

Table S1. Array data for genes in groups 1 to 8

Group 1			11 genes (12 probe sets)					
Probe set ID	Entrez gene ID	Gene symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1418747_at	20375	Sfpi1	13.9±1.8	50.3±5.7	39±9.6	19.7±0.3	42±14.1	32±5.6
1455699_at			20.7±1.4	100.3±20.7	54.3±3.2	27.4±8.3	63.6±14.8	32±6.6
1437694_at			73.4±10.1	363.9±77.2	165.5±5	125.1±16.8	224.8±28.7	134.7±53.4
1435070_at			91.7±5.9	466.6±70.6	222±45.4	218.5±64.5	292.6±41.4	155.9±18.9
1420688_a_at	20392	Sgce	17.5±7.8	108.8±16.6	48.7±2	36.5±12.5	74±2.3	29.2±5
1436585_at			102.4±4.7	672.4±175.6	317.3±67	161.5±96.5	419±49.5	175.7±18.1
1417342_at	66849	Ppp1r2	16.7±0.1	113.8±43.8	49.4±6.2	40.2±6.9	78.6±28.6	36.8±5.3
1437502_x_at	12484	Cd24a	28.4±1.6	213.5±28.8	34.2±16.5	26.1±6.7	121.7±45.7	40.5±3.3
1433789_at			352±40	2727.1±634.7	671.5±115.3	429.9±82.7	1428.6±304	358.4±55.2
1448182_a_at	12484	Cd24a	39.1±5.9	336.8±34.8	55.2±23.9	54.1±19.4	175.2±42.8	88.4±13.5
1428583_at	68564	1110001M19Rik	125.8±26.4	1256.2±134.7	575.5±211.1	187.3±137.7	827.7±163.7	427.9±105
1441298_at			11.9±0.2	126.5±39.7	25.4±3.3	41.7±9.3	44±9.9	13.4±0.6

Group 2			248 genes (293 probe sets)					
Probe set ID	Entrez gene ID	Gene symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1450937_at	22343	Lin7c	265.2±7.6	1183.4±139.7	1246.6±115.3	685.4±57.1	819.8±111.3	819.6±164.8
1437658_a_at			51.4±0.8	193.3±41.7	196.3±27.2	52.4±14.6	159.1±10.9	271.6±24.7
1438230_at	225467	Pggt1b	17±3.9	82.8±21	61.8±1.9	17.1±1.9	53.9±14.7	98.2±28.5
1435139_at	74838	Narg1	17±5.6	66.5±0.7	136.8±5.1	63.9±12.7	55±0.4	138.8±3.5
1447171_at			7.8±0.2	63.1±1	35±15.8	14.3±6.3	27±4.8	40.6±11
1436067_at	229055	Zbtb10	83.2±1.7	577.6±67.4	296.2±0.6	233.7±87	295.7±10.1	466.9±5.2
1447122_at			25.1±8.6	90.2±6.4	168.3±44.3	28.1±2.1	90.6±6	101.3±10.5
1452864_at	329650	Med12l	84.6±27.8	293.6±19.2	577.5±29.3	108±27.1	306.6±30.6	909.8±55.2
1420879_a_at	54401	Ywhab	512.4±171.1	2214.3±191	1742.2±179.9	833.1±174.2	1863.3±434.5	2068.9±437.6
1452712_at	229279	Hnrpa3	251.9±4.3	838.9±55.8	805.9±28.7	479±20.1	919.7±175.3	1078.5±103.6
1435881_at	18521	Pcbp2	57.7±13.7	253.2±28.2	174.8±15.4	72.2±13.1	216.3±58.8	363.2±94
1457079_at			5.2±0.1	21.7±0.4	25.2±2.4	7.5±2.9	19.7±2.1	21.8±2.6
1437593_x_at	11800	Api5	2060.4±467.8	8827.8±502	9320±309	4520.2±94.8	7975.3±987.3	7051.6±18.2
1428362_at	77989	E130105L11Rik	229±79.9	1107±125.5	786.7±38	163.4±54.5	889.4±25	1003.2±145.3
1437714_x_at	59025	Usp14	152.1±17.3	639.2±114.8	819.2±14.5	287.3±36.7	602.7±83.2	522.7±94.5
1448526_at	16211	Kpnb1	315.4±156.6	2002.5±1.2	1142.2±129.3	703.7±127.4	1249.9±56.3	1512.4±383
1420478_at	53605	Nap1l1	597.4±87.7	3005.7±317.3	3042.9±275.6	1698.7±40.9	2380.3±430	2402.9±212
1438671_at			11.6±1.8	82.3±5.6	64.3±3.2	18.5±1.5	46.8±11.1	39.4±13.1
1440085_at			9.8±4	33.5±9.7	33.5±5.4	12.5±1.4	39.9±2.2	48.7±0.3
1435235_at	53382	Txn1l	58.8±6	226.3±11.9	408.4±65.7	104.5±8.4	244±49	540.8±25.7
1418515_at	17765	Mtf2	546.6±193.9	2293.1±315.9	3301.2±771.8	953.8±180.5	2295.1±91.1	2788.4±33.6
1424723_s_at	228410	Cstf3	155.7±46.5	639.8±136.5	772.3±139.4	221.9±44.4	655.5±43	583.8±110.8
1438650_x_at	14609	Gja1	1303.9±348	6327.2±351.8	6508.1±20.8	3163.3±600.4	5760.7±272.9	4533.2±174.3
1422045_a_at	19248	Ptpn12	700.3±53.3	3183.9±206.5	3849±184.8	1556.3±373.1	3094.1±245.1	2885.8±12.1
1432418_a_at	12716	Ckmt1	7.9±0.4	36.7±15.9	29.9±8.6	10.1±0.3	35.6±4.1	54.2±11.5
1437533_at	11798	Birc4	115.7±49	644.6±21.3	478.9±37.4	227.6±55.7	522±26	483.6±62.1

1417404_at	170439	Elov16	572.3±155.6	2588.1±278.5	2542.7±417.1	1025±5.6	2585.9±49.7	4209.4±24.5
1435335_a_at	432486		256.8±21.2	1463.3±11.5	1202.1±21.9	547.5±89.3	1176.9±21.4	846.4±17.3
1458303_at	225743	Gm96	17.7±5.1	93.2±29.1	84.5±5.7	40±4.1	81.5±17.5	55.3±3.9
1429581_at	229211	Acad9	12.6±0	44.9±10.8	111.2±11.5	41.4±5.7	58.3±7.2	80.8±18
1441709_at			12.2±0.6	146.5±61.7	39.7±0.8	40.8±2.6	57.1±11.9	41.2±8.7
1415972_at	17118	Marcks	7.1±0.7	23±2.9	58.4±13.6	7.5±0.5	33.6±0.9	65.5±1.3
1434691_at	72193	Sfrs2ip	11.5±0.1	45±15	101.9±18	10.2±1.3	54.8±4.5	103.3±12.9
1448880_at	22195	Ube2l3	55.7±1	269.5±7.7	229±42.2	110.8±35.5	264.8±18.3	355.4±50.7
1429771_at	73201	3110073H01Rik	67.2±18.4	395.7±77	398.1±33.2	144.7±30.4	322.1±44.2	272.7±20.4
1444726_at			17.8±6	77.5±24.3	84.9±6.7	28.4±8.8	87.9±8.1	72.7±0.2
1455789_x_at			5436.9±2083.9	26759.9±1113.6	30644.5±2254.3	9926.7±4024.9	27496.2±677.3	25353.8±765.6
1442062_at	319898	7120426M23Rik	6.5±0.5	33.8±2	50.5±6.1	14.4±6.1	32.8±0.4	62.9±9.6
1426527_at	68276	Toe1	120.5±12.2	595.5±10	844.4±114.2	226.2±61.7	663.7±246.5	721.2±147.6
1416505_at	15370	Nr4a1	21.5±5.5	70.2±8.4	101.3±8.9	28.5±1.1	119±32.3	84.5±2.1
1437215_at	214254	Nudt15	11.7±2.5	122.1±17.4	61±14.2	49.1±10.9	65.7±8	64.5±8.3
1451228_a_at	68416	Sycn	10.8±0.7	112±26.4	74.3±13.2	40±13.5	60.6±4.8	188.2±21.6
1451046_at	22761	Zfpm1	15.9±1.3	50.6±8.5	62±8.1	13.7±2.4	90.1±22	49.3±10
1453016_at	72938	2900042B11Rik	28±4.5	152.5±15	196.9±58.6	65.9±22.3	159.1±7.3	296.2±50.9
1420504_at	56774	Slc6a14	20.2±1.2	74.3±34.2	161.2±11.9	16.1±2.3	115.4±9.1	350.5±112.6
1437181_at			7.2±0.3	41.6±16.4	64.7±9.5	12.3±6.9	41.2±0	57.6±9.7
1451626_x_at			261.1±33	1657.4±111.5	1952.3±533.1	464.7±140.9	1502.3±112.2	834.9±62.9
1426548_a_at	66632	Atpbd4	18.6±5.5	73.5±11.4	118.4±43	14.8±6.4	107±37.8	110.7±4.8
1448270_at	56200	Ddx21	149.6±42.5	1258.8±20.1	1073.7±287.5	568.4±96.1	864.9±53.6	606.8±4.5
1454816_at	19889	Rp2h	18.8±2.4	81.4±10.8	177.2±43.3	20.5±3.6	109.7±8.1	131.8±39.9
1420907_at	12488	Cd2ap	139.4±15.6	534.6±24.6	1337.9±408.9	206±59.5	815±2.8	1651.7±21.4
1417914_at	74012	Rap2b	45.9±3.2	138.6±39.2	250.2±14.9	55.8±7.9	269.7±69.4	317.5±66.9
1457026_at	239759	Liph	7.6±0.8	37.5±2.2	38.8±2.3	18.6±5.3	45±5.5	53.4±14
1434513_at	224088	Atp13a3	354.5±87.3	1967±162.1	2821.9±359.6	947.7±112.5	2122.4±291.8	2067.9±60
1438695_at			12.3±1	38±13.2	148.7±10.1	11.1±2.9	74.1±4.2	126±36.4
1433521_at	433667	Ankrd13c	123.2±29.8	1300.8±2.4	889.2±82.4	706±79.1	743.4±29.6	873.4±185.5
1448829_at	67241	Smc6l1	16.9±7.1	160.7±41.3	104.6±2.8	23.8±13.8	102.3±37.6	135.7±19.9
1452654_at			8±3.5	117.9±4.6	70.5±10.1	24.2±4.4	48.3±1.4	71.4±25.6
1429940_at	214498	Cdc73	10.9±4.2	65±36.3	81.6±6.4	9.3±0.3	66.1±9.6	64.2±24
1438945_x_at	14609	Gja1	1118.8±313.6	7193.6±693.5	7896.6±515.8	2873.3±982.2	6862.9±295.8	4710.5±615.4
1433503_at			13.1±3.1	63.7±3.3	159±73.9	14.2±3.9	82±44.2	318.3±0.5
1456012_x_at			982.5±39	4432.4±952.6	6378.9±124.5	2230.1±415.6	6146.6±45.2	4075.2±176.6
1416288_at	15502	Dnaja1	2315.2±462.5	12871±795	13749.1±76.5	6919.5±293.3	14651.9±2390.7	8735.1±1453.3
1422071_at	16857	Lgals6	224.7±21.3	817±166.3	1702.1±795.1	136.7±11.5	1425.2±268.6	2643.1±1016.2
1438971_x_at			85.4±9.9	299.5±1.9	412.6±98.1	136.4±30.6	546.8±4.6	1014.7±53.7
1452199_at	72649	2700094F01Rik	26.1±2.8	161.3±76.8	149.3±9.9	44±2.8	167.4±18.9	128.9±22.1
1424438_a_at	230514	Leprot	25.3±6.7	83.4±14	268.8±100.9	32.8±0.3	162.9±18	441.9±81.4
1417818_at	97064	Wwtr1	72.6±30.7	564.4±67.4	545.1±86.4	168±6.7	470.8±53.9	619.9±129.3
1417386_at	19155	Npepps	13±1.3	47.8±11.3	88.5±0.5	14.9±0	86.8±9.4	162.4±36.7
1455173_at			11.7±6.2	91.8±7.1	118.9±14.9	24.5±2.6	80.6±7.6	113.8±26
1449108_at	14148	Fdx1	667.7±53.8	2996.2±147	4699.2±923.6	1230.4±257.1	4617±148.1	2024.3±304.1

