Table S5. Novel miRNA identified in grape.

Pre-miRNA Index	miRNA _Index	miR_name	miR_seq	len	genomeID	strand	start	end	pre-miRNA_seq	type	SS	hairpinLen	CG%	dG	mean raw reads (TR)	mean raw reads (CT)
1	1	PC-5p-83628_9	ATTGAGATCATGATTTGGGGTTGA	24	chr8	+	14436903	14437001	tttatttgaATTGAGATCATGATTTGGGGTTGActtcaaaatcttgtaatatgaagaaatcataagtcAACCCCAAATCACTACCTCAATCCaagtcat	5'	...(((((.((((((....((((((((((((((((.....((((........))))......)))))))))))))))))....)))))).)))))...	93	32.30	-37.70	4.67	0.00
1	2	PC-3p-9435_152	AACCCCAAATCACTACCTCGATCC	24	chr8	+	14436903	14437001	tttatttgaATTGAGATCATGATTTGGGGTTGActtcaaaatcttgtaatatgaagaaatcataagtcAACCCCAAATCACTACCTCAATCCaagtcat	3'	...(((((.((((((....((((((((((((((((.....((((........))))......)))))))))))))))))....)))))).)))))...	93	32.30	-37.70	28.67	24.33
2	3	PC-5p-22970_59	TAGCTCTTCACCACTCACTCC	21	chr18	+	678121	678259	aaggtcttgatagtgttgttgtgcaaaccctctatataTGGCTCTTCACCACTCACTCCctaagtggctcccacatcacctgcggagtgagtggtgaagagccatatatggagggcttgcacaacaacattattgaggc	5'	...((((..(((((((((((((((((.((((((((((((((((((((((((((((((....((((........))))....))))))))))))))))))))))))))))))))).))))))))))))))))))..))))	136	48.20	-100.80	5.17	4.67
3	3	PC-5p-22970_59	TAGCTCTTCACCACTCACTCC	21	chr18	-	678172	678301	tcaataatgttgttgtgcaagccctccatataTGGCTCTTCACCACTCACTCCgcaggtgatgtgggagccacttagggagtgagtggtgaagagccatatatagagggtttgcacaacaacactatcaa	5'	...(((.((((((((((((((((((.(((((((((((((((((((((((((..((((((..........)))))..)))))))))))))))))))))))))))).))))))))))))))))))).)))...	124	46.90	-90.50	5.17	4.67
4	4	PC-3p-74316_12	TATGTTGAATGATGTTAATAG	21	chr5	-	13763661	13763765	agttaaaagtaatatgttaacatcatccaatataaattaagtgaacttgttatcaataagttcaatttagtTATGTTGAATGATGTCAATAGgtcacttttagtt	3'	..((((((((.(..((((.(((((((.((((((.((((((((((((((((((...)))))))))).))))))))))))).))))))).))))..).)))))))))..	101	23.80	-32.90	1.00	1.00
5	4	PC-3p-74316_12	TATGTTGAATGATGTTAATAG	21	chr7	+	13890666	13890770	agttaaaagtaacctgttaatatcatttaacataactaaattgaacatattgataacaagttcactttagtTATGTTGAATGATGTTAACAGgttacttttagtt	3'	..((((((((((((((((((((((((((((((((((((((.(((((...(((....)))))))).))..	101	23.80	-55.10	1.00	1.00
6	5	PC-5p-189_11457	CATGGGCGGTTTGGTAAGAGG	21	chr1	+	3865564	3865679	agcctcctgaaacttacatggCATGGGCGGTTTGGTAAGAGGgaatcttatcactctcttccctgggtggttgcttTCTTACCAACACCTCCCATTCCactaattttcagtagttt	5'	...((.((((((.(((..(((.(((((.((((((((((((..(......(((((((........)))))))..)..))))))))).))).))))).))).))).)))))).))..	110	45.70	-45.20	2903.33	1385.67
6	6	PC-3p-3_1425588	TCTTACCAACACCTCCCATTCC	22	chr1	+	3865564	3865679	agcctcctgaaacttacatggCATGGGCGGTTTGGTAAGAGGgaatcttatcactctcttccctgggtggttgcttTCTTACCAACACCTCCCATTCCactaattttcagtagttt	3'	...((.((((((.(((..(((.(((((.((((((((((((..(......(((((((........)))))))..)..))))))))).))).))))).))).))).)))))).))..	110	45.70	-45.20	318670.00	197236.00
7	7	PC-3p-27765_48	TCAGGATTGACATTTAGGTGG	21	chr10	+	785771	785877	ctcttaaagtccacctaaatgtcaatcttgatacaatttgggaggattgacattttggtggactttaaaagtttggTCAGGATTGACATTTAGGTGGaccttaaaaa	3'	...((((.((((((((((((((((((((((((..((((((..((((.(..((......))..)))))..)))))..))))))))))))))))))))))))).))))...	101	35.50	-46.80	4.83	3.17
8	7	PC-3p-27765_48	TCAGGATTGACATTTAGGTGG	21	chr13	-	3928505	3928638	ggaattgaatctaggaccaaaccttaaggtccacctaaatgtcaatcctggtaccatttgggtaagttgccccgatggtaTCAGGATTGACATTTAGGTGGatcttaaggtttggtcctaggttcaattcctgg	3'	((..((((.....))))..))...	131	44.00	-111.30	4.83	3.17

9	8	PC-5p-29136_45	TGGCAAGGTGAATTACTCATGATG	24	chr14	+	15079442	15079577	aaatttggcaaggtaaaaggttacttgcgaaatttTGGCAAGGTGAATTACTCATGATGcgaagtgccatattttcgcatcatgagtaaattcacttgccaaatttggcaaggtgcattttcaccttgcgaaaatt	5'	...(((.(((((((((((.((..(((((.(((.((((((((.(((((((((((((((((((((((.....)))))))))))))))))))).))))))))))))))))).))))))..)).)))).)))))))).)))...	130	37.50	-68	7.17	2.33
10	8	PC-5p-29136_45	TGGCAAGGTGAATTACTCATGATG	24	chr19	+	17527800	17527936	aaatttggcaaggtaaaaggttacttgtgaaatttTGGCAAGGTGAATTACTCATGATGcgaagtgccatattttcgcatcatgagtaaattcaccttgccaaatttgcaaggtgcattttcaccttgcgaaaatt	5'	...(((.(((((((((((.((..(((((..((.(((((((((((((((((((((((((((.....)))))))))))))))))))).))))))))))))))))).))))))..)).)))).)))))))).)))...	131	37.20	-71.50	7.17	2.33
