.278	1.000	0.885
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	498	0.070	0.365	0.296	0.297	1.000	0.885
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1052	0.121	0.372	0.251	0.362	1.000	0.885
IRF4	chr6	3.92e+05	3.92e+05	389	0.084	0.499	0.416	0.617	1.000	0.885
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	329	0.142	0.442	0.300	0.458	1.000	0.885
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	379	0.151	0.527	0.376	0.598	1.000	0.885

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	708	0.196	0.486	0.290	0.561	1.000	0.885
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1037	0.117	0.443	0.326	0.484	1.000	0.885
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	218	0.169	0.511	0.342	0.591	1.000	0.885
THY1;USP2-AS1	chr11	1.19e+08	1.19e+08	479	0.172	0.438	0.266	0.353	1.000	0.885
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	457	0.105	0.504	0.400	0.568	1.000	0.885
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2016	0.101	0.492	0.391	0.617	1.000	0.885
AC016757.3;AC096574.1	chr2	2.38e+08	2.38e+08	201	0.174	0.515	0.340	0.598	1.000	0.885
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1145	0.064	0.426	0.362	0.449	1.000	0.885
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	724	0.077	0.397	0.320	0.355	1.000	0.885
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1329	0.082	0.436	0.354	0.479	1.000	0.885
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1161	0.167	0.465	0.297	0.463	1.000	0.885
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	273	0.187	0.495	0.307	0.537	1.000	0.885
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1333	0.143	0.424	0.281	0.393	1.000	0.885
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	702	0.090	0.433	0.343	0.507	1.000	0.885
PDE10A	chr6	1.66e+08	1.66e+08	276	0.123	0.442	0.319	0.451	1.000	0.885
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	600	0.148	0.446	0.299	0.446	1.000	0.885
MIR137HG;MIR2682;MIR137	chr1	9.80e+07	9.80e+07	404	0.087	0.447	0.361	0.453	1.000	0.885
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	494	0.174	0.476	0.302	0.498	1.000	0.885
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1218	0.125	0.440	0.315	0.449	1.000	0.885
PTPN5	chr11	1.88e+07	1.88e+07	527	0.122	0.331	0.208	0.222	1.000	0.885
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	413	0.061	0.397	0.336	0.390	1.000	0.885
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	868	0.074	0.396	0.322	0.362	1.000	0.885
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	507	0.088	0.471	0.383	0.500	1.000	0.885
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	540	0.115	0.467	0.352	0.526	1.000	0.884
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	978	0.091	0.374	0.282	0.336	1.000	0.884
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1047	0.134	0.399	0.265	0.374	1.000	0.884
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	262	0.073	0.379	0.306	0.320	1.000	0.884
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1659	0.130	0.261	0.131	0.033	1.000	0.884
MIR137HG;MIR2682;MIR137	chr1	9.80e+07	9.80e+07	420	0.083	0.438	0.355	0.423	1.000	0.884
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1024	0.140	0.422	0.281	0.416	1.000	0.884
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	406	0.126	0.408	0.282	0.362	1.000	0.884
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	632	0.077	0.364	0.286	0.306	1.000	0.884
SLC5A8	chr12	1.01e+08	1.01e+08	480	0.144	0.424	0.280	0.402	1.000	0.884
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1616	0.151	0.399	0.247	0.374	1.000	0.884
PDE10A	chr6	1.66e+08	1.66e+08	283	0.129	0.516	0.388	0.607	1.000	0.884
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1225	0.116	0.431	0.315	0.439	1.000	0.884
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	424	0.131	0.519	0.388	0.614	1.000	0.884
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1419	0.135	0.382	0.247	0.362	1.000	0.884
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	675	0.129	0.395	0.266	0.322	1.000	0.884
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	594	0.132	0.480	0.347	0.514	1.000	0.884
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	2087	0.094	0.521	0.427	0.668	1.000	0.884
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	700	0.058	0.444	0.386	0.472	1.000	0.884
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	510	0.133	0.527	0.394	0.640	1.000	0.884

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1056	0.128	0.380	0.251	0.325	1.000	0.884
RAI1	chr17	1.77e+07	1.77e+07	2134	0.199	0.478	0.279	0.512	1.000	0.884
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	223	0.139	0.440	0.301	0.463	1.000	0.884
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1551	0.084	0.312	0.227	0.213	1.000	0.884
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	1171	0.112	0.451	0.340	0.516	1.000	0.884
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	417	0.170	0.480	0.309	0.500	1.000	0.884
ASIP;RP4-785G19.5	chr20	3.43e+07	3.43e+07	254	0.137	0.550	0.413	0.661	1.000	0.884
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	317	0.100	0.496	0.395	0.579	1.000	0.884
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	517	0.130	0.474	0.344	0.533	1.000	0.884
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	337	0.114	0.440	0.326	0.456	1.000	0.884
MIR137HG;MIR2682	chr1	9.80e+07	9.80e+07	266	0.110	0.517	0.407	0.570	1.000	0.884
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	307	0.158	0.505	0.348	0.561	1.000	0.884
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	931	0.112	0.385	0.274	0.320	1.000	0.884
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	403	0.131	0.413	0.282	0.395	1.000	0.884
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	645	0.112	0.382	0.269	0.262	1.000	0.884
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	588	0.091	0.470	0.379	0.526	1.000	0.884
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	272	0.127	0.380	0.253	0.269	1.000	0.883
MIR137HG;MIR2682;MIR137	chr1	9.80e+07	9.80e+07	599	0.076	0.419	0.343	0.407	1.000	0.883
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	671	0.157	0.485	0.328	0.540	1.000	0.883
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1062	0.124	0.363	0.238	0.271	1.000	0.883
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	795	0.121	0.481	0.360	0.514	1.000	0.883
ASIP;RP4-785G19.5	chr20	3.43e+07	3.43e+07	382	0.158	0.560	0.401	0.703	1.000	0.883
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	893	0.082	0.419	0.337	0.432	1.000	0.883
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1341	0.081	0.433	0.351	0.477	1.000	0.883
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1825	0.122	0.361	0.240	0.241	1.000	0.883
ZNF385D	chr3	2.24e+07	2.24e+07	405	0.117	0.424	0.306	0.397	1.000	0.883
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	204	0.134	0.425	0.292	0.414	1.000	0.883
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	518	0.163	0.462	0.299	0.474	1.000	0.883
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	276	0.109	0.428	0.319	0.407	1.000	0.883
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1444	0.123	0.403	0.280	0.367	1.000	0.883
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	560	0.062	0.346	0.285	0.241	1.000	0.883
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1065	0.120	0.346	0.227	0.220	1.000	0.883
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	890	0.114	0.368	0.255	0.264	1.000	0.883
DRD4	chr11	6.37e+05	6.38e+05	1227	0.170	0.527	0.357	0.654	1.000	0.883
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	684	0.117	0.443	0.326	0.491	1.000	0.883
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	303	0.168	0.470	0.302	0.488	1.000	0.883
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	747	0.100	0.455	0.354	0.493	1.000	0.883
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1696	0.109	0.465	0.356	0.540	1.000	0.883
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	238	0.131	0.487	0.356	0.575	1.000	0.883
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	462	0.165	0.447	0.282	0.444	1.000	0.883
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	543	0.062	0.442	0.380	0.463	1.000	0.883

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	478	0.181	0.512	0.331	0.561	1.000	0.883
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1202	0.150	0.348	0.198	0.189	1.000	0.883
MIR137HG;MIR2682;MIR137	chr1	9.80e+07	9.80e+07	298	0.089	0.453	0.364	0.458	1.000	0.883
MIR137HG;MIR2682	chr1	9.80e+07	9.80e+07	314	0.084	0.441	0.357	0.442	1.000	0.883
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	671	0.172	0.456	0.284	0.453	1.000	0.883
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	297	0.127	0.406	0.279	0.390	1.000	0.883
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1302	0.126	0.363	0.238	0.280	1.000	0.883
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	606	0.095	0.285	0.190	0.119	1.000	0.883
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1343	0.080	0.428	0.348	0.467	1.000	0.883
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	704	0.062	0.416	0.354	0.428	1.000	0.883
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	659	0.111	0.407	0.296	0.439	1.000	0.883
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	683	0.094	0.442	0.348	0.460	1.000	0.883
JAM3	chr11	1.34e+08	1.34e+08	363	0.122	0.410	0.288	0.367	1.000	0.883
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1077	0.115	0.332	0.217	0.180	1.000	0.883
CTD-2517M22.14;PPP1R16A	chr8	1.45e+08	1.45e+08	553	0.176	0.485	0.309	0.479	1.000	0.882
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	233	0.085	0.236	0.152	0.040	1.000	0.882
ST8SIA3	chr18	5.74e+07	5.74e+07	226	0.087	0.290	0.203	0.077	1.000	0.882
AC007392.3	chr2	6.66e+07	6.66e+07	269	0.102	0.433	0.330	0.449	1.000	0.882
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	686	0.117	0.463	0.346	0.549	1.000	0.882
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	479	0.173	0.475	0.303	0.495	1.000	0.882
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	401	0.117	0.461	0.344	0.530	1.000	0.882
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1431	0.124	0.375	0.251	0.290	1.000	0.882
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	832	0.085	0.417	0.333	0.416	1.000	0.882
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	261	0.086	0.397	0.311	0.364	1.000	0.882
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1906	0.113	0.417	0.304	0.425	1.000	0.882
ASIP;RP4-785G19.5	chr20	3.43e+07	3.43e+07	330	0.135	0.561	0.426	0.682	1.000	0.882
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	248	0.103	0.498	0.395	0.582	1.000	0.882
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	339	0.130	0.482	0.353	0.556	1.000	0.882
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	519	0.074	0.374	0.300	0.299	1.000	0.882
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	236	0.129	0.512	0.383	0.612	1.000	0.882
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	273	0.079	0.386	0.308	0.336	1.000	0.882
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1632	0.107	0.459	0.352	0.514	1.000	0.882
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1359	0.117	0.400	0.283	0.362	1.000	0.882
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	328	0.124	0.524	0.400	0.605	1.000	0.882
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	521	0.096	0.416	0.319	0.388	1.000	0.882
ADHFE1	chr8	6.64e+07	6.64e+07	272	0.045	0.473	0.428	0.556	1.000	0.882
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	592	0.163	0.458	0.295	0.465	1.000	0.882
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1028	0.098	0.300	0.202	0.180	1.000	0.882
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	279	0.143	0.514	0.371	0.624	1.000	0.882
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	309	0.133	0.502	0.370	0.619	1.000	0.882
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	625	0.149	0.371	0.222	0.290	1.000	0.882

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	549	0.088	0.491	0.403	0.526	1.000	0.882
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	585	0.103	0.438	0.334	0.446	1.000	0.882
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	525	0.154	0.449	0.296	0.451	1.000	0.882
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	505	0.097	0.507	0.410	0.575	1.000	0.882
AC108025.2;LINC01471	chr2	5.69e+06	5.69e+06	709	0.077	0.408	0.331	0.376	1.000	0.881
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	784	0.104	0.387	0.283	0.350	1.000	0.881
THY1;USP2-AS1	chr11	1.19e+08	1.19e+08	261	0.195	0.485	0.291	0.491	1.000	0.881
TFP1	chr3	1.34e+08	1.34e+08	336	0.087	0.468	0.381	0.535	1.000	0.881
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1390	0.079	0.294	0.215	0.201	1.000	0.881
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	395	0.166	0.316	0.149	0.054	1.000	0.881
AC108025.2;LINC01471	chr2	5.69e+06	5.69e+06	1037	0.137	0.500	0.364	0.568	1.000	0.881
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	232	0.089	0.385	0.296	0.332	1.000	0.881
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	512	0.078	0.463	0.385	0.540	1.000	0.881
CDH13	chr16	8.26e+07	8.26e+07	695	0.075	0.436	0.361	0.491	1.000	0.881
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	457	0.144	0.423	0.278	0.397	1.000	0.881
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1151	0.068	0.426	0.358	0.453	1.000	0.881
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	892	0.108	0.342	0.234	0.250	1.000	0.881
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	621	0.087	0.425	0.338	0.474	1.000	0.881
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	424	0.089	0.375	0.287	0.292	1.000	0.881
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1452	0.079	0.422	0.343	0.460	1.000	0.881
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	298	0.077	0.399	0.322	0.376	1.000	0.881
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1592	0.076	0.356	0.280	0.311	1.000	0.881
MIR137HG;MIR2682	chr1	9.80e+07	9.80e+07	493	0.076	0.417	0.342	0.397	1.000	0.881
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	286	0.083	0.410	0.327	0.400	1.000	0.881
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	335	0.100	0.348	0.247	0.231	1.000	0.881
THY1;USP2-AS1	chr11	1.19e+08	1.19e+08	477	0.157	0.410	0.254	0.304	1.000	0.881
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	827	0.121	0.509	0.388	0.643	1.000	0.881
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	577	0.101	0.427	0.326	0.463	1.000	0.881
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1503	0.077	0.416	0.339	0.451	1.000	0.881
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1585	0.122	0.409	0.287	0.388	1.000	0.881
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1717	0.098	0.516	0.418	0.666	1.000	0.881
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1749	0.093	0.524	0.431	0.673	1.000	0.880
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	394	0.056	0.369	0.313	0.339	1.000	0.880
CA3	chr8	8.54e+07	8.54e+07	277	0.125	0.444	0.319	0.411	1.000	0.880
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	530	0.079	0.381	0.302	0.313	1.000	0.880
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	231	0.081	0.495	0.414	0.589	1.000	0.880
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1926	0.118	0.342	0.224	0.196	1.000	0.880
RP11-380D23.2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	272	0.163	0.459	0.296	0.479	1.000	0.880
ASIP;RP4-785G19.5	chr20	3.43e+07	3.43e+07	481	0.189	0.580	0.391	0.738	1.000	0.880
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	962	0.097	0.291	0.195	0.157	1.000	0.880

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	232	0.064	0.452	0.388	0.446	1.000	0.880
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	1044	0.115	0.355	0.239	0.236	1.000	0.880
SLC12A5	chr20	4.61e+07	4.61e+07	1417	0.193	0.441	0.248	0.411	1.000	0.880
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1508	0.075	0.412	0.338	0.442	1.000	0.880
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	1088	0.093	0.316	0.223	0.213	1.000	0.880
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	326	0.076	0.404	0.328	0.383	1.000	0.880
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	660	0.119	0.461	0.342	0.509	1.000	0.880
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1680	0.100	0.495	0.395	0.624	1.000	0.880
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1161	0.136	0.458	0.323	0.470	1.000	0.880
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1207	0.077	0.436	0.359	0.472	1.000	0.880
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	316	0.118	0.465	0.347	0.514	1.000	0.880
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1520	0.165	0.455	0.289	0.460	1.000	0.880
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	458	0.076	0.411	0.335	0.402	1.000	0.880
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	483	0.118	0.472	0.354	0.533	1.000	0.880
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	314	0.081	0.415	0.334	0.414	1.000	0.880
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	483	0.129	0.531	0.403	0.668	1.000	0.880
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	542	0.134	0.526	0.392	0.605	1.000	0.880
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	473	0.159	0.461	0.302	0.481	1.000	0.880
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	555	0.078	0.393	0.316	0.357	1.000	0.880
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	859	0.150	0.474	0.323	0.512	1.000	0.880
AC108025.2;LINC01466	chr2	5.69e+06	5.69e+06	510	0.162	0.575	0.414	0.701	1.000	0.880
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	710	0.063	0.423	0.360	0.444	1.000	0.880
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1694	0.099	0.513	0.414	0.657	1.000	0.880
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	272	0.102	0.515	0.414	0.593	1.000	0.880
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	530	0.175	0.469	0.293	0.456	1.000	0.880
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1527	0.073	0.409	0.336	0.435	1.000	0.880
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	481	0.164	0.461	0.297	0.477	1.000	0.880
TFP1	chr3	1.34e+08	1.34e+08	215	0.048	0.430	0.382	0.430	1.000	0.880
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	993	0.073	0.338	0.265	0.280	1.000	0.880
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	470	0.072	0.402	0.330	0.381	1.000	0.880
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	1117	0.109	0.331	0.222	0.194	1.000	0.880
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	666	0.099	0.419	0.320	0.449	1.000	0.880
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1976	0.115	0.325	0.210	0.175	1.000	0.880
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1079	0.126	0.445	0.319	0.465	1.000	0.880
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1108	0.144	0.477	0.333	0.516	1.000	0.880
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	312	0.154	0.504	0.351	0.612	1.000	0.879
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1671	0.103	0.475	0.373	0.586	1.000	0.879
CYP1B1;CYP1B1-AS1	chr2	3.81e+07	3.81e+07	329	0.085	0.408	0.323	0.437	1.000	0.879
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	570	0.059	0.375	0.315	0.336	1.000	0.879
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	329	0.104	0.379	0.275	0.304	1.000	0.879
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	620	0.135	0.427	0.292	0.411	1.000	0.879
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	411	0.059	0.362	0.303	0.287	1.000	0.879
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	612	0.148	0.504	0.356	0.535	1.000	0.879
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	258	0.061	0.334	0.272	0.259	1.000	0.879
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	784	0.060	0.417	0.357	0.432	1.000	0.879

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LHX5	chr12	1.13e+08	1.13e+08	915	0.076	0.390	0.314	0.383	1.000	0.879
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	492	0.132	0.479	0.347	0.544	1.000	0.879
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	593	0.114	0.335	0.221	0.203	1.000	0.879
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	371	0.100	0.417	0.317	0.437	1.000	0.879
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	911	0.095	0.369	0.274	0.332	1.000	0.879
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	596	0.081	0.359	0.279	0.294	1.000	0.879
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	273	0.101	0.352	0.251	0.257	1.000	0.879
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	559	0.161	0.534	0.373	0.584	1.000	0.879
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1532	0.071	0.405	0.334	0.421	1.000	0.879
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	325	0.135	0.476	0.341	0.540	1.000	0.879
SLC12A5	chr20	4.61e+07	4.61e+07	1055	0.199	0.418	0.220	0.329	1.000	0.879
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1138	0.107	0.343	0.236	0.252	1.000	0.879
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	303	0.137	0.502	0.365	0.600	1.000	0.879
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	1173	0.186	0.411	0.225	0.374	1.000	0.879
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1878	0.160	0.310	0.150	0.117	1.000	0.879
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1376	0.129	0.421	0.291	0.418	1.000	0.879
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	237	0.133	0.535	0.401	0.661	1.000	0.879
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	1165	0.176	0.452	0.276	0.453	1.000	0.879
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	389	0.125	0.381	0.256	0.306	1.000	0.879
VWA5B1	chr1	2.03e+07	2.03e+07	252	0.168	0.509	0.341	0.589	1.000	0.879
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1622	0.173	0.422	0.248	0.395	1.000	0.879
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	581	0.038	0.349	0.311	0.369	1.000	0.879
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	452	0.054	0.484	0.430	0.537	1.000	0.879
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1751	0.093	0.526	0.433	0.671	1.000	0.879
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	357	0.064	0.429	0.365	0.465	1.000	0.879
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	1025	0.196	0.448	0.252	0.439	1.000	0.879
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1323	0.136	0.432	0.296	0.456	1.000	0.879
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	316	0.076	0.462	0.386	0.551	1.000	0.879
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	851	0.126	0.460	0.334	0.530	1.000	0.879
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	382	0.123	0.379	0.256	0.287	1.000	0.879
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1348	0.113	0.347	0.234	0.257	1.000	0.879
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	583	0.076	0.398	0.322	0.367	1.000	0.879
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	599	0.035	0.332	0.297	0.343	1.000	0.879
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	328	0.149	0.470	0.320	0.533	1.000	0.879
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	1448	0.136	0.338	0.202	0.178	1.000	0.879
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	243	0.094	0.394	0.300	0.355	1.000	0.878
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	815	0.125	0.500	0.376	0.617	1.000	0.878
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1558	0.121	0.387	0.266	0.318	1.000	0.878
BRINP1	chr9	1.19e+08	1.19e+08	399	0.125	0.533	0.408	0.633	1.000	0.878
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	384	0.073	0.442	0.370	0.500	1.000	0.878
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	727	0.073	0.397	0.324	0.369	1.000	0.878
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	209	0.061	0.453	0.393	0.444	1.000	0.878
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	293	0.068	0.366	0.298	0.248	1.000	0.878
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1271	0.136	0.319	0.182	0.147	1.000	0.878

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	642	0.123	0.410	0.287	0.348	1.000	0.878
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	363	0.117	0.481	0.364	0.544	1.000	0.878
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	808	0.193	0.402	0.209	0.280	1.000	0.878
SSTR1	chr14	3.82e+07	3.82e+07	380	0.156	0.429	0.273	0.418	1.000	0.878
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	307	0.126	0.528	0.402	0.605	1.000	0.878
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	737	0.094	0.379	0.285	0.414	1.000	0.878
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	974	0.134	0.390	0.256	0.362	1.000	0.878
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	527	0.133	0.481	0.349	0.561	1.000	0.878
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	527	0.149	0.439	0.290	0.439	1.000	0.878
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	359	0.156	0.451	0.295	0.467	1.000	0.878
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	347	0.149	0.501	0.352	0.612	1.000	0.878
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	951	0.141	0.413	0.272	0.402	1.000	0.878
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	332	0.102	0.525	0.423	0.633	1.000	0.878
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	239	0.090	0.270	0.180	0.143	1.000	0.878
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	505	0.153	0.447	0.294	0.449	1.000	0.878
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1505	0.127	0.394	0.267	0.343	1.000	0.878
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	297	0.063	0.434	0.371	0.418	1.000	0.878
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	621	0.088	0.301	0.213	0.166	1.000	0.878
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	429	0.061	0.349	0.287	0.257	1.000	0.878
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	1270	0.113	0.386	0.273	0.360	1.000	0.878
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	923	0.134	0.360	0.225	0.264	1.000	0.878
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1553	0.071	0.402	0.331	0.416	1.000	0.878
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	360	0.135	0.479	0.344	0.554	1.000	0.878
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1419	0.113	0.464	0.350	0.526	1.000	0.878
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1695	0.117	0.343	0.226	0.213	1.000	0.878
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1118	0.164	0.373	0.208	0.241	1.000	0.878
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	379	0.077	0.436	0.360	0.488	1.000	0.877
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1700	0.069	0.392	0.323	0.383	1.000	0.877
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	246	0.136	0.461	0.325	0.533	1.000	0.877
JAM3	chr11	1.34e+08	1.34e+08	564	0.096	0.372	0.276	0.329	1.000	0.877
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1954	0.078	0.428	0.351	0.484	1.000	0.877
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1710	0.068	0.385	0.317	0.374	1.000	0.877
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	368	0.132	0.480	0.349	0.556	1.000	0.877
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	311	0.199	0.503	0.304	0.577	1.000	0.877
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	983	0.128	0.370	0.241	0.304	1.000	0.877
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	957	0.061	0.386	0.325	0.374	1.000	0.877
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	257	0.156	0.397	0.241	0.259	1.000	0.877
CA3	chr8	8.54e+07	8.54e+07	269	0.143	0.455	0.312	0.428	1.000	0.877
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1055	0.116	0.365	0.249	0.357	1.000	0.877
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	535	0.130	0.482	0.352	0.554	1.000	0.877
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	555	0.127	0.479	0.351	0.551	1.000	0.877
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1592	0.125	0.349	0.225	0.238	1.000	0.877
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1627	0.188	0.433	0.244	0.400	1.000	0.877
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	355	0.142	0.498	0.356	0.600	1.000	0.877
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	520	0.126	0.477	0.351	0.549	1.000	0.877

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1533	0.095	0.529	0.434	0.668	1.000	0.877
TRH	chr3	1.30e+08	1.30e+08	274	0.147	0.498	0.350	0.584	1.000	0.877
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.45e+06	245	0.098	0.313	0.215	0.159	1.000	0.877
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1285	0.100	0.310	0.211	0.213	1.000	0.877
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	563	0.126	0.480	0.354	0.556	1.000	0.877
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	877	0.109	0.429	0.320	0.458	1.000	0.877
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	406	0.181	0.546	0.364	0.643	1.000	0.877
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1438	0.128	0.392	0.264	0.379	1.000	0.877
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	726	0.079	0.449	0.370	0.491	1.000	0.877
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	268	0.089	0.409	0.320	0.397	1.000	0.877
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1355	0.111	0.455	0.345	0.500	1.000	0.877
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	959	0.183	0.410	0.227	0.327	1.000	0.877
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	205	0.065	0.446	0.381	0.432	1.000	0.877
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	286	0.111	0.392	0.281	0.332	1.000	0.877
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1487	0.099	0.488	0.389	0.603	1.000	0.877
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1510	0.096	0.528	0.432	0.668	1.000	0.877
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1565	0.090	0.537	0.446	0.682	1.000	0.877
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	967	0.167	0.357	0.190	0.187	1.000	0.877
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	606	0.130	0.496	0.366	0.610	1.000	0.877
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1310	0.119	0.258	0.139	0.028	1.000	0.877
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	924	0.087	0.408	0.321	0.416	1.000	0.877
CDH13	chr16	8.26e+07	8.26e+07	752	0.085	0.454	0.369	0.537	1.000	0.876
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	202	0.072	0.407	0.335	0.409	1.000	0.876
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	274	0.097	0.508	0.411	0.577	1.000	0.876
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	540	0.136	0.508	0.372	0.596	1.000	0.876
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1128	0.135	0.372	0.237	0.280	1.000	0.876
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	989	0.124	0.352	0.229	0.259	1.000	0.876
ANO4	chr12	1.01e+08	1.01e+08	723	0.091	0.438	0.347	0.453	1.000	0.876
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	883	0.097	0.404	0.307	0.400	1.000	0.876
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1345	0.122	0.356	0.234	0.266	1.000	0.876
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	372	0.081	0.437	0.356	0.486	1.000	0.876
RAX	chr18	5.93e+07	5.93e+07	305	0.063	0.315	0.252	0.140	1.000	0.876
ADHFE1	chr8	6.64e+07	6.64e+07	295	0.046	0.453	0.407	0.519	1.000	0.876
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	511	0.114	0.471	0.357	0.537	1.000	0.876
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	324	0.139	0.469	0.329	0.537	1.000	0.876
CDH13	chr16	8.26e+07	8.26e+07	204	0.095	0.475	0.380	0.582	1.000	0.876
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	309	0.082	0.425	0.344	0.442	1.000	0.876
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1496	0.097	0.510	0.412	0.640	1.000	0.876
RP11-849I19.1;SALL3	chr18	7.90e+07	7.90e+07	704	0.069	0.447	0.377	0.491	1.000	0.876
EMX2OS	chr10	1.18e+08	1.18e+08	337	0.092	0.472	0.380	0.554	1.000	0.876
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1212	0.128	0.439	0.311	0.467	1.000	0.876
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	992	0.119	0.336	0.217	0.210	1.000	0.876
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1312	0.116	0.301	0.185	0.068	1.000	0.876

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	724	0.191	0.377	0.186	0.196	1.000	0.876
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	531	0.070	0.444	0.375	0.526	1.000	0.876
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	351	0.068	0.440	0.372	0.512	1.000	0.876
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	470	0.096	0.368	0.272	0.332	1.000	0.876
C5orf38;IRX2	chr5	2.75e+06	2.75e+06	372	0.142	0.428	0.286	0.393	1.000	0.876
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	624	0.169	0.497	0.328	0.549	1.000	0.876
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1566	0.081	0.364	0.284	0.325	1.000	0.876
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1767	0.067	0.381	0.315	0.369	1.000	0.876
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	1004	0.114	0.321	0.207	0.159	1.000	0.876
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	390	0.081	0.393	0.312	0.402	1.000	0.876
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	203	0.072	0.432	0.360	0.400	1.000	0.876
ONECUT2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	314	0.108	0.440	0.332	0.453	1.000	0.876
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1025	0.093	0.249	0.156	0.086	1.000	0.876
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	296	0.086	0.415	0.328	0.416	1.000	0.875
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	550	0.122	0.464	0.341	0.516	1.000	0.875
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	512	0.144	0.435	0.291	0.437	1.000	0.875
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1073	0.059	0.395	0.336	0.409	1.000	0.875
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	440	0.080	0.411	0.331	0.402	1.000	0.875
LY6H	chr8	1.43e+08	1.43e+08	463	0.173	0.433	0.260	0.439	1.000	0.875
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1127	0.123	0.443	0.320	0.493	1.000	0.875
DOCK2	chr5	1.70e+08	1.70e+08	210	0.114	0.465	0.351	0.512	1.000	0.875
GPC5	chr13	9.14e+07	9.14e+07	552	0.099	0.299	0.201	0.147	1.000	0.875
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	578	0.120	0.464	0.344	0.516	1.000	0.875
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1567	0.090	0.537	0.447	0.680	1.000	0.875
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	274	0.060	0.432	0.373	0.402	1.000	0.875
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1176	0.081	0.216	0.136	0.070	1.000	0.875
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1313	0.079	0.436	0.357	0.477	1.000	0.875
LY6H	chr8	1.43e+08	1.43e+08	490	0.148	0.401	0.252	0.341	1.000	0.875
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	511	0.125	0.526	0.401	0.687	1.000	0.875
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	756	0.042	0.370	0.328	0.341	1.000	0.875
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	475	0.151	0.447	0.296	0.463	1.000	0.875
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	504	0.131	0.535	0.404	0.666	1.000	0.875
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	863	0.036	0.353	0.317	0.311	1.000	0.875
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	511	0.171	0.522	0.351	0.673	1.000	0.875
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	681	0.171	0.503	0.332	0.617	1.000	0.875
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1104	0.122	0.432	0.309	0.432	1.000	0.875
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	383	0.123	0.460	0.337	0.502	1.000	0.875
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	963	0.172	0.504	0.332	0.612	1.000	0.875

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GALNT8;KCNA6;RP1234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	230	0.104	0.510	0.406	0.682	1.000	0.875
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1349	0.145	0.335	0.191	0.164	1.000	0.875
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1771	0.066	0.376	0.310	0.357	1.000	0.875
MT1E	chr16	5.66e+07	5.66e+07	215	0.076	0.357	0.281	0.369	1.000	0.875
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	370	0.130	0.471	0.341	0.526	1.000	0.875
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	387	0.193	0.510	0.316	0.654	1.000	0.875
GALNT8;KCNA6;RP1234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	383	0.091	0.496	0.404	0.645	1.000	0.875
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	521	0.138	0.530	0.392	0.605	1.000	0.874
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	462	0.124	0.468	0.344	0.523	1.000	0.874
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	412	0.108	0.331	0.222	0.182	1.000	0.874
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	411	0.072	0.360	0.288	0.308	1.000	0.874
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	580	0.113	0.450	0.337	0.472	1.000	0.874
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	218	0.087	0.468	0.381	0.470	1.000	0.874
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1241	0.107	0.373	0.266	0.364	1.000	0.874
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1142	0.062	0.383	0.321	0.395	1.000	0.874
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	395	0.199	0.545	0.346	0.710	1.000	0.874
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	608	0.112	0.452	0.340	0.477	1.000	0.874
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1404	0.125	0.295	0.170	0.121	1.000	0.874
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	748	0.140	0.459	0.319	0.474	1.000	0.874
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	358	0.133	0.420	0.286	0.407	1.000	0.874
GALNT8;KCNA6;RP1234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	896	0.102	0.496	0.393	0.633	1.000	0.874
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	2188	0.114	0.323	0.209	0.196	1.000	0.874
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	500	0.150	0.382	0.232	0.285	1.000	0.874
ARHGAP23	chr17	3.85e+07	3.85e+07	267	0.168	0.511	0.343	0.551	0.978	0.874
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	246	0.090	0.285	0.195	0.178	1.000	0.874
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	889	0.188	0.424	0.236	0.360	1.000	0.874
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1178	0.071	0.196	0.125	0.077	1.000	0.874
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	270	0.063	0.422	0.359	0.381	1.000	0.874
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1575	0.114	0.337	0.223	0.231	1.000	0.874
GALNT8;KCNA6;RP1234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	591	0.118	0.476	0.358	0.619	1.000	0.874
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	413	0.113	0.445	0.332	0.451	1.000	0.874
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1850	0.066	0.376	0.310	0.362	1.000	0.874
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1296	0.107	0.457	0.350	0.519	1.000	0.874
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1796	0.114	0.323	0.209	0.182	1.000	0.874
GALNT8;KCNA6;RP1234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	1257	0.111	0.476	0.365	0.603	1.000	0.874
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1353	0.127	0.441	0.314	0.488	1.000	0.874
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	853	0.084	0.365	0.280	0.393	1.000	0.874
GALNT8;KCNA6;RP1234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	744	0.105	0.470	0.365	0.586	1.000	0.874

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
IRX4	chr5	1.88e+06	1.88e+06	333	0.178	0.410	0.231	0.318	1.000	0.874
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	651	0.168	0.410	0.242	0.346	1.000	0.874
AC007392.3	chr2	6.66e+07	6.66e+07	391	0.110	0.427	0.316	0.425	1.000	0.874
GRIK1	chr21	2.99e+07	2.99e+07	456	0.163	0.394	0.231	0.320	1.000	0.874
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	737	0.160	0.389	0.229	0.285	1.000	0.874
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1190	0.155	0.357	0.202	0.208	1.000	0.873
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1327	0.078	0.432	0.354	0.474	1.000	0.873
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	342	0.119	0.437	0.318	0.430	1.000	0.873
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	842	0.058	0.372	0.314	0.386	1.000	0.873
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	379	0.127	0.363	0.236	0.245	1.000	0.873
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	400	0.117	0.452	0.335	0.465	1.000	0.873
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	347	0.089	0.433	0.344	0.439	1.000	0.873
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	840	0.091	0.508	0.417	0.650	1.000	0.873
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	579	0.082	0.441	0.359	0.502	1.000	0.873
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	1090	0.085	0.382	0.298	0.362	1.000	0.873
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	823	0.059	0.368	0.309	0.374	1.000	0.873
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	937	0.156	0.463	0.307	0.516	1.000	0.873
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	740	0.125	0.370	0.246	0.285	1.000	0.873
RAI1	chr17	1.77e+07	1.77e+07	1068	0.166	0.430	0.264	0.444	1.000	0.873
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	291	0.087	0.485	0.398	0.621	1.000	0.873
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	1716	0.158	0.423	0.265	0.390	1.000	0.873
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	952	0.138	0.366	0.229	0.269	1.000	0.873
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	895	0.090	0.387	0.298	0.369	1.000	0.873
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	533	0.063	0.425	0.362	0.507	1.000	0.873
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	804	0.101	0.489	0.388	0.626	1.000	0.873
MARCH1	chr4	1.64e+08	1.64e+08	209	0.097	0.457	0.360	0.505	1.000	0.873
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	322	0.084	0.415	0.331	0.418	1.000	0.873
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	499	0.140	0.433	0.293	0.437	1.000	0.873
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	346	0.108	0.359	0.251	0.229	1.000	0.873
ZNF502	chr3	4.47e+07	4.47e+07	268	0.068	0.406	0.338	0.367	1.000	0.873
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	427	0.130	0.374	0.243	0.294	1.000	0.873
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	234	0.097	0.273	0.176	0.131	1.000	0.873
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	419	0.057	0.339	0.283	0.243	1.000	0.873
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	668	0.190	0.414	0.224	0.320	1.000	0.873
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	767	0.153	0.472	0.318	0.544	1.000	0.873
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	291	0.084	0.438	0.354	0.467	1.000	0.873
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	2338	0.107	0.314	0.207	0.196	1.000	0.873
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	436	0.044	0.242	0.198	0.199	1.000	0.873
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	969	0.153	0.497	0.344	0.600	1.000	0.873
TFP1	chr3	1.34e+08	1.34e+08	538	0.130	0.484	0.355	0.551	1.000	0.873
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	273	0.053	0.408	0.355	0.418	1.000	0.873

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	520	0.127	0.453	0.326	0.493	1.000	0.873
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	1201	0.103	0.484	0.381	0.607	1.000	0.873
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2521	0.161	0.308	0.148	0.107	1.000	0.873
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	233	0.105	0.468	0.363	0.519	1.000	0.873
RP5-1180C18.1	chr1	3.73e+07	3.73e+07	307	0.134	0.304	0.170	0.070	1.000	0.872
KCNC3;NR1H2	chr19	5.03e+07	5.03e+07	350	0.115	0.553	0.438	0.657	1.000	0.872
JAM3	chr11	1.34e+08	1.34e+08	687	0.080	0.336	0.256	0.266	1.000	0.872
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	637	0.119	0.514	0.395	0.591	1.000	0.872
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	651	0.172	0.481	0.309	0.577	1.000	0.872
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	322	0.090	0.511	0.421	0.582	1.000	0.872
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1846	0.110	0.306	0.196	0.164	1.000	0.872
MIR137HG;MIR2682;MIR137	chr12	9.80e+07	9.80e+07	228	0.070	0.404	0.334	0.390	1.000	0.872
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1146	0.114	0.420	0.307	0.411	1.000	0.872
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1397	0.169	0.360	0.191	0.196	1.000	0.872
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2018	0.192	0.517	0.324	0.603	1.000	0.872
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1349	0.184	0.457	0.272	0.477	1.000	0.872
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	979	0.039	0.371	0.332	0.374	1.000	0.872
TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	366	0.080	0.491	0.411	0.526	1.000	0.872
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	255	0.146	0.460	0.314	0.481	1.000	0.872
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1003	0.196	0.515	0.319	0.624	1.000	0.872
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	747	0.103	0.464	0.360	0.570	1.000	0.872
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	758	0.141	0.467	0.326	0.523	1.000	0.872
RP11-380D23.2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	200	0.198	0.517	0.319	0.584	1.000	0.872
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	440	0.133	0.446	0.313	0.467	1.000	0.872
RP11-154H12.3	chr18	7.98e+07	7.98e+07	1136	0.086	0.351	0.266	0.264	1.000	0.872
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	873	0.099	0.307	0.207	0.166	1.000	0.872
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	548	0.081	0.402	0.321	0.421	1.000	0.872
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1339	0.077	0.428	0.351	0.474	1.000	0.872
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	361	0.147	0.436	0.289	0.444	1.000	0.872
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	594	0.090	0.447	0.357	0.512	1.000	0.872
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	206	0.164	0.473	0.309	0.467	1.000	0.872
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	551	0.169	0.459	0.290	0.498	1.000	0.871
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	659	0.108	0.484	0.375	0.544	1.000	0.871
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	514	0.139	0.425	0.285	0.421	1.000	0.871
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	938	0.132	0.398	0.266	0.374	1.000	0.871
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1154	0.057	0.397	0.340	0.402	1.000	0.871
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	223	0.128	0.474	0.346	0.535	1.000	0.871
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	223	0.099	0.458	0.359	0.505	1.000	0.871
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	234	0.086	0.442	0.356	0.509	1.000	0.871
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	961	0.125	0.375	0.250	0.332	1.000	0.871
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1572	0.122	0.344	0.222	0.248	1.000	0.871
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1371	0.100	0.552	0.452	0.687	1.000	0.871

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1403	0.094	0.558	0.464	0.696	1.000	0.871
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1444	0.153	0.417	0.264	0.397	1.000	0.871
GALNT8;KCNA6;RJI	chr12	4.81e+06	4.81e+06	454	0.124	0.497	0.373	0.650	1.000	0.871
234B24.4										
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	490	0.083	0.381	0.298	0.369	1.000	0.871
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	330	0.166	0.492	0.326	0.575	1.000	0.871
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	686	0.117	0.345	0.228	0.245	1.000	0.871
GALNT8;KCNA6;RJI	chr12	4.81e+06	4.81e+06	748	0.088	0.502	0.414	0.636	1.000	0.871
234B24.4										
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1112	0.103	0.468	0.365	0.554	1.000	0.871
LBX2	chr2	7.45e+07	7.45e+07	554	0.146	0.481	0.335	0.502	1.000	0.871
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1496	0.124	0.339	0.214	0.229	1.000	0.871
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	894	0.167	0.560	0.393	0.687	1.000	0.871
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	397	0.156	0.533	0.377	0.598	1.000	0.871
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1056	0.080	0.286	0.206	0.201	1.000	0.871
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	958	0.061	0.381	0.320	0.386	1.000	0.871
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1341	0.075	0.423	0.348	0.465	1.000	0.871
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	614	0.156	0.490	0.333	0.575	1.000	0.871
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	236	0.105	0.472	0.368	0.561	1.000	0.871
GABRA5;GABRB3	chr15	2.69e+07	2.69e+07	558	0.159	0.477	0.319	0.540	1.000	0.871
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	294	0.075	0.445	0.371	0.509	1.000	0.871
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	677	0.170	0.471	0.301	0.493	1.000	0.871
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	970	0.119	0.354	0.235	0.280	1.000	0.871
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1227	0.146	0.445	0.299	0.456	1.000	0.871
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1449	0.171	0.429	0.259	0.402	1.000	0.871
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	411	0.125	0.385	0.261	0.327	1.000	0.871
ABCC9	chr12	2.19e+07	2.19e+07	267	0.080	0.440	0.359	0.416	1.000	0.871
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	614	0.124	0.431	0.307	0.407	1.000	0.871
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	506	0.132	0.421	0.290	0.425	1.000	0.871
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	399	0.087	0.574	0.487	0.731	1.000	0.871
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	422	0.087	0.566	0.480	0.727	1.000	0.871
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1009	0.177	0.508	0.331	0.617	1.000	0.871
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	241	0.096	0.289	0.193	0.171	1.000	0.871
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	886	0.193	0.573	0.380	0.692	1.000	0.871
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1334	0.104	0.538	0.434	0.673	1.000	0.871
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1348	0.102	0.555	0.452	0.689	1.000	0.871
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	909	0.171	0.445	0.274	0.439	1.000	0.871
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1192	0.108	0.333	0.225	0.208	1.000	0.871
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	454	0.081	0.572	0.491	0.720	1.000	0.871
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	623	0.074	0.445	0.371	0.493	1.000	0.871
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1057	0.142	0.450	0.307	0.467	1.000	0.870
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2014	0.193	0.525	0.332	0.610	1.000	0.870
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	872	0.044	0.388	0.344	0.407	1.000	0.870
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	255	0.167	0.407	0.240	0.357	1.000	0.870
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2709	0.163	0.316	0.153	0.126	1.000	0.870
GABRA5;GABRB3	chr15	2.69e+07	2.69e+07	1030	0.127	0.419	0.292	0.404	1.000	0.870

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1489	0.118	0.340	0.222	0.231	1.000	0.870
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1325	0.109	0.518	0.410	0.643	1.000	0.870
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	337	0.106	0.469	0.363	0.530	1.000	0.870
CDH13	chr16	8.26e+07	8.26e+07	549	0.095	0.417	0.322	0.442	1.000	0.870
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	874	0.079	0.357	0.278	0.369	1.000	0.870
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	458	0.060	0.414	0.353	0.449	1.000	0.870
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	444	0.152	0.509	0.357	0.636	1.000	0.870
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	397	0.168	0.487	0.319	0.572	1.000	0.870
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	492	0.145	0.449	0.305	0.470	1.000	0.870
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1538	0.061	0.368	0.307	0.357	1.000	0.870
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1628	0.151	0.330	0.179	0.145	1.000	0.870
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	976	0.115	0.337	0.222	0.227	1.000	0.870
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	843	0.062	0.416	0.354	0.442	1.000	0.870
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1860	0.069	0.419	0.350	0.470	1.000	0.870
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1280	0.087	0.330	0.243	0.264	1.000	0.870
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	344	0.063	0.423	0.359	0.463	1.000	0.870
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	964	0.115	0.290	0.175	0.147	1.000	0.870
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	1576	0.170	0.414	0.244	0.350	1.000	0.870
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1351	0.167	0.455	0.287	0.488	1.000	0.870
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	235	0.104	0.471	0.367	0.533	1.000	0.870
GALNT8;KCNA6;RII234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	691	0.087	0.474	0.387	0.593	1.000	0.870
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	614	0.142	0.405	0.263	0.350	1.000	0.870
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	285	0.130	0.437	0.306	0.446	1.000	0.870
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	279	0.093	0.492	0.399	0.614	1.000	0.870
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	493	0.158	0.492	0.334	0.533	1.000	0.870
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	962	0.155	0.546	0.391	0.680	1.000	0.870
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	385	0.136	0.422	0.286	0.425	1.000	0.869
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	376	0.085	0.522	0.437	0.694	1.000	0.869
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1571	0.094	0.311	0.217	0.213	1.000	0.869
LINC01006	chr7	1.57e+08	1.57e+08	452	0.135	0.458	0.323	0.451	1.000	0.869
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	381	0.168	0.475	0.308	0.542	1.000	0.869
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	941	0.156	0.454	0.297	0.458	1.000	0.869
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	979	0.110	0.320	0.210	0.178	1.000	0.869
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	742	0.095	0.347	0.252	0.234	1.000	0.869
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	230	0.151	0.345	0.194	0.168	1.000	0.869
KIF28P;LINC01341	chr1	2.47e+08	2.47e+08	294	0.117	0.522	0.405	0.626	1.000	0.869
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1405	0.093	0.556	0.463	0.699	1.000	0.869
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1125	0.117	0.363	0.246	0.360	1.000	0.869
RP11-380D23.2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	589	0.143	0.433	0.291	0.428	1.000	0.869
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	328	0.183	0.537	0.354	0.694	1.000	0.869
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1271	0.195	0.469	0.274	0.484	1.000	0.869
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	980	0.142	0.534	0.393	0.675	1.000	0.869

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1550	0.061	0.365	0.303	0.360	1.000	0.869
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	385	0.086	0.553	0.468	0.724	1.000	0.869
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2091	0.193	0.511	0.318	0.596	1.000	0.869
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	613	0.060	0.399	0.339	0.400	1.000	0.869
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	568	0.078	0.354	0.276	0.287	1.000	0.869
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	991	0.106	0.305	0.199	0.131	1.000	0.869
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1065	0.128	0.448	0.320	0.479	1.000	0.869
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1938	0.057	0.335	0.278	0.308	1.000	0.869
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	547	0.130	0.371	0.241	0.276	1.000	0.869
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1890	0.197	0.422	0.225	0.393	1.000	0.869
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1499	0.137	0.292	0.155	0.103	1.000	0.869
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	1011	0.130	0.523	0.393	0.657	1.000	0.869
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1984	0.085	0.429	0.344	0.470	1.000	0.869
MAF	chr16	7.96e+07	7.96e+07	283	0.142	0.397	0.255	0.292	1.000	0.869
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1068	0.140	0.474	0.334	0.514	1.000	0.869
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	862	0.059	0.329	0.270	0.301	1.000	0.869
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	230	0.074	0.462	0.389	0.528	1.000	0.869
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1450	0.075	0.418	0.343	0.458	1.000	0.869
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	259	0.045	0.246	0.202	0.208	1.000	0.869
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1432	0.068	0.413	0.345	0.449	1.000	0.868
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1501	0.073	0.411	0.338	0.444	1.000	0.868
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	309	0.122	0.359	0.237	0.252	1.000	0.868
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	516	0.148	0.525	0.377	0.586	1.000	0.868
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	362	0.140	0.438	0.298	0.456	1.000	0.868
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	783	0.168	0.412	0.244	0.334	1.000	0.868
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1506	0.071	0.408	0.337	0.439	1.000	0.868
OLIG3	chr6	1.37e+08	1.37e+08	373	0.109	0.455	0.346	0.486	1.000	0.868
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	241	0.103	0.469	0.366	0.542	1.000	0.868
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	519	0.159	0.541	0.382	0.617	1.000	0.868
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	302	0.132	0.454	0.323	0.498	1.000	0.868
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1558	0.056	0.356	0.300	0.355	1.000	0.868
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	294	0.162	0.478	0.316	0.486	1.000	0.868
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	566	0.115	0.350	0.235	0.234	1.000	0.868
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1076	0.140	0.432	0.291	0.456	1.000	0.868
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1153	0.109	0.421	0.312	0.418	1.000	0.868
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	287	0.107	0.401	0.295	0.381	1.000	0.868
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	309	0.131	0.541	0.409	0.682	1.000	0.868
AC007392.3	chr2	6.66e+07	6.66e+07	309	0.102	0.427	0.325	0.423	1.000	0.868
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1539	0.163	0.467	0.305	0.507	1.000	0.868
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1357	0.096	0.309	0.212	0.208	1.000	0.868
GRK7	chr3	1.42e+08	1.42e+08	227	0.198	0.502	0.304	0.624	0.935	0.868
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	400	0.144	0.473	0.329	0.549	1.000	0.868
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1282	0.159	0.427	0.268	0.442	1.000	0.868

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	306	0.150	0.389	0.239	0.311	1.000	0.868
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	241	0.048	0.268	0.219	0.238	1.000	0.868
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	439	0.041	0.243	0.202	0.203	1.000	0.868
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	456	0.082	0.568	0.486	0.717	1.000	0.868
GMDS	chr6	1.62e+06	1.63e+06	261	0.100	0.470	0.371	0.495	1.000	0.868
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	455	0.192	0.423	0.232	0.388	1.000	0.868
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1009	0.141	0.432	0.291	0.458	1.000	0.868
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	537	0.118	0.407	0.289	0.388	1.000	0.868
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	320	0.108	0.446	0.337	0.456	1.000	0.868
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1134	0.138	0.470	0.332	0.542	1.000	0.868
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2087	0.193	0.517	0.324	0.605	1.000	0.867
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1525	0.069	0.405	0.336	0.432	1.000	0.867
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1235	0.057	0.373	0.316	0.355	1.000	0.867
HSD17B12;MIR129-2	chr11	4.36e+07	4.36e+07	250	0.104	0.457	0.353	0.472	1.000	0.867
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	604	0.138	0.352	0.214	0.276	1.000	0.867
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	390	0.146	0.491	0.345	0.514	1.000	0.867
ABO	chr9	1.33e+08	1.33e+08	537	0.083	0.380	0.297	0.383	1.000	0.867
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1451	0.116	0.332	0.217	0.199	1.000	0.867
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	846	0.121	0.337	0.216	0.266	1.000	0.867
SGIP1	chr1	6.65e+07	6.65e+07	254	0.162	0.515	0.353	0.614	1.000	0.867
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1204	0.167	0.436	0.269	0.453	1.000	0.867
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1073	0.133	0.417	0.284	0.404	1.000	0.867
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	312	0.074	0.452	0.378	0.540	1.000	0.867
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	636	0.107	0.308	0.201	0.171	1.000	0.867
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	413	0.160	0.427	0.267	0.397	1.000	0.867
GALNT13	chr2	1.54e+08	1.54e+08	296	0.089	0.437	0.347	0.465	1.000	0.867
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1530	0.067	0.401	0.333	0.414	1.000	0.867
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1656	0.199	0.529	0.330	0.621	1.000	0.867
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1283	0.131	0.423	0.292	0.444	1.000	0.867
RP11-637O19.3;SYCP2L	chr6	1.09e+07	1.09e+07	221	0.185	0.474	0.289	0.435	1.000	0.867
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1280	0.120	0.393	0.273	0.343	1.000	0.867
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	1246	0.172	0.346	0.174	0.147	1.000	0.867
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	816	0.150	0.458	0.308	0.519	1.000	0.867
RP11-637O19.3;SYCP2L	chr6	1.09e+07	1.09e+07	403	0.147	0.460	0.313	0.423	1.000	0.867
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	290	0.087	0.415	0.328	0.390	1.000	0.867
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1006	0.134	0.416	0.282	0.418	1.000	0.867
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1753	0.075	0.433	0.359	0.491	1.000	0.867
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	216	0.178	0.470	0.292	0.535	1.000	0.867
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	392	0.127	0.410	0.283	0.411	1.000	0.867
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1299	0.099	0.336	0.238	0.248	1.000	0.867

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1122	0.146	0.437	0.291	0.465	1.000	0.867
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1074	0.147	0.486	0.339	0.593	1.000	0.867
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	546	0.140	0.444	0.303	0.451	1.000	0.867
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	813	0.143	0.443	0.300	0.481	1.000	0.867
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	322	0.135	0.460	0.325	0.502	1.000	0.867
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	618	0.091	0.302	0.211	0.126	1.000	0.867
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	667	0.098	0.427	0.329	0.486	1.000	0.867
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	868	0.070	0.406	0.336	0.409	1.000	0.867
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	399	0.066	0.344	0.278	0.245	1.000	0.867
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	600	0.080	0.386	0.307	0.353	1.000	0.867
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	731	0.095	0.563	0.468	0.710	1.000	0.866
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	531	0.083	0.436	0.353	0.467	1.000	0.866
LYL1	chr19	1.31e+07	1.31e+07	327	0.082	0.284	0.202	0.180	1.000	0.866
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1068	0.082	0.334	0.252	0.250	1.000	0.866
AC007392.3	chr2	6.66e+07	6.66e+07	431	0.108	0.424	0.316	0.411	1.000	0.866
RP11-457M11.6	chr6	2.66e+07	2.66e+07	482	0.116	0.441	0.325	0.449	1.000	0.866
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1365	0.153	0.449	0.296	0.479	1.000	0.866
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1465	0.121	0.381	0.260	0.301	1.000	0.866
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1055	0.148	0.438	0.290	0.467	1.000	0.866
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	304	0.074	0.459	0.385	0.537	1.000	0.866
GRK7	chr3	1.42e+08	1.42e+08	407	0.190	0.486	0.296	0.586	0.935	0.866
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	689	0.065	0.386	0.321	0.381	1.000	0.866
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	362	0.065	0.433	0.367	0.498	1.000	0.866
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1738	0.056	0.341	0.285	0.322	1.000	0.866
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	508	0.127	0.411	0.284	0.409	1.000	0.866
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	955	0.114	0.360	0.246	0.311	1.000	0.866
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	386	0.089	0.448	0.359	0.484	1.000	0.866
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	996	0.136	0.360	0.224	0.271	1.000	0.866
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2204	0.159	0.300	0.141	0.103	1.000	0.866
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	699	0.102	0.557	0.455	0.710	1.000	0.866
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1166	0.102	0.415	0.313	0.423	1.000	0.866
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	428	0.125	0.458	0.333	0.505	1.000	0.866
LINC01006	chr7	1.57e+08	1.57e+08	681	0.171	0.475	0.304	0.472	1.000	0.866
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	374	0.166	0.481	0.314	0.481	1.000	0.866
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1675	0.058	0.348	0.289	0.329	1.000	0.866
MOS	chr8	5.61e+07	5.61e+07	202	0.117	0.400	0.283	0.343	1.000	0.866
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	418	0.065	0.435	0.369	0.486	1.000	0.866
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	932	0.120	0.383	0.263	0.364	1.000	0.866
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1114	0.168	0.497	0.328	0.600	1.000	0.866
MCHR2;MCHR2-AS1	chr6	1.00e+08	1.00e+08	596	0.141	0.436	0.295	0.404	1.000	0.866
RP11-154H12.3	chr18	7.98e+07	7.98e+07	706	0.062	0.364	0.303	0.325	1.000	0.866
AC108025.2;LINC01001	chr2	5.69e+06	5.69e+06	329	0.180	0.577	0.397	0.708	1.000	0.866

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	270	0.050	0.355	0.306	0.299	1.000	0.866
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1122	0.121	0.364	0.243	0.273	1.000	0.866
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	619	0.112	0.337	0.225	0.208	1.000	0.866
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	902	0.090	0.388	0.298	0.379	1.000	0.866
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	304	0.091	0.444	0.353	0.470	1.000	0.866
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	990	0.131	0.406	0.276	0.388	1.000	0.866
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	436	0.167	0.477	0.310	0.528	1.000	0.866
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	862	0.157	0.463	0.306	0.526	1.000	0.866
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	2485	0.111	0.313	0.202	0.185	1.000	0.866
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1049	0.133	0.482	0.349	0.596	1.000	0.866
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	1019	0.111	0.452	0.341	0.491	1.000	0.866
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1462	0.110	0.349	0.239	0.171	1.000	0.866
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1186	0.095	0.409	0.314	0.421	1.000	0.866
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	255	0.091	0.298	0.207	0.203	1.000	0.866
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	564	0.051	0.369	0.319	0.339	1.000	0.866
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	288	0.055	0.341	0.286	0.250	1.000	0.866
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	1275	0.134	0.467	0.332	0.540	1.000	0.866
RP11-457M11.6	chr6	2.66e+07	2.66e+07	368	0.156	0.450	0.294	0.451	1.000	0.866
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	514	0.100	0.476	0.377	0.572	1.000	0.866
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	316	0.124	0.366	0.242	0.304	1.000	0.866
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1551	0.068	0.398	0.331	0.409	1.000	0.865
AC007796.1	chr19	3.14e+07	3.14e+07	602	0.089	0.383	0.294	0.231	1.000	0.865
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1057	0.130	0.408	0.278	0.388	1.000	0.865
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	220	0.085	0.446	0.360	0.484	1.000	0.865
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	436	0.067	0.441	0.374	0.514	1.000	0.865
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1708	0.064	0.380	0.316	0.369	1.000	0.865
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1698	0.066	0.388	0.322	0.381	1.000	0.865
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	245	0.118	0.394	0.276	0.327	1.000	0.865
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	797	0.141	0.435	0.295	0.463	1.000	0.865
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	964	0.108	0.338	0.230	0.262	1.000	0.865
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	987	0.078	0.394	0.316	0.383	1.000	0.865
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1355	0.088	0.396	0.308	0.386	1.000	0.865
LINC01006	chr7	1.57e+08	1.57e+08	579	0.145	0.447	0.303	0.432	1.000	0.865
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	945	0.121	0.393	0.271	0.343	1.000	0.865
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	1027	0.106	0.327	0.221	0.187	1.000	0.865
GRM7	chr3	6.86e+06	6.86e+06	330	0.133	0.543	0.409	0.678	1.000	0.865
SGIP1	chr1	6.65e+07	6.65e+07	248	0.161	0.499	0.337	0.593	1.000	0.865
AF186192.1;AF18619	chr8	1.45e+08	1.45e+08	290	0.078	0.392	0.313	0.393	1.000	0.865
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	557	0.129	0.264	0.135	0.119	1.000	0.865
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	467	0.110	0.431	0.321	0.435	1.000	0.865