1428585_at	109711	Actn1	139.5±21.2	670.2±55.1	807.5±64.4	336.5±14.5	991.6±48.5	926±19.5
1437290_at	242291	Impad1	8.8±2.6	45.2±0.1	91.9±24.9	14.5±5.5	63.5±14.6	94.8±18.7
1437885_at	99324	D030029J20Rik	8.2±0.8	31.8±14.3	57.6±17.7	9.6±1.2	58.9±0.3	74.6±28
1422698_s_at	16468	Jarid2	677.6±152.7	4557.6±825.8	5571±386.3	1823.8±397.7	4985.9±259.7	7574.7±612.9
1434170_at	245404	Wdr40b	18.9±8.9	259.1±96.7	87.4±7.2	64.8±2	139.7±16.6	63.2±2.8
1424448_at	633467	Trim6	33.1±7.6	453.9±36.2	249.3±47.9	166.5±16.1	244.6±38.9	323.1±60.4
1456028_x_at			30.1±8.3	173.3±50.4	304.6±33.8	53.9±14	223.4±55.4	324.4±116.8
1448252_a_at	55949	Eef1b2	2089.7±309.6	14760.3±249.9	19616.4±1971.9	6363.4±176.7	15584.1±976.3	16074±1887.8
1458675_at			9.3±0.1	140.5±35	112.2±51.9	19.6±11.7	70.1±37.8	114.6±5.3
1449625_at			12.5±1.3	177.9±37.7	60.4±21.8	44.4±5.2	94.9±14.6	146.9±12
1443816_s_at			11.8±2.3	83.9±26.8	119.6±26.1	13.3±5.2	91.3±0.9	77.3±10.1
1456830_at			6.5±0.1	65.4±1.7	19.5±5.2	6.8±0.4	50.2±13.4	23.2±11.3
1427541_x_at	15366	Hmmr	11.7±0.2	41.2±2.9	115.9±33.1	24.5±1.4	90.8±4.4	152.6±9
1434039_at			39.3±7	381±36.9	389.1±107.5	71.4±9.1	304.8±6.6	404±23.8
1426750_at	286940	Flnb	76.8±28.5	395.3±59.9	492.4±67.9	124.1±36.2	608.7±254	733.9±154.4
1455002_at	19243	Ptp4a1	88.6±20.2	566.3±74	572.2±12.8	201.2±47.6	704.4±137.8	648.2±65.2
1427893_a_at	68603	Pmvk	54.1±6	230.4±16.3	721.3±203.3	90.1±8.4	432.5±114.6	818.9±69.2
1435627_x_at	17357	Marcks1	50.2±27.2	347.6±0	370.5±47.8	120.9±13.3	402.6±37.6	465.2±41.3
1434716_at	171283	Havcr1	64.2±2.8	540±138.1	566.3±27.8	124.9±89.9	517.6±44.7	4168.2±737.2
1424200_s_at	72124	Seh1l	110.2±8.4	942.5±137.1	900.3±56.8	471.4±101.5	890.6±7.5	794.6±210.4
1417443_at	230579	BC026682	32.1±3.9	221.9±45.1	278.3±52.2	57.4±7.2	259.9±103.1	218.8±43.2
1438922_x_at	433326; 630624	Slc25a5	343.7±47.3	2280.3±162.4	4017.8±250.1	714.8±36	2793.7±499.3	3119.3±620.8
1433831_at	75763	4833418A01Rik	9.5±1.1	74.9±13.9	82.5±0.4	39.5±11.2	77.7±5.4	75.8±8
1441376_at	93739	Gabarapl2	16.2±5.8	150.5±69.8	155.7±40.1	27.1±16.8	134.5±22.5	136.5±6.6
1434418_at			33.3±8.8	135±25.8	250.7±26.3	23.4±5.7	276.3±27.9	288.7±15.3
1420622_a_at	15481	Hspa8	1409.2±1093.9	10564.6±2140.9	13369.2±4193.2	1706.3±69.8	11750.4±1766.7	9828.7±1982.5
1428136_at	20377	Sfrp1	15.1±4.2	319.2±49.8	102.5±20.6	75.8±14.1	126.1±2.6	48.9±3.7
1438021_at			32±2.7	234.6±94.8	305.3±52.2	90.6±0	275.1±12.6	257.9±77.6
1433624_at	227723	5830434P21Rik	14.9±4.1	65.6±22.5	142.3±33.1	23.7±4.6	128.2±15.1	243.7±14.3
1426649_at	230157	Tmeff1	10.7±1.4	63.9±17	102.2±29.8	21.8±3.1	91.8±21.4	61.7±0.8
1431012_a_at	23986	Peci	21.6±5.2	138.7±5.1	246.4±87.5	34.3±10.1	187.4±30.6	387.9±68.5
1428323_at	14571	Gpd2	57.7±21.2	884.1±17.1	615.3±131.1	289.1±100.3	503.6±1.3	721.4±2.1
1438546_x_at	433326; 433923; 623402; 630624; 633283	Slc25a5	85.4±9.3	592.8±115.2	1060.9±170.6	165.1±20.9	758.5±114.5	1038.5±89.2
1438360_x_at	433326; 630624	Slc25a5	583.6±47.4	3920.2±552.5	7235.1±736.5	1042.1±127.3	5207.7±922.9	6023.9±1353.5
1448469_at	630776	Nid1	9.8±1.7	137.8±3.5	75.8±20.2	34.6±13	87.8±30.3	72.4±0.3
1415800_at	14609	Gja1	671±183.6	5919.9±485.3	7425.5±52.2	2218.9±1036	6032.3±195.8	3885.3±369.6
1419571_at	114304	Slc28a3	9.8±3.1	54.8±3.9	115.4±7.4	20±5.6	88.5±23.3	376.2±91.4
1423723_s_at	230908	Tardbp	344.4±6.8	4728.1±453.2	3831.5±1389.2	1902.5±177	3135.9±802.9	3060.5±162.4
1443624_at			7.3±0.1	65.1±4	90±45.7	14.9±2.6	66.7±5.6	140.2±23
1428752_at	233836	Slc5a11	22.5±2.6	138.6±92.1	195.2±13.6	20±3.5	205.8±79.7	116.8±10.5

