

ENSMUS0000	MeanTPM (HG)	MeanTPM (NG)	log2 Fold Change	p Value	q Value	result	GeneID	GeneName	GeneDescription	GO	KEGG	KOG
ENSMUS0000	0.01	6.04	9.2	5.3E-05	0.000393	down	ENSMU0028487	Bnc2	basonuclin 2 [Source:MGI Symbol;Acc:MGI:2443805]	GO:0046872;GO:0005634;GO:0003676;GO:0005829;GO:0006355;GO:0005886;GO:0006351;GO:0003677;GO:0060021;GO:0043586;GO:0060485;GO:003416;GO:0008270	-	-

1  
7  
5  
7  
5  
7  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
0  
2  
1  
4  
2  
1  
7

9.  
0  
3.  
2  
5  
6  
6  
7  
-  
1.  
4  
8  
4  
9  
2.5  
5E  
-  
05  
0.  
0  
0  
2  
2  
1  
4

do  
wn  
ENSMU  
SG0000  
003217  
8  
Ilf3

interleukin  
enhancer binding  
factor 3  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:13  
39973]

GO:0003677;GO:0005  
634;GO:0005654;GO:  
0005737;GO:0006355  
;GO:0003723;GO:005  
1607;GO:0016020;GO  
:0006351;GO:004589  
3;GO:0005730;GO:00  
05739;GO:0030529;G  
O:0045892;GO:00037  
25;GO:0006479;GO:0  
017148;GO:0006468;  
GO:0045071

KOG3792-  
Transcription  
factor NFAT,  
subunit NF90[R]

ENSMUSTO000139902ENSMTU0

1 1. 3.  
 4. 3 6  
 7 5. 9 6.2 8  
 8 6 7 9E 8  
 3 1 8 - -  
 3 9 12 0  
 3 9 9

ENSMU  
 SG0000  
 003896  
 3

Slco4a1

up

ENSMU  
 SG0000  
 002948  
 4

Anxa3

do  
 wn

solute carrier  
 organic anion  
 transporter family,  
 member 4a1  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:13  
 51866]

annexin A3  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:12  
 01378]

GO:0016020;GO:0016  
 021;GO:0005886;GO:  
 0005215;GO:0006810  
 ;GO:0006811;GO:000  
 5887;GO:0008514;GO  
 :0015711

GO:0005509;GO:0005  
 544;GO:0004859;GO:  
 0043086;GO:0005829  
 ;GO:0005737;GO:000  
 5886;GO:0016020;GO  
 :0070062;GO:004274  
 2;GO:0051091;GO:00  
 06909;GO:0045766;G

-

-

KOG3626-  
 Organic  
 anion  
 transporter[  
 Q]

KOG081  
 9-  
 Annexin[  
 U]

0  
0  
0  
0  
1  
9  
9  
3  
9  
0  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
3  
6  
5

	1.	1.		1.
	7	5		9
5.	1	5	1.7	0
0	0	3	0	5E
0	2	3	8	-
0		3	8	14
0		3	2	1

ENSMU  
SG0000  
000164  
2

Akr1b3

aldo-keto  
reductase family 1,  
member B3 (aldose  
reductase)  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:13  
53494]

O:0010595;GO:00425  
81;GO:0048306;GO:0  
019834;GO:0021766;  
GO:0031100;GO:0043  
312;GO:0051054;GO:  
0051384;GO:0070848  
;GO:0030424;GO:003  
0425;GO:0030670;GO  
:0043025

GO:0005654;GO:0005  
829;GO:0005737;GO:  
0055114;GO:0016491  
;GO:0070062;GO:004  
3066;GO:0072001;GO  
:0004032;GO:004379  
5;GO:0001894;GO:00  
03091;GO:0005996;G  
O:0006061;GO:00094  
14;GO:0010033;GO:0  
018931;GO:0031098;  
GO:0035809;GO:0042  
415;GO:0044597;GO:  
0044598;GO:0046427  
;GO:0048661;GO:006  
0135;GO:0070301;GO

K00011-  
ko00040  
Pentose and  
glucuronate  
interconversio  
ns;ko00051  
Fructose and  
mannose  
metabolism;k  
o00052  
Galactose  
metabolism;k  
o00561  
Glycerolipid  
metabolism

KOG1577-  
Aldo/keto  
reductase  
family  
proteins[R]

5  
9  
  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
3  
7  
1  
8  
7

7. 3. 1. 1.  
5 2 2 0  
8 5 1 2.3 7  
3 6 9 6E E up  
3 6 4 - -  
3 6 3 10 0  
3 7 6 7

ENSMU  
SG0000  
001857  
4  
  
Acadvl

acyl-Coenzyme A  
dehydrogenase,  
very long chain  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:89  
5149]

:0072061;GO:009706  
6;GO:0097238;GO:19  
01653;GO:0005615;G  
O:0032838;GO:00330  
10;GO:0042629;GO:0  
043220;GO:0048471;  
GO:0097454

GO:0016020;GO:0005  
634;GO:0005829;GO:  
0055114;GO:0016491  
;GO:0050660;GO:000  
8152;GO:0009409;GO  
:0006629;GO:000399  
5;GO:0016627;GO:00  
05739;GO:0005743;G  
O:0005730;GO:00066  
31;GO:0009062;GO:0  
001659;GO:0042645;  
GO:0033539;GO:0030  
855;GO:0045717;GO:  
0046322;GO:0090181

K09479-  
ko01212 Fatty  
acid  
metabolism;k  
o00071 Fatty  
acid  
degradation

KOG0137-Very-  
long-chain acyl-  
CoA  
dehydrogenase[  
]