11	9	PC-3p-3495_433	GTTGGAAGCCGGTGGGGGACC	21	chr19	+	12889970	12890072	atagggaagttgtcaacctccctcaaaggcttccaattttcctggctaattatcaaggtaagaaaGTTGGAAGCCGGTGGGGGACCttgaaagcttaccccag	3'	...(((((((.((((..(((((((..((((((((((((((...(((.....)))..))))))))))))))).))))))..)))).)))))).)))...	97	47.60	-50.10	88.83	49.33
12	9	PC-3p-3495_433	GTTGGAAGCCGGTGGGGGACC	21	chr19	+	13510100	13510201	ataggtaagttgtcaacctccctcaaaggcttccaattttcctggctaattatcaaggtaagaaaGTTGGAAGCCGGTGGGGGACCttgaaagcttacccca	3'	...(((((((.((((..(((((((..((((((((((((((...(((.....)))..))))))))))))))).))))))..)))).))))))))...	96	46.10	-51.70	88.83	49.33
13	10	PC-3p-11055_129	TGTTGGATGATGTTAACGGGT	21	chr17	-	6854738	6854830	aaataacctgttaatatcatttaacataactaaattgaacatattgataataagttcactttagttaTGTTGGATGATGTTAACGGGTtagtt	3'	...(((((((((((((((..((((((((((((.(((((.((((...)))).)))))..)))))))))))..)))))))))))))))...	87	24.70	-45.30	14.83	6.67
14	10	PC-3p-11055_129	TGTTGGATGATGTTAACGGGT	21	chr7	-	12016531	12016652	tctattcagctaaaagtaacctgttagtatcatttaacataattaaattgaacatattgataacaagttcactttagctaTGTTGGATGATGTTAACAGGTtacttttagttgaatagaaaa	3'	((((((((((((((((((((((((((..(((((..((((((..((((.((((...(((....)))))))).))))..))))))..)))))..))))))))))))))))))))))))...	119	26.20	-61.10	14.83	6.67
15	11	PC-5p-57140_18	AGGAATCGAAACTAGGACTAAACC	24	chr7	+	1677353	1677466	gcaccccaagAGGAACCGAAACTAGGACTAAACCttatgtccaaccaacttctagtaccatctgggctagtttggacataaggtttagtcttagtttcgattcctccgggggac	5'	...((((..((((((.((((((((((((((((((((((((((((((.....(((((.((....)))))))..))))))))))))))))))))))))))).))))))..))))..	109	47.40	-68.60	1.17	1.83
16	11	PC-5p-57140_18	AGGAATCGAAACTAGGACTAAACC	24	chr7	-	1677424	1677537	tgtcccccggAGGAATCGAAACTAAGACTAAACCttatgtccaaactagcccagatggtactagaagttggttggacataaggtttagtcctagtttcggttcctcttggggtg	5'	...((((..(((((((((((((((.((((((((((((((((((((.((((((((....)).....)))))))))))))))))))))))))))).))))))))))))))))).)))))..	109	46.50	-69.20	1.17	1.83
17	12	PC-3p-27089_49	AGAAACACTTCTTAGAATCACTGC	24	chr1	-	19149334	19149437	tgattttaggaagcacttctaacctttctaatacttgaaattttttatcaaaaaggttgttttcaagtactaaaaatgttAGAAACACTTCTTAGAATCACTGT	3'	((((((((((((...(((((((.(((.((.((((((((.....(((.....)))...)))))))))).)).))).))))))...)))))))))))))....	100	26.90	-31.20	6.33	1.83
18	12	PC-3p-27089_49	AGAAACACTTCTTAGAATCACTGC	24	chr3	-	1296915	1297028	gtgtttggcaatgattttaggaaatgtttataatctttctaacacttgaaaatttttatatttcaaatattaaagatgttAGAAACACTTCTTAGAATCACTGTcaaacatact	3'	((((((((((.((((((((((((.(((((...((((((.....((((((.....)))))).....)))))).....)))))).))))))))))))).))))))))))...	111	24.60	-35.20	6.33	1.83
19	13	PC-5p-6612_218	CAAGGTGAATTACTCATGATGCG	23	chr11	+	15580354	15580492	ggaatttcgcaatgtaaaaggcacattgcgaaattttcgCAAGGTGAATTACTCATGATGCGaagtgccatattttcgcatcatgagttaattcaccttgcgaaattttcgcaatgtgaaattcacattgcgaaatggc	5'	...(((((((((((((.....((((((((((((.((((((((((((((((((((((((((((.....)))))))))))))))))))))))))))).))))))))))))))))))))))))).....)))))))))))...	133	38.80	-85.40	22.83	13.50

20	13	PC-5p-6612_218	CAAGGTGAATTACTCATGATGCG	23	chr16	+	7386774	7386912	ggaatttcgcaatgtaaaaggcacattgcgaaattttcgCAAGGTGAATTACTCATGATGCGaagtgccatattttcgcatcatgagttaattcaccttgcgaaattttcgcaatgtgaaattcacattgcgaaatggc	5'	...((((((((((((......((((((((((((.(((((((((((((((((((((((((((((((((........)))))))))))))))).))))))))))))))))).))))))))))))......)))))))))))...	133	38.80	-85.40	22.83	13.50
21	14	PC-5p-82241_10	CAAGGTGAATTACTCATGA	19	chr10	+	1985402	1985503	aggcaccttgcgaaattttcgCAAGGTGAATTACTCATGAtgcgaagtgccatattttcgcatcatgagttaattcaccttgcgaaatttcgcaaggtgggt	5'	...((((((((((((.(((((((((((((((((((((((((((((((........)))))))))))))).))))))))))))))))))))))))))))...	96	43.10	-69.70	1.67	0.00
22	14	PC-5p-82241_10	CAAGGTGAATTACTCATGA	19	chr3	+	12237498	12237599	aggcaccttgcgaaattttcgCAAGGTGAATTACTCATGAtgcgaagtgccatattttcgcatcatgagttaattcaccttgcgaaatttcgcaaggtgggt	5'	...((((((((((((.(((((((((((((((((((((((((((((((........)))))))))))))).))))))))))))))))))))))))))))...	96	43.10	-69.70	1.67	0.00
23	15	PC-3p-99556_7	TGAAGATTAGAGCTCCGGTGA	21	chr2	+	6151113	6151187	ctggattattagagcttatttgaaaattggagtatttggaattaaatttTGAAGATTAGAGCTCCGGTGAttaaa	3'	...((((((..((((((.(((.((((((..(((.......))).)))))).)))....))))))..))))))...	69	29.30	-15.50	1.17	0.00
24	15	PC-3p-99556_7	TGAAGATTAGAGCTCCGGTGA	21	chr7	+	771666	771740	ctggattatcggagcttatttgaaaattggagtatttggaattaaatttTGAAGATTAGAGCTCCGGTGAttaaa	3'	...((((((((((((((.(((.((((((..(((.......))).))))))).)))....))))))))))))))...	69	32.00	-21.80	1.17	0.00