1426682_at	104625	Cnot6	79.5±24.7	841.9±158.1	856.8±116	345.2±33	736.6±35.4	574.8±2.8
1452123_s_at	232288	Frmd4b	31.4±7.5	166±82.4	953.2±352	27.5±11.7	294.5±103.6	1284.4±145.2
1435777_at			8±1.6	28.8±4.9	164.5±8.8	34.9±9.7	75.5±2.4	218.6±29.8
1455134_at			8.2±0.6	85±4.7	120.9±11.3	29.2±3.7	77.8±5.2	169.3±32.3
1428823_at	69692	Hddc2	13.1±0.4	78.7±0.9	138.6±12.4	35.5±4.8	125±32.4	202±36.1
1426441_at	18174	Slc11a2	14.3±1.1	285.8±19.2	76.6±17.6	56.8±11.9	137.2±29.1	84.5±15.1
1455223_at	140486	Igf2bp1	17.6±5.9	98.1±27.8	203.4±43.6	25.6±10.6	171.1±46.9	316.7±5.7
1449288_at	14562	Gdf3	17±3.2	118.1±57.5	153±28.7	10.7±1.5	166±90.7	114±16.7
1418479_at	245944	Vps54	58.9±7.2	356.5±38.1	891.2±122.4	109.2±20.1	574.5±60.6	949.5±119.6
1440220_at			14.3±0.2	132.6±16.3	101.7±42.1	48.8±11.7	140.8±15.2	136.9±4.9
1450989_at	21667	TdGF1	29±18.8	873.8±64.2	383.6±80.3	177±94.5	287.9±40.4	1135.7±332.4
1427564_at	54004	Diap2	8±2.5	169.4±82.6	112.8±31.4	8.3±2.9	79.4±3.7	74.1±25.1
1451468_s_at	72322	Xpo5	9.6±1.7	69.4±2.8	111.7±10.1	31.8±2.9	96.6±7.2	66.5±0.6
1416041_at	20393	Sgk	406.9±66	6795±32.7	4486.7±1255.3	2872±893.8	4089.2±590.2	5194.8±880.3
1435450_at	70568	Cpne3	24±5.7	351.7±50.1	335±23.5	123.5±32.6	242.4±7.7	774.2±194.7
1416630_at	15903	Id3	10.5±2.7	312.4±152.8	51.8±1.1	35.5±2	105.8±51.7	75±9.8
1435415_x_at	17357	Marcks1	34.4±7.2	224.3±7.4	293.4±7.4	90.2±7.2	347.3±9.9	365.7±90.9
1449052_a_at	13436	Dnmt3b	204.6±48.9	1533±126.9	2015.5±137.8	456.6±32.3	2088.1±405.9	3277.5±216.1
1452740_at	77579	Myh10	514.6±32.1	2159.1±528.8	6725.2±2071.6	740.7±1.9	5286.8±219.9	14976.7±1076.8
1435104_at	100255	D130004H04Rik	6.6±0.6	45.5±15.6	80.9±17.5	9.9±5.3	68±1.8	131.2±4.2
1436971_x_at	22631	Ywhaz	381.6±135.8	2284.9±209.7	5320.3±891.6	935.3±69.9	3946.5±336.2	5022.8±74.1
1448299_at	20510	Slc1a1	76.8±14	721.3±55.9	710.2±37.1	284.3±0.8	807.5±5.4	534.5±88.5
1425332_at	20402	Zfp106	85.1±29	1165.3±163.9	1260.8±164	483.1±125.2	897.9±51.6	1592.7±182.3
1450853_at	21888	Tle4	194.2±31.2	3634±84.6	2059.8±19.3	1670±148.8	2050.8±214.8	1957.9±83.1
1418417_at	17681	Msc	9.5±0.8	76.1±36.3	157±10.2	21.5±1.1	100.9±34.5	92.3±16.1
1444456_at			6.9±0.7	66.7±17.5	57.4±4.7	22±6	72.9±8.9	83.7±0.2
1435374_at			8.1±3	87.6±70.9	229±12.4	9.2±0.2	86.4±23.9	214.9±90.1
1422851_at	15364	Hmga2	182.2±42	2449±145.4	2525.8±473.2	490.6±108.6	1976.3±47.2	1872.7±113.9
1437338_x_at	74195	Elp3	8±0.6	76.2±17.6	95±16.4	32.1±9.6	87.3±9.2	70.1±13
1421849_at	20843	Stag2	204.2±3.5	3494.7±183.7	2394±643.7	1343.4±151.1	2224.2±50.6	1514.8±20.1
1419351_a_at	67669	O610007P06Rik	149.8±4	934.8±121.8	2046.7±154.7	477.7±70.5	1665.6±384.8	1699.7±271
1450780_s_at	15364	Hmga2	79.7±0.7	1219.7±54.7	1191.8±208.1	284±87.7	886.5±136.6	817.2±0.2
1429488_at	68268	Zdhhc21	7.5±0.6	41.7±4.6	140.9±3.7	8.3±0.3	84.2±2.4	204.9±19.2
1448573_a_at	26366	Ceacam10	24±2	96.1±14.4	371.8±61.8	11.3±3.2	269.2±21.9	263.2±64.9
1418351_a_at	13436	Dnmt3b	32±7.6	294.5±45	391.6±56.7	64.4±6.9	361.7±46.7	552.3±79.9
1429556_at	269987	2610024B07Rik	17.5±9	273.2±10.7	264.1±10.4	100.1±18.7	200.4±8.1	303±36.3
1418703_at	56878	Rbms1	5.7±3	60±5.7	121.7±2.2	10.6±1.3	65.1±21.4	299.8±16.1
1441751_at			7.1±0.7	86±22.6	97±21.8	5.9±1	81.2±18.3	81.2±2.8
1420623_x_at	15481	Hspa8	1168.3±636.7	12108.9±2110	13921.6±1994.7	2294.9±133	13729.5±3146	11623.7±2468.3
1455819_at			58.6±19.4	455.5±115.5	683±53.5	141±41.2	694.5±192.3	1286±164.1
1437185_s_at	19240	Tmsb10	1286.2±509.5	7714.5±406.4	14272.6±189	2504.8±788.1	15326.8±931	23782.1±593.5
1428670_at	72520	2610305J24Rik	20±2.1	192.4±13	192.5±38.3	39.4±15.7	244.4±44.8	226.6±64.4
1438545_at	433326; 433923; 623402;	Slc25a5	32.7±1	350±83.1	613.1±65.9	62.7±30.2	407.5±114.3	554.6±64.6

	630624; 633283							
1419821_s_at	15926	Idh1	18.1±1.3	211.8±28.9	308.2±21.2	44.1±21.8	227.3±13.8	397.9±108.3
1448261_at	12550	Cdh1	172.7±65	1701.6±147.4	2614.1±395.4	588.7±129.1	2179.1±195.2	3433.6±488.5
1435223_at	244373	Spfh2	13.8±2.3	124.4±6.1	271.2±11.4	66.4±21.6	174.5±0.1	245.3±27
1454899_at	210126	Lpp	6.9±0	24.1±9.4	118.8±8.4	8.9±0.2	87.2±9.4	187.7±16.3
AFFX-b- ActinMur/M124 81_3_at			1230.1±238.4	9088.9±230.5	18019.7±2693.3	4214.3±880.9	15707.3±1592.3	25026.1±1407.4
1433683_at	77411	Rbm35b	46.6±17.3	1050.6±128.5	585.9±88.9	365.7±45.2	600±46.2	616.4±82.7
1434548_at	26943	Serinc3	24±1	262.3±0.9	195.9±13.5	81.2±18.7	312.2±100.1	193.9±19
1422697_s_at	16468	Jarid2	288.4±177.7	3562.2±37.5	4564.8±61	1134.3±128.6	3757.1±142.9	6173.4±484.2
1418538_at	105785	Kdelr3	11±0.7	104.1±25.7	119.1±17.4	23.7±2.4	144.2±82.8	106.7±42.8
1426566_s_at	57890	Il17re	16.3±2.9	94.6±23.6	148.8±24	21.7±9.7	214.2±61.4	383.7±116.4
1434803_a_at	68416	Sycn	17.8±6.7	483.7±38.5	285.3±19.2	148±72.8	235.7±56.5	609.6±121.9
1426402_at	56403	Syncrip	62.6±30.5	1299.4±69.9	898.9±185	420.9±148.2	855.6±74.4	557.9±44.8
1455294_at			79.8±13.9	1216.4±23.7	1365.7±205.3	565.7±2.2	1092.7±195.3	578.4±96.1
1420913_at	24059	Slco2a1	24±7.1	168.9±94.8	319.9±64.1	24±2.3	329.5±43.7	256.1±38
1428339_at	68219	Nudt21	11.3±5.4	99.9±29.9	122.4±20	16.6±7.7	156.1±12.1	185.7±49.2
1450781_at	15364	Hmga2	187.7±18.6	4008.5±322.7	3289.2±684.2	869.8±19.8	2617.8±184.8	2096.1±32.1
1424650_at	72599	Pdia5	103.7±21.3	1056±98.3	1575.6±5.9	267±32.6	1451.5±56.5	1329.8±101.2
1436194_at	77619	C330008K14Rik	86.1±10.2	613.1±174.1	1530.4±292.5	216.7±55.1	1210.1±267.5	298±15.2
1449576_at	66235	Eif1ay	7.1±1.4	175.5±17.4	101.8±17.2	73.3±27.9	99.4±26.8	69.9±1.6
1417143_at	14745	Edg2	6.7±1.3	205.9±49.1	84.7±14.6	54±23	95.5±22.3	91.8±9.5
1445007_at			22.2±1.6	842.1±33.7	322.7±28.3	188.3±52.3	315.9±22.2	181.8±48.1
1417227_at	72039	Mccc1	20.7±3.8	190.8±34	284.9±56.2	91.1±10.5	295.1±62.3	474.7±21.9
1455314_at	210126	Lpp	10.6±3.9	58.7±5.2	281.2±49.3	9.4±1.3	152.9±5.1	577.2±43.6
1422567_at	63913	Niban	28±3.6	155.2±36.7	793.2±58.3	16.1±13.1	412.2±79.6	1450±340.7
1422433_s_at	15926	Idh1	79.3±28	1143.4±80.7	1362.8±15.2	232.8±154	1170.5±27.6	2478±468
1423796_at	71514	Sfpq	90.9±14.7	1281.6±480.1	1004.6±178	240±94.1	1348.1±365.2	780.7±363.2
1435397_at			54.8±2.7	1209.4±18.1	1037.3±117.2	265.5±24.8	812.4±150.5	857.7±82.9
1456319_at			106.9±22.6	1320.7±4.7	1544.7±243.9	177.3±70.7	1599.4±97	1806.7±950.9
1423596_at	59126	Nek6	7.2±0.2	31.1±0.8	226.8±62.1	10.3±4.4	107.7±10.1	218.2±26.5
1456795_at	399584	D330027G24Rik	11.9±2.6	168.4±5.8	284.4±81.6	51±19.8	181.2±53.5	883.2±217.6
1421840_at	11303	Abca1	10.5±4.2	112.8±23.6	176±69.7	27.4±9.9	162.1±48	148.2±21.4
1423960_at	14792	Grcc3f	74.2±9.2	748.7±169.5	1323.8±194.9	230.3±37.9	1164±59.6	1183.3±102
1426802_at	20362	Sept8	9.6±3	59.8±11.4	130.1±1.4	20.7±5.6	154.8±38.7	93.1±27.6
1460541_at	330836	Slc7a6	11.9±5	159±22.5	271±9.8	38.7±8.6	192.7±78.4	492.8±67.4
1433519_at	98415	Nucks1	321.2±57.5	4970±263.9	7690±889.2	2185±502.8	5208.1±343.2	7991.1±1255.9
1436762_x_at	74195	Elp3	33.4±2.9	410.5±31.1	656.4±55.6	184.2±41	561.6±70.7	420.4±15.7
1418635_at	27049	Etv3	4.4±0.1	123.5±11.6	119.5±42.9	38.2±16.8	74.8±3.7	175.5±10.6
1436181_at	16413	Itgb1bp1	4.8±0.5	61.4±6.5	96.5±1.7	26.4±3.2	82.7±27.1	107.4±16.8
1452387_a_at	56332	Amotl2	17.8±0.3	462.8±73.9	239.9±21.8	156.4±72.8	308.5±94	460.2±118
1418637_at	27049	Etv3	13.6±1.7	285.7±25.4	370.5±7.7	99.9±2	236.5±27.7	441.8±45.1
1436902_x_at	19240	Tmsb10	188.8±83.3	1307±111.5	2964.2±484.4	305.6±48.5	3332.2±725.1	8375.4±1684.9