ENSMUSU  
STO  
00001  
28519  
ENSMUSU  
STO

3 4. 2. 0.  
1. 2 8 0  
8 7 9 0.0  
2 6 5 00  
6 6 6 14  
6 6 7 3  
7 7 7 5  
  
0. 4. 1.  
6 3 2  
1 8 2 4.7  
3. 6 6 4E  
7 6 8 -  
8 6 2 23  
7 2 9

up

ENSMU  
SG0000  
005979  
6

Eif4a1

eukaryotic  
translation initiation  
factor 4A1  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:95  
303]

GO:0005524;GO:0016  
787;GO:0003676;GO:  
0005737;GO:0000166  
;GO:0003723;GO:001  
6020;GO:0070062;GO  
:0031012;GO:000641  
2;GO:0003743;GO:00  
06413;GO:0003725;G  
O:0004386;GO:00055  
15;GO:0004004;GO:0  
010501;GO:0010468

K03257-  
ko03013 RNA  
transport

KOG0327-Translation  
initiation factor 4F,  
helicase subunit (eIF-4A)  
and related helicases[J]

up

ENSMU  
SG0000  
009776  
9

Snhg4

small nucleolar RNA  
host gene 4  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:49  
37091]

-

-

-

0  
0  
0  
0  
1  
8  
5  
6  
5  
0  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
2  
2  
2  
5

5. - 0.  
5 1 1. 0  
5 3. 2 3.1 0  
6 2 4 8E 0 do  
6 1 9 - 4 wn  
6 3 06 0  
0 7 4 6

ENSMU  
SG0000  
002124  
8

Tmed10

transmembrane  
p24 trafficking  
protein 10  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:19  
15831]

GO:0016020;GO:0016  
021;GO:0005794;GO:  
0005886;GO:0006810  
;GO:0015031;GO:003  
1410;GO:0070062;GO  
:0005783;GO:000578  
9;GO:0033116;GO:00  
00139;GO:0006886;G  
O:0007030;GO:00161  
92;GO:0005793;GO:0  
042470;GO:0019905;  
GO:1902003;GO:0030  
658;GO:0006890;GO:  
0070765;GO:0030667  
;GO:0030140;GO:003  
2403;GO:0001822;GO

KOG1691-  
emp24/gp25L/p24  
family of membrane  
trafficking  
proteins[U]

2  
9

:0035964;GO:004327  
9;GO:0045055;GO:00  
48199;GO:0051259;G  
O:0005801;GO:00301  
37;GO:0042589;GO:0  
043231

E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
4  
1  
2  
8  
5

1 - 0.  
9. 1. 0  
1 4 6.3 0  
6. 4 7 9E 4 do  
9 3 2 - 5 wn  
3 1 05 4  
3 7 4

ENSMU  
SG0000  
002739  
7

Slc20a1

solute carrier family  
20, member 1  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:10  
8392]

GO:0016020;GO:0016  
021;GO:0006810;GO:  
0005886;GO:0035725  
;GO:0007165;GO:001  
5293;GO:0055085;GO  
:0005315;GO:000681  
7;GO:0004871;GO:00  
43123;GO:0035435;G  
O:0005316;GO:00068  
14

KOG2493-  
Na+/Pi  
symporter[  
P]



ENSMUSUT0000201176

2 9.1 9.5 0.3  
4.7 9.2E-06 up  
4 9.8 05 2  
4 6 5

ENSMU  
SG0000  
003485  
5  
Cxcl10

chemokine (C-X-C  
motif) ligand 10  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:13  
52450]

GO:0005576;GO:0006 K12671-  
955;GO:0005615;GO: ko04668 TNF  
0009897;GO:0008201 signaling  
;GO:0007186;GO:000 pathway;ko04  
5125;GO:0006952;GO 060 Cytokine-  
:0005623;GO:007122 cytokine  
2;GO:0006935;GO:00 receptor  
08009;GO:0006954;G interaction;ko  
O:0051607;GO:00421 04620 Toll-  
27;GO:0032496;GO:0 like receptor  
045662;GO:0070098; signaling  
GO:2000406;GO:0048 pathway;ko04  
248;GO:0002690;GO: 622 RIG-I-like -  
0051281;GO:0090026 receptor  
;GO:0030816;GO:004 signaling  
3950;GO:0042118;GO pathway;ko04  
:0008284;GO:000940 623 Cytosolic  
9;GO:0009615;GO:00 DNA-sensing  
10332;GO:0010818;G pathway;ko04  
O:0010819;GO:00109 062  
96;GO:0016525;GO:0 Chemokine  
030335;GO:0033280; signaling  
GO:0034605;GO:1901 pathway;ko05  
509;GO:1901740;GO: 164 Influenza  
0060326 A

ENSMUSTO000148239ENSUMUSTO

1 - 0.  
 8. 2. 0  
 2. 9 8 7.9 0  
 6 9 3 2E 0  
 6 6 6 - 8  
 0 6 2 06 6  
 1 7 5 2  
 7. 3. 1. 3.  
 7 7 0 2  
 1 7 3 3.0 1  
 3 6 0 7E 1  
 3 6 2 - -  
 3 6 4 14 1  
 3 7 1 1

do  
wn  
 ENSMU  
SG0000  
003354  
3

Gtf2a2

general  
 transcription factor  
 II A, 2 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:19  
 33289]

GO:0005634;GO:0005  
 654;GO:0006355;GO:  
 0042803;GO:0046982  
 ;GO:0045944;GO:000  
 6351;GO:0030054;GO  
 :0006367;GO:000813  
 4;GO:0051091;GO:00  
 03713;GO:0005672;G  
 O:0006366;GO:00056  
 69;GO:0001103;GO:0  
 017025;GO:0051123