25	16	PC-3p-122670_5	CTTGCATTTCACCAACTTCT	20	chr5	-	2004630	2004741	aaaatgtttgtttattagatatagtagaaattgttgacttgattaggtgaacaaatatgtaatCTTGCATATCACCAACTTCTtaaaactatggtcataaataaatcatcaa	3'	...((((((((((((....((((((((((.(((.(((..((...((((..(((....))).))))..))..))).))).))))....))))))...))))))))).)))...	106	25.00	-21.40	0.00	0.83
26	16	PC-3p-122670_5	CTTGCATTTCACCAACTTCT	20	chr5	-	2111321	2111432	aaaatgtttgtttattagatatagtagaaattgttgacttgattaggtgaacaaatatgtaatCTTGCATATCACCAACTTCTtaaaactatggtcataaataaatcatcaa	3'	...((((((((((((....((((((((((.(((.(((..((...((((..(((....))).))))..))..))).))).))))....))))))...))))))))).)))...	106	25.00	-21.40	0.00	0.83
27	17	PC-5p-81191_10	TAAAAGTAACCTGTTGACATTATC	24	chr14	-	9298446	9298552	caacTAAAAGTAACCTGTTGACATTATCcaatataattaaattgaacttattaataacaagttcatttagccatgttggatgatgtcaacatgttacctttagctg	5'	...(((((.(((((.((((((((((((((((((..(((((.((((((((.........))))))).)))))..)))))))))))))))))))).))))).)))))...	101	29.00	-45.90	0.83	1.83
28	17	PC-5p-81191_10	TAAAAGTAACCTGTTGACATTATC	24	chr7	-	2204704	2204812	tcagcTAAAAGTAACCTGTTGACATTATCcaatataattaaattgaatttattgataacaagttcattttagctatgttggatgatgtcaacatgttacttttagctat	5'	..((((((((((((.((((((((((((((((((..((((.((((((((.........))))))).))))..))))))))))))))))))))).)))))))))))))..	105	26.60	-54.40	0.83	1.83
29	18	PC-5p-29993_43	TATCATGCTCTTTAGGACTCC	21	chr11	+	19800782	19800901	tttctagcaaaagtgcaccaaagtacaTATCATGCTCTTTAGGACTCCaaaatgcattgtgttttgcaatttggagtcttaaagagcatgatatgtactttggtgcactttgctagttg	5'	...((.((((........)))).)))...	114	36.70	-90.30	4.83	2.33
30	18	PC-5p-29993_43	TATCATGCTCTTTAGGACTCC	21	chr11	-	19800827	19800946	caactagcaaaagtgcaccaaagtacaTATCATGCTCTTTAAGACTCCaaattgcaaaacacaatgcattttggagtcctaaagagcatgatatgtactttggtgcacttttgctagaaa	5'	...((((((((((((((((((((((((((((((((((.(((((((((.((((........)))).))))))))).)))))))))))))))))))))))))))))))))))))))...	114	36.70	-86.60	4.83	2.33
31	19	PC-5p-3836_391	TTACACAGAGAGATGACGGTGG	22	chr5	-	6820679	6820783	caaaggatccatgccatttcaTTACACAGAGAGATGACGGTGGagatttgtctctattgctctctACCGTCTTTCTCTGTATAAGCagatggagtggatcttcat	5'	...((((((((..((((((..(((.((((((((((.(((((((((((.............))))))))))))))))))).)))..))))))..))))))))...	99	42.90	-49.90	105.00	40.00

31	20	PC-3p-762_2184	ACCGTCTTTCTCTGTATAAGC	21	chr5	-	6820679	6820783	caaaggatccatgccatttcaTTACACAGAGAGATGACGGTGGagatttgtctctattgctctctACCGTCTTTCTCTGTATAAGCagatggagtggatcttcat	3'	...((((((((..((((((..(((.(((((((((.(((((((((((..............))))))))))))))))))))).)))..))))))..))))))))...	99	42.90	-49.90	512.67	318.00
32	21	PC-3p-51246_21	TGTTGGATGATGTTAAGAGGT	21	chr1	-	3962671	3962775	agctaaaagtaacctgttaatatcatttaacataactaaattgaatatattgataacaagttcactttagtgaTGTTGGATGATGTTAAGAGGTtacttttaatt	3'	...((((((((((((.((((((((((..(((((.((((((.(((((...(((....)))))))).)))))).))))))..))))))))))).))))))))))))...	99	24.80	-44.20	3.50	0.00
33	21	PC-3p-51246_21	TGTTGGATGATGTTAACAGGT	21	chr6	-	12395203	12395324	tctattcagctaaaagtaacctgttaatatcatttaacataattaaattgaacatattgataacaagttcactttagttaTGTTGGATGATGTTAACAGGTtacttttagctgaatagaaaa	3'	((((((((((((((((((((((((((((((((..((((((((((((.(((((...(((....)))))))).))))))))))))..)))))))))))))))))))))))))))))))))...	119	25.40	-70.70	3.50	0.00
34	22	PC-3p-127098_5	TACTGCCCCTTCCCTTTTGCC	21	chr18	+	29355964	29356073	aaacctcgtgggggggggggggaggggcagcctggccgcacctgagcgcgccacgtggcagctgggtgctcaggtgtggcTACTGCCCCTTCTCTTTTGCCtaggagggct	3'	...((((.((((..(..((((((((((((..((((((((((((((((((.(((.((....))))))))))))))))))))))))))))))))))..)..)))).))))...	104	69.10	-79.80	0.00	0.83
35	22	PC-3p-127098_5	TACTGCCCCTTCCCTTTTGCC	21	chr18	-	14336259	14336349	agaaaaagggtgggggcgatctggccacgcttgagcgcgccacgtggcagctgggtgctcaggtgtggcTACTGCCCCTGCCCTTTTGCC	3'	...(((((((..(.(((((...((((((((((((((((.(((.((....)))))))))))))))))))))))).))))))..)))))))...	85	65.90	-58.70	0.00	0.83
36	23	PC-5p-50194_21	TTGAATTCCCCCCAGACTAGC	21	chr5	+	14141149	14141276	ggttgtccagtttgaatccagatttggTTGAATTCCCCCCAGACTAGCatacatatgtgtatatatatacacatatgtatgctagtctgggggggaattcaacgaaatctggattcaaactggacatag	5'	...((((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((((((((((((((((((....))))))))))))))))))))))))))))))))))))))).)))))))))))))))))))))))...	122	39.80	-106.50	2.50	1.00