1441682_s_at	73192	Xpot	175.8±50.4	3082.9±508.1	3148.2±667.3	1019.8±430.3	3171±90.3	2447.5±342.3
1460330_at	11745	Anxa3	7.4±1.8	85.5±8.1	139.6±46.7	23.8±7.6	135.6±26.3	929.9±318.9
1423829_at	223601	0910001A06Rik	31.5±5	389.7±27.2	997±33	132.4±17.8	576±139.4	790.4±101.3
1417673_at	50915	Grb14	10.1±1	146.5±53.6	189±50.9	57.5±3.4	186.1±6.3	150.5±31.6
1417769_at	67089	Psmc6	8.4±0.1	136.7±22.9	219.6±26.2	50.3±6.2	156.7±54.8	152.9±13.1
1456700_x_at			12.9±8	141.4±50.8	483.9±120.3	17.7±1.2	244.7±60.2	1044.5±463.5
1435787_at	242083	Ppm1l	18.1±1.4	525±28.3	204.4±74.6	200.3±4.7	348.1±23.6	177.8±17.2
1434642_at	114664	Dhrs8	7±0.1	116.8±9.7	104±9.3	33.4±23	135.7±22.4	226.2±16.8
1437226_x_at	17357	Marcks1	149.4±33.3	2095.9±888.3	2695.7±252	433.2±65.9	2924.9±455.7	3659±497
1442003_at			7.4±0.5	214.4±0.5	156.7±2.6	11.3±9.5	145.8±57.7	143.1±24.1
1456309_x_at			28.5±14.7	523.2±0.3	374.9±0.3	56.5±23.6	575.9±88.4	699.1±103
1455680_at	319878	9630025H16Rik	13.6±11.7	219.3±6.3	503.7±40.6	33.2±4.9	275.4±26.4	497.2±122.3
1438169_a_at	232288	Frm4b	48.9±18.4	489.8±163.1	1979±507.5	38.3±34.5	1013.6±322.2	2618.7±264.7
1424246_a_at	21753	Tes	5.4±2.3	86.1±18.8	249±71.4	10.3±4.8	112.4±13	495.5±77.6
1436519_a_at	68832	1110057K04Rik	18±4.6	374.9±34.3	601.8±19.1	147.4±9.3	376.9±81.8	354.9±31.3
1434839_s_at	81004	Tbl1xr1	39.4±7.7	539.4±79.1	877.6±86.1	145±9.7	827.5±176.7	1139.5±41.4
1433754_at	105559	Mbnl2	9.3±0.3	105±10.4	251.6±36.7	18.1±14.8	195.8±8.9	341.6±33.6
1455437_at	109199	9030204A07Rik	10.6±4.4	373.5±38.9	287.3±33.9	85.8±18.9	225.9±31.9	252.1±63.6
1449095_at	245944	Vps54	12.6±0.4	244.2±23.4	441±52.3	90.9±19.5	273.4±31.8	832.4±138.2
1449210_at	140486	Igf2bp1	21.8±0.4	379.4±69.6	480.7±49.7	173.4±52.6	490.5±33.3	284.2±21
1455011_at	170459	Stard4	6.9±0.5	174.5±2.9	146.7±1.5	18.5±0.1	164.9±4.6	322.8±65.6
1428772_at	73192	Xpot	55.6±18.5	1394.3±115.1	1465.7±294.4	390.4±176.7	1329.5±68	1078.6±226.2
1421830_at	11639	Ak3l1	83.9±16.4	1454.5±216.6	2811.3±520.3	489.4±105.5	2021.5±191.4	2385±222.6
1449128_at	52715	Ccdc43	15.1±0.9	341.1±27	534.9±76.6	95.4±0.3	368.5±83.7	156.3±30.6
1449011_at	20499	Slc12a7	6.3±0.6	49.3±15.9	103.3±32.3	17.3±0.2	156.9±8.3	59.8±11.4
1450387_s_at	11639	Ak3l1	174.2±26.6	3184.7±148.1	5193.5±105.3	1551.4±155.9	4361.5±360.2	4489.5±6.3
1426195_a_at	13010	Cst3	32.7±9.6	492±136.2	756.6±24.5	233.4±6.1	820.1±32.8	1014.2±106
1455300_at			13.5±4.9	132.1±8.3	335.1±91.6	37.4±8.4	342.6±132.1	345.4±127.7
1416675_s_at	18799	Plcd1	12.7±0.9	538.3±54.3	341.4±11.1	163±12.6	331.8±9.5	805.8±52.5
1434897_a_at			216.7±33.7	5186.8±304.5	7744.8±433.8	2012.4±45.8	5715.1±670.5	6021.3±850.3
1450700_at	260409	Cdc42ep3	11±0.6	156.1±1.6	299.2±105.5	41±26.5	294.3±20	212.1±1.1
1428829_at	75743	6820401H01Rik	13.1±5.1	206.8±14	419.9±58.8	10.2±2	351.9±27.1	482.9±103.7
1440167_s_at			11.7±0.9	90.4±3.8	392.3±19.9	21±6.5	329±44.5	717.4±56.1
1451493_at	65113	Ndfip1	35.8±3.4	334.6±71.4	1353.8±272.4	154.7±12	1023.8±55.2	1746.8±420.4
1434162_at			21±2.2	614.9±47.7	545.7±63.2	226.1±19.7	613.4±92.9	510.3±17.9
1417957_a_at	66805	Tspan1	10.5±4.1	697.6±190.1	312.8±118	35.4±33.2	319.4±122.8	159±0.9
1455827_at	105559	Mbnl2	6.9±0.7	77.6±16.8	263.4±169.3	7.7±0.1	220.8±36.9	420±15.3
1426248_at	223255	Stk24	22.2±8.2	517.6±37.4	1087.5±315.4	147.7±62.4	730.3±30.8	1499.9±133.2
1426697_a_at	16976	Lrpap1	72.2±23.7	3197±423.8	1354.5±139.9	809.1±24.3	2434.6±23.2	2045.6±328.1
1448432_at	18799	Plcd1	3.6±0.2	201.8±95.8	118.5±38.4	60.2±8.6	122.5±27.3	317.7±49.5
1460173_at	16796	Lasp1	13.9±0.6	431.7±144.3	312.7±75.6	22.6±2.6	473±199.8	611.8±277.4
1451594_s_at	97848	Serp1b6c	12±4	61.3±14.8	674.1±154.7	17.7±6.1	416±62.7	1330.3±178.9
1449888_at	13819	Epas1	36.3±7.6	515±102.3	897.7±10.8	169.3±48.5	1295.8±155.8	324.3±56.6
1437289_at	242291	Impad1	8±0.9	122±57.1	399.1±56.3	31±4.6	288±25.1	390.7±26
1429240_at	170459	Stard4	8.7±3	302.7±21.3	266.5±50.4	36±8.6	318.8±6.6	576.5±153.7

1436340_at	100223	9630041G16Rik	6.5±0.8	151.5±46.9	294.5±17.9	49.9±14.9	239.6±15.1	277.4±68.7
1438512_at			10.7±3.5	146.4±47.2	313.4±32	34.6±13.4	404.6±79.7	280.3±74
1436609_a_at	16976	Lrpap1	363.3±1	9472.6±415	15171.7±894.8	3397.6±669.3	13762.4±2.8	16668.3±806.8
1439264_x_at	16796	Lasp1	116.3±68.2	5170.8±673	4526.2±325.2	923.5±95.9	4540±29.3	5377.5±282.2
1436317_at	241062	D230012E17Rik	7.9±0.3	39.3±3.8	426.5±126	13.5±1.1	314.2±0.9	301.7±20.2
1427133_s_at	14725	Lrp2	10.4±0.5	35.3±0.9	812.6±399	12.9±2.1	418.6±57.9	2384.1±26.5
1417089_a_at	12716	Ckmt1	11.3±2.3	609.4±293.7	421.9±109.4	69.2±17.6	474.7±104.6	764.2±220.1
1438633_x_at	16796	Lasp1	95.8±68.4	4759.2±277.6	4448.7±474.6	657.8±117	4301.7±105.5	5525.1±534.6
1438223_at	245944	Vps54	42.7±7.2	1891.3±141.8	2860±273.8	404.3±241.8	1974.3±146.5	2557±39
1454709_at	100201	Tmem64	36±13.2	2529.4±53	1628.8±451.2	731.1±228.7	1730.2±201.7	1002.9±104.5
1452973_at	243382	Ppm1k	4.4±1.4	261.6±8.3	224.4±84.5	46.8±18.2	210.8±49.4	148.1±3.1
1456036_x_at			100.2±7.6	4451.3±34.8	5314.5±464	920.5±532.2	4827.8±596	4645.1±582.5
1417125_at	269378	Ahcy	19.9±9.1	405.9±46	1592.4±247.3	137.9±16	999.8±84.4	1519.4±118.3
1439407_x_at	21346	Tagln2	22.4±2.3	371.4±127.7	895.6±188.5	137.4±6.9	1126.9±112	2175±59.6
1452840_at	69784	1500009L16Rik	12±0.7	342.9±110	823±3.3	41.6±33.5	650.3±153.9	418.8±26
1438634_x_at	16796	Lasp1	114.7±90	6544.5±281.3	6197±333.9	657.9±203.6	6264.5±329.7	7760.5±521.8
1452148_at	16976	Lrpap1	26.8±13.7	2258.5±144.2	924.4±49	501.5±13.8	1538±167.1	1223.3±117.5
1448265_x_at	14012	Eva1	7.9±3.6	342.7±9.4	774±142.7	67.8±14	457±45	854.2±183.5
1415971_at	17118	Marcks	5.2±1.1	180.5±5.1	561.1±48.5	22.7±9.7	303.7±57.7	858.1±433
1455470_x_at			20.5±9.9	1354.9±4	1193.5±46.4	111.1±43.9	1232.5±8.8	1605.3±160.6
1428579_at	71409	Fmn12	13.4±0.1	153.3±5.3	1721.8±449.7	35.3±18.2	812.8±14.8	3629.3±251.1
1416953_at	14219	Ctgf	10.4±5.8	1026.9±118.8	551±47.7	322.2±62.9	642±10.2	204.1±38.9
1417311_at	68337	Crip2	37.1±11.2	878.9±233.3	1904.3±524.5	154.6±117.3	2292.8±785.8	2679.4±1038.8
1417185_at	110454	Ly6a	30.8±10.3	1524.2±145.5	3993.8±61.5	308.6±93.5	1951.4±192.8	3132.2±414.1
1416808_at	18073	Nid1	14.3±5.8	1110.4±191	834.9±94.2	231.5±32.7	904.1±49.1	755.1±72.2
1434307_at	100201	Tmem64	14.2±5.3	1734.8±358.1	796.9±281.8	556.4±85.1	924.8±184.2	355.7±25.1
1418091_at	81879	Tcfcp2l1	21.8±12.3	765.7±223.7	1807.2±331.7	82.5±5.9	1462.4±61.8	1749±256.7
1453351_at	57246	Tbx20	6.3±0.4	396.2±23.4	703.9±337	74.4±9.8	422.6±92.9	462.9±90.7
1428283_at	74134	Cyp2s1	57.7±11.4	2854.1±300.3	3181.1±502	617.3±171.9	3913.2±446.1	4360.3±886.3
1456642_x_at			20.1±9.6	384.3±88.6	1244.3±240.4	96.5±25.1	1382.6±418.7	4048.7±399.4
1426696_at	16976	Lrpap1	90.6±33	3688.7±1374.5	7394.4±1908.8	665.4±83.6	6252.3±1369.7	8833.8±2493.7
1448022_at			34.3±6.1	2460.8±647.6	4764.7±126.2	344.1±205.4	2465.7±182.6	2900.3±81.1
1448967_at	66536	Nipsnap3a	8.4±0.6	405.4±9.7	694.6±55.6	96.2±65.1	643.1±200.4	914.3±148.3
1418283_at	12740	Cldn4	9±0.2	350.3±194.3	653.5±202.9	42±22.9	699.9±401.6	1479±628.9
1422075_at	12591	Cdx2	6.5±3.3	172.1±46.2	810.5±121	20.5±1.8	591±158.8	1143.7±84
1429388_at	71950	Nanog	16.5±2	337.8±55.5	2194.4±344.7	122.8±44	1613.2±426.5	1063.5±80.4
1434909_at	52187	Rragd	38.9±2.6	3295.1±67.8	4072.2±596.4	794.8±262.7	3999.9±2.7	3434.6±145.3
1448987_at	11363	Acadl	24.6±7.8	3890.3±468.8	3356.9±238.9	1604.8±289	2749.6±527.7	4082.1±489.6
1434369_a_at	12955	Cryab	11.1±4.6	106±61	702.7±78.6	12.9±2	1273.9±352.5	1978.2±183.2
1460351_at	20195	S100a11	11.8±7.7	388.2±51.9	1706±312.8	68.1±10.3	1445.9±64.6	4376.5±14.2
1423933_a_at	76509	1600029D21Rik	9.6±4.3	188.4±73.7	1103.5±460.4	14.8±0.9	1218.6±570.4	1053.1±700.1
1429377_at	66991	2410004A20Rik	37.8±3	1998.1±811.4	5574.2±372.4	491.8±214.2	5057.4±770.9	6162.5±1252.7
1416236_a_at	14012	Eva1	11.3±0.5	1338.8±281.3	2283.8±291.1	354.4±32.8	1843.4±38.9	3134.2±578
1416531_at	14873	Gsto1	26.9±1.9	4185.5±865	4966.8±40.5	1011.1±161.5	5992.7±181.8	5867.7±376.8
1419091_a_at	12306	Anxa2	9.4±1	360.7±10.6	1928.1±78.4	113.9±66	2315.1±199	5245.4±181