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
FOXE1	chr9	9.79e+07	9.79e+07	812	0.135	0.446	0.311	0.425	1.000	0.865
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	733	0.094	0.561	0.467	0.706	1.000	0.865
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	748	0.096	0.361	0.265	0.273	1.000	0.865
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	968	0.094	0.308	0.214	0.189	1.000	0.865
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	225	0.078	0.445	0.367	0.512	1.000	0.865
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	993	0.053	0.334	0.280	0.327	1.000	0.865
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	1011	0.047	0.323	0.275	0.315	1.000	0.865
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	323	0.130	0.455	0.325	0.526	1.000	0.865
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	242	0.080	0.476	0.396	0.572	1.000	0.865
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	752	0.131	0.424	0.292	0.449	1.000	0.865
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1012	0.122	0.396	0.274	0.362	1.000	0.865
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1593	0.083	0.314	0.231	0.248	1.000	0.865
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	358	0.088	0.457	0.369	0.507	1.000	0.864
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1509	0.091	0.330	0.239	0.285	1.000	0.864
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1284	0.144	0.430	0.286	0.444	1.000	0.864
GRK7	chr3	1.42e+08	1.42e+08	368	0.190	0.489	0.299	0.596	0.935	0.864
SLC5A8	chr12	1.01e+08	1.01e+08	349	0.111	0.395	0.284	0.388	1.000	0.864
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	448	0.127	0.405	0.278	0.390	1.000	0.864
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1357	0.061	0.323	0.262	0.266	1.000	0.864
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1065	0.104	0.329	0.225	0.229	1.000	0.864
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	662	0.109	0.542	0.433	0.692	1.000	0.864
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1057	0.124	0.418	0.294	0.416	1.000	0.864
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1765	0.064	0.377	0.313	0.367	1.000	0.864
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1093	0.122	0.358	0.236	0.276	1.000	0.864
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	262	0.085	0.419	0.334	0.414	1.000	0.864
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	210	0.139	0.422	0.283	0.404	1.000	0.864
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	213	0.105	0.370	0.265	0.290	1.000	0.864
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	970	0.105	0.321	0.216	0.206	1.000	0.864
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	503	0.081	0.442	0.360	0.479	1.000	0.864
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	676	0.105	0.561	0.456	0.715	1.000	0.864
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1162	0.145	0.428	0.283	0.421	1.000	0.864
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	533	0.171	0.414	0.243	0.374	1.000	0.864
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1729	0.198	0.520	0.322	0.617	1.000	0.864
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	399	0.113	0.403	0.290	0.390	1.000	0.864
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	228	0.076	0.471	0.395	0.579	1.000	0.864
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1437	0.095	0.324	0.229	0.229	1.000	0.864
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	451	0.066	0.376	0.311	0.327	1.000	0.864
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	313	0.146	0.391	0.245	0.325	1.000	0.864
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2267	0.190	0.506	0.316	0.600	1.000	0.864
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	308	0.172	0.469	0.297	0.479	1.000	0.864
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1208	0.150	0.433	0.283	0.437	1.000	0.864
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1365	0.084	0.396	0.312	0.400	1.000	0.864
GMDS	chr6	1.62e+06	1.63e+06	480	0.106	0.456	0.350	0.460	1.000	0.864

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	276	0.090	0.453	0.363	0.493	1.000	0.864
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	973	0.100	0.304	0.204	0.157	1.000	0.864
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	950	0.118	0.502	0.384	0.605	1.000	0.864
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	508	0.150	0.512	0.362	0.558	1.000	0.864
C3orf14;PTPRG-AS1	chr3	6.23e+07	6.23e+07	226	0.067	0.378	0.311	0.315	1.000	0.864
KIF28P;LINC01341	chr1	2.47e+08	2.47e+08	281	0.127	0.561	0.434	0.685	1.000	0.864
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	910	0.069	0.397	0.328	0.393	1.000	0.864
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	611	0.074	0.428	0.354	0.479	1.000	0.864
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	262	0.042	0.247	0.206	0.213	1.000	0.864
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	1122	0.101	0.325	0.224	0.208	1.000	0.864
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	643	0.126	0.411	0.285	0.393	1.000	0.864
HKR1	chr19	3.73e+07	3.73e+07	360	0.101	0.369	0.268	0.299	1.000	0.864
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	305	0.143	0.484	0.341	0.502	1.000	0.863
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1410	0.089	0.294	0.204	0.206	1.000	0.863
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	985	0.096	0.290	0.193	0.105	1.000	0.863
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	1031	0.107	0.303	0.196	0.150	1.000	0.863
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	694	0.059	0.370	0.311	0.353	1.000	0.863
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	307	0.080	0.462	0.381	0.526	1.000	0.863
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	1185	0.171	0.404	0.233	0.376	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	240	0.169	0.473	0.305	0.556	1.000	0.863
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1769	0.063	0.372	0.309	0.350	1.000	0.863
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	939	0.080	0.350	0.270	0.292	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1110	0.147	0.432	0.285	0.446	1.000	0.863
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	245	0.154	0.433	0.280	0.421	1.000	0.863
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1169	0.162	0.499	0.337	0.612	1.000	0.863
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	1017	0.057	0.328	0.271	0.318	1.000	0.863
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	1080	0.105	0.320	0.215	0.171	1.000	0.863
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	653	0.116	0.517	0.401	0.657	1.000	0.863
ANO4	chr12	1.01e+08	1.01e+08	840	0.107	0.445	0.338	0.477	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1510	0.144	0.420	0.276	0.407	1.000	0.863
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	232	0.094	0.413	0.319	0.397	1.000	0.863
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1129	0.142	0.490	0.347	0.598	1.000	0.863
NXP2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	612	0.068	0.429	0.361	0.509	1.000	0.863
WT1;WT1-AS;WT1-AS_1;WT1-AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1390	0.071	0.183	0.112	0.068	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1585	0.139	0.415	0.276	0.397	1.000	0.863
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	228	0.086	0.397	0.310	0.339	1.000	0.863
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	294	0.159	0.457	0.298	0.477	1.000	0.863

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	869	0.099	0.333	0.233	0.224	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1156	0.152	0.437	0.285	0.465	1.000	0.863
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	277	0.098	0.419	0.322	0.460	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1422	0.150	0.427	0.278	0.416	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1539	0.134	0.409	0.275	0.390	1.000	0.863
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	220	0.085	0.438	0.353	0.500	1.000	0.863
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1464	0.139	0.415	0.276	0.397	1.000	0.863
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	453	0.119	0.499	0.380	0.605	1.000	0.863
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	741	0.100	0.435	0.335	0.514	1.000	0.863
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	1063	0.131	0.513	0.382	0.631	1.000	0.863
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1103	0.074	0.401	0.327	0.402	1.000	0.863
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1354	0.059	0.363	0.304	0.355	1.000	0.863
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	209	0.132	0.446	0.314	0.502	1.000	0.862
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	380	0.048	0.307	0.260	0.262	1.000	0.862
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	249	0.185	0.479	0.294	0.558	1.000	0.862
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	425	0.068	0.392	0.325	0.381	1.000	0.862
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	226	0.186	0.474	0.288	0.542	1.000	0.862
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	296	0.094	0.398	0.304	0.428	1.000	0.862
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	225	0.099	0.398	0.299	0.339	1.000	0.862
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	1161	0.121	0.473	0.352	0.579	1.000	0.862
TJP2	chr9	6.92e+07	6.92e+07	794	0.064	0.293	0.229	0.231	1.000	0.862
SLC6A5	chr11	2.06e+07	2.06e+07	212	0.125	0.370	0.245	0.276	1.000	0.862
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	221	0.177	0.483	0.306	0.563	1.000	0.862
GRIK1	chr21	2.99e+07	2.99e+07	705	0.137	0.369	0.232	0.299	1.000	0.862
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	535	0.060	0.325	0.265	0.315	1.000	0.862
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	289	0.167	0.469	0.302	0.460	1.000	0.862
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	877	0.078	0.351	0.273	0.362	1.000	0.862
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1601	0.097	0.309	0.212	0.213	1.000	0.862
GABRA5;GABRB3	chr15	2.69e+07	2.69e+07	893	0.084	0.385	0.301	0.362	1.000	0.862
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1366	0.061	0.339	0.278	0.292	1.000	0.862
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	657	0.175	0.450	0.276	0.444	1.000	0.862
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1376	0.145	0.422	0.278	0.411	1.000	0.862
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	212	0.097	0.435	0.339	0.484	1.000	0.862
CPXM2	chr10	1.24e+08	1.24e+08	337	0.158	0.459	0.301	0.505	1.000	0.862
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	1175	0.101	0.319	0.218	0.194	1.000	0.862
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1062	0.114	0.338	0.224	0.257	1.000	0.862
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	250	0.096	0.302	0.206	0.201	1.000	0.862
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	718	0.063	0.427	0.364	0.444	1.000	0.862
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	359	0.155	0.491	0.337	0.579	1.000	0.862
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	607	0.130	0.382	0.251	0.329	1.000	0.862

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	1212	0.163	0.409	0.247	0.400	1.000	0.862
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	408	0.094	0.477	0.382	0.549	1.000	0.862
C2orf81;AC005041.11	chr2	7.44e+07	7.44e+07	384	0.148	0.470	0.321	0.502	1.000	0.862
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	924	0.061	0.423	0.362	0.449	1.000	0.862
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	341	0.122	0.419	0.297	0.428	1.000	0.862
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1693	0.186	0.409	0.223	0.371	1.000	0.862
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	980	0.074	0.401	0.327	0.425	1.000	0.862
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	285	0.122	0.399	0.277	0.343	1.000	0.862
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	244	0.045	0.266	0.221	0.248	1.000	0.862
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2263	0.190	0.511	0.321	0.610	1.000	0.862
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1298	0.131	0.427	0.296	0.453	1.000	0.862
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	370	0.124	0.398	0.273	0.369	1.000	0.862
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1236	0.154	0.439	0.285	0.423	1.000	0.861
KIAA1614- AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	344	0.184	0.449	0.264	0.442	1.000	0.861
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	420	0.088	0.443	0.355	0.507	1.000	0.861
GALNTL6	chr4	1.72e+08	1.72e+08	272	0.100	0.418	0.318	0.395	1.000	0.861
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	202	0.102	0.308	0.205	0.199	1.000	0.861
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	210	0.113	0.452	0.339	0.505	1.000	0.861
GABRA5;GABRB3	chr15	2.69e+07	2.69e+07	421	0.110	0.456	0.346	0.512	1.000	0.861
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	957	0.134	0.482	0.348	0.568	1.000	0.861
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2794	0.176	0.503	0.327	0.603	1.000	0.861
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	999	0.063	0.338	0.275	0.332	1.000	0.861
CCK;RP11- 333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	670	0.139	0.384	0.245	0.290	1.000	0.861
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	759	0.104	0.404	0.300	0.432	1.000	0.861
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1848	0.063	0.371	0.308	0.357	1.000	0.861
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2788	0.185	0.506	0.321	0.598	1.000	0.861
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1272	0.115	0.358	0.243	0.224	1.000	0.861
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	541	0.071	0.333	0.262	0.322	1.000	0.861
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1514	0.069	0.419	0.349	0.472	1.000	0.861
RFX4;RP11- 144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	393	0.088	0.335	0.247	0.259	1.000	0.861
VSX1	chr20	2.51e+07	2.51e+07	493	0.154	0.420	0.266	0.381	1.000	0.861
BNC1;RP11- 382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1461	0.134	0.403	0.269	0.371	1.000	0.861
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	678	0.083	0.399	0.316	0.397	1.000	0.861
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	784	0.112	0.478	0.367	0.547	1.000	0.861
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	230	0.073	0.435	0.362	0.477	1.000	0.861
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	1393	0.065	0.171	0.106	0.068	1.000	0.861
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	334	0.126	0.395	0.269	0.336	1.000	0.861
LINC01006	chr7	1.57e+08	1.57e+08	230	0.183	0.457	0.273	0.442	1.000	0.861
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	435	0.097	0.449	0.352	0.516	1.000	0.861
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	464	0.127	0.444	0.317	0.493	1.000	0.861

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1536	0.129	0.398	0.269	0.364	1.000	0.861
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	276	0.052	0.310	0.257	0.262	1.000	0.861
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	906	0.060	0.419	0.359	0.442	1.000	0.861
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	984	0.139	0.439	0.300	0.439	1.000	0.861
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	917	0.070	0.401	0.331	0.404	1.000	0.861
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	910	0.080	0.343	0.264	0.273	1.000	0.861
HSD17B12;MIR129-2	chr11	4.36e+07	4.36e+07	370	0.090	0.505	0.415	0.621	1.000	0.861
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	224	0.170	0.474	0.304	0.540	1.000	0.861
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1222	0.190	0.504	0.314	0.617	1.000	0.861
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1929	0.114	0.400	0.286	0.395	1.000	0.861
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	483	0.166	0.377	0.211	0.271	1.000	0.861
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1159	0.139	0.415	0.276	0.402	1.000	0.861
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1107	0.141	0.418	0.277	0.411	1.000	0.860
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	705	0.097	0.280	0.183	0.126	1.000	0.860
CLVS2	chr6	1.23e+08	1.23e+08	200	0.083	0.396	0.313	0.346	1.000	0.860
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	973	0.113	0.397	0.284	0.383	1.000	0.860
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1754	0.056	0.330	0.274	0.301	1.000	0.860
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	208	0.129	0.370	0.241	0.280	1.000	0.860
GAD2	chr10	2.62e+07	2.62e+07	207	0.097	0.404	0.308	0.437	1.000	0.860
AF186192.1;AF18619	chr8	1.45e+08	1.45e+08	530	0.086	0.394	0.308	0.414	1.000	0.860
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	469	0.125	0.420	0.296	0.397	1.000	0.860
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1066	0.152	0.443	0.291	0.439	1.000	0.860
DIO3;DIO3OS;MIR1247	chr14	1.02e+08	1.02e+08	209	0.077	0.442	0.365	0.486	1.000	0.860
AF186192.1;AF18619	chr8	1.45e+08	1.45e+08	349	0.101	0.390	0.289	0.364	1.000	0.860
FOXF2	chr6	1.39e+06	1.39e+06	736	0.181	0.454	0.273	0.467	1.000	0.860
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	413	0.069	0.344	0.275	0.343	1.000	0.860
PTPRG-AS1	chr3	6.24e+07	6.24e+07	333	0.139	0.369	0.230	0.257	1.000	0.860
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1366	0.060	0.360	0.300	0.357	1.000	0.860
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	394	0.123	0.400	0.277	0.402	1.000	0.860
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	841	0.108	0.346	0.238	0.290	1.000	0.860
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	213	0.093	0.439	0.346	0.495	1.000	0.860
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1156	0.116	0.395	0.279	0.360	1.000	0.860
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1078	0.107	0.349	0.242	0.269	1.000	0.860
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	906	0.112	0.394	0.282	0.371	1.000	0.860
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2899	0.172	0.498	0.326	0.603	1.000	0.860
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	442	0.132	0.533	0.401	0.636	1.000	0.860
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	308	0.123	0.429	0.307	0.453	1.000	0.860
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	818	0.115	0.371	0.256	0.350	1.000	0.860
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1454	0.104	0.313	0.209	0.098	1.000	0.860

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-797H7.5;ZNF273	chr7	6.49e+07	6.49e+07	466	0.196	0.519	0.323	0.640	1.000	0.860
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1373	0.139	0.410	0.270	0.383	1.000	0.860
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	243	0.161	0.489	0.329	0.540	0.957	0.860
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1444	0.094	0.316	0.221	0.217	1.000	0.860
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	713	0.121	0.429	0.308	0.465	1.000	0.860
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	766	0.101	0.429	0.329	0.500	1.000	0.860
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	648	0.163	0.412	0.249	0.369	1.000	0.859
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2954	0.168	0.499	0.331	0.598	1.000	0.859
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	372	0.042	0.414	0.372	0.470	1.000	0.859
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	254	0.092	0.464	0.372	0.521	1.000	0.859
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	266	0.166	0.533	0.367	0.654	1.000	0.859
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	267	0.070	0.450	0.380	0.486	1.000	0.859
CTD-2517M22.14;PPP1R1	chr8	1.45e+08	1.45e+08	655	0.159	0.450	0.291	0.460	1.000	0.859
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	235	0.129	0.455	0.326	0.530	1.000	0.859
AF186192.1;AF186192	chr8	1.45e+08	1.45e+08	579	0.076	0.402	0.326	0.428	1.000	0.859
PTPRG-AS1	chr3	6.24e+07	6.24e+07	390	0.198	0.410	0.211	0.332	1.000	0.859
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	457	0.130	0.328	0.198	0.166	1.000	0.859
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	686	0.178	0.458	0.280	0.453	1.000	0.859
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	419	0.081	0.348	0.267	0.334	1.000	0.859
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1338	0.053	0.395	0.343	0.430	1.000	0.859
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	709	0.066	0.427	0.361	0.481	1.000	0.859
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	850	0.103	0.324	0.222	0.236	1.000	0.859
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	901	0.112	0.393	0.280	0.364	1.000	0.859
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	637	0.070	0.414	0.344	0.442	1.000	0.859
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	835	0.109	0.466	0.357	0.526	1.000	0.859
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1753	0.097	0.368	0.271	0.327	1.000	0.859
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	708	0.124	0.434	0.310	0.467	1.000	0.859
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	950	0.165	0.445	0.280	0.437	1.000	0.859
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	265	0.175	0.454	0.279	0.458	1.000	0.859
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1076	0.112	0.470	0.359	0.535	1.000	0.859
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	950	0.063	0.392	0.329	0.414	1.000	0.859
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	215	0.185	0.430	0.245	0.397	1.000	0.859
HSD17B12;MIR129-2	chr11	4.36e+07	4.36e+07	295	0.109	0.473	0.364	0.528	1.000	0.859
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	940	0.162	0.399	0.237	0.306	1.000	0.859
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	218	0.156	0.538	0.382	0.640	1.000	0.859
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	968	0.114	0.397	0.282	0.381	1.000	0.859
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1462	0.079	0.415	0.336	0.449	1.000	0.859

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1374	0.055	0.351	0.296	0.355	1.000	0.859
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	712	0.105	0.459	0.354	0.535	1.000	0.859
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	930	0.067	0.397	0.330	0.409	1.000	0.859
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	249	0.081	0.472	0.391	0.535	1.000	0.859
ANKRD30BL;MIR663B	chr2	1.32e+08	1.32e+08	464	0.185	0.435	0.249	0.390	1.000	0.859
SSTR1	chr14	3.82e+07	3.82e+07	388	0.158	0.419	0.262	0.407	1.000	0.859
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	254	0.074	0.451	0.377	0.493	1.000	0.859
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	516	0.047	0.396	0.349	0.364	1.000	0.859
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1314	0.059	0.304	0.245	0.257	1.000	0.859
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2790	0.175	0.508	0.332	0.614	1.000	0.859
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	781	0.091	0.417	0.327	0.407	1.000	0.859
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1119	0.059	0.380	0.321	0.362	1.000	0.859
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	633	0.084	0.451	0.367	0.514	1.000	0.859
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	856	0.099	0.307	0.207	0.180	1.000	0.858
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	447	0.051	0.444	0.393	0.521	1.000	0.858
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1372	0.083	0.396	0.313	0.400	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	473	0.066	0.439	0.373	0.477	1.000	0.858
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	590	0.106	0.384	0.277	0.336	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	442	0.069	0.435	0.366	0.463	1.000	0.858
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1054	0.121	0.492	0.371	0.575	1.000	0.858
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1758	0.088	0.377	0.289	0.364	1.000	0.858
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	580	0.128	0.427	0.299	0.418	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	930	0.066	0.423	0.357	0.451	1.000	0.858
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	857	0.113	0.421	0.309	0.442	1.000	0.858
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	650	0.139	0.519	0.379	0.626	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	236	0.085	0.467	0.382	0.530	1.000	0.858
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	761	0.065	0.388	0.323	0.381	1.000	0.858
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	201	0.082	0.447	0.365	0.526	1.000	0.858
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1143	0.137	0.407	0.270	0.371	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	455	0.066	0.436	0.370	0.463	1.000	0.858
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	2323	0.169	0.461	0.293	0.474	1.000	0.858
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	367	0.039	0.414	0.374	0.467	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	460	0.069	0.439	0.370	0.479	1.000	0.858
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2784	0.184	0.511	0.327	0.612	1.000	0.858
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	617	0.125	0.359	0.234	0.290	1.000	0.858
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	807	0.122	0.461	0.340	0.533	1.000	0.858
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.38e+05	7.39e+05	1195	0.071	0.294	0.223	0.164	1.000	0.858
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	299	0.088	0.406	0.317	0.423	1.000	0.858
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1905	0.195	0.513	0.318	0.619	1.000	0.858
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	573	0.121	0.382	0.260	0.306	1.000	0.858
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	907	0.085	0.366	0.281	0.318	1.000	0.858
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1091	0.139	0.410	0.271	0.397	1.000	0.858

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	613	0.061	0.422	0.361	0.437	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	986	0.075	0.434	0.358	0.472	1.000	0.858
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	232	0.100	0.498	0.398	0.579	1.000	0.858
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1909	0.093	0.307	0.213	0.203	1.000	0.858
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	373	0.043	0.327	0.285	0.301	1.000	0.858
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	859	0.095	0.290	0.195	0.126	1.000	0.858
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	731	0.152	0.397	0.245	0.292	1.000	0.858
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	831	0.122	0.427	0.306	0.444	1.000	0.858
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	864	0.104	0.414	0.310	0.428	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	455	0.074	0.454	0.380	0.530	1.000	0.858
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	535	0.145	0.421	0.276	0.439	1.000	0.858
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	823	0.164	0.498	0.335	0.589	1.000	0.858
SKI	chr1	2.29e+06	2.29e+06	234	0.087	0.355	0.268	0.301	1.000	0.858
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	384	0.158	0.551	0.394	0.666	1.000	0.858
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1445	0.131	0.395	0.264	0.357	1.000	0.858
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1331	0.064	0.329	0.265	0.283	1.000	0.858
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	847	0.088	0.348	0.260	0.283	1.000	0.858
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	457	0.136	0.484	0.348	0.568	1.000	0.858
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	409	0.045	0.440	0.394	0.523	1.000	0.858
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	681	0.174	0.437	0.263	0.460	1.000	0.858
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1034	0.105	0.349	0.244	0.238	1.000	0.858
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	978	0.076	0.400	0.325	0.423	1.000	0.858
RP5-850E9.3;SCRT2	chr20	6.64e+05	6.64e+05	596	0.145	0.385	0.241	0.374	1.000	0.858
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	755	0.094	0.404	0.310	0.446	1.000	0.858
MOS	chr8	5.61e+07	5.61e+07	841	0.097	0.343	0.246	0.231	1.000	0.858
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	412	0.048	0.417	0.369	0.449	1.000	0.857
CBLN4	chr20	5.60e+07	5.60e+07	458	0.131	0.480	0.349	0.561	1.000	0.857
HSD17B12;MIR129-2	chr11	4.36e+07	4.36e+07	368	0.094	0.505	0.411	0.617	1.000	0.857
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	871	0.091	0.275	0.184	0.086	1.000	0.857
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	249	0.146	0.501	0.355	0.530	1.000	0.857
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	776	0.069	0.408	0.339	0.456	1.000	0.857
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	658	0.173	0.425	0.253	0.421	1.000	0.857
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	619	0.118	0.512	0.393	0.643	1.000	0.857
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	1096	0.096	0.295	0.199	0.157	1.000	0.857
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	437	0.074	0.451	0.377	0.505	1.000	0.857
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	460	0.105	0.476	0.372	0.598	1.000	0.857
LYL1	chr19	1.31e+07	1.31e+07	266	0.097	0.283	0.186	0.168	1.000	0.857
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1520	0.126	0.390	0.264	0.357	1.000	0.857
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1098	0.130	0.397	0.266	0.357	1.000	0.857
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1491	0.057	0.342	0.285	0.332	1.000	0.857

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-380D23.2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	517	0.159	0.463	0.304	0.484	1.000	0.857
RASSF1;ZMYND10-AS1	chr3	5.03e+07	5.03e+07	217	0.088	0.448	0.360	0.481	1.000	0.857
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	216	0.099	0.457	0.357	0.526	1.000	0.857
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	645	0.052	0.340	0.288	0.308	1.000	0.857
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	601	0.167	0.535	0.367	0.652	1.000	0.857
EMX2OS	chr10	1.18e+08	1.18e+08	820	0.188	0.325	0.138	0.105	1.000	0.857
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	283	0.066	0.429	0.363	0.449	1.000	0.857
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	347	0.132	0.433	0.300	0.409	1.000	0.857
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1149	0.078	0.321	0.242	0.283	1.000	0.857
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	948	0.121	0.459	0.338	0.523	1.000	0.857
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	424	0.076	0.443	0.367	0.493	1.000	0.857
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1327	0.181	0.494	0.313	0.600	1.000	0.857
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	1037	0.100	0.266	0.166	0.161	1.000	0.857
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	442	0.075	0.447	0.372	0.523	1.000	0.857
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	281	0.070	0.448	0.379	0.488	1.000	0.857
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2950	0.167	0.502	0.335	0.603	1.000	0.857
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1400	0.125	0.386	0.260	0.346	1.000	0.857
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	700	0.138	0.505	0.367	0.600	1.000	0.857
RP11-896J10.3;SFTA3	chr14	3.65e+07	3.65e+07	280	0.066	0.315	0.249	0.220	1.000	0.857
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	436	0.041	0.363	0.322	0.322	1.000	0.857
C3orf14;PTPRG-AS1	chr3	6.23e+07	6.23e+07	265	0.090	0.421	0.331	0.404	1.000	0.857
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	611	0.139	0.516	0.377	0.645	1.000	0.857
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	616	0.107	0.419	0.312	0.453	1.000	0.857
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	228	0.121	0.512	0.391	0.647	1.000	0.857
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	1220	0.153	0.406	0.253	0.400	1.000	0.857
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1554	0.054	0.335	0.281	0.322	1.000	0.857
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	390	0.044	0.448	0.405	0.542	1.000	0.857
CPXM2	chr10	1.24e+08	1.24e+08	414	0.173	0.475	0.302	0.526	1.000	0.857
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	549	0.126	0.418	0.292	0.446	1.000	0.857
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	236	0.100	0.508	0.407	0.643	1.000	0.857
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	676	0.088	0.398	0.311	0.411	1.000	0.857
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	297	0.071	0.377	0.305	0.332	1.000	0.857
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	489	0.063	0.424	0.360	0.449	1.000	0.857
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1129	0.057	0.381	0.324	0.381	1.000	0.857
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	302	0.182	0.467	0.285	0.519	1.000	0.857
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1242	0.155	0.433	0.278	0.418	1.000	0.857
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1254	0.099	0.341	0.243	0.241	1.000	0.857
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	426	0.054	0.430	0.376	0.507	1.000	0.857
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1216	0.101	0.334	0.232	0.250	1.000	0.857
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1545	0.102	0.400	0.298	0.409	1.000	0.857
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1523	0.068	0.415	0.347	0.470	1.000	0.857

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	487	0.067	0.439	0.373	0.484	1.000	0.857
GALNT8;KCNA6;RP11-234B24.4	chr12	4.81e+06	4.81e+06	458	0.065	0.503	0.438	0.582	1.000	0.857
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1455	0.082	0.396	0.314	0.402	1.000	0.856
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	471	0.063	0.420	0.357	0.435	1.000	0.856
AMH;JSRP1;MIR431	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2895	0.171	0.501	0.331	0.607	1.000	0.856
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	363	0.166	0.475	0.309	0.537	1.000	0.856
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	608	0.096	0.402	0.306	0.397	1.000	0.856
MT1E	chr16	5.66e+07	5.66e+07	315	0.068	0.341	0.273	0.346	1.000	0.856
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1357	0.138	0.402	0.265	0.367	1.000	0.856
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1046	0.132	0.399	0.267	0.371	1.000	0.856
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	469	0.066	0.436	0.370	0.470	1.000	0.856
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	544	0.058	0.351	0.293	0.357	1.000	0.856
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1136	0.118	0.350	0.232	0.271	1.000	0.856
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1984	0.145	0.397	0.252	0.346	1.000	0.856
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	687	0.112	0.503	0.391	0.645	1.000	0.856
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	472	0.054	0.410	0.356	0.456	1.000	0.856
KIAA1614-AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	608	0.158	0.416	0.259	0.409	1.000	0.856
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1231	0.059	0.414	0.355	0.470	1.000	0.856
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	478	0.124	0.420	0.296	0.425	1.000	0.856
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1023	0.137	0.490	0.353	0.568	1.000	0.856
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	838	0.089	0.258	0.169	0.105	1.000	0.856
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	455	0.114	0.448	0.334	0.533	1.000	0.856
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	660	0.152	0.514	0.362	0.619	1.000	0.856
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	457	0.105	0.491	0.386	0.624	1.000	0.856
AC079154.1;CNTNA	chr2	1.24e+08	1.24e+08	413	0.200	0.425	0.225	0.397	1.000	0.856
GRK7	chr3	1.42e+08	1.42e+08	348	0.183	0.473	0.290	0.551	0.935	0.856
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1042	0.113	0.344	0.231	0.248	1.000	0.856
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	354	0.131	0.360	0.229	0.287	1.000	0.855
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	374	0.084	0.392	0.308	0.390	1.000	0.855
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1340	0.065	0.346	0.282	0.313	1.000	0.855
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	894	0.095	0.390	0.295	0.381	1.000	0.855
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1312	0.132	0.393	0.261	0.357	1.000	0.855
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	743	0.198	0.499	0.302	0.537	1.000	0.855
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	1016	0.140	0.348	0.208	0.271	1.000	0.855
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1475	0.120	0.381	0.261	0.341	1.000	0.855
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	340	0.041	0.340	0.300	0.308	1.000	0.855
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	701	0.132	0.377	0.245	0.299	1.000	0.855
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	373	0.076	0.379	0.303	0.357	1.000	0.855

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1382	0.174	0.496	0.323	0.612	1.000	0.855
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr19	5.24e+06	5.24e+06	687	0.050	0.392	0.342	0.428	1.000	0.855
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	257	0.094	0.308	0.214	0.220	1.000	0.855
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	705	0.103	0.496	0.393	0.633	1.000	0.855
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	607	0.141	0.397	0.256	0.404	1.000	0.855
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	736	0.094	0.488	0.394	0.605	1.000	0.855
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	1061	0.129	0.462	0.333	0.549	1.000	0.855
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1072	0.153	0.435	0.283	0.418	1.000	0.855
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	745	0.091	0.358	0.267	0.318	1.000	0.855
MOS	chr8	5.61e+07	5.61e+07	622	0.122	0.367	0.245	0.234	1.000	0.855
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	470	0.047	0.399	0.352	0.404	1.000	0.855
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	343	0.116	0.407	0.291	0.414	1.000	0.855
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1372	0.183	0.507	0.323	0.617	1.000	0.855
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	233	0.179	0.486	0.307	0.498	1.000	0.855
SOX14	chr3	1.38e+08	1.38e+08	229	0.087	0.421	0.334	0.437	1.000	0.855
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1366	0.199	0.512	0.313	0.629	1.000	0.855
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	442	0.076	0.439	0.363	0.512	1.000	0.855
MT1E	chr16	5.66e+07	5.66e+07	217	0.069	0.342	0.273	0.339	1.000	0.855
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	570	0.096	0.373	0.277	0.332	1.000	0.855
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1126	0.133	0.465	0.332	0.521	1.000	0.855
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2426	0.188	0.513	0.325	0.619	1.000	0.855
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	727	0.121	0.352	0.231	0.248	1.000	0.855
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	233	0.139	0.462	0.324	0.516	1.000	0.855
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr19	5.24e+06	5.24e+06	407	0.055	0.435	0.380	0.516	1.000	0.855
SLC5A8	chr12	1.01e+08	1.01e+08	352	0.124	0.376	0.253	0.322	1.000	0.855
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	207	0.063	0.428	0.365	0.519	1.000	0.855
AF186192.1;AF186193	chr8	1.45e+08	1.45e+08	671	0.075	0.407	0.332	0.439	1.000	0.855
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1326	0.190	0.408	0.219	0.386	1.000	0.855
APBB1IP	chr10	2.64e+07	2.64e+07	281	0.178	0.440	0.262	0.458	1.000	0.855
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	947	0.084	0.351	0.267	0.360	1.000	0.855
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	947	0.084	0.351	0.267	0.360	1.000	0.855
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	223	0.106	0.457	0.351	0.530	1.000	0.855
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	208	0.095	0.450	0.355	0.521	1.000	0.854
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	223	0.086	0.454	0.368	0.526	1.000	0.854
DIO3;DIO3OS;MIR1	chr14	1.02e+08	1.02e+08	258	0.055	0.325	0.270	0.210	1.000	0.854
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	972	0.131	0.459	0.328	0.533	1.000	0.854
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	307	0.065	0.427	0.363	0.449	1.000	0.854
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1355	0.068	0.373	0.305	0.371	1.000	0.854
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	385	0.188	0.405	0.217	0.336	1.000	0.854
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	872	0.083	0.341	0.258	0.285	1.000	0.854
HSD17B12;MIR129-	chr11	4.36e+07	4.36e+07	358	0.101	0.490	0.390	0.586	1.000	0.854

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	304	0.097	0.498	0.402	0.640	1.000	0.854
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	803	0.133	0.474	0.341	0.544	1.000	0.854
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2432	0.178	0.509	0.331	0.619	1.000	0.854
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1126	0.104	0.342	0.238	0.273	1.000	0.854
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	412	0.146	0.491	0.345	0.549	1.000	0.854
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	642	0.087	0.383	0.297	0.367	1.000	0.854
TFP1	chr3	1.34e+08	1.34e+08	417	0.118	0.464	0.346	0.509	1.000	0.854
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	779	0.047	0.375	0.328	0.395	1.000	0.854
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	513	0.063	0.423	0.360	0.451	1.000	0.854
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	371	0.041	0.464	0.423	0.551	1.000	0.854
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	543	0.109	0.362	0.253	0.245	1.000	0.854
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	238	0.097	0.459	0.362	0.530	1.000	0.854
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	465	0.044	0.382	0.338	0.376	1.000	0.854
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	351	0.149	0.378	0.229	0.311	1.000	0.854
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	783	0.078	0.402	0.324	0.439	1.000	0.854
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	368	0.076	0.431	0.355	0.495	1.000	0.854
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1152	0.120	0.360	0.240	0.259	1.000	0.854
RP11-357H14.17	chr17	4.86e+07	4.86e+07	453	0.191	0.476	0.285	0.516	1.000	0.854
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	293	0.041	0.413	0.372	0.465	1.000	0.854
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	863	0.142	0.420	0.279	0.407	1.000	0.854
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1348	0.075	0.391	0.316	0.414	1.000	0.854
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	278	0.133	0.491	0.359	0.614	1.000	0.854
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	609	0.126	0.406	0.280	0.425	1.000	0.854
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1077	0.125	0.469	0.344	0.530	1.000	0.854
LINC00526;LINC00667;RP11-5.24e+06	chr18	5.24e+06	5.24e+06	453	0.055	0.411	0.356	0.470	1.000	0.854
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	3294	0.179	0.504	0.325	0.600	1.000	0.854
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1092	0.078	0.434	0.356	0.474	1.000	0.854
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	466	0.076	0.438	0.362	0.486	1.000	0.853
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1209	0.092	0.346	0.253	0.269	1.000	0.853
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	495	0.062	0.419	0.357	0.437	1.000	0.853
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	208	0.099	0.389	0.289	0.397	1.000	0.853
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	613	0.116	0.329	0.214	0.227	1.000	0.853
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	606	0.107	0.402	0.295	0.381	1.000	0.853
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	753	0.163	0.442	0.279	0.453	1.000	0.853
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	599	0.090	0.347	0.257	0.308	1.000	0.853
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	648	0.074	0.358	0.284	0.325	1.000	0.853
HKR1	chr19	3.73e+07	3.73e+07	371	0.115	0.393	0.278	0.313	1.000	0.853
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	955	0.135	0.455	0.320	0.516	1.000	0.853
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	353	0.081	0.482	0.402	0.598	1.000	0.853
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1440	0.093	0.293	0.200	0.210	1.000	0.853
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	983	0.148	0.493	0.346	0.577	1.000	0.853
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	501	0.135	0.350	0.214	0.243	1.000	0.853
GRM1	chr6	1.46e+08	1.46e+08	279	0.100	0.480	0.380	0.563	1.000	0.853

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	440	0.073	0.350	0.277	0.311	1.000	0.853
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1814	0.143	0.396	0.253	0.355	1.000	0.853
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	390	0.044	0.449	0.405	0.530	1.000	0.853
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	692	0.175	0.447	0.271	0.437	1.000	0.853
ITGA8	chr10	1.57e+07	1.57e+07	211	0.113	0.464	0.351	0.535	1.000	0.853
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	361	0.132	0.486	0.354	0.551	1.000	0.853
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	290	0.045	0.444	0.399	0.530	1.000	0.853
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1180	0.106	0.327	0.221	0.229	1.000	0.853
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1223	0.100	0.324	0.223	0.227	1.000	0.853
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	524	0.143	0.528	0.385	0.638	1.000	0.853
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	479	0.072	0.438	0.366	0.484	1.000	0.853
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	773	0.149	0.455	0.307	0.477	1.000	0.853
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	318	0.086	0.446	0.361	0.528	1.000	0.853
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	461	0.080	0.450	0.370	0.528	1.000	0.853
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	379	0.139	0.493	0.355	0.551	1.000	0.853
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	322	0.088	0.491	0.403	0.636	1.000	0.853
RUNX1T1	chr8	9.21e+07	9.21e+07	599	0.070	0.394	0.324	0.430	1.000	0.853
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	623	0.114	0.407	0.293	0.423	1.000	0.853
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	566	0.092	0.316	0.224	0.201	1.000	0.853
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1544	0.080	0.420	0.341	0.460	1.000	0.853
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	1288	0.062	0.309	0.247	0.262	1.000	0.853
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	956	0.164	0.436	0.272	0.423	1.000	0.853
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1509	0.182	0.508	0.326	0.612	1.000	0.853
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	817	0.191	0.466	0.275	0.470	1.000	0.853
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	317	0.121	0.443	0.322	0.481	1.000	0.853
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	934	0.077	0.398	0.320	0.423	1.000	0.853
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	254	0.049	0.449	0.400	0.542	1.000	0.853
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	855	0.067	0.347	0.280	0.322	1.000	0.853
GRM1	chr6	1.46e+08	1.46e+08	407	0.140	0.475	0.335	0.568	1.000	0.853
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1106	0.076	0.430	0.353	0.470	1.000	0.853
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	941	0.083	0.394	0.312	0.416	1.000	0.853
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	734	0.173	0.432	0.259	0.449	1.000	0.853
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1363	0.119	0.338	0.219	0.241	1.000	0.853
CTNNA2;LRRTM1	chr2	8.03e+07	8.03e+07	271	0.045	0.385	0.341	0.357	1.000	0.853
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	321	0.128	0.441	0.313	0.474	1.000	0.853
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	216	0.145	0.504	0.359	0.572	1.000	0.853
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1180	0.123	0.450	0.327	0.493	1.000	0.853
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	722	0.110	0.475	0.365	0.612	1.000	0.852
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1074	0.055	0.406	0.351	0.437	1.000	0.852
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	1201	0.114	0.468	0.354	0.533	1.000	0.852
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	206	0.061	0.300	0.240	0.250	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	452	0.047	0.393	0.347	0.397	1.000	0.852
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1324	0.147	0.407	0.260	0.360	1.000	0.852

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	275	0.045	0.453	0.408	0.540	1.000	0.852
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	623	0.142	0.423	0.281	0.386	1.000	0.852
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	427	0.146	0.451	0.305	0.500	1.000	0.852
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	273	0.129	0.350	0.221	0.243	1.000	0.852
WT1-AS;WT1-AS_6;WT1-AS_7;WT1-AS_8	chr11	3.24e+07	3.24e+07	213	0.195	0.502	0.307	0.579	1.000	0.852
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	656	0.168	0.365	0.197	0.196	1.000	0.852
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1264	0.157	0.423	0.266	0.397	1.000	0.852
HKR1	chr19	3.73e+07	3.73e+07	292	0.089	0.331	0.242	0.273	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	498	0.093	0.458	0.365	0.542	1.000	0.852
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1811	0.197	0.515	0.318	0.629	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	493	0.072	0.438	0.366	0.486	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	495	0.069	0.424	0.355	0.456	1.000	0.852
RUNX1T1	chr8	9.21e+07	9.21e+07	288	0.080	0.446	0.367	0.514	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	535	0.084	0.451	0.367	0.509	1.000	0.852
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	263	0.175	0.445	0.270	0.474	1.000	0.852
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1136	0.059	0.383	0.324	0.388	1.000	0.852
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1688	0.099	0.313	0.214	0.208	1.000	0.852
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	960	0.129	0.396	0.266	0.362	1.000	0.852
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	252	0.099	0.313	0.213	0.220	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1120	0.074	0.421	0.347	0.463	1.000	0.852
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	1014	0.120	0.467	0.347	0.528	1.000	0.852
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	996	0.157	0.382	0.225	0.269	1.000	0.852
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	367	0.107	0.394	0.287	0.400	1.000	0.852
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	811	0.093	0.341	0.249	0.264	1.000	0.852
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2537	0.173	0.502	0.329	0.605	1.000	0.852
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2592	0.169	0.503	0.335	0.605	1.000	0.852
HKR1	chr19	3.73e+07	3.73e+07	373	0.117	0.410	0.293	0.357	1.000	0.852
LINC00526;LINC00678;RP11-835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	299	0.047	0.453	0.405	0.537	1.000	0.852
LINC00526;LINC00678;RP11-835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	668	0.050	0.391	0.340	0.430	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1118	0.076	0.426	0.350	0.474	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	522	0.088	0.452	0.364	0.512	1.000	0.852
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	519	0.068	0.423	0.355	0.453	1.000	0.852
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	3290	0.179	0.508	0.329	0.612	1.000	0.852
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	625	0.098	0.439	0.342	0.514	1.000	0.852
MAF	chr16	7.96e+07	7.96e+07	276	0.134	0.339	0.205	0.182	1.000	0.852
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	997	0.121	0.344	0.223	0.252	1.000	0.851
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	973	0.137	0.492	0.355	0.575	1.000	0.851
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	809	0.112	0.320	0.208	0.185	1.000	0.851
RP11-896J10.3;SFTA3	chr14	3.65e+07	3.65e+07	488	0.071	0.338	0.267	0.269	1.000	0.851

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	204	0.105	0.318	0.213	0.222	1.000	0.851
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	864	0.067	0.364	0.297	0.353	1.000	0.851
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1477	0.176	0.497	0.322	0.603	1.000	0.851
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1347	0.143	0.400	0.258	0.346	1.000	0.851
HSD17B12;MIR129-2	chr11	4.36e+07	4.36e+07	301	0.122	0.488	0.367	0.563	1.000	0.851
TLX1	chr10	1.01e+08	1.01e+08	298	0.141	0.412	0.272	0.388	1.000	0.851
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1059	0.124	0.398	0.274	0.369	1.000	0.851
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	280	0.045	0.477	0.431	0.558	1.000	0.851
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1518	0.094	0.309	0.215	0.171	1.000	0.851
RP11-896J10.3;SFTA3	chr14	3.65e+07	3.65e+07	327	0.079	0.370	0.291	0.355	1.000	0.851
HIST1H2BE	chr6	2.62e+07	2.62e+07	209	0.192	0.413	0.221	0.357	1.000	0.851
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	1037	0.119	0.459	0.340	0.563	1.000	0.851
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	448	0.083	0.444	0.362	0.514	1.000	0.851
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	688	0.122	0.423	0.301	0.425	1.000	0.851
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1469	0.167	0.501	0.334	0.607	1.000	0.851
HSD17B12;MIR129-2	chr11	4.36e+07	4.36e+07	336	0.109	0.494	0.385	0.582	1.000	0.851
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	605	0.073	0.323	0.250	0.285	1.000	0.851
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	533	0.058	0.412	0.354	0.442	1.000	0.851
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	328	0.121	0.488	0.367	0.554	1.000	0.851
AHNAK;RP11-864I4.4	chr11	6.25e+07	6.25e+07	215	0.125	0.335	0.209	0.231	0.978	0.851
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	551	0.079	0.436	0.357	0.479	1.000	0.851
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1154	0.144	0.406	0.262	0.362	1.000	0.851
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	653	0.185	0.411	0.226	0.348	1.000	0.851
ADHFE1	chr8	6.64e+07	6.64e+07	297	0.063	0.452	0.389	0.507	1.000	0.851
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1462	0.077	0.305	0.228	0.252	1.000	0.851
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	549	0.083	0.450	0.367	0.514	1.000	0.851
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	517	0.094	0.465	0.371	0.551	1.000	0.851
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1094	0.156	0.425	0.269	0.409	1.000	0.851
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	359	0.138	0.405	0.267	0.367	1.000	0.851
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	610	0.129	0.340	0.211	0.243	1.000	0.851
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	694	0.176	0.411	0.235	0.362	1.000	0.851
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	369	0.117	0.428	0.311	0.470	1.000	0.851
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	276	0.070	0.458	0.387	0.558	1.000	0.851
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1532	0.170	0.499	0.329	0.612	1.000	0.850
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	454	0.100	0.498	0.398	0.633	1.000	0.850
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1378	0.084	0.322	0.238	0.297	1.000	0.850
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	651	0.083	0.407	0.323	0.425	1.000	0.850
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	392	0.058	0.387	0.329	0.376	1.000	0.850
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	760	0.047	0.372	0.325	0.395	1.000	0.850
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	714	0.112	0.417	0.305	0.430	1.000	0.850

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1007	0.125	0.401	0.275	0.386	1.000	0.850
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	660	0.068	0.343	0.274	0.304	1.000	0.850
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	1219	0.059	0.383	0.324	0.395	1.000	0.850
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1037	0.132	0.469	0.337	0.537	1.000	0.850
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	259	0.101	0.417	0.316	0.416	1.000	0.850
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	716	0.093	0.350	0.257	0.301	1.000	0.850
APBB1IP	chr10	2.66e+07	2.66e+07	222	0.152	0.506	0.354	0.523	0.978	0.850
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1361	0.120	0.386	0.266	0.355	1.000	0.850
RP11-95M5.1	chr3	1.48e+07	1.48e+07	430	0.056	0.260	0.204	0.129	1.000	0.850
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	575	0.078	0.434	0.357	0.479	1.000	0.850
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	217	0.048	0.365	0.317	0.334	1.000	0.850
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	657	0.073	0.381	0.308	0.367	1.000	0.850
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	721	0.102	0.409	0.307	0.423	1.000	0.850
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	924	0.106	0.281	0.175	0.180	1.000	0.850
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1343	0.086	0.325	0.239	0.196	1.000	0.850
ROBO1	chr3	7.98e+07	7.98e+07	210	0.125	0.466	0.342	0.558	1.000	0.850
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	233	0.171	0.469	0.299	0.544	1.000	0.850
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	542	0.066	0.439	0.372	0.523	1.000	0.850
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1353	0.069	0.369	0.301	0.360	1.000	0.850
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	574	0.140	0.507	0.367	0.603	1.000	0.850
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	424	0.096	0.455	0.359	0.540	1.000	0.850
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1229	0.074	0.415	0.341	0.458	1.000	0.850
ROBO2	chr3	7.59e+07	7.59e+07	452	0.160	0.450	0.290	0.456	1.000	0.850
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	453	0.063	0.337	0.274	0.327	1.000	0.850
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	534	0.158	0.518	0.360	0.626	1.000	0.850
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	215	0.126	0.468	0.342	0.514	1.000	0.849
PAX6	chr11	3.18e+07	3.18e+07	407	0.162	0.449	0.287	0.465	1.000	0.849
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	843	0.083	0.332	0.248	0.262	1.000	0.849
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	684	0.115	0.421	0.306	0.428	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1280	0.071	0.408	0.337	0.446	1.000	0.849
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1553	0.077	0.417	0.340	0.460	1.000	0.849
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1436	0.115	0.381	0.266	0.360	1.000	0.849
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	488	0.142	0.429	0.287	0.442	1.000	0.849
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	222	0.048	0.311	0.263	0.238	1.000	0.849
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	710	0.104	0.414	0.310	0.432	1.000	0.849
LINC00982	chr1	3.06e+06	3.06e+06	236	0.194	0.443	0.249	0.423	0.978	0.849
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	670	0.127	0.465	0.338	0.544	1.000	0.849

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	509	0.102	0.390	0.288	0.371	1.000	0.849
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1016	0.141	0.372	0.230	0.278	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	202	0.063	0.421	0.359	0.435	1.000	0.849
HIST1H2BB;HIST1H2A	chr6	2.60e+07	2.60e+07	202	0.047	0.485	0.438	0.512	1.000	0.849
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1492	0.108	0.318	0.209	0.210	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	374	0.107	0.471	0.364	0.575	1.000	0.849
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1552	0.145	0.404	0.260	0.357	1.000	0.849
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1187	0.105	0.317	0.212	0.220	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1285	0.070	0.405	0.336	0.437	1.000	0.849
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1698	0.149	0.393	0.244	0.346	1.000	0.849
CTC-523E23.14;CTC-523E23.15;CTC-523E23.6	chr19	3.49e+07	3.49e+07	534	0.123	0.450	0.327	0.484	1.000	0.849
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1273	0.126	0.393	0.267	0.367	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	504	0.097	0.461	0.364	0.547	1.000	0.849
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	434	0.068	0.320	0.252	0.304	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1304	0.068	0.402	0.334	0.425	1.000	0.849
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1177	0.140	0.400	0.259	0.357	1.000	0.849
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2338	0.179	0.510	0.332	0.617	1.000	0.849
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2332	0.190	0.514	0.325	0.624	1.000	0.849
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	717	0.094	0.405	0.311	0.423	1.000	0.849
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1346	0.077	0.389	0.312	0.414	1.000	0.849
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	677	0.133	0.469	0.335	0.544	1.000	0.849
RP11-154H12.3	chr18	7.98e+07	7.98e+07	1066	0.073	0.286	0.213	0.182	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1309	0.066	0.398	0.332	0.414	1.000	0.849
HOXB-AS4;HOXB7;MIR190	chr17	4.86e+07	4.86e+07	291	0.160	0.492	0.332	0.558	1.000	0.849
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	374	0.100	0.384	0.284	0.388	1.000	0.849
HIST1H2BB;HIST1H2A	chr6	2.60e+07	2.60e+07	257	0.043	0.482	0.439	0.505	1.000	0.849
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	306	0.091	0.439	0.348	0.507	1.000	0.849
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	438	0.049	0.381	0.333	0.371	1.000	0.848
ADHFE1	chr8	6.64e+07	6.64e+07	349	0.055	0.439	0.384	0.486	1.000	0.848
MT1E	chr16	5.66e+07	5.66e+07	200	0.075	0.338	0.263	0.320	1.000	0.848
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	242	0.066	0.326	0.261	0.287	1.000	0.848
LYL1	chr19	1.31e+07	1.31e+07	238	0.099	0.290	0.191	0.161	1.000	0.848
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1402	0.100	0.394	0.294	0.407	1.000	0.848
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1420	0.057	0.405	0.348	0.453	1.000	0.848
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	671	0.176	0.398	0.222	0.306	1.000	0.848
RUNX1T1	chr8	9.21e+07	9.21e+07	444	0.054	0.342	0.288	0.318	1.000	0.848
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1758	0.110	0.398	0.287	0.395	1.000	0.848
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	1136	0.119	0.473	0.354	0.568	1.000	0.848

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1054	0.126	0.398	0.271	0.374	1.000	0.848
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	1027	0.149	0.376	0.227	0.271	1.000	0.848
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	308	0.171	0.441	0.271	0.470	1.000	0.848
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1038	0.153	0.404	0.251	0.353	1.000	0.848
EPHA5;EPHA5-AS1	chr4	6.57e+07	6.57e+07	225	0.082	0.428	0.346	0.519	1.000	0.848
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	267	0.043	0.403	0.360	0.432	1.000	0.848
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1329	0.178	0.398	0.221	0.367	1.000	0.848
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	417	0.069	0.382	0.313	0.360	1.000	0.848
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	558	0.122	0.431	0.309	0.435	1.000	0.848
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	741	0.170	0.478	0.308	0.516	1.000	0.848
TFP1	chr3	1.34e+08	1.34e+08	203	0.151	0.504	0.353	0.577	1.000	0.848
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	444	0.111	0.461	0.351	0.505	1.000	0.848
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	978	0.166	0.424	0.258	0.404	1.000	0.848
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	529	0.145	0.398	0.253	0.425	1.000	0.848
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	222	0.111	0.474	0.364	0.530	1.000	0.848
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	812	0.065	0.326	0.261	0.299	1.000	0.848
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	342	0.131	0.357	0.226	0.255	1.000	0.848
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1186	0.116	0.363	0.247	0.283	1.000	0.848
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	948	0.120	0.455	0.335	0.542	1.000	0.848
MAEA	chr4	1.31e+06	1.31e+06	220	0.198	0.558	0.360	0.654	1.000	0.848
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	734	0.141	0.471	0.330	0.514	1.000	0.848
TRIM67	chr1	2.31e+08	2.31e+08	286	0.111	0.338	0.227	0.234	1.000	0.848
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	1439	0.108	0.472	0.364	0.568	1.000	0.847
IRF4	chr6	3.91e+05	3.91e+05	234	0.142	0.455	0.313	0.491	1.000	0.847
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	256	0.135	0.441	0.307	0.470	1.000	0.847
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1063	0.154	0.400	0.246	0.350	1.000	0.847
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	1053	0.137	0.354	0.217	0.231	1.000	0.847
RUNX3	chr1	2.49e+07	2.49e+07	567	0.117	0.245	0.128	0.117	1.000	0.847
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	230	0.120	0.440	0.321	0.477	1.000	0.847
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	931	0.121	0.448	0.327	0.535	1.000	0.847
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2932	0.181	0.509	0.328	0.605	1.000	0.847
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1002	0.128	0.400	0.273	0.388	1.000	0.847
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	319	0.142	0.443	0.301	0.484	1.000	0.847
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1477	0.065	0.385	0.320	0.379	1.000	0.847
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	713	0.104	0.385	0.281	0.353	1.000	0.847
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	225	0.065	0.346	0.281	0.315	1.000	0.847
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1330	0.066	0.395	0.329	0.414	1.000	0.847
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1652	0.102	0.306	0.203	0.201	1.000	0.847