K03123-  
 ko03022 Basal  
 transcription  
 factors;ko052  
 03 Viral  
 carcinogenesi  
 s

KOG3463-  
 Transcription  
 initiation factor IIA,  
 gamma subunit[K]

up  
 ENSMU  
SG0000  
002965  
7

Hsph1

heat shock  
 105kDa/110kDa  
 protein 1  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:10  
 5053]

GO:0005634;GO:0005  
 654;GO:0005829;GO:  
 0005515;GO:0005737  
 ;GO:0000166;GO:000  
 5524;GO:0045944;GO  
 :0070062;GO:000557  
 6;GO:0006898;GO:00  
 51085;GO:2001234;G

K09485-  
 ko04141  
 Protein  
 processing in  
 endoplasmic  
 reticulum

KOG0103-Molecular  
 chaperones  
 HSP105/HSP110/SSE1,  
 HSP70 superfamily[O]

0  
0  
0  
0  
2  
0  
1  
4  
3  
1  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
6  
8  
1

0. 8. - 0.  
3 3 4. 0  
1 4 7 6.5 0  
6 6 2 6E 4 do  
6 6 0 - 6 wn  
6 6 1 05 3  
7 7 6 7

ENSMU  
SG0000  
001370  
1

Timm23

translocase of inner  
mitochondrial  
membrane 23  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:18  
58317]

O:0061098;GO:19037  
48;GO:0006986;GO:0  
043524;GO:1903753;  
GO:0000774;GO:0005  
874;GO:0043014;GO:  
0045345;GO:0051135  
;GO:0070507;GO:190  
3751

GO:0016020;GO:0016  
021;GO:0006810;GO:  
0015031;GO:0006886  
;GO:0005739;GO:000  
5743;GO:0005744;GO  
:0015450;GO:007180  
6

K17794-  
ko04212  
Longevity  
regulating  
pathway -  
worm

KOG3324-  
Mitochondrial import  
inner membrane  
translocase, subunit  
TIM23[U]

3  
9  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
3  
9  
2  
7  
7  
E  
N  
S  
M  
U  
S

0. - 0.  
0 3 1 0  
0 2 3 0.0 0  
0 3 9. 7 00 7  
0 3 8 7 11 0  
0 3 2 3 4 3  
0 3 9 5  
  
1 1. 0.  
5. 7. 0 7.8 0  
1 4 2 6E 0  
4 2 9 - 5  
3 1 05 3

do  
wn  
  
  
  
  
  
  
up

ENSMU  
SG0000  
002295  
6  
  
  
  
  
  
  
ENSMU  
SG0000  
003951  
5

Atp5o  
  
  
  
  
  
  
Ptpa

ATP synthase, H+  
transporting,  
mitochondrial F1  
complex, O subunit  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:10  
6341]  
  
  
  
  
  
  
protein  
phosphatase 2  
protein activator  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:13  
46006]

GO:0015986;GO:0099  
132;GO:0046933;GO:  
0016020;GO:0005634  
;GO:0006810;GO:000  
6811;GO:0005886;GO  
:0070062;GO:003101  
2;GO:0015992;GO:00  
05739;GO:0005743;G  
O:0006754;GO:00081  
44;GO:0016887;GO:0  
043209;GO:0005753;  
GO:0042776;GO:0005  
496;GO:0032403;GO:  
0046034;GO:0000276  
  
  
  
  
  
  
GO:0005634;GO:0005  
654;GO:0005737;GO:  
0000166;GO:0005524  
;GO:0003755;GO:001  
6853;GO:0042803;GO  
:0070062;GO:003470

K02137-  
ko00190  
Oxidative  
phosphorylati  
on;ko05010  
Alzheimer's  
disease;ko050  
12 Parkinson's  
disease;ko050  
16  
Huntington's  
disease

KOG1662-  
Mitochondrial F1F0-  
ATP synthase,  
subunit  
OSCP/ATP5[C]  
  
  
  
  
  
  
KOG2867-  
Phosphotyrosyl  
phosphatase  
activator[DT]

T 3 9 2  
 0 3 2 7  
 0  
 0  
 0  
 1  
 2  
 5  
 7  
 4  
 3  
 E  
 N  
 S  
 M  
 U 1 2. 2.  
 S 9. 8 3.6 7  
 T 2 3 3E 6  
 0 5 2. 4 3E E up  
 0 6 7 3 - -  
 0 6 2 28 2  
 0 7 7 4  
 0  
 0  
 2  
 0

ENSMU  
 SG0000  
 002947  
 2

Anapc5

anaphase-  
 promoting complex  
 subunit 5  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:19  
 29722]

4;GO:0000413;GO:00  
 19211;GO:0005102;G  
 O:0000159;GO:00430  
 65;GO:0016887;GO:0  
 051721;GO:0035307;  
 GO:0043666;GO:0032  
 516;GO:0032515;GO:  
 0035308;GO:0008160  
 ;GO:0019888;GO:003  
 0472;GO:0043085

GO:0005634;GO:0016  
 567;GO:0007049;GO:  
 0051301;GO:0019903  
 ;GO:0070979;GO:000  
 5680

K03352-  
 ko04120  
 Ubiquitin  
 mediated  
 proteolysis;ko  
 04110 Cell  
 cycle;ko04111  
 Cell cycle -  
 yeast;ko04113  
 Meiosis -  
 yeast;ko04114  
 Oocyte  
 meiosis;ko049  
 14

KOG4322-  
 Anaphase-  
 promoting complex  
 (APC), subunit  
 5[DO]

0  
2  
1  
9  
  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
4  
8  
1  
1  
1  
9