1416635_at	57319	Smpdl3a	7.1±1.6	1515.3±207.1	2000.5±93.2	383.1±207.5	1841.4±161.7	2687.2±144.3
1435436_at			10.9±5.5	2031.9±132	3177.2±112.2	343.9±110.6	2880.3±266.9	2920.8±193.8
1448894_at	14187	Akr1b8	8.7±5	297.4±56	3605.5±1744.4	13.6±2	2518.6±199	7769.5±871.1
1448649_at	13809	Enpep	7.7±0.5	555.3±320.5	4590.9±1128.8	63.4±43.4	2348.9±1155.9	9907.4±1632.9
1435989_x_at			10.5±0.3	518.7±198.7	5732.6±1940.3	55.1±13.7	4818.3±74.4	10300.6±1681.3
1420647_a_at	16691	Krt2-8	11.6±4.3	532.7±98.9	6803±1912.8	61±14.1	6460.9±71	13413.1±1241.4
1452320_at	14725	Lrp2	7.3±0.6	417.8±270.7	4968.3±1419.8	57.1±11.5	4114.3±756.5	6091.8±1454.4
1423691_x_at	16691	Krt2-8	13±1.6	797.5±301.7	11355.6±4647.7	89.7±46.1	9248.9±55	22021.2±3423.7

**Group 3** 19 genes (19 probe sets)

Probe set ID	Entrez gene ID	Gene symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1460222_at	20401	Sh3bp1	22.9±0.2	23.2±0.1	69.8±22.9	17.7±0.1	29.3±6.4	159.5±7.8
1430774_at			6.7±1.9	8±3.1	21±1.3	8±1.1	8.2±0.4	24.4±5.5
1434511_at	102093	Phkb	32.2±6.6	18.5±2.6	101.6±27.4	10.6±3.4	38.1±0.7	229.2±53.3
1446094_at			8.7±0.9	17.6±2.9	28±2	9.9±0.2	12.3±2.3	42.6±6
1453377_at	72281	Sh2d4a	11.6±0.4	12.7±0	39.3±12.8	10.3±2.9	10.2±2.5	115.5±44.9
1424025_at	215751	BC013529	20.7±0.2	25.1±0	72.1±9.9	45.6±0.9	39.2±8.4	86.2±1.7
1452404_at			8.9±2.1	9.1±2	31.7±8.6	10.6±0.1	11.2±1.7	35.6±2.3
1447060_at			21.3±0.6	25.6±2.9	84.2±6.7	17.7±0.5	47.9±8.9	86.3±13.3
1436107_at	76522	Lsm8	7.3±1.6	11.1±3	29±13.1	7.2±0.1	8.1±1.1	23.9±5.5
1449559_at	17702	Msx2	4.8±0.1	10.1±1.2	21.4±4.8	5.9±0	12.8±1.3	52.3±0.6
1448160_at	18826	Lcp1	11±1.4	8.1±0.9	49.5±18.7	8.5±1.9	15.8±0	523.2±4.3
1416617_at	68738	Acss1	8.9±0.6	19.2±3.2	44.1±21.4	11.1±1	7.9±0.6	142.6±23.8
1434889_at	233765	Plekha7	6.7±0.1	8.5±2.3	37.3±10.6	10±1.7	9.9±4.4	89.1±15.1
1455403_at			7.7±2	17.6±1.5	43.1±4	23.3±0.8	17.8±5.5	64.2±18.1
1448406_at	58521	Cri1	25.8±2.3	59±1.2	154.1±4.9	86.9±14.3	75.2±0.6	111.4±11.9
1416187_s_at	52830	Pnrc2	100.9±22.7	214.1±14.7	631.4±66.4	454.2±13.5	297±48.2	768.6±166.2
1445281_a_at			10±0.8	16.1±5.2	72.7±2	19.7±3.3	25.4±9.7	54.7±4.2
1426153_a_at	13511	Dsg2	6.2±1.1	8.5±0.6	54.9±20.9	6.8±0.2	18±2.8	129.6±14.7
1436473_at	72720	Zfp248	8.1±0.3	8.5±0.1	101.4±12.2	7.9±0.2	16.5±10	88.9±18.3

**Group 4** 43 genes (47 probe sets)

Probe set ID	Entrez gene ID	Gene symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1426936_at	630153; 631386; 637482; 630525		95.1±26.6	371.9±75.8	554.6±20.2	83.1±57.4	749.8±27.1	517.5±198.8
1440555_at			4.2±0.4	13.6±6.8	18.8±4.8	3.9±0	18.8±0.7	19.4±6.4
1429239_a_at	170459	Stard4	113.6±31.5	465.7±65.3	461.5±231.1	92±56.2	810.5±180.1	354.1±119.7
1455241_at			13±8.1	36.7±6.8	102.8±24.2	8±2.1	145.2±60.6	211.7±21.7
1429116_at			40.1±16.7	115.8±15.5	123.9±28.8	35.6±0.5	144.6±13.8	168±33.9
1459900_at			20.1±5.4	57.5±3.2	138.1±0.1	13.7±0	128.2±60.6	233.3±15.1
1419832_s_at	56318	Acpp	26.1±9.4	79.8±4.5	119.8±9.5	21.1±5.1	102.7±11.8	33.2±18.7
1444479_at			20.9±0.1	71.4±31	84.3±43.9	17±1.3	76.8±24.4	104.8±4.1
1420498_a_at	13132	Dab2	345.8±222.7	1237.5±292.7	3161.4±503.7	132.8±83.7	3323.8±675.5	5090.5±565