37	23	PC-5p-50194_21	TTGAATTCCCCCCAGACTAGC	21	chr5	-	14141202	14141329	ctatgtccagtttgaatccagatttcgTTGAATTCCCCCCAGACTAGCatacatatgtgtatatatatacacatatgtatgctagtctgggggggaattcaaccaaatctggattcaaactggacaacc	5'	...((((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((((((((((((((((((....))))))))))))))))))))))))))))))))))))))).)))))))))))))))))))))))...	122	39.80	-104.40	2.50	1.00
38	24	PC-5p-1018_1664	TTTTGTTGCTGGTCATCTAGTC	22	chr5	-	24742183	24742280	ctatgaatatgTTTTGTTGCTGGTCATCTAGTCattgttagtcatgtttaacgctcatggcaggatgaTTAGATGATCATCAACAAACAcattcagga	5'	...(((((.((.(((((((.(((((((((((((((....((((((.........))))))..)))))))))))))))).)))))))))).)))))...	92	36.70	-39.60	305.67	303.00
38	25	PC-3p-36780_33	TTAGATGATCATCAACAAACC	21	chr5	-	24742183	24742280	ctatgaatatgTTTTGTTGCTGGTCATCTAGTCattgttagtcatgtttaacgctcatggcaggatgaTTAGATGATCATCAACAAACAcattcagga	3'	...(((((.((.(((((((.(((((((((((((((....((((((.........))))))..)))))))))))))))).)))))))))).)))))...	92	36.70	-39.60	10.33	20.00
39	26	PC-5p-130585_5	TTCTCCCTCCTTAGCCTCCA	20	chr6	+	10287482	10287561	gttgaagaTTCTCCCTCCTTAGCCTCCAtttcatggatactcatggaatttggataaggttgagaaggagagttttcttt	5'	...((((((((((...(((((((((((((((((((....)))))))))..))))...))))))))..)))))))))))...	74	40.00	-32.80	0.00	1.67
40	27	PC-5p-83073_10	TATATGGCTCTTCACCACTCACTC	24	chr18	+	678121	678258	aaggtcttgatagtgttgttgtgcaaaccctctaTATATGGCTCTTCACCACTCACTCcctaagtggctcccacatcacctgcggagtgagtggtgaagagccatatatggagggcttgcacaacaacattattgagg	5'	.....((..(((((((((((((((((.(((((((((((((((((((((((((((((((....((((........))))....))))))))))))))))))))))))))))))))).)))))))))))))))))..)).	132	47.80	-98.10	4.50	1.83
41	28	PC-5p-70654_13	TACTTGCATTGGGCTCCA	18	chr7	-	9622344	9622405	ctagttgTACTTGCATTGGGCTCCAtcgtcggcgatgacgctaaatccaagcttacaacaat	5'	...((((((((((.(((..((..(((((....)))))..))..))).)))))..))))))...	56	46.80	-19.90	6.33	0.00

42	29	PC-3p-84978_9	AAGGTCCCGTTGAGTTCTTAA	21	chr13	-	17157728	17157829	gttgtcgacatgaaaacgtaagaactcaatgggacccacgccctctttggctctgattcgagagggAAGGTCCCATTGAGTTCTTAAtaatcataagatttt	3'	...(((...(((.....(((((((((((((((((...(((((((..(.....)..)))))))..)))))))))))))))....))))..)))...	96	43.10	-45.60	0.83	2.33
43	30	PC-3p-135322_5	GTTTGTGTGTCAGTGGAAG	19	chr11	+	17948590	17948674	ttcgcaaggctggttggtttctgtctgatgcatatttgtgtttgttcaGTTTGTGTGTCGGTGGAAGtcgattttccttgtttt	3'	...((((((...(((((..(((..((.(.(..((((.(((.(.....)))..))))..))))..)))..))))....))))))...	79	41.20	-26.60	0.00	1.67
44	31	PC-5p-97904_7	TTGATAGTGCTGCATATAC	19	chr5	-	7973006	7973101	agtgcaagaTTGATAGTGCTGCATATACatctttctttatgttggactacaccattccatgcatgcttgtggttgttgaatattcaatcttgtttt	5'	...((((((((((..((...(((..(((((.....(((((((((.....)))).)))))..))))..)))...))..))))))))))...	90	35.40	-20.20	2.33	0.00
45	32	PC-3p-111553_6	TTTTTGGTTATGGTTGGC	18	chr12	-	1137465	1137614	gcaagccaaaggagggatgttgattcatgcatctcagtagagagcttaactatagagtaagacacaactttgaattcatTTTTTGGTTATGGTTGGCtgcttggggttgtgatcaattggcttctttctccctccctttacaagggttatt	3'	...(((((((((((((.((..(((.((((((((((((..((((((((((.(((((((..((.....))..)).)))))).)))))).))))..))))).)))))).))).)).))..)).....))))))))).....))))...	144	40.70	-40.60	2.00	0.00
46	33	PC-3p-34032_37	CCTCTCCTCTTGATCTACACC	21	chr8	-	12332557	12332676	gtggattctaagaaaaggtgtagattaagaggagggggactgaatcactaactatgatttccttatttcatgattcagtcCCTCTCCTCTTGATCTACACCtttttttggaatccgccac	3'	((.....((((.....))))....)))...)	117	40.80	-81.60	6.67	5.67
47	34	PC-3p-60924_16	ATCTACTATTGCATCCTCCTTGCC	24	chr15	+	11475169	11475289	cactcactagatatgatatatttggccgagaatgtaacagatggattagtttaccaactaaaaattggtatttcccacgATCTACTATTGCATCCTCCTTGCCttttccaatttgtggttt	3'	...((((.((((..((.....(((.(((.((((((.((.(.(((((.....((((((.....))))))).....)))))))).))))))).))))...)))...)).))))))))....	115	36.40	-23.60	3.33	2.00
48	35	PC-5p-23876_57	CATTAGCATGGGATAACA	18	chr10	-	12355174	12355248	aaCATTAGCATGGGATGACAtatcctatggaaataatattttatgatatctatatcctatcccctctaatcca	5'	...(((((...(((((((.....(((.(((((((((....)))))).))).))).)).)))))))).))))...	69	30.70	-15.20	15.33	16.67
49	36	PC-3p-91132_8	TTTTCCTTTCCCTTTTGTCATT	22	chr15	+	17283397	17283504	atagaaatgtgacagaaaggaatgggaaatgctaaaattggttgaggagaggagtgcattttaaagtaattttagcaTTTTCCTTTCCCTTTTGTCATTgtttcaaa	3'	...(((..(((((((((.((((.((((((((((((((...((((..((((.....))))....)))))))))))))))))))))).))))..))))))))...))...	102	32.40	-35.60	4.33	0.00