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	264	0.115	0.439	0.324	0.465	1.000	0.847
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	237	0.045	0.394	0.349	0.416	1.000	0.847
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1722	0.191	0.505	0.314	0.612	1.000	0.847
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1382	0.142	0.404	0.261	0.374	1.000	0.847
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1487	0.063	0.377	0.314	0.369	1.000	0.847
VWC2	chr7	4.98e+07	4.98e+07	673	0.132	0.515	0.383	0.603	1.000	0.847
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	459	0.068	0.376	0.308	0.360	1.000	0.847
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	379	0.099	0.462	0.362	0.523	1.000	0.847
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	432	0.110	0.468	0.357	0.526	1.000	0.847
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	669	0.068	0.365	0.297	0.348	1.000	0.847
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	591	0.061	0.447	0.386	0.526	1.000	0.847
HAAO	chr2	4.28e+07	4.28e+07	311	0.062	0.432	0.370	0.512	1.000	0.847
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	657	0.082	0.436	0.354	0.477	1.000	0.847
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1642	0.101	0.308	0.207	0.203	1.000	0.847
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	311	0.181	0.464	0.283	0.516	1.000	0.847
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	641	0.087	0.450	0.363	0.509	1.000	0.847
RP11-797H7.5;ZNF273	chr7	6.49e+07	6.49e+07	257	0.145	0.484	0.339	0.558	1.000	0.847
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	617	0.066	0.312	0.246	0.276	1.000	0.846
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1398	0.093	0.390	0.297	0.400	1.000	0.846
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	381	0.096	0.454	0.358	0.540	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	681	0.081	0.435	0.354	0.479	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	655	0.086	0.449	0.363	0.516	1.000	0.846
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	426	0.094	0.488	0.394	0.605	1.000	0.846
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	840	0.090	0.356	0.266	0.306	1.000	0.846
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1027	0.121	0.463	0.342	0.521	1.000	0.846
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2498	0.169	0.504	0.335	0.610	1.000	0.846
HIST1H2BB;HIST1H2BD	chr5	2.60e+07	2.60e+07	241	0.043	0.480	0.437	0.509	1.000	0.846
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1490	0.076	0.376	0.300	0.364	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	563	0.056	0.411	0.355	0.423	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	655	0.084	0.444	0.359	0.505	1.000	0.846
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2443	0.173	0.503	0.330	0.607	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	628	0.091	0.451	0.359	0.519	1.000	0.846
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	241	0.116	0.434	0.318	0.442	1.000	0.846
CTC-523E23.14;CTC-523E23.15;CTC-523E23.6	chr19	3.49e+07	3.49e+07	503	0.108	0.450	0.342	0.493	1.000	0.846
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1356	0.121	0.384	0.264	0.357	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	695	0.078	0.430	0.352	0.472	1.000	0.846
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	700	0.154	0.472	0.317	0.512	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	671	0.080	0.431	0.351	0.470	1.000	0.846
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	352	0.143	0.458	0.314	0.470	1.000	0.846

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1061	0.147	0.397	0.250	0.341	1.000	0.846
AF186192.1;AF186192.1	chr8	1.45e+08	1.45e+08	241	0.081	0.429	0.348	0.465	1.000	0.846
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	323	0.134	0.481	0.348	0.542	1.000	0.846
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	990	0.111	0.348	0.237	0.273	1.000	0.846
KRBOX1;RP11-136C24.3;RP11-141M3.6;ZNF662	chr3	4.29e+07	4.29e+07	220	0.097	0.453	0.356	0.477	1.000	0.846
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	886	0.092	0.441	0.349	0.526	1.000	0.846
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	430	0.100	0.422	0.321	0.444	1.000	0.846
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1619	0.094	0.292	0.198	0.164	1.000	0.846
ZFHX4;ZFHX4-AS1	chr8	7.67e+07	7.67e+07	409	0.061	0.383	0.321	0.355	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	604	0.097	0.456	0.359	0.542	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	623	0.097	0.462	0.365	0.551	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	642	0.088	0.444	0.356	0.512	1.000	0.846
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1670	0.145	0.393	0.248	0.339	1.000	0.846
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	468	0.109	0.436	0.327	0.486	1.000	0.846
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	901	0.111	0.351	0.240	0.245	1.000	0.846
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1544	0.062	0.374	0.311	0.367	1.000	0.846
CTC-523E23.14;CTC-523E23.15;CTC-523E23.6	chr19	3.49e+07	3.49e+07	273	0.137	0.485	0.348	0.540	1.000	0.846
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	700	0.126	0.432	0.306	0.437	1.000	0.846
CIDEB;LTB4R;LTB4R	chr14	2.43e+07	2.43e+07	374	0.183	0.516	0.333	0.591	1.000	0.845
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	466	0.069	0.384	0.315	0.379	1.000	0.845
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	747	0.175	0.410	0.235	0.360	1.000	0.845
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1567	0.139	0.283	0.144	0.100	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	669	0.084	0.443	0.360	0.507	1.000	0.845
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	385	0.054	0.309	0.255	0.266	1.000	0.845
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	529	0.131	0.470	0.339	0.549	1.000	0.845
RP11-357H14.17	chr17	4.86e+07	4.86e+07	474	0.175	0.458	0.283	0.488	1.000	0.845
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1726	0.187	0.508	0.321	0.619	1.000	0.845
KRBOX1;RP11-136C24.3;RP11-141M3.6;ZNF662	chr3	4.29e+07	4.29e+07	399	0.144	0.475	0.332	0.516	1.000	0.845
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	788	0.100	0.481	0.381	0.591	1.000	0.845
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1268	0.128	0.392	0.265	0.369	1.000	0.845
THY1;USP2-AS1	chr11	1.19e+08	1.19e+08	396	0.106	0.331	0.225	0.215	1.000	0.845
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	444	0.076	0.345	0.269	0.276	1.000	0.845
IRF4	chr6	3.93e+05	3.94e+05	507	0.087	0.449	0.362	0.514	1.000	0.845
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	437	0.163	0.456	0.293	0.502	1.000	0.845
RUNX1T1	chr8	9.21e+07	9.21e+07	312	0.042	0.296	0.254	0.257	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	637	0.093	0.454	0.361	0.535	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	667	0.083	0.438	0.355	0.500	1.000	0.845

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	707	0.078	0.426	0.348	0.470	1.000	0.845
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	774	0.160	0.409	0.249	0.369	1.000	0.845
ADHFE1	chr8	6.64e+07	6.64e+07	381	0.054	0.439	0.385	0.486	1.000	0.845
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1431	0.115	0.379	0.264	0.357	1.000	0.845
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	661	0.169	0.382	0.213	0.257	1.000	0.845
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	961	0.064	0.305	0.241	0.229	1.000	0.845
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	1211	0.105	0.331	0.226	0.217	1.000	0.845
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1142	0.098	0.278	0.180	0.049	1.000	0.845
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	1341	0.118	0.367	0.249	0.341	1.000	0.845
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1736	0.176	0.373	0.197	0.210	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	683	0.079	0.427	0.348	0.474	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	654	0.086	0.438	0.351	0.505	1.000	0.845
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	827	0.103	0.384	0.281	0.364	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	483	0.057	0.409	0.352	0.423	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	681	0.082	0.438	0.355	0.507	1.000	0.845
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	714	0.176	0.432	0.255	0.425	1.000	0.845
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	759	0.147	0.364	0.217	0.234	1.000	0.845
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	265	0.084	0.441	0.358	0.512	1.000	0.845
MBP	chr18	7.71e+07	7.71e+07	246	0.199	0.472	0.273	0.423	1.000	0.845
RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	239	0.075	0.457	0.382	0.521	1.000	0.845
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	774	0.116	0.442	0.326	0.523	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	618	0.092	0.446	0.354	0.526	1.000	0.845
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	425	0.085	0.401	0.316	0.409	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1548	0.062	0.368	0.307	0.350	1.000	0.845
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1789	0.175	0.374	0.199	0.222	1.000	0.845
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1076	0.091	0.286	0.195	0.203	1.000	0.845
AF186192.1;AF186192.1	chr8	1.45e+08	1.45e+08	290	0.070	0.430	0.361	0.465	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	709	0.076	0.421	0.345	0.463	1.000	0.845
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1810	0.176	0.376	0.200	0.236	1.000	0.845
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	611	0.127	0.459	0.332	0.514	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	489	0.059	0.418	0.358	0.435	1.000	0.845
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	894	0.155	0.493	0.338	0.579	1.000	0.845
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1669	0.093	0.276	0.184	0.133	1.000	0.845
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	669	0.080	0.431	0.350	0.491	1.000	0.844
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1434	0.154	0.395	0.242	0.357	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	683	0.080	0.431	0.351	0.495	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	685	0.077	0.421	0.344	0.463	1.000	0.844
DUOX1	chr15	4.51e+07	4.51e+07	281	0.185	0.360	0.176	0.180	1.000	0.844
CKK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	1135	0.127	0.325	0.198	0.182	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	656	0.083	0.430	0.347	0.498	1.000	0.844
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	356	0.132	0.387	0.255	0.350	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	649	0.090	0.446	0.356	0.523	1.000	0.844

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	608	0.169	0.370	0.201	0.234	1.000	0.844
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1872	0.186	0.507	0.321	0.614	1.000	0.844
KRBOX1;RP11-136C24.3;RP11-141M3.6;ZNF662	chr3	4.29e+07	4.29e+07	605	0.131	0.501	0.370	0.596	1.000	0.844
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1757	0.176	0.375	0.199	0.236	1.000	0.844
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	612	0.043	0.252	0.209	0.178	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	651	0.087	0.438	0.351	0.512	1.000	0.844
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	218	0.145	0.466	0.321	0.533	1.000	0.844
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	562	0.152	0.401	0.249	0.350	1.000	0.844
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1429	0.056	0.402	0.346	0.451	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	610	0.100	0.459	0.358	0.547	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	630	0.089	0.438	0.349	0.516	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1627	0.062	0.368	0.306	0.360	1.000	0.844
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	495	0.114	0.349	0.235	0.231	1.000	0.844
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1798	0.175	0.378	0.202	0.229	1.000	0.844
KRBOX1;RP11-136C24.3;RP11-141M3.6;ZNF662	chr3	4.29e+07	4.29e+07	426	0.104	0.495	0.391	0.598	1.000	0.844
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	371	0.158	0.382	0.224	0.262	1.000	0.844
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	952	0.105	0.336	0.231	0.248	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	624	0.095	0.450	0.354	0.530	1.000	0.844
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1500	0.143	0.392	0.249	0.343	1.000	0.844
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1819	0.176	0.379	0.203	0.241	1.000	0.844
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	623	0.125	0.415	0.290	0.414	1.000	0.844
APBB1IP	chr10	2.64e+07	2.64e+07	338	0.168	0.429	0.261	0.432	1.000	0.844
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	262	0.039	0.400	0.361	0.435	1.000	0.844
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	289	0.105	0.419	0.314	0.458	1.000	0.844
GABRB1	chr4	4.70e+07	4.70e+07	326	0.105	0.426	0.321	0.439	1.000	0.844
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	632	0.085	0.429	0.343	0.493	1.000	0.844
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1901	0.191	0.510	0.319	0.614	1.000	0.844
CTD-2194D22.4;IRX4	chr5	1.89e+06	1.89e+06	201	0.163	0.381	0.218	0.294	1.000	0.844
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	350	0.137	0.461	0.324	0.495	1.000	0.844
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	668	0.057	0.366	0.309	0.341	1.000	0.844
OTX2-AS1	chr14	5.68e+07	5.68e+07	406	0.126	0.374	0.248	0.280	1.000	0.844
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	743	0.173	0.433	0.260	0.460	1.000	0.844
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1831	0.180	0.500	0.320	0.607	1.000	0.843
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	409	0.096	0.448	0.353	0.514	1.000	0.843
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	478	0.133	0.388	0.255	0.322	1.000	0.843
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	872	0.118	0.402	0.284	0.393	1.000	0.843
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	387	0.157	0.439	0.282	0.400	1.000	0.843
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	676	0.142	0.448	0.306	0.481	1.000	0.843
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	589	0.109	0.396	0.287	0.393	1.000	0.843
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1313	0.063	0.422	0.359	0.477	1.000	0.843

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	499	0.061	0.378	0.317	0.383	1.000	0.843
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	691	0.144	0.312	0.168	0.082	1.000	0.843
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	221	0.070	0.348	0.278	0.285	1.000	0.843
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1266	0.149	0.402	0.253	0.362	1.000	0.843
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	347	0.146	0.387	0.241	0.292	1.000	0.843
KRBOX1;RP11-136C24.3;RP11-141M3.6;ZNF662	chr3	4.29e+07	4.29e+07	207	0.102	0.516	0.414	0.654	1.000	0.843
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	823	0.086	0.321	0.235	0.271	1.000	0.843
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	567	0.136	0.475	0.339	0.521	1.000	0.843
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	376	0.098	0.375	0.277	0.383	1.000	0.843
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	597	0.111	0.408	0.297	0.411	1.000	0.843
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1233	0.175	0.370	0.195	0.206	1.000	0.843
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	629	0.145	0.416	0.270	0.386	1.000	0.843
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	318	0.078	0.354	0.276	0.294	1.000	0.843
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	246	0.139	0.396	0.256	0.346	1.000	0.843
EPHA10	chr1	3.78e+07	3.78e+07	591	0.110	0.334	0.224	0.245	1.000	0.843
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	800	0.092	0.346	0.254	0.325	1.000	0.843
KRBOX1;RP11-136C24.3;RP11-141M3.6;ZNF662	chr3	4.29e+07	4.29e+07	480	0.122	0.499	0.377	0.579	1.000	0.843
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	1044	0.121	0.331	0.210	0.206	1.000	0.843
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	530	0.100	0.452	0.352	0.537	1.000	0.843
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	797	0.153	0.400	0.247	0.353	1.000	0.843
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1886	0.174	0.501	0.327	0.610	1.000	0.843
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	792	0.079	0.424	0.345	0.484	1.000	0.843
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	794	0.077	0.415	0.339	0.456	1.000	0.843
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1582	0.087	0.356	0.269	0.325	1.000	0.843
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	636	0.093	0.442	0.349	0.514	1.000	0.843
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	890	0.147	0.506	0.360	0.603	1.000	0.843
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	479	0.065	0.382	0.317	0.379	1.000	0.843
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	778	0.080	0.423	0.343	0.481	1.000	0.843
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	845	0.074	0.407	0.334	0.442	1.000	0.843
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1286	0.174	0.371	0.197	0.208	1.000	0.843
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	649	0.111	0.409	0.298	0.421	1.000	0.843
KRBOX1;RP11-136C24.3;RP11-141M3.6;ZNF662	chr3	4.29e+07	4.29e+07	301	0.083	0.491	0.408	0.568	1.000	0.843
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	829	0.077	0.414	0.338	0.458	1.000	0.842
ADHFE1	chr8	6.64e+07	6.64e+07	384	0.055	0.444	0.389	0.498	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	850	0.072	0.404	0.332	0.432	1.000	0.842
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	688	0.129	0.473	0.344	0.514	1.000	0.842
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	713	0.197	0.439	0.242	0.390	1.000	0.842
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1419	0.126	0.276	0.151	0.098	1.000	0.842
SSTR1	chr14	3.82e+07	3.82e+07	505	0.146	0.435	0.289	0.493	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	765	0.083	0.422	0.340	0.481	1.000	0.842

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	893	0.069	0.401	0.332	0.421	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	818	0.076	0.415	0.339	0.456	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	869	0.073	0.408	0.335	0.444	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	874	0.071	0.404	0.333	0.435	1.000	0.842
IRF4	chr6	3.91e+05	3.91e+05	253	0.123	0.438	0.315	0.470	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	480	0.110	0.466	0.356	0.570	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	843	0.076	0.416	0.339	0.460	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	848	0.074	0.412	0.338	0.458	1.000	0.842
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	883	0.090	0.326	0.236	0.257	1.000	0.842
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	678	0.055	0.369	0.314	0.353	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	816	0.079	0.413	0.334	0.453	1.000	0.842
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1295	0.174	0.375	0.200	0.227	1.000	0.842
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	832	0.082	0.300	0.218	0.192	1.000	0.842
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	288	0.077	0.354	0.277	0.280	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	867	0.072	0.408	0.336	0.446	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	869	0.070	0.401	0.331	0.418	1.000	0.842
FOXA1	chr14	3.76e+07	3.76e+07	663	0.176	0.528	0.352	0.591	1.000	0.842
RALYL	chr8	8.42e+07	8.42e+07	290	0.121	0.484	0.362	0.544	1.000	0.842
MAP3K14- AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	232	0.041	0.390	0.349	0.411	1.000	0.842
C5orf66;C5orf66- AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	821	0.169	0.349	0.180	0.098	1.000	0.842
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	751	0.183	0.399	0.216	0.311	1.000	0.842
CCK;RP11- 333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	238	0.099	0.363	0.265	0.262	1.000	0.842
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	283	0.161	0.393	0.231	0.308	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	834	0.074	0.410	0.336	0.451	1.000	0.842
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2838	0.182	0.510	0.328	0.610	1.000	0.842
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	791	0.180	0.430	0.250	0.395	1.000	0.842
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	574	0.172	0.482	0.310	0.516	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	544	0.094	0.442	0.348	0.516	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	853	0.072	0.406	0.334	0.442	1.000	0.842
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1045	0.188	0.403	0.215	0.318	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	872	0.070	0.403	0.333	0.432	1.000	0.842
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	565	0.180	0.424	0.245	0.364	1.000	0.842
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	656	0.099	0.399	0.301	0.418	1.000	0.842
QRFPR	chr4	1.21e+08	1.21e+08	226	0.079	0.456	0.377	0.507	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	821	0.076	0.408	0.333	0.446	1.000	0.842
RFX4;RP11- 144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	711	0.096	0.309	0.213	0.210	1.000	0.842
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1587	0.079	0.370	0.291	0.360	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	638	0.089	0.433	0.344	0.500	1.000	0.842
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	874	0.068	0.396	0.328	0.411	1.000	0.842
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2061	0.178	0.503	0.325	0.607	1.000	0.842
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	992	0.190	0.404	0.214	0.320	1.000	0.841
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	623	0.097	0.402	0.304	0.423	1.000	0.841
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	410	0.096	0.381	0.285	0.341	1.000	0.841

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	592	0.196	0.444	0.248	0.393	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	760	0.086	0.429	0.343	0.495	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	494	0.102	0.453	0.351	0.544	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	840	0.073	0.404	0.331	0.439	1.000	0.841
LHX5	chr12	1.13e+08	1.13e+08	320	0.035	0.394	0.359	0.425	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	811	0.082	0.418	0.337	0.477	1.000	0.841
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	246	0.081	0.354	0.273	0.285	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	898	0.067	0.397	0.330	0.416	1.000	0.841
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1103	0.073	0.384	0.311	0.383	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	858	0.070	0.401	0.331	0.428	1.000	0.841
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	693	0.086	0.339	0.253	0.262	1.000	0.841
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2398	0.146	0.294	0.148	0.117	1.000	0.841
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	408	0.128	0.479	0.351	0.624	1.000	0.841
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	816	0.051	0.289	0.239	0.164	1.000	0.841
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1399	0.173	0.394	0.220	0.367	1.000	0.841
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	284	0.184	0.578	0.394	0.736	1.000	0.841
RAI1	chr17	1.77e+07	1.77e+07	2026	0.155	0.410	0.255	0.428	1.000	0.841
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	463	0.094	0.442	0.348	0.491	1.000	0.841
RUNX1T1	chr8	9.21e+07	9.21e+07	455	0.074	0.371	0.298	0.376	1.000	0.841
SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	243	0.162	0.466	0.304	0.523	1.000	0.841
MT1E	chr16	5.66e+07	5.66e+07	322	0.067	0.335	0.268	0.332	1.000	0.841
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1014	0.117	0.338	0.220	0.236	1.000	0.841
KLF16	chr19	1.86e+06	1.86e+06	431	0.142	0.396	0.254	0.299	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	845	0.071	0.399	0.328	0.428	1.000	0.841
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2006	0.184	0.502	0.318	0.605	1.000	0.841
DRD4	chr11	6.37e+05	6.38e+05	854	0.155	0.498	0.343	0.626	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	269	0.107	0.461	0.353	0.561	1.000	0.841
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	785	0.093	0.424	0.331	0.463	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	816	0.079	0.413	0.335	0.463	1.000	0.841
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	835	0.076	0.409	0.333	0.451	1.000	0.841
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	333	0.041	0.385	0.344	0.458	1.000	0.841
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	969	0.193	0.397	0.204	0.292	1.000	0.841
MT1E	chr16	5.66e+07	5.66e+07	317	0.065	0.332	0.268	0.320	1.000	0.841
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	756	0.116	0.403	0.287	0.416	1.000	0.841
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	747	0.079	0.470	0.391	0.561	1.000	0.841
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	337	0.194	0.569	0.375	0.729	1.000	0.841
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	827	0.102	0.400	0.299	0.428	1.000	0.841
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	571	0.126	0.488	0.362	0.565	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	556	0.091	0.434	0.343	0.505	1.000	0.840
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1040	0.117	0.337	0.220	0.255	1.000	0.840
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	838	0.080	0.283	0.203	0.150	1.000	0.840
FOXA1	chr14	3.76e+07	3.76e+07	531	0.173	0.545	0.372	0.619	1.000	0.840
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	882	0.167	0.417	0.250	0.386	1.000	0.840

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr1	1.524e+06	5.24e+06	417	0.071	0.304	0.233	0.285	1.000	0.840
QRFPR	chr4	1.21e+08	1.21e+08	220	0.098	0.492	0.394	0.577	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	840	0.073	0.403	0.330	0.444	1.000	0.840
FOXA1	chr14	3.76e+07	3.76e+07	1132	0.174	0.526	0.352	0.589	1.000	0.840
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	630	0.085	0.392	0.307	0.416	1.000	0.840
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1116	0.103	0.293	0.190	0.100	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	747	0.087	0.424	0.336	0.488	1.000	0.840
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1022	0.191	0.397	0.206	0.306	1.000	0.840
RP5-850E9.3;SCRT2	chr20	6.64e+05	6.64e+05	457	0.112	0.385	0.273	0.395	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	741	0.084	0.419	0.335	0.484	1.000	0.840
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	677	0.173	0.378	0.205	0.273	1.000	0.840
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	206	0.085	0.392	0.307	0.388	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1076	0.064	0.375	0.311	0.371	1.000	0.840
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1054	0.188	0.406	0.218	0.332	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	558	0.086	0.424	0.337	0.484	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	919	0.067	0.394	0.327	0.409	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1066	0.065	0.383	0.318	0.376	1.000	0.840
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2210	0.142	0.285	0.142	0.096	1.000	0.840
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1786	0.191	0.507	0.316	0.596	1.000	0.840
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	760	0.048	0.279	0.231	0.224	1.000	0.840
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	708	0.174	0.422	0.248	0.379	1.000	0.840
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	891	0.071	0.406	0.334	0.449	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	792	0.080	0.408	0.328	0.458	1.000	0.840
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	787	0.050	0.277	0.228	0.217	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	797	0.076	0.403	0.327	0.444	1.000	0.840
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	281	0.103	0.311	0.208	0.220	1.000	0.840
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	841	0.076	0.266	0.190	0.098	1.000	0.840
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	402	0.097	0.336	0.239	0.255	1.000	0.840
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2025	0.085	0.355	0.270	0.343	1.000	0.840
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2032	0.082	0.350	0.268	0.341	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1042	0.066	0.382	0.316	0.376	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	798	0.083	0.413	0.330	0.458	1.000	0.840
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1337	0.097	0.383	0.286	0.393	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	895	0.068	0.394	0.326	0.407	1.000	0.840
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	853	0.073	0.252	0.179	0.056	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1052	0.064	0.374	0.310	0.369	1.000	0.840
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	290	0.107	0.533	0.426	0.685	1.000	0.840
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	804	0.182	0.399	0.218	0.315	1.000	0.840
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2058	0.075	0.339	0.264	0.325	1.000	0.840
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	239	0.102	0.405	0.303	0.423	1.000	0.840
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	667	0.072	0.350	0.278	0.325	1.000	0.840
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	676	0.072	0.369	0.297	0.369	1.000	0.840
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	327	0.115	0.356	0.242	0.252	1.000	0.840

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNV1;RP11-696P8.2	chr8	1.10e+08	1.10e+08	315	0.040	0.426	0.386	0.491	1.000	0.840
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	816	0.073	0.398	0.325	0.439	1.000	0.839
PRDM14	chr8	7.01e+07	7.01e+07	213	0.140	0.480	0.340	0.547	1.000	0.839
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	470	0.105	0.433	0.328	0.500	1.000	0.839
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2045	0.078	0.344	0.266	0.332	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	803	0.079	0.408	0.329	0.453	1.000	0.839
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	227	0.139	0.437	0.298	0.465	1.000	0.839
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1488	0.078	0.373	0.295	0.360	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	893	0.070	0.400	0.330	0.430	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1040	0.068	0.387	0.320	0.386	1.000	0.839
CIDEB;LTB4R;LTB4	chr14	2.43e+07	2.43e+07	582	0.171	0.486	0.314	0.568	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	879	0.070	0.398	0.328	0.425	1.000	0.839
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	295	0.076	0.367	0.291	0.346	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	506	0.098	0.442	0.344	0.530	1.000	0.839
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1023	0.077	0.395	0.318	0.416	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1026	0.067	0.385	0.318	0.379	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1050	0.066	0.378	0.313	0.371	1.000	0.839
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1713	0.175	0.366	0.190	0.199	1.000	0.839
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	996	0.108	0.484	0.376	0.593	1.000	0.839
MAGI2;MAGI2-AS3	chr7	7.95e+07	7.95e+07	208	0.057	0.315	0.258	0.264	1.000	0.839
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	637	0.082	0.470	0.388	0.554	1.000	0.839
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1002	0.155	0.405	0.250	0.371	1.000	0.839
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	503	0.081	0.431	0.350	0.509	1.000	0.839
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1384	0.149	0.389	0.240	0.327	1.000	0.839
CTD-2554C21.2;ZNF573	chr19	3.78e+07	3.78e+07	390	0.088	0.356	0.268	0.304	1.000	0.839
GMDS	chr6	1.62e+06	1.63e+06	347	0.107	0.442	0.335	0.442	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	213	0.080	0.427	0.347	0.505	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1036	0.065	0.376	0.311	0.369	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1133	0.063	0.372	0.309	0.364	1.000	0.839
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	304	0.121	0.457	0.336	0.533	1.000	0.839
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	586	0.156	0.402	0.247	0.350	1.000	0.839
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	405	0.088	0.475	0.387	0.586	1.000	0.839
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1075	0.183	0.390	0.207	0.271	1.000	0.839
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	864	0.171	0.472	0.301	0.537	1.000	0.839
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1734	0.176	0.368	0.192	0.208	1.000	0.839
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2101	0.074	0.333	0.260	0.320	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	821	0.070	0.392	0.322	0.428	1.000	0.839
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1134	0.171	0.365	0.194	0.201	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	508	0.092	0.431	0.338	0.509	1.000	0.839
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	445	0.084	0.329	0.245	0.276	1.000	0.839
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	807	0.087	0.405	0.318	0.423	1.000	0.839
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1322	0.061	0.416	0.355	0.474	1.000	0.839
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1322	0.061	0.416	0.355	0.474	1.000	0.839

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	315	0.155	0.452	0.297	0.453	1.000	0.839
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	802	0.104	0.471	0.366	0.558	1.000	0.839
HPSE2	chr10	9.92e+07	9.92e+07	281	0.195	0.497	0.302	0.563	1.000	0.839
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1022	0.184	0.389	0.205	0.271	1.000	0.839
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1081	0.171	0.363	0.192	0.194	1.000	0.839
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	1597	0.110	0.335	0.225	0.243	1.000	0.839
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1017	0.081	0.397	0.316	0.411	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	866	0.071	0.396	0.325	0.418	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1013	0.069	0.383	0.314	0.379	1.000	0.839
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	728	0.184	0.386	0.202	0.264	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1023	0.066	0.373	0.307	0.362	1.000	0.839
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	1370	0.134	0.335	0.201	0.201	1.000	0.839
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1109	0.063	0.370	0.307	0.360	1.000	0.838
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1084	0.183	0.393	0.210	0.285	1.000	0.838
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	693	0.123	0.489	0.366	0.593	1.000	0.838
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	970	0.096	0.333	0.237	0.236	1.000	0.838
CNTN4	chr3	2.10e+06	2.10e+06	444	0.117	0.494	0.377	0.661	1.000	0.838
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2226	0.188	0.508	0.320	0.614	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	822	0.077	0.403	0.327	0.446	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1008	0.070	0.386	0.315	0.402	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1107	0.065	0.375	0.310	0.362	1.000	0.838
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	330	0.092	0.496	0.404	0.633	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1018	0.068	0.375	0.307	0.364	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1137	0.062	0.366	0.304	0.355	1.000	0.838
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1143	0.171	0.369	0.198	0.215	1.000	0.838
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1031	0.190	0.400	0.210	0.311	1.000	0.838
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	358	0.050	0.329	0.279	0.315	1.000	0.838
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1046	0.177	0.374	0.197	0.224	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	827	0.074	0.398	0.324	0.430	1.000	0.838
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	864	0.132	0.379	0.247	0.313	1.000	0.838
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	786	0.158	0.414	0.255	0.381	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	861	0.073	0.399	0.326	0.437	1.000	0.838
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1099	0.176	0.376	0.200	0.227	1.000	0.838
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	734	0.042	0.273	0.230	0.220	1.000	0.838
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	761	0.045	0.271	0.227	0.213	1.000	0.838
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	756	0.175	0.413	0.238	0.379	1.000	0.838
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1508	0.080	0.366	0.286	0.357	1.000	0.838
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	610	0.193	0.557	0.364	0.715	1.000	0.838
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	302	0.140	0.477	0.337	0.607	1.000	0.838
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	629	0.119	0.459	0.340	0.582	1.000	0.838

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	444	0.103	0.437	0.334	0.479	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1113	0.062	0.365	0.302	0.355	1.000	0.838
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	307	0.103	0.447	0.344	0.505	1.000	0.838
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1789	0.107	0.308	0.201	0.196	1.000	0.838
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	958	0.100	0.369	0.269	0.332	1.000	0.838
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	365	0.049	0.318	0.269	0.290	1.000	0.838
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	442	0.115	0.382	0.267	0.348	1.000	0.838
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	648	0.093	0.394	0.300	0.416	1.000	0.838
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1187	0.166	0.464	0.298	0.514	1.000	0.838
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	1298	0.092	0.251	0.159	0.063	1.000	0.838
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1093	0.064	0.372	0.308	0.360	1.000	0.837
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	753	0.192	0.394	0.202	0.290	1.000	0.837
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1108	0.176	0.380	0.203	0.236	1.000	0.837
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	265	0.105	0.307	0.201	0.229	1.000	0.837
RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	200	0.124	0.422	0.298	0.439	1.000	0.837
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1216	0.062	0.366	0.304	0.357	1.000	0.837
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1483	0.067	0.362	0.295	0.357	1.000	0.837
QRFR	chr4	1.21e+08	1.21e+08	259	0.073	0.464	0.391	0.521	1.000	0.837
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1111	0.064	0.369	0.305	0.357	1.000	0.837
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	547	0.045	0.281	0.237	0.241	1.000	0.837
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1210	0.175	0.362	0.187	0.196	1.000	0.837
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	532	0.149	0.513	0.363	0.607	1.000	0.837
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1094	0.158	0.414	0.256	0.390	1.000	0.837
RP11-1102P16.1	chr8	7.16e+07	7.16e+07	521	0.119	0.479	0.360	0.528	1.000	0.837
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1311	0.085	0.374	0.289	0.390	1.000	0.837
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	754	0.192	0.551	0.358	0.710	1.000	0.837
URAD	chr13	2.80e+07	2.80e+07	223	0.110	0.341	0.231	0.243	1.000	0.837
AF186192.1;AF1861	chr8	1.45e+08	1.45e+08	382	0.070	0.430	0.360	0.451	1.000	0.837
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1433	0.150	0.346	0.196	0.138	1.000	0.837
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	827	0.101	0.479	0.379	0.589	1.000	0.837
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1080	0.066	0.370	0.304	0.357	1.000	0.837
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	623	0.055	0.361	0.306	0.346	1.000	0.837
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	797	0.105	0.355	0.251	0.304	1.000	0.837
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	453	0.118	0.412	0.294	0.402	1.000	0.837
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	911	0.193	0.390	0.198	0.266	1.000	0.837
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	484	0.043	0.373	0.330	0.376	1.000	0.837
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	667	0.085	0.414	0.329	0.472	1.000	0.837
GRM6	chr5	1.79e+08	1.79e+08	398	0.135	0.424	0.290	0.430	1.000	0.837
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1152	0.109	0.320	0.211	0.215	1.000	0.837

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-626H12.1	chr11	7.00e+07	7.00e+07	423	0.135	0.370	0.235	0.290	1.000	0.837
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	1385	0.080	0.438	0.358	0.519	1.000	0.837
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	310	0.084	0.329	0.245	0.245	1.000	0.837
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	772	0.079	0.480	0.401	0.591	1.000	0.837
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	276	0.109	0.316	0.207	0.222	1.000	0.837
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	372	0.046	0.306	0.259	0.276	1.000	0.837
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1241	0.154	0.452	0.297	0.481	1.000	0.837
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	2401	0.191	0.510	0.318	0.614	1.000	0.837
PYY	chr17	4.40e+07	4.40e+07	556	0.195	0.488	0.293	0.591	1.000	0.837
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	441	0.101	0.465	0.365	0.551	1.000	0.837
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	571	0.112	0.329	0.217	0.222	1.000	0.837
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4;RP1-170O19.22	chr7	2.71e+07	2.71e+07	314	0.169	0.469	0.301	0.523	0.978	0.837
UTF1	chr10	1.33e+08	1.33e+08	750	0.152	0.421	0.269	0.449	1.000	0.837
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	509	0.109	0.380	0.272	0.379	1.000	0.837
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	233	0.074	0.309	0.235	0.271	1.000	0.837
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1075	0.067	0.371	0.304	0.364	1.000	0.837
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1190	0.064	0.369	0.305	0.357	1.000	0.837
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	686	0.103	0.348	0.245	0.278	1.000	0.837
AJAP1	chr1	4.66e+06	4.66e+06	216	0.077	0.329	0.252	0.299	1.000	0.837
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	577	0.110	0.395	0.286	0.383	1.000	0.837
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1186	0.074	0.375	0.301	0.369	1.000	0.837
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	607	0.044	0.268	0.224	0.213	1.000	0.836
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	692	0.113	0.472	0.358	0.561	1.000	0.836
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	335	0.088	0.434	0.346	0.470	1.000	0.836
RP11-158H5.8;ZSCAN30	chr18	3.53e+07	3.53e+07	224	0.134	0.469	0.335	0.500	1.000	0.836
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2140	0.073	0.328	0.255	0.315	1.000	0.836
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	328	0.065	0.366	0.301	0.341	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	718	0.080	0.402	0.322	0.446	1.000	0.836
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	497	0.060	0.354	0.294	0.315	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1192	0.063	0.365	0.302	0.355	1.000	0.836
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	228	0.115	0.322	0.207	0.215	1.000	0.836
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	332	0.042	0.325	0.283	0.320	1.000	0.836
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	387	0.045	0.293	0.248	0.266	1.000	0.836
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4;RP1-170O19.22	chr7	2.71e+07	2.71e+07	598	0.187	0.473	0.287	0.526	0.978	0.836
LINC00982	chr1	3.06e+06	3.06e+06	200	0.159	0.432	0.273	0.435	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1097	0.064	0.366	0.303	0.353	1.000	0.836
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	345	0.140	0.514	0.374	0.652	1.000	0.836

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	989	0.068	0.374	0.307	0.374	1.000	0.836
PRKAR1B	chr7	7.12e+05	7.13e+05	320	0.076	0.429	0.353	0.528	1.000	0.836
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	937	0.092	0.363	0.270	0.318	1.000	0.836
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	806	0.189	0.395	0.205	0.297	1.000	0.836
DRD4	chr11	6.37e+05	6.38e+05	851	0.162	0.513	0.352	0.650	1.000	0.836
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1234	0.070	0.369	0.299	0.369	1.000	0.836
CBLN4	chr20	5.60e+07	5.60e+07	272	0.140	0.476	0.336	0.551	1.000	0.836
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	322	0.102	0.502	0.400	0.638	1.000	0.836
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	969	0.191	0.396	0.205	0.285	1.000	0.836
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4	chr7	2.71e+07	2.71e+07	312	0.160	0.463	0.303	0.505	0.978	0.836
170O19.22										
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1268	0.088	0.427	0.339	0.449	1.000	0.836
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	685	0.057	0.372	0.315	0.367	1.000	0.836
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	769	0.199	0.397	0.198	0.294	1.000	0.836
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	877	0.146	0.401	0.255	0.379	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	995	0.071	0.380	0.309	0.381	1.000	0.836
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	319	0.131	0.478	0.347	0.614	1.000	0.836
APBB1IP	chr10	2.64e+07	2.64e+07	353	0.156	0.415	0.259	0.402	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	842	0.070	0.389	0.319	0.425	1.000	0.836
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1349	0.083	0.402	0.318	0.418	1.000	0.836
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	936	0.185	0.542	0.356	0.696	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	723	0.076	0.397	0.321	0.439	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1005	0.068	0.369	0.301	0.360	1.000	0.836
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1267	0.118	0.325	0.207	0.220	1.000	0.836
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	964	0.191	0.391	0.200	0.285	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	848	0.073	0.394	0.321	0.428	1.000	0.836
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1093	0.107	0.466	0.359	0.551	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1084	0.065	0.363	0.299	0.341	1.000	0.836
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	702	0.137	0.383	0.246	0.343	1.000	0.836
GMDS	chr6	1.63e+06	1.63e+06	220	0.122	0.434	0.312	0.418	1.000	0.836
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	634	0.046	0.267	0.221	0.215	1.000	0.836
ADCY8	chr8	1.31e+08	1.31e+08	733	0.056	0.426	0.370	0.488	1.000	0.836
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1779	0.079	0.355	0.277	0.346	1.000	0.836
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	776	0.115	0.435	0.320	0.512	1.000	0.836
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	308	0.071	0.368	0.297	0.346	1.000	0.836
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1782	0.192	0.515	0.324	0.607	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	742	0.073	0.393	0.319	0.432	1.000	0.836
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	683	0.045	0.264	0.219	0.210	1.000	0.836
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	999	0.065	0.364	0.299	0.353	1.000	0.835
FOXA1	chr14	3.76e+07	3.76e+07	602	0.190	0.517	0.327	0.575	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	617	0.090	0.419	0.329	0.491	1.000	0.835

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	703	0.107	0.419	0.312	0.463	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1176	0.064	0.366	0.302	0.350	1.000	0.835
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	339	0.041	0.313	0.272	0.292	1.000	0.835
RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	426	0.099	0.421	0.322	0.444	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1079	0.066	0.365	0.299	0.350	1.000	0.835
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1703	0.173	0.358	0.185	0.185	1.000	0.835
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	521	0.038	0.274	0.236	0.234	1.000	0.835
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	1080	0.186	0.539	0.353	0.692	1.000	0.835
RP11-357H14.17	chr17	4.86e+07	4.86e+07	269	0.162	0.459	0.297	0.493	1.000	0.835
CPXM2	chr10	1.24e+08	1.24e+08	286	0.083	0.382	0.299	0.376	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	375	0.111	0.457	0.346	0.554	1.000	0.835
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	635	0.092	0.401	0.309	0.414	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	747	0.070	0.387	0.317	0.421	1.000	0.835
NFATC2	chr20	5.15e+07	5.15e+07	277	0.173	0.365	0.192	0.290	1.000	0.835
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	768	0.057	0.373	0.316	0.371	1.000	0.835
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1724	0.174	0.362	0.188	0.192	1.000	0.835
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4;RP1-170O19.22	chr7	2.71e+07	2.71e+07	242	0.152	0.448	0.296	0.479	1.000	0.835
RP11-154H12.3	chr18	7.98e+07	7.98e+07	636	0.030	0.273	0.243	0.159	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	668	0.084	0.406	0.322	0.458	1.000	0.835
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	374	0.077	0.407	0.330	0.402	1.000	0.835
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	535	0.092	0.379	0.287	0.397	1.000	0.835
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	431	0.079	0.330	0.251	0.287	1.000	0.835
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	822	0.196	0.397	0.201	0.299	1.000	0.835
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	424	0.100	0.438	0.338	0.484	1.000	0.835
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	361	0.038	0.287	0.248	0.264	1.000	0.835
PRKAR1B	chr7	7.12e+05	7.13e+05	317	0.081	0.429	0.348	0.523	1.000	0.835
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	312	0.088	0.396	0.309	0.423	1.000	0.835
PRKCB	chr16	2.38e+07	2.38e+07	329	0.112	0.414	0.302	0.456	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	673	0.080	0.400	0.320	0.449	1.000	0.835
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1163	0.065	0.363	0.298	0.348	1.000	0.835
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	346	0.039	0.300	0.261	0.278	1.000	0.835
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	493	0.118	0.286	0.168	0.077	1.000	0.835
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	870	0.085	0.350	0.265	0.273	1.000	0.835
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1313	0.120	0.418	0.297	0.444	1.000	0.835
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.38e+05	7.39e+05	1261	0.099	0.267	0.168	0.070	1.000	0.835

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	738	0.178	0.467	0.289	0.530	1.000	0.835
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	768	0.146	0.343	0.197	0.145	1.000	0.835
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	250	0.140	0.445	0.305	0.533	1.000	0.835
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1118	0.104	0.474	0.370	0.568	1.000	0.835
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	946	0.195	0.388	0.194	0.255	1.000	0.835
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	656	0.042	0.264	0.222	0.199	1.000	0.835
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	853	0.108	0.327	0.220	0.250	1.000	0.834
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1409	0.086	0.386	0.300	0.386	1.000	0.834
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	449	0.082	0.303	0.221	0.222	1.000	0.834
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4;RP1-17O19.22	chr7	2.71e+07	2.71e+07	240	0.138	0.436	0.298	0.453	1.000	0.834
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4;RP1-17O19.22	chr7	2.71e+07	2.71e+07	596	0.182	0.469	0.287	0.507	0.978	0.834
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	507	0.058	0.358	0.300	0.332	1.000	0.834
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	813	0.181	0.403	0.222	0.334	1.000	0.834
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	322	0.089	0.383	0.294	0.367	1.000	0.834
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	733	0.140	0.375	0.235	0.306	1.000	0.834
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	1264	0.181	0.521	0.340	0.664	1.000	0.834
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1033	0.108	0.339	0.231	0.259	1.000	0.834
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	446	0.121	0.331	0.210	0.255	1.000	0.834
SATB2;SATB2-AS1	chr2	1.99e+08	1.99e+08	1140	0.096	0.212	0.117	0.019	1.000	0.834
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	282	0.096	0.448	0.352	0.526	1.000	0.834
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1062	0.067	0.366	0.298	0.350	1.000	0.834
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	999	0.184	0.381	0.197	0.245	1.000	0.834
AGTR1;RPL38P1	chr3	1.49e+08	1.49e+08	305	0.084	0.286	0.201	0.182	1.000	0.834
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1158	0.066	0.365	0.299	0.360	1.000	0.834
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	205	0.044	0.334	0.290	0.332	1.000	0.834
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	998	0.090	0.464	0.375	0.554	1.000	0.834
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	712	0.153	0.332	0.180	0.117	1.000	0.834
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	933	0.080	0.291	0.211	0.180	1.000	0.834
EPHA5;EPHA5-AS1	chr4	6.57e+07	6.57e+07	373	0.092	0.426	0.334	0.514	1.000	0.834
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	389	0.101	0.443	0.341	0.528	1.000	0.834
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1573	0.176	0.499	0.323	0.589	1.000	0.834
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	891	0.096	0.360	0.264	0.285	1.000	0.834
RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	401	0.108	0.412	0.304	0.416	1.000	0.834
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	692	0.076	0.395	0.319	0.439	1.000	0.834
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2268	0.073	0.326	0.254	0.315	1.000	0.834
MBP	chr18	7.71e+07	7.71e+07	323	0.194	0.472	0.278	0.423	0.978	0.834

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	973	0.190	0.395	0.205	0.297	1.000	0.834
RP4-712E4.1;RP4-712E4.2	chr1	1.19e+08	1.19e+08	280	0.162	0.490	0.327	0.474	1.000	0.834
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1056	0.064	0.360	0.296	0.341	1.000	0.834
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	1037	0.103	0.360	0.257	0.313	1.000	0.834
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	286	0.075	0.413	0.337	0.472	1.000	0.834
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1058	0.171	0.354	0.184	0.171	1.000	0.834
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	883	0.069	0.323	0.254	0.250	1.000	0.834
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	317	0.113	0.498	0.385	0.631	1.000	0.834
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	832	0.096	0.403	0.307	0.456	1.000	0.834
AF186192.1;AF186192.2	chr8	1.45e+08	1.45e+08	231	0.074	0.409	0.335	0.421	1.000	0.834
DRD4	chr11	6.37e+05	6.37e+05	319	0.110	0.504	0.394	0.643	1.000	0.834
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	1120	0.179	0.521	0.341	0.657	1.000	0.834
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	983	0.115	0.466	0.351	0.547	1.000	0.834
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	423	0.093	0.514	0.420	0.621	1.000	0.834
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	697	0.073	0.389	0.316	0.428	1.000	0.834
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	394	0.039	0.269	0.231	0.220	1.000	0.834
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	600	0.043	0.252	0.209	0.201	1.000	0.834
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	542	0.078	0.372	0.294	0.395	1.000	0.834
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	745	0.103	0.419	0.316	0.477	1.000	0.834
LINC01551	chr14	2.88e+07	2.88e+07	210	0.177	0.445	0.269	0.430	1.000	0.834
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1066	0.066	0.359	0.293	0.339	1.000	0.834
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	1612	0.179	0.501	0.322	0.626	1.000	0.834
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1159	0.106	0.309	0.202	0.213	1.000	0.834
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	680	0.104	0.356	0.252	0.311	1.000	0.834
LINC01551	chr14	2.88e+07	2.88e+07	270	0.182	0.438	0.255	0.409	1.000	0.834
HKR1	chr19	3.73e+07	3.73e+07	274	0.101	0.329	0.228	0.290	1.000	0.833
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	1315	0.110	0.326	0.216	0.227	1.000	0.833
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	352	0.051	0.333	0.282	0.327	1.000	0.833
MXN1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	418	0.152	0.483	0.332	0.577	1.000	0.833
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	348	0.053	0.337	0.284	0.315	1.000	0.833
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	929	0.103	0.397	0.294	0.407	1.000	0.833
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	651	0.151	0.403	0.252	0.374	1.000	0.833
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	443	0.038	0.266	0.228	0.208	1.000	0.833
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1089	0.138	0.399	0.261	0.388	1.000	0.833
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	636	0.136	0.496	0.360	0.612	1.000	0.833
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1174	0.107	0.450	0.343	0.512	1.000	0.833
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1120	0.154	0.391	0.237	0.343	1.000	0.833
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	780	0.123	0.378	0.255	0.355	1.000	0.833

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4	chr7	2.71e+07	2.71e+07	456	0.182	0.472	0.289	0.509	0.978	0.833
170O19.22										
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	523	0.105	0.478	0.373	0.570	1.000	0.833
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1060	0.063	0.353	0.290	0.332	1.000	0.833
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1423	0.161	0.502	0.342	0.596	1.000	0.833
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	344	0.058	0.342	0.284	0.313	1.000	0.833
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	637	0.096	0.419	0.323	0.460	1.000	0.833
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	677	0.096	0.401	0.305	0.418	1.000	0.833
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	783	0.094	0.334	0.240	0.238	1.000	0.833
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	711	0.136	0.381	0.245	0.318	1.000	0.833
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	768	0.070	0.384	0.313	0.416	1.000	0.833
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1200	0.172	0.354	0.182	0.171	1.000	0.833
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1023	0.177	0.366	0.189	0.206	1.000	0.833
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	804	0.105	0.431	0.326	0.470	1.000	0.833
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	718	0.179	0.372	0.193	0.224	1.000	0.833
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	234	0.039	0.284	0.245	0.255	1.000	0.833
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1694	0.104	0.397	0.293	0.383	1.000	0.833
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1470	0.078	0.403	0.326	0.418	1.000	0.833
KCNV1;RP11-696P8.2	chr8	1.10e+08	1.10e+08	604	0.075	0.382	0.307	0.393	1.000	0.833
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	540	0.119	0.453	0.335	0.568	1.000	0.833
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	388	0.162	0.365	0.203	0.248	1.000	0.833
KCNV1;RP11-696P8.2	chr8	1.10e+08	1.10e+08	500	0.060	0.397	0.337	0.430	1.000	0.833
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1199	0.104	0.459	0.355	0.540	1.000	0.832
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	254	0.041	0.318	0.277	0.306	1.000	0.832
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	698	0.107	0.403	0.296	0.402	1.000	0.832
CACNG8	chr19	5.40e+07	5.40e+07	284	0.142	0.445	0.303	0.484	1.000	0.832
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	915	0.067	0.368	0.301	0.364	1.000	0.832
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	235	0.121	0.446	0.325	0.502	1.000	0.832
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	328	0.121	0.327	0.206	0.238	1.000	0.832
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	471	0.195	0.544	0.349	0.696	1.000	0.832
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	925	0.065	0.357	0.293	0.339	1.000	0.832
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	387	0.038	0.252	0.214	0.208	1.000	0.832
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1386	0.139	0.311	0.172	0.079	1.000	0.832
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	959	0.189	0.388	0.199	0.259	1.000	0.832
RP4-765H13.1	chr12	1.26e+08	1.26e+08	382	0.132	0.462	0.330	0.556	1.000	0.832
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1389	0.081	0.425	0.344	0.446	1.000	0.832

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1405	0.064	0.284	0.220	0.213	1.000	0.832
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1893	0.140	0.274	0.134	0.089	1.000	0.832
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	882	0.094	0.471	0.377	0.551	1.000	0.832
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	789	0.152	0.352	0.201	0.187	1.000	0.832
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	212	0.042	0.316	0.275	0.301	1.000	0.832
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	556	0.152	0.376	0.224	0.313	1.000	0.832
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	582	0.098	0.417	0.319	0.444	1.000	0.832
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	831	0.195	0.401	0.206	0.318	1.000	0.832
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	219	0.040	0.300	0.260	0.278	1.000	0.832
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	1468	0.178	0.497	0.320	0.610	1.000	0.832
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	209	0.089	0.388	0.299	0.397	1.000	0.832
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	826	0.143	0.340	0.196	0.157	1.000	0.832
CACNG8	chr19	5.40e+07	5.40e+07	262	0.116	0.433	0.317	0.488	1.000	0.832
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1069	0.165	0.498	0.333	0.589	1.000	0.832
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	383	0.106	0.539	0.432	0.654	1.000	0.832
ROBO2	chr3	7.59e+07	7.59e+07	276	0.117	0.426	0.310	0.428	1.000	0.832
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1260	0.110	0.325	0.215	0.224	1.000	0.832
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1624	0.104	0.297	0.194	0.196	1.000	0.832
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1145	0.066	0.359	0.293	0.343	1.000	0.832
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	838	0.101	0.300	0.199	0.194	1.000	0.832
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	642	0.090	0.382	0.292	0.379	1.000	0.832
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	815	0.188	0.399	0.210	0.311	1.000	0.831
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	835	0.083	0.334	0.252	0.243	1.000	0.831
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	902	0.091	0.352	0.261	0.290	1.000	0.831
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	875	0.067	0.358	0.291	0.341	1.000	0.831
CTD-2554C21.2;ZNF573	chr19	3.78e+07	3.78e+07	402	0.090	0.360	0.270	0.315	1.000	0.831
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1139	0.063	0.354	0.290	0.334	1.000	0.831
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	389	0.061	0.312	0.252	0.271	1.000	0.831
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	283	0.038	0.278	0.240	0.250	1.000	0.831
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1269	0.069	0.274	0.205	0.164	1.000	0.831
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	3184	0.073	0.316	0.242	0.287	1.000	0.831
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	261	0.040	0.305	0.265	0.287	1.000	0.831
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	205	0.041	0.298	0.258	0.304	1.000	0.831
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	477	0.033	0.308	0.276	0.299	1.000	0.831
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	523	0.121	0.444	0.323	0.547	1.000	0.831
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	718	0.073	0.385	0.313	0.428	1.000	0.831

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	797	0.185	0.528	0.343	0.671	1.000	0.831
DIDO1;RP4-563E14.1	chr20	6.29e+07	6.29e+07	324	0.146	0.510	0.364	0.549	1.000	0.831
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	865	0.070	0.369	0.299	0.369	1.000	0.831
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	347	0.138	0.495	0.357	0.600	1.000	0.831
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	304	0.090	0.480	0.389	0.619	1.000	0.831
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	277	0.052	0.352	0.300	0.325	1.000	0.831
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	227	0.038	0.266	0.228	0.245	1.000	0.831
ZFHX4;ZFHX4-AS1	chr8	7.67e+07	7.67e+07	340	0.046	0.360	0.314	0.348	1.000	0.831
HPSE2	chr10	9.92e+07	9.92e+07	435	0.189	0.491	0.302	0.549	1.000	0.831
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	401	0.097	0.432	0.335	0.519	1.000	0.831
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	268	0.038	0.292	0.254	0.273	1.000	0.831
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	241	0.104	0.438	0.334	0.491	1.000	0.831
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	654	0.132	0.432	0.300	0.463	1.000	0.831
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	624	0.071	0.326	0.255	0.299	1.000	0.831
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2426	0.074	0.324	0.249	0.311	1.000	0.831
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1371	0.137	0.376	0.239	0.313	1.000	0.831
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1148	0.087	0.384	0.297	0.386	1.000	0.831
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1212	0.095	0.374	0.279	0.390	1.000	0.831
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	982	0.064	0.354	0.290	0.336	1.000	0.831
FOXA1	chr14	3.76e+07	3.76e+07	470	0.175	0.507	0.332	0.561	1.000	0.831
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	365	0.173	0.410	0.237	0.367	1.000	0.831
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1064	0.113	0.447	0.334	0.495	1.000	0.831
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	331	0.140	0.343	0.204	0.252	1.000	0.831
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	212	0.039	0.282	0.244	0.271	1.000	0.831
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	769	0.078	0.386	0.308	0.409	1.000	0.831
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1965	0.062	0.284	0.222	0.217	1.000	0.830
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	284	0.107	0.388	0.280	0.383	1.000	0.830
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	847	0.148	0.348	0.200	0.180	1.000	0.830
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2734	0.074	0.316	0.242	0.283	1.000	0.830
SYT15	chr10	4.66e+07	4.66e+07	598	0.142	0.390	0.248	0.334	1.000	0.830
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	730	0.193	0.382	0.189	0.245	1.000	0.830
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	995	0.102	0.327	0.225	0.236	1.000	0.830
ASPG	chr14	1.04e+08	1.04e+08	326	0.139	0.409	0.270	0.383	1.000	0.830
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	891	0.089	0.327	0.238	0.264	1.000	0.830
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	1250	0.186	0.464	0.278	0.507	1.000	0.830
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	750	0.097	0.391	0.295	0.409	1.000	0.830
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	403	0.090	0.420	0.330	0.493	1.000	0.830
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	936	0.192	0.379	0.187	0.234	1.000	0.830
APBB1IP	chr10	2.64e+07	2.64e+07	404	0.144	0.399	0.255	0.369	1.000	0.830

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	221	0.056	0.354	0.299	0.322	1.000	0.830
GRIK3	chr1	3.70e+07	3.70e+07	341	0.104	0.399	0.296	0.416	1.000	0.830
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	439	0.092	0.425	0.333	0.491	1.000	0.830
MT1E	chr16	5.66e+07	5.66e+07	324	0.064	0.329	0.265	0.315	1.000	0.830
KLF16	chr19	1.86e+06	1.86e+06	439	0.122	0.335	0.213	0.264	1.000	0.830
NPY	chr7	2.43e+07	2.43e+07	234	0.113	0.419	0.306	0.444	1.000	0.830
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	888	0.194	0.380	0.186	0.234	1.000	0.830
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1234	0.092	0.297	0.205	0.173	1.000	0.830
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	265	0.139	0.328	0.189	0.110	1.000	0.830
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	936	0.124	0.372	0.248	0.355	1.000	0.830
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	467	0.094	0.378	0.284	0.364	1.000	0.830
HOXA-AS2;HOXA-AS3;HOXA3;HOXA4;RP1-170O19.22	chr7	2.71e+07	2.71e+07	438	0.192	0.491	0.299	0.549	0.978	0.830
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	871	0.114	0.368	0.255	0.357	1.000	0.829
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	276	0.059	0.400	0.341	0.451	1.000	0.829
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	221	0.086	0.393	0.307	0.383	1.000	0.829
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	203	0.043	0.354	0.311	0.348	1.000	0.829
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	450	0.108	0.473	0.365	0.554	1.000	0.829
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	968	0.158	0.349	0.192	0.178	1.000	0.829
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	326	0.041	0.329	0.288	0.322	1.000	0.829
HPSE2	chr10	9.92e+07	9.92e+07	508	0.177	0.473	0.296	0.519	1.000	0.829
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	717	0.129	0.468	0.339	0.563	1.000	0.829
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	932	0.066	0.354	0.288	0.339	1.000	0.829
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2465	0.075	0.319	0.244	0.287	1.000	0.829
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	322	0.042	0.333	0.291	0.320	1.000	0.829
EPHA10	chr1	3.78e+07	3.78e+07	584	0.098	0.308	0.210	0.213	1.000	0.829
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	734	0.131	0.374	0.243	0.327	1.000	0.829
AMH;JSRP1;MIR43'	chr19	2.25e+06	2.25e+06	777	0.118	0.461	0.343	0.556	1.000	0.829
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	439	0.043	0.387	0.343	0.404	1.000	0.829
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	318	0.046	0.338	0.292	0.318	1.000	0.829
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1223	0.079	0.354	0.275	0.364	1.000	0.829
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	986	0.063	0.347	0.285	0.318	1.000	0.829
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	252	0.056	0.355	0.299	0.327	1.000	0.829
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	287	0.051	0.357	0.306	0.329	1.000	0.829
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1106	0.094	0.286	0.191	0.206	1.000	0.829
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	338	0.067	0.370	0.303	0.376	1.000	0.829
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	292	0.039	0.356	0.318	0.353	1.000	0.829