1428357_at	72148	2610019F03Rik	424.2±43.8	986.9±89.6	3328.2±274.2	240.6±53.3	2933.5±559.3	7128.3±525.4
1454942_at			17.9±8.4	28.3±4.1	203±40.9	7.6±2	141.4±25.1	769.8±157.3
1430604_a_at	13132	Dab2	36.5±3.3	76.8±0.3	245.8±3.8	16.8±3	226.7±20.2	222.4±22.8
1428822_a_at	69226	Snx24	11.4±7.7	40±8.1	39.1±11.1	7.9±1.5	39±5.1	98.4±1.9
1416763_at	98828	G431001109Rik	77.5±10.3	92.3±27.8	616.3±160.2	24.2±1.1	487.9±15.8	1082.3±44.6
1428935_at	12330	Canx	88.2±7.6	228.9±35.9	242.4±20.5	53.9±4.3	350.4±60.5	341.8±151
1419106_at	72381	2210409E12Rik	186.2±23.6	333.1±188.5	1649.8±687.9	37.5±23.9	1311.1±549.4	643.5±226.1
1416354_at	19655	RbmX	76.7±22.2	227.7±26.4	190.3±24.3	35.2±23.8	362.5±22.1	76.2±2.7
1449344_s_at	72381	2210409E12Rik	351.4±64.8	497.3±158.5	2191.5±197.6	106.6±68.2	1945.5±302.9	972.9±6.9
1435081_at	19027	Sypl	29.8±9.5	76.3±18.1	89.6±12.5	20.4±1.2	86.2±9.6	70.2±16
1445062_at			65.2±19.8	186.7±58.8	165.5±21.5	52.9±9.5	138.3±22.8	261.2±10.9
1426981_at	18553; 631913	Pcsk6	31.8±14.7	74.2±15	152±24.9	21.4±3.4	87.5±13.6	385.1±99.1
1434773_a_at	20525	Slc2a1	386.1±16.4	260.1±22.5	1355.3±27.3	55.5±48.7	1891.6±678.2	1442.8±99.2
1443579_s_at			17.6±1.6	40.3±2.7	37.1±3.5	13.3±1.2	36.6±11.8	40.8±5.2
1435140_at	15925	Ide	255.8±74.4	477.2±119	878.6±48.6	136.1±38.8	775.1±261.8	1581.8±153.8
1447260_at	69717	2410017117Rik	22±5.7	33±5.7	45.1±3.3	9.8±0.1	70.1±24	42.2±1.6
1422619_at	19012	Ppap2a	103.7±68.6	223.5±42.5	302.1±14.6	41.9±24.7	341.6±25.4	334.5±30.7
1428622_at	97998	Depdc6	60.9±5.8	139.7±19.8	130.2±1.8	41±16.6	132.9±24.8	132.5±31.2
1438468_at	347710; 347709	Pramel5; Pramel4	490.7±288.3	1197.6±279.9	1160.1±106.5	160.9±18	1491.4±520.2	587.8±150.3
1426358_at	216965	Taok1	105.1±12	258.5±52	155±9.1	69.5±4.9	195.9±26.2	120.2±28.2
1434599_a_at	21873	Tjp2	453.5±86.9	601.1±104.6	1670.1±271	157.6±85.6	1171.2±280.8	2469.4±220.4
1447898_s_at			284.5±40.7	754.3±87.4	613.6±102.7	132.6±73.6	499.8±119	563.9±77.2
1416721_s_at	67996	Sfrs6	258.8±3	783.4±40.5	561±163.5	97.1±46	480±130.3	720.4±197.9
1424652_at	232146	BC014699	305.5±3.7	744.3±83	406.3±76.8	184±78.2	457.5±11.4	572.4±50.8
1454973_at	54343	Atf7ip	36.6±2	66±13.9	78.9±10.7	19.1±2	53.3±17.5	155±3.9
1453104_at	26413	Mapk1	392.7±20.2	528.4±95	1029.1±151.2	128.3±39.3	640.6±197.6	1315.3±322.1
1436979_x_at	56275	Rbm14	2544.2±2.8	4526.8±529.2	3222.1±388.8	1471.5±179.9	3465.6±103.3	2193.7±8.2
1451318_a_at	17096	Lyn	112.3±40.8	171.4±36.8	203.9±49.2	28.9±6.5	165.1±9.2	214.9±43.1
1452094_at	18451	P4ha1	95±13.4	133.5±38.9	127.7±22.5	32.2±4.1	117.9±25.3	48.9±17.6
1444991_at			39.4±13.4	53.4±0.4	20.4±6.8	13.9±4.5	44.3±3.6	15.2±5.8
1437361_at	217122	A430060F13Rik	6777.4±1408.1	6414±335.7	6386.2±872.4	1930.3±701.4	7138.4±1439.7	3658.1±1088.1
1427347_s_at	22151; 73710	Tubb2a; Tubb2b	849.6±6.1	373.7±133.5	996.2±79.3	83.9±10	902.9±16.9	371.2±93.3
1418966_a_at	66686	DcblD1	265.1±91.9	214.6±45.2	134.9±43.3	61.1±16.6	249.4±28.8	107.9±5.8
1460646_at	13000	Csnk2a2	518.9±38.9	410.6±39.3	348.5±10.2	100.2±36.7	423.1±26.3	247.4±10.6
1420477_at	53605	Nap111	901.3±27.3	674±43.6	880.1±151.4	212±92.1	732.8±107.4	1581.9±21.2
1436531_at			352±63.6	574.4±47.6	299.6±58.6	129.7±34	286.6±16.6	203.7±8.7
1428433_at	15258	Hipk2	40.3±14	35.9±0.1	44.8±17.5	9.6±0.4	29.1±7.7	51.1±9.5
1455991_at	229905	Ccbl2	162.1±10.1	62.5±16.8	202.7±2.3	20.7±2.5	101.1±22.8	153.9±45.9

**Group 5**                      **3 genes (3 probe sets)**

Probe set ID	Entrez gene ID	Gene symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1427983_at	208968	Suhw3	162.5±43.7	13.9±1.6	76.6±12.3	148.1±25.5	41.5±0.7	94.2±3.9
1436048_at	102058	Exoc8	615.3±175.5	136.7±11.6	262.2±7.1	376.9±13.2	164.2±15.3	441.8±114.2

1451053_a_at	17245	Mdm1	21.5±3.5	6.7±0.4	9.3±2.8	42.9±7.1	6.5±0.3	9.6±4.9
--------------	-------	------	----------	---------	---------	----------	---------	---------

Group 6 58 genes (60 probe sets)

Probe set ID	Entrez gene ID	Gene symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1423286_at	12404	Cbln1	704.1±28.6	32.6±14.1	16.1±5.6	372.2±176	33.1±4.3	12.8±3.5
1435092_at	11861	Arl4a	325.7±13.2	29.2±13.3	16.2±0.4	254.2±67	20.7±0.6	17.9±8
1454867_at	433938; 634779	Mn1	209.9±42.5	18.9±8.1	13.3±0.3	231.6±197	14.1±3.2	8.8±0.2
1429671_at	71970	2410018M08Rik	245±16.3	35.8±5.9	19.4±0.1	206.6±4.7	19.8±12.6	14.5±4.5
1441098_at	240023	Pnlcd1	603.6±93.2	60.2±22.9	65.3±12.6	343.3±195.2	53.3±7.6	59.5±14.7
1425280_at	69757	Leng1	421.4±207.2	58.9±16.6	26.1±1.5	279.1±79.7	37.4±20.2	30.2±2
1423809_at	106795	Tcf19	311.8±12.8	56.5±23.4	45.7±10.2	226.6±13.4	27.8±0.5	93.5±7.2
1457279_at			491.2±35.6	48.6±14.5	55.2±0.5	391.4±141.3	44.1±8.9	18.1±0.1
1416490_at	66269	Tmed6	330.1±79.6	68.7±3.9	16.5±5.6	210.6±0	30.8±3.2	7.2±0.2
1437924_at	20658	Son	855.1±343.5	122.5±6.3	96.1±20.2	509.1±49.2	81.9±19.9	106.1±29.5
1425197_at	19255	Ptpn2	1386.2±129.6	410.1±131.4	95.1±13.5	1027.4±176.7	145.3±11.3	42.8±4.1
1424237_at	67778	Zfp639	1120.1±115.4	161.7±14.7	114.9±19.6	670±1.4	118.3±4	133.7±14.6
1458130_at			224.9±10.3	27.1±4.8	28±7.8	134±92	24.7±7.6	14.7±2.1
1437693_at	110957	D1Pas1	517.5±42.3	87.7±16.8	51.2±10.6	315.8±145.9	61.8±5.9	34.8±5.7
1433623_at			1254.2±26.7	306.6±112.6	226.5±36.1	791±22.6	152.1±60.8	93.8±14.4
1431429_a_at	11861	Arl4a	658.2±64	127.7±29.4	81.1±4.3	403±54.1	84.6±1.9	81.1±18.9
1421273_at	67296	Socs4	116.6±14.7	19.8±3.4	14.7±2.7	69.7±2.6	15.3±0.6	9.4±2.3
1421340_at	26408	Map3k5	107.6±10.3	16.8±6.1	15.7±5.7	64.8±19.9	14.5±6.3	11.2±0.6
1435556_at			391.3±251.7	58.7±18.3	71.5±1	280.9±43	53.2±11.1	63.9±20.1
1457672_at	109151	Chd9	132.4±18.2	11.1±1.8	25.4±0.6	95.3±72.3	18.4±3.8	17.6±0
1429667_at			533.3±206	74.2±5.4	40.1±2	392.1±55.9	78.4±48.9	45.6±13.2
1426832_at	236790	6330505F04Rik	174.9±9.2	37.8±6.5	45.4±7.3	244.4±37.2	26±1.4	53.5±6.7
1428742_at	268882	Fbxo45	285.6±89	44.8±18.7	26.3±5.1	223.2±23.9	43.9±16.3	32.6±1.1
1450026_a_at	53625	B3gnt1	198.5±9.6	25.1±6.9	41.3±7	181.7±40.3	31.1±1.8	32.5±4
1442099_at	76179	Usp31	60.1±33.1	10.8±0.4	12.6±1.1	128.8±13.2	9.4±5.6	9.4±2.4
1449668_s_at			1147±276.9	287.7±13.2	286.3±83.7	854.5±248.8	184.2±40.9	346.4±24.7
1456914_at			168±37.8	20.9±11.1	33±10.1	119.2±28	27±4.2	38.3±5.4
1451439_at	212547	BC027231	2040.2±60.4	677.8±11.8	278.8±49.4	1642.8±511.4	330.1±99.8	242.7±53.5
1425114_at	19647	Rbbp6	566.1±80.6	110.1±14.1	22.8±2.1	421.7±145.4	93.9±26.4	26.2±8.2
1426107_at	213389	Prdm9	49.2±8.9	8.9±2.5	9.5±0.3	34.9±14.9	8.7±1.5	9.1±1.1
1423475_at	94219	Cnm2	749±33.3	202±71.4	50.2±12.5	680.1±211.4	136.4±8.6	49±7
1423249_at	18087	Nktr	773.3±188.7	246.3±6.3	145.9±0.5	818.2±143.6	140.9±23.8	134.6±14.3
1435156_at	230967	BC046331	303.5±52.8	80.1±2.4	51.1±12	236.5±116.8	56.9±6.1	49.1±7.7
1417527_at	64933	Ap3m2	69.9±2	9.5±0.3	9.2±0.2	51.1±1.3	13.5±5.5	8.7±0.2
1426625_at	78834	Zfp623	794.4±23.5	120.7±33.8	191.3±32	530.3±88.6	153.3±28.9	137.4±4.7
1452330_a_at	74761	Mxra8	181.7±32.8	28.2±2	24.9±3.5	119.5±5.3	35.1±10.2	35.5±12.6
1454975_at			598.9±203.2	124.7±16.5	120.4±33.4	678.9±1.4	118.5±44.1	166±23.7
1417773_at	94181	Nans	920.2±214.1	209.5±23.8	138.7±26.9	565.8±1.4	186.9±70.6	200.7±57.3
1419301_at	14366	Fzd4	86.2±49.8	15.3±0.9	12.8±0.1	123.9±30	18±7.4	19.1±2.7
1449813_at	22693	Zfp30	46.8±16.7	9.2±1.4	8.8±0.9	35.3±14.6	10.2±1.2	8.3±0.8