2. 7. - 0.  
8 7 1. 0  
0 1 0 4 0.0 0  
0 3 6 5 00 9  
0 3 6 3 15 0  
0 3 6 8 8 5  
0 3 7 3 9

do ENSMU  
wn SG0000 Setd3  
005677  
0

SET domain  
containing 3  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:12  
89184]

GO:0016740;GO:0005  
634;GO:0006355;GO:  
0045944;GO:0006351  
;GO:0016569;GO:000  
8168;GO:0018024;GO  
:0032259;GO:000371  
3;GO:0000790;GO:00  
45893;GO:0001102;G  
O:0042800;GO:00515  
68;GO:0046975;GO:0  
010452;GO:0018022;  
GO:0018023;GO:0018  
026;GO:0018027;GO:  
0051149

Progesterone  
-mediated  
oocyte  
maturation;ko  
05166 HTLV-I  
infection

KOG1337-  
N-  
methyltrans  
ferase[R]

ENSMUST0000146759

0.681.26E-05  
2.806E-03

0.0013

ENSMU  
SG0000  
005711  
3

Npm1

nucleophosmin 1  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:10  
6184]

GO:0003677;GO:0005  
634;GO:0003676;GO:  
0005654;GO:0043234  
;GO:0005829;GO:000  
5515;GO:0005737;GO  
:0006366;GO:000372  
3;GO:0005925;GO:00  
42803;GO:0046982;G  
O:0051260;GO:00459  
44;GO:0016020;GO:0  
006281;GO:0005856;  
GO:0045893;GO:0005  
730;GO:0010629;GO:  
0019901;GO:0043066  
;GO:0016607;GO:004  
2393;GO:0006334;GO  
:0045860;GO:003052  
9;GO:0005813;GO:00  
08285;GO:0005815;G  
O:0033613;GO:00037  
13;GO:0008284;GO:0  
045727;GO:0050821;  
GO:0031647;GO:0001  
047;GO:0034644;GO:  
0051259;GO:0010824  
;GO:0046599;GO:000

7569;GO:0047485;GO  
:0008104;GO:005109  
2;GO:0031398;GO:00  
51059;GO:0051726;G  
O:0051082;GO:00011  
05;GO:0016049;GO:0  
031616;GO:0042273;  
GO:0004860;GO:1904  
751;GO:0048025;GO:  
0043023;GO:0006884  
;GO:0032993;GO:001  
0608;GO:0042274;GO  
:0015935;GO:004302  
4;GO:0031328;GO:00  
01652;GO:0007098;G  
O:0010826;GO:00069  
13;GO:0030957;GO:0  
000055;GO:0000056;  
GO:0019843;GO:0002  
039;GO:0005524;GO:  
0005547;GO:0019899  
;GO:0043422;GO:000  
0448;GO:0003300;GO  
:0009303;GO:001066  
7;GO:0043085;GO:00  
43523;GO:0043524;G



ENSMTU  
S  
T  
O  
O  
O  
O  
2  
0  
9

7. - 0.  
2 1. 0  
2. 9 7 6.2 0  
1 3 4 9E 4 do  
8 3 2 - 4 wn  
3 2 05 8  
3 5 8

ENSMU  
SG0000  
003391  
6

Chmp2a

charged  
multivesicular body  
protein 2A  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:19  
16203]

O:0045740;GO:00506  
80;GO:0051054;GO:0  
071394;GO:0071456;  
GO:0097421;GO:1900  
264;GO:0016363;GO:  
0006407;GO:0010825  
;GO:0032071;GO:004  
3516;GO:0044387;GO  
:0060699;GO:006073  
5;GO:1902751;GO:00  
15934  
GO:0016020;GO:0005  
829;GO:0005515;GO:  
0006810;GO:0015031  
;GO:0005737;GO:005  
1260;GO:0070062;GO  
:0005768;GO:000703  
4;GO:0031902;GO:00  
19904;GO:0060548;G  
O:0051258;GO:00451  
84;GO:0005635;GO:0  
010824;GO:0007080;  
GO:1901673;GO:0006  
997;GO:1903543;GO:  
0031210;GO:0051291  
;GO:0000920;GO:003

K12191-  
ko04144  
Endocytosis

KOG3230-  
Vacuolar  
assembly/sorting  
protein DID4[U]

4  
8  
7

9702;GO:0000815;GO  
:0030117;GO:005079  
2;GO:1902188;GO:00  
10458;GO:0031468;G  
O:0010324;GO:19037  
23

E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
3  
4  
1  
5  
7

9. - 1.  
6 5. 5  
0. 8 3 6.4 1  
2 6 9 4E E do  
3 6 6 - - wn  
6 2 08 0  
7 9 5

ENSMU  
SG0000  
004679  
8

Cldn12

claudin 12  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:19  
29288]

GO:0016020;GO:0016  
021;GO:0071944;GO:  
0005886;GO:0030054  
;GO:0005198;GO:001  
6328;GO:0005923;GO  
:0042802;GO:001633  
8

- -

ENSMUST0060013488

6. 9 1 1. 3.4 6. 3  
4 7. 3 9E 1 do  
6 3 3 - E wn  
0 6 8 0 07 -  
0 6 8 0 07 -  
1 7 4 5

ENSMU  
SG0000  
002244  
3

Myh9

myosin, heavy  
polypeptide 9, non-  
muscle [Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:10  
7717]

GO:0005524;GO:0001  
772;GO:0005886;GO:  
0005634;GO:0043234  
;GO:0005829;GO:000  
5515;GO:0005737;GO  
:0015031;GO:000016  
6;GO:0003723;GO:00  
03779;GO:0042803;G  
O:0016020;GO:00163  
37;GO:0070062;GO:0  
031012;GO:0005856;  
GO:0007155;GO:0005  
516;GO:0001701;GO:  
0003774;GO:0016459  
;GO:0005925;GO:003  
1594;GO:0005938;GO  
:0019904;GO:000830  
5;GO:0031252;GO:00  
51015;GO:0001725;G  
O:0008360;GO:00321  
54;GO:0030863;GO:0  
045296;GO:0001726;  
GO:0061024;GO:0001  
525;GO:0030220;GO:  
0005819;GO:0015629  
;GO:0016460;GO:007