50	37	PC-5p-138007_5	TATCCCATCACTTATCCTATC	21	chr8	+	9244779	9244874	tggtgggataggataagtTATCCCATCACTTATCCTATCctatgttcaatcaaacataggataagataagtggtgtgatatattatccacccattt	5'	..(((((...((((((..((((.((((((((((.(((((((((.....)))))))))))).))))))))))).))))..)))))).))))))..	92	35.40	-47.70	1.67	0.00
51	38	PC-5p-80605_10	TTCGCAGGAGAGATGACGCCGT	22	chr6	-	3976445	3976556	aagatgcagagaaaggttctcTTCGCAGGAGAGATGACGCCGTcgcccatgtccattcgagggctaggcgccagcatcatttctcctgcataggaaacctttcatgtgtaaa	5'	...(..((..((((((((..((..((((((((((((.((...((((...((((.....))))..))))...)).)))))))))))..))..))))))))..))..)...	106	50.90	-55.30	5.00	0.00
52	39	PC-5p-134561_5	TTGGGTCATGGTGGGGTGGGCAT	23	chr18	+	2835146	2835225	TTGGGTCATGGTGGGGTGGGCATcttttcttggccaagagggtccctttcctagtaaaggccctacctccatcacttcc	5'	...(((.((((.(((((((((..((((.((.((...(((((...)))))))).)).)))))))).)))))))).)))...)).	74	55.00	-28.80	0.00	1.67
53	40	PC-3p-119988_5	TTGGAACTAGCTGTCCTGTGT	21	chr8	-	13922396	13922496	caggacaattagtccaaagaaaatagtcaaacaagtttcagaatattatttaaattacctaggaaaacttgactatattcTTGGGACTAGCTGTCCTGTGT	3'	(((((((..((((((.(((((.(((((((.....((((((...(((.....)))...)).)))...)))))))).)))))..)))))))...)	98	32.70	-35.90	1.67	0.00

54	41	PC-3p-9116_157	GTTGGAAGCCGGTGGGGGATC	21	chr19	-	18881314	18881409	gagaagttgtcaacctccctcaaaggcttccaattttcctgactgattatcgaggttggaaaGTTGGAAGCCGGTGGGGGACCttgaaagcttacc	3'	...(((((.((((..(((((((..(((((((((((((((.((((.....))))))))))))))))))..))))))..)))).)))))...	90	49.00	-48.60	39.17	20.33
55	42	PC-3p-61744_16	TTGGTTGCATGGTAAAGGACAAGC	24	chr3	-	16595520	16595630	ccttgcttgtctagtaaatgagaagcaacaaggtgatgcacttggttatttggaaaagaacaagcaagaaggtgatgcacTTGGTTGCTTGGTAAAGGACAAGCaaggagg	3'	((((((((((((..((.....(((((((.(((((...(((((..((..((.....)))..))..)))))...)))))).)))))))..))..))))))))))))...	108	43.20	-43	1.67	3.67
56	43	PC-3p-76142_11	TATCATGCACTCTAACACCCTCCC	24	chr13	+	5489810	5489901	caaacctaacgtgaggaagggtgttagagtacatgatacattatggtccaaagtgcaTATCATGCACTCTAACACCCTCCCtcacaggtggc	3'	...((((...((((((.(((((((((((((.(((((((((((.((...)).)))).))))))).))))))))))))).))))))))))......	86	46.70	-46.20	3.67	0.00
57	44	PC-3p-16823_83	CATGCCATGATTGCCAGCCCTCTCT	25	chr4	-	6410343	6410466	agaaaaacttaaagcaaaaaggagatagaaagagagggggtggcatgccgtcaggcacaactacgaacagtggCATGCCATGATTGCCAGCCCTCTCTtcctctttttcaatttatgttttagc	3'	...(((((.((((..(((((((((...(.(((((((((.(((((....(((((((((...((((.....))))..)))).))))))))).))))))))))))))))))...)))).))))...	118	43.50	-48.80	19.67	8.00
58	45	PC-5p-11578_123	TACATCTCCAATCAGCGGCT	20	chr10	-	16154731	16154840	ccttaaaatcTACATCTCCAATTAGCGGCTaaaataagcaaatccaaattctgtgatggaagaaaattggatttgcttatctcagccgctgattgaagatatagatttta	5'	...(((((((((.((((.((((((((((((...((((((((((((((((.(((.....))))..)))))))))))))))...))))))))))))).))))).)))))))))	107	33.60	-52.90	47.00	12.33
59	46	PC-3p-8737_164	TCTCATCGGAAGAGCCAGAAG	21	chr2	-	6723747	6723817	aaaaaactaactttaggttgtacccgtgaaagccaaattccTCTCATCGGAAGAGCCTGAAGttgtttggc	3'	...((((.(((((((((((((....((((((.((.....)).)))).)))...))))))))))))))......	65	42.30	-20.50	35.33	19.33
60	47	PC-3p-19446_71	CCCGTTGAGTTCTTAACA	18	chr13	-	17639435	17639554	atgaataaagttgtcgacatgaaagcataagaactcaatggtacccacccccttctttggctctaattcgagagggaaggtCCCGTTGAGTTCTTAATAatcataagatttattattcgtata	3'	((((((((((((.....((((.....((((((((((((((.((((..(((((((..(((....)))...))).))))..))))).))))))))))))....))))..))))))))))))...	117	37.50	-40.90	69.50	90.67
61	48	PC-5p-95613_7	TAGGTTTAGGACTGTAGCTGC	21	chr19	-	7078787	7078903	tcaggtttgcttgtggtttgtctactttttcaaTAGGTTTAGGTCTGTAGCTGCcatcttaatagtgtagtgatttgcctctaaacttggtggatggtgcaatctagcaatctctg	5'	.((((.(((((..((..(..((((((.....((((((((((..((..((((...((....)).)))).))..)))..)))))))))))))..).)....)))))).).)))	116	40.20	-26.70	2.33	0.00
62	49	PC-3p-140810_5	ATTCACAGAAATCCTTTTCATC	22	chr1	-	15375974	15376057	tcaggtgaaaatttggtgagggtacctggtcaataagaagagtcttccaaaattgacgcCTTCACAGAAATCCTTTTCATCact	3'	...(((((((((..(((((((.....((((((..(((...)))....)))))))))))))..))....))))))))...	78	40.50	-23.50	1.67	0.00
63	50	PC-3p-122364_5	CCTGTCCCAAACTCGTCCC	19	chr2	-	17933800	17933860	ataaacgaggtagggttgggatgggggtgactcgtaCCTGTCCCAAACTCGCCCCgttgcc	3'	...((((.((..((.((((((..((..((...)).)).))))))).))..)).)))...	55	59.00	-26.20	1.67	0.00