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTC-523E23.14;CTC-523E23.15;CTC-523E23.6	chr19	3.49e+07	3.49e+07	262	0.098	0.432	0.334	0.467	1.000	0.829
DRD4	chr11	6.37e+05	6.38e+05	848	0.166	0.523	0.357	0.659	1.000	0.829
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1120	0.080	0.368	0.288	0.362	1.000	0.829
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	944	0.078	0.287	0.209	0.185	1.000	0.829
GALR1	chr18	7.73e+07	7.73e+07	444	0.130	0.449	0.319	0.502	1.000	0.829
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2915	0.074	0.317	0.244	0.285	1.000	0.829
KCNV1;RP11-696P8.2	chr8	1.10e+08	1.10e+08	612	0.076	0.369	0.293	0.348	1.000	0.829
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	475	0.106	0.305	0.198	0.147	1.000	0.828
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	630	0.081	0.385	0.303	0.402	1.000	0.828
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	505	0.065	0.313	0.248	0.273	1.000	0.828
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	496	0.092	0.339	0.247	0.252	1.000	0.828
EMX2OS	chr10	1.18e+08	1.18e+08	498	0.095	0.234	0.139	0.072	1.000	0.828
RP4-765H13.1	chr12	1.26e+08	1.26e+08	473	0.145	0.469	0.324	0.570	1.000	0.828
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2443	0.076	0.324	0.247	0.304	1.000	0.828
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	745	0.137	0.320	0.183	0.103	1.000	0.828
TMEM132C	chr12	1.28e+08	1.28e+08	459	0.037	0.323	0.286	0.315	1.000	0.828
RP4-765H13.1	chr12	1.26e+08	1.26e+08	330	0.121	0.456	0.335	0.558	1.000	0.828
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2523	0.075	0.318	0.244	0.287	1.000	0.828
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	356	0.059	0.369	0.311	0.397	1.000	0.828
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1238	0.105	0.470	0.365	0.549	1.000	0.828
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1301	0.134	0.373	0.239	0.297	1.000	0.828
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	323	0.128	0.332	0.205	0.243	1.000	0.828
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	758	0.100	0.409	0.310	0.435	1.000	0.828
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	3055	0.075	0.315	0.240	0.285	1.000	0.828
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	989	0.182	0.373	0.191	0.227	1.000	0.828
MMP9	chr20	4.60e+07	4.60e+07	451	0.165	0.402	0.237	0.379	1.000	0.828
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	937	0.116	0.463	0.347	0.570	1.000	0.828
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1149	0.069	0.291	0.222	0.189	1.000	0.828
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	955	0.093	0.317	0.224	0.266	1.000	0.828
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	981	0.066	0.373	0.307	0.381	1.000	0.828
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	627	0.046	0.252	0.206	0.208	1.000	0.828
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	642	0.096	0.397	0.301	0.400	1.000	0.828
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1168	0.114	0.472	0.358	0.558	1.000	0.828
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	771	0.133	0.461	0.328	0.563	1.000	0.828
RP4-765H13.1	chr12	1.26e+08	1.26e+08	291	0.137	0.419	0.282	0.460	1.000	0.828
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	2224	0.059	0.271	0.212	0.196	1.000	0.828
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	788	0.097	0.325	0.228	0.269	1.000	0.828
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	715	0.135	0.287	0.152	0.072	1.000	0.828
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	790	0.087	0.302	0.216	0.215	1.000	0.828

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1569	0.174	0.507	0.333	0.596	1.000	0.828
EPHA5;EPHA5-AS1	chr4	6.57e+07	6.57e+07	210	0.096	0.414	0.318	0.488	1.000	0.828
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	514	0.059	0.363	0.303	0.339	1.000	0.828
CTC-	chr5	1.46e+08	1.46e+08	297	0.107	0.342	0.235	0.248	1.000	0.828
359M8.1;POU4F3;RI449H3.3										
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	736	0.087	0.328	0.241	0.245	1.000	0.828
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	395	0.107	0.356	0.249	0.257	1.000	0.828
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	475	0.082	0.283	0.201	0.189	1.000	0.828
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	1222	0.106	0.313	0.207	0.185	1.000	0.828
RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	349	0.111	0.460	0.349	0.502	1.000	0.828
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1311	0.093	0.346	0.254	0.292	1.000	0.828
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1466	0.087	0.319	0.233	0.206	1.000	0.828
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	947	0.103	0.474	0.370	0.556	1.000	0.828
MMP9	chr20	4.60e+07	4.60e+07	303	0.180	0.353	0.173	0.171	1.000	0.828
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	275	0.135	0.339	0.204	0.250	1.000	0.827
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	458	0.077	0.437	0.360	0.500	1.000	0.827
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	989	0.161	0.356	0.195	0.189	1.000	0.827
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1419	0.156	0.513	0.356	0.603	1.000	0.827
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1424	0.199	0.519	0.320	0.612	1.000	0.827
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1044	0.117	0.376	0.260	0.346	1.000	0.827
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	428	0.100	0.326	0.226	0.199	1.000	0.827
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1903	0.082	0.347	0.265	0.343	1.000	0.827
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1460	0.057	0.320	0.262	0.297	1.000	0.827
RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	276	0.117	0.396	0.279	0.386	1.000	0.827
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	323	0.137	0.327	0.190	0.124	1.000	0.827
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	291	0.085	0.434	0.349	0.498	1.000	0.827
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1882	0.081	0.296	0.215	0.150	1.000	0.827
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	370	0.052	0.362	0.310	0.404	1.000	0.827
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	348	0.082	0.423	0.341	0.451	1.000	0.827
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1936	0.072	0.332	0.260	0.322	1.000	0.827
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	737	0.134	0.389	0.254	0.414	1.000	0.827
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	597	0.060	0.365	0.305	0.353	1.000	0.827
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	936	0.064	0.347	0.283	0.325	1.000	0.827
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	981	0.178	0.506	0.328	0.621	1.000	0.827
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1910	0.078	0.342	0.263	0.336	1.000	0.827
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	287	0.085	0.442	0.357	0.509	1.000	0.827
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	877	0.113	0.476	0.363	0.570	1.000	0.827
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	790	0.104	0.427	0.323	0.472	1.000	0.827
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	992	0.117	0.377	0.260	0.343	1.000	0.827
ZKSCAN7	chr3	4.46e+07	4.46e+07	233	0.048	0.239	0.191	0.196	1.000	0.827

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	358	0.144	0.390	0.246	0.350	1.000	0.827
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	512	0.089	0.409	0.320	0.484	1.000	0.827
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	881	0.074	0.337	0.263	0.297	1.000	0.827
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	548	0.082	0.326	0.244	0.243	1.000	0.827
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1048	0.168	0.345	0.178	0.154	1.000	0.827
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	766	0.144	0.334	0.190	0.140	1.000	0.827
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1065	0.063	0.348	0.285	0.329	1.000	0.827
LINC00526;LINC00667;RP1-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	389	0.048	0.372	0.324	0.414	1.000	0.827
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	563	0.082	0.395	0.313	0.446	1.000	0.827
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	368	0.142	0.386	0.243	0.339	1.000	0.827
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1319	0.105	0.459	0.354	0.535	1.000	0.827
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	326	0.147	0.349	0.203	0.269	1.000	0.827
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	882	0.117	0.454	0.337	0.554	1.000	0.827
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	1701	0.113	0.330	0.217	0.238	1.000	0.826
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	437	0.193	0.503	0.310	0.593	1.000	0.826
RP11-357H14.17	chr17	4.86e+07	4.86e+07	290	0.149	0.441	0.291	0.472	1.000	0.826
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	568	0.078	0.390	0.312	0.432	1.000	0.826
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1346	0.113	0.366	0.253	0.327	1.000	0.826
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	1024	0.071	0.289	0.218	0.194	1.000	0.826
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	511	0.112	0.351	0.240	0.276	1.000	0.826
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1923	0.075	0.337	0.262	0.332	1.000	0.826
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	675	0.096	0.229	0.133	0.068	1.000	0.826
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	1249	0.113	0.459	0.346	0.542	1.000	0.826
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1841	0.092	0.389	0.296	0.386	1.000	0.826
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1013	0.174	0.357	0.183	0.196	1.000	0.826
EMX2OS	chr10	1.18e+08	1.18e+08	634	0.074	0.185	0.111	0.056	1.000	0.826
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	409	0.085	0.305	0.220	0.236	1.000	0.826
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1421	0.107	0.362	0.254	0.327	1.000	0.826
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	397	0.127	0.373	0.246	0.313	1.000	0.826
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	292	0.165	0.459	0.294	0.507	1.000	0.826
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1979	0.071	0.326	0.255	0.313	1.000	0.826
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	262	0.054	0.361	0.307	0.339	1.000	0.826
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	391	0.048	0.401	0.354	0.430	1.000	0.826
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	397	0.126	0.412	0.286	0.409	1.000	0.826
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	843	0.072	0.293	0.221	0.194	1.000	0.826
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	244	0.042	0.326	0.284	0.299	1.000	0.826
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	248	0.113	0.231	0.118	0.063	1.000	0.826
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	651	0.105	0.233	0.128	0.068	1.000	0.826
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	302	0.059	0.388	0.329	0.402	1.000	0.826
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	587	0.074	0.385	0.311	0.430	1.000	0.826
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	511	0.190	0.358	0.168	0.171	1.000	0.826

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	652	0.091	0.375	0.284	0.360	1.000	0.826
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	499	0.108	0.504	0.397	0.636	1.000	0.826
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	889	0.076	0.275	0.200	0.189	1.000	0.826
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	268	0.061	0.390	0.330	0.430	1.000	0.826
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	271	0.141	0.360	0.219	0.257	1.000	0.825
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	592	0.070	0.379	0.309	0.418	1.000	0.825
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	278	0.155	0.357	0.202	0.276	1.000	0.825
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	2126	0.109	0.398	0.289	0.397	1.000	0.825
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	883	0.064	0.345	0.281	0.332	1.000	0.825
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	428	0.129	0.460	0.331	0.544	1.000	0.825
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1386	0.076	0.357	0.281	0.355	1.000	0.825
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	632	0.110	0.433	0.323	0.486	1.000	0.825
AMH;JSRP1;MIR432k	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1065	0.161	0.509	0.349	0.600	1.000	0.825
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	481	0.044	0.353	0.309	0.369	1.000	0.825
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	248	0.040	0.322	0.282	0.306	1.000	0.825
APCDD1L;APCDD1AS1	chr20	5.85e+07	5.85e+07	555	0.123	0.392	0.269	0.350	1.000	0.825
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	740	0.092	0.438	0.346	0.505	1.000	0.825
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	465	0.154	0.339	0.185	0.152	1.000	0.825
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	736	0.144	0.308	0.164	0.082	1.000	0.825
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	338	0.149	0.350	0.202	0.264	1.000	0.825
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	630	0.112	0.414	0.302	0.472	1.000	0.825
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	623	0.135	0.362	0.226	0.318	1.000	0.825
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	1329	0.176	0.481	0.305	0.593	1.000	0.825
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1258	0.119	0.373	0.253	0.336	1.000	0.825
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	262	0.120	0.493	0.373	0.593	1.000	0.825
APCDD1L;APCDD1AS1	chr20	5.85e+07	5.85e+07	553	0.134	0.390	0.256	0.336	1.000	0.825
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	853	0.081	0.373	0.292	0.353	1.000	0.825
AF186192.1;AF186192.1	chr8	1.45e+08	1.45e+08	323	0.073	0.414	0.341	0.439	1.000	0.825
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	589	0.087	0.369	0.282	0.367	1.000	0.825
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	210	0.047	0.353	0.307	0.341	1.000	0.825
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	1162	0.068	0.280	0.212	0.178	1.000	0.825
IGLON5	chr19	5.13e+07	5.13e+07	324	0.194	0.487	0.293	0.507	1.000	0.825
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	1083	0.108	0.370	0.261	0.367	1.000	0.824
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	668	0.099	0.339	0.239	0.259	1.000	0.824
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	700	0.157	0.477	0.320	0.542	1.000	0.824
RP4-765H13.1	chr12	1.26e+08	1.26e+08	421	0.140	0.466	0.327	0.577	1.000	0.824
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	1015	0.064	0.347	0.283	0.334	1.000	0.824
FAM19A2	chr12	6.22e+07	6.22e+07	265	0.042	0.367	0.325	0.376	1.000	0.824
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	656	0.162	0.490	0.328	0.568	1.000	0.824

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	901	0.069	0.384	0.315	0.397	1.000	0.824
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	281	0.112	0.426	0.313	0.449	1.000	0.824
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	799	0.199	0.471	0.271	0.505	1.000	0.824
THY1;USP2-AS1	chr11	1.19e+08	1.19e+08	217	0.044	0.263	0.219	0.196	1.000	0.824
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	963	0.095	0.311	0.216	0.187	1.000	0.824
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	531	0.180	0.456	0.276	0.495	1.000	0.824
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	782	0.093	0.399	0.307	0.416	1.000	0.824
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	734	0.183	0.480	0.297	0.526	1.000	0.824
NTM	chr11	1.32e+08	1.32e+08	301	0.067	0.329	0.262	0.238	1.000	0.824
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	939	0.135	0.382	0.248	0.339	1.000	0.824
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	663	0.084	0.413	0.329	0.449	1.000	0.824
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	837	0.077	0.302	0.226	0.201	1.000	0.824
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	1358	0.064	0.269	0.205	0.164	1.000	0.824
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	395	0.138	0.336	0.198	0.241	1.000	0.824
BNC1;RP11- 382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1023	0.113	0.372	0.260	0.343	1.000	0.824
GJD2;RP11- 814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	637	0.080	0.365	0.284	0.357	1.000	0.823
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	895	0.071	0.264	0.193	0.175	1.000	0.823
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	504	0.095	0.442	0.347	0.505	1.000	0.823
MARCH11;RP11- 19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	240	0.045	0.329	0.284	0.287	1.000	0.823
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	843	0.084	0.379	0.295	0.371	1.000	0.823
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	415	0.117	0.464	0.347	0.537	1.000	0.823
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	295	0.108	0.449	0.341	0.477	1.000	0.823
RP11-626H12.1	chr11	7.00e+07	7.00e+07	236	0.108	0.309	0.201	0.210	1.000	0.823
RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	309	0.126	0.455	0.329	0.481	1.000	0.823
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	371	0.114	0.477	0.363	0.558	1.000	0.823
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	670	0.080	0.269	0.189	0.150	1.000	0.823
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	398	0.062	0.302	0.241	0.259	1.000	0.823
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	600	0.103	0.383	0.280	0.416	1.000	0.823
DRD4	chr11	6.37e+05	6.38e+05	1045	0.198	0.501	0.303	0.624	1.000	0.823
OPLAH;CTD- 3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	744	0.188	0.500	0.312	0.626	1.000	0.823
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	201	0.199	0.408	0.209	0.325	1.000	0.823
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	568	0.167	0.372	0.206	0.280	1.000	0.823
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1580	0.094	0.387	0.293	0.386	1.000	0.823
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	475	0.089	0.427	0.338	0.491	1.000	0.823
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	853	0.082	0.290	0.207	0.210	1.000	0.823
CTC- 523E23.14;CTC- 523E23.15;CTC- 523E23.6	chr19	3.49e+07	3.49e+07	231	0.064	0.423	0.358	0.451	1.000	0.823
BNC1;RP11- 382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	971	0.113	0.372	0.260	0.346	1.000	0.823
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	798	0.071	0.355	0.284	0.346	1.000	0.823

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	213	0.043	0.362	0.319	0.355	1.000	0.823
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	752	0.112	0.323	0.211	0.196	1.000	0.823
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	290	0.145	0.520	0.375	0.647	1.000	0.823
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	201	0.104	0.435	0.331	0.519	1.000	0.822
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	613	0.070	0.376	0.306	0.416	1.000	0.822
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1361	0.062	0.352	0.291	0.353	1.000	0.822
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	892	0.088	0.473	0.385	0.563	1.000	0.822
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	736	0.199	0.375	0.176	0.222	1.000	0.822
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	575	0.198	0.526	0.328	0.617	1.000	0.822
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	822	0.097	0.476	0.379	0.572	1.000	0.822
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	3062	0.071	0.310	0.239	0.283	1.000	0.822
BMP2	chr20	6.77e+06	6.77e+06	261	0.091	0.359	0.267	0.320	1.000	0.822
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	878	0.191	0.369	0.177	0.220	1.000	0.822
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	324	0.132	0.456	0.324	0.509	1.000	0.822
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	895	0.073	0.385	0.313	0.400	1.000	0.822
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	372	0.056	0.335	0.279	0.294	1.000	0.822
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	760	0.067	0.359	0.292	0.357	1.000	0.822
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	427	0.067	0.301	0.234	0.257	1.000	0.822
AGTR1;RPL38P1	chr3	1.49e+08	1.49e+08	208	0.086	0.276	0.189	0.161	1.000	0.822
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	720	0.190	0.369	0.178	0.220	1.000	0.822
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2018	0.070	0.321	0.250	0.311	1.000	0.822
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	917	0.067	0.257	0.190	0.168	1.000	0.822
MAP3K14- AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	522	0.058	0.412	0.354	0.451	1.000	0.822
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	528	0.076	0.319	0.243	0.276	1.000	0.822
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	770	0.064	0.348	0.284	0.332	1.000	0.822
EFS	chr14	2.34e+07	2.34e+07	200	0.065	0.370	0.304	0.355	1.000	0.822
LINC01158	chr2	1.05e+08	1.05e+08	201	0.079	0.349	0.270	0.311	1.000	0.822
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	737	0.090	0.225	0.134	0.065	1.000	0.822
BDNF;RP11- 587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	402	0.078	0.312	0.234	0.262	1.000	0.822
BNC1;RP11- 382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1325	0.109	0.362	0.253	0.327	1.000	0.822
IGLON5	chr19	5.13e+07	5.13e+07	650	0.156	0.426	0.270	0.381	1.000	0.822
MNX1	chr7	1.57e+08	1.57e+08	245	0.077	0.445	0.368	0.498	1.000	0.822
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	685	0.078	0.392	0.314	0.409	1.000	0.822
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	209	0.085	0.286	0.201	0.143	1.000	0.822
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	483	0.079	0.459	0.380	0.551	1.000	0.821
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	695	0.064	0.356	0.292	0.364	1.000	0.821
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	734	0.065	0.275	0.210	0.171	1.000	0.821
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	290	0.071	0.307	0.237	0.224	1.000	0.821
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1026	0.176	0.328	0.152	0.187	1.000	0.821
KCNV1;RP11- 696P8.2	chr8	1.10e+08	1.10e+08	290	0.093	0.398	0.305	0.423	1.000	0.821
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	464	0.107	0.450	0.343	0.507	1.000	0.821
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1720	0.086	0.335	0.249	0.318	1.000	0.821
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	755	0.116	0.371	0.255	0.369	1.000	0.821

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	749	0.143	0.464	0.321	0.526	1.000	0.821
ARHGEF39;CA9	chr9	3.57e+07	3.57e+07	200	0.159	0.423	0.264	0.425	1.000	0.821
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1237	0.116	0.369	0.253	0.329	1.000	0.821
APCDD1L;APCDD1 AS1	chr20	5.85e+07	5.85e+07	501	0.159	0.406	0.248	0.353	1.000	0.821
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	370	0.081	0.426	0.345	0.470	1.000	0.821
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	333	0.156	0.357	0.201	0.271	1.000	0.821
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	389	0.121	0.367	0.246	0.332	1.000	0.821
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	631	0.134	0.347	0.213	0.220	1.000	0.821
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	242	0.126	0.298	0.171	0.084	1.000	0.821
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	984	0.169	0.349	0.181	0.168	1.000	0.821
DRD4	chr11	6.37e+05	6.38e+05	724	0.170	0.525	0.354	0.661	1.000	0.821
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	393	0.105	0.384	0.280	0.376	1.000	0.821
RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	298	0.102	0.452	0.350	0.488	1.000	0.821
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	1065	0.097	0.262	0.164	0.126	1.000	0.821
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1727	0.082	0.330	0.249	0.320	1.000	0.821
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	294	0.054	0.362	0.309	0.353	1.000	0.821
LHX5	chr12	1.13e+08	1.13e+08	779	0.062	0.390	0.328	0.411	1.000	0.821
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	887	0.073	0.309	0.236	0.203	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1064	0.068	0.365	0.297	0.362	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2612	0.072	0.310	0.238	0.283	1.000	0.820
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	428	0.075	0.318	0.244	0.257	1.000	0.820
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	649	0.118	0.437	0.318	0.495	1.000	0.820
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1005	0.170	0.355	0.185	0.187	1.000	0.820
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	870	0.095	0.355	0.260	0.313	1.000	0.820
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	220	0.046	0.360	0.314	0.357	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1740	0.078	0.326	0.248	0.313	1.000	0.820
DBX1	chr11	2.02e+07	2.02e+07	203	0.094	0.199	0.105	0.030	1.000	0.820
ASPG	chr14	1.04e+08	1.04e+08	343	0.131	0.358	0.227	0.264	1.000	0.820
DIDO1;RP4-563E14.1	chr20	6.29e+07	6.29e+07	327	0.131	0.485	0.354	0.542	1.000	0.820
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	213	0.099	0.424	0.326	0.500	1.000	0.820
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	827	0.063	0.344	0.281	0.325	1.000	0.820
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1335	0.092	0.278	0.187	0.157	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	480	0.101	0.383	0.282	0.348	1.000	0.820
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	279	0.057	0.336	0.278	0.343	1.000	0.820
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	285	0.164	0.364	0.200	0.280	1.000	0.820
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1400	0.104	0.357	0.254	0.325	1.000	0.820
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	313	0.081	0.316	0.235	0.231	1.000	0.820
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	824	0.083	0.360	0.278	0.353	1.000	0.820
CASR	chr3	1.22e+08	1.22e+08	550	0.136	0.391	0.255	0.336	1.000	0.820
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	569	0.075	0.348	0.272	0.350	1.000	0.820

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1753	0.074	0.321	0.247	0.306	1.000	0.820
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	377	0.054	0.364	0.310	0.360	1.000	0.820
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	473	0.102	0.437	0.335	0.486	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1657	0.075	0.347	0.272	0.341	1.000	0.820
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	373	0.062	0.277	0.215	0.199	1.000	0.820
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	225	0.091	0.386	0.295	0.388	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1203	0.080	0.344	0.264	0.332	1.000	0.820
CASR	chr3	1.22e+08	1.22e+08	629	0.116	0.365	0.249	0.327	1.000	0.820
APCDD1L;APCDD1Lehr20 AS1	chr20	5.85e+07	5.85e+07	493	0.170	0.406	0.235	0.357	1.000	0.820
LINC00526;LINC006 835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	298	0.052	0.356	0.304	0.386	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1112	0.064	0.359	0.295	0.362	1.000	0.820
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1796	0.073	0.316	0.243	0.301	1.000	0.820
RP11-19E11.1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	304	0.108	0.423	0.315	0.444	1.000	0.820
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	1385	0.091	0.263	0.172	0.138	1.000	0.819
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	718	0.075	0.364	0.289	0.360	1.000	0.819
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1144	0.069	0.354	0.285	0.343	1.000	0.819
EPHA5;EPHA5- AS1	chr4	6.57e+07	6.57e+07	201	0.086	0.423	0.336	0.521	1.000	0.819
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	765	0.079	0.281	0.202	0.175	1.000	0.819
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	215	0.091	0.412	0.321	0.491	1.000	0.819
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	406	0.092	0.375	0.283	0.374	1.000	0.819
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	530	0.069	0.326	0.257	0.315	1.000	0.819
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1100	0.077	0.344	0.267	0.339	1.000	0.819
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1617	0.083	0.334	0.251	0.327	1.000	0.819
CCK;RP11- 333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	451	0.111	0.341	0.230	0.229	1.000	0.819
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2146	0.070	0.319	0.249	0.311	1.000	0.819
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1277	0.147	0.479	0.332	0.584	1.000	0.819
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	205	0.195	0.437	0.242	0.421	1.000	0.819
RNH1	chr11	5.04e+05	5.05e+05	251	0.127	0.440	0.313	0.467	1.000	0.819
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1259	0.085	0.382	0.297	0.374	1.000	0.819
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	1351	0.140	0.374	0.235	0.287	1.000	0.819
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1137	0.078	0.375	0.296	0.381	1.000	0.819
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1684	0.176	0.349	0.173	0.171	1.000	0.819
DRD4	chr11	6.37e+05	6.38e+05	716	0.193	0.535	0.342	0.668	1.000	0.819
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	381	0.050	0.284	0.234	0.215	1.000	0.819
QRFR	chr4	1.21e+08	1.21e+08	262	0.088	0.487	0.399	0.572	1.000	0.819
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	621	0.174	0.342	0.168	0.166	1.000	0.819
APCDD1L;APCDD1Lehr20 AS1	chr20	5.85e+07	5.85e+07	630	0.135	0.407	0.273	0.386	1.000	0.819
KCNV1;RP11- 696P8.2	chr8	1.10e+08	1.10e+08	298	0.089	0.377	0.288	0.376	1.000	0.819
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2933	0.073	0.309	0.236	0.285	1.000	0.819
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	758	0.134	0.450	0.316	0.495	1.000	0.819
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	831	0.062	0.337	0.276	0.315	1.000	0.819

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	212	0.122	0.251	0.129	0.065	1.000	0.819
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1650	0.072	0.319	0.247	0.308	1.000	0.818
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1663	0.175	0.344	0.170	0.143	1.000	0.818
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1624	0.079	0.329	0.250	0.322	1.000	0.818
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1637	0.075	0.324	0.249	0.318	1.000	0.818
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	917	0.070	0.280	0.210	0.136	1.000	0.818
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	377	0.095	0.401	0.306	0.402	1.000	0.818
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2343	0.073	0.313	0.240	0.285	1.000	0.818
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	264	0.060	0.280	0.221	0.189	1.000	0.818
PPP1R13L	chr19	4.54e+07	4.54e+07	382	0.197	0.494	0.297	0.540	1.000	0.818
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2793	0.071	0.311	0.240	0.285	1.000	0.818
APBB1IP	chr10	2.64e+07	2.64e+07	426	0.149	0.401	0.252	0.379	1.000	0.818
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	431	0.044	0.369	0.325	0.379	1.000	0.818
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1211	0.180	0.510	0.331	0.598	1.000	0.818
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1544	0.104	0.394	0.290	0.381	1.000	0.818
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	712	0.081	0.362	0.281	0.346	1.000	0.818
GPC5	chr13	9.14e+07	9.14e+07	423	0.060	0.239	0.179	0.112	1.000	0.818
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1188	0.092	0.439	0.347	0.484	1.000	0.818
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	453	0.053	0.306	0.253	0.252	1.000	0.818
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	444	0.144	0.415	0.271	0.421	1.000	0.818
AVPR1A;RP11-715H19.2	chr12	6.32e+07	6.32e+07	256	0.140	0.426	0.286	0.453	1.000	0.818
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1012	0.090	0.387	0.297	0.381	1.000	0.818
NFATC2	chr20	5.15e+07	5.15e+07	464	0.186	0.396	0.210	0.336	0.978	0.818
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	352	0.057	0.368	0.311	0.374	1.000	0.818
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	224	0.186	0.427	0.242	0.416	1.000	0.817
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	454	0.106	0.388	0.282	0.364	1.000	0.817
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	389	0.053	0.297	0.244	0.255	1.000	0.817
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	544	0.110	0.322	0.213	0.234	1.000	0.817
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	201	0.053	0.281	0.228	0.180	1.000	0.817
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	866	0.085	0.314	0.229	0.194	1.000	0.817
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	401	0.125	0.328	0.203	0.250	1.000	0.817
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	781	0.183	0.459	0.276	0.488	1.000	0.817
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2401	0.072	0.312	0.240	0.285	1.000	0.817
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	371	0.050	0.316	0.266	0.313	1.000	0.817
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	203	0.114	0.457	0.343	0.516	1.000	0.817
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	373	0.144	0.424	0.280	0.432	1.000	0.817
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	600	0.090	0.406	0.316	0.430	1.000	0.817
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1142	0.083	0.388	0.304	0.407	1.000	0.817
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	502	0.090	0.365	0.275	0.334	1.000	0.817
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	577	0.075	0.352	0.277	0.355	1.000	0.817
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	200	0.035	0.347	0.312	0.339	1.000	0.817
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	390	0.047	0.337	0.289	0.355	1.000	0.817

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	459	0.074	0.266	0.193	0.161	1.000	0.817
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	482	0.108	0.340	0.232	0.255	1.000	0.817
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	269	0.057	0.366	0.310	0.357	1.000	0.817
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1693	0.070	0.314	0.243	0.304	1.000	0.817
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	853	0.094	0.242	0.148	0.093	1.000	0.817
GABRB1	chr4	4.70e+07	4.70e+07	512	0.130	0.445	0.315	0.477	1.000	0.817
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	230	0.061	0.358	0.296	0.348	1.000	0.817
CERS3-AS1	chr15	1.00e+08	1.00e+08	378	0.116	0.445	0.329	0.507	1.000	0.817
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	766	0.101	0.482	0.381	0.598	1.000	0.817
CERS3-AS1	chr15	1.00e+08	1.00e+08	364	0.097	0.416	0.319	0.460	1.000	0.817
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	424	0.151	0.386	0.235	0.334	1.000	0.817
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1178	0.064	0.337	0.273	0.325	1.000	0.817
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	463	0.052	0.282	0.230	0.224	1.000	0.817
C15orf48;RP11-519G16.5	chr15	4.54e+07	4.54e+07	208	0.054	0.399	0.345	0.460	1.000	0.817
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	928	0.178	0.479	0.301	0.600	1.000	0.816
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	647	0.084	0.360	0.276	0.341	1.000	0.816
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	910	0.062	0.338	0.276	0.329	1.000	0.816
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1297	0.110	0.399	0.289	0.388	1.000	0.816
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	324	0.089	0.400	0.311	0.479	1.000	0.816
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	398	0.091	0.390	0.299	0.379	1.000	0.816
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	773	0.103	0.361	0.257	0.357	1.000	0.816
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	995	0.075	0.350	0.275	0.336	1.000	0.816
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	484	0.103	0.424	0.321	0.456	1.000	0.816
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1039	0.070	0.350	0.280	0.341	1.000	0.816
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	212	0.107	0.440	0.333	0.491	1.000	0.816
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	1100	0.086	0.321	0.235	0.269	1.000	0.816
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	615	0.068	0.368	0.300	0.388	1.000	0.816
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	261	0.137	0.404	0.267	0.432	1.000	0.816
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1487	0.129	0.268	0.139	0.103	1.000	0.816
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	375	0.082	0.386	0.304	0.432	1.000	0.816
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	508	0.098	0.317	0.218	0.208	1.000	0.816
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	1137	0.096	0.376	0.279	0.348	1.000	0.816
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2304	0.072	0.317	0.245	0.308	1.000	0.816
JAM3	chr11	1.34e+08	1.34e+08	202	0.038	0.289	0.252	0.234	1.000	0.816
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	542	0.071	0.332	0.261	0.327	1.000	0.816
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2321	0.074	0.317	0.243	0.304	1.000	0.816
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	306	0.096	0.409	0.313	0.488	1.000	0.816
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	547	0.199	0.510	0.311	0.579	1.000	0.816
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	631	0.078	0.318	0.239	0.234	1.000	0.816
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1552	0.088	0.373	0.284	0.367	1.000	0.816
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	821	0.109	0.471	0.362	0.570	1.000	0.815
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	769	0.131	0.438	0.306	0.477	1.000	0.815

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	357	0.087	0.393	0.305	0.444	1.000	0.815
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	380	0.077	0.381	0.304	0.425	1.000	0.815
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	362	0.101	0.325	0.223	0.227	1.000	0.815
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	609	0.073	0.366	0.293	0.371	1.000	0.815
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	976	0.076	0.289	0.213	0.157	1.000	0.815
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	433	0.132	0.440	0.309	0.486	1.000	0.815
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2318	0.139	0.284	0.144	0.117	1.000	0.815
C5orf66;C5orf66-AS1	chr5	1.35e+08	1.35e+08	1191	0.157	0.276	0.119	0.072	1.000	0.815
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	505	0.105	0.350	0.245	0.334	1.000	0.815
RP11-175E9.1	chr8	2.37e+07	2.37e+07	258	0.118	0.442	0.323	0.479	1.000	0.815
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	362	0.082	0.387	0.305	0.430	1.000	0.815
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	481	0.166	0.340	0.173	0.145	1.000	0.815
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1057	0.136	0.369	0.233	0.313	1.000	0.815
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	636	0.165	0.456	0.291	0.456	1.000	0.815
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	1309	0.083	0.436	0.352	0.481	1.000	0.815
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	881	0.073	0.348	0.275	0.334	1.000	0.815
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	298	0.164	0.367	0.203	0.231	1.000	0.815
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1474	0.078	0.334	0.256	0.318	1.000	0.815
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1835	0.073	0.311	0.238	0.294	1.000	0.815
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	488	0.104	0.412	0.308	0.442	1.000	0.814
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	860	0.115	0.384	0.269	0.423	1.000	0.814
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	998	0.086	0.379	0.294	0.383	1.000	0.814
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	381	0.077	0.382	0.305	0.425	1.000	0.814
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	317	0.139	0.397	0.258	0.418	1.000	0.814
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	399	0.073	0.377	0.304	0.418	1.000	0.814
ARHGEF39;CA9	chr9	3.57e+07	3.57e+07	262	0.134	0.375	0.240	0.364	1.000	0.814
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1061	0.160	0.518	0.358	0.598	1.000	0.814
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	1276	0.176	0.455	0.279	0.551	1.000	0.814
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	773	0.130	0.425	0.296	0.456	1.000	0.814
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	588	0.114	0.323	0.210	0.245	1.000	0.814
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	399	0.082	0.371	0.289	0.357	1.000	0.814
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	829	0.099	0.414	0.315	0.439	1.000	0.814
CERS3-AS1	chr15	1.00e+08	1.00e+08	272	0.092	0.406	0.314	0.442	1.000	0.814
GRIN3A	chr9	1.02e+08	1.02e+08	226	0.077	0.384	0.306	0.390	1.000	0.814
RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	210	0.066	0.242	0.176	0.105	1.000	0.814
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1160	0.174	0.339	0.165	0.138	1.000	0.814
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	315	0.085	0.472	0.387	0.528	1.000	0.814
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	561	0.094	0.348	0.254	0.306	1.000	0.814
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	404	0.069	0.371	0.301	0.404	1.000	0.813
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	1129	0.070	0.297	0.228	0.210	1.000	0.813
DIDO1;RP4-563E14.1	chr20	6.29e+07	6.29e+07	520	0.117	0.479	0.362	0.537	1.000	0.813
GNAL	chr18	1.18e+07	1.18e+07	378	0.106	0.420	0.314	0.477	1.000	0.813

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	988	0.115	0.366	0.251	0.332	1.000	0.813
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	329	0.130	0.338	0.208	0.229	1.000	0.813
IRX1	chr5	3.59e+06	3.60e+06	802	0.094	0.345	0.251	0.255	1.000	0.813
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	929	0.067	0.343	0.275	0.334	1.000	0.813
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1075	0.059	0.336	0.277	0.334	1.000	0.813
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	657	0.068	0.293	0.225	0.241	1.000	0.813
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	835	0.122	0.411	0.289	0.428	1.000	0.813
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	721	0.114	0.404	0.290	0.404	1.000	0.813
KIAA1614-AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	768	0.181	0.412	0.231	0.402	1.000	0.813
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	386	0.072	0.375	0.302	0.411	1.000	0.813
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	550	0.098	0.398	0.300	0.416	1.000	0.813
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr14	5.21e+07	5.21e+07	751	0.091	0.384	0.293	0.383	1.000	0.813
RP4-765H13.1	chr12	1.26e+08	1.26e+08	239	0.123	0.389	0.266	0.390	1.000	0.813
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1209	0.082	0.335	0.253	0.262	1.000	0.813
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2879	0.073	0.303	0.230	0.276	1.000	0.813
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	2130	0.134	0.272	0.138	0.100	1.000	0.813
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	281	0.088	0.374	0.286	0.381	1.000	0.813
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	679	0.092	0.390	0.297	0.390	1.000	0.813
QRFPR	chr4	1.21e+08	1.21e+08	270	0.105	0.490	0.385	0.579	1.000	0.813
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	992	0.072	0.301	0.229	0.208	1.000	0.813
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	936	0.115	0.366	0.250	0.334	1.000	0.813
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	326	0.093	0.286	0.193	0.150	1.000	0.813
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1041	0.075	0.319	0.245	0.227	1.000	0.813
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	399	0.044	0.398	0.353	0.481	1.000	0.813
LHX8	chr1	7.51e+07	7.51e+07	285	0.095	0.341	0.246	0.287	1.000	0.813
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	636	0.101	0.348	0.247	0.343	1.000	0.812
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	1061	0.072	0.308	0.237	0.241	1.000	0.812
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	964	0.114	0.402	0.288	0.400	1.000	0.812
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	378	0.047	0.426	0.379	0.507	1.000	0.812
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	414	0.088	0.313	0.225	0.224	1.000	0.812
APBB1IP	chr10	2.64e+07	2.64e+07	530	0.138	0.394	0.255	0.371	1.000	0.812
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1371	0.075	0.332	0.257	0.327	1.000	0.812
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	590	0.091	0.285	0.194	0.154	1.000	0.812
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1732	0.070	0.309	0.238	0.299	1.000	0.812
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1012	0.133	0.311	0.178	0.185	1.000	0.812
STAP2	chr19	4.33e+06	4.33e+06	245	0.151	0.523	0.372	0.612	0.978	0.812
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	425	0.069	0.368	0.299	0.397	1.000	0.812
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	1087	0.067	0.303	0.236	0.238	1.000	0.812
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	778	0.067	0.348	0.281	0.341	1.000	0.812
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	223	0.107	0.425	0.318	0.460	1.000	0.812
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	890	0.073	0.276	0.203	0.178	1.000	0.812

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZKSCAN7	chr3	4.46e+07	4.46e+07	235	0.080	0.290	0.210	0.213	1.000	0.810
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	295	0.083	0.377	0.294	0.425	1.000	0.810
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	397	0.047	0.414	0.367	0.500	1.000	0.810
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	705	0.106	0.479	0.373	0.549	1.000	0.810
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	649	0.113	0.373	0.259	0.367	1.000	0.810
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	227	0.108	0.412	0.303	0.444	1.000	0.810
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	583	0.094	0.350	0.256	0.346	1.000	0.810
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	654	0.140	0.411	0.271	0.388	1.000	0.810
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	375	0.077	0.373	0.295	0.411	1.000	0.810
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	596	0.102	0.369	0.267	0.374	1.000	0.810
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2610	0.073	0.304	0.231	0.280	1.000	0.810
PARK7	chr1	7.95e+06	7.95e+06	258	0.043	0.466	0.422	0.547	1.000	0.810
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2750	0.074	0.301	0.227	0.278	1.000	0.809
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	931	0.058	0.271	0.213	0.201	1.000	0.809
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	699	0.118	0.372	0.254	0.320	1.000	0.809
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	204	0.073	0.349	0.276	0.308	1.000	0.809
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	300	0.076	0.372	0.295	0.418	1.000	0.809
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	703	0.080	0.287	0.206	0.185	1.000	0.809
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1566	0.179	0.340	0.161	0.136	1.000	0.809
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	400	0.112	0.358	0.246	0.287	1.000	0.809
APBB1IP	chr10	2.64e+07	2.64e+07	250	0.137	0.405	0.269	0.388	1.000	0.809
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	742	0.054	0.361	0.308	0.350	1.000	0.809
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	805	0.079	0.330	0.251	0.290	1.000	0.809
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	674	0.127	0.328	0.201	0.215	1.000	0.809
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1290	0.111	0.356	0.245	0.320	1.000	0.809
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	325	0.106	0.450	0.344	0.502	1.000	0.809
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	707	0.166	0.515	0.349	0.607	1.000	0.809
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2160	0.075	0.304	0.229	0.280	1.000	0.809
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	227	0.050	0.366	0.316	0.369	1.000	0.809
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	313	0.142	0.319	0.177	0.126	1.000	0.809
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	1028	0.070	0.268	0.198	0.166	1.000	0.809
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	639	0.062	0.336	0.274	0.318	1.000	0.809
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	254	0.168	0.379	0.211	0.297	1.000	0.809
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	325	0.039	0.396	0.357	0.498	1.000	0.809
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	825	0.103	0.302	0.198	0.180	1.000	0.809
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	380	0.072	0.366	0.293	0.393	1.000	0.809
TMEM176A;TMEM	chr7	1.51e+08	1.51e+08	270	0.174	0.470	0.296	0.514	1.000	0.809
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	384	0.089	0.356	0.267	0.301	1.000	0.809
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	677	0.166	0.441	0.275	0.451	1.000	0.809
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	220	0.048	0.369	0.321	0.381	1.000	0.809
RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	227	0.096	0.411	0.314	0.432	1.000	0.809
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	919	0.193	0.371	0.178	0.224	1.000	0.808
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	388	0.045	0.355	0.310	0.360	1.000	0.808

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1202	0.119	0.363	0.245	0.332	1.000	0.808
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	477	0.036	0.256	0.220	0.147	1.000	0.808
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	319	0.071	0.367	0.296	0.409	1.000	0.808
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	621	0.064	0.337	0.273	0.318	1.000	0.808
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2776	0.071	0.301	0.230	0.276	1.000	0.808
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	896	0.111	0.355	0.245	0.350	1.000	0.808
BHLHE22;RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	396	0.109	0.445	0.337	0.535	1.000	0.808
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	289	0.101	0.396	0.295	0.416	1.000	0.808
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	652	0.105	0.362	0.257	0.367	1.000	0.808
CBLN1	chr16	4.93e+07	4.93e+07	235	0.053	0.318	0.265	0.285	1.000	0.808
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	970	0.078	0.362	0.284	0.355	1.000	0.808
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1860	0.069	0.308	0.238	0.299	1.000	0.808
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	503	0.034	0.259	0.225	0.185	1.000	0.808
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1197	0.059	0.331	0.272	0.322	1.000	0.808
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	418	0.094	0.387	0.293	0.390	1.000	0.808
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	417	0.060	0.401	0.341	0.425	1.000	0.808
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	598	0.084	0.389	0.305	0.388	1.000	0.808
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	826	0.092	0.466	0.374	0.528	1.000	0.808
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	777	0.103	0.467	0.364	0.549	1.000	0.807
LINC00526;LINC006835E18.5	chr18	5.24e+06	5.24e+06	354	0.049	0.295	0.245	0.292	1.000	0.807
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	283	0.086	0.366	0.280	0.376	1.000	0.807
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	617	0.073	0.273	0.200	0.145	1.000	0.807
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	422	0.035	0.287	0.252	0.250	1.000	0.807
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	454	0.054	0.388	0.334	0.451	1.000	0.807
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	799	0.082	0.374	0.292	0.357	1.000	0.807
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	1279	0.079	0.361	0.281	0.341	1.000	0.807
RP11-95M5.1	chr3	1.48e+07	1.48e+07	333	0.039	0.216	0.177	0.084	1.000	0.807
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	324	0.066	0.360	0.294	0.395	1.000	0.807
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2218	0.074	0.304	0.230	0.278	1.000	0.807
APCDD1L;APCDD1AS1	chr20	5.85e+07	5.85e+07	473	0.175	0.399	0.224	0.343	1.000	0.807
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	781	0.108	0.300	0.192	0.185	1.000	0.807
PARK7	chr1	7.95e+06	7.95e+06	350	0.073	0.426	0.354	0.488	1.000	0.807
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	643	0.061	0.329	0.268	0.301	1.000	0.807
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	409	0.102	0.419	0.317	0.486	1.000	0.807
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	598	0.085	0.347	0.261	0.357	1.000	0.807
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2121	0.074	0.308	0.234	0.283	1.000	0.807
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	926	0.069	0.335	0.266	0.322	1.000	0.807

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	723	0.084	0.366	0.282	0.362	1.000	0.807
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	1224	0.065	0.256	0.191	0.152	1.000	0.807
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1080	0.056	0.339	0.283	0.357	1.000	0.807
IRAK2	chr3	1.02e+07	1.02e+07	293	0.068	0.402	0.335	0.456	1.000	0.807
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	470	0.073	0.267	0.194	0.157	1.000	0.807
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1365	0.104	0.352	0.247	0.322	1.000	0.807
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	273	0.120	0.348	0.228	0.236	1.000	0.807
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	937	0.070	0.338	0.268	0.320	1.000	0.806
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2326	0.072	0.300	0.228	0.276	1.000	0.806
CTC-359M8.1;POU4F3;RP11-449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	369	0.115	0.327	0.212	0.222	1.000	0.806
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	486	0.126	0.380	0.255	0.355	1.000	0.806
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	360	0.156	0.395	0.238	0.364	1.000	0.806
DGKI	chr7	1.38e+08	1.38e+08	419	0.153	0.384	0.232	0.325	1.000	0.806
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1117	0.181	0.513	0.332	0.607	1.000	0.806
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	625	0.062	0.329	0.267	0.306	1.000	0.806
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	728	0.096	0.406	0.310	0.430	1.000	0.806
STAP2	chr19	4.33e+06	4.33e+06	376	0.175	0.515	0.340	0.612	0.978	0.806
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	1160	0.073	0.309	0.236	0.234	1.000	0.806
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2138	0.076	0.308	0.232	0.285	1.000	0.806
PRRX1	chr1	1.71e+08	1.71e+08	278	0.075	0.381	0.306	0.350	1.000	0.806
BARHL1	chr9	1.33e+08	1.33e+08	354	0.105	0.353	0.248	0.285	1.000	0.806
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	347	0.050	0.387	0.337	0.458	1.000	0.806
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	456	0.045	0.385	0.340	0.442	1.000	0.806
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	278	0.152	0.341	0.189	0.182	1.000	0.806
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1491	0.057	0.272	0.215	0.220	1.000	0.806
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	222	0.069	0.345	0.276	0.301	1.000	0.805
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	548	0.068	0.344	0.275	0.341	1.000	0.805
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	674	0.087	0.342	0.255	0.346	1.000	0.805
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	401	0.072	0.363	0.291	0.390	1.000	0.805
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	789	0.086	0.381	0.295	0.379	1.000	0.805
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	558	0.065	0.331	0.266	0.304	1.000	0.805
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	219	0.086	0.321	0.235	0.243	1.000	0.805
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	864	0.124	0.466	0.342	0.579	1.000	0.805
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	698	0.082	0.289	0.206	0.143	1.000	0.805
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1072	0.063	0.348	0.285	0.357	1.000	0.805
PCDH8	chr13	5.28e+07	5.28e+07	252	0.091	0.424	0.333	0.456	1.000	0.805
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	307	0.080	0.357	0.277	0.367	1.000	0.805
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	387	0.065	0.394	0.329	0.404	1.000	0.805
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	603	0.089	0.458	0.369	0.540	1.000	0.805
FOXL1	chr16	8.66e+07	8.66e+07	756	0.194	0.444	0.250	0.425	1.000	0.805

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	238	0.078	0.300	0.222	0.208	1.000	0.805
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	601	0.081	0.339	0.258	0.360	1.000	0.805
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	600	0.098	0.335	0.236	0.266	1.000	0.804
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1171	0.149	0.444	0.295	0.477	1.000	0.804
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1008	0.169	0.328	0.159	0.131	1.000	0.804
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	364	0.067	0.266	0.199	0.189	1.000	0.804
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	757	0.104	0.304	0.200	0.231	1.000	0.804
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	608	0.075	0.344	0.270	0.297	1.000	0.804
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	434	0.080	0.363	0.282	0.329	1.000	0.804
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	533	0.100	0.458	0.358	0.540	1.000	0.804
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	896	0.198	0.359	0.161	0.196	1.000	0.804
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1150	0.121	0.295	0.174	0.171	1.000	0.804
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	1060	0.062	0.348	0.285	0.348	1.000	0.804
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	251	0.082	0.294	0.213	0.196	1.000	0.804
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	353	0.047	0.282	0.235	0.271	1.000	0.804
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	410	0.046	0.355	0.310	0.379	1.000	0.804
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2507	0.071	0.302	0.231	0.280	1.000	0.804
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	292	0.046	0.273	0.228	0.262	1.000	0.804
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	635	0.098	0.350	0.253	0.311	1.000	0.804
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	946	0.068	0.343	0.275	0.334	1.000	0.804
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	606	0.045	0.297	0.252	0.297	1.000	0.804
IGLON5	chr19	5.13e+07	5.13e+07	484	0.154	0.397	0.243	0.329	1.000	0.804
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	722	0.061	0.331	0.270	0.320	1.000	0.804
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	949	0.185	0.355	0.170	0.199	1.000	0.804
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	622	0.044	0.295	0.251	0.290	1.000	0.804
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1152	0.150	0.425	0.275	0.428	1.000	0.804
PPP1R13L	chr19	4.54e+07	4.54e+07	682	0.183	0.452	0.269	0.486	1.000	0.804
HOXD11	chr2	1.76e+08	1.76e+08	395	0.174	0.439	0.265	0.428	1.000	0.804
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	827	0.121	0.351	0.230	0.271	1.000	0.804
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	535	0.035	0.276	0.241	0.224	1.000	0.804
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	369	0.045	0.281	0.236	0.273	1.000	0.804
PARK7	chr1	7.95e+06	7.95e+06	427	0.066	0.434	0.368	0.502	1.000	0.803
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	276	0.048	0.273	0.225	0.257	1.000	0.803
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	407	0.048	0.367	0.319	0.407	1.000	0.803
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	492	0.063	0.337	0.274	0.334	1.000	0.803
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	345	0.067	0.358	0.291	0.395	1.000	0.803
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	397	0.050	0.376	0.326	0.435	1.000	0.803

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TMEM176A;TMEM176B	chr7	1.51e+08	1.51e+08	282	0.170	0.477	0.307	0.519	1.000	0.803
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2647	0.073	0.300	0.227	0.278	1.000	0.803
FGF14	chr13	1.02e+08	1.02e+08	332	0.089	0.352	0.262	0.336	1.000	0.803
BDNF;RP11-587D21.4	chr11	2.77e+07	2.77e+07	386	0.113	0.398	0.285	0.388	1.000	0.803
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	351	0.034	0.251	0.217	0.171	1.000	0.803
ATXN8OS;KLHL1	chr13	7.01e+07	7.01e+07	324	0.088	0.358	0.270	0.280	1.000	0.803
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	241	0.117	0.377	0.260	0.369	1.000	0.803
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1063	0.179	0.334	0.155	0.136	1.000	0.803
CTD-2561J22.3	chr19	2.15e+07	2.15e+07	246	0.077	0.393	0.315	0.393	1.000	0.803
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	704	0.063	0.331	0.268	0.322	1.000	0.803
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1513	0.063	0.336	0.272	0.313	1.000	0.803
HIF1A-AS2;RP11-618G20.1	chr14	6.18e+07	6.18e+07	271	0.098	0.450	0.352	0.488	1.000	0.803
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr11	7.00e+07	7.00e+07	661	0.121	0.321	0.201	0.229	1.000	0.803
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	237	0.128	0.285	0.157	0.103	1.000	0.803
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	271	0.158	0.354	0.196	0.278	1.000	0.803
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	556	0.061	0.341	0.281	0.334	1.000	0.803
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	797	0.062	0.301	0.239	0.262	1.000	0.803
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	615	0.063	0.328	0.264	0.306	1.000	0.803
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	297	0.049	0.334	0.285	0.350	1.000	0.803
ATXN8OS;KLHL1	chr13	7.01e+07	7.01e+07	295	0.110	0.407	0.297	0.418	1.000	0.803
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	688	0.110	0.470	0.360	0.586	1.000	0.803
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	502	0.059	0.323	0.264	0.301	1.000	0.802
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	221	0.116	0.316	0.200	0.217	1.000	0.802
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1750	0.054	0.259	0.206	0.182	1.000	0.802
RP11-896J10.3;SFTA3	chr14	3.65e+07	3.65e+07	209	0.096	0.386	0.290	0.402	1.000	0.802
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	483	0.174	0.337	0.163	0.138	1.000	0.802
BHLHE22;RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	746	0.088	0.401	0.313	0.416	1.000	0.802
NXPH2	chr2	1.39e+08	1.39e+08	478	0.053	0.408	0.354	0.495	1.000	0.802
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	1256	0.072	0.327	0.255	0.269	1.000	0.802
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	972	0.097	0.345	0.248	0.318	1.000	0.802
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	538	0.070	0.330	0.260	0.294	1.000	0.802
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	261	0.093	0.375	0.282	0.376	1.000	0.802
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2057	0.073	0.302	0.229	0.280	1.000	0.802
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1048	0.071	0.285	0.213	0.217	1.000	0.802
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2018	0.072	0.305	0.234	0.290	1.000	0.802
PHACTR1	chr6	1.27e+07	1.28e+07	279	0.115	0.408	0.293	0.460	1.000	0.802

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PTPRT;RP1-269M15.3	chr20	4.32e+07	4.32e+07	558	0.052	0.351	0.299	0.360	1.000	0.802
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	314	0.075	0.350	0.275	0.355	1.000	0.802
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	728	0.115	0.373	0.258	0.393	1.000	0.802
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	349	0.054	0.384	0.330	0.453	1.000	0.802
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	390	0.086	0.367	0.281	0.367	1.000	0.802
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	290	0.046	0.362	0.317	0.374	1.000	0.802
MOS	chr8	5.61e+07	5.61e+07	640	0.085	0.299	0.214	0.187	1.000	0.802
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	973	0.176	0.340	0.163	0.154	1.000	0.801
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	214	0.047	0.364	0.317	0.416	1.000	0.801
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	691	0.049	0.294	0.244	0.236	1.000	0.801
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	438	0.138	0.521	0.383	0.617	1.000	0.801
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	262	0.129	0.417	0.288	0.409	1.000	0.801
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	728	0.076	0.258	0.182	0.077	1.000	0.801
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	809	0.127	0.455	0.329	0.561	1.000	0.801
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	619	0.062	0.321	0.259	0.292	1.000	0.801
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2115	0.072	0.302	0.229	0.283	1.000	0.801
RASAL1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	296	0.172	0.512	0.340	0.570	0.957	0.801
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1017	0.070	0.253	0.182	0.164	1.000	0.801
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1529	0.067	0.333	0.265	0.311	1.000	0.801
RP11-649A16.1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	228	0.135	0.331	0.196	0.222	1.000	0.801
PARK7	chr1	7.95e+06	7.95e+06	411	0.070	0.400	0.329	0.437	1.000	0.800
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	278	0.168	0.362	0.194	0.280	1.000	0.800
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	598	0.087	0.375	0.288	0.355	1.000	0.800
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1813	0.131	0.259	0.129	0.091	1.000	0.800
JAM3	chr11	1.34e+08	1.34e+08	325	0.035	0.268	0.233	0.206	1.000	0.800
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	336	0.048	0.390	0.342	0.472	1.000	0.800
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1064	0.178	0.342	0.164	0.159	1.000	0.800
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	390	0.033	0.264	0.231	0.208	1.000	0.800
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	678	0.185	0.337	0.151	0.157	1.000	0.800
SYNPO2L	chr10	7.36e+07	7.36e+07	221	0.074	0.378	0.304	0.397	1.000	0.800
LHX5	chr12	1.13e+08	1.13e+08	460	0.074	0.404	0.330	0.451	1.000	0.800
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	865	0.079	0.266	0.187	0.166	1.000	0.800
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	268	0.137	0.335	0.198	0.250	1.000	0.800
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2035	0.074	0.306	0.232	0.287	1.000	0.800
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	883	0.046	0.303	0.256	0.322	1.000	0.800
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1363	0.067	0.321	0.254	0.294	1.000	0.800
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	559	0.058	0.321	0.262	0.299	1.000	0.800
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	899	0.045	0.300	0.255	0.308	1.000	0.800
AMH;JSRP1;MIR433	chr19	2.25e+06	2.25e+06	704	0.131	0.465	0.334	0.568	1.000	0.799
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	724	0.169	0.423	0.254	0.432	1.000	0.799
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	544	0.093	0.363	0.270	0.390	1.000	0.799