K10352-  
ko04530 Tight  
junction

KOG0161-  
Myosin  
class II  
heavy  
chain[Z]

ENSMUS TO

2. 3 8 6 6 6 7  
- 1. 8. 0 7 5 7  
4. 1 2.1 3E - 07  
1 6 E - 0 5

do wn

ENSMU  
SG0000  
008574  
7

Slc13a2os

solute carrier family  
13 (sodium-  
dependent  
dicarboxylate  
transporter),  
member 2, opposite  
strand [Source:MGI

0527;GO:0043495;GO  
:0016887;GO:000590  
3;GO:0005913;GO:00  
05826;GO:0007520;G  
O:0031532;GO:00081  
80;GO:0001931;GO:0  
006509;GO:0000904;  
GO:0006911;GO:0001  
768;GO:0043534;GO:  
0031032;GO:0032796  
;GO:1903923;GO:000  
0146;GO:0043531;GO  
:0030048;GO:190391  
9;GO:0000212;GO:00  
32506;GO:0030224;G  
O:0030898;GO:00426  
41;GO:0051295;GO:0  
097513



9  
2  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
2  
2  
8  
9  
6

8. - 0.  
5 1. 0  
3. 9 4 7.7 0  
0 6 9 2E 0 do  
4 6 9 - 1 wn  
6 7 07 2  
7 1 3

ENSMU  
SG0000  
001430  
3

Glis2

GLIS family zinc  
finger 2  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:19  
32535]

GO:0046872;GO:0003  
677;GO:0005634;GO:  
0003676;GO:0005515  
;GO:0005737;GO:000  
6355;GO:0006366;GO  
:0007275;GO:000635  
1;GO:0000977;GO:00  
0122;GO:0016607;G  
O:0001822;GO:00073  
99;GO:0006357;GO:0  
097730;GO:0045892;  
GO:0030154;GO:0045  
893;GO:0003700;GO:  
0005667;GO:0045944  
;GO:0001077;GO:004  
4212;GO:1900182;GO  
:0043433;GO:004587  
9;GO:0061005;GO:00  
60994

KOG172  
1-FOG:  
Zn-  
finger[R]

E  
N  
S  
M  
U

6. 2. 1.6 0.  
2 1. 2 9E 0  
5 3 5 - 0 up  
3 1 5 05 1  
3 0 1

ENSMU  
SG0000  
002073  
6

Nt5c

5',3'-nucleotidase,  
cytosolic  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:13  
54954]

GO:0016311;GO:0009  
264;GO:0008253;GO:  
0046872;GO:0016787  
;GO:0005634;GO:000  
5829;GO:0005737;GO

K01081-  
ko00230  
Purine  
metabolism;k  
o00240

S 3 5 6  
 T 3 9 2  
 0  
 0  
 0  
 0  
 0  
 1  
 3  
 0  
 6  
 6  
 8  
 E  
 N  
 S  
 M 6. 0. 3. 0.  
 U 0 6 1 1.5 0  
 S 0 5 9 5E 0  
 T 6 6 3 - 1 up  
 0 6 6 3 05 5  
 0 6 6 3 1  
 0 7 7 1 6  
 0  
 0  
 1

ENSMU  
 SG0000  
 000029  
 5

Hddc2

HD domain  
 containing 2  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:19  
 16942]

:0000166;GO:007006  
 2;GO:0005739;GO:00  
 16791;GO:0009117;G  
 O:0019103;GO:00082  
 52;GO:0009223  
 Pyrimidine  
 metabolism;k  
 o00760  
 Nicotinate  
 and  
 nicotinamide  
 metabolism

GO:0003674;GO:0008  
 150;GO:0070062;GO:  
 0005739

KOG3197-  
 Predicted  
 hydrolases of HD  
 superfamily[R]

5  
9  
6  
5  
9  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
O  
O  
O  
O  
O  
1  
3  
7  
4  
4  
6  
E  
N  
S

1	-	0.							GO:0016020;GO:0016	
4.	2.	0							021;GO:0005794;GO:	
2.	0	6	0.0		ENSMU		transmembrane 9		0003674;GO:0005768	KOG1278-
0	2	8	00	7	do	SG0000	superfamily protein		;GO:0005769;GO:200	Endosomal
0	6	3	12	4	wn	006804	member 4		0010;GO:0007155;GO	membrane
0		3	4	8		0	[Source:MGI		:0006909;GO:000166	proteins,
0		3	4	3			Symbol;Acc:MGI:21		6;GO:0070863;GO:00	EMP70[U]
1		3	9	3			39220]		51453;GO:0070072	
3										
7										
4										
4										
6										
6.	0.	2.	1.	1.					GO:0016020;GO:0016	
6	9	8	1.6	1	up	ENSMU	RIKEN cDNA		021;GO:0003674;GO:	-
8	4	2	6E	3		SG0000	A930004D		0008150;GO:0005575	-
S							18Rik	A930004D18 gene		
								[Source:MGI		



M  
U  
S  
T  
O  
O  
O  
O  
1  
5  
1  
8  
5  
7  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
O  
O  
O

9 - E  
1 12 -  
1 0  
5 9

005405  
7

Symbol;Acc:MGI:19  
25190]