64	51	PC-3p-73552_12	TAGTGAACCTGATGGCGTGTG	21	chr10	-	18093417	18093516	cgttactctcgcacgcttatcaggaggcacctcttgacgagtcgtgattcaatgcatgatgtcgtgtcaTAGTGAACTTGATGGCGTGTGagtggtgttt	3'	...(((((((((((((.((((((...(((....(((((.((((((.....))))))....)))))..)))..)))))))))))))).))))...	94	49.00	-37.30	7.67	0.00
65	52	PC-3p-122994_5	CATTTATGGGTGCTGCTCT	19	chr6	+	793656	793715	catgacagcgcctcaccggttttttgtttctactaaCATTTATGGGTGCTGCTGTcctt	3'	...(((((((...((((..(.....(((.....))))).....).)..)))).))))))...	54	45.00	-15.50	1.67	0.00
66	53	PC-3p-130465_5	CTCACATTCCTCTAGCTTT	19	chr10	-	13167546	13167663	tcatccatcctgatcaagcctccactgatcttgtgtctaagaaatgtgatctccatctgagcaaaCTCACATTTCTCTAGCTTTacataaatcctgtgctccctcagtcgctggaaca	3'	...((((...((((..((....(((.(((.(((((((((((((((((((.(((.....))).....)))))))))).))))....)))))))))..)))....))..)))).))))....	112	44.10	-25.90	0.00	1.67

67	54	PC-3p-21754_63	CTTGGATGTCTGAGATCT	18	chr7	-	18075226	18075329	ttgtttctcaaaacattcgcagtagccgcctaagagctttcgcccttgccaggcttgagagtttgtgctgctaatccttcCTTGGATGTCTGAGATCTcaattg	3'	(((..(((((..(((((((.(((((((.((....(((((((((.....)))..)))))))..)).)))).....))))))))).)))))...))...	101	47.10	-27.80	39.00	26.67
68	55	PC-5p-63624_15	CTTTGTTCTTTCCCGCCTCTC	21	chr8	+	13308239	13308313	cCTTTGTTCTTTTCCGCCTCTCagaatccaaacagatgagcatgaagggataaggcaacaaaaagagaacgaaca	5'	..(((((((((((..((((.....((((...((.....))...)))).)))).....))))))))))..	71	42.70	-15.40	5.00	0.00
69	56	PC-5p-11177_128	TGTAAACATCCTACACTCA	19	chr15	-	15295125	15295199	cgTGTAAACATCCTCCACTCAaatgtgttacttctctgtctctctccggagttcatatgaggcatgatttactgg	5'	...(((((((((((.....(((((.....(((((.....)))))..)))))))))).))).))))...	69	44.00	-15.50	23.67	63.00
70	57	PC-5p-5090_288	TTGCTGAGAGAGTCGTCTGCC	21	chr9	-	19105561	19105665	tccatggctgcctctttcttctcaTTGCTGAGAGAGTCGTCTGCCtcttgtgaaagattcagaggcagatgaccctatcagaaatgaaaaggaagacaccgttgc	5'	...((((.((..(((((((((.(((((.((((.((.(((((((((((.....)))))))))))))).)).))))).)))))).))))))))))...	99	47.60	-45.70	54.67	41.33
71	58	PC-3p-96328_7	TTGTTTATTCATCCGTTCTTC	21	chr18	-	9857999	9858108	aagtggttggatggtaggaaaaatatttacggtgttcagaggtttggtaataaatacaaagacttttgagactttgacttTTGTTTATTCATCCGTTCTTCtcccttctt	3'	(((.((..((((((...(((((((((.(((..((.((((((((((((.(((.....)))..)))))))))))))..)))....)))))).)))..)))))))....)))))...	107	34.50	-23.60	0.00	2.33
72	59	PC-3p-71301_12	TCTCCTATTGTTAATGTTCCCATC	24	chr4	-	7710623	7710725	aaatagatgggaatggtagtagtaggagagacttgaacttgagtttggttaactagaggtctcaaattcgagttTCTCCTATTGTTAATGTTCCCATCtactt	3'	...(((((((((((..((..(((((((((((((((((.((((((((((....)))))...)))))..))))))))))))))))..))..))))))))))...	97	36.90	-51.30	2.33	1.67
73	60	PC-5p-141637_5	AACCGAAGGCCCTGCAGATA	20	chr11	-	4929693	4929764	gaAACCGAAGGCCCTGCAGATAtcgatcttgacaccgccggtgaacactatttcatctgcaccgtcggtagc	5'	...(((((.((...(((((((...(((..((.((((...))))..))..)))..)))))))))..)))))...	66	54.20	-20.60	1.67	0.00
74	61	PC-3p-127209_5	TTGAACAGCCAGCTCACTT	19	chr19	+	17223494	17223551	attgagtggcaagcatgttcaacggtcatgtgaccgTTGAACAGCCAGCTCACTTtta	3'	...(((((((..((.((((((((((((....)))))))))))))..)).)))))...	52	46.60	-30.40	0.00	1.67
75	62	PC-5p-6505_222	CTCTCTGCTACCGTCATTCTGC	22	chr9	+	19106855	19106957	aatactgtatcttccttttgCTCTCTGCTACCGTCATTCTGCctctgaatccttcacaagaggcagatgactttagcagaaagtatgagaaagagacagtcat	5'	...(((((.((((.((..((((.(((((((..((((.(((((((((((.....)))))))))))))..))))))))..))).))))..)).))))..)))))...	97	41.70	-46.70	46.00	34.00
76	63	PC-3p-50488_21	TGCCCGATGATGGAAAACTT	20	chr18	-	19861063	19861164	actgttttcttgcatgcagtcctctcttattataggtgtatcctgatttttcagtcgacaataatatcaatatgaacatcTGCCCGATGATGGAAAACTTat	3'	...(((((((..(((((((.....((.(((((((..(((...(((((....))))...)))....))).)))).)).)...)))...))).)))))))....	95	35.30	-20.20	13.67	6.67
77	64	PC-3p-144375_5	TTATCCCATGCTAATGTTT	19	chr12	+	2656235	2656324	tttggttggccagattagataaggatatagatacccctaagatattatttatgtaaaatatcTTATCCCATACTAATGTTTggatgcctca	3'	...(((...(((((((((....(((((.(((((.....((((.....))))....)))))))))....)))..))))))..)))....	84	31.10	-18.20	0.00	1.67
78	65	PC-3p-31125_41	TTATCCCATCACCAACCAAACATG	24	chr10	+	9101238	9101334	acttatcatatcccatatatggttgaatataggataggataagtgatgtgataacttatcTTATCCCATCACCAACCAAACATGggatatgatataa	3'	...(((((((((((((...((((((...((.(((((((((((((.....)))))))))))))).))...))))))...))))))))))))...	91	32.00	-43.20	4.67	3.17