1423539_at	18861	Pms2	358.2±32.1	86.5±12.8	83.6±11	245.7±44.7	81.6±27.2	98.9±7.5
1441045_at			182.1±2.3	34.1±7.8	28.5±14.8	177.3±48.7	42.2±12	46.2±12.8
1435366_at	233865	D430042O09Rik	38±2.9	11.4±4.3	12±1.2	25.9±4.2	9.2±0.6	12.4±2.4
1427879_at	69171	1810031K17Rik	2741.3±823.5	697.5±23.7	504.4±33.2	1950.6±796	666.3±114.3	395±90.2
1460673_at	14287	Fpgs	299.4±6.5	92.3±1.9	70.7±4	212.9±41.9	73.1±11	55.7±0.2
1435430_at	216131	Tmem1	1990.5±136.7	413.2±85.2	534.5±18.8	1369.2±179.8	501.1±51.3	625±12.5
1424175_at	21685	Tef	151.6±34.8	43.8±6.3	26.9±1.1	204.6±45.1	38.4±17.2	37.8±3.2
1424611_x_at	227682	Trub2	5223.2±258.2	1168.7±321.5	1308.3±471	4213.2±18.1	1343.3±501.2	768.7±271.6
1434405_at	216742	A730024A03Rik	289.4±36.1	88.7±44.2	80.9±28.9	323.5±11.2	74.6±16.7	76.4±1.6
1451553_at	11875	Art5	40.7±12.6	12.6±0.9	10.4±1.3	46.3±2.6	10.5±0.8	11.3±2
1445274_at			42.7±15.4	14.1±6.4	9.8±0.5	40.4±6.2	11±0.5	10.5±0.9
1456280_at	269582	Clspn	757.9±27.1	197.5±25.9	227.9±17.8	523.2±42.5	197±16.6	157.4±0.3
1451408_at	227682	Trub2	225.3±16	45.7±22.7	51±12.3	158.9±44	59.2±0.2	32.6±2.5
1420617_at	67579	Cpeb4	800.1±28.5	183.2±5.7	139.2±14.9	561.4±215.6	216.8±52.7	90.9±0.4
1455877_a_at			113.1±42.6	32.4±9.7	25.2±4.3	134.1±39.7	31.3±3.7	17.8±1.2
1423233_at	12609	Cebpd	55.6±25.5	11±2	6.7±0	53.9±14	15.6±5	9±1.1
1450292_a_at	67981	Hormad1	179.3±45.2	49.6±11.2	47.7±25.5	173.1±11.2	50.9±10.4	36.9±6.9
1417464_at	21925	Tnnc2	53±0.4	14.2±1.2	15.4±4.2	69.5±34.9	15.3±3.1	14.8±5.7
1444628_at	110751	Adam33	21.4±10.7	6.8±0	5.9±0.5	24.4±5.6	6.6±0.1	6.4±0.1
1455353_at	330401	Tmcc1	107.8±28.4	25.4±5.1	19±4.4	87±5	34.7±5.8	29.4±10.7

**Group 7** 6 genes (6 probe sets)

Probe set ID	Entrez Gene ID	Gene Symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1416316_at	26458	Slc27a2	768.4±98.8	218.3±99.1	32±8.6	372±142.3	459.6±216.6	82.4±60.6
1428776_at	75750	Slc10a6	378±2.3	210.1±50.1	39.8±31.2	328.4±33.8	225.4±0.2	71.2±35.5
1417649_at	12577	Cdkn1c	152.4±88.7	41.4±1.1	21.8±6	64.4±12.5	109.8±31.8	34.7±2
1455498_at	14765	Gpr50	84±20.9	48±1.8	12.6±5	68±32.3	50.5±14.5	11.6±1.4
1416590_a_at	19376	Rab34	109.7±0.8	78±5.4	20.6±1.9	183.6±48.5	77.3±27.8	17.5±6
1418355_at	53322	Nucb2	212.4±56.7	422.9±21.7	70.1±9.9	645.5±81.3	170.2±20.1	51.7±0.4

**Group 8** 115 genes (119 probe sets)

Probe set ID	Entrez gene ID	Gene symbol	cont.1.5 (n=2)	cont.2.5 (n=2)	cont.3.5 (n=2)	u2.5 (n=2)	u3.5 (n=2)	u4.5 (n=2)
1434881_s_at	239217	Kctd12	30.8±5.5	10.3±0.2	7.1±1.7	32.9±13.8	6.6±0.1	7.1±0.9
1450071_at	192195	Ash1l	343.4±1.7	121.4±15.7	122.1±6.5	374±194.1	89.6±12	118±29.8
1455999_at	105594	C330003B14Rik	857±102.1	303.6±55.1	93.8±46.5	1013.8±71.2	163.6±50.4	15.3±0
1441753_at			24.6±5.4	8.4±0.4	16.1±0.6	28.4±1.2	9.2±4.6	28.3±5.6
1435742_at	68734	1110034C04Rik	224.1±34.6	89.8±1	38.9±0.8	272.3±12.7	56.1±13.6	41.4±1.7
1419234_at	117599	Helb	47.7±9.1	17.5±3.4	19.5±5.4	57.4±21.6	17.2±1.1	13.7±2.3
1439979_at			35.4±14.1	12.2±0.3	13.5±3	41.9±5.7	15.3±1.1	14.4±1.8
1419165_at	26466; 635007	Zfp260	197.1±82.6	70.8±11.4	79.3±5	237.3±27.9	83.5±2	47.7±7.5
1436495_s_at	26466	Zfp260	187.5±69.4	75.4±19.6	82.7±19.6	227.8±38.9	91±3.2	67.2±0.4
1428731_at	78787	Usp54	332.8±67.8	145.4±18.1	48.6±8.2	455.2±80.3	57.8±0	36.9±7.5
1460453_at	72536	Tagap1	244.3±40.4	97±4.1	84.5±3.3	316.5±82.4	107.4±16.2	86.2±31.3

1424446_at	276905	Armc7	163.1±53.1	61.9±6.6	44.7±5.3	226.1±2.1	53.2±7.7	39.8±10.9
1460722_at	223920	Soat2	19.1±10.4	7.4±0.4	6.4±0.6	28.2±4.6	6.9±0.1	6±0.7
1431031_at	94246	Arid4b	15.1±2.2	7.2±0.2	6.6±1.1	22.4±12.5	6.4±0	6.2±0.1
1430318_at	69215	Sat2	245.4±49.7	90.1±33.6	36.3±1.8	435.2±198.5	41±7.3	29.4±8.7
1456904_at			17±4.1	6.4±0.9	10.2±0.3	23.2±4.7	10.5±0	9.9±0.6
1454798_at			48.1±10.6	24±1.5	24.3±9.5	72.1±16.4	24.6±4.8	19.4±0.2
1419569_a_at	57444	lsg20	25.8±6	10.4±0	8.8±0.2	40.9±1.4	11.1±2.3	9.4±0.3
1423083_at	19338	Rab33b	306.7±12.6	119.8±33.5	163.6±35.4	485.9±59.9	140.1±41.6	164±20.7
1417190_at	59027	Pbef1	365.6±130	186.5±16.2	179±39.6	633.6±272.8	123.6±19.6	162.3±18.4
1429125_at	474156	Zbtb9	257.7±86.8	105.4±0.8	156.3±0.3	355.3±44.3	173.3±12.6	126.7±16.4
1417316_at	66834	Them2	252.4±16.1	97.5±8.6	88.8±16.4	393.6±74.6	137.1±57.4	229.5±53.8
1420061_s_at	100552	AA675344	27±0.2	14±1.8	11.4±0.9	44.8±2.7	13±3.7	12.1±1.7
1424570_at	212880	Ddx46	79.2±6.2	33.4±10.5	29.9±3.1	129.2±16.4	42.5±19.2	19.6±5.7
1449050_at	19687	Recc1	624.6±302	344.1±36.3	367.7±50.2	1054.6±14.8	328.2±30.7	241.1±3.3
1439189_at	329679	D630023B12Rik	132.4±32.2	56.3±17	55.3±9.2	247.7±6.3	57.7±18.7	58.1±29.7
1440914_s_at			646.9±74.2	351.5±17.8	77.8±7	1579.5±293.8	64±5.2	39.4±5.4
1456915_at			45.8±22.9	28.8±2.8	17.7±2.5	89.3±0.4	19.1±4.9	21.7±0.7
1418170_a_at	142682	Zcchc14	49.9±24.3	17.9±1.7	16.4±0.8	90.1±34.4	27±6.8	21.9±1.4
1430222_at			20.9±2.6	11±4	11.6±1.9	39.3±7.4	10.6±0.1	7.6±0.5
1447432_s_at			516.8±74.7	275.9±31.2	309.4±26.8	962.9±288.2	273.7±47.1	329.8±52.4
1450184_s_at	21685	Tef	18.8±0.3	10.1±1.8	10.3±0.3	35.1±2.7	10.3±0	10.4±0.5
1455567_at			71.8±15.3	45.1±6.7	21.8±2.3	175.6±52.6	22.8±10.6	27.4±0.5
1429795_at	69291	1700001L05Rik	50.3±12.2	28±10	14.4±1.2	115.5±62.6	23.1±4	21.7±2.7
1434724_at	76179	Usp31	72.1±22.7	54.7±3.2	31.1±7	173.1±26.2	31.1±6	21.1±1.4
1418109_at	14853	Gspt2	131.5±22.3	69±4.4	97.5±18.7	227.5±27.9	93.1±16.4	62.8±7.8
1438944_at			33.2±13.9	13.7±1	12.4±2	82.2±19.7	14.5±2.4	10.5±3
1453195_at	68112	Sdccag3	28.6±1.8	20±6.4	18.7±1	64.6±13.8	16.3±1.5	16.3±2.5
1426979_at	208104	Mlxip	95.8±19.7	79±21.4	24.2±1.3	267±43.2	41.2±4	65±1.5
1457302_at			120.2±10.1	69±12.2	65.3±6.7	250.9±36.5	79.4±17.3	47.2±16.4
1438575_a_at	72997	2900056M20Rik	22.2±4.5	15.2±0.8	11±1.3	51.1±17.9	13.7±4.2	11.8±1.2
1448706_at	56196	Ttrap	791.1±98.9	448±100	369.6±67.4	1934.8±227.9	457.8±26.1	616.3±304.9
1446737_a_at			34.5±0.9	22.1±4.4	38±6.8	68.1±16.8	24.9±0.8	57.1±5.4
1422787_at	56299	Fkbpl	91.4±30	52.8±7.3	31.2±7.6	293±123.4	35.9±3	18.6±2.1
1454835_at	77781	Epm2aip1	52.4±6.5	17.7±4.2	22.4±1.3	175.2±13	20±11.9	20.3±0.1
1449773_s_at	17873	Gadd45b	194.4±61.4	69.9±9.7	44.1±15.5	574.9±61.6	97.7±15.3	44±14.5
1452919_a_at	67078	1700012G19Rik	925.8±21.7	692.5±28.3	669.9±26	2255.2±86.6	604.2±114.9	462.8±22
1448257_at	13340	Slc29a2	17.4±2.3	14.8±5.6	8.3±0.8	51.5±28.2	9.4±0.8	6.9±0.2
1418868_at	13799	En2	22.9±12.4	14.7±0.1	10±1.9	72.1±8.3	11.8±0.2	15.5±4.9
1447336_at			16.7±6.9	11.4±2.2	8.7±0.3	41.5±9.5	11±0.9	10.4±1.1
1427344_s_at	75141	Rasd2	20.6±6	7.1±2.1	6.8±1.9	84.4±2.7	7±2.1	6.3±1.6
1418100_at	80515	A030009H04Rik	42±8.4	24.7±5.2	14.5±0	129.2±72.2	24±11.6	15.5±0.7
1438740_at	18108	Nmt2	181.5±44.2	106.4±17.9	120.9±26.8	359.3±69.9	146.6±25.7	123.1±26.3
1416598_at	83396	Glis2	92.9±1.8	118.6±9.4	18.3±0.2	396.7±162.7	33.7±10	16±4
1438256_at			94.2±60.3	61.9±7.3	32.7±21.8	422.1±32.1	46±0.6	18.4±2
1443842_at	99371	Arfgef2	9.2±0.5	7.2±0.2	6.6±0.6	27.7±10.2	6.6±0.4	7.1±0