-  
3. 4.0 0.  
4. 3 1 6E 0  
4 9. 5 - 0  
1 3 8 - 0  
8 6 06 5  
1

do  
wn  
ENSMU  
SG0000  
005393  
1

Cnn3

calponin 3, acidic  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:19  
19244]

GO:0005829;GO:0005  
515;GO:0005925;GO:  
0003779;GO:0005516  
;GO:0031032;GO:009  
8609;GO:0015629;GO  
:0005913;GO:009864  
1;GO:0008017;GO:00  
30855;GO:0032780;G  
O:0014069;GO:00304  
25;GO:0043025;GO:0  
043197

KOG204  
6-  
Calponin  
[Z]

0  
1  
9  
9  
1  
8  
8  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
4  
7  
7  
2  
9

0. 7. - 2.  
5 1 3. 8  
9 6 5 4.7 7  
3 3 9 5E E do  
3 3 3 - wn 003529  
3 3 7 12 0  
3 3 2 9

ENSMU  
SG0000  
003529  
7

Cops4

COP9 signalosome  
subunit 4  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:13  
49414]

GO:0005634;GO:0005  
515;GO:0005737;GO:  
0030054;GO:0045202  
;GO:0031410;GO:007  
0062;GO:0016607;GO  
:0005829;GO:000802  
1;GO:0008180;GO:00  
00338;GO:0019784

KOG1497-  
COP9  
signalosome,  
subunit  
CSN4[OT]

ENSMUSTO00152059ENSMUSTO003339

1 2. 1. 0.  
 0. 9 8 0  
 6 7 4 1.2 0  
 7 6 2 4E 1 up  
 6 6 6 - 2  
 6 6 9 05 6  
 7 7 2 6

up

ENSMU  
 SG0000  
 000551  
 0

Ndufs3

NADH  
 dehydrogenase  
 (ubiquinone) Fe-S  
 protein 3  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:19  
 15599]

GO:0016020;GO:0016  
 604;GO:0008137;GO:  
 0055114;GO:0016491  
 ;GO:0016651;GO:000  
 5739;GO:0005743;GO  
 :0070469;GO:003030  
 8;GO:0031966;GO:00  
 72593;GO:0045333;G  
 O:0043209;GO:20012  
 43;GO:0005747;GO:0  
 003954;GO:0021762

K03936-  
 ko00190  
 Oxidative  
 phosphorylati  
 on;ko05010  
 Alzheimer's  
 disease;ko050  
 12 Parkinson's  
 disease;ko050  
 16  
 Huntington's  
 disease;ko049  
 32 Non-  
 alcoholic fatty  
 liver disease  
 (NAFLD)

KOG1713-NADH-  
 ubiquinone  
 oxidoreductase,  
 NDUFS3/30 kDa  
 subunit[C]

0. - 0.  
 1 5. 6 0  
 0 5. 6 7.7 0  
 3 2 6 4E 0 do  
 3 6 9 - 0 wn  
 3 6 06 8 4  
 3 9 5

do  
 wn

ENSMU  
 SG0000  
 000038  
 4

Tbrg4

transforming  
 growth factor beta  
 regulated gene 4  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:11  
 00868]

GO:0004672;GO:0003  
 723;GO:0006468;GO:  
 0005739;GO:0045333

- -

0  
0  
0  
0  
1  
3  
1  
3  
1  
3  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
9  
2  
3

2. 8. 8 1. 2.1 0  
2 4 8 0E 1 do  
9 7 7 - 9 wn  
0 05 1  
0 1 1

ENSMU  
SG0000  
002661  
5

Eprs

glutamyl-prolyl-  
tRNA synthetase  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:97  
838]

GO:0005524;GO:0003  
824;GO:0008152;GO:  
0005737;GO:0006412  
;GO:0000166;GO:001  
6020;GO:0004812;GO  
:0006418;GO:001710  
1;GO:0016874;GO:00  
71346;GO:0003723;G  
O:0016876;GO:00430  
39;GO:0030529;GO:0  
017148;GO:0004827;  
GO:0006433;GO:0006  
417;GO:0051020;GO:  
0097452;GO:0035613  
;GO:0004818;GO:000  
6424

K14163-  
ko00860

Porphyrin and  
chlorophyll  
metabolism;k  
o00970  
Aminoacyl-  
tRNA  
biosynthesis

KOG1147-  
Glutamyl-  
tRNA  
synthetase[]  
]

2  
4  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
O  
O  
O  
O  
O  
1  
3  
2  
6  
3  
O  
E  
N  
S  
M  
U  
S

1.	-	7.							GO:0005634;GO:0003700;GO:0006355;GO:0008270;GO:0046872	
3	3.	9		ENSMU				nuclear receptor	;GO:0003677;GO:0043565;GO:0006351;GO:0003707;GO:0043401;GO:0000122;GO:0004879;GO:0030522;GO:0005515;GO:0050965;GO:0048666;GO:000980;GO:0001227;GO:0043153	KOG3575-FOG: Hormone receptors[T]
9	1	2	1.0	do	SG0000	Nr2f6		subfamily 2, group F, member 6		
6	3.	4	9E	wn	000239			[Source:MGI Symbol;Acc:MGI:1352453]		
6	2	0	-		3					
6	4	12								
7	8	0								
6.	0.	5.	6.9	2.	ENSMU			predicted gene 567		
1	1	8	3E	6	SG0000	Gm567		[Source:MGI Symbol;Acc:MGI:2685413]		
2	0	4	-	8	010461					
6	6	3	10	E	0					
6	6	9		-						