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PDE1C	chr7	3.23e+07	3.23e+07	393	0.090	0.410	0.320	0.444	1.000	0.799
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	665	0.056	0.303	0.247	0.241	1.000	0.799
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	334	0.074	0.383	0.309	0.383	1.000	0.799
VGLL2	chr6	1.17e+08	1.17e+08	436	0.129	0.374	0.245	0.355	1.000	0.799
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	254	0.162	0.356	0.194	0.271	1.000	0.799
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1330	0.082	0.318	0.236	0.227	1.000	0.799
RP11-370I10.12	chr12	4.82e+07	4.82e+07	277	0.158	0.465	0.307	0.533	0.957	0.799
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	504	0.047	0.384	0.337	0.432	1.000	0.799
PDE1C	chr7	3.23e+07	3.23e+07	420	0.090	0.410	0.320	0.444	1.000	0.799
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	698	0.047	0.288	0.241	0.227	1.000	0.799
RP11-498M14.2	chr1	2.43e+08	2.43e+08	207	0.084	0.364	0.280	0.334	1.000	0.799
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1955	0.158	0.441	0.283	0.460	1.000	0.799
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	404	0.114	0.417	0.303	0.428	1.000	0.799
PARK7	chr1	7.95e+06	7.95e+06	488	0.066	0.411	0.346	0.465	1.000	0.799
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	710	0.043	0.283	0.240	0.236	1.000	0.798
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	716	0.041	0.282	0.241	0.245	1.000	0.798
RP5-1065O2.4	chr20	2.17e+07	2.17e+07	604	0.085	0.265	0.180	0.138	1.000	0.798
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	562	0.153	0.376	0.223	0.332	1.000	0.798
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1204	0.158	0.484	0.326	0.589	1.000	0.798
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	886	0.084	0.346	0.262	0.357	1.000	0.798
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	734	0.057	0.341	0.283	0.336	1.000	0.798
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	417	0.079	0.290	0.211	0.231	1.000	0.798
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1043	0.177	0.336	0.159	0.138	1.000	0.798
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	492	0.080	0.283	0.203	0.192	1.000	0.798
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	398	0.033	0.339	0.307	0.395	1.000	0.798
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	269	0.064	0.385	0.322	0.381	1.000	0.798
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	1067	0.071	0.273	0.202	0.201	1.000	0.798
FOXL1	chr16	8.66e+07	8.66e+07	644	0.151	0.414	0.263	0.390	1.000	0.798
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1531	0.070	0.329	0.259	0.304	1.000	0.798
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1270	0.073	0.282	0.209	0.180	1.000	0.798
IRX1	chr5	3.59e+06	3.60e+06	623	0.102	0.388	0.285	0.379	1.000	0.798
MOS	chr8	5.61e+07	5.61e+07	421	0.117	0.313	0.196	0.161	1.000	0.798
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	205	0.167	0.365	0.198	0.297	1.000	0.798
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	261	0.172	0.364	0.192	0.285	1.000	0.797
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	633	0.110	0.458	0.348	0.575	1.000	0.797
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	563	0.057	0.314	0.257	0.287	1.000	0.797
HPSE2	chr10	9.92e+07	9.92e+07	228	0.172	0.453	0.282	0.509	1.000	0.797
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	640	0.054	0.303	0.249	0.271	1.000	0.797
KCNJ9	chr1	1.60e+08	1.60e+08	273	0.179	0.457	0.278	0.533	1.000	0.797
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	698	0.062	0.323	0.261	0.306	1.000	0.797
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	204	0.117	0.315	0.198	0.206	1.000	0.797
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	969	0.104	0.349	0.245	0.306	1.000	0.797
RASAL1	chr12	1.13e+08	1.13e+08	218	0.150	0.483	0.333	0.526	1.000	0.797
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	277	0.044	0.339	0.295	0.367	1.000	0.797

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	387	0.145	0.441	0.296	0.472	1.000	0.797
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1471	0.079	0.356	0.277	0.355	1.000	0.797
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	232	0.100	0.291	0.191	0.171	1.000	0.797
KCNJ9	chr1	1.60e+08	1.60e+08	289	0.131	0.419	0.287	0.423	1.000	0.797
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1157	0.116	0.286	0.170	0.180	1.000	0.796
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	203	0.163	0.373	0.210	0.311	1.000	0.796
TMEM176A;TMEM176B	chr7	1.51e+08	1.51e+08	466	0.116	0.366	0.250	0.334	1.000	0.796
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	633	0.051	0.396	0.345	0.423	1.000	0.796
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	329	0.121	0.331	0.210	0.203	1.000	0.796
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	787	0.083	0.272	0.190	0.121	1.000	0.796
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	742	0.043	0.277	0.234	0.236	1.000	0.796
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	203	0.045	0.363	0.319	0.423	1.000	0.796
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	264	0.048	0.358	0.309	0.397	1.000	0.796
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	967	0.157	0.523	0.366	0.603	1.000	0.796
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	274	0.046	0.349	0.303	0.371	1.000	0.796
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	489	0.100	0.413	0.313	0.460	1.000	0.796
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1509	0.178	0.337	0.159	0.145	1.000	0.796
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	385	0.071	0.369	0.298	0.376	1.000	0.796
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	329	0.157	0.322	0.165	0.124	1.000	0.796
RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	202	0.108	0.395	0.287	0.388	1.000	0.796
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	225	0.084	0.356	0.272	0.362	1.000	0.796
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1379	0.071	0.320	0.249	0.290	1.000	0.796
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	734	0.106	0.456	0.351	0.505	1.000	0.796
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	763	0.067	0.290	0.224	0.227	1.000	0.796
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	793	0.099	0.395	0.296	0.386	1.000	0.796
TMEM176A;TMEM176B	chr7	1.51e+08	1.51e+08	503	0.089	0.347	0.258	0.327	1.000	0.796
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1427	0.085	0.357	0.272	0.350	1.000	0.796
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1031	0.099	0.381	0.282	0.404	1.000	0.796
VGLL2	chr6	1.17e+08	1.17e+08	729	0.102	0.317	0.215	0.264	1.000	0.796
FOXL1	chr16	8.66e+07	8.66e+07	505	0.184	0.453	0.269	0.484	1.000	0.796
TMEM176A;TMEM176B	chr7	1.51e+08	1.51e+08	537	0.079	0.329	0.250	0.290	1.000	0.796
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	630	0.127	0.413	0.286	0.404	1.000	0.795
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	740	0.070	0.315	0.244	0.287	1.000	0.795
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	245	0.045	0.335	0.290	0.355	1.000	0.795
CLEC4G	chr19	7.73e+06	7.73e+06	477	0.117	0.315	0.198	0.187	1.000	0.795
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	917	0.103	0.345	0.242	0.301	1.000	0.795
TMEM176A;TMEM176B	chr7	1.51e+08	1.51e+08	468	0.105	0.364	0.259	0.346	1.000	0.795
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	672	0.052	0.294	0.243	0.248	1.000	0.795
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	684	0.046	0.286	0.240	0.248	1.000	0.795
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1536	0.075	0.379	0.304	0.437	1.000	0.795
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	742	0.095	0.380	0.285	0.353	1.000	0.795

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	940	0.073	0.288	0.215	0.199	1.000	0.795
IRAK2	chr3	1.02e+07	1.02e+07	391	0.062	0.379	0.317	0.393	1.000	0.795
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1622	0.112	0.276	0.164	0.164	1.000	0.795
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	319	0.055	0.332	0.277	0.346	1.000	0.795
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	251	0.140	0.336	0.196	0.243	1.000	0.795
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	316	0.075	0.344	0.269	0.353	1.000	0.795
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	557	0.087	0.383	0.296	0.386	1.000	0.795
FGF14	chr13	1.02e+08	1.02e+08	385	0.119	0.334	0.215	0.294	1.000	0.795
TMEM176A;TMEM	chr7	1.51e+08	1.51e+08	543	0.070	0.322	0.252	0.285	1.000	0.795
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	242	0.047	0.347	0.299	0.371	1.000	0.795
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	800	0.096	0.390	0.295	0.369	1.000	0.795
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr18	7.72e+07	7.73e+07	216	0.052	0.364	0.312	0.407	1.000	0.794
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	216	0.052	0.364	0.312	0.407	1.000	0.794
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	690	0.043	0.285	0.242	0.252	1.000	0.794
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	506	0.063	0.388	0.325	0.463	1.000	0.794
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	243	0.048	0.327	0.279	0.346	1.000	0.794
BARHL1	chr9	1.33e+08	1.33e+08	232	0.075	0.333	0.258	0.271	1.000	0.794
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	772	0.063	0.270	0.206	0.178	1.000	0.794
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	642	0.058	0.316	0.259	0.297	1.000	0.794
NBEA	chr13	3.55e+07	3.55e+07	422	0.152	0.387	0.234	0.313	1.000	0.794
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	231	0.088	0.311	0.223	0.236	1.000	0.794
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	707	0.071	0.269	0.198	0.180	1.000	0.794
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	240	0.051	0.339	0.288	0.362	1.000	0.794
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	232	0.051	0.356	0.306	0.386	1.000	0.794
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	270	0.046	0.360	0.314	0.362	1.000	0.794
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	698	0.155	0.466	0.310	0.563	1.000	0.794
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	872	0.076	0.298	0.222	0.220	1.000	0.794
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	270	0.185	0.374	0.189	0.283	1.000	0.794
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	628	0.054	0.382	0.328	0.348	1.000	0.794
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	301	0.054	0.257	0.203	0.119	1.000	0.794
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	844	0.097	0.439	0.341	0.484	1.000	0.794
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	262	0.092	0.392	0.299	0.435	1.000	0.794
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	248	0.064	0.387	0.322	0.388	1.000	0.794
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	283	0.044	0.349	0.305	0.350	1.000	0.794
KCNA1	chr12	4.91e+06	4.91e+06	207	0.042	0.358	0.315	0.357	1.000	0.794
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	670	0.079	0.292	0.212	0.236	1.000	0.794
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1533	0.074	0.328	0.254	0.304	1.000	0.794
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1488	0.178	0.332	0.154	0.133	1.000	0.794
GALR1	chr18	7.72e+07	7.73e+07	230	0.055	0.349	0.294	0.367	1.000	0.794
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	918	0.077	0.406	0.328	0.470	1.000	0.794
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	803	0.077	0.288	0.212	0.173	1.000	0.794
KCNK9	chr8	1.40e+08	1.40e+08	222	0.107	0.392	0.284	0.458	1.000	0.794

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTD-2583A14.9;ZNF814	chr19	5.79e+07	5.79e+07	309	0.122	0.357	0.235	0.313	1.000	0.794
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1339	0.091	0.316	0.225	0.222	1.000	0.793
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	327	0.170	0.478	0.308	0.612	1.000	0.793
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	528	0.111	0.473	0.362	0.582	1.000	0.793
KANK1	chr9	7.07e+05	7.07e+05	222	0.057	0.299	0.242	0.304	1.000	0.793
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	778	0.062	0.254	0.191	0.114	1.000	0.793
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	243	0.059	0.268	0.209	0.192	1.000	0.793
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1256	0.080	0.381	0.301	0.435	1.000	0.793
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	1028	0.152	0.491	0.338	0.593	1.000	0.793
FOXE1	chr9	9.79e+07	9.79e+07	674	0.078	0.350	0.272	0.301	1.000	0.793
ATXN8OS;KLHL1	chr13	7.01e+07	7.01e+07	216	0.118	0.440	0.322	0.481	1.000	0.793
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1291	0.046	0.289	0.243	0.290	1.000	0.793
HOXD11	chr2	1.76e+08	1.76e+08	390	0.190	0.441	0.251	0.442	1.000	0.793
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	898	0.070	0.293	0.223	0.222	1.000	0.793
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1772	0.062	0.332	0.269	0.313	1.000	0.793
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	230	0.102	0.391	0.289	0.411	1.000	0.792
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1077	0.173	0.331	0.158	0.140	1.000	0.792
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	793	0.058	0.225	0.167	0.040	1.000	0.792
ZNF418	chr19	5.79e+07	5.79e+07	352	0.091	0.409	0.318	0.407	1.000	0.792
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1254	0.076	0.395	0.319	0.453	1.000	0.792
VGLL2	chr6	1.17e+08	1.17e+08	579	0.100	0.334	0.234	0.306	1.000	0.792
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1275	0.047	0.290	0.243	0.294	1.000	0.792
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1730	0.063	0.345	0.282	0.339	1.000	0.792
ZNF418	chr19	5.79e+07	5.79e+07	348	0.092	0.406	0.314	0.400	1.000	0.792
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	281	0.040	0.366	0.326	0.421	1.000	0.792
RP11-19E11.1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1021	0.157	0.408	0.252	0.395	1.000	0.792
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	781	0.060	0.238	0.178	0.063	1.000	0.792
RYR2	chr1	2.37e+08	2.37e+08	236	0.108	0.459	0.351	0.533	1.000	0.792
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	486	0.079	0.329	0.250	0.339	1.000	0.792
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	526	0.073	0.272	0.199	0.168	1.000	0.792
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1772	0.069	0.356	0.286	0.374	1.000	0.792
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1545	0.077	0.327	0.250	0.299	1.000	0.792
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	208	0.091	0.403	0.312	0.465	1.000	0.792
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	276	0.074	0.384	0.310	0.397	1.000	0.792
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	226	0.069	0.393	0.324	0.493	1.000	0.792
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	661	0.049	0.295	0.245	0.283	1.000	0.792
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	999	0.067	0.310	0.243	0.273	1.000	0.792
FOXL1	chr16	8.66e+07	8.66e+07	617	0.137	0.394	0.256	0.357	1.000	0.792
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	408	0.051	0.283	0.232	0.273	1.000	0.792
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	821	0.095	0.380	0.284	0.341	1.000	0.792
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	304	0.061	0.293	0.232	0.173	1.000	0.792
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1850	0.064	0.326	0.262	0.297	1.000	0.792

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	838	0.197	0.345	0.148	0.168	1.000	0.792
AMH;JSRP1;MIR4321	chr19	2.25e+06	2.25e+06	501	0.160	0.497	0.337	0.598	1.000	0.792
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1051	0.089	0.385	0.296	0.428	1.000	0.792
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	730	0.124	0.381	0.257	0.414	1.000	0.792
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	860	0.052	0.339	0.287	0.339	1.000	0.792
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	372	0.162	0.399	0.237	0.379	1.000	0.792
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	372	0.062	0.357	0.295	0.376	1.000	0.792
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	223	0.069	0.345	0.275	0.318	1.000	0.791
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1381	0.073	0.317	0.243	0.287	1.000	0.791
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	413	0.129	0.448	0.319	0.519	1.000	0.791
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	294	0.169	0.342	0.173	0.175	1.000	0.791
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	225	0.048	0.262	0.213	0.243	1.000	0.791
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	211	0.055	0.290	0.234	0.215	1.000	0.791
HOXD- AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	739	0.106	0.384	0.279	0.386	1.000	0.791
FOXL1	chr16	8.66e+07	8.66e+07	478	0.180	0.442	0.262	0.467	1.000	0.791
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1267	0.085	0.343	0.258	0.313	1.000	0.791
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	305	0.073	0.355	0.282	0.341	1.000	0.791
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	376	0.056	0.308	0.252	0.215	1.000	0.791
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	750	0.087	0.299	0.212	0.238	1.000	0.791
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	415	0.074	0.417	0.344	0.479	1.000	0.791
MAP3K14- AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	233	0.071	0.370	0.299	0.346	1.000	0.791
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1439	0.055	0.323	0.269	0.313	1.000	0.791
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	484	0.033	0.330	0.297	0.388	1.000	0.791
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	523	0.047	0.276	0.229	0.250	1.000	0.791
CTC- 359M8.1;POU4F3;RI 449H3.3	chr5	1.46e+08	1.46e+08	475	0.112	0.311	0.200	0.203	1.000	0.791
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr7	2.72e+07	2.72e+07	288	0.080	0.375	0.295	0.369	1.000	0.791
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	288	0.080	0.375	0.295	0.369	1.000	0.791
SLC6A3	chr5	1.44e+06	1.45e+06	716	0.045	0.279	0.234	0.245	1.000	0.790
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	230	0.051	0.270	0.219	0.192	1.000	0.790
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	360	0.115	0.331	0.216	0.241	1.000	0.790
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	845	0.067	0.261	0.194	0.161	1.000	0.790
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	231	0.033	0.312	0.279	0.355	1.000	0.790
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	889	0.066	0.341	0.274	0.322	1.000	0.790
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	344	0.068	0.418	0.350	0.467	1.000	0.790
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	1056	0.171	0.324	0.153	0.119	1.000	0.790
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	431	0.048	0.279	0.231	0.266	1.000	0.790
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	684	0.047	0.290	0.243	0.285	1.000	0.790

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	702	0.072	0.329	0.257	0.341	1.000	0.790
RP11-370I10.12	chr12	4.82e+07	4.82e+07	472	0.190	0.471	0.282	0.516	0.957	0.790
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	383	0.099	0.267	0.168	0.124	1.000	0.790
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	703	0.108	0.292	0.184	0.168	1.000	0.790
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	675	0.037	0.341	0.304	0.379	1.000	0.790
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1035	0.168	0.308	0.140	0.152	1.000	0.790
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	387	0.050	0.258	0.209	0.199	1.000	0.790
ZNF148	chr3	1.25e+08	1.25e+08	248	0.067	0.329	0.261	0.304	1.000	0.790
PARK7	chr1	7.95e+06	7.95e+06	231	0.075	0.363	0.288	0.353	1.000	0.790
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	315	0.171	0.418	0.247	0.418	1.000	0.790
NBEA	chr13	3.55e+07	3.55e+07	493	0.180	0.407	0.227	0.341	1.000	0.790
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	209	0.052	0.259	0.207	0.231	1.000	0.790
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	386	0.103	0.306	0.203	0.199	1.000	0.790
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	360	0.110	0.402	0.293	0.456	1.000	0.790
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	540	0.176	0.327	0.151	0.126	1.000	0.790
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	457	0.095	0.384	0.289	0.364	1.000	0.790
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	749	0.108	0.412	0.304	0.458	1.000	0.790
BARHL1	chr9	1.33e+08	1.33e+08	588	0.113	0.317	0.204	0.187	1.000	0.790
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	387	0.050	0.306	0.255	0.229	1.000	0.790
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	845	0.072	0.340	0.268	0.311	1.000	0.790
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1809	0.080	0.319	0.239	0.283	1.000	0.790
RP11-742D12.2;ST8SIA5	chr18	4.68e+07	4.68e+07	701	0.113	0.431	0.318	0.491	1.000	0.790
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	315	0.088	0.371	0.283	0.362	1.000	0.789
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	427	0.180	0.371	0.191	0.273	1.000	0.789
CASR	chr3	1.22e+08	1.22e+08	426	0.057	0.346	0.289	0.313	1.000	0.789
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	437	0.046	0.269	0.224	0.238	1.000	0.789
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	911	0.174	0.322	0.148	0.121	1.000	0.789
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1481	0.055	0.304	0.250	0.259	1.000	0.789
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	346	0.079	0.357	0.278	0.341	1.000	0.789
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	315	0.146	0.342	0.196	0.229	1.000	0.789
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	971	0.076	0.302	0.226	0.220	1.000	0.789
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	272	0.199	0.497	0.298	0.621	1.000	0.789
TMEM176A;TMEM176B	chr7	1.51e+08	1.51e+08	446	0.130	0.360	0.230	0.304	1.000	0.789
C18orf42	chr18	5.20e+06	5.20e+06	257	0.110	0.391	0.281	0.379	1.000	0.789
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	356	0.091	0.370	0.279	0.357	1.000	0.789
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	1021	0.167	0.375	0.208	0.306	1.000	0.789
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	974	0.081	0.399	0.317	0.460	1.000	0.789
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	987	0.088	0.408	0.320	0.432	1.000	0.789

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NBEA	chr13	3.55e+07	3.55e+07	396	0.177	0.410	0.233	0.362	1.000	0.789
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	418	0.108	0.451	0.343	0.558	1.000	0.789
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1492	0.073	0.353	0.281	0.369	1.000	0.789
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	852	0.192	0.351	0.158	0.175	1.000	0.789
RASGEF1A	chr10	4.32e+07	4.32e+07	293	0.120	0.489	0.370	0.558	1.000	0.789
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	677	0.097	0.356	0.259	0.390	1.000	0.789
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	520	0.079	0.280	0.201	0.185	1.000	0.789
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	769	0.093	0.409	0.316	0.465	1.000	0.789
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	658	0.105	0.333	0.228	0.266	1.000	0.789
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	221	0.053	0.339	0.286	0.315	1.000	0.789
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	897	0.077	0.271	0.194	0.189	1.000	0.789
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	1287	0.079	0.353	0.273	0.350	1.000	0.789
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	303	0.028	0.398	0.370	0.449	1.000	0.789
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	1041	0.063	0.249	0.186	0.143	1.000	0.789
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	321	0.123	0.455	0.332	0.563	1.000	0.789
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	638	0.085	0.414	0.328	0.500	1.000	0.789
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1192	0.054	0.307	0.252	0.283	1.000	0.789
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	426	0.098	0.451	0.353	0.540	1.000	0.788
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	690	0.045	0.280	0.236	0.269	1.000	0.788
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	393	0.091	0.358	0.268	0.322	1.000	0.788
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	298	0.096	0.390	0.294	0.393	1.000	0.788
CIDEB;LTB4R;LTB4	chr14	2.43e+07	2.43e+07	238	0.140	0.463	0.323	0.554	1.000	0.788
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	227	0.082	0.349	0.267	0.360	1.000	0.788
ZFP64	chr20	5.21e+07	5.21e+07	485	0.065	0.360	0.295	0.327	1.000	0.788
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	938	0.050	0.300	0.250	0.306	1.000	0.788
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	364	0.083	0.422	0.339	0.521	1.000	0.788
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	642	0.071	0.343	0.271	0.327	1.000	0.788
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	327	0.075	0.305	0.230	0.248	1.000	0.788
FOXL1	chr16	8.66e+07	8.66e+07	279	0.195	0.428	0.232	0.395	1.000	0.788
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1554	0.062	0.331	0.269	0.318	1.000	0.788
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	281	0.089	0.389	0.300	0.390	1.000	0.788
CIDEB;LTB4R;LTB4	chr14	2.43e+07	2.43e+07	209	0.131	0.415	0.284	0.472	1.000	0.788
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	248	0.047	0.332	0.285	0.329	1.000	0.788
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	470	0.089	0.457	0.369	0.565	1.000	0.788
MDGA2	chr14	4.77e+07	4.77e+07	236	0.082	0.399	0.317	0.421	1.000	0.788
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	433	0.103	0.432	0.330	0.519	1.000	0.788
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	454	0.108	0.391	0.283	0.400	1.000	0.788
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	286	0.196	0.488	0.292	0.586	1.000	0.788

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	396	0.194	0.509	0.315	0.607	1.000	0.788
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	507	0.151	0.499	0.349	0.596	1.000	0.788
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1271	0.102	0.342	0.240	0.297	1.000	0.788
SLC12A5	chr20	4.61e+07	4.61e+07	456	0.189	0.356	0.167	0.220	1.000	0.788
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	440	0.092	0.450	0.357	0.533	1.000	0.788
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	744	0.117	0.377	0.260	0.407	1.000	0.788
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	422	0.147	0.390	0.243	0.383	1.000	0.788
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	536	0.086	0.449	0.362	0.547	1.000	0.788
RASGEF1A	chr10	4.32e+07	4.32e+07	224	0.144	0.540	0.396	0.617	1.000	0.788
PDE1C	chr7	3.23e+07	3.23e+07	330	0.102	0.394	0.292	0.407	1.000	0.788
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	220	0.054	0.202	0.148	0.061	1.000	0.788
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	508	0.099	0.401	0.302	0.400	1.000	0.788
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	619	0.091	0.368	0.277	0.376	1.000	0.788
AMH;JSRP1;MIR432	chr19	2.25e+06	2.25e+06	522	0.136	0.477	0.341	0.582	1.000	0.788
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1183	0.110	0.348	0.238	0.304	1.000	0.788
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	260	0.195	0.503	0.308	0.647	1.000	0.788
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	402	0.126	0.393	0.267	0.402	1.000	0.788
CASR	chr3	1.22e+08	1.22e+08	505	0.057	0.327	0.269	0.299	1.000	0.788
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1674	0.063	0.308	0.245	0.257	1.000	0.788
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	492	0.069	0.399	0.330	0.456	1.000	0.788
IRAK2	chr3	1.02e+07	1.02e+07	501	0.057	0.355	0.298	0.367	1.000	0.787
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1695	0.065	0.320	0.255	0.283	1.000	0.787
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	598	0.078	0.342	0.264	0.318	1.000	0.787
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	394	0.106	0.327	0.221	0.304	1.000	0.787
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	967	0.045	0.285	0.240	0.280	1.000	0.787
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	536	0.134	0.433	0.299	0.456	1.000	0.787
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1596	0.061	0.314	0.253	0.283	1.000	0.787
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	825	0.077	0.264	0.187	0.178	1.000	0.787
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1083	0.048	0.277	0.230	0.250	1.000	0.787
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	215	0.056	0.337	0.281	0.325	1.000	0.787
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	567	0.082	0.338	0.255	0.299	1.000	0.787
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	294	0.200	0.475	0.275	0.568	1.000	0.787
TBR1	chr2	1.61e+08	1.61e+08	323	0.153	0.381	0.228	0.318	1.000	0.787
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	331	0.053	0.276	0.224	0.259	1.000	0.787
IRAK2	chr3	1.02e+07	1.02e+07	487	0.062	0.380	0.318	0.439	1.000	0.787
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1383	0.077	0.318	0.240	0.285	1.000	0.787
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1653	0.066	0.334	0.268	0.315	1.000	0.787
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1773	0.066	0.315	0.249	0.278	1.000	0.787
PDE1C	chr7	3.23e+07	3.23e+07	303	0.109	0.386	0.277	0.383	1.000	0.787
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	961	0.047	0.295	0.247	0.292	1.000	0.787

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1559	0.058	0.299	0.241	0.248	1.000	0.787
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1384	0.182	0.329	0.146	0.173	1.000	0.787
RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	313	0.099	0.256	0.157	0.100	1.000	0.787
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	551	0.059	0.356	0.298	0.343	1.000	0.787
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	876	0.182	0.334	0.152	0.147	1.000	0.787
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	486	0.043	0.377	0.334	0.442	1.000	0.787
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	344	0.097	0.444	0.347	0.542	1.000	0.786
HOXD- AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	515	0.096	0.395	0.299	0.381	1.000	0.786
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1726	0.062	0.310	0.248	0.271	1.000	0.786
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	291	0.106	0.404	0.298	0.402	1.000	0.786
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1752	0.118	0.260	0.142	0.103	1.000	0.786
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	542	0.031	0.306	0.275	0.343	1.000	0.786
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	724	0.073	0.329	0.256	0.334	1.000	0.786
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	234	0.161	0.496	0.335	0.650	0.978	0.786
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	597	0.081	0.360	0.280	0.350	1.000	0.786
HOXD- AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	202	0.099	0.397	0.298	0.364	1.000	0.786
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	289	0.031	0.287	0.256	0.297	1.000	0.786
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1648	0.060	0.315	0.255	0.278	1.000	0.786
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	574	0.102	0.379	0.277	0.374	1.000	0.786
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	331	0.034	0.361	0.326	0.439	1.000	0.786
CTD- 2269F5.1;EDIL3	chr5	8.44e+07	8.44e+07	299	0.081	0.434	0.353	0.493	1.000	0.786
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	863	0.065	0.417	0.352	0.498	1.000	0.786
CIDEB;LTB4R;LTB4R	chr14	2.43e+07	2.43e+07	446	0.138	0.440	0.302	0.521	1.000	0.786
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	251	0.076	0.341	0.266	0.350	1.000	0.786
KANK1	chr9	7.07e+05	7.07e+05	245	0.062	0.282	0.220	0.262	1.000	0.786
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	308	0.197	0.471	0.274	0.542	1.000	0.786
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	511	0.054	0.359	0.305	0.350	1.000	0.785
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	748	0.113	0.374	0.261	0.407	1.000	0.785
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1606	0.061	0.330	0.270	0.315	1.000	0.785
NPTX2	chr7	9.86e+07	9.86e+07	510	0.110	0.327	0.217	0.322	1.000	0.785
OPLAH;CTD- 3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	511	0.163	0.458	0.294	0.584	1.000	0.785
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	212	0.028	0.274	0.246	0.283	1.000	0.785
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	282	0.197	0.473	0.276	0.582	1.000	0.785
ZFP64	chr20	5.21e+07	5.21e+07	432	0.082	0.362	0.280	0.325	1.000	0.785
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	410	0.056	0.325	0.269	0.276	1.000	0.785
IRAK2	chr3	1.02e+07	1.02e+07	396	0.069	0.378	0.309	0.404	1.000	0.785
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1015	0.071	0.310	0.239	0.273	1.000	0.785
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	719	0.114	0.347	0.233	0.301	1.000	0.785
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	288	0.054	0.361	0.308	0.369	1.000	0.785
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	855	0.076	0.323	0.248	0.290	1.000	0.785
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1234	0.054	0.287	0.233	0.215	1.000	0.785
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	628	0.137	0.367	0.231	0.320	1.000	0.785

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	985	0.177	0.324	0.147	0.131	1.000	0.785
HOXD- AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	223	0.098	0.382	0.284	0.341	1.000	0.785
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	399	0.110	0.437	0.326	0.519	1.000	0.785
CCK;RP11- 333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	468	0.094	0.271	0.177	0.150	1.000	0.785
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	342	0.102	0.280	0.178	0.201	1.000	0.785
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	257	0.054	0.353	0.300	0.355	1.000	0.785
RP11-19E11.1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	872	0.142	0.419	0.276	0.425	1.000	0.785
ZNF418	chr19	5.79e+07	5.79e+07	335	0.092	0.401	0.309	0.388	1.000	0.785
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	354	0.049	0.273	0.224	0.252	1.000	0.785
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	400	0.179	0.445	0.266	0.474	1.000	0.785
TRBC2;TRBJ2- 4;TRBJ2- 5;TRBJ2- 6;TRBJ2- 7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	210	0.037	0.227	0.190	0.145	1.000	0.785
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	299	0.028	0.277	0.249	0.285	1.000	0.785
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	552	0.029	0.294	0.266	0.325	1.000	0.785
HOXD- AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	536	0.095	0.382	0.287	0.346	1.000	0.784
PDXK	chr21	4.37e+07	4.37e+07	235	0.172	0.425	0.252	0.528	0.978	0.784
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1395	0.081	0.318	0.237	0.280	1.000	0.784
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	564	0.067	0.402	0.335	0.465	1.000	0.784
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	761	0.037	0.332	0.296	0.371	1.000	0.784
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	680	0.197	0.338	0.141	0.157	1.000	0.784
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	530	0.194	0.526	0.333	0.610	1.000	0.784
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	740	0.060	0.345	0.284	0.308	1.000	0.784
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	613	0.165	0.521	0.357	0.607	1.000	0.784
ZIC1	chr3	1.47e+08	1.47e+08	570	0.187	0.379	0.192	0.311	1.000	0.784
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	398	0.062	0.373	0.311	0.407	1.000	0.784
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	395	0.086	0.395	0.308	0.477	1.000	0.784
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	507	0.056	0.350	0.294	0.334	1.000	0.784
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	439	0.115	0.456	0.341	0.554	1.000	0.784
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	459	0.090	0.364	0.274	0.350	1.000	0.784
CYP2E1;RP11- 108K14.12	chr10	1.34e+08	1.34e+08	343	0.183	0.375	0.192	0.280	1.000	0.784
KIAA1614- AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	230	0.094	0.325	0.231	0.276	1.000	0.784
BNC1;RP11- 382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	1346	0.096	0.339	0.243	0.299	1.000	0.784
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	285	0.116	0.405	0.289	0.409	1.000	0.784
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	1106	0.108	0.338	0.229	0.283	1.000	0.784
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	530	0.088	0.367	0.279	0.353	1.000	0.784
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	275	0.097	0.387	0.290	0.390	1.000	0.784

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	807	0.136	0.410	0.274	0.414	1.000	0.784
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	235	0.123	0.358	0.236	0.311	1.000	0.784
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	372	0.076	0.355	0.279	0.362	1.000	0.784
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	1215	0.078	0.319	0.240	0.264	1.000	0.784
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	675	0.119	0.385	0.266	0.400	1.000	0.784
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	859	0.164	0.432	0.268	0.507	1.000	0.784
MTMR7	chr8	1.74e+07	1.74e+07	256	0.175	0.459	0.284	0.565	1.000	0.784
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	360	0.046	0.262	0.216	0.229	1.000	0.784
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	500	0.093	0.364	0.271	0.348	1.000	0.784
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	387	0.121	0.299	0.178	0.234	1.000	0.784
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	384	0.107	0.466	0.360	0.572	1.000	0.783
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	208	0.047	0.311	0.264	0.306	1.000	0.783
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	364	0.077	0.351	0.274	0.362	1.000	0.783
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	612	0.161	0.409	0.247	0.416	1.000	0.783
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	442	0.098	0.380	0.282	0.371	1.000	0.783
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1279	0.085	0.286	0.201	0.180	1.000	0.783
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1659	0.084	0.310	0.226	0.264	1.000	0.783
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	275	0.099	0.335	0.236	0.332	1.000	0.783
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	609	0.091	0.425	0.333	0.472	1.000	0.783
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	400	0.057	0.407	0.350	0.456	1.000	0.783
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	440	0.063	0.398	0.335	0.432	1.000	0.783
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	239	0.146	0.439	0.292	0.479	1.000	0.783
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1329	0.096	0.284	0.188	0.185	1.000	0.783
PCSK2	chr20	1.72e+07	1.72e+07	227	0.062	0.358	0.296	0.360	1.000	0.783
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	991	0.082	0.381	0.299	0.381	1.000	0.783
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	263	0.056	0.360	0.304	0.367	1.000	0.783
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	379	0.065	0.339	0.274	0.325	1.000	0.783
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	533	0.080	0.452	0.372	0.551	1.000	0.783
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	345	0.074	0.233	0.159	0.143	1.000	0.783
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	539	0.065	0.359	0.294	0.369	1.000	0.783
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1342	0.045	0.261	0.216	0.201	1.000	0.783
NCAM2	chr21	2.10e+07	2.10e+07	318	0.158	0.368	0.210	0.285	1.000	0.783
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	521	0.059	0.367	0.308	0.367	1.000	0.783
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	277	0.070	0.345	0.275	0.341	1.000	0.783
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	415	0.101	0.458	0.357	0.572	1.000	0.783
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	481	0.054	0.371	0.317	0.383	1.000	0.783
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	700	0.057	0.346	0.289	0.322	1.000	0.783

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	773	0.176	0.404	0.228	0.369	1.000	0.783
MAP3K14- AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	230	0.079	0.364	0.285	0.329	1.000	0.783
ZNF418	chr19	5.79e+07	5.79e+07	323	0.087	0.399	0.312	0.383	1.000	0.783
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1564	0.111	0.246	0.135	0.098	1.000	0.782
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	214	0.043	0.304	0.261	0.297	1.000	0.782
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	337	0.101	0.408	0.307	0.418	1.000	0.782
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	331	0.167	0.321	0.154	0.124	1.000	0.782
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	222	0.026	0.264	0.239	0.269	1.000	0.782
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	461	0.127	0.388	0.261	0.400	1.000	0.782
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	250	0.060	0.294	0.234	0.280	1.000	0.782
ADCY4;RP11- 934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	318	0.119	0.465	0.346	0.589	1.000	0.782
TRBC2;TRBJ2- 4;TRBJ2- 5;TRBJ2- 6;TRBJ2- 7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	391	0.029	0.296	0.267	0.287	1.000	0.782
PROX1;PROX1- AS1	chr1	2.14e+08	2.14e+08	640	0.115	0.341	0.226	0.285	1.000	0.782
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1312	0.058	0.284	0.225	0.203	1.000	0.782
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	731	0.054	0.356	0.302	0.383	1.000	0.782
ADCY4;RP11- 934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	423	0.091	0.457	0.366	0.549	1.000	0.782
ADCY4;RP11- 934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	437	0.085	0.454	0.369	0.537	1.000	0.782
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1446	0.066	0.334	0.267	0.311	1.000	0.782
LINC00643;RP11- 355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	484	0.060	0.259	0.199	0.182	1.000	0.782
ADCY4;RP11- 934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	467	0.082	0.462	0.380	0.575	1.000	0.782
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	524	0.191	0.326	0.135	0.133	1.000	0.782
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	435	0.106	0.391	0.284	0.390	1.000	0.782
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	258	0.071	0.335	0.264	0.346	1.000	0.781
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	342	0.162	0.323	0.161	0.196	1.000	0.781
CTD- 2269F5.1;EDIL3	chr5	8.44e+07	8.44e+07	611	0.063	0.330	0.267	0.311	1.000	0.781
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	433	0.154	0.379	0.226	0.343	1.000	0.781
CTD- 2269F5.1;EDIL3	chr5	8.44e+07	8.44e+07	424	0.074	0.385	0.312	0.423	1.000	0.781
RP3-462D8.2	chr22	2.53e+07	2.53e+07	658	0.067	0.320	0.253	0.334	1.000	0.781
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	819	0.035	0.311	0.277	0.355	1.000	0.781
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	432	0.080	0.291	0.211	0.224	1.000	0.781
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	553	0.170	0.315	0.145	0.114	1.000	0.781
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1330	0.050	0.289	0.239	0.290	1.000	0.781
HKR1	chr19	3.73e+07	3.73e+07	234	0.091	0.314	0.223	0.304	1.000	0.781
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1017	0.074	0.308	0.234	0.271	1.000	0.781

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	418	0.091	0.391	0.300	0.393	1.000	0.781
NBEA	chr13	3.55e+07	3.55e+07	342	0.099	0.321	0.222	0.250	1.000	0.781
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	253	0.127	0.401	0.274	0.397	1.000	0.781
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	396	0.061	0.404	0.343	0.439	1.000	0.781
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	216	0.040	0.280	0.240	0.283	1.000	0.781
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	271	0.132	0.422	0.291	0.463	1.000	0.781
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	696	0.059	0.336	0.278	0.301	1.000	0.781
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1182	0.088	0.281	0.193	0.199	1.000	0.781
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	945	0.068	0.426	0.358	0.514	1.000	0.781
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	308	0.053	0.336	0.283	0.325	1.000	0.781
NANOS3;MIR181C	chr19	1.39e+07	1.39e+07	201	0.068	0.420	0.351	0.432	1.000	0.781
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1378	0.080	0.351	0.271	0.343	1.000	0.781
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	243	0.105	0.376	0.270	0.360	1.000	0.781
FAM135B	chr8	1.38e+08	1.38e+08	580	0.093	0.323	0.230	0.294	1.000	0.781
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1304	0.139	0.354	0.215	0.285	1.000	0.780
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	272	0.193	0.365	0.172	0.245	1.000	0.780
RP3-462D8.2	chr22	2.53e+07	2.53e+07	285	0.085	0.346	0.262	0.386	1.000	0.780
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	268	0.113	0.434	0.321	0.530	1.000	0.780
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1353	0.048	0.286	0.238	0.280	1.000	0.780
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	565	0.061	0.357	0.296	0.346	1.000	0.780
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	437	0.064	0.395	0.330	0.432	1.000	0.780
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	217	0.050	0.346	0.296	0.371	1.000	0.780
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	829	0.032	0.301	0.269	0.336	1.000	0.780
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	422	0.131	0.317	0.186	0.236	1.000	0.780
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	266	0.055	0.320	0.265	0.287	1.000	0.780
ZNF521	chr18	2.53e+07	2.53e+07	203	0.100	0.304	0.204	0.187	1.000	0.780
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	772	0.055	0.314	0.259	0.306	1.000	0.780
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	477	0.056	0.362	0.306	0.362	1.000	0.780
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	339	0.053	0.348	0.295	0.350	1.000	0.780
NRG1	chr8	3.16e+07	3.16e+07	323	0.125	0.427	0.303	0.498	1.000	0.780
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1359	0.046	0.278	0.232	0.269	1.000	0.780
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	759	0.111	0.369	0.257	0.400	1.000	0.780
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	567	0.065	0.348	0.282	0.341	1.000	0.780
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	492	0.074	0.332	0.258	0.348	1.000	0.780
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	470	0.072	0.402	0.329	0.442	1.000	0.780
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	928	0.056	0.314	0.258	0.313	1.000	0.780
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	921	0.101	0.236	0.135	0.096	1.000	0.779
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	888	0.107	0.299	0.192	0.236	1.000	0.779
RP11-498M14.2	chr1	2.43e+08	2.43e+08	399	0.099	0.322	0.224	0.257	1.000	0.779
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	278	0.121	0.380	0.259	0.367	1.000	0.779
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	481	0.070	0.319	0.250	0.259	1.000	0.779
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	608	0.039	0.357	0.318	0.397	1.000	0.779

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	347	0.081	0.448	0.368	0.544	1.000	0.779
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	525	0.064	0.312	0.249	0.287	1.000	0.779
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	400	0.088	0.405	0.317	0.486	1.000	0.779
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	397	0.058	0.404	0.346	0.458	1.000	0.779
ZNF565	chr19	3.62e+07	3.62e+07	206	0.081	0.393	0.312	0.386	1.000	0.779
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	429	0.115	0.389	0.274	0.386	1.000	0.779
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	656	0.062	0.305	0.243	0.276	1.000	0.779
AC016582.2	chr19	3.79e+07	3.79e+07	205	0.185	0.435	0.249	0.388	1.000	0.779
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	314	0.055	0.345	0.289	0.343	1.000	0.779
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	205	0.072	0.405	0.334	0.456	1.000	0.779
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	1006	0.082	0.370	0.288	0.355	1.000	0.779
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1032	0.095	0.288	0.193	0.199	1.000	0.779
CCK;RP11- 333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	214	0.113	0.339	0.226	0.255	1.000	0.779
WT1;WT1- AS;WT1- AS_1;WT1- AS_2;WT1-AS_3	chr11	3.24e+07	3.24e+07	272	0.095	0.218	0.123	0.077	1.000	0.778
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	954	0.066	0.419	0.353	0.509	1.000	0.778
SLC6A3	chr5	1.45e+06	1.45e+06	240	0.045	0.294	0.249	0.278	1.000	0.778
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	476	0.079	0.463	0.384	0.551	1.000	0.778
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	264	0.056	0.267	0.211	0.241	1.000	0.778
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	838	0.086	0.286	0.200	0.210	1.000	0.778
AMH;JSRP1;MIR43	chr19	2.25e+06	2.25e+06	355	0.175	0.525	0.350	0.621	1.000	0.778
ADCY4;RP11- 934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	229	0.109	0.452	0.343	0.537	1.000	0.778
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	254	0.037	0.369	0.332	0.456	1.000	0.778
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	296	0.178	0.338	0.160	0.171	1.000	0.778
CCK;RP11- 333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	588	0.102	0.289	0.187	0.187	1.000	0.778
ZNF565	chr19	3.62e+07	3.62e+07	601	0.084	0.349	0.265	0.306	1.000	0.778
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	271	0.069	0.428	0.359	0.505	1.000	0.778
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	276	0.103	0.374	0.271	0.388	1.000	0.778
ADCY4;RP11- 934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	281	0.082	0.460	0.377	0.561	1.000	0.778
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	239	0.058	0.341	0.284	0.367	1.000	0.778
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	213	0.053	0.338	0.285	0.371	1.000	0.778
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1067	0.040	0.313	0.273	0.346	1.000	0.778
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	707	0.094	0.320	0.226	0.252	1.000	0.778
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1348	0.065	0.340	0.275	0.318	1.000	0.777
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	260	0.071	0.419	0.348	0.488	1.000	0.777
ADCY4;RP11- 934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	251	0.086	0.449	0.363	0.519	1.000	0.777
OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	222	0.070	0.324	0.255	0.276	1.000	0.777

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	204	0.032	0.232	0.199	0.194	1.000	0.777
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1369	0.083	0.347	0.265	0.341	1.000	0.777
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	206	0.068	0.363	0.295	0.411	1.000	0.777
OPCML	chr11	1.33e+08	1.33e+08	325	0.120	0.389	0.269	0.404	1.000	0.777
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	218	0.050	0.334	0.284	0.367	1.000	0.777
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	287	0.051	0.264	0.212	0.236	1.000	0.777
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	200	0.033	0.229	0.196	0.199	1.000	0.777
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	393	0.062	0.399	0.337	0.444	1.000	0.777
RP11-19E11.1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	1023	0.164	0.401	0.237	0.374	1.000	0.777
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	227	0.070	0.450	0.381	0.551	1.000	0.777
RP11-498M14.2	chr1	2.43e+08	2.43e+08	262	0.087	0.311	0.224	0.222	1.000	0.777
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	216	0.072	0.443	0.371	0.540	1.000	0.777
NANOS3;MIR181C	chr19	1.39e+07	1.39e+07	479	0.059	0.378	0.319	0.386	1.000	0.777
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	504	0.029	0.282	0.253	0.252	1.000	0.777
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2400	0.070	0.294	0.225	0.271	1.000	0.776
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	320	0.024	0.256	0.232	0.208	1.000	0.776
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	494	0.068	0.389	0.320	0.416	1.000	0.776
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	237	0.094	0.451	0.358	0.528	1.000	0.776
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	1022	0.079	0.352	0.272	0.327	1.000	0.776
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	309	0.072	0.341	0.269	0.327	1.000	0.776
ZNF565	chr19	3.62e+07	3.62e+07	294	0.083	0.361	0.278	0.343	1.000	0.776
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1825	0.115	0.346	0.230	0.273	1.000	0.776
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	389	0.071	0.337	0.266	0.315	1.000	0.776
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	712	0.071	0.267	0.196	0.168	1.000	0.776
AC010729.1;SOX11	chr2	5.70e+06	5.70e+06	256	0.081	0.450	0.368	0.516	1.000	0.776
CTD-2269F5.1;EDIL3	chr5	8.44e+07	8.44e+07	313	0.069	0.307	0.238	0.231	1.000	0.776
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1816	0.112	0.353	0.241	0.287	1.000	0.776
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	466	0.105	0.306	0.200	0.222	1.000	0.776
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	768	0.166	0.397	0.232	0.362	1.000	0.776
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	397	0.123	0.383	0.259	0.374	1.000	0.776
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	292	0.070	0.376	0.306	0.414	1.000	0.776
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	363	0.064	0.345	0.281	0.329	1.000	0.776

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	720	0.062	0.285	0.223	0.243	1.000	0.776
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	213	0.033	0.367	0.334	0.428	1.000	0.776
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	436	0.082	0.353	0.271	0.329	1.000	0.776
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	265	0.080	0.340	0.260	0.313	1.000	0.775
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	206	0.041	0.379	0.338	0.484	1.000	0.775
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	742	0.071	0.290	0.220	0.241	1.000	0.775
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	245	0.107	0.337	0.230	0.266	1.000	0.775
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	271	0.094	0.306	0.211	0.227	1.000	0.775
ADCY4;RP11-934B9.3	chr14	2.43e+07	2.43e+07	216	0.068	0.446	0.379	0.547	1.000	0.775
ZNF418	chr19	5.79e+07	5.79e+07	310	0.100	0.405	0.305	0.395	1.000	0.775
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	1048	0.073	0.339	0.266	0.311	1.000	0.775
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1241	0.081	0.321	0.240	0.320	1.000	0.775
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	496	0.095	0.370	0.276	0.355	1.000	0.775
PHACTR1	chr6	1.27e+07	1.28e+07	227	0.078	0.306	0.228	0.229	1.000	0.775
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1153	0.039	0.310	0.271	0.346	1.000	0.775
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	1036	0.077	0.346	0.270	0.313	1.000	0.775
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	280	0.081	0.389	0.309	0.460	1.000	0.775
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	293	0.048	0.254	0.205	0.217	1.000	0.775
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	607	0.090	0.354	0.263	0.339	1.000	0.775
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	280	0.144	0.435	0.291	0.481	1.000	0.775
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	475	0.049	0.281	0.232	0.259	1.000	0.775
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	960	0.065	0.350	0.285	0.360	1.000	0.775
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1695	0.118	0.373	0.255	0.325	1.000	0.775
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	337	0.072	0.333	0.261	0.334	1.000	0.775
LINC00526;LINC00667;RP11-835E18.5	chr11	5.24e+06	5.24e+06	308	0.033	0.266	0.233	0.287	1.000	0.775
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1296	0.071	0.315	0.244	0.287	1.000	0.775
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1019	0.079	0.310	0.232	0.273	1.000	0.775
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	302	0.127	0.376	0.249	0.327	1.000	0.775
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	274	0.062	0.358	0.295	0.346	1.000	0.775
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	707	0.063	0.274	0.212	0.206	1.000	0.775
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	240	0.055	0.281	0.226	0.217	1.000	0.775
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	644	0.140	0.348	0.208	0.292	1.000	0.775
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	276	0.054	0.315	0.261	0.287	1.000	0.775
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	1296	0.107	0.309	0.202	0.189	1.000	0.775
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	697	0.036	0.279	0.243	0.273	1.000	0.775
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	603	0.083	0.410	0.327	0.470	1.000	0.774

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	239	0.052	0.334	0.282	0.369	1.000	0.774
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	386	0.049	0.313	0.264	0.301	1.000	0.774
C1QL2	chr2	1.19e+08	1.19e+08	555	0.061	0.362	0.301	0.362	1.000	0.774
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	359	0.025	0.271	0.246	0.243	1.000	0.774
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	584	0.158	0.368	0.210	0.320	1.000	0.774
CADM2	chr3	8.50e+07	8.50e+07	200	0.111	0.387	0.276	0.404	1.000	0.774
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	227	0.049	0.232	0.183	0.213	1.000	0.774
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	462	0.070	0.344	0.274	0.329	1.000	0.774
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	652	0.089	0.277	0.188	0.185	1.000	0.774
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	396	0.046	0.301	0.254	0.276	1.000	0.774
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	533	0.157	0.417	0.260	0.474	1.000	0.774
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2378	0.069	0.293	0.224	0.266	1.000	0.774
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	928	0.103	0.300	0.197	0.245	1.000	0.774
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	317	0.129	0.422	0.294	0.451	1.000	0.774
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	398	0.054	0.342	0.288	0.329	1.000	0.774
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	424	0.122	0.327	0.205	0.271	1.000	0.774
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	1053	0.071	0.330	0.259	0.304	1.000	0.774
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	394	0.078	0.355	0.277	0.383	1.000	0.774
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	401	0.065	0.352	0.288	0.388	1.000	0.774
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	368	0.096	0.345	0.249	0.350	1.000	0.774
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	684	0.067	0.299	0.233	0.276	1.000	0.774
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1022	0.045	0.277	0.232	0.241	1.000	0.774
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	271	0.083	0.303	0.220	0.213	1.000	0.774
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	273	0.072	0.436	0.364	0.521	1.000	0.773
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	973	0.071	0.317	0.247	0.325	1.000	0.773
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	787	0.065	0.323	0.258	0.304	1.000	0.773
CADM2	chr3	8.50e+07	8.50e+07	242	0.118	0.380	0.262	0.388	1.000	0.773
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	558	0.080	0.463	0.383	0.551	1.000	0.773
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	211	0.051	0.331	0.279	0.355	1.000	0.773
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1261	0.073	0.312	0.240	0.308	1.000	0.773
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	239	0.149	0.430	0.281	0.460	1.000	0.773
CTD-2269F5.1;EDIL3	chr5	8.44e+07	8.44e+07	684	0.067	0.304	0.238	0.231	1.000	0.773
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	314	0.126	0.378	0.252	0.404	1.000	0.773
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	260	0.071	0.330	0.259	0.339	1.000	0.773
RP11-209K10.2	chr15	5.28e+07	5.28e+07	609	0.083	0.304	0.222	0.217	1.000	0.773
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	771	0.056	0.336	0.281	0.353	1.000	0.773
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1248	0.077	0.317	0.240	0.315	1.000	0.773
SORCS3	chr10	1.05e+08	1.05e+08	235	0.108	0.320	0.212	0.171	1.000	0.773
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	796	0.064	0.331	0.267	0.311	1.000	0.773

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	661	0.117	0.337	0.220	0.273	1.000	0.773
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	673	0.074	0.317	0.244	0.325	1.000	0.773
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	776	0.064	0.318	0.254	0.294	1.000	0.773
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	280	0.029	0.306	0.277	0.308	1.000	0.773
KIAA1614-AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	494	0.089	0.323	0.235	0.280	1.000	0.773
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	978	0.142	0.339	0.198	0.248	1.000	0.773
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	287	0.071	0.440	0.369	0.533	1.000	0.773
LRRC8D;RP11-302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	388	0.137	0.380	0.243	0.371	1.000	0.773
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	248	0.057	0.284	0.227	0.210	1.000	0.773
HCG4P11;HLA-F	chr6	2.97e+07	2.97e+07	275	0.037	0.202	0.165	0.150	1.000	0.773
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	874	0.072	0.353	0.282	0.346	1.000	0.773
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	394	0.118	0.308	0.190	0.217	1.000	0.773
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1274	0.069	0.308	0.239	0.304	1.000	0.772
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	229	0.073	0.457	0.384	0.556	1.000	0.772
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	451	0.066	0.298	0.233	0.285	1.000	0.772
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	567	0.075	0.447	0.373	0.544	1.000	0.772
GABRB3	chr15	2.68e+07	2.68e+07	969	0.091	0.276	0.185	0.182	1.000	0.772
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	716	0.060	0.253	0.194	0.140	1.000	0.772
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1358	0.084	0.347	0.262	0.332	1.000	0.772
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	915	0.125	0.388	0.264	0.386	1.000	0.772
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	462	0.043	0.275	0.232	0.238	1.000	0.772
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	677	0.049	0.317	0.268	0.329	1.000	0.772
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	274	0.078	0.345	0.267	0.336	1.000	0.772
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	995	0.072	0.318	0.247	0.322	1.000	0.772
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	658	0.067	0.303	0.236	0.276	1.000	0.772
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	336	0.078	0.401	0.323	0.449	1.000	0.772
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	685	0.054	0.327	0.273	0.299	1.000	0.772
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	332	0.074	0.354	0.280	0.386	1.000	0.772
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	415	0.061	0.340	0.279	0.325	1.000	0.772
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	699	0.053	0.318	0.266	0.327	1.000	0.772
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	505	0.104	0.306	0.203	0.180	1.000	0.772
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	438	0.076	0.428	0.352	0.507	1.000	0.771
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	531	0.043	0.362	0.319	0.393	1.000	0.771
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	219	0.131	0.381	0.250	0.364	1.000	0.771
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1031	0.082	0.311	0.229	0.271	1.000	0.771
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	242	0.031	0.331	0.300	0.362	1.000	0.771