1445368_at			51.4±1	54.5±3.3	29.3±12.2	196.2±47	34.8±2.7	25±6.8
1443691_at			7.3±0.2	6.2±0.2	5.9±0.3	19.2±4.4	6±0.2	5.9±0.1
1428970_at	72117	Mak3	1112.6±68.8	1019.9±237.7	824.5±118.8	3669.3±672.5	828.9±52.5	513.8±250.2
1423835_at	218820	Zfp503	26.4±4.5	29.5±7.6	15.9±3.4	94.1±13.3	21.9±2.9	17.8±4.8
1455638_at	79233	Zfp319	34.8±21.2	26.9±1.9	14.7±2.8	110.4±32.1	30.2±4.9	10.7±1.2
1419639_at	13642	Efnb2	539.7±98.8	287.7±70.8	673.5±172	1206.3±243.5	501.1±65.1	2381.1±189.9
1425163_at	224833	Al661453	229.8±27	299±60	152.6±5.8	1064.5±97.6	182.2±12	193.8±62.4
1440074_at			12.7±1.2	20.9±9.6	7.7±0.3	70.2±21.8	10.2±0	7.4±1.1
1429800_at	77124	9130221H12Rik	18.1±4.4	23.9±3.2	24.1±10.4	96.7±14.1	15.9±5.8	40.9±1.9
1425779_a_at	21380	Tbx1	7.2±1.7	6.9±1.4	5.3±0.3	31.5±18.3	6.6±1	5.1±0.8
1424419_at	223664	Lrrc14	41.8±9.5	36.5±5.5	49.9±2.3	115.9±30.1	40±9.3	52.3±0.8
1435768_at	94246	Arid4b	109.2±19.3	137.7±28.6	124.3±37.7	440.8±89.2	104.8±6.6	98.6±4.4
1416149_at	50914	Olig1	5.6±0.2	5.6±0.1	5.4±0	18.8±0.5	5.5±0	5.7±0.3
1438211_s_at	13170	Dbp	56.9±10.6	42.1±37	39.3±6.2	573.7±88	52.9±25.2	39.2±13.7
1427683_at	13654	Egr2	9.4±0.8	9.1±0.3	8±0.5	101.4±58.5	8.7±0.8	8±0.8
1417363_at	22719	Zfp61	21±2	18.6±4.7	28.9±3.1	63.1±8.6	20.7±1.8	42.1±10.5
1445361_at			13.7±1.3	10.1±1.1	9±0.7	46.9±3.7	13.6±3.8	10.4±3.6
1419135_at	16994	Ltb	19.5±3.4	24.5±2.1	10.3±1.3	298.5±284.1	19±0.3	9.2±2.5
1453125_at	20666	Sox11	6.3±0.1	9.5±4.3	6±0.2	35.5±3.3	6.3±0.1	6±0
1440256_at			9±0.3	10.9±1	10.2±0	430.8±244.3	10.3±2	8.7±0.2
1418290_a_at	14055	Ezh1	10.5±1	8.2±0.1	12.9±2.7	36.5±5.3	10.7±2.6	11.1±0.1
1456901_at			7.2±0.2	8.9±1.7	6.5±0	56.9±21	7.6±0.7	7.1±0.2
1434569_at	231151	AA474455	64.9±16.1	61.9±18.1	87.1±30.6	201±0.3	66.5±4.2	87.6±4.8
1447933_at	238403	Kif26a	12.1±1	12.7±2.4	18.6±3.6	180.8±135.5	14.3±1.2	13.2±0
1420585_a_at	83454	Nxf2	20.6±8.9	56.2±6.7	13±0.3	345.1±67.2	25.2±6.7	9.5±2.6
1419340_at	83456	Mov10l1	56.2±8.7	53.6±3.6	103.5±17	280.9±5.9	60.4±16.7	61±17.5
1455626_at			7.1±0.6	6.9±0.1	5.8±0	29.7±10.4	7.5±1.8	5.8±0.1
1429976_at	76499	Clasp2	10.6±0.6	17.3±6.4	10.6±0.7	97.9±1.8	12.7±6.5	13.4±5.9
1418174_at	13170	Dbp	9.6±1.2	9.1±0.2	10.3±2	43.1±19.4	10.4±2.7	8.5±0.3
1426470_at	21374	Tbp	6.2±0.4	6.2±0.1	5.7±0.1	19.9±1.3	6.5±2.7	5.8±0.2
1439381_x_at	277010	Marveld1	29.3±3.8	28.1±0.1	17.8±4	146.2±23	32.4±10	17.9±4.2
1456140_at	624168		11.8±4.4	18.1±5.1	18.2±1.4	143.7±6.9	16.1±4.2	23.8±7.1
1426420_at	74213	1700009P03Rik	30±6.2	17.2±1.7	34±5.8	74.2±5.3	31.6±4	21.9±8.1
1453851_a_at	23882	Gadd45g	14.8±1.8	10.5±0.4	42.3±18.2	355±309.7	27.4±2.4	136±9.4
1418517_at	16373	Irx3	6.1±0.4	8.5±1.4	8±0	28.1±14	7±2.1	18±2.1
1437305_at	228491	6430601A21Rik	58±11.2	65.9±6.1	49.2±10.5	249.1±76.1	66.6±0.7	24.4±13
1435117_a_at	217378	C330021A05Rik	6.4±0.7	10.2±2.7	8.3±0.1	35.3±11.1	7.7±0.5	11.7±2.3
1448877_at	13392	Dlx2	8.1±0.3	8.7±0.4	7.9±0.7	37.3±12.9	9.5±2.7	6.2±0.8
1448698_at	12443	Ccnd1	9.7±0.3	9.8±2.6	6.8±0.1	46.9±2.7	11.5±6.4	6.2±0.9
1425736_at	12493	Cd37	7.1±0.2	7.5±0.2	7.7±0.7	23.3±9.7	8.2±1.4	9±0.8
1460624_at	109045	6330564D18Rik	18.3±7.2	35.1±0.4	56.2±15.2	194±88.5	30.1±17.7	67±3.9
1434335_at	239667	Al317237	227.1±96.1	153±21.7	333.7±15.3	783.9±93.5	265.1±45.6	441.6±75.9
1442035_at			7.9±0.3	9.1±0.8	8±0.3	35.6±14.6	9.8±3.1	8.2±0
1437884_at			75.5±6.3	115.6±25.8	101.2±16.7	363.5±199	98±0.8	86.8±0
1433946_at	22775	Zik1	7.4±0.2	10.9±0.6	23.9±12.6	56.5±4.2	12.2±5	11.9±4

1434866_x_at	12894	Cpt1a	156.3±31.3	130.1±18.9	487.4±155.3	503.6±163	192.4±24.7	459.1±28.5
1431265_at			10.7±1.2	15.2±1.8	10.1±0.7	65.9±16.3	17±7.8	11.5±2.8
1447788_s_at			4.9±0.1	5.5±0.3	6.3±2.1	48.6±21.1	10.1±7.2	9.8±2.2
1438719_at			12.9±0.7	22.2±0.5	16±0.3	67.6±35.7	19.8±4	16.3±0.4
1435880_at	99696	Ankrd50	34.7±13.2	31.6±2.9	53.5±4.4	156.6±21.6	50.4±12.2	68.5±9.8
1460073_at			6.4±0.7	6.5±0	6.5±0.3	24.9±3.4	8.9±2.4	6±0.6
1428334_at	14628	Ostm1	295.4±28	312±15.9	501.2±64.1	1766.9±414.4	494.5±144.7	334.9±8.9
1427114_at	72795	Ttc19	113.1±13.5	151.9±18.3	169.6±5.4	525.8±105.5	169.6±22.5	130.6±47.4
1426421_s_at	74213	1700009P03Rik	120.3±7	101.7±20.1	153.9±1.4	379.2±6.4	156.4±14.9	99.7±3
1460483_at			7.7±0.2	14.6±3.3	31.7±1.7	84.4±1.1	18.8±7.2	18.8±6.4
1427074_at	245867	Pcmt2	13.4±5.3	19±2.7	35.7±5.9	77.2±33.4	23.5±6.7	45±1.4
1444177_at			11.8±4.2	14.7±0.6	20.3±4.6	72±4.8	22.6±2.9	11±1.1
1435227_at			6.9±0.2	12.5±0.8	18.1±3.7	46.3±15.5	14±6.1	9.5±3.6
1425576_at	229709	Ahcyl1	38.6±2.7	109.1±4.3	117.8±8.3	364.3±79.3	105.1±19.7	54.5±0.4
1437287_at	68646	1110020G09Rik	7.7±3.5	28.6±4.9	35.4±2.2	116.3±28.3	31.3±18.2	36.9±5
1422092_at	18640	Pfkfb2	6.9±0.1	15.2±7.1	7.3±1.4	52.7±3.1	17.7±3.4	6.4±1.2
1427918_a_at	104215	Rhoq	13.7±2.1	17.1±4.9	51.1±3.7	112.5±30.8	38.6±1.9	49.4±1.9
1435538_at	68364	0610030E20Rik	101.8±5.6	239.1±58.2	314.8±55.1	736.9±155.2	295.2±47.7	358.1±71.6

The values represent the mean of signal log ratio (log<sub>2</sub>-fold change)±s.d.