T 6 6 2 0  
 0 7 7 1 7  
 0  
 0  
 0  
 0  
 1  
 9  
 7  
 1  
 2  
 7  
 E  
 N  
 S  
 M  
 U  
 S  
 T 6. 3 6 5.0 2.  
 0 0 6 6 9E 5  
 0 1 6 4 - - up  
 0 6 3 10 E 0  
 0 7 7 7  
 0  
 0  
 0  
 8

ENSMU  
 SG0000 2510046G  
 006617 10Rik  
 5

RIKEN cDNA  
 2510046G10 gene  
 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:36  
 98051]

- - -

4  
5  
8  
7  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
3  
6  
4  
7  
0  
E  
N  
S  
M

0. 3. 0.  
7 5 0  
8. 2 1 5.4 0  
2 6 0 6E 4  
8 6 2 - 0  
6 6 05 3  
7 5 9

up

ENSMU  
SG0000  
004947  
0

Aff4

AF4/FMR2 family,  
member 4  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:21  
36171]

GO:0005634;GO:0006  
355;GO:0006351;GO:  
0005515;GO:0008023 -  
;GO:0001650;GO:000  
7286;GO:0035327 -

6. 0. 7. 4.4 1.  
4 0 4 2E 4  
2 3 5 - 0  
6 6 3 09 E

up

ENSMU  
SG0000  
005941  
2

Fxyd2

FXYD domain-  
containing ion  
transport regulator  
2 [Source:MGI

GO:0016020;GO:0016  
021;GO:0006811;GO:  
0005216;GO:0034220 -  
;GO:0006810;GO:000

U 6 6 4 -  
S 6 6 5 0  
T 7 7 8 6  
0  
0  
0  
0  
0  
2  
1  
3  
1  
5  
8  
E  
N  
S  
M 0. 7. - 2.  
U 6 8 3. 7  
S 6 2 5 9.2 5  
T 6 6 5 3E E do  
0 6 6 3 - wn SG0000  
0 6 6 3 09 - 002724  
0 7 7 6 6 8

ENSMU  
SG0000  
002724  
8

Pdia3

Symbol;Acc:MGI:11 6813;GO:0010248;GO  
95260] :0006814;GO:000588  
7;GO:0017080;GO:20  
00649;GO:0005391;G  
O:0001558;GO:00421  
27;GO:0005890;GO:0  
016323;GO:0043231;  
GO:0070062

protein disulfide  
isomerase  
associated 3  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:95  
834]

GO:0005615;GO:0005  
634;GO:0009986;GO:  
0055114;GO:0005515  
;GO:0003723;GO:000  
5925;GO:0016853;GO  
:0070062;GO:004545  
4;GO:0005783;GO:00  
03756;GO:0005788;G  
O:0015037;GO:00064  
57;GO:0034976;GO:0  
042470;GO:0043209;

K08056-  
ko04141

Protein  
processing in  
endoplasmic  
reticulum;ko0  
4612 Antigen  
processing  
and  
presentation

KOG0190-Protein  
disulfide isomerase  
(prolyl 4-hydroxylase  
beta subunit)[O]



1  
5  
3  
3  
7  
8  
  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
5  
5  
5  
9  
5

1 7 - 0.  
5. 9. 2. 0.0 0  
0 2 3 3 00 0  
0 0 3 8 16 9  
0 3 6 3 6 3  
0 3 6 3 6 6  
1 3 7 6 9

ENSMU  
do SG0000  
wn 002686  
4

Hspa5

heat shock protein  
5 [Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:95  
835]

GO:2001238;GO:0002  
474  
  
GO:0005634;GO:0009  
986;GO:0005515;GO:  
0005737;GO:0000166  
;GO:0005524;GO:000  
5925;GO:0005886;GO  
:0016020;GO:007006  
2;GO:0031012;GO:00  
05783;GO:0043066;G  
O:0005788;GO:00057  
89;GO:0030176;GO:0  
019904;GO:0019899;  
GO:0030512;GO:0042  
149;GO:0031625;GO:  
0030496;GO:0045296  
;GO:0005576;GO:190  
1998;GO:0005793;GO  
:0001948;GO:001688  
7;GO:0043022;GO:00  
42470;GO:0043209;G  
O:0071353;GO:00303

K09490-  
ko03060  
Protein  
export;ko0414  
1 Protein  
processing in  
endoplasmic  
reticulum;ko0  
4918 Thyroid  
hormone  
synthesis;ko05  
020 Prion  
diseases  
  
KOG0101-Molecular  
chaperones  
HSP70/HSC70,  
HSP70  
superfamily[O]



0  
0  
0  
0  
0  
1  
9  
7  
3  
0  
0  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
O  
O  
O  
O  
0  
1  
3  
8

1 5. 1. 9.  
3. 3 2 1  
1 4 9 3.7 7  
0 1 6 4 4E E up  
0 3 6 3 - -  
0 3 6 2 08 0  
0 3 7 3 6

ENSMU  
SG0000 281042811  
005883 5Rik  
3

RIKEN cDNA  
2810428115 gene  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:19  
13712]

GO:0003674;GO:0008  
150;GO:0005575 - -



S 6 6 6 9  
 T 7 7 2 1  
 0  
 0  
 0  
 0  
 1  
 4  
 2  
 7  
 6  
 1

Symbol;Acc:MGI:13 :0004032;GO:004379 ns;ko00051  
 53494] 5;GO:0001894;GO:00 Fructose and  
 03091;GO:0005996;G mannose  
 O:0006061;GO:00094 metabolism;k  
 14;GO:0010033;GO:0 o00052  
 018931;GO:0031098; Galactose  
 GO:0035809;GO:0042 metabolism;k  
 415;GO:0044597;GO: o00561  
 0044598;GO:0046427 Glycerolipid  
 ;GO:0048661;GO:006 metabolism  
 0135;GO:0070301;GO  
 :0072061;GO:009706  
 6;GO:0097238;GO:19  
 01653;GO:0005615;G  
 O:0032838;GO:00330  
 10;GO:0042629;GO:0  
 043220;GO:0048471;  
 GO:0097454