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	540	0.072	0.324	0.251	0.287	1.000	0.771
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	243	0.071	0.460	0.388	0.565	1.000	0.771
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	529	0.073	0.317	0.245	0.287	1.000	0.771
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2168	0.070	0.292	0.222	0.262	1.000	0.771
C8orf88	chr8	9.10e+07	9.10e+07	580	0.111	0.347	0.236	0.306	1.000	0.771
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	816	0.072	0.303	0.231	0.264	1.000	0.771
ZNF418	chr19	5.79e+07	5.79e+07	234	0.120	0.412	0.292	0.423	1.000	0.771
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	759	0.076	0.288	0.212	0.227	1.000	0.771
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1211	0.037	0.294	0.258	0.327	1.000	0.771
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	722	0.059	0.237	0.178	0.082	1.000	0.771
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	449	0.117	0.347	0.229	0.292	1.000	0.771
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	549	0.070	0.332	0.262	0.304	1.000	0.771
FAM179B;KLHL28	chr14	4.50e+07	4.50e+07	201	0.031	0.326	0.296	0.329	1.000	0.771
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	865	0.060	0.320	0.260	0.315	1.000	0.771
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	391	0.065	0.329	0.264	0.301	1.000	0.771
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	718	0.069	0.269	0.200	0.227	1.000	0.771
HPSE2	chr10	9.92e+07	9.92e+07	206	0.120	0.354	0.234	0.306	1.000	0.771
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	594	0.066	0.357	0.291	0.313	1.000	0.771
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	573	0.056	0.288	0.231	0.262	1.000	0.771
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	211	0.070	0.470	0.400	0.584	1.000	0.771
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1219	0.081	0.321	0.240	0.320	1.000	0.771
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	427	0.079	0.420	0.342	0.493	1.000	0.771
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	453	0.046	0.299	0.253	0.276	1.000	0.771
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	638	0.139	0.366	0.227	0.322	1.000	0.771
NBEA	chr13	3.55e+07	3.55e+07	365	0.116	0.340	0.224	0.266	1.000	0.771
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1206	0.059	0.291	0.232	0.224	1.000	0.771
BARHL1	chr9	1.33e+08	1.33e+08	357	0.113	0.282	0.169	0.133	1.000	0.771
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	372	0.080	0.408	0.329	0.470	1.000	0.770
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	300	0.079	0.396	0.317	0.474	1.000	0.770
GRIK1	chr21	2.99e+07	2.99e+07	295	0.102	0.320	0.218	0.245	1.000	0.770
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	737	0.054	0.209	0.154	0.016	1.000	0.770
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	636	0.103	0.421	0.318	0.491	1.000	0.770
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	662	0.065	0.299	0.234	0.264	1.000	0.770
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	316	0.076	0.399	0.322	0.446	1.000	0.770
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	233	0.061	0.329	0.268	0.332	1.000	0.770
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	331	0.055	0.269	0.214	0.236	1.000	0.770
EPHA10	chr1	3.78e+07	3.78e+07	536	0.094	0.266	0.172	0.119	1.000	0.770
MAP3K14- AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	504	0.097	0.417	0.320	0.437	1.000	0.770
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	705	0.073	0.284	0.211	0.175	1.000	0.770
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	349	0.082	0.402	0.321	0.449	1.000	0.770
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	583	0.067	0.350	0.283	0.294	1.000	0.770
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1317	0.068	0.303	0.235	0.301	1.000	0.770
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1221	0.034	0.287	0.253	0.315	1.000	0.770
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	584	0.066	0.367	0.301	0.343	1.000	0.770
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	638	0.104	0.416	0.312	0.474	1.000	0.770

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	440	0.078	0.436	0.358	0.528	1.000	0.770
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	874	0.125	0.390	0.265	0.390	1.000	0.770
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	215	0.107	0.373	0.266	0.374	1.000	0.770
NBEAL2;NRADDP	chr3	4.70e+07	4.70e+07	744	0.111	0.319	0.207	0.280	0.978	0.770
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	270	0.056	0.255	0.198	0.168	1.000	0.770
RNF212;RP11- 20I20.2	chr4	1.11e+06	1.11e+06	327	0.183	0.444	0.261	0.456	1.000	0.770
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	725	0.056	0.222	0.165	0.047	1.000	0.770
C8orf88	chr8	9.10e+07	9.10e+07	323	0.127	0.346	0.219	0.320	1.000	0.770
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	589	0.066	0.314	0.248	0.329	1.000	0.770
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2162	0.071	0.290	0.219	0.257	1.000	0.770
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	302	0.161	0.449	0.288	0.446	1.000	0.770
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	447	0.064	0.354	0.290	0.308	1.000	0.770
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	1084	0.105	0.289	0.184	0.196	1.000	0.770
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	528	0.067	0.340	0.273	0.264	1.000	0.769
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	898	0.116	0.306	0.190	0.224	1.000	0.769
LRRC8D;RP11- 302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	401	0.118	0.349	0.231	0.299	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	492	0.065	0.329	0.265	0.252	1.000	0.769
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1281	0.041	0.255	0.213	0.182	1.000	0.769
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1164	0.060	0.318	0.258	0.311	1.000	0.769
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	365	0.060	0.387	0.327	0.430	1.000	0.769
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	857	0.136	0.408	0.272	0.409	1.000	0.769
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1226	0.076	0.316	0.240	0.308	1.000	0.769
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	331	0.079	0.413	0.335	0.467	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	596	0.068	0.365	0.297	0.329	1.000	0.769
PCSK2	chr20	1.72e+07	1.72e+07	418	0.075	0.337	0.261	0.311	1.000	0.769
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	204	0.040	0.321	0.281	0.348	1.000	0.769
GJD2;RP11- 814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	213	0.070	0.339	0.269	0.336	1.000	0.769
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	452	0.078	0.356	0.278	0.341	1.000	0.769
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	490	0.070	0.334	0.264	0.313	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	610	0.067	0.370	0.303	0.350	1.000	0.769
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1900	0.142	0.367	0.225	0.297	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	569	0.066	0.372	0.307	0.364	1.000	0.769
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	388	0.170	0.312	0.142	0.110	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	573	0.067	0.359	0.292	0.315	1.000	0.769
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	590	0.062	0.329	0.267	0.341	1.000	0.769
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	1099	0.071	0.289	0.219	0.161	1.000	0.769
MSC;RP11- 383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	316	0.099	0.388	0.289	0.407	1.000	0.769
EMX2OS	chr10	1.18e+08	1.18e+08	207	0.154	0.368	0.215	0.306	0.913	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	287	0.086	0.364	0.278	0.350	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	467	0.064	0.345	0.281	0.280	1.000	0.769
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	1284	0.063	0.286	0.223	0.213	1.000	0.769

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	294	0.081	0.386	0.305	0.414	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	505	0.067	0.334	0.267	0.255	1.000	0.769
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	580	0.092	0.269	0.177	0.180	1.000	0.769
LINC01169	chr15	6.66e+07	6.66e+07	335	0.111	0.361	0.249	0.350	1.000	0.769
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	354	0.066	0.389	0.323	0.430	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	454	0.077	0.440	0.363	0.535	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	545	0.067	0.392	0.325	0.414	1.000	0.769
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	201	0.083	0.369	0.286	0.395	1.000	0.769
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	467	0.096	0.384	0.287	0.411	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	549	0.066	0.381	0.315	0.379	1.000	0.769
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1295	0.085	0.303	0.218	0.255	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	586	0.068	0.374	0.306	0.364	1.000	0.769
BHLHE22;RP11-21C4.1	chr8	6.46e+07	6.46e+07	351	0.057	0.365	0.308	0.367	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	538	0.069	0.397	0.328	0.421	1.000	0.769
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	446	0.100	0.371	0.270	0.360	1.000	0.769
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	1061	0.074	0.328	0.254	0.294	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	467	0.077	0.420	0.343	0.481	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	558	0.066	0.365	0.298	0.341	1.000	0.769
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	272	0.039	0.292	0.253	0.248	1.000	0.769
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	413	0.040	0.232	0.191	0.199	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	470	0.074	0.410	0.336	0.465	1.000	0.769
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	326	0.046	0.239	0.193	0.166	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	244	0.093	0.340	0.247	0.238	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	518	0.067	0.350	0.283	0.292	1.000	0.769
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1950	0.070	0.292	0.221	0.271	1.000	0.769
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	482	0.065	0.340	0.275	0.266	1.000	0.768
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	264	0.046	0.289	0.244	0.266	1.000	0.768
HOXA10-HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	659	0.166	0.394	0.228	0.386	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	534	0.068	0.385	0.317	0.390	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	443	0.066	0.367	0.301	0.348	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	600	0.068	0.379	0.312	0.371	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	446	0.080	0.426	0.346	0.500	1.000	0.768
ZFP64	chr20	5.21e+07	5.21e+07	599	0.068	0.357	0.289	0.334	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	506	0.071	0.406	0.335	0.451	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	538	0.066	0.373	0.307	0.362	1.000	0.768
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	917	0.074	0.288	0.214	0.231	1.000	0.768
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	956	0.034	0.251	0.217	0.203	1.000	0.768
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	1198	0.071	0.319	0.248	0.280	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	551	0.068	0.388	0.321	0.393	1.000	0.768
LRRC8D;RP11-302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	655	0.103	0.338	0.235	0.297	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	435	0.083	0.419	0.336	0.488	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	527	0.070	0.390	0.319	0.409	1.000	0.768

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1252	0.068	0.307	0.238	0.304	1.000	0.768
CTD- 2554C21.2;ZNF573	chr19	3.78e+07	3.78e+07	207	0.077	0.329	0.252	0.266	1.000	0.768
NOL4;RP11- 379L18.1;RP11- 379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	375	0.101	0.338	0.237	0.294	1.000	0.768
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	380	0.056	0.326	0.271	0.339	1.000	0.768
CCK;RP11- 333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	353	0.085	0.265	0.180	0.161	1.000	0.768
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1084	0.130	0.412	0.282	0.463	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	456	0.079	0.412	0.333	0.470	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	459	0.076	0.403	0.327	0.446	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	495	0.072	0.399	0.326	0.432	1.000	0.768
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	1082	0.068	0.335	0.267	0.343	1.000	0.768
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	402	0.060	0.326	0.267	0.339	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	547	0.069	0.399	0.330	0.425	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	350	0.073	0.435	0.361	0.519	1.000	0.768
MARCH11;RP11- 19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	417	0.039	0.234	0.195	0.196	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	585	0.067	0.385	0.318	0.386	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	571	0.067	0.380	0.312	0.371	1.000	0.768
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	850	0.148	0.420	0.272	0.423	1.000	0.768
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1239	0.072	0.311	0.239	0.306	1.000	0.768
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2131	0.070	0.294	0.225	0.276	1.000	0.768
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	259	0.035	0.282	0.247	0.252	1.000	0.768
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	679	0.110	0.368	0.258	0.409	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	495	0.067	0.344	0.276	0.276	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	448	0.082	0.433	0.351	0.514	1.000	0.768
CTD- 2269F5.1;EDIL3	chr5	8.44e+07	8.44e+07	386	0.071	0.280	0.209	0.178	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	503	0.066	0.355	0.288	0.311	1.000	0.768
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	833	0.172	0.311	0.139	0.114	1.000	0.768
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1420	0.163	0.441	0.277	0.477	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	380	0.084	0.408	0.323	0.463	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	462	0.080	0.437	0.357	0.523	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	483	0.066	0.363	0.297	0.332	1.000	0.768
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	748	0.058	0.329	0.271	0.341	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	401	0.080	0.401	0.321	0.437	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	469	0.079	0.427	0.348	0.495	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	561	0.069	0.404	0.335	0.435	1.000	0.768
RP11-19E11.1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	860	0.166	0.391	0.224	0.364	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	344	0.084	0.401	0.318	0.446	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	436	0.068	0.371	0.303	0.360	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	540	0.071	0.405	0.333	0.432	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	554	0.070	0.409	0.339	0.449	1.000	0.768
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	450	0.055	0.323	0.268	0.341	1.000	0.768

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	404	0.076	0.392	0.316	0.414	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	480	0.067	0.349	0.282	0.290	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	522	0.072	0.418	0.345	0.477	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	565	0.067	0.393	0.326	0.407	1.000	0.768
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	428	0.051	0.323	0.272	0.346	1.000	0.768
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	479	0.068	0.375	0.307	0.371	1.000	0.767
NBEAL2;NRADDP	chr3	4.70e+07	4.70e+07	597	0.122	0.335	0.214	0.292	0.978	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	365	0.079	0.394	0.315	0.421	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	404	0.070	0.381	0.310	0.393	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	472	0.076	0.418	0.342	0.477	1.000	0.767
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	1326	0.072	0.288	0.216	0.257	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	440	0.073	0.389	0.316	0.409	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	472	0.063	0.324	0.261	0.241	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	508	0.073	0.413	0.340	0.472	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	486	0.075	0.422	0.347	0.481	1.000	0.767
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	646	0.090	0.282	0.192	0.126	1.000	0.767
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	584	0.131	0.409	0.278	0.435	1.000	0.767
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	457	0.046	0.293	0.248	0.259	1.000	0.767
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	655	0.140	0.418	0.278	0.418	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	368	0.075	0.384	0.310	0.400	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	472	0.071	0.380	0.309	0.393	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	483	0.078	0.431	0.353	0.498	1.000	0.767
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	472	0.096	0.394	0.298	0.430	1.000	0.767
NBEA	chr13	3.55e+07	3.55e+07	316	0.121	0.334	0.213	0.266	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	427	0.062	0.349	0.287	0.304	1.000	0.767
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	667	0.134	0.345	0.211	0.287	1.000	0.767
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	636	0.151	0.446	0.295	0.486	1.000	0.767
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	443	0.063	0.328	0.265	0.304	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	460	0.067	0.357	0.291	0.313	1.000	0.767
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	284	0.080	0.331	0.252	0.290	1.000	0.767
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	304	0.101	0.406	0.305	0.484	1.000	0.767
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	416	0.077	0.314	0.237	0.315	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	357	0.086	0.402	0.316	0.444	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	378	0.082	0.396	0.314	0.423	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	456	0.069	0.369	0.301	0.350	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	381	0.078	0.386	0.309	0.402	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	306	0.074	0.452	0.378	0.554	1.000	0.767
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	393	0.030	0.289	0.259	0.269	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	462	0.063	0.335	0.271	0.259	1.000	0.767
RNF212;RP11-20I20.2	chr4	1.11e+06	1.11e+06	212	0.163	0.440	0.277	0.467	1.000	0.767
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	785	0.179	0.481	0.302	0.540	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	447	0.062	0.340	0.278	0.269	1.000	0.767

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	599	0.116	0.374	0.257	0.381	1.000	0.767
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	804	0.188	0.482	0.294	0.565	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	212	0.103	0.330	0.227	0.166	1.000	0.767
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	547	0.167	0.453	0.286	0.547	1.000	0.767
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	205	0.110	0.389	0.280	0.437	1.000	0.767
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	414	0.107	0.408	0.301	0.456	1.000	0.767
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2271	0.071	0.292	0.221	0.273	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	417	0.074	0.383	0.309	0.397	1.000	0.767
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	561	0.044	0.315	0.272	0.318	1.000	0.767
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	326	0.033	0.331	0.298	0.357	1.000	0.767
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1891	0.143	0.374	0.232	0.318	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	449	0.071	0.374	0.303	0.369	1.000	0.767
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	673	0.069	0.370	0.301	0.348	1.000	0.767
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	201	0.055	0.262	0.207	0.227	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	450	0.064	0.315	0.251	0.224	1.000	0.766
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	813	0.055	0.294	0.239	0.231	1.000	0.766
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	790	0.093	0.300	0.207	0.159	1.000	0.766
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	209	0.025	0.262	0.237	0.231	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	274	0.073	0.461	0.388	0.565	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	405	0.063	0.339	0.276	0.276	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	231	0.074	0.469	0.396	0.584	1.000	0.766
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	844	0.161	0.423	0.262	0.430	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	663	0.069	0.379	0.309	0.369	1.000	0.766
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	551	0.067	0.341	0.274	0.336	1.000	0.766
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	207	0.078	0.332	0.253	0.329	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	224	0.075	0.470	0.395	0.582	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	517	0.079	0.435	0.356	0.528	1.000	0.766
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	207	0.051	0.251	0.200	0.213	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	202	0.078	0.467	0.390	0.582	1.000	0.766
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	461	0.048	0.312	0.264	0.322	1.000	0.766
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	646	0.126	0.396	0.270	0.425	1.000	0.766
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	549	0.089	0.318	0.229	0.271	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	443	0.064	0.303	0.238	0.217	1.000	0.766
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	1079	0.134	0.386	0.253	0.381	1.000	0.766
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1928	0.070	0.290	0.220	0.271	1.000	0.766

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	474	0.105	0.412	0.307	0.428	1.000	0.766
DSCAM	chr21	4.08e+07	4.08e+07	248	0.160	0.444	0.284	0.486	1.000	0.766
DLGAP1	chr18	4.45e+06	4.46e+06	965	0.076	0.311	0.235	0.220	1.000	0.766
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	520	0.071	0.329	0.258	0.294	1.000	0.766
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	274	0.069	0.284	0.215	0.206	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	423	0.064	0.363	0.299	0.341	1.000	0.766
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	371	0.127	0.424	0.297	0.479	1.000	0.766
IRF4	chr6	3.93e+05	3.94e+05	378	0.052	0.418	0.367	0.493	1.000	0.766
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	648	0.069	0.384	0.315	0.390	1.000	0.766
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	249	0.038	0.305	0.266	0.353	1.000	0.766
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	526	0.070	0.337	0.267	0.320	1.000	0.766
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	329	0.193	0.348	0.155	0.192	1.000	0.766
KBTBD12	chr3	1.28e+08	1.28e+08	262	0.151	0.434	0.282	0.463	1.000	0.765
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	669	0.057	0.328	0.271	0.336	1.000	0.765
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	891	0.061	0.287	0.226	0.215	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	416	0.066	0.367	0.301	0.348	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	425	0.063	0.330	0.267	0.257	1.000	0.765
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	502	0.077	0.375	0.298	0.421	1.000	0.765
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	536	0.047	0.298	0.251	0.278	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	398	0.063	0.326	0.263	0.257	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	440	0.064	0.325	0.261	0.245	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	628	0.069	0.392	0.323	0.407	1.000	0.765
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	355	0.031	0.307	0.276	0.311	1.000	0.765
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	1000	0.042	0.321	0.279	0.355	1.000	0.765
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	897	0.095	0.289	0.194	0.143	1.000	0.765
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	403	0.068	0.361	0.293	0.367	1.000	0.765
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2109	0.069	0.293	0.224	0.273	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	418	0.064	0.317	0.254	0.238	1.000	0.765
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	693	0.185	0.429	0.245	0.430	1.000	0.765
NPFFR2	chr4	7.20e+07	7.20e+07	256	0.181	0.435	0.254	0.437	1.000	0.765
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	751	0.109	0.368	0.259	0.379	1.000	0.765
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	435	0.093	0.380	0.286	0.381	1.000	0.765
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	513	0.098	0.289	0.191	0.145	1.000	0.765
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	325	0.052	0.398	0.346	0.451	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	624	0.070	0.402	0.332	0.432	1.000	0.765
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1770	0.151	0.392	0.241	0.357	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	401	0.065	0.353	0.288	0.315	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	546	0.079	0.427	0.348	0.493	1.000	0.765
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	774	0.191	0.340	0.149	0.171	1.000	0.765
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	325	0.069	0.326	0.257	0.327	1.000	0.765

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	883	0.069	0.338	0.269	0.339	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	345	0.078	0.392	0.314	0.414	1.000	0.765
LRRC8D;RP11-302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	342	0.107	0.356	0.249	0.350	1.000	0.765
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	740	0.066	0.337	0.270	0.353	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	324	0.083	0.399	0.316	0.444	1.000	0.765
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1295	0.067	0.301	0.234	0.299	1.000	0.765
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	478	0.076	0.315	0.239	0.271	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	384	0.069	0.377	0.308	0.388	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	585	0.074	0.415	0.341	0.477	1.000	0.765
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	414	0.065	0.364	0.299	0.381	1.000	0.765
NLRP1	chr17	5.50e+06	5.50e+06	392	0.082	0.250	0.168	0.173	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	433	0.065	0.313	0.248	0.224	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	549	0.077	0.419	0.342	0.479	1.000	0.765
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	353	0.180	0.326	0.146	0.152	1.000	0.765
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	215	0.079	0.362	0.284	0.379	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	348	0.073	0.381	0.308	0.395	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	525	0.082	0.433	0.351	0.514	1.000	0.765
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	593	0.056	0.328	0.272	0.357	1.000	0.765
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	225	0.044	0.322	0.279	0.353	1.000	0.765
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	617	0.072	0.407	0.335	0.444	1.000	0.764
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	347	0.103	0.246	0.144	0.131	1.000	0.764
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	302	0.080	0.400	0.320	0.486	1.000	0.764
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	541	0.070	0.286	0.216	0.210	1.000	0.764
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	487	0.191	0.495	0.304	0.603	1.000	0.764
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	937	0.097	0.286	0.189	0.199	1.000	0.764
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	372	0.041	0.301	0.260	0.287	1.000	0.764
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	784	0.065	0.336	0.271	0.334	1.000	0.764
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2249	0.071	0.291	0.220	0.266	1.000	0.764
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	244	0.073	0.310	0.237	0.271	1.000	0.764
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	572	0.074	0.302	0.228	0.234	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	362	0.070	0.367	0.297	0.360	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	394	0.066	0.340	0.274	0.290	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	394	0.068	0.357	0.289	0.325	1.000	0.764
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	758	0.072	0.277	0.205	0.248	1.000	0.764
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	314	0.058	0.402	0.344	0.456	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	302	0.088	0.388	0.300	0.416	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	323	0.081	0.381	0.300	0.397	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	400	0.065	0.292	0.227	0.196	1.000	0.764
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1033	0.046	0.259	0.213	0.199	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	326	0.075	0.370	0.294	0.364	1.000	0.764
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	530	0.114	0.431	0.317	0.481	1.000	0.764
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	291	0.071	0.439	0.368	0.507	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	355	0.064	0.314	0.250	0.238	1.000	0.764
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	365	0.164	0.456	0.292	0.516	1.000	0.764
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	728	0.067	0.333	0.266	0.334	1.000	0.764

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OPLAH;CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	349	0.158	0.387	0.229	0.376	0.978	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	375	0.064	0.306	0.241	0.220	1.000	0.764
HSPB6;PROSER3	chr19	3.58e+07	3.58e+07	344	0.130	0.282	0.151	0.173	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	279	0.061	0.304	0.243	0.234	1.000	0.764
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1045	0.073	0.282	0.209	0.215	1.000	0.764
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	332	0.069	0.310	0.241	0.320	1.000	0.764
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1840	0.147	0.370	0.222	0.301	1.000	0.764
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	295	0.093	0.370	0.277	0.360	1.000	0.763
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	387	0.069	0.343	0.274	0.301	1.000	0.763
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	306	0.098	0.408	0.310	0.488	1.000	0.763
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1569	0.168	0.437	0.270	0.458	1.000	0.763
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	390	0.065	0.302	0.237	0.220	1.000	0.763
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	812	0.176	0.424	0.248	0.428	1.000	0.763
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	382	0.039	0.288	0.249	0.259	1.000	0.763
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	798	0.180	0.322	0.142	0.145	1.000	0.763
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	800	0.060	0.326	0.266	0.294	1.000	0.763
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	693	0.104	0.365	0.261	0.409	1.000	0.763
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	1242	0.065	0.282	0.216	0.252	1.000	0.763
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	319	0.078	0.354	0.276	0.318	1.000	0.763
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	360	0.085	0.480	0.395	0.551	1.000	0.763
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	203	0.059	0.402	0.342	0.472	1.000	0.763
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	316	0.085	0.365	0.280	0.348	1.000	0.763
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	751	0.109	0.306	0.196	0.231	1.000	0.763
ADAMTS16;CTD-2297D10.2	chr5	5.14e+06	5.14e+06	290	0.113	0.427	0.314	0.500	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	270	0.068	0.315	0.247	0.301	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1084	0.071	0.277	0.206	0.215	1.000	0.763
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	355	0.072	0.353	0.281	0.320	1.000	0.763
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	787	0.107	0.296	0.189	0.206	1.000	0.763
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	413	0.104	0.270	0.166	0.185	1.000	0.763
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	210	0.027	0.303	0.276	0.320	1.000	0.763
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	576	0.102	0.275	0.173	0.136	1.000	0.763
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	223	0.077	0.337	0.260	0.327	1.000	0.763
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	1038	0.135	0.388	0.253	0.381	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	451	0.057	0.280	0.222	0.234	1.000	0.763
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	451	0.076	0.451	0.375	0.540	1.000	0.763
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	351	0.067	0.328	0.261	0.271	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1127	0.067	0.275	0.208	0.222	1.000	0.763
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	243	0.163	0.388	0.225	0.343	1.000	0.763

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	1149	0.176	0.447	0.271	0.486	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2082	0.072	0.286	0.213	0.245	1.000	0.763
ZFP64	chr20	5.21e+07	5.21e+07	546	0.081	0.358	0.278	0.327	1.000	0.763
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	762	0.086	0.270	0.184	0.203	1.000	0.763
VIPR2	chr7	1.59e+08	1.59e+08	442	0.083	0.473	0.390	0.558	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	757	0.076	0.313	0.237	0.318	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	292	0.073	0.272	0.199	0.194	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1160	0.069	0.279	0.210	0.236	1.000	0.763
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1951	0.073	0.284	0.211	0.243	1.000	0.763
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	368	0.065	0.285	0.220	0.187	1.000	0.762
RNF212;RP11-20I20.2	chr4	1.11e+06	1.11e+06	254	0.197	0.419	0.222	0.411	1.000	0.762
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	785	0.159	0.441	0.282	0.467	1.000	0.762
NBEA	chr13	3.55e+07	3.55e+07	339	0.136	0.355	0.219	0.283	1.000	0.762
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	581	0.077	0.398	0.322	0.488	1.000	0.762
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	601	0.124	0.322	0.198	0.238	1.000	0.762
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	660	0.073	0.307	0.234	0.273	1.000	0.762
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	252	0.100	0.353	0.252	0.315	1.000	0.762
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1140	0.063	0.274	0.210	0.224	1.000	0.762
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	353	0.159	0.438	0.279	0.481	1.000	0.762
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	836	0.063	0.334	0.271	0.325	1.000	0.762
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	323	0.064	0.308	0.244	0.231	1.000	0.762
TRBC2;TRBJ2-4;TRBJ2-5;TRBJ2-6;TRBJ2-7;TRBJ2-3	chr7	1.43e+08	1.43e+08	248	0.026	0.278	0.253	0.257	1.000	0.762
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	344	0.070	0.331	0.260	0.271	1.000	0.762
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1153	0.061	0.273	0.212	0.231	1.000	0.762
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1739	0.071	0.294	0.223	0.273	1.000	0.762
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	258	0.091	0.417	0.326	0.498	1.000	0.762
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	820	0.039	0.266	0.227	0.229	1.000	0.762
HOXA10-HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	1021	0.145	0.403	0.258	0.402	1.000	0.762
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1159	0.165	0.421	0.256	0.458	1.000	0.762
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	744	0.171	0.393	0.222	0.341	1.000	0.762
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	617	0.153	0.414	0.261	0.418	1.000	0.762
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	409	0.043	0.220	0.178	0.187	1.000	0.762
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	273	0.090	0.349	0.259	0.304	1.000	0.762
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	873	0.073	0.358	0.284	0.376	1.000	0.762
RP11-380D23.2	chr4	1.11e+08	1.11e+08	318	0.139	0.412	0.274	0.451	1.000	0.762
GABRA5;GABRB3	chr15	2.69e+07	2.69e+07	473	0.085	0.347	0.262	0.339	1.000	0.762
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	872	0.138	0.357	0.219	0.306	1.000	0.762
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	312	0.074	0.340	0.266	0.294	1.000	0.762
FLI1;SENCr	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1241	0.066	0.293	0.227	0.250	1.000	0.762

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	305	0.124	0.299	0.175	0.215	1.000	0.762
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	418	0.082	0.396	0.314	0.435	1.000	0.762
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	337	0.069	0.290	0.221	0.217	1.000	0.762
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	535	0.081	0.265	0.184	0.164	1.000	0.762
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	276	0.081	0.339	0.258	0.283	1.000	0.762
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1718	0.070	0.289	0.219	0.271	1.000	0.762
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	299	0.062	0.295	0.233	0.217	1.000	0.761
BHLHE23	chr20	6.30e+07	6.30e+07	285	0.055	0.277	0.222	0.227	1.000	0.761
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	323	0.079	0.317	0.238	0.294	1.000	0.761
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1702	0.076	0.283	0.208	0.238	1.000	0.761
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1899	0.070	0.292	0.222	0.271	1.000	0.761
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	213	0.044	0.318	0.274	0.350	1.000	0.761
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	261	0.078	0.385	0.308	0.463	1.000	0.761
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	622	0.194	0.447	0.253	0.507	1.000	0.761
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	360	0.041	0.295	0.254	0.273	1.000	0.761
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	324	0.063	0.280	0.217	0.187	1.000	0.761
GJD2;RP11-814P5.1	chr15	3.48e+07	3.48e+07	209	0.083	0.329	0.246	0.301	1.000	0.761
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	786	0.082	0.367	0.286	0.400	1.000	0.761
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1356	0.068	0.298	0.230	0.297	1.000	0.761
IGLON5	chr19	5.13e+07	5.13e+07	327	0.187	0.409	0.222	0.339	1.000	0.761
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	275	0.102	0.421	0.318	0.477	1.000	0.761
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	343	0.064	0.299	0.235	0.217	1.000	0.761
FAM162B	chr6	1.17e+08	1.17e+08	341	0.052	0.248	0.196	0.213	1.000	0.761
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	243	0.062	0.261	0.199	0.178	1.000	0.761
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	473	0.045	0.253	0.209	0.185	1.000	0.761
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	261	0.065	0.306	0.240	0.231	1.000	0.761
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	283	0.069	0.314	0.245	0.313	1.000	0.761
HPSE2	chr10	9.92e+07	9.92e+07	318	0.119	0.370	0.250	0.364	1.000	0.761
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	370	0.039	0.281	0.243	0.245	1.000	0.761
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	444	0.042	0.236	0.193	0.201	1.000	0.761
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	275	0.065	0.320	0.256	0.262	1.000	0.761
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	319	0.067	0.323	0.256	0.259	1.000	0.761
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	406	0.085	0.319	0.234	0.329	1.000	0.761
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	248	0.043	0.340	0.297	0.381	1.000	0.761
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1037	0.083	0.256	0.173	0.173	1.000	0.761
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	358	0.065	0.296	0.231	0.217	1.000	0.761
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	1197	0.083	0.299	0.216	0.243	1.000	0.761
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1677	0.078	0.283	0.205	0.236	1.000	0.761
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	440	0.044	0.234	0.190	0.203	1.000	0.761
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	724	0.081	0.329	0.249	0.294	1.000	0.761

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	321	0.056	0.390	0.334	0.446	1.000	0.761
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	1014	0.157	0.414	0.257	0.418	1.000	0.760
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1257	0.061	0.275	0.214	0.236	1.000	0.760
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	278	0.055	0.385	0.330	0.437	1.000	0.760
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	603	0.087	0.406	0.319	0.495	1.000	0.760
LRRC8D;RP11- 302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	355	0.091	0.323	0.232	0.283	1.000	0.760
C15orf48;RP11- 519G16.5	chr15	4.54e+07	4.54e+07	331	0.074	0.419	0.345	0.500	1.000	0.760
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	314	0.063	0.291	0.228	0.217	1.000	0.760
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	213	0.066	0.287	0.221	0.236	1.000	0.760
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	306	0.063	0.270	0.207	0.189	1.000	0.760
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	451	0.098	0.397	0.299	0.467	1.000	0.760
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	287	0.088	0.444	0.355	0.519	1.000	0.760
C15orf48;RP11- 519G16.5	chr15	4.54e+07	4.54e+07	322	0.081	0.428	0.348	0.509	1.000	0.760
NANOS3;MIR181C	chr19	1.39e+07	1.39e+07	279	0.042	0.336	0.294	0.341	1.000	0.760
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	310	0.065	0.393	0.328	0.444	1.000	0.760
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1831	0.149	0.379	0.230	0.325	1.000	0.760
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	712	0.050	0.309	0.258	0.329	1.000	0.760
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	402	0.082	0.353	0.272	0.332	1.000	0.760
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1681	0.071	0.293	0.222	0.273	1.000	0.760
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	220	0.109	0.348	0.238	0.285	1.000	0.760
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2039	0.071	0.290	0.219	0.264	1.000	0.760
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	212	0.051	0.319	0.268	0.339	1.000	0.760
LRRC8D;RP11- 302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	609	0.078	0.315	0.237	0.294	1.000	0.760
MSC;RP11- 383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	599	0.069	0.360	0.291	0.400	1.000	0.760
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1123	0.069	0.279	0.210	0.231	1.000	0.760
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	668	0.090	0.381	0.291	0.432	1.000	0.760
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	932	0.072	0.300	0.228	0.259	1.000	0.760
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	312	0.071	0.325	0.254	0.264	1.000	0.760
RP11-19E11.1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	711	0.151	0.399	0.248	0.393	1.000	0.759
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	697	0.101	0.363	0.262	0.402	1.000	0.759
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	597	0.053	0.317	0.264	0.346	1.000	0.759
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	352	0.096	0.377	0.280	0.386	1.000	0.759
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	241	0.095	0.345	0.250	0.290	1.000	0.759
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	280	0.076	0.335	0.259	0.285	1.000	0.759
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1999	0.074	0.285	0.211	0.243	1.000	0.759
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	346	0.173	0.413	0.239	0.402	1.000	0.759
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1712	0.072	0.286	0.214	0.250	1.000	0.759
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	273	0.101	0.429	0.328	0.498	1.000	0.759
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	299	0.077	0.283	0.206	0.157	1.000	0.759
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1043	0.071	0.297	0.227	0.255	1.000	0.759
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	312	0.194	0.347	0.153	0.206	1.000	0.759

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	673	0.098	0.394	0.296	0.395	1.000	0.759
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1893	0.071	0.289	0.218	0.262	1.000	0.759
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1247	0.105	0.230	0.124	0.086	1.000	0.759
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1139	0.063	0.261	0.197	0.224	1.000	0.759
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	460	0.093	0.395	0.302	0.456	1.000	0.759
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	515	0.076	0.380	0.303	0.397	1.000	0.759
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	576	0.096	0.393	0.297	0.421	1.000	0.759
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	463	0.046	0.312	0.265	0.315	1.000	0.759
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	244	0.084	0.334	0.250	0.276	1.000	0.759
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	299	0.077	0.359	0.282	0.381	1.000	0.759
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	401	0.164	0.300	0.136	0.105	1.000	0.759
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	420	0.134	0.453	0.319	0.523	1.000	0.759
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1161	0.066	0.313	0.246	0.283	1.000	0.759
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	1292	0.043	0.244	0.201	0.166	1.000	0.759
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1190	0.070	0.311	0.240	0.273	1.000	0.759
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	236	0.073	0.333	0.260	0.283	1.000	0.759
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	507	0.143	0.382	0.239	0.341	1.000	0.759
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	1008	0.170	0.416	0.246	0.421	1.000	0.758
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	201	0.049	0.298	0.249	0.276	1.000	0.758
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	268	0.069	0.322	0.254	0.264	1.000	0.758
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	581	0.097	0.396	0.299	0.477	1.000	0.758
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1406	0.068	0.275	0.207	0.231	1.000	0.758
ZNF565	chr19	3.62e+07	3.62e+07	396	0.092	0.327	0.235	0.287	1.000	0.758
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	686	0.083	0.236	0.152	0.129	1.000	0.758
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	735	0.091	0.402	0.311	0.451	1.000	0.758
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	439	0.040	0.288	0.248	0.257	1.000	0.758
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	334	0.047	0.331	0.284	0.334	1.000	0.758
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	710	0.040	0.314	0.274	0.325	1.000	0.758
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	613	0.075	0.281	0.205	0.217	1.000	0.758
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	455	0.127	0.290	0.163	0.136	1.000	0.758
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	857	0.193	0.419	0.226	0.425	1.000	0.758
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	672	0.078	0.308	0.230	0.271	1.000	0.758
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	279	0.102	0.428	0.327	0.505	1.000	0.758
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	300	0.108	0.451	0.343	0.512	1.000	0.758
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1717	0.070	0.292	0.222	0.271	1.000	0.758
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	459	0.097	0.449	0.352	0.516	1.000	0.758
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	473	0.070	0.288	0.218	0.234	1.000	0.758
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	1025	0.073	0.302	0.229	0.276	1.000	0.758
BARHL1	chr9	1.33e+08	1.33e+08	235	0.152	0.302	0.150	0.124	1.000	0.758
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	923	0.045	0.315	0.270	0.334	1.000	0.757
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1354	0.081	0.348	0.267	0.336	1.000	0.757
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1710	0.160	0.400	0.240	0.393	1.000	0.757
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	2033	0.072	0.287	0.214	0.252	1.000	0.757

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1072	0.075	0.297	0.223	0.252	1.000	0.757
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	228	0.107	0.268	0.161	0.098	1.000	0.757
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	591	0.066	0.272	0.206	0.203	1.000	0.757
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	476	0.081	0.272	0.191	0.220	1.000	0.757
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	275	0.079	0.397	0.318	0.481	1.000	0.757
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	216	0.071	0.328	0.257	0.306	1.000	0.757
HSPA1A;HSPA1L	chr6	3.18e+07	3.18e+07	200	0.083	0.331	0.248	0.276	1.000	0.757
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	452	0.081	0.284	0.203	0.208	1.000	0.757
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	473	0.073	0.297	0.224	0.236	1.000	0.757
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	538	0.095	0.293	0.197	0.171	1.000	0.757
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	212	0.060	0.275	0.215	0.201	1.000	0.757
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	207	0.074	0.317	0.243	0.276	1.000	0.757
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1048	0.089	0.351	0.262	0.348	1.000	0.757
KIAA1614- AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	265	0.088	0.313	0.225	0.264	1.000	0.757
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1009	0.084	0.322	0.238	0.320	1.000	0.757
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	678	0.040	0.345	0.305	0.367	1.000	0.757
NBEAL2;NRADDP	chr3	4.70e+07	4.70e+07	731	0.113	0.318	0.205	0.283	1.000	0.757
GLYATL1;GLYATL2	chr11	5.89e+07	5.89e+07	200	0.093	0.387	0.294	0.400	1.000	0.757
FGF14;FGF14- AS2;FGF14-IT1	chr13	1.02e+08	1.02e+08	490	0.035	0.349	0.314	0.411	1.000	0.757
MAP3K14- AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	356	0.109	0.406	0.298	0.411	1.000	0.757
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	286	0.108	0.349	0.241	0.320	1.000	0.757
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	236	0.096	0.372	0.276	0.388	1.000	0.757
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	763	0.072	0.318	0.246	0.322	1.000	0.757
LINC01169	chr15	6.66e+07	6.66e+07	459	0.130	0.365	0.235	0.357	1.000	0.757
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	268	0.054	0.297	0.242	0.273	1.000	0.756
CCNYL2;LINC00835	chr10	4.25e+07	4.25e+07	524	0.199	0.402	0.203	0.381	1.000	0.756
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1048	0.084	0.385	0.301	0.432	1.000	0.756
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	816	0.050	0.303	0.252	0.313	1.000	0.756
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	499	0.066	0.292	0.225	0.241	1.000	0.756
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	636	0.083	0.249	0.166	0.154	1.000	0.756
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1003	0.089	0.318	0.230	0.315	1.000	0.756
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	201	0.039	0.402	0.363	0.472	1.000	0.756
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	936	0.081	0.299	0.218	0.252	1.000	0.756
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1659	0.072	0.297	0.225	0.285	1.000	0.756
GLYATL1;GLYATL2	chr11	5.89e+07	5.89e+07	280	0.073	0.395	0.322	0.430	1.000	0.756
FGF14;FGF14- AS2;FGF14-IT1	chr13	1.02e+08	1.02e+08	283	0.039	0.349	0.310	0.421	1.000	0.756
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	277	0.100	0.436	0.336	0.530	1.000	0.756
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	653	0.175	0.379	0.204	0.273	1.000	0.756
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	432	0.071	0.237	0.166	0.084	1.000	0.756
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	489	0.104	0.305	0.201	0.201	1.000	0.756
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	473	0.077	0.402	0.325	0.498	1.000	0.756
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	258	0.077	0.306	0.229	0.283	1.000	0.756
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	240	0.070	0.413	0.344	0.484	1.000	0.756

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	209	0.077	0.329	0.251	0.336	1.000	0.756
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	889	0.087	0.374	0.288	0.409	1.000	0.756
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1016	0.078	0.317	0.238	0.308	1.000	0.756
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1484	0.067	0.298	0.231	0.292	1.000	0.756
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	519	0.056	0.273	0.217	0.229	1.000	0.756
PIF1	chr15	6.48e+07	6.48e+07	364	0.151	0.404	0.253	0.437	1.000	0.756
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	976	0.184	0.416	0.231	0.421	1.000	0.756
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	523	0.103	0.389	0.287	0.416	1.000	0.756
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	288	0.104	0.336	0.233	0.287	1.000	0.755
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	505	0.105	0.280	0.175	0.185	1.000	0.755
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	329	0.071	0.246	0.175	0.082	1.000	0.755
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	467	0.048	0.318	0.271	0.336	1.000	0.755
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	342	0.184	0.330	0.146	0.168	1.000	0.755
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	495	0.089	0.410	0.321	0.502	1.000	0.755
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	532	0.098	0.389	0.291	0.409	1.000	0.755
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1302	0.081	0.296	0.214	0.178	1.000	0.755
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	393	0.060	0.301	0.241	0.283	1.000	0.755
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1718	0.076	0.272	0.196	0.100	1.000	0.755
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	577	0.082	0.387	0.305	0.467	1.000	0.755
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	733	0.057	0.252	0.196	0.168	1.000	0.755
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	581	0.038	0.328	0.290	0.343	1.000	0.755
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	567	0.098	0.344	0.246	0.350	1.000	0.755
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	671	0.046	0.376	0.330	0.425	1.000	0.755
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	388	0.079	0.265	0.186	0.126	1.000	0.755
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1147	0.087	0.323	0.235	0.259	1.000	0.755
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	319	0.103	0.427	0.324	0.486	1.000	0.755
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	719	0.064	0.249	0.185	0.152	1.000	0.755
MOS	chr8	5.61e+07	5.61e+07	220	0.078	0.286	0.209	0.210	1.000	0.755
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1042	0.069	0.306	0.237	0.301	1.000	0.755
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	306	0.063	0.288	0.225	0.255	1.000	0.755
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	366	0.172	0.312	0.139	0.131	1.000	0.755
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	422	0.056	0.306	0.250	0.292	1.000	0.755
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	612	0.069	0.343	0.274	0.355	1.000	0.755
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1051	0.077	0.377	0.300	0.416	1.000	0.755
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	664	0.075	0.371	0.296	0.414	1.000	0.754
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	478	0.096	0.431	0.335	0.495	1.000	0.754
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1334	0.067	0.296	0.229	0.292	1.000	0.754
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	721	0.128	0.336	0.208	0.264	1.000	0.754
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	915	0.059	0.237	0.178	0.126	1.000	0.754
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1010	0.082	0.313	0.231	0.304	1.000	0.754
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	433	0.122	0.358	0.237	0.322	1.000	0.754
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	427	0.039	0.282	0.243	0.252	1.000	0.754
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	803	0.096	0.405	0.309	0.453	1.000	0.754
CTD-2377D24.4	chr17	4.87e+07	4.87e+07	248	0.104	0.350	0.246	0.318	1.000	0.754
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	443	0.040	0.282	0.243	0.250	1.000	0.754
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	309	0.081	0.271	0.191	0.168	1.000	0.754

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	630	0.081	0.279	0.199	0.201	1.000	0.754
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	1099	0.178	0.437	0.259	0.502	1.000	0.754
CTD-2377D24.4	chr17	4.87e+07	4.87e+07	233	0.123	0.380	0.257	0.357	1.000	0.754
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	278	0.078	0.402	0.325	0.493	1.000	0.754
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	892	0.079	0.367	0.288	0.404	1.000	0.754
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	581	0.067	0.256	0.189	0.164	1.000	0.754
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	597	0.060	0.304	0.244	0.287	1.000	0.754
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1659	0.071	0.292	0.221	0.273	1.000	0.754
ANKS1B	chr12	9.87e+07	9.87e+07	382	0.164	0.373	0.209	0.304	1.000	0.754
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	453	0.025	0.237	0.212	0.166	1.000	0.754
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	561	0.079	0.336	0.257	0.308	1.000	0.754
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1029	0.074	0.311	0.238	0.306	1.000	0.754
GABRA6;GABRB2	chr5	1.62e+08	1.62e+08	511	0.043	0.305	0.262	0.297	1.000	0.754
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	433	0.115	0.305	0.189	0.234	1.000	0.753
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	337	0.047	0.222	0.175	0.103	1.000	0.753
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	438	0.090	0.406	0.316	0.495	1.000	0.753
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	677	0.089	0.364	0.275	0.346	1.000	0.753
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	525	0.081	0.384	0.303	0.451	1.000	0.753
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1036	0.071	0.302	0.231	0.297	1.000	0.753
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1642	0.070	0.296	0.226	0.287	1.000	0.753
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1170	0.069	0.354	0.285	0.397	1.000	0.753
DLGAP1	chr18	4.46e+06	4.46e+06	310	0.074	0.338	0.263	0.313	1.000	0.753
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	404	0.073	0.285	0.213	0.192	1.000	0.753
EPHA10	chr1	3.78e+07	3.78e+07	526	0.122	0.229	0.107	0.016	1.000	0.753
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	436	0.046	0.225	0.178	0.187	1.000	0.753
RP11-19E11.1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	862	0.174	0.386	0.212	0.348	1.000	0.753
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	896	0.074	0.354	0.281	0.383	1.000	0.753
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	490	0.077	0.285	0.208	0.222	1.000	0.753
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	692	0.083	0.398	0.315	0.479	1.000	0.753
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	708	0.100	0.358	0.258	0.400	1.000	0.753
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1055	0.073	0.364	0.292	0.404	1.000	0.753
FGF14;FGF14-AS2;FGF14-IT1	chr13	1.02e+08	1.02e+08	296	0.038	0.359	0.321	0.446	1.000	0.753
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	656	0.101	0.399	0.297	0.451	1.000	0.753
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	615	0.063	0.340	0.277	0.362	1.000	0.752
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	477	0.044	0.227	0.182	0.140	1.000	0.752
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	246	0.165	0.415	0.250	0.437	1.000	0.752
EN1	chr2	1.19e+08	1.19e+08	248	0.152	0.356	0.204	0.294	1.000	0.752
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1011	0.069	0.344	0.274	0.374	1.000	0.752
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	536	0.083	0.332	0.249	0.294	1.000	0.752
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	522	0.042	0.288	0.246	0.269	1.000	0.752
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	834	0.072	0.300	0.227	0.269	1.000	0.752
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	493	0.033	0.341	0.309	0.407	1.000	0.752
VGLL2	chr6	1.17e+08	1.17e+08	294	0.074	0.288	0.214	0.257	1.000	0.752
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	216	0.041	0.230	0.189	0.178	1.000	0.752

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1044	0.077	0.339	0.262	0.315	1.000	0.752
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	615	0.045	0.222	0.178	0.126	1.000	0.752
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	370	0.081	0.391	0.311	0.439	1.000	0.752
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	651	0.084	0.322	0.238	0.248	1.000	0.752
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1023	0.076	0.307	0.231	0.301	1.000	0.752
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1392	0.062	0.267	0.206	0.227	1.000	0.752
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	234	0.090	0.262	0.172	0.040	1.000	0.752
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	530	0.086	0.324	0.238	0.276	1.000	0.752
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	244	0.075	0.425	0.350	0.519	1.000	0.752
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	373	0.051	0.366	0.316	0.390	1.000	0.751
GABRA2;RP11-436F23.1	chr4	4.64e+07	4.64e+07	233	0.060	0.339	0.280	0.325	1.000	0.751
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	728	0.105	0.393	0.288	0.418	1.000	0.751
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	766	0.162	0.416	0.254	0.411	1.000	0.751
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	235	0.066	0.308	0.242	0.287	1.000	0.751
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1507	0.071	0.291	0.220	0.271	1.000	0.751
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	344	0.150	0.319	0.168	0.215	1.000	0.751
CTD-2377D24.4	chr17	4.87e+07	4.87e+07	230	0.153	0.388	0.235	0.343	1.000	0.751
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	391	0.070	0.361	0.291	0.369	1.000	0.751
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	335	0.116	0.411	0.295	0.425	1.000	0.751
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1085	0.068	0.300	0.233	0.299	1.000	0.751
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1274	0.067	0.345	0.278	0.383	1.000	0.751
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	788	0.078	0.281	0.203	0.215	1.000	0.751
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	233	0.071	0.323	0.252	0.334	1.000	0.751
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	692	0.088	0.354	0.266	0.327	1.000	0.751
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	527	0.104	0.444	0.341	0.500	1.000	0.751
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1115	0.067	0.335	0.268	0.353	1.000	0.751
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	734	0.056	0.320	0.264	0.353	1.000	0.751
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	533	0.070	0.287	0.217	0.243	1.000	0.751
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	734	0.076	0.325	0.250	0.290	1.000	0.751
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	619	0.059	0.329	0.270	0.360	1.000	0.750
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1462	0.066	0.296	0.230	0.292	1.000	0.750
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1116	0.089	0.390	0.300	0.435	1.000	0.750
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	739	0.158	0.383	0.225	0.341	1.000	0.750
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	431	0.039	0.276	0.237	0.241	1.000	0.750
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	467	0.077	0.274	0.198	0.203	1.000	0.750
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	813	0.060	0.356	0.295	0.357	1.000	0.750
HTR1B	chr6	7.75e+07	7.75e+07	346	0.111	0.333	0.223	0.273	1.000	0.750
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	376	0.043	0.330	0.287	0.346	1.000	0.750
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	905	0.082	0.345	0.263	0.334	1.000	0.750
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	546	0.101	0.430	0.329	0.486	1.000	0.750
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	516	0.082	0.281	0.199	0.248	1.000	0.750
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	327	0.098	0.407	0.309	0.465	1.000	0.750
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	811	0.041	0.210	0.169	0.112	1.000	0.750

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1637	0.072	0.296	0.224	0.285	1.000	0.750
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	895	0.078	0.254	0.176	0.091	1.000	0.750
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	462	0.085	0.303	0.218	0.255	1.000	0.749
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1298	0.071	0.280	0.210	0.157	1.000	0.749
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1714	0.066	0.256	0.191	0.068	1.000	0.749
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1274	0.064	0.254	0.190	0.215	1.000	0.749
CTC- 525D6.1;CTC- 525D6.2;VSTM2B	chr19	2.95e+07	2.95e+07	608	0.088	0.321	0.233	0.287	1.000	0.749
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	715	0.094	0.379	0.285	0.400	1.000	0.749
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1119	0.083	0.382	0.299	0.428	1.000	0.749
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	277	0.057	0.287	0.231	0.259	1.000	0.749
ZNF135	chr19	5.81e+07	5.81e+07	300	0.064	0.307	0.243	0.285	1.000	0.749
PAX2	chr10	1.01e+08	1.01e+08	292	0.197	0.441	0.244	0.467	0.957	0.749
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1079	0.070	0.296	0.227	0.294	1.000	0.749
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	802	0.137	0.360	0.222	0.327	1.000	0.749
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	488	0.092	0.311	0.219	0.255	1.000	0.749
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	722	0.080	0.332	0.252	0.299	1.000	0.749
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1813	0.072	0.285	0.212	0.250	1.000	0.749
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	254	0.090	0.365	0.275	0.341	1.000	0.749
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	708	0.084	0.336	0.252	0.297	1.000	0.749
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	838	0.056	0.314	0.258	0.325	1.000	0.749
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	787	0.098	0.376	0.278	0.381	1.000	0.749
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	648	0.074	0.286	0.212	0.229	1.000	0.749
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	238	0.064	0.278	0.214	0.206	1.000	0.749
LINC00643;RP11- 355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	360	0.053	0.224	0.171	0.147	1.000	0.749
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1143	0.076	0.308	0.233	0.236	1.000	0.749
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	990	0.139	0.345	0.206	0.280	1.000	0.749
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	497	0.097	0.284	0.187	0.143	1.000	0.749
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	739	0.073	0.317	0.243	0.280	1.000	0.749
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	286	0.103	0.304	0.201	0.250	1.000	0.749
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1501	0.072	0.288	0.215	0.259	1.000	0.749
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	550	0.060	0.305	0.245	0.320	1.000	0.749
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	435	0.071	0.386	0.315	0.479	1.000	0.749
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	211	0.040	0.312	0.272	0.336	1.000	0.748
EVX2	chr2	1.76e+08	1.76e+08	329	0.154	0.363	0.209	0.308	1.000	0.748
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	358	0.038	0.287	0.249	0.264	1.000	0.748
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1238	0.074	0.360	0.286	0.402	1.000	0.748
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	218	0.050	0.325	0.275	0.348	1.000	0.748
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	850	0.111	0.289	0.178	0.189	1.000	0.748
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	264	0.058	0.275	0.217	0.210	1.000	0.748
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	369	0.055	0.370	0.315	0.423	1.000	0.748

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1953	0.074	0.282	0.209	0.245	1.000	0.748
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	358	0.094	0.273	0.180	0.189	1.000	0.748
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	510	0.041	0.282	0.241	0.257	1.000	0.748
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	368	0.035	0.273	0.237	0.238	1.000	0.748
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1632	0.073	0.281	0.208	0.238	1.000	0.748
ZNF565	chr19	3.62e+07	3.62e+07	308	0.087	0.305	0.218	0.243	1.000	0.748
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1123	0.078	0.370	0.292	0.411	1.000	0.748
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1501	0.074	0.279	0.205	0.238	1.000	0.748
PTGDR	chr14	5.23e+07	5.23e+07	205	0.054	0.420	0.366	0.528	1.000	0.748
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	240	0.066	0.318	0.253	0.332	1.000	0.747
NBEAL2;NRADDP	chr3	4.70e+07	4.70e+07	584	0.130	0.343	0.213	0.301	0.978	0.747
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	493	0.145	0.431	0.285	0.493	1.000	0.747
ROBO3	chr11	1.25e+08	1.25e+08	276	0.073	0.297	0.224	0.252	1.000	0.747
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	387	0.054	0.302	0.248	0.259	1.000	0.747
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	364	0.091	0.305	0.214	0.245	1.000	0.747
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	584	0.084	0.400	0.316	0.491	1.000	0.747
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	320	0.130	0.401	0.271	0.390	1.000	0.747
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1159	0.074	0.279	0.205	0.140	1.000	0.747
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1682	0.073	0.283	0.210	0.243	1.000	0.747
RP11-626H12.1	chr11	7.00e+07	7.00e+07	474	0.098	0.264	0.167	0.178	1.000	0.747
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1620	0.069	0.294	0.225	0.287	1.000	0.747
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	210	0.094	0.355	0.261	0.390	1.000	0.747
NPHS2;RNU5F-2P	chr1	1.80e+08	1.80e+08	309	0.133	0.420	0.287	0.470	1.000	0.747
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	748	0.051	0.336	0.285	0.332	1.000	0.747
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	864	0.056	0.273	0.217	0.227	1.000	0.747
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	347	0.171	0.438	0.266	0.505	1.000	0.747
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1575	0.068	0.253	0.185	0.051	1.000	0.746
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	1342	0.072	0.352	0.279	0.390	1.000	0.746
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	525	0.168	0.360	0.192	0.290	1.000	0.746
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1004	0.080	0.310	0.230	0.245	1.000	0.746
CCNYL2;LINC00839	chr10	4.25e+07	4.25e+07	482	0.179	0.381	0.202	0.334	1.000	0.746
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	496	0.125	0.402	0.277	0.470	1.000	0.746
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	633	0.082	0.292	0.210	0.215	1.000	0.746
OSR2	chr8	9.89e+07	9.89e+07	346	0.134	0.330	0.196	0.273	1.000	0.746
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1449	0.072	0.291	0.219	0.271	1.000	0.746
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1041	0.069	0.294	0.225	0.259	1.000	0.746
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	955	0.074	0.270	0.196	0.203	1.000	0.746
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	916	0.076	0.275	0.198	0.210	1.000	0.746
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1822	0.075	0.281	0.206	0.243	1.000	0.746
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	570	0.094	0.299	0.205	0.222	1.000	0.746
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1159	0.064	0.312	0.249	0.287	1.000	0.746
PXDN	chr2	1.74e+06	1.74e+06	237	0.051	0.239	0.188	0.150	1.000	0.746
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	540	0.100	0.300	0.200	0.203	1.000	0.746
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	280	0.141	0.261	0.120	0.082	1.000	0.746
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	322	0.073	0.282	0.209	0.224	1.000	0.746