79	66	PC-5p-114918_6	AGACAAGAGAAGTTTATTTGG	21	chr15	+	4788593	4788680	ccggAGACAAGAGAAGTTTATTTGGaaattggtcttgggtaagtttccttcgtattccccattctttcaaatttctcgttgtttttca	5'	...(((((((((((((((....((((...((....(((.....))).....)).....))))...)))))))))).)))))...	82	37.50	-20.90	0.00	2.00
80	67	PC-5p-32453_39	AGGTTGAACCAGACACAGT	19	chr14	+	24665510	24665611	gccccttttttaaAGGTTGAACCAGACATAGTcaggtgtctaccatatatttcattggtagggactgttacatgtctggcaaagaaaagaaagagaaggaaa	5'	...(((((((.....((...(((((((((.((..(((..((((((.....)))))))..)))...))))))))).....)))....)).....)))))))...	96	39.20	-30.60	6.33	6.67

81	68	PC-5p-143307_5	CCTCGTGTCAAAAGTAGGAGT	21	chr17	-	15734774	15734856	gaagcattagtaaGCTCGTGTCAAAAGTAGGAGTaggcgagagtgggctctctatagtagatggaagtggaacaacatgcaaa	5'	...((((..((..(((...(((....(((((((..(((.....))..))))..))))....)))...)))...)))...))))....	77	44.60	-18.20	1.67	0.00
82	69	PC-5p-65472_14	CTTTTTGCTCTGGTGTCCGGG	21	chr14	-	28290048	28290123	gtcggccTTTTTTGCTCTGGTGTCCGGGGtacctaggcttgagcctgcgcggcgacgccggacaacgcaaagtctta	5'	...(((....(((((((((((((((.((....((((.....)))))).)))..))))))))....))))))))...	70	60.50	-26.70	4.67	0.00
83	70	PC-5p-11915_120	ATTTTCTGATGACCACCTTCC	21	chr18	-	21789105	21789191	ATTTTCTGAAGACCACCTTCCaagggactttgagtttccttcttatgagttaacttatttccattgggatggatactctttagaatc	5'	...(((((((((...(((((((((.(((...((((((.....))))..))))))..))).))))))).)).....))))))))..	82	36.80	-27.60	27.67	14.00
84	71	PC-5p-80402_10	TCTGTTTTGATGGTTGGGATC	21	chr13	+	2130119	2130224	taattTCTGTTTTGATGGTTGGGATCaagaagagagtttgtttgaagatgatattttatcctttaaaatgaaccctcttatggatcccaaccatcaaaacagaaaa	5'	...((((((((((((((((((((...(((((.(((..((((((((((....)))).))))..)))..))).)))))...))))))))))))))))))).	102	32.10	-55.40	1.67	1.67
85	72	PC-5p-17841_78	TTCGGTGGAAAGGTCTGATGC	21	chr13	+	21592664	21592747	ttctcaaTTCGGTGGAAAGTTCTGATGCaagcggctcgttggacttccaacaagttcaaaagaaattgacagacgagttgacag	5'	...(((((((.((..((.((((..((.....(((.(((((....)))))).)))..))..))))..))..))..)))))))...	78	44.00	-21.90	17.33	10.33
86	73	PC-3p-52603_20	TTCTATCGTCATCCTTCCTTG	21	chr6	+	1348652	1348753	ttcttttcatcaaggaaggatgccgatagagaagaagaggaaccaagttccaaaatttgtttcctcttttTTCTATCGTCATCCTTCCTTGatgggaaagc	3'	...((..((((((((((((((.((((((((((((((((((((.((((((....))))))..))))))))))))))))))))).))))))))))))))..))...	96	39.20	-62.70	6.67	0.00
87	74	PC-3p-52126_20	TCCGTTGTAGTCTAGTTGTTT	21	chr5	-	9578488	9578580	ataggtacaccaattggggacaaatcaaatggcattgttgctggggattgaatcctaccatTCCGTTGTAGTCTAGTTGGTTaagatactcag	3'	...((((.((((((((((.((((....(((((.....(((((.....)))))))))...))))..)))))))))).....))))...	87	41.90	-22	4.00	6.00
88	75	PC-3p-34676_36	ATAATCTGGATTCTACGGTGT	21	chr5	-	20704697	20704801	tccattgtcgacgtcgtgaagccagtttttatcgtaatagtgttttggatgcacgtatcattccatatttgcaATAATCTGGATTCTACGGTGTtgctcgattag	3'	...((((.((((..((((((.((((...((((.((((.(((.....(((((....)))).....)))..)))).)))).))))).))).))).))))......	99	40.00	-25.10	9.00	3.00
89	76	PC-3p-96117_7	CGGAGAGTAAACATGAATC	19	chr3	+	17945827	17945895	caaatttctcatttatttattattttcctttacctagaGGGAGAGTAAACATGAATCcagagaaataag	3'	...(((((((((((((...(((((((((((.....)))))))))))..))))))...)))))))....	63	29.00	-19	2.33	0.00
90	77	PC-5p-136812_5	TCATTTGAAACTTGTGGAAGCGCC	24	chr8	-	1084841	1084910	caatTCATTTGAAACTTGTGGAAGCGCCttggtaatatgtgcaggtgctactaatgtttttcttgagatt	5'	...((((...(((((...(((.(((((((..(((.....)))))))))).))).))))).....))))....	64	37.10	-19.20	1.67	0.00
91	78	PC-3p-75190_11	TGGTTGGTTCATACAAGTAGC	21	chr10	+	4749425	4749498	cacctactagtcaaagccaccattgaagtatatcttatcctctagttcaaaTGGTTGGTTCATACAAGTAGCta	3'	...(((((.((...((((((((((((.((.(((.....))).))).))))))).))))...)).)))))...	68	37.80	-17.30	3.67	0.00
92	79	PC-3p-20043_69	GTTGGAAGTCGGTGGGGGACC	21	chr19	-	18872656	18872775	agagagtaaatggggaagttgtcaacctccctcaaaggcttccaattttcctggctgattatcaaggtttggataGTTGGAAGTCGGTGGGGGACCttgaaagcttaccccagaatcaat	3'	...((.....(((((((((.((((..(((((((..(((((((((.((((..(((.....)))..)))..))).))))))))..)))))))..)))).)))))..)))))..))...	114	45.80	-55.40	6.67	5.67
93	80	PC-3p-131526_5	TCTCTTCCTTGGTTTCTTT	19	chr14	-	29792047	29792119	tctaggaaataaaggagccaggtttacagatctattaagcagtttgttttgaTCTCTTCCTTTGTTTCTTTtg	3'	...(((((((((((((..(((((.((((((.....))))))...)))))).))))))))))))...	67	34.20	-19	1.67	0.00