E 1. 1 - 2.  
 N 3 6. 3. 1  
 S 8 1 5 3.3 3  
 M 6 2 3 7E E do  
 U 6 3 9 - wn SG0000  
 S 6 3 4 12 - 005585  
 T 6 3 4 0 0  
 O 7 3 6 9

ENSMU  
 SG0000  
 005585  
 0

Rnf181

ring finger protein  
 181 [Source:MGI  
 Symbol;Acc:MGI:19  
 13760]

GO:0016740;GO:0008  
 270;GO:0046872;GO:  
 0005575;GO:0061630  
 ;GO:0043161;GO:001  
 6567;GO:0042787;GO  
 :0004842;GO:000020  
 9;GO:0051865

KOG0800-  
 FOG: Predicted  
 E3 ubiquitin  
 ligase[O]

0  
0  
0  
0  
2  
0  
6  
3  
1  
9  
E  
N  
S  
M  
U  
S  
T  
0  
0  
0  
0  
0  
1  
5  
6  
6

4 1 2.  
8. 0. 8. 6  
7 0 8 4.2 3  
2 0 9 5E E up  
3 0 4 - -  
3 1 2 12 0  
3 5 9

ENSMU  
SG0000  
002752  
3  
Gnas

GNAS (guanine  
nucleotide binding  
protein, alpha  
stimulating)  
complex locus  
[Source:MGI  
Symbol;Acc:MGI:95  
777]

GO:0005634;GO:0048 K04632-  
471;GO:0005829;GO: ko04015 Rap1  
0005515;GO:0005737 signaling  
;GO:0031410;GO:000 pathway;ko04  
5576;GO:0016020;GO 020 Calcium  
:0070062;GO:000718 signaling  
6;GO:0042493;GO:00 pathway;ko04 KOG0099-G protein  
03924;GO:0009791;G 072 subunit Galphas,  
O:0035264;GO:00304 Phospholipas small G protein  
25;GO:0043547;GO:0 e D signaling superfamily[T]  
043588;GO:0001501; pathway;ko04  
GO:0060348;GO:0035 024 cAMP  
116;GO:0050890;GO: signaling  
0032588;GO:0071107 pathway;ko04  
;GO:0004871;GO:003 540 Gap  
0819;GO:0031224;GO junction;ko04

2  
3

:0030133;GO:007052 611 Platelet  
7;GO:0048701;GO:00 activation;ko0  
01894;GO:0006112;G 4911 Insulin  
O:0045672;GO:00456 secretion;ko0  
69;GO:0060789;GO:0 4922  
005834;GO:0043950; Glucagon  
GO:0006306;GO:0001 signaling  
958;GO:0048589;GO: pathway;ko04  
0051216;GO:0007189 923  
;GO:0047391;GO:000 Regulation of  
9966;GO:0071514;GO lipolysis in  
:0007191;GO:007188 adipocyte;ko0  
0;GO:0040032;GO:20 4912 GnRH  
00828;GO:0040015;G signaling  
O:0046872;GO:00058 pathway;ko04  
86;GO:0007165;GO:0 913 Ovarian  
000166;GO:0005525; Steroidogene  
GO:0007606;GO:0019 sis;ko04915  
001;GO:0031683;GO: Estrogen  
0016324;GO:0031852 signaling  
;GO:0051430;GO:003 pathway;ko04  
5255;GO:0005159;GO 921 Oxytocin  
:0031698;GO:003174 signaling  
8;GO:0042995;GO:00 pathway;ko04  
01726 918 Thyroid  
hormone

synthesis;ko04  
916  
Melanogenesis;  
ko04924  
Renin  
secretion;ko0  
4925  
Aldosterone  
synthesis and  
secretion;ko0  
4261  
Adrenergic  
signaling in  
cardiomyocytes;  
ko04270  
Vascular  
smooth  
muscle  
contraction;ko  
04970 Salivary  
secretion;ko0  
4971 Gastric  
acid  
secretion;ko0  
4972  
Pancreatic



secretion;ko0  
4976 Bile  
secretion;ko0  
4962  
Vasopressin-  
regulated  
water  
reabsorption;  
ko04961  
Endocrine  
and other  
factor-  
regulated  
calcium  
reabsorption;  
ko04724  
Glutamatergic  
synapse;ko04  
728  
Dopaminergic  
synapse;ko04  
726  
Serotonergic  
synapse;ko04  
730 Long-  
term

depression;ko  
04750  
Inflammatory  
mediator  
regulation of  
TRP  
channels;ko04  
713 Circadian  
entrainment;k  
o05200  
Pathways in  
cancer;ko050  
30 Cocaine  
addiction;ko0  
5031  
Amphetamine  
addiction;ko0  
5032  
Morphine  
addiction;ko0  
5034  
Alcoholism;ko  
05414 Dilated  
cardiomyopat  
hy  
(DCM);ko0511

M  
S  
T  
R  
G.  
8  
7  
4  
5.  
2  
M  
S  
T  
R

	5.	-		0.
	4	1.		0
1.	7	9	3.2	0
4	6	4	5E	2
2	6	7	-	7
	6	4	05	1
	7	1		4
2.		-	0.0	0.
1	6	1.	00	0
9		4	14	0
		5	5	8

do  
wn

-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-

0 Vibrio  
cholerae  
infection;ko05  
146  
Amoebiasis;ko  
05142 Chagas  
disease  
(American  
trypanosomia  
sis);ko01522  
Endocrine  
resistance



1.  
1  
2

---