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HDAC7	chr12	4.78e+07	4.78e+07	216	0.041	0.267	0.225	0.269	1.000	0.746
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	629	0.087	0.296	0.209	0.224	1.000	0.746
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1848	0.060	0.261	0.201	0.224	1.000	0.744
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	836	0.093	0.246	0.153	0.082	1.000	0.745
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	511	0.068	0.348	0.279	0.350	1.000	0.745
BHLHE23	chr20	6.30e+07	6.30e+07	272	0.060	0.285	0.225	0.238	1.000	0.745
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	883	0.066	0.347	0.281	0.341	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1252	0.077	0.277	0.200	0.229	1.000	0.745
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	431	0.106	0.271	0.165	0.164	1.000	0.745
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	604	0.092	0.302	0.210	0.238	1.000	0.745
AGTR1;RPL38P1	chr3	1.49e+08	1.49e+08	232	0.055	0.224	0.168	0.147	1.000	0.745
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	420	0.156	0.404	0.248	0.432	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	998	0.069	0.268	0.200	0.215	1.000	0.745
HDAC7	chr12	4.78e+07	4.78e+07	281	0.037	0.265	0.227	0.269	1.000	0.745
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	377	0.104	0.400	0.297	0.449	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	815	0.071	0.273	0.202	0.217	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	634	0.072	0.263	0.191	0.187	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1433	0.076	0.282	0.206	0.241	1.000	0.745
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	536	0.065	0.280	0.215	0.229	1.000	0.745
HS3ST4	chr16	2.57e+07	2.57e+07	741	0.059	0.358	0.299	0.381	1.000	0.745
LRRC9;RP11-62H20.1	chr14	5.99e+07	5.99e+07	310	0.075	0.302	0.227	0.231	1.000	0.745
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	437	0.112	0.458	0.346	0.519	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1011	0.065	0.268	0.202	0.220	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1573	0.078	0.279	0.202	0.234	1.000	0.745
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	858	0.066	0.271	0.205	0.220	1.000	0.744
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	206	0.060	0.312	0.252	0.301	1.000	0.744
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	548	0.057	0.299	0.242	0.311	1.000	0.744
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	208	0.109	0.285	0.176	0.194	1.000	0.744
ADARB2	chr10	1.74e+06	1.74e+06	201	0.056	0.265	0.208	0.201	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	776	0.073	0.279	0.205	0.224	1.000	0.744
EPS8L1	chr19	5.51e+07	5.51e+07	432	0.198	0.402	0.204	0.379	0.957	0.744
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	288	0.130	0.363	0.233	0.327	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	677	0.066	0.262	0.195	0.206	1.000	0.744
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	507	0.071	0.312	0.241	0.339	1.000	0.744
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	246	0.073	0.335	0.262	0.327	1.000	0.744
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr1	1.46e+08	1.46e+08	248	0.113	0.364	0.251	0.341	1.000	0.744
HFE2	chr1	1.46e+08	1.46e+08	248	0.113	0.364	0.251	0.341	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1730	0.074	0.284	0.210	0.243	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1870	0.075	0.282	0.206	0.243	1.000	0.744
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	297	0.094	0.305	0.211	0.245	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1443	0.073	0.287	0.214	0.262	1.000	0.744
RP11-656G20.1	chr8	7.23e+07	7.23e+07	324	0.061	0.313	0.252	0.325	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1024	0.063	0.268	0.205	0.224	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	595	0.075	0.268	0.192	0.187	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1031	0.071	0.274	0.203	0.231	1.000	0.744

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr1	2.48e+08	2.48e+08	262	0.110	0.402	0.292	0.449	1.000	0.744
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	262	0.110	0.402	0.292	0.449	1.000	0.744
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1548	0.080	0.279	0.199	0.234	1.000	0.744
PROX1;PROX1-AS1	chr1	2.14e+08	2.14e+08	390	0.061	0.295	0.234	0.229	1.000	0.743
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	747	0.077	0.316	0.239	0.269	1.000	0.743
C15orf48;RP11-519G16.5	chr15	4.54e+07	4.54e+07	312	0.086	0.419	0.333	0.491	1.000	0.743
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr10	1.16e+08	1.16e+08	871	0.062	0.270	0.208	0.224	1.000	0.743
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	871	0.062	0.270	0.208	0.224	1.000	0.743
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	814	0.097	0.363	0.266	0.346	1.000	0.743
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	363	0.078	0.382	0.304	0.404	1.000	0.743
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	467	0.058	0.279	0.221	0.243	1.000	0.743
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	224	0.059	0.289	0.229	0.248	1.000	0.743
IRAK2	chr3	1.02e+07	1.02e+07	209	0.047	0.345	0.298	0.376	1.000	0.743
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	278	0.135	0.465	0.330	0.516	1.000	0.743
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	365	0.070	0.348	0.278	0.362	1.000	0.743
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	254	0.061	0.321	0.260	0.313	1.000	0.743
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1408	0.079	0.282	0.203	0.241	1.000	0.743
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	690	0.062	0.261	0.199	0.213	1.000	0.743
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	891	0.068	0.276	0.208	0.236	1.000	0.743
TSC22D4	chr7	1.00e+08	1.00e+08	203	0.061	0.279	0.218	0.266	1.000	0.743
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1227	0.080	0.276	0.196	0.227	1.000	0.743
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	278	0.044	0.373	0.329	0.388	1.000	0.743
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	432	0.077	0.382	0.305	0.477	1.000	0.743
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	415	0.091	0.400	0.309	0.484	1.000	0.742
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	858	0.137	0.344	0.207	0.259	1.000	0.742
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	884	0.059	0.270	0.210	0.229	1.000	0.742
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	365	0.093	0.357	0.264	0.355	1.000	0.742
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	667	0.062	0.237	0.175	0.129	1.000	0.742
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	436	0.095	0.378	0.283	0.388	1.000	0.742
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	377	0.084	0.409	0.325	0.500	1.000	0.742
ADAM29;GLRA3	chr4	1.75e+08	1.75e+08	211	0.079	0.315	0.236	0.276	1.000	0.742
AC018730.4;LINC0113J10.1	chr2	1.05e+08	1.05e+08	314	0.113	0.270	0.157	0.147	1.000	0.742
LRRC9;RP11-62H20.1	chr14	5.99e+07	5.99e+07	231	0.093	0.317	0.224	0.231	1.000	0.742
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1427	0.073	0.295	0.222	0.285	1.000	0.742
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	510	0.063	0.293	0.230	0.299	1.000	0.742
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1549	0.075	0.280	0.205	0.234	1.000	0.742
RAI1	chr17	1.77e+07	1.77e+07	405	0.056	0.368	0.313	0.435	1.000	0.742
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	258	0.081	0.335	0.254	0.294	1.000	0.742
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	742	0.094	0.364	0.270	0.360	1.000	0.742
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	418	0.090	0.413	0.323	0.512	1.000	0.742
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	504	0.113	0.317	0.204	0.285	1.000	0.742

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	863	0.057	0.225	0.168	0.121	1.000	0.742
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1730	0.062	0.248	0.186	0.206	1.000	0.742
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	256	0.080	0.280	0.199	0.210	1.000	0.741
CCDC67	chr11	9.33e+07	9.33e+07	203	0.050	0.236	0.186	0.157	1.000	0.741
FOXF2	chr6	1.39e+06	1.39e+06	397	0.177	0.398	0.221	0.395	1.000	0.741
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	255	0.110	0.256	0.146	0.157	1.000	0.741
GABRA6;GABRB2	chr5	1.62e+08	1.62e+08	324	0.052	0.330	0.278	0.336	1.000	0.741
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	400	0.069	0.257	0.188	0.157	1.000	0.741
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	510	0.120	0.409	0.290	0.484	1.000	0.741
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	467	0.188	0.381	0.193	0.278	1.000	0.741
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	838	0.056	0.267	0.211	0.199	1.000	0.741
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	403	0.044	0.207	0.163	0.159	1.000	0.741
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	927	0.111	0.406	0.295	0.481	1.000	0.741
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	464	0.074	0.382	0.308	0.451	1.000	0.741
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1124	0.068	0.295	0.228	0.294	1.000	0.741
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	529	0.066	0.244	0.178	0.147	1.000	0.741
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	463	0.065	0.258	0.194	0.164	1.000	0.741
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	273	0.081	0.329	0.248	0.294	1.000	0.741
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	703	0.059	0.262	0.203	0.222	1.000	0.741
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	317	0.148	0.402	0.254	0.383	1.000	0.741
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	298	0.127	0.306	0.179	0.224	1.000	0.741
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	844	0.076	0.337	0.261	0.315	1.000	0.740
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	321	0.099	0.376	0.277	0.383	1.000	0.740
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr1	1.55e+08	1.55e+08	256	0.061	0.352	0.291	0.339	1.000	0.740
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	710	0.069	0.270	0.201	0.224	1.000	0.740
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	465	0.068	0.298	0.229	0.266	1.000	0.740
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	274	0.063	0.260	0.196	0.173	1.000	0.740
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1277	0.070	0.270	0.200	0.222	1.000	0.740
AF131215.8;XKR6	chr8	1.12e+07	1.12e+07	213	0.052	0.342	0.289	0.383	1.000	0.740
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	691	0.193	0.342	0.149	0.210	1.000	0.740
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	315	0.070	0.306	0.236	0.259	1.000	0.740
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	425	0.036	0.274	0.238	0.245	1.000	0.740
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	344	0.094	0.252	0.158	0.140	1.000	0.740
MAP3K14-AS1;SPATA32	chr17	4.53e+07	4.53e+07	243	0.180	0.446	0.266	0.479	1.000	0.740
AF131215.8;XKR6	chr8	1.12e+07	1.12e+07	204	0.056	0.346	0.290	0.381	1.000	0.740
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	320	0.068	0.298	0.230	0.238	1.000	0.740

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	298	0.153	0.398	0.246	0.407	1.000	0.740
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1421	0.075	0.292	0.217	0.271	1.000	0.739
HIST1H3J	chr6	2.79e+07	2.79e+07	267	0.142	0.378	0.236	0.336	1.000	0.739
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	522	0.094	0.289	0.196	0.178	1.000	0.739
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	689	0.058	0.257	0.198	0.182	1.000	0.739
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	273	0.102	0.346	0.244	0.294	1.000	0.739
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	325	0.191	0.426	0.234	0.481	1.000	0.739
FGF14;FGF14- AS2;FGF14-IT1	chr13	1.02e+08	1.02e+08	318	0.029	0.338	0.309	0.393	1.000	0.739
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	212	0.059	0.247	0.188	0.250	1.000	0.739
CCDC67	chr11	9.33e+07	9.33e+07	205	0.048	0.269	0.222	0.231	1.000	0.739
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	200	0.176	0.394	0.218	0.350	1.000	0.739
AC097467.2;NPY2R;RP11- 92A5.2	chr11	1.55e+08	1.55e+08	694	0.068	0.327	0.259	0.285	1.000	0.739
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	228	0.122	0.467	0.344	0.514	1.000	0.739
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	743	0.133	0.342	0.209	0.280	1.000	0.739
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	265	0.111	0.274	0.163	0.182	1.000	0.739
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	1203	0.060	0.269	0.209	0.220	1.000	0.739
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	666	0.062	0.282	0.220	0.255	1.000	0.739
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	250	0.032	0.295	0.263	0.315	1.000	0.739
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.98e+05	1.98e+05	505	0.116	0.450	0.334	0.500	1.000	0.739
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	513	0.113	0.413	0.299	0.488	1.000	0.738
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	300	0.142	0.373	0.232	0.350	1.000	0.738
FGF14;FGF14- AS2;FGF14-IT1	chr13	1.02e+08	1.02e+08	208	0.031	0.325	0.294	0.350	1.000	0.738
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	571	0.065	0.298	0.233	0.301	1.000	0.738
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1410	0.070	0.293	0.223	0.290	1.000	0.738
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	465	0.052	0.270	0.219	0.243	1.000	0.738
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1098	0.069	0.265	0.196	0.093	1.000	0.738
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1137	0.068	0.272	0.204	0.229	1.000	0.738
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	298	0.108	0.290	0.182	0.213	1.000	0.738
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	242	0.067	0.315	0.248	0.327	1.000	0.738
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	497	0.042	0.336	0.294	0.397	1.000	0.738
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	419	0.089	0.282	0.193	0.180	1.000	0.738
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	648	0.160	0.363	0.203	0.264	1.000	0.738
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	303	0.074	0.311	0.236	0.264	1.000	0.738
AC097467.2;NPY2R;RP11- 92A5.2	chr11	1.55e+08	1.55e+08	594	0.063	0.315	0.252	0.273	1.000	0.738
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	393	0.060	0.273	0.213	0.241	1.000	0.738
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1514	0.063	0.237	0.174	0.023	1.000	0.737
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	819	0.115	0.410	0.295	0.486	1.000	0.737
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	254	0.102	0.315	0.213	0.252	1.000	0.737
LRRC8D;RP11- 302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	206	0.057	0.288	0.230	0.262	1.000	0.737
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	317	0.069	0.382	0.313	0.425	1.000	0.737

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	567	0.069	0.323	0.254	0.283	1.000	0.737
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	257	0.113	0.402	0.289	0.437	1.000	0.737
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	212	0.050	0.266	0.216	0.213	1.000	0.737
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	462	0.100	0.286	0.186	0.196	1.000	0.737
NEFH	chr22	2.95e+07	2.95e+07	260	0.070	0.262	0.192	0.210	1.000	0.737
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	506	0.041	0.342	0.301	0.414	1.000	0.737
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	293	0.062	0.298	0.236	0.304	1.000	0.737
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	278	0.042	0.258	0.216	0.243	1.000	0.737
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	289	0.078	0.312	0.234	0.262	1.000	0.737
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	438	0.142	0.393	0.251	0.435	1.000	0.737
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1118	0.069	0.291	0.222	0.287	1.000	0.737
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	426	0.090	0.264	0.175	0.145	1.000	0.737
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	339	0.065	0.317	0.251	0.271	1.000	0.737
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	943	0.075	0.299	0.223	0.208	1.000	0.737
KCNE3;RP11- 702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	288	0.085	0.273	0.188	0.222	1.000	0.737
RP11-656G20.1	chr8	7.23e+07	7.23e+07	329	0.058	0.301	0.242	0.306	1.000	0.737
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	312	0.072	0.326	0.254	0.287	1.000	0.737
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	350	0.127	0.366	0.239	0.346	1.000	0.737
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	421	0.058	0.274	0.216	0.220	1.000	0.736
PAUPAR;RCN1	chr11	3.18e+07	3.18e+07	341	0.128	0.391	0.263	0.367	1.000	0.736
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	689	0.060	0.285	0.224	0.241	1.000	0.736
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	534	0.065	0.309	0.243	0.301	1.000	0.736
PDE1C	chr7	3.21e+07	3.21e+07	379	0.055	0.286	0.231	0.252	1.000	0.736
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	956	0.068	0.266	0.197	0.217	1.000	0.736
NAGS;PYY	chr17	4.40e+07	4.40e+07	726	0.192	0.366	0.173	0.236	0.978	0.736
LRRC8D;RP11- 302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	460	0.050	0.286	0.236	0.285	1.000	0.736
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	394	0.058	0.274	0.216	0.217	1.000	0.736
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	439	0.070	0.330	0.260	0.290	1.000	0.736
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	848	0.075	0.338	0.264	0.299	1.000	0.736
GRIK1	chr21	2.99e+07	2.99e+07	250	0.098	0.308	0.211	0.243	1.000	0.736
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	716	0.060	0.284	0.224	0.236	1.000	0.736
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	698	0.056	0.235	0.180	0.103	1.000	0.736
ERICH1;ERICH1- AS1	chr8	7.38e+05	7.39e+05	910	0.082	0.249	0.168	0.131	1.000	0.736
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	429	0.037	0.269	0.232	0.236	1.000	0.736
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	1067	0.087	0.258	0.171	0.187	1.000	0.736
HFE2	chr1	1.46e+08	1.46e+08	219	0.146	0.365	0.219	0.341	1.000	0.736
PDE1C	chr7	3.21e+07	3.21e+07	506	0.044	0.265	0.221	0.231	1.000	0.736

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
C15orf48;RP11-519G16.5	chr15	4.54e+07	4.54e+07	226	0.094	0.420	0.326	0.479	1.000	0.736
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	574	0.057	0.305	0.248	0.329	1.000	0.735
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	730	0.085	0.356	0.271	0.404	1.000	0.735
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1290	0.075	0.281	0.206	0.241	1.000	0.735
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1421	0.074	0.282	0.209	0.245	1.000	0.735
AC097467.2;NPY2R;92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	1038	0.076	0.337	0.261	0.290	1.000	0.735
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	208	0.059	0.311	0.252	0.259	1.000	0.735
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	296	0.040	0.218	0.177	0.129	1.000	0.735
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	715	0.058	0.324	0.265	0.327	1.000	0.735
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	463	0.095	0.362	0.267	0.348	1.000	0.735
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	274	0.095	0.249	0.154	0.164	1.000	0.735
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1252	0.067	0.295	0.228	0.294	1.000	0.735
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr3	4.23e+07	4.23e+07	375	0.100	0.258	0.158	0.147	1.000	0.735
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	375	0.100	0.258	0.158	0.147	1.000	0.735
C1QL3	chr10	1.65e+07	1.65e+07	589	0.090	0.254	0.164	0.182	1.000	0.735
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	328	0.072	0.299	0.227	0.243	1.000	0.735
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	230	0.172	0.394	0.222	0.355	1.000	0.735
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	719	0.051	0.191	0.141	0.007	1.000	0.734
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	642	0.090	0.291	0.201	0.208	1.000	0.734
LRRC9;RP11-62H20.1	chr14	5.99e+07	5.99e+07	433	0.121	0.337	0.216	0.269	1.000	0.734
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	556	0.118	0.344	0.226	0.311	1.000	0.734
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	508	0.039	0.276	0.237	0.259	1.000	0.734
TMEM246	chr9	1.01e+08	1.01e+08	565	0.067	0.377	0.310	0.453	1.000	0.734
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	721	0.095	0.355	0.261	0.395	1.000	0.734
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	704	0.055	0.219	0.164	0.054	1.000	0.734
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	257	0.074	0.339	0.266	0.292	1.000	0.734
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	707	0.052	0.204	0.151	0.026	1.000	0.734
LRRC9;RP11-62H20.1	chr14	5.99e+07	5.99e+07	354	0.148	0.359	0.211	0.304	1.000	0.734
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	384	0.078	0.271	0.193	0.201	1.000	0.734
AC097467.2;NPY2R;92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	302	0.081	0.341	0.260	0.313	1.000	0.734
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1404	0.071	0.289	0.218	0.278	1.000	0.734
PDE1C	chr7	3.21e+07	3.21e+07	492	0.049	0.264	0.215	0.215	1.000	0.734
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	833	0.106	0.363	0.257	0.348	1.000	0.734
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	423	0.074	0.265	0.191	0.194	1.000	0.733
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	206	0.119	0.391	0.271	0.409	1.000	0.733
DTNA	chr18	3.45e+07	3.45e+07	786	0.148	0.377	0.229	0.350	1.000	0.733
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	316	0.099	0.370	0.271	0.367	1.000	0.733
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	357	0.067	0.376	0.309	0.397	1.000	0.733
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	547	0.060	0.263	0.204	0.229	1.000	0.733

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DKK2	chr4	1.07e+08	1.07e+08	400	0.074	0.301	0.228	0.262	1.000	0.733
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	972	0.060	0.313	0.253	0.301	1.000	0.733
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	557	0.074	0.334	0.259	0.299	1.000	0.733
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	457	0.122	0.415	0.293	0.458	1.000	0.733
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	482	0.077	0.286	0.209	0.243	1.000	0.733
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	593	0.078	0.343	0.265	0.313	1.000	0.733
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	323	0.095	0.325	0.230	0.325	1.000	0.733
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	466	0.067	0.263	0.196	0.213	1.000	0.733
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	453	0.126	0.385	0.260	0.430	1.000	0.733
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	674	0.163	0.379	0.215	0.313	1.000	0.733
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	581	0.160	0.340	0.180	0.236	1.000	0.733
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	717	0.103	0.363	0.260	0.395	1.000	0.733
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	348	0.098	0.357	0.260	0.343	1.000	0.733
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1041	0.078	0.279	0.200	0.238	1.000	0.733
DTNA	chr18	3.45e+07	3.45e+07	790	0.115	0.342	0.227	0.320	1.000	0.733
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	680	0.153	0.382	0.229	0.339	1.000	0.733
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	854	0.065	0.290	0.225	0.257	1.000	0.733
ONECUT1	chr15	5.28e+07	5.28e+07	337	0.071	0.197	0.126	0.042	1.000	0.732
LHX8	chr1	7.51e+07	7.51e+07	246	0.061	0.294	0.233	0.250	1.000	0.732
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	678	0.062	0.291	0.228	0.252	1.000	0.732
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	327	0.070	0.387	0.317	0.486	1.000	0.732
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	649	0.105	0.337	0.232	0.299	1.000	0.732
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	783	0.079	0.340	0.262	0.301	1.000	0.732
CTC-525D6.1;CTC-525D6.2;VSTM2B	chr19	2.95e+07	2.95e+07	926	0.104	0.328	0.224	0.308	1.000	0.732
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	505	0.080	0.312	0.232	0.308	1.000	0.732
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	430	0.048	0.214	0.165	0.168	1.000	0.732
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	496	0.065	0.282	0.218	0.245	1.000	0.732
CNNM1	chr10	9.93e+07	9.93e+07	381	0.082	0.381	0.299	0.444	1.000	0.732
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	927	0.069	0.272	0.204	0.220	1.000	0.732
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	370	0.188	0.347	0.159	0.229	1.000	0.732
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	724	0.098	0.334	0.236	0.301	1.000	0.732
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	391	0.052	0.259	0.206	0.234	1.000	0.732
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	494	0.084	0.299	0.214	0.262	1.000	0.731
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	347	0.109	0.344	0.235	0.308	1.000	0.731
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	790	0.142	0.373	0.231	0.327	1.000	0.731
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	548	0.071	0.287	0.216	0.243	1.000	0.731

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	469	0.112	0.363	0.252	0.402	1.000	0.731
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	479	0.062	0.263	0.200	0.217	1.000	0.731
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	563	0.054	0.245	0.191	0.220	1.000	0.731
SLC12A8	chr3	1.25e+08	1.25e+08	256	0.063	0.367	0.305	0.418	1.000	0.731
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	382	0.072	0.281	0.210	0.238	1.000	0.731
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	305	0.122	0.282	0.160	0.152	1.000	0.731
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	413	0.075	0.351	0.277	0.306	1.000	0.731
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	607	0.057	0.272	0.215	0.220	1.000	0.731
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	487	0.085	0.359	0.274	0.355	1.000	0.731
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	761	0.104	0.364	0.260	0.355	1.000	0.731
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	262	0.073	0.336	0.263	0.290	1.000	0.731
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	296	0.083	0.325	0.242	0.329	1.000	0.731
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1246	0.068	0.291	0.222	0.285	1.000	0.731
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	203	0.031	0.261	0.230	0.213	1.000	0.731
ADRA1A	chr8	2.69e+07	2.69e+07	289	0.101	0.295	0.193	0.164	1.000	0.730
AC097467.2;NPY2R;RPI1- 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	232	0.097	0.377	0.280	0.386	1.000	0.730
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	208	0.030	0.261	0.231	0.227	1.000	0.730
RAI1	chr17	1.77e+07	1.77e+07	1363	0.078	0.362	0.284	0.414	1.000	0.730
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	689	0.050	0.328	0.279	0.332	1.000	0.730
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	365	0.070	0.373	0.303	0.425	1.000	0.730
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	278	0.079	0.282	0.203	0.238	1.000	0.730
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	418	0.074	0.347	0.273	0.301	1.000	0.730
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	656	0.064	0.288	0.224	0.245	1.000	0.730
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	745	0.073	0.320	0.248	0.273	1.000	0.730
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	363	0.070	0.334	0.264	0.343	1.000	0.730
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	458	0.182	0.392	0.210	0.343	1.000	0.730
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	580	0.057	0.272	0.215	0.217	1.000	0.730
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	265	0.100	0.354	0.254	0.336	1.000	0.730
FAM19A5	chr22	4.85e+07	4.85e+07	742	0.076	0.265	0.189	0.180	1.000	0.730
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1338	0.076	0.282	0.206	0.243	1.000	0.730
HAND2;HAND2- AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	205	0.059	0.289	0.230	0.229	1.000	0.730
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	492	0.059	0.263	0.204	0.224	1.000	0.730
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	1201	0.058	0.258	0.200	0.201	1.000	0.730
C8orf88	chr8	9.10e+07	9.10e+07	258	0.090	0.331	0.240	0.308	1.000	0.730
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1016	0.082	0.278	0.197	0.234	1.000	0.730
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	277	0.111	0.292	0.181	0.217	1.000	0.730
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	278	0.080	0.405	0.324	0.488	1.000	0.730
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	946	0.069	0.261	0.192	0.196	1.000	0.730
DOK6;RP11- 17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	1010	0.063	0.270	0.207	0.206	1.000	0.730
HOXA10- HOXA9;HOXA9	chr7	2.72e+07	2.72e+07	345	0.162	0.383	0.220	0.379	1.000	0.729
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	210	0.151	0.384	0.232	0.386	1.000	0.729
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	383	0.060	0.280	0.220	0.236	1.000	0.729

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1292	0.075	0.353	0.279	0.364	1.000	0.729
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	210	0.058	0.282	0.225	0.229	1.000	0.729
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	670	0.047	0.308	0.260	0.329	1.000	0.729
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	291	0.059	0.289	0.230	0.283	1.000	0.729
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	999	0.065	0.242	0.177	0.042	1.000	0.729
GLT1D1	chr12	1.29e+08	1.29e+08	625	0.121	0.347	0.226	0.332	1.000	0.729
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	617	0.080	0.290	0.210	0.220	1.000	0.729
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	805	0.142	0.363	0.222	0.301	1.000	0.729
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	553	0.066	0.284	0.218	0.243	1.000	0.729
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	613	0.085	0.294	0.209	0.229	1.000	0.729
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	578	0.053	0.296	0.244	0.325	1.000	0.729
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1415	0.059	0.214	0.155	0.005	1.000	0.729
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1415	0.059	0.214	0.155	0.005	1.000	0.729
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	250	0.080	0.298	0.218	0.292	1.000	0.729
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	546	0.089	0.306	0.217	0.290	1.000	0.729
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	561	0.115	0.344	0.229	0.308	1.000	0.729
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	283	0.083	0.364	0.281	0.421	1.000	0.729
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	360	0.088	0.306	0.218	0.252	1.000	0.729
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	256	0.089	0.351	0.262	0.339	1.000	0.729
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	693	0.050	0.290	0.240	0.315	1.000	0.728
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	272	0.147	0.317	0.170	0.241	1.000	0.728
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	1163	0.063	0.245	0.183	0.166	1.000	0.728
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	249	0.037	0.281	0.244	0.264	1.000	0.728
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	225	0.127	0.395	0.268	0.444	1.000	0.728
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	588	0.091	0.301	0.210	0.243	1.000	0.728
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	320	0.048	0.229	0.181	0.157	1.000	0.728
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	273	0.089	0.279	0.190	0.215	1.000	0.728
EID3;TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	202	0.052	0.257	0.205	0.220	1.000	0.728
PTP4A2	chr1	3.19e+07	3.19e+07	203	0.109	0.400	0.291	0.477	1.000	0.728
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	844	0.072	0.278	0.206	0.152	1.000	0.728
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	473	0.061	0.257	0.195	0.222	1.000	0.728
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	210	0.091	0.301	0.211	0.276	1.000	0.728
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	630	0.146	0.381	0.235	0.355	1.000	0.728
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	345	0.088	0.359	0.271	0.407	1.000	0.728
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	554	0.092	0.297	0.205	0.227	1.000	0.728
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	509	0.126	0.357	0.231	0.290	1.000	0.728
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	281	0.104	0.296	0.193	0.227	1.000	0.728
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	624	0.157	0.377	0.220	0.325	1.000	0.728
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	361	0.062	0.274	0.212	0.224	1.000	0.728
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	253	0.067	0.277	0.211	0.259	1.000	0.728
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	394	0.075	0.263	0.188	0.166	1.000	0.728
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	433	0.141	0.365	0.223	0.355	1.000	0.727
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	228	0.067	0.323	0.256	0.322	1.000	0.727
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	1160	0.068	0.247	0.179	0.166	1.000	0.727
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	259	0.035	0.266	0.231	0.236	1.000	0.727

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	499	0.070	0.271	0.202	0.231	1.000	0.727
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	260	0.133	0.374	0.241	0.369	1.000	0.727
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	515	0.118	0.365	0.247	0.322	1.000	0.727
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	450	0.075	0.332	0.257	0.364	1.000	0.727
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	549	0.108	0.366	0.257	0.411	1.000	0.727
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.98e+05	797	0.050	0.286	0.236	0.297	1.000	0.727
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1363	0.075	0.281	0.207	0.248	1.000	0.727
AC097467.2;NPY2R; 92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	289	0.070	0.318	0.248	0.264	1.000	0.727
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	612	0.103	0.289	0.186	0.213	1.000	0.727
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	740	0.135	0.371	0.236	0.341	1.000	0.727
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	268	0.102	0.370	0.268	0.416	1.000	0.727
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	300	0.092	0.292	0.200	0.243	1.000	0.727
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	343	0.098	0.349	0.251	0.327	1.000	0.727
LINC00116	chr2	1.10e+08	1.10e+08	352	0.199	0.417	0.218	0.402	1.000	0.727
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	591	0.063	0.293	0.230	0.283	1.000	0.727
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	204	0.038	0.234	0.196	0.213	1.000	0.726
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	856	0.072	0.287	0.215	0.238	1.000	0.726
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	253	0.072	0.263	0.191	0.192	1.000	0.726
LRRC9;RP11-62H20.1	chr14	5.99e+07	5.99e+07	557	0.119	0.326	0.207	0.245	1.000	0.726
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	295	0.108	0.337	0.229	0.304	1.000	0.726
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	362	0.065	0.362	0.297	0.364	1.000	0.726
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	422	0.068	0.278	0.210	0.243	1.000	0.726
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	489	0.055	0.236	0.181	0.201	1.000	0.726
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	625	0.110	0.356	0.246	0.313	1.000	0.726
LRRC9;RP11-62H20.1	chr14	5.99e+07	5.99e+07	434	0.084	0.297	0.212	0.220	1.000	0.726
EID3;TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	232	0.049	0.249	0.201	0.206	1.000	0.726
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	558	0.056	0.346	0.291	0.364	1.000	0.726
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	318	0.095	0.226	0.131	0.089	1.000	0.726
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	330	0.103	0.361	0.258	0.409	1.000	0.726
GATA4	chr8	1.17e+07	1.17e+07	433	0.181	0.306	0.125	0.136	1.000	0.726
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	614	0.090	0.268	0.178	0.182	1.000	0.726
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	466	0.121	0.347	0.226	0.318	1.000	0.726
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	362	0.071	0.331	0.260	0.280	1.000	0.726
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	482	0.106	0.361	0.256	0.348	1.000	0.726
TAC1	chr7	9.77e+07	9.77e+07	550	0.122	0.250	0.128	0.089	1.000	0.725
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	569	0.059	0.277	0.218	0.236	1.000	0.725
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	524	0.100	0.299	0.199	0.210	1.000	0.725
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	813	0.143	0.357	0.214	0.278	1.000	0.725

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	251	0.167	0.339	0.171	0.220	1.000	0.725
BMP4	chr14	5.40e+07	5.40e+07	279	0.106	0.293	0.187	0.217	1.000	0.725
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	402	0.050	0.281	0.231	0.269	1.000	0.725
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	713	0.076	0.246	0.169	0.157	1.000	0.725
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	276	0.088	0.370	0.282	0.407	1.000	0.725
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	258	0.065	0.265	0.200	0.213	1.000	0.725
HAND2;HAND2-AS1	chr4	1.74e+08	1.74e+08	218	0.064	0.285	0.221	0.241	1.000	0.725
CTD-2666L21.1	chr19	1.22e+07	1.22e+07	435	0.083	0.327	0.244	0.339	1.000	0.725
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1314	0.195	0.331	0.136	0.192	1.000	0.725
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	408	0.178	0.393	0.215	0.364	1.000	0.725
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr14	1.55e+08	1.55e+08	443	0.079	0.334	0.256	0.283	1.000	0.724
RAI1	chr17	1.77e+07	1.77e+07	959	0.089	0.363	0.274	0.409	1.000	0.724
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1232	0.076	0.279	0.203	0.238	1.000	0.724
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	512	0.065	0.303	0.238	0.217	1.000	0.724
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	293	0.144	0.372	0.228	0.318	1.000	0.724
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	755	0.135	0.361	0.226	0.313	1.000	0.724
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	471	0.062	0.356	0.294	0.407	1.000	0.724
EID3;TXNRD1	chr12	1.04e+08	1.04e+08	234	0.058	0.259	0.201	0.213	1.000	0.724
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr14	1.55e+08	1.55e+08	633	0.079	0.333	0.253	0.276	1.000	0.724
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	516	0.042	0.210	0.167	0.136	1.000	0.724
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	248	0.075	0.335	0.260	0.336	1.000	0.724
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	478	0.128	0.361	0.232	0.311	1.000	0.724
CTD-2269F5.1;EDIL3	chr5	8.44e+07	8.44e+07	261	0.057	0.218	0.161	0.152	1.000	0.724
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	875	0.072	0.273	0.201	0.217	1.000	0.724
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	367	0.110	0.358	0.248	0.339	1.000	0.724
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	769	0.063	0.339	0.277	0.332	1.000	0.724
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	324	0.077	0.383	0.306	0.488	1.000	0.723
RP11-46I8.3;ZFP3	chr17	5.08e+06	5.08e+06	214	0.025	0.254	0.229	0.287	1.000	0.723
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	547	0.060	0.272	0.211	0.224	1.000	0.723
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	272	0.127	0.378	0.251	0.364	1.000	0.723
TRIM71	chr3	3.28e+07	3.28e+07	290	0.092	0.379	0.287	0.416	1.000	0.723
CELF4	chr18	3.76e+07	3.76e+07	252	0.077	0.347	0.270	0.355	1.000	0.723
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	363	0.071	0.338	0.268	0.332	1.000	0.723
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	534	0.106	0.395	0.290	0.393	1.000	0.723
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	442	0.030	0.250	0.220	0.269	1.000	0.723
HDAC7	chr12	4.78e+07	4.78e+07	262	0.040	0.255	0.215	0.243	1.000	0.723
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	291	0.071	0.271	0.200	0.215	1.000	0.723
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	640	0.113	0.346	0.233	0.285	1.000	0.723
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	297	0.110	0.306	0.196	0.262	1.000	0.723
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	677	0.081	0.303	0.222	0.299	1.000	0.722
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	204	0.085	0.344	0.258	0.360	1.000	0.722

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	745	0.069	0.267	0.198	0.224	1.000	0.722
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	396	0.026	0.240	0.215	0.255	1.000	0.722
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	292	0.099	0.332	0.234	0.290	1.000	0.722
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	303	0.101	0.337	0.236	0.306	1.000	0.722
KCNT2	chr1	1.97e+08	1.97e+08	302	0.057	0.327	0.270	0.327	1.000	0.722
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	396	0.078	0.288	0.211	0.252	1.000	0.722
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1341	0.076	0.286	0.210	0.264	1.000	0.722
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	381	0.048	0.296	0.248	0.308	1.000	0.722
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1152	0.194	0.329	0.136	0.194	1.000	0.722
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	719	0.071	0.237	0.166	0.152	1.000	0.722
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	310	0.094	0.425	0.330	0.535	1.000	0.722
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr1	1.55e+08	1.55e+08	552	0.073	0.330	0.257	0.273	1.000	0.722
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	439	0.067	0.263	0.196	0.196	1.000	0.721
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	983	0.080	0.277	0.197	0.236	1.000	0.721
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	270	0.068	0.256	0.188	0.224	1.000	0.721
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	348	0.068	0.241	0.173	0.133	1.000	0.721
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	316	0.036	0.268	0.232	0.238	1.000	0.721
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	1048	0.129	0.332	0.204	0.266	1.000	0.721
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	214	0.068	0.323	0.255	0.336	1.000	0.721
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	743	0.074	0.282	0.207	0.178	1.000	0.721
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	763	0.137	0.355	0.217	0.285	1.000	0.720
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	651	0.070	0.318	0.247	0.304	1.000	0.720
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1280	0.077	0.280	0.204	0.243	1.000	0.720
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	456	0.118	0.335	0.218	0.294	1.000	0.720
ZSCAN1	chr19	5.80e+07	5.80e+07	444	0.062	0.264	0.202	0.215	1.000	0.720
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	598	0.190	0.331	0.141	0.196	1.000	0.720
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	531	0.108	0.332	0.225	0.301	1.000	0.720
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	958	0.083	0.277	0.193	0.234	1.000	0.720
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	417	0.064	0.316	0.252	0.318	1.000	0.720
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	265	0.032	0.264	0.232	0.236	1.000	0.720
EPS8L1	chr19	5.51e+07	5.51e+07	340	0.169	0.375	0.206	0.346	0.957	0.720
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	269	0.089	0.269	0.180	0.201	1.000	0.720
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	326	0.047	0.211	0.165	0.124	1.000	0.720
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	372	0.060	0.342	0.282	0.353	1.000	0.720
RP11-154H12.3	chr18	7.98e+07	7.98e+07	431	0.091	0.243	0.152	0.164	1.000	0.720
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	741	0.067	0.232	0.165	0.150	1.000	0.719
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	275	0.069	0.340	0.271	0.332	1.000	0.719
SHANK1;SYT3	chr19	5.07e+07	5.07e+07	246	0.035	0.219	0.184	0.189	1.000	0.719
WBSCR17	chr7	7.11e+07	7.11e+07	682	0.054	0.305	0.251	0.290	1.000	0.719
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	481	0.125	0.360	0.235	0.318	1.000	0.719

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	219	0.078	0.282	0.204	0.243	1.000	0.719
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	286	0.060	0.232	0.173	0.185	1.000	0.719
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1162	0.176	0.302	0.126	0.138	1.000	0.719
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	424	0.061	0.293	0.232	0.264	1.000	0.719
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	270	0.071	0.302	0.231	0.278	1.000	0.719
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	317	0.052	0.199	0.147	0.124	1.000	0.719
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	211	0.056	0.263	0.207	0.222	1.000	0.719
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	368	0.066	0.361	0.295	0.362	1.000	0.719
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	307	0.098	0.410	0.312	0.519	1.000	0.719
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1210	0.078	0.284	0.206	0.259	1.000	0.719
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	475	0.136	0.349	0.213	0.266	1.000	0.719
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	695	0.075	0.366	0.291	0.386	1.000	0.719
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	260	0.033	0.264	0.231	0.238	1.000	0.719
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	997	0.065	0.203	0.138	0.007	1.000	0.718
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	283	0.089	0.324	0.235	0.273	1.000	0.718
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	1163	0.081	0.370	0.289	0.393	1.000	0.718
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	285	0.070	0.353	0.283	0.381	1.000	0.718
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	382	0.072	0.347	0.276	0.304	1.000	0.718
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	648	0.118	0.341	0.223	0.264	1.000	0.718
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	591	0.114	0.351	0.237	0.311	1.000	0.718
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	238	0.072	0.377	0.305	0.400	1.000	0.718
CCK;RP11-333B11.1	chr3	4.23e+07	4.23e+07	236	0.121	0.249	0.128	0.065	1.000	0.718
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	1413	0.058	0.177	0.119	0.005	1.000	0.718
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	409	0.077	0.323	0.245	0.315	1.000	0.718
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	362	0.112	0.351	0.239	0.325	1.000	0.718
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	749	0.143	0.348	0.205	0.299	1.000	0.718
AP000282.2;OLIG2	chr21	3.30e+07	3.30e+07	523	0.115	0.276	0.161	0.147	1.000	0.718
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	438	0.077	0.329	0.252	0.357	1.000	0.718
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	376	0.049	0.275	0.226	0.250	1.000	0.717
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	396	0.043	0.189	0.145	0.124	1.000	0.717
ZYG11A	chr1	5.28e+07	5.28e+07	255	0.140	0.401	0.261	0.465	1.000	0.717
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	408	0.068	0.258	0.190	0.199	1.000	0.717
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	842	0.073	0.239	0.165	0.056	1.000	0.717
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	440	0.072	0.319	0.247	0.329	1.000	0.717
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	389	0.133	0.373	0.240	0.353	1.000	0.717
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	635	0.059	0.315	0.256	0.336	1.000	0.717
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	441	0.071	0.269	0.198	0.229	1.000	0.717
KCNT2	chr1	1.97e+08	1.97e+08	288	0.061	0.333	0.272	0.343	1.000	0.717
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	700	0.105	0.284	0.180	0.208	1.000	0.717

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	365	0.076	0.259	0.183	0.182	1.000	0.717
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	385	0.027	0.235	0.208	0.236	1.000	0.717
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	788	0.039	0.254	0.216	0.266	1.000	0.717
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	528	0.095	0.316	0.220	0.285	1.000	0.717
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	993	0.198	0.429	0.231	0.481	1.000	0.717
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	464	0.119	0.364	0.245	0.350	1.000	0.717
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	226	0.070	0.331	0.262	0.285	1.000	0.717
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	378	0.088	0.331	0.243	0.308	1.000	0.717
THNSL2	chr2	8.82e+07	8.82e+07	523	0.104	0.327	0.224	0.227	1.000	0.717
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	539	0.049	0.235	0.186	0.126	1.000	0.717
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	956	0.074	0.295	0.221	0.290	1.000	0.717
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	923	0.094	0.310	0.215	0.297	1.000	0.717
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	565	0.066	0.292	0.226	0.290	1.000	0.716
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	451	0.129	0.369	0.240	0.343	1.000	0.716
KCNQ5	chr6	7.26e+07	7.26e+07	394	0.067	0.323	0.257	0.339	1.000	0.716
SPOCK2	chr10	7.21e+07	7.21e+07	622	0.080	0.203	0.123	0.072	1.000	0.716
CCDC178	chr18	3.34e+07	3.34e+07	296	0.040	0.280	0.240	0.266	1.000	0.716
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	483	0.055	0.267	0.212	0.238	1.000	0.716
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	506	0.176	0.342	0.165	0.248	1.000	0.716
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	445	0.146	0.358	0.212	0.294	1.000	0.716
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	368	0.132	0.343	0.211	0.287	1.000	0.716
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	225	0.112	0.245	0.134	0.147	1.000	0.716
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	421	0.063	0.258	0.195	0.210	1.000	0.716
PROX1;PROX1-AS1	chr1	2.14e+08	2.14e+08	442	0.094	0.314	0.220	0.250	1.000	0.716
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1258	0.079	0.285	0.207	0.262	1.000	0.715
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	215	0.128	0.356	0.228	0.308	1.000	0.715
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	320	0.036	0.263	0.227	0.236	1.000	0.715
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	626	0.088	0.289	0.201	0.210	1.000	0.715
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	830	0.093	0.386	0.293	0.414	1.000	0.715
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	961	0.082	0.282	0.200	0.250	1.000	0.715
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	825	0.076	0.294	0.218	0.280	1.000	0.715
AC097467.2;NPY2R;92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	406	0.082	0.353	0.271	0.341	1.000	0.715
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	522	0.042	0.199	0.157	0.105	1.000	0.715
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	231	0.095	0.256	0.161	0.182	1.000	0.715
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	217	0.075	0.334	0.260	0.379	1.000	0.715
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	453	0.079	0.319	0.240	0.320	1.000	0.715
PTP4A2	chr1	3.19e+07	3.19e+07	202	0.120	0.349	0.229	0.367	1.000	0.715
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	326	0.081	0.265	0.184	0.185	1.000	0.715

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	698	0.056	0.239	0.183	0.206	1.000	0.715
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	434	0.059	0.259	0.200	0.222	1.000	0.715
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	592	0.030	0.222	0.192	0.182	1.000	0.715
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	561	0.115	0.356	0.241	0.329	1.000	0.715
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	930	0.086	0.305	0.218	0.290	1.000	0.715
CTD- 2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	455	0.074	0.312	0.237	0.304	1.000	0.715
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	773	0.075	0.271	0.196	0.224	1.000	0.715
ZYG11A	chr1	5.28e+07	5.28e+07	395	0.165	0.415	0.250	0.467	1.000	0.715
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	399	0.039	0.272	0.232	0.255	1.000	0.715
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	812	0.084	0.300	0.216	0.285	1.000	0.714
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	606	0.117	0.340	0.223	0.264	1.000	0.714
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	792	0.107	0.315	0.209	0.285	1.000	0.714
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	516	0.053	0.265	0.212	0.231	1.000	0.714
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	943	0.080	0.300	0.220	0.290	1.000	0.714
ZNF667;ZNF667- AS1	chr19	5.65e+07	5.65e+07	442	0.037	0.244	0.207	0.238	1.000	0.714
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	454	0.030	0.242	0.211	0.257	1.000	0.714
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	999	0.072	0.289	0.217	0.278	1.000	0.714
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	379	0.076	0.343	0.266	0.297	1.000	0.714
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	577	0.093	0.347	0.254	0.336	1.000	0.714
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	669	0.082	0.270	0.188	0.208	1.000	0.714
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	799	0.094	0.307	0.214	0.283	1.000	0.714
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	677	0.084	0.258	0.174	0.178	1.000	0.714
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	758	0.136	0.345	0.209	0.290	1.000	0.714
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	569	0.052	0.245	0.193	0.168	1.000	0.714
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	241	0.034	0.253	0.218	0.208	1.000	0.714
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	223	0.075	0.320	0.245	0.266	1.000	0.714
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	243	0.029	0.197	0.168	0.152	1.000	0.714
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	586	0.084	0.360	0.276	0.395	1.000	0.713
CTD- 2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	231	0.087	0.361	0.274	0.437	1.000	0.713
CTD- 2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	436	0.074	0.330	0.256	0.364	1.000	0.713
NAGS;PYY	chr17	4.40e+07	4.40e+07	684	0.171	0.323	0.151	0.157	0.978	0.713
CTD- 2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	233	0.078	0.341	0.262	0.386	1.000	0.713
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	616	0.065	0.340	0.274	0.395	1.000	0.713
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	381	0.064	0.274	0.209	0.231	1.000	0.713
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	936	0.087	0.282	0.196	0.250	1.000	0.713
CTD- 2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	225	0.090	0.354	0.265	0.421	1.000	0.713
CTD- 2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	227	0.079	0.332	0.253	0.367	1.000	0.713
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	311	0.115	0.337	0.222	0.290	1.000	0.713
PAX7	chr1	1.86e+07	1.86e+07	260	0.094	0.237	0.143	0.114	1.000	0.713
PAUPAR;RCN1	chr11	3.18e+07	3.18e+07	275	0.134	0.375	0.240	0.343	1.000	0.713

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	868	0.073	0.287	0.214	0.271	1.000	0.713
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	458	0.066	0.273	0.207	0.231	1.000	0.713
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	622	0.076	0.348	0.272	0.376	1.000	0.712
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	569	0.043	0.166	0.123	0.002	1.000	0.712
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	314	0.053	0.268	0.215	0.266	1.000	0.712
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	1424	0.159	0.423	0.264	0.493	1.000	0.712
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	301	0.155	0.392	0.238	0.383	1.000	0.712
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	548	0.047	0.211	0.164	0.054	1.000	0.712
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	554	0.047	0.194	0.148	0.016	1.000	0.712
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	557	0.045	0.178	0.134	0.005	1.000	0.712
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	519	0.079	0.315	0.236	0.304	1.000	0.712
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	278	0.086	0.372	0.286	0.435	1.000	0.712
NFIC	chr19	3.43e+06	3.44e+06	406	0.049	0.312	0.263	0.322	1.000	0.712
NFIC	chr19	3.43e+06	3.44e+06	308	0.050	0.306	0.256	0.306	1.000	0.712
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	792	0.075	0.257	0.182	0.196	1.000	0.712
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	546	0.055	0.273	0.217	0.250	1.000	0.712
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	377	0.083	0.343	0.260	0.407	1.000	0.712
THNSL2	chr2	8.82e+07	8.82e+07	579	0.088	0.306	0.218	0.187	1.000	0.712
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	260	0.087	0.248	0.161	0.168	1.000	0.712
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	1007	0.184	0.432	0.248	0.491	1.000	0.712
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	517	0.084	0.323	0.239	0.322	1.000	0.712
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	239	0.078	0.348	0.269	0.407	1.000	0.711
C1orf50	chr1	4.28e+07	4.28e+07	305	0.103	0.322	0.219	0.266	1.000	0.711
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	269	0.032	0.258	0.226	0.231	1.000	0.711
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	379	0.077	0.330	0.253	0.367	1.000	0.711
CYT11	chr4	5.02e+06	5.02e+06	201	0.092	0.320	0.228	0.290	1.000	0.711
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	490	0.051	0.262	0.212	0.210	1.000	0.711
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	229	0.072	0.310	0.238	0.290	1.000	0.711
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	223	0.095	0.257	0.162	0.173	1.000	0.711
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	334	0.104	0.314	0.210	0.271	1.000	0.711
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	259	0.163	0.366	0.203	0.294	1.000	0.711
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	373	0.069	0.270	0.201	0.227	1.000	0.711
TBX15	chr1	1.19e+08	1.19e+08	559	0.127	0.406	0.279	0.407	1.000	0.711
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	236	0.035	0.237	0.202	0.182	1.000	0.711
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	237	0.086	0.366	0.280	0.449	1.000	0.711
C11orf88;RP11-794P6.6	chr11	1.12e+08	1.12e+08	322	0.134	0.368	0.234	0.339	1.000	0.711

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	264	0.034	0.258	0.224	0.227	1.000	0.711
SEMA6D	chr15	4.72e+07	4.72e+07	408	0.075	0.316	0.241	0.306	1.000	0.711
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	419	0.073	0.275	0.201	0.250	1.000	0.711
CYTL1	chr4	5.02e+06	5.02e+06	228	0.085	0.314	0.229	0.290	1.000	0.711
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	343	0.081	0.268	0.186	0.206	1.000	0.711
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	688	0.081	0.255	0.174	0.185	1.000	0.711
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	386	0.071	0.265	0.194	0.213	1.000	0.711
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	243	0.069	0.361	0.291	0.364	1.000	0.711
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	348	0.036	0.268	0.232	0.255	1.000	0.710
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	664	0.091	0.266	0.175	0.192	1.000	0.710
CCDC178	chr18	3.34e+07	3.34e+07	244	0.044	0.270	0.226	0.245	1.000	0.710
MSC;RP11-383H13.1	chr8	7.18e+07	7.18e+07	284	0.038	0.342	0.304	0.414	1.000	0.710
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	350	0.192	0.329	0.136	0.182	1.000	0.710
PPP1R13L	chr19	4.54e+07	4.54e+07	301	0.109	0.394	0.285	0.423	1.000	0.710
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	229	0.084	0.371	0.286	0.453	1.000	0.710
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	687	0.070	0.264	0.194	0.220	1.000	0.710
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	607	0.072	0.335	0.262	0.381	1.000	0.710
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	576	0.119	0.343	0.224	0.290	1.000	0.710
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr14	1.55e+08	1.55e+08	292	0.066	0.322	0.256	0.271	1.000	0.710
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	343	0.038	0.269	0.231	0.257	1.000	0.710
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	945	0.093	0.237	0.144	0.152	1.000	0.710
DLG4	chr17	7.20e+06	7.21e+06	349	0.056	0.285	0.229	0.238	1.000	0.710
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr10	1.16e+08	1.16e+08	399	0.065	0.264	0.199	0.224	1.000	0.710
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	1010	0.172	0.432	0.261	0.495	1.000	0.710
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	587	0.047	0.191	0.144	0.014	1.000	0.710
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr14	1.55e+08	1.55e+08	282	0.075	0.344	0.269	0.313	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	235	0.083	0.374	0.291	0.465	1.000	0.709
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	584	0.049	0.206	0.157	0.040	1.000	0.709
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1324	0.073	0.283	0.210	0.266	1.000	0.709
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	599	0.045	0.178	0.133	0.002	1.000	0.709
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	578	0.050	0.223	0.173	0.089	1.000	0.709
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	433	0.144	0.432	0.288	0.472	1.000	0.709
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	417	0.081	0.279	0.198	0.231	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	208	0.065	0.304	0.239	0.276	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	232	0.077	0.321	0.244	0.334	1.000	0.709
C1orf50	chr1	4.28e+07	4.28e+07	311	0.140	0.354	0.214	0.299	1.000	0.709
HOXD-AS2;HOXD9	chr2	1.76e+08	1.76e+08	286	0.087	0.374	0.286	0.451	1.000	0.709

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	451	0.076	0.319	0.243	0.320	1.000	0.709
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	546	0.095	0.362	0.267	0.390	1.000	0.709
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	355	0.134	0.360	0.226	0.329	1.000	0.709
NID2	chr14	5.21e+07	5.21e+07	583	0.103	0.395	0.292	0.418	1.000	0.709
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	430	0.118	0.351	0.234	0.332	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	223	0.087	0.365	0.279	0.444	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	222	0.094	0.339	0.245	0.386	1.000	0.709
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	614	0.122	0.335	0.213	0.255	1.000	0.709
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	217	0.067	0.272	0.205	0.227	1.000	0.709
AC097467.2;NPY2R;92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	482	0.069	0.322	0.252	0.264	1.000	0.709
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	1316	0.167	0.428	0.261	0.500	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	296	0.083	0.325	0.242	0.318	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	224	0.079	0.314	0.236	0.318	1.000	0.709
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	375	0.080	0.346	0.266	0.418	1.000	0.709
CBLN2	chr18	7.25e+07	7.25e+07	260	0.040	0.224	0.185	0.203	1.000	0.709
DOK6;RP11-17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	737	0.070	0.285	0.215	0.250	1.000	0.709
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	483	0.049	0.222	0.173	0.091	1.000	0.708
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	1019	0.041	0.243	0.202	0.241	1.000	0.708
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	412	0.060	0.265	0.204	0.243	1.000	0.708
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	215	0.038	0.222	0.184	0.147	1.000	0.708
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	244	0.092	0.239	0.147	0.166	1.000	0.708
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	624	0.057	0.230	0.174	0.189	1.000	0.708
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	543	0.127	0.318	0.191	0.266	1.000	0.708
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	576	0.083	0.293	0.210	0.271	1.000	0.708
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	271	0.141	0.352	0.211	0.318	1.000	0.708
AC097467.2;NPY2R;92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	472	0.077	0.339	0.262	0.294	1.000	0.708
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	582	0.084	0.348	0.264	0.362	1.000	0.708
AC097467.2;NPY2R;92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	255	0.087	0.370	0.283	0.360	1.000	0.708
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	217	0.069	0.374	0.305	0.395	1.000	0.708
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	304	0.089	0.278	0.188	0.210	1.000	0.708
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	515	0.082	0.323	0.241	0.322	1.000	0.708
C11orf88;RP11-794P6.6	chr11	1.12e+08	1.12e+08	210	0.101	0.349	0.249	0.327	1.000	0.708
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	222	0.098	0.378	0.280	0.432	1.000	0.708

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	423	0.048	0.200	0.151	0.150	1.000	0.707
DRGX	chr10	4.94e+07	4.94e+07	314	0.123	0.346	0.223	0.341	1.000	0.707
AC097467.2;NPY2R;92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	345	0.106	0.388	0.282	0.393	1.000	0.707
RP5-1065O2.4	chr20	2.17e+07	2.17e+07	394	0.069	0.211	0.141	0.086	1.000	0.707
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	550	0.107	0.308	0.201	0.269	1.000	0.707
CCDC67	chr11	9.33e+07	9.33e+07	251	0.076	0.304	0.228	0.243	1.000	0.707
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	710	0.089	0.201	0.111	0.058	1.000	0.707
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	361	0.048	0.288	0.240	0.297	1.000	0.707
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	287	0.065	0.285	0.220	0.287	1.000	0.707
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	293	0.079	0.315	0.236	0.287	1.000	0.707
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	318	0.164	0.296	0.132	0.131	1.000	0.707
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	460	0.053	0.255	0.202	0.203	1.000	0.707
GDF10	chr10	4.73e+07	4.73e+07	603	0.076	0.338	0.262	0.374	1.000	0.707
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	563	0.094	0.300	0.206	0.266	1.000	0.707
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	683	0.089	0.249	0.160	0.168	1.000	0.707
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	304	0.039	0.274	0.235	0.301	1.000	0.707
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	342	0.072	0.266	0.193	0.213	1.000	0.707
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	619	0.079	0.285	0.206	0.266	1.000	0.707
PDE4B	chr1	6.58e+07	6.58e+07	320	0.044	0.261	0.217	0.236	1.000	0.707
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	324	0.039	0.261	0.222	0.236	1.000	0.706
TRIM58	chr1	2.48e+08	2.48e+08	302	0.110	0.331	0.221	0.280	1.000	0.706
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	245	0.035	0.247	0.212	0.196	1.000	0.706
OTP	chr5	7.76e+07	7.76e+07	254	0.139	0.307	0.168	0.199	1.000	0.706
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr10	1.33e+08	1.33e+08	245	0.035	0.247	0.212	0.196	1.000	0.706
PRKCB	chr16	2.38e+07	2.38e+07	273	0.068	0.249	0.181	0.154	1.000	0.706
PTP4A2	chr1	3.19e+07	3.19e+07	310	0.132	0.350	0.219	0.369	1.000	0.706
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1193	0.074	0.281	0.206	0.259	1.000	0.706
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	273	0.127	0.344	0.217	0.311	1.000	0.706
IGSF9B	chr11	1.34e+08	1.34e+08	397	0.083	0.310	0.227	0.271	1.000	0.706
AC097467.2;NPY2R;RP11-92A5.2	chr4	1.55e+08	1.55e+08	445	0.086	0.358	0.271	0.334	1.000	0.706
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	317	0.047	0.287	0.240	0.313	1.000	0.706
ALX1	chr12	8.53e+07	8.53e+07	275	0.087	0.366	0.279	0.322	1.000	0.705
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	290	0.039	0.212	0.173	0.114	1.000	0.705
PRKCB	chr16	2.38e+07	2.38e+07	589	0.062	0.284	0.222	0.266	1.000	0.705
C11orf88;RP11-794P6.6	chr11	1.12e+08	1.12e+08	303	0.112	0.350	0.237	0.318	1.000	0.705
PTP4A2	chr1	3.19e+07	3.19e+07	404	0.123	0.373	0.250	0.421	1.000	0.705
RP3-462D8.2	chr22	2.53e+07	2.53e+07	374	0.029	0.283	0.254	0.318	1.000	0.705
FGF14	chr13	1.02e+08	1.02e+08	476	0.055	0.262	0.207	0.248	1.000	0.705
ERICH1;ERICH1-AS1	chr8	7.38e+05	7.39e+05	976	0.115	0.228	0.113	0.058	1.000	0.705
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	232	0.069	0.217	0.148	0.117	1.000	0.705
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	557	0.068	0.231	0.162	0.138	1.000	0.705

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	359	0.155	0.288	0.133	0.147	1.000	0.705
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1154	0.055	0.234	0.179	0.201	1.000	0.704
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	269	0.127	0.339	0.211	0.304	1.000	0.704
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	699	0.059	0.275	0.216	0.236	1.000	0.704
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	229	0.192	0.387	0.196	0.346	0.978	0.704
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	249	0.070	0.360	0.290	0.360	1.000	0.704
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	551	0.091	0.294	0.203	0.269	1.000	0.704
SOX2;SOX2-OT	chr3	1.82e+08	1.82e+08	426	0.171	0.325	0.154	0.220	1.000	0.704
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	492	0.046	0.197	0.151	0.033	1.000	0.704
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	498	0.046	0.180	0.134	0.007	1.000	0.704
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	513	0.042	0.151	0.109	0.002	1.000	0.704
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	511	0.053	0.303	0.249	0.332	1.000	0.704
KHDRBS2	chr6	6.23e+07	6.23e+07	244	0.101	0.336	0.235	0.336	1.000	0.704
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	502	0.033	0.251	0.217	0.262	1.000	0.704
GLT1D1	chr12	1.29e+08	1.29e+08	638	0.152	0.358	0.206	0.346	1.000	0.704
PDE4B	chr1	6.58e+07	6.58e+07	247	0.054	0.255	0.200	0.206	1.000	0.703
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	501	0.044	0.164	0.120	0.002	1.000	0.703
FGF14	chr13	1.02e+08	1.02e+08	384	0.064	0.276	0.211	0.259	1.000	0.703
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	584	0.124	0.336	0.212	0.262	1.000	0.703
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	250	0.048	0.272	0.224	0.262	1.000	0.703
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	665	0.072	0.269	0.197	0.238	1.000	0.703
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	944	0.079	0.279	0.200	0.255	1.000	0.703
BNC1;RP11-382A20.4	chr15	8.33e+07	8.33e+07	267	0.164	0.381	0.217	0.332	1.000	0.703
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	481	0.045	0.207	0.162	0.056	1.000	0.703
ONECUT2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	316	0.079	0.367	0.289	0.374	1.000	0.703
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	433	0.093	0.366	0.274	0.397	1.000	0.703
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	258	0.060	0.308	0.248	0.355	1.000	0.702
SKOR1	chr15	6.78e+07	6.78e+07	421	0.148	0.393	0.245	0.383	1.000	0.702
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	518	0.156	0.329	0.172	0.262	1.000	0.702
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	873	0.077	0.295	0.218	0.283	1.000	0.702
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	216	0.043	0.282	0.239	0.329	1.000	0.702
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	840	0.103	0.312	0.209	0.297	1.000	0.702
CYTL1	chr4	5.02e+06	5.02e+06	245	0.097	0.322	0.225	0.294	1.000	0.702
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	648	0.096	0.202	0.106	0.058	1.000	0.702
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	538	0.105	0.303	0.198	0.266	1.000	0.702
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	240	0.036	0.234	0.198	0.180	1.000	0.702
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	484	0.030	0.244	0.214	0.255	1.000	0.702
CYTL1	chr4	5.02e+06	5.02e+06	218	0.104	0.328	0.224	0.301	1.000	0.702
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	656	0.115	0.367	0.253	0.409	1.000	0.702
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	474	0.109	0.365	0.256	0.388	1.000	0.702
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1038	0.071	0.284	0.213	0.273	1.000	0.702
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	287	0.079	0.301	0.222	0.257	1.000	0.702
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1241	0.075	0.282	0.207	0.264	1.000	0.701
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	342	0.077	0.245	0.168	0.126	1.000	0.701
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	269	0.042	0.275	0.232	0.292	1.000	0.701

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	352	0.103	0.356	0.253	0.402	1.000	0.701
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	594	0.085	0.285	0.200	0.264	1.000	0.701
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	223	0.121	0.361	0.240	0.362	1.000	0.701
KHDRBS2	chr6	6.23e+07	6.23e+07	255	0.086	0.324	0.237	0.308	1.000	0.701
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	235	0.115	0.287	0.172	0.159	1.000	0.701
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	510	0.093	0.348	0.255	0.364	1.000	0.701
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	353	0.044	0.293	0.249	0.304	1.000	0.701
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	271	0.092	0.276	0.184	0.145	1.000	0.701
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	389	0.046	0.182	0.136	0.117	1.000	0.701
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr5	1.41e+08	1.41e+08	235	0.115	0.287	0.172	0.159	1.000	0.701
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	365	0.137	0.379	0.242	0.383	1.000	0.701
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	401	0.110	0.354	0.244	0.364	1.000	0.701
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	916	0.074	0.288	0.214	0.276	1.000	0.701
LINC01140;RP5-1052I5.2	chr1	8.72e+07	8.72e+07	207	0.161	0.428	0.266	0.437	1.000	0.701
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	525	0.125	0.314	0.189	0.269	1.000	0.701
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	223	0.070	0.292	0.221	0.250	1.000	0.701
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	319	0.041	0.251	0.211	0.220	1.000	0.701
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	215	0.113	0.341	0.228	0.322	1.000	0.701
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	860	0.084	0.300	0.216	0.287	1.000	0.700
PDE1C	chr7	3.21e+07	3.21e+07	285	0.052	0.258	0.206	0.217	1.000	0.700
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	919	0.083	0.278	0.195	0.250	1.000	0.700
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	847	0.092	0.306	0.214	0.283	1.000	0.700
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1221	0.193	0.322	0.129	0.178	1.000	0.700
CYTL1	chr4	5.02e+06	5.02e+06	216	0.110	0.329	0.219	0.294	1.000	0.700
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1166	0.070	0.284	0.214	0.278	1.000	0.700
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	612	0.071	0.348	0.277	0.397	1.000	0.700
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	421	0.061	0.226	0.165	0.180	1.000	0.700
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	220	0.091	0.348	0.257	0.416	1.000	0.700
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	519	0.059	0.280	0.221	0.180	1.000	0.700
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	257	0.061	0.344	0.283	0.402	1.000	0.700
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	333	0.106	0.347	0.241	0.325	1.000	0.700
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	478	0.118	0.360	0.242	0.390	1.000	0.700
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	458	0.049	0.243	0.194	0.173	1.000	0.700
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr5	1.41e+08	1.41e+08	235	0.115	0.287	0.172	0.159	1.000	0.700
MSX2P1	chr17	5.82e+07	5.82e+07	351	0.050	0.285	0.235	0.236	1.000	0.699
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	483	0.112	0.371	0.259	0.409	1.000	0.699
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	436	0.042	0.276	0.234	0.301	1.000	0.699
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	607	0.076	0.235	0.159	0.136	1.000	0.699
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	349	0.130	0.361	0.231	0.376	1.000	0.699
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	466	0.126	0.371	0.245	0.402	1.000	0.699
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	907	0.072	0.281	0.209	0.264	1.000	0.699
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	281	0.080	0.284	0.204	0.196	1.000	0.699

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	584	0.081	0.367	0.287	0.439	1.000	0.699
CTD- 2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	202	0.061	0.276	0.215	0.206	1.000	0.699
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	501	0.061	0.278	0.216	0.175	1.000	0.699
PDE1C	chr7	3.21e+07	3.21e+07	412	0.040	0.245	0.205	0.215	1.000	0.699
DOK6;RP11- 17E3.1	chr18	6.94e+07	6.94e+07	548	0.062	0.275	0.213	0.231	1.000	0.698
CPXM1	chr20	2.80e+06	2.80e+06	222	0.066	0.356	0.290	0.362	1.000	0.698
ZYG11A	chr1	5.28e+07	5.28e+07	509	0.174	0.398	0.224	0.421	1.000	0.698
CCDC67	chr11	9.33e+07	9.33e+07	243	0.078	0.332	0.254	0.332	1.000	0.698
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	217	0.142	0.340	0.198	0.262	1.000	0.698
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	257	0.097	0.313	0.216	0.287	1.000	0.698
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	660	0.091	0.255	0.164	0.185	1.000	0.698
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	496	0.043	0.163	0.120	0.002	1.000	0.697
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	496	0.065	0.272	0.207	0.168	1.000	0.697
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	219	0.038	0.221	0.182	0.147	1.000	0.697
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	471	0.082	0.356	0.274	0.409	1.000	0.697
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	1080	0.056	0.226	0.171	0.192	1.000	0.696
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	490	0.043	0.180	0.138	0.009	1.000	0.696
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	654	0.056	0.197	0.140	0.033	1.000	0.696
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	210	0.178	0.390	0.212	0.400	1.000	0.696
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	326	0.071	0.254	0.183	0.203	1.000	0.696
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	469	0.082	0.266	0.184	0.145	1.000	0.696
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	518	0.065	0.242	0.177	0.210	1.000	0.696
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	425	0.050	0.157	0.107	0.002	1.000	0.696
KHDRBS2	chr6	6.23e+07	6.23e+07	252	0.072	0.310	0.238	0.276	1.000	0.696
NKX6-2	chr10	1.33e+08	1.33e+08	298	0.043	0.244	0.200	0.199	1.000	0.696
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	393	0.109	0.371	0.262	0.404	1.000	0.696
PCDHA1;PCDHA10	chr5	1.41e+08	1.41e+08	493	0.071	0.266	0.195	0.154	1.000	0.696
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	402	0.067	0.268	0.201	0.250	1.000	0.696
KIAA1614- AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	654	0.135	0.341	0.206	0.301	1.000	0.696
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	890	0.118	0.315	0.197	0.255	1.000	0.696
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	480	0.138	0.285	0.146	0.157	1.000	0.696
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	369	0.061	0.254	0.192	0.210	1.000	0.696
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	499	0.041	0.147	0.106	0.002	1.000	0.696
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	481	0.079	0.340	0.261	0.402	1.000	0.696
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	274	0.070	0.354	0.284	0.402	1.000	0.696
MARCH11;RP11- 19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	374	0.053	0.181	0.128	0.112	1.000	0.696
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	208	0.082	0.355	0.274	0.421	1.000	0.695
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	450	0.040	0.157	0.117	0.002	1.000	0.695
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	304	0.073	0.339	0.266	0.404	1.000	0.695
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	540	0.044	0.274	0.230	0.287	1.000	0.695
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	387	0.121	0.327	0.206	0.236	1.000	0.695
PDE1C	chr7	3.21e+07	3.21e+07	398	0.046	0.238	0.192	0.196	1.000	0.695
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	305	0.053	0.275	0.223	0.278	1.000	0.695

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	269	0.068	0.337	0.269	0.379	1.000	0.695
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	275	0.085	0.288	0.203	0.238	1.000	0.695
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	427	0.069	0.290	0.221	0.262	1.000	0.695
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1035	0.071	0.282	0.211	0.269	1.000	0.695
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1059	0.191	0.318	0.127	0.178	1.000	0.695
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	594	0.088	0.304	0.216	0.292	1.000	0.694
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	382	0.055	0.254	0.199	0.222	1.000	0.694
KHDRBS2	chr6	6.23e+07	6.23e+07	221	0.079	0.311	0.232	0.285	1.000	0.694
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	321	0.044	0.281	0.237	0.315	1.000	0.694
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	224	0.071	0.331	0.259	0.390	1.000	0.694
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	416	0.052	0.197	0.145	0.143	1.000	0.694
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	370	0.099	0.354	0.256	0.407	1.000	0.694
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	229	0.098	0.335	0.237	0.315	1.000	0.693
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	347	0.046	0.263	0.216	0.273	1.000	0.693
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	679	0.089	0.237	0.149	0.152	1.000	0.693
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	584	0.059	0.318	0.258	0.336	1.000	0.693
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	348	0.112	0.333	0.221	0.266	1.000	0.693
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	698	0.047	0.271	0.224	0.283	1.000	0.693
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr20	2.80e+06	2.80e+06	228	0.068	0.356	0.289	0.357	1.000	0.693
CTD-2314G24.2;ISL1	chr5	5.14e+07	5.14e+07	217	0.069	0.268	0.199	0.173	1.000	0.692
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	385	0.088	0.353	0.265	0.414	1.000	0.692
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	401	0.078	0.333	0.255	0.376	1.000	0.692
ZYG11A	chr1	5.28e+07	5.28e+07	566	0.153	0.368	0.215	0.360	1.000	0.692
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	610	0.061	0.342	0.281	0.393	1.000	0.692
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	395	0.052	0.256	0.205	0.241	1.000	0.692
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	393	0.042	0.261	0.218	0.273	1.000	0.691
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	457	0.040	0.185	0.145	0.026	1.000	0.691
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	224	0.039	0.276	0.238	0.301	1.000	0.691
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	404	0.039	0.258	0.219	0.276	1.000	0.691
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	279	0.086	0.257	0.171	0.119	1.000	0.691
ANKRD7	chr7	1.18e+08	1.18e+08	331	0.194	0.425	0.231	0.400	1.000	0.691
MAF	chr16	7.96e+07	7.96e+07	223	0.136	0.247	0.111	0.084	1.000	0.691
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	427	0.045	0.201	0.156	0.049	1.000	0.691
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	220	0.041	0.260	0.220	0.250	1.000	0.691
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	635	0.042	0.245	0.203	0.248	1.000	0.691
KHDRBS2	chr6	6.23e+07	6.23e+07	339	0.078	0.311	0.233	0.271	1.000	0.691
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	206	0.131	0.389	0.258	0.404	1.000	0.690
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	287	0.079	0.262	0.184	0.196	1.000	0.690
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	457	0.068	0.348	0.280	0.402	1.000	0.690
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	624	0.045	0.246	0.200	0.245	1.000	0.690
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	308	0.043	0.263	0.220	0.234	1.000	0.690
CHL1;CHL1-AS2	chr3	1.97e+05	1.97e+05	227	0.039	0.278	0.238	0.306	1.000	0.690
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	332	0.077	0.261	0.185	0.192	1.000	0.690
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	469	0.068	0.348	0.280	0.404	1.000	0.690

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	658	0.078	0.279	0.201	0.262	1.000	0.690
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	533	0.118	0.332	0.215	0.301	1.000	0.690
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	582	0.070	0.365	0.294	0.437	1.000	0.690
CYP26C1	chr10	9.31e+07	9.31e+07	206	0.144	0.336	0.191	0.250	1.000	0.690
KCNH8	chr3	1.91e+07	1.91e+07	222	0.053	0.275	0.222	0.278	1.000	0.690
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr11	2.07e+07	2.07e+07	644	0.058	0.268	0.210	0.252	1.000	0.689
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	644	0.058	0.268	0.210	0.252	1.000	0.689
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	578	0.049	0.245	0.196	0.234	1.000	0.689
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	955	0.074	0.283	0.209	0.269	1.000	0.689
KHDRBS2	chr6	6.23e+07	6.23e+07	308	0.085	0.312	0.227	0.276	1.000	0.689
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	200	0.133	0.371	0.238	0.404	1.000	0.688
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	786	0.076	0.280	0.204	0.264	1.000	0.688
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	1083	0.072	0.283	0.211	0.271	1.000	0.688
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	279	0.082	0.264	0.181	0.194	1.000	0.688
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	429	0.084	0.380	0.297	0.451	1.000	0.688
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr11	2.07e+07	2.07e+07	644	0.058	0.268	0.210	0.252	1.000	0.688
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	335	0.047	0.258	0.212	0.269	1.000	0.688
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	305	0.090	0.346	0.255	0.397	1.000	0.688
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	401	0.058	0.199	0.141	0.143	1.000	0.688
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	536	0.055	0.245	0.190	0.227	1.000	0.688
THNSL2	chr2	8.82e+07	8.82e+07	382	0.059	0.308	0.248	0.248	1.000	0.688
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	234	0.063	0.229	0.166	0.178	1.000	0.688
TBC1D30	chr12	6.48e+07	6.48e+07	316	0.088	0.364	0.276	0.421	1.000	0.688
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	492	0.120	0.381	0.261	0.421	1.000	0.688
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	663	0.051	0.271	0.219	0.278	1.000	0.688
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr11	2.07e+07	2.07e+07	663	0.051	0.271	0.219	0.278	1.000	0.688
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	249	0.057	0.307	0.250	0.315	1.000	0.687
PRKCB	chr16	2.38e+07	2.38e+07	358	0.065	0.275	0.210	0.241	1.000	0.687
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	877	0.059	0.222	0.163	0.173	1.000	0.687
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	558	0.123	0.338	0.215	0.350	1.000	0.687
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	434	0.043	0.224	0.181	0.145	1.000	0.687
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	224	0.068	0.219	0.150	0.121	1.000	0.687
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	287	0.098	0.346	0.248	0.395	1.000	0.687
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	592	0.055	0.318	0.263	0.353	1.000	0.687
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	305	0.063	0.379	0.316	0.428	1.000	0.687
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	285	0.080	0.327	0.247	0.371	1.000	0.687
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	301	0.092	0.345	0.253	0.400	1.000	0.687
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	578	0.065	0.322	0.256	0.343	1.000	0.687
EPB41L3	chr18	5.54e+06	5.54e+06	393	0.054	0.261	0.207	0.259	1.000	0.687
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	832	0.099	0.249	0.150	0.168	1.000	0.687
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	832	0.173	0.302	0.129	0.157	1.000	0.687
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	738	0.065	0.199	0.134	0.063	1.000	0.687
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	303	0.054	0.302	0.248	0.308	1.000	0.687
KHDRBS2	chr6	6.23e+07	6.23e+07	257	0.092	0.319	0.228	0.297	1.000	0.686
LINC00599	chr8	9.91e+06	9.91e+06	335	0.042	0.203	0.161	0.150	1.000	0.686

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NPY1R;NPY5R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	304	0.062	0.299	0.237	0.301	1.000	0.686
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	304	0.085	0.269	0.184	0.161	1.000	0.686
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	387	0.077	0.324	0.247	0.334	1.000	0.688
PIF1	chr15	6.48e+07	6.48e+07	303	0.086	0.360	0.273	0.383	1.000	0.686
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	556	0.183	0.317	0.134	0.187	1.000	0.686
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	472	0.039	0.141	0.102	0.002	1.000	0.685
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	321	0.132	0.378	0.246	0.402	1.000	0.685
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	399	0.074	0.280	0.206	0.213	1.000	0.685
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	633	0.083	0.278	0.195	0.255	1.000	0.685
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	500	0.097	0.325	0.228	0.339	1.000	0.685
TBX20	chr7	3.53e+07	3.53e+07	356	0.119	0.327	0.208	0.245	1.000	0.685
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	560	0.119	0.338	0.219	0.350	1.000	0.685
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	502	0.095	0.327	0.232	0.343	1.000	0.685
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	298	0.049	0.296	0.246	0.306	1.000	0.685
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	289	0.119	0.332	0.213	0.297	1.000	0.685
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	316	0.091	0.342	0.251	0.388	1.000	0.684
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	395	0.079	0.283	0.204	0.224	1.000	0.684
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	915	0.091	0.229	0.137	0.152	1.000	0.684
CACNB2	chr10	1.81e+07	1.81e+07	566	0.050	0.238	0.188	0.217	1.000	0.684
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	648	0.066	0.263	0.197	0.238	1.000	0.684
CNRIP1	chr2	6.83e+07	6.83e+07	212	0.186	0.405	0.219	0.411	1.000	0.684
FLT4	chr5	1.81e+08	1.81e+08	314	0.079	0.265	0.186	0.206	1.000	0.684
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	370	0.085	0.290	0.205	0.236	1.000	0.684
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	242	0.098	0.306	0.208	0.313	1.000	0.684
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	369	0.085	0.329	0.244	0.364	1.000	0.684
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	263	0.051	0.300	0.249	0.360	1.000	0.684
KCNE3;RP11-702H23.4	chr11	7.45e+07	7.45e+07	339	0.128	0.334	0.205	0.297	1.000	0.683
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	301	0.089	0.265	0.176	0.173	1.000	0.683
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	455	0.059	0.286	0.227	0.311	1.000	0.683
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	340	0.050	0.224	0.174	0.168	1.000	0.683
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	211	0.056	0.307	0.251	0.315	1.000	0.683
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	517	0.094	0.325	0.231	0.343	1.000	0.683
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	519	0.092	0.327	0.234	0.350	1.000	0.683
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	380	0.054	0.309	0.255	0.341	1.000	0.683
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr19	3.43e+06	3.44e+06	323	0.063	0.306	0.243	0.301	1.000	0.683
NFIC	chr19	3.43e+06	3.44e+06	323	0.063	0.306	0.243	0.301	1.000	0.683
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	545	0.108	0.326	0.219	0.339	1.000	0.683
TP73;WRAP73	chr1	3.65e+06	3.65e+06	466	0.037	0.157	0.120	0.002	1.000	0.683
C12orf42	chr12	1.03e+08	1.03e+08	283	0.087	0.369	0.283	0.421	1.000	0.683
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	761	0.080	0.279	0.199	0.266	1.000	0.683
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	378	0.071	0.276	0.204	0.273	1.000	0.683
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	611	0.117	0.252	0.135	0.157	1.000	0.683
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	1074	0.099	0.331	0.231	0.304	1.000	0.682
C14orf39;SIX6	chr14	6.05e+07	6.05e+07	305	0.082	0.246	0.164	0.159	1.000	0.682

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	223	0.052	0.215	0.163	0.157	1.000	0.682
LINC01143	chr2	7.09e+07	7.09e+07	418	0.132	0.348	0.216	0.278	1.000	0.682
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	602	0.150	0.282	0.131	0.154	1.000	0.682
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	547	0.105	0.328	0.223	0.343	1.000	0.682
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	213	0.048	0.334	0.286	0.418	1.000	0.682
NFIC	chr19	3.43e+06	3.44e+06	421	0.059	0.311	0.252	0.304	1.000	0.682
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	363	0.050	0.180	0.131	0.103	1.000	0.681
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	651	0.090	0.236	0.146	0.164	1.000	0.681
THNSL2	chr2	8.82e+07	8.82e+07	438	0.053	0.286	0.233	0.178	1.000	0.681
MYO15B	chr17	7.56e+07	7.56e+07	911	0.060	0.223	0.163	0.133	1.000	0.681
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	640	0.054	0.283	0.229	0.315	1.000	0.681
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	453	0.065	0.286	0.221	0.301	1.000	0.681
FGF14	chr13	1.02e+08	1.02e+08	361	0.060	0.266	0.206	0.241	1.000	0.681
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	211	0.062	0.306	0.243	0.320	1.000	0.681
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1212	0.119	0.254	0.135	0.150	1.000	0.681
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	336	0.086	0.284	0.198	0.215	1.000	0.681
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	841	0.071	0.229	0.159	0.150	1.000	0.680
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	873	0.122	0.313	0.190	0.264	1.000	0.680
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	468	0.071	0.237	0.166	0.091	1.000	0.680
GRP	chr18	5.92e+07	5.92e+07	248	0.104	0.309	0.204	0.306	1.000	0.680
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	826	0.140	0.321	0.181	0.250	1.000	0.680
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	289	0.057	0.313	0.256	0.339	1.000	0.680
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	232	0.060	0.213	0.154	0.166	1.000	0.679
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	278	0.054	0.228	0.175	0.203	1.000	0.679
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	306	0.093	0.283	0.190	0.196	1.000	0.679
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	383	0.074	0.341	0.267	0.313	1.000	0.679
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	379	0.079	0.343	0.264	0.318	1.000	0.679
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	214	0.064	0.195	0.131	0.131	1.000	0.679
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr13	4.30e+07	4.30e+07	288	0.113	0.357	0.244	0.350	1.000	0.679
LINC01143	chr2	7.09e+07	7.09e+07	224	0.151	0.393	0.241	0.393	1.000	0.678
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	567	0.070	0.195	0.124	0.012	1.000	0.678
PCDHA1;PCDHA10;PCDHA11;PCDHA12;PCDHA13;PCDHA14;PCDHA15;PCDHA16;PCDHA17;PCDHA18;PCDHA19;PCDHA20;PCDHA21;PCDHA22;PCDHA23;PCDHA24;PCDHA25;PCDHA26;PCDHA27;PCDHA28;PCDHA29;PCDHA30;PCDHA31;PCDHA32;PCDHA33;PCDHA34;PCDHA35;PCDHA36;PCDHA37;PCDHA38;PCDHA39;PCDHA40;PCDHA41;PCDHA42;PCDHA43;PCDHA44;PCDHA45;PCDHA46;PCDHA47;PCDHA48;PCDHA49;PCDHA50;PCDHA51;PCDHA52;PCDHA53;PCDHA54;PCDHA55;PCDHA56;PCDHA57;PCDHA58;PCDHA59;PCDHA60;PCDHA61;PCDHA62;PCDHA63;PCDHA64;PCDHA65;PCDHA66;PCDHA67;PCDHA68;PCDHA69;PCDHA70;PCDHA71;PCDHA72;PCDHA73;PCDHA74;PCDHA75;PCDHA76;PCDHA77;PCDHA78;PCDHA79;PCDHA80;PCDHA81;PCDHA82;PCDHA83;PCDHA84;PCDHA85;PCDHA86;PCDHA87;PCDHA88;PCDHA89;PCDHA90;PCDHA91;PCDHA92;PCDHA93;PCDHA94;PCDHA95;PCDHA96;PCDHA97;PCDHA98;PCDHA99	chr13	4.30e+07	4.30e+07	308	0.100	0.351	0.252	0.339	1.000	0.678
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	311	0.127	0.342	0.215	0.318	1.000	0.678
RP11-46I8.3;ZFP3	chr17	5.08e+06	5.08e+06	328	0.033	0.247	0.213	0.255	1.000	0.678
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	308	0.100	0.351	0.252	0.339	1.000	0.678
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	496	0.099	0.334	0.235	0.369	1.000	0.678
NPY1R	chr4	1.63e+08	1.63e+08	202	0.057	0.280	0.223	0.227	1.000	0.678
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	359	0.087	0.346	0.259	0.329	1.000	0.678
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	748	0.062	0.302	0.240	0.322	1.000	0.678
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	347	0.110	0.310	0.200	0.245	1.000	0.678
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	311	0.056	0.193	0.136	0.124	1.000	0.678
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	307	0.035	0.301	0.266	0.346	1.000	0.677

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	660	0.066	0.308	0.242	0.334	1.000	0.677
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	616	0.124	0.330	0.206	0.283	1.000	0.677
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	253	0.074	0.313	0.238	0.322	1.000	0.677
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	802	0.060	0.301	0.240	0.322	1.000	0.677
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	473	0.052	0.293	0.241	0.332	1.000	0.677
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	540	0.097	0.327	0.230	0.348	1.000	0.677
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	385	0.058	0.304	0.246	0.348	1.000	0.677
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	307	0.069	0.308	0.239	0.320	1.000	0.677
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	714	0.064	0.306	0.242	0.332	1.000	0.677
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	407	0.124	0.313	0.189	0.241	1.000	0.676
CADPS	chr3	6.29e+07	6.29e+07	486	0.082	0.218	0.137	0.098	1.000	0.676
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	367	0.086	0.324	0.238	0.360	1.000	0.676
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	494	0.103	0.334	0.231	0.360	1.000	0.676
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	209	0.055	0.299	0.244	0.327	1.000	0.676
BCAT1;RP11-662I13.3	chr12	2.49e+07	2.49e+07	277	0.108	0.350	0.242	0.374	1.000	0.676
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	690	0.061	0.224	0.163	0.180	1.000	0.676
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	243	0.047	0.217	0.170	0.173	1.000	0.676
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	538	0.099	0.325	0.227	0.348	1.000	0.676
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	622	0.096	0.238	0.141	0.173	1.000	0.676
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	1142	0.064	0.298	0.234	0.313	1.000	0.676
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	229	0.063	0.376	0.312	0.421	1.000	0.676
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	740	0.132	0.267	0.135	0.154	1.000	0.675
MARCH11;RP11-19O2.2	chr5	1.62e+07	1.62e+07	241	0.067	0.215	0.148	0.178	1.000	0.675
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	211	0.044	0.213	0.169	0.166	1.000	0.675
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	959	0.102	0.332	0.230	0.306	1.000	0.675
FGF14	chr13	1.02e+08	1.02e+08	269	0.076	0.288	0.212	0.276	1.000	0.675
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	324	0.136	0.339	0.202	0.290	1.000	0.674
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	1196	0.062	0.297	0.235	0.318	1.000	0.674
ZNF582;ZNF582-AS1	chr19	5.64e+07	5.64e+07	259	0.056	0.229	0.172	0.206	1.000	0.674
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	734	0.127	0.320	0.193	0.264	1.000	0.674
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	499	0.069	0.313	0.244	0.334	1.000	0.674
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	391	0.049	0.290	0.241	0.297	1.000	0.674
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	460	0.053	0.303	0.250	0.334	1.000	0.673
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	670	0.087	0.218	0.131	0.136	1.000	0.673
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	534	0.065	0.310	0.245	0.339	1.000	0.673
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	480	0.068	0.313	0.246	0.343	1.000	0.673
NAGS;PYY	chr17	4.40e+07	4.40e+07	304	0.163	0.285	0.123	0.129	0.978	0.673
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	445	0.073	0.317	0.244	0.343	1.000	0.673
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	216	0.035	0.305	0.270	0.341	1.000	0.673
NRG3	chr10	8.19e+07	8.19e+07	210	0.070	0.299	0.229	0.308	1.000	0.672
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	379	0.053	0.292	0.239	0.299	1.000	0.672
ZYG11A	chr1	5.28e+07	5.28e+07	312	0.171	0.357	0.185	0.327	1.000	0.672

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
CALCA;CALCB	chr11	1.50e+07	1.50e+07	408	0.084	0.280	0.196	0.208	1.000	0.672
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	429	0.130	0.324	0.194	0.269	1.000	0.672
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	235	0.046	0.319	0.273	0.292	1.000	0.672
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	304	0.042	0.338	0.296	0.418	1.000	0.672
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	330	0.076	0.320	0.244	0.341	1.000	0.672
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	688	0.122	0.362	0.240	0.355	1.000	0.671
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	244	0.061	0.268	0.208	0.266	1.000	0.671
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	276	0.082	0.326	0.244	0.348	1.000	0.671
AC003006.7;ZNF671	chr19	5.77e+07	5.77e+07	413	0.065	0.300	0.235	0.294	1.000	0.671
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	867	0.057	0.288	0.231	0.315	1.000	0.671
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	206	0.053	0.296	0.243	0.322	1.000	0.671
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	553	0.065	0.306	0.241	0.336	1.000	0.670
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	519	0.039	0.314	0.275	0.357	1.000	0.670
ARHGAP44;RP11-1090M7.3	chr17	1.30e+07	1.30e+07	226	0.077	0.293	0.216	0.341	1.000	0.670
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	710	0.062	0.302	0.239	0.322	1.000	0.670
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	238	0.166	0.350	0.184	0.294	1.000	0.670
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	499	0.067	0.309	0.241	0.341	1.000	0.670
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	300	0.120	0.311	0.191	0.271	1.000	0.670
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	231	0.048	0.318	0.270	0.294	1.000	0.669
AC003006.7;ZNF671	chr19	5.77e+07	5.77e+07	251	0.082	0.318	0.236	0.322	1.000	0.669
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	622	0.067	0.308	0.242	0.339	1.000	0.669
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	653	0.081	0.281	0.200	0.266	1.000	0.669
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	317	0.142	0.350	0.208	0.322	1.000	0.669
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	471	0.052	0.287	0.235	0.334	1.000	0.669
SPAG17	chr1	1.18e+08	1.18e+08	247	0.071	0.327	0.256	0.290	1.000	0.669
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	316	0.081	0.369	0.288	0.421	1.000	0.669
GSC	chr14	9.48e+07	9.48e+07	381	0.061	0.194	0.132	0.023	1.000	0.669
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	286	0.032	0.299	0.267	0.350	1.000	0.669
TBR1	chr2	1.61e+08	1.61e+08	212	0.169	0.315	0.146	0.206	1.000	0.669
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	215	0.078	0.315	0.237	0.325	1.000	0.669
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	1104	0.065	0.297	0.233	0.313	1.000	0.668
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	323	0.089	0.358	0.268	0.388	1.000	0.668
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	286	0.058	0.292	0.234	0.336	1.000	0.668
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	747	0.125	0.262	0.137	0.166	1.000	0.668
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	335	0.084	0.356	0.272	0.383	1.000	0.668
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	437	0.050	0.289	0.239	0.292	1.000	0.668
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	466	0.086	0.220	0.134	0.136	1.000	0.668
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	395	0.055	0.248	0.193	0.217	1.000	0.668
AC003006.7;ZNF671	chr19	5.77e+07	5.77e+07	388	0.070	0.303	0.233	0.292	1.000	0.668
PRKCB	chr16	2.38e+07	2.38e+07	317	0.045	0.259	0.215	0.227	1.000	0.667
KIAA1614-AS1;RP11-46A10.5	chr1	1.81e+08	1.81e+08	425	0.149	0.339	0.190	0.311	1.000	0.667
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	382	0.037	0.320	0.283	0.395	1.000	0.667
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	211	0.048	0.250	0.201	0.234	1.000	0.667
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	326	0.133	0.345	0.212	0.313	1.000	0.667
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	498	0.037	0.315	0.278	0.374	1.000	0.667

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
AC003006.7;ZNF671	chr19	5.77e+07	5.77e+07	329	0.070	0.303	0.233	0.292	1.000	0.667
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1179	0.188	0.310	0.122	0.171	1.000	0.666
SLC6A11	chr3	1.08e+07	1.08e+07	204	0.062	0.305	0.243	0.325	1.000	0.666
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	435	0.143	0.334	0.191	0.283	1.000	0.666
ONECUT2	chr18	5.74e+07	5.74e+07	415	0.093	0.339	0.246	0.297	1.000	0.666
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	411	0.118	0.312	0.194	0.259	1.000	0.666
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	623	0.066	0.304	0.238	0.339	1.000	0.666
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	284	0.066	0.295	0.229	0.336	1.000	0.666
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	488	0.086	0.291	0.205	0.252	1.000	0.666
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	490	0.098	0.225	0.127	0.089	1.000	0.666
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	265	0.089	0.322	0.233	0.350	1.000	0.665
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	535	0.072	0.312	0.240	0.343	1.000	0.665
C2orf43	chr2	2.08e+07	2.08e+07	313	0.061	0.327	0.265	0.322	1.000	0.665
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	310	0.041	0.303	0.261	0.336	1.000	0.665
C2orf43	chr2	2.08e+07	2.08e+07	280	0.070	0.328	0.258	0.315	1.000	0.665
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	809	0.153	0.320	0.167	0.248	1.000	0.665
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	444	0.135	0.332	0.197	0.287	1.000	0.665
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1103	0.157	0.286	0.129	0.143	1.000	0.665
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	323	0.060	0.263	0.203	0.255	1.000	0.665
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	319	0.082	0.413	0.331	0.495	1.000	0.664
CPNE8;RP11-396F22.1	chr12	3.89e+07	3.89e+07	221	0.092	0.298	0.206	0.322	1.000	0.664
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1632	0.116	0.227	0.111	0.093	1.000	0.664
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	442	0.069	0.314	0.246	0.353	1.000	0.664
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	224	0.044	0.251	0.208	0.243	1.000	0.664
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	1017	0.069	0.299	0.231	0.325	1.000	0.664
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	454	0.059	0.303	0.245	0.341	1.000	0.664
LRR9;RP11-62H20.1	chr14	5.99e+07	5.99e+07	204	0.070	0.268	0.198	0.192	1.000	0.664
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	522	0.044	0.314	0.270	0.357	1.000	0.664
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	496	0.065	0.299	0.234	0.329	1.000	0.664
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	407	0.076	0.320	0.244	0.346	1.000	0.664
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	344	0.099	0.405	0.305	0.474	1.000	0.664
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	500	0.070	0.308	0.237	0.341	1.000	0.663
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	375	0.148	0.384	0.236	0.430	1.000	0.663
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	434	0.115	0.412	0.297	0.493	1.000	0.663
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	408	0.072	0.309	0.237	0.343	1.000	0.663
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	688	0.057	0.210	0.153	0.164	1.000	0.663
EPSTI1	chr13	4.30e+07	4.30e+07	211	0.051	0.316	0.265	0.299	1.000	0.663
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	238	0.086	0.330	0.244	0.357	1.000	0.662
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	412	0.077	0.317	0.240	0.355	1.000	0.662
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	890	0.068	0.294	0.226	0.318	1.000	0.662
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	306	0.130	0.328	0.198	0.294	1.000	0.662
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	494	0.096	0.328	0.233	0.355	1.000	0.662
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	641	0.091	0.215	0.124	0.143	1.000	0.662
IRF8	chr16	8.59e+07	8.59e+07	209	0.076	0.283	0.207	0.299	1.000	0.661
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	293	0.097	0.409	0.312	0.479	1.000	0.661

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	408	0.135	0.408	0.274	0.474	1.000	0.661
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	461	0.068	0.309	0.241	0.348	1.000	0.661
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	894	0.072	0.302	0.230	0.325	1.000	0.661
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	388	0.122	0.310	0.188	0.259	1.000	0.661
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	459	0.124	0.405	0.281	0.472	1.000	0.661
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	268	0.093	0.408	0.315	0.486	1.000	0.661
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	276	0.046	0.291	0.245	0.315	1.000	0.661
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	237	0.042	0.254	0.213	0.257	1.000	0.661
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	677	0.144	0.359	0.215	0.346	1.000	0.661
CELF4	chr18	3.75e+07	3.75e+07	335	0.107	0.328	0.221	0.313	1.000	0.661
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	473	0.105	0.254	0.149	0.133	1.000	0.660
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	293	0.112	0.399	0.287	0.456	1.000	0.660
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	393	0.094	0.389	0.295	0.446	1.000	0.660
AC010168.1;H2AFJ	chr12	1.48e+07	1.48e+07	263	0.074	0.297	0.224	0.313	1.000	0.660
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	213	0.106	0.281	0.175	0.224	1.000	0.660
KCNA3	chr1	1.11e+08	1.11e+08	219	0.042	0.306	0.264	0.329	1.000	0.660
PRKCB	chr16	2.38e+07	2.38e+07	232	0.055	0.319	0.264	0.360	1.000	0.660
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	264	0.081	0.243	0.162	0.150	1.000	0.660
LRRC8D;RP11-302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	255	0.035	0.253	0.217	0.273	1.000	0.659
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	355	0.076	0.320	0.244	0.367	1.000	0.659
NR2E1;OSTM1	chr6	1.08e+08	1.08e+08	328	0.140	0.327	0.187	0.287	1.000	0.659
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	280	0.062	0.270	0.208	0.257	1.000	0.659
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	320	0.086	0.327	0.242	0.374	1.000	0.659
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	508	0.116	0.391	0.275	0.446	1.000	0.659
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	205	0.056	0.314	0.258	0.381	1.000	0.659
GLT1D1	chr12	1.29e+08	1.29e+08	575	0.117	0.312	0.195	0.308	1.000	0.659
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	473	0.077	0.217	0.140	0.150	1.000	0.659
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	490	0.061	0.262	0.202	0.250	1.000	0.658
MEGF10	chr5	1.27e+08	1.27e+08	207	0.046	0.257	0.211	0.222	1.000	0.658
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	242	0.121	0.399	0.278	0.453	1.000	0.657
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	205	0.078	0.356	0.278	0.400	1.000	0.657
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	205	0.042	0.302	0.261	0.334	1.000	0.657
SPAG17	chr1	1.18e+08	1.18e+08	253	0.076	0.326	0.250	0.290	1.000	0.657
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	374	0.074	0.313	0.239	0.357	1.000	0.657
MCIDAS	chr5	5.52e+07	5.52e+07	342	0.103	0.381	0.278	0.432	1.000	0.657
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	666	0.059	0.251	0.193	0.245	1.000	0.657
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	382	0.149	0.366	0.217	0.390	1.000	0.657
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	514	0.065	0.179	0.114	0.105	1.000	0.656
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	392	0.089	0.279	0.190	0.234	1.000	0.656
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	218	0.105	0.293	0.188	0.241	1.000	0.656
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	1017	0.185	0.304	0.119	0.168	1.000	0.656
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	232	0.084	0.329	0.245	0.383	1.000	0.655

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	428	0.109	0.233	0.123	0.091	1.000	0.655
ZNF233;ZNF235	chr19	4.43e+07	4.43e+07	213	0.141	0.389	0.247	0.374	1.000	0.655
PRKCDBP	chr11	6.32e+06	6.32e+06	492	0.100	0.325	0.225	0.346	1.000	0.655
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	573	0.119	0.352	0.233	0.381	1.000	0.655
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	362	0.061	0.258	0.197	0.241	1.000	0.655
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	311	0.058	0.267	0.209	0.241	1.000	0.654
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	240	0.086	0.364	0.279	0.404	1.000	0.654
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	802	0.098	0.241	0.143	0.161	1.000	0.654
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	224	0.059	0.304	0.245	0.374	1.000	0.654
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	221	0.200	0.363	0.163	0.304	1.000	0.654
CD8A	chr2	8.68e+07	8.68e+07	464	0.060	0.182	0.121	0.110	1.000	0.654
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	259	0.088	0.351	0.263	0.379	1.000	0.654
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	589	0.106	0.276	0.170	0.231	1.000	0.653
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	251	0.081	0.320	0.239	0.369	1.000	0.653
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	606	0.093	0.205	0.112	0.068	1.000	0.653
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	579	0.098	0.337	0.239	0.374	1.000	0.653
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	247	0.095	0.352	0.257	0.374	1.000	0.653
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	224	0.084	0.343	0.260	0.374	1.000	0.653
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	588	0.089	0.345	0.255	0.404	1.000	0.653
CTC- 525D6.1;CTC- 525D6.2;VSTM2B	chr19	2.95e+07	2.95e+07	319	0.088	0.301	0.213	0.304	1.000	0.653
NOL4;RP11- 379L18.1;RP11- 379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	214	0.146	0.358	0.213	0.362	1.000	0.652
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	267	0.073	0.275	0.202	0.259	1.000	0.652
C2orf43	chr2	2.08e+07	2.08e+07	291	0.049	0.323	0.274	0.327	1.000	0.652
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	228	0.078	0.320	0.242	0.379	1.000	0.652
ZNF233;ZNF235	chr19	4.43e+07	4.43e+07	227	0.130	0.385	0.255	0.379	1.000	0.652
NOL4;RP11- 379L18.1;RP11- 379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	388	0.111	0.317	0.207	0.299	1.000	0.652
HMGCLL1	chr6	5.56e+07	5.56e+07	212	0.091	0.342	0.251	0.362	1.000	0.651
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	580	0.127	0.346	0.219	0.357	1.000	0.651
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	828	0.072	0.210	0.138	0.145	1.000	0.651
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	586	0.108	0.335	0.227	0.350	1.000	0.651
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	335	0.079	0.303	0.224	0.334	1.000	0.651
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	429	0.047	0.293	0.246	0.299	1.000	0.650
TSPAN33	chr7	1.29e+08	1.29e+08	202	0.084	0.297	0.212	0.257	1.000	0.650
RP11-626H12.1	chr11	7.00e+07	7.00e+07	239	0.114	0.232	0.118	0.147	1.000	0.650
C2orf43	chr2	2.08e+07	2.08e+07	258	0.056	0.323	0.268	0.325	1.000	0.650
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	203	0.054	0.188	0.134	0.129	1.000	0.650
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	467	0.050	0.290	0.241	0.297	1.000	0.650
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	302	0.046	0.255	0.208	0.229	1.000	0.650
ARHGAP44;RP11- 1090M7.3	chr17	1.30e+07	1.30e+07	452	0.091	0.298	0.207	0.318	1.000	0.649

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	1040	0.082	0.264	0.182	0.222	1.000	0.649
NELL1	chr11	2.07e+07	2.07e+07	247	0.075	0.310	0.235	0.367	1.000	0.648
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	941	0.149	0.275	0.127	0.136	1.000	0.648
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	254	0.088	0.280	0.192	0.257	1.000	0.648
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	661	0.093	0.332	0.239	0.360	1.000	0.647
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	668	0.103	0.332	0.229	0.346	1.000	0.647
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1266	0.080	0.263	0.183	0.213	1.000	0.647
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1182	0.089	0.274	0.185	0.259	1.000	0.646
GFRA1	chr10	1.16e+08	1.16e+08	247	0.118	0.286	0.168	0.231	1.000	0.646
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	455	0.053	0.292	0.238	0.299	1.000	0.646
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	516	0.098	0.238	0.139	0.124	1.000	0.646
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	1036	0.096	0.289	0.193	0.259	1.000	0.645
LRRC8D;RP11-302M6.4	chr1	8.98e+07	8.98e+07	268	0.048	0.254	0.206	0.259	1.000	0.645
VSX2	chr14	7.42e+07	7.42e+07	552	0.082	0.260	0.179	0.182	1.000	0.645
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	404	0.132	0.241	0.109	0.079	1.000	0.644
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	268	0.039	0.300	0.261	0.332	1.000	0.644
LINC01210	chr3	1.38e+08	1.38e+08	462	0.065	0.188	0.123	0.098	1.000	0.644
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	411	0.086	0.345	0.258	0.407	1.000	0.644
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	395	0.053	0.294	0.241	0.304	1.000	0.644
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	953	0.083	0.260	0.178	0.231	1.000	0.643
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	518	0.067	0.302	0.235	0.341	1.000	0.642
BCAT1;RP11-662I13.3	chr12	2.49e+07	2.49e+07	568	0.132	0.350	0.218	0.362	1.000	0.642
OTX2	chr14	5.68e+07	5.68e+07	544	0.102	0.208	0.106	0.061	1.000	0.642
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	371	0.122	0.256	0.134	0.140	1.000	0.642
NGB	chr14	7.73e+07	7.73e+07	350	0.028	0.203	0.175	0.168	1.000	0.641
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	467	0.072	0.232	0.159	0.159	1.000	0.641
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	274	0.057	0.194	0.137	0.133	1.000	0.641
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	1057	0.125	0.248	0.122	0.147	1.000	0.640
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	842	0.124	0.252	0.128	0.161	1.000	0.638
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	594	0.085	0.239	0.154	0.154	1.000	0.638
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	255	0.069	0.209	0.140	0.147	1.000	0.638
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	274	0.104	0.256	0.151	0.161	1.000	0.637
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	585	0.089	0.217	0.129	0.103	1.000	0.637
GLT1D1	chr12	1.29e+08	1.29e+08	588	0.160	0.338	0.179	0.322	1.000	0.637
FBXL21;LECT2	chr5	1.36e+08	1.36e+08	287	0.050	0.305	0.255	0.329	1.000	0.637
ARHGAP44;RP11-1090M7.3	chr17	1.30e+07	1.30e+07	227	0.094	0.302	0.208	0.325	1.000	0.634
SLC5A7	chr2	1.08e+08	1.08e+08	223	0.129	0.285	0.156	0.194	1.000	0.634

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	237	0.089	0.343	0.254	0.400	1.000	0.634
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	659	0.052	0.189	0.137	0.143	1.000	0.633
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	306	0.048	0.292	0.244	0.306	1.000	0.633
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	718	0.080	0.201	0.120	0.089	1.000	0.631
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	672	0.071	0.212	0.141	0.152	1.000	0.631
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	471	0.053	0.294	0.241	0.301	1.000	0.630
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	372	0.080	0.273	0.193	0.234	1.000	0.630
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	691	0.060	0.202	0.141	0.147	1.000	0.629
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	447	0.174	0.279	0.105	0.150	1.000	0.628
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	294	0.053	0.295	0.242	0.318	1.000	0.628
LINC00643;RP11-355I22.2	chr14	6.21e+07	6.21e+07	242	0.089	0.226	0.137	0.159	1.000	0.628
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	821	0.083	0.205	0.122	0.079	1.000	0.627
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	230	0.121	0.314	0.193	0.306	1.000	0.627
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	254	0.041	0.281	0.239	0.329	1.000	0.626
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	219	0.081	0.337	0.256	0.397	1.000	0.623
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	861	0.084	0.235	0.151	0.159	1.000	0.623
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	439	0.075	0.234	0.160	0.157	1.000	0.622
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	585	0.145	0.262	0.117	0.152	1.000	0.622
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	1444	0.108	0.208	0.100	0.084	1.000	0.622
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	445	0.069	0.226	0.157	0.152	1.000	0.621
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	232	0.195	0.305	0.110	0.189	1.000	0.621
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	407	0.057	0.294	0.236	0.304	1.000	0.621
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	467	0.065	0.221	0.157	0.152	1.000	0.620
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	305	0.065	0.263	0.198	0.236	1.000	0.619
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	275	0.087	0.286	0.199	0.308	1.000	0.618
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	734	0.079	0.298	0.220	0.320	1.000	0.617
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	338	0.107	0.279	0.173	0.217	1.000	0.616
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	340	0.090	0.256	0.166	0.187	1.000	0.616
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	592	0.134	0.256	0.122	0.168	1.000	0.615
TACC2	chr10	1.22e+08	1.22e+08	204	0.080	0.335	0.254	0.397	1.000	0.615
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	823	0.100	0.281	0.181	0.248	1.000	0.614
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	370	0.150	0.274	0.124	0.189	1.000	0.613
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	310	0.052	0.296	0.244	0.315	1.000	0.612
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	483	0.057	0.293	0.236	0.301	1.000	0.612
BCAT1;RP11-662I13.3	chr12	2.49e+07	2.49e+07	408	0.118	0.348	0.230	0.393	1.000	0.611
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	349	0.082	0.241	0.158	0.220	1.000	0.610
FEZF2	chr3	6.24e+07	6.24e+07	377	0.135	0.264	0.129	0.199	1.000	0.609
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	403	0.084	0.247	0.163	0.180	1.000	0.609
WDR17	chr4	1.76e+08	1.76e+08	294	0.040	0.246	0.205	0.234	1.000	0.606
CXCL12	chr10	4.44e+07	4.44e+07	206	0.057	0.193	0.136	0.124	1.000	0.605
IQSEC1	chr3	1.31e+07	1.31e+07	366	0.091	0.271	0.180	0.229	1.000	0.605
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	891	0.089	0.238	0.150	0.168	1.000	0.600

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	715	0.075	0.221	0.146	0.166	1.000	0.600
CRHBP	chr5	7.70e+07	7.70e+07	396	0.122	0.297	0.175	0.280	1.000	0.599
BCAT1;RP11-662I13.3	chr12	2.49e+07	2.49e+07	292	0.144	0.384	0.239	0.442	1.000	0.599
NOL4;RP11-379L18.1;RP11-379L18.2	chr18	3.42e+07	3.42e+07	649	0.047	0.219	0.173	0.180	1.000	0.597
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	320	0.081	0.225	0.144	0.147	1.000	0.595
RNLS	chr10	8.86e+07	8.86e+07	322	0.058	0.296	0.238	0.311	1.000	0.593
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	326	0.073	0.216	0.143	0.145	1.000	0.593
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	470	0.063	0.282	0.219	0.306	1.000	0.592
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	348	0.068	0.212	0.145	0.143	1.000	0.591
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	608	0.040	0.162	0.122	0.112	1.000	0.591
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	446	0.090	0.237	0.147	0.159	1.000	0.591
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	303	0.091	0.240	0.148	0.138	1.000	0.590
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	567	0.069	0.220	0.151	0.152	1.000	0.588
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	221	0.102	0.247	0.144	0.168	1.000	0.585
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	400	0.072	0.283	0.211	0.297	1.000	0.584
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	219	0.129	0.275	0.146	0.199	1.000	0.583
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	733	0.087	0.189	0.102	0.082	1.000	0.583
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	673	0.087	0.195	0.109	0.068	1.000	0.582
CTD-3065J16.6	chr8	1.44e+08	1.44e+08	217	0.078	0.292	0.214	0.306	1.000	0.582
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	284	0.092	0.237	0.145	0.157	1.000	0.579
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	1069	0.088	0.255	0.168	0.189	1.000	0.576
RFX4;RP11-144F15.1	chr12	1.07e+08	1.07e+08	319	0.074	0.225	0.151	0.157	1.000	0.575
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	985	0.101	0.268	0.167	0.227	1.000	0.575
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	314	0.101	0.274	0.173	0.196	1.000	0.572
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	230	0.134	0.309	0.174	0.299	1.000	0.569
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	592	0.044	0.166	0.122	0.119	1.000	0.568
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	215	0.088	0.213	0.126	0.836	0.000	0.561
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	624	0.160	0.283	0.123	0.210	1.000	0.561
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	601	0.093	0.258	0.165	0.189	1.000	0.560
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	756	0.097	0.247	0.151	0.180	1.000	0.560
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	517	0.112	0.275	0.163	0.234	1.000	0.559
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	578	0.060	0.213	0.153	0.182	1.000	0.558
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	745	0.130	0.254	0.124	0.145	1.000	0.558
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	448	0.072	0.212	0.140	0.145	1.000	0.557
FLI1;SENCR	chr11	1.29e+08	1.29e+08	457	0.058	0.191	0.133	0.171	1.000	0.557
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	278	0.080	0.207	0.127	0.843	0.000	0.557
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	462	0.137	0.250	0.113	0.801	0.000	0.556
KCNJ3;AC061961.2	chr2	1.55e+08	1.55e+08	559	0.077	0.235	0.158	0.203	1.000	0.556
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	280	0.078	0.203	0.126	0.853	0.000	0.554
C2orf40	chr2	1.06e+08	1.06e+08	334	0.100	0.254	0.154	0.248	1.000	0.549
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	587	0.084	0.227	0.143	0.157	1.000	0.548

(continued)

geneSymbol	chr	Start	End	Width	betaN	betaC	dltBeta	senesitivity	specificity	AUC
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	248	0.071	0.197	0.126	0.860	0.000	0.547
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	238	0.050	0.191	0.140	0.131	1.000	0.546
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	210	0.059	0.197	0.138	0.133	1.000	0.544
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	583	0.106	0.222	0.117	0.867	0.000	0.545
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	469	0.068	0.227	0.160	0.203	1.000	0.545
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	250	0.070	0.194	0.124	0.867	0.000	0.544
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	388	0.083	0.212	0.128	0.848	0.000	0.542
PRDM13	chr6	9.96e+07	9.96e+07	288	0.111	0.248	0.137	0.157	1.000	0.538
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	592	0.111	0.219	0.108	0.888	0.000	0.535
GPC5	chr13	9.14e+07	9.14e+07	247	0.062	0.163	0.101	0.923	0.000	0.533
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	358	0.077	0.205	0.127	0.855	0.000	0.531
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	617	0.089	0.231	0.142	0.166	1.000	0.530
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	357	0.113	0.216	0.103	0.105	1.000	0.529
DMRTA2	chr1	5.04e+07	5.04e+07	400	0.102	0.205	0.103	0.100	1.000	0.521
LINC00682	chr4	4.19e+07	4.19e+07	275	0.190	0.307	0.118	0.257	1.000	0.512
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	498	0.093	0.225	0.132	0.839	0.000	0.505
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	258	0.116	0.228	0.112	0.883	0.000	0.500
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	230	0.046	0.179	0.133	0.874	0.000	0.496
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	228	0.044	0.180	0.137	0.874	0.000	0.493
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	338	0.057	0.193	0.135	0.867	0.000	0.492
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	468	0.088	0.220	0.132	0.850	0.000	0.489
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	392	0.091	0.212	0.121	0.820	0.000	0.481
T	chr6	1.66e+08	1.66e+08	411	0.085	0.190	0.105	0.860	0.000	0.480
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	881	0.145	0.248	0.103	0.888	0.000	0.472
DSC3	chr18	3.10e+07	3.10e+07	216	0.054	0.192	0.138	0.869	0.000	0.454
NRN1	chr6	6.00e+06	6.00e+06	754	0.130	0.245	0.115	0.883	0.000	0.454