94	81	PC-5p-122411_5	AATAGTAAAGTTGACAAGGCATGC	24	chr6	-	19602810	19602876	aAATAGTAAAGTTGACAAGGCATGCctcttcaataaggtgcatgtcttggcaagcaagttgctacaa	5'	...((((((.(((..((((((((((..(((....))).....))))))))))...)))...))))))....	61	40.30	-22.30	0.00	1.67

95	82	PC-3p-14796_95	AGATGATCGTACCTAGCCTCC	21	chr12	+	13155939	13156027	acatcatatatgggtggttatatgcgaaagaagtagttgctacctcagttctagcaAGATGATCGTACCTAGCCTCCtacctttgaata	3'	...(((....((((.(((((..(((((.....((..((((((.....)))))).))..)))))..)))))..)))))....)))....	83	40.40	-21	19.00	12.67
96	83	PC-3p-46946_24	ACGGGCCGGGCCGGGCCGGGA	21	chr4	-	22551044	22551105	ccagctcgggccggacctatgggcccgttgactggtcaACGGGCCGGGCCGGGCCGGGCcat	3'	...((((((.((((.(((...((((((((((....))))))))))))))))).))))))....	56	75.80	-45.30	0.00	8.00
97	84	PC-3p-68241_13	TATTACTTTTGGTACGCG	18	chr14	+	3085442	3085512	ttcggttcgtgattccattgtaatcattgggtcttggtctattactTATTACTTTTGGTTCGCGtttcact	3'	...((..(((((..(((..(((((...((((.....)))).....)))))...))).)))))..))...	65	38.00	-16.40	0.00	6.00
98	85	PC-5p-116590_6	CACCATCCAAGCCAACGCC	19	chr15	+	2656300	2656398	CACCATCCAAGCCAACGCTtgatgctaatgatggtgcccgctgatgatggagatgtagcgatgagcaccagtggagattaagacgttgtgaagatgatg	5'	...((((...(.((((((((((.((.....((((((.(((((.....)))))....)))))))....)))))))).)))))))...)))...	93	49.50	-28.70	0.00	2.00
99	86	PC-5p-111285_6	CCAATCGTTGGCTCTGTAAC	20	chr1	+	4942494	4942596	tttCCAATCGTTGGCTCTGTAACatttgtatttattctttgaatgatcatgaacccattatagttgttaagaattgataaaatagaatatgcttttgattggt	5'	...(((((((..((((((((....(((((....((((((..((..(..(..((((.....))))..)..)))))))))..)))))))....)))..)))))))).	99	28.20	-21.20	0.00	2.00
100	87	PC-5p-27343_49	CATAGTAGCTGTCCTGGTTCC	21	chr16	+	9102547	9102643	tCATAGTAGCTGTCCTGGTTCCctgcgctgctagggataattgtggcatctagtagtaaggcaattgaaactgagggagctagaaagacactaccgg	5'	.....((((.((((((((((((((((((((((((..((....))...)))))))))...)).....)))))))))))))...))))))...	89	48.50	-31.40	12.00	14.33
101	88	PC-5p-139819_5	TTAGAGAGAAAAAAGAAAAAGAGTC	24	chr14	-	6561003	6561086	agTTAGAGAGAAAAAGAAAAAGAGTCactgaatttttgaagttaaagagaagaaaaacgctgatttcttttcttctctttactg	5'	((.(((((((((...((((((..(((((((...((((((....)))))))..)).....)))))..))))))))))))))).	83	29.80	-17.40	1.67	0.00
102	89	PC-5p-147830_5	TGGGAAAGTGAGGGAGACAC	20	chr5	+	17965153	17965279	gctttgatcagttgtttgtttggtttcTGGGAAAGTGAGGGAGACACcccaaaaaagaaggattttggagctttctttttgagtaatcttacattttctgggaaaccaaaacagtttatctggttgata	5'	...(..(((((....((((((((((((..(((((((.(((...((...(((((((((.....)))))))))..))..))..))).)))))))..))))))))))))...))))).)..	122	37.00	-45.80	0.00	1.67
103	90	PC-5p-91126_8	CAAAAATGGAACCTCGGTTAC	21	chr4	+	17944615	17944736	ttgccattggaaaaacttaggctaaTAAAAATGGAACCTCGGTTACaaaagaaacttctttgactatgaggagattgtaatgggttctttgttgtacccactaagtccttgtcagtggaag	5'	...(((((((....((((((....((((....((((((..((((((((.....((((((.....)))))).))))))))))))))...))))).....)))))).....))))))...)).	116	38.50	-31.40	2.67	0.00
104	91	PC-5p-38584_31	TGATTTGAGGGGTCGACATGA	21	chr18	+	7181140	7181228	aataTGATTTGAGGGGTCGACATGAtttggattgaatgagtattcattagcactatattcaaaggtgggagactaggtacaatcatctt	5'	...(((((((...((((..(((..(((((((..((((.....))))).....)))))))..)))...))))...)).)))))...	83	36.00	-15.80	12.00	0.00
105	92	PC-3p-71720_12	CAACACCAATTCCTTCGTC	19	chr3	+	8169669	8169740	gcccgactcatgaaggcaattggttggccttgttaggtgagtaCAACACCAATTCCTTCTTCagaggcgtca	3'	(((...((...(((((.(((((((((..((..(...)..))..))..)))))))))))...)).)))....	68	50.00	-21.10	4.00	0.00
106	93	PC-3p-48756_22	TTTTCCCCACTTTTTGCTGTA	21	chr7	+	7587142	7587271	cttaatctaaccacagacaacaagggatctagtaacttagagggggagagaggtaaaggaaaagaaggcgcccctaaatTTTTCCCCACTTTTTGCTGCAttcccctccatactgtgggatagcttataa	3'	..(((.(((.((((((.....(((((..((((((...(((.(((((((((((..((..((.....)).)).))..))))))))).))))))))))...)))))).....))))))).))).))...	125	43.80	-39.30	7.33	0.00
107	94	PC-3p-112007_6	ACGAACAGTTCATACTTATATAGC	24	chr7	-	6843331	6843436	cgctcccaactgtatagatattgtctgctttgaacccaaatgggtttgaatttaaaacgcgtctacagggttACGAAGAGTTCATACTTATATAGCgttaggaact	3'	...(((...(((((((..(((...((.((((((((((..(((.(((((.....)))).).))).....)))))).)))))))...)))..))))))).....)))...	100	39.60	-24.70	2.00	0.00

108	95	PC-3p-96406_7	GATTTGATTTCTCGTACAC	19	chr14	+	1001624	1001737	ccatttccgaacacctcatagcgttttcagggcatccgaggattcgatcatttatgtatGATTTGATTTCTCGTACACtgccccttctaatgctaatgggtttcgaagaaaaaa	3'	...(((((((((.((((..(((((((....(((((..(((((.(((((((((.....)))).)))).)))))).....))))))).))))))))..))))...)	108	41.20	-36.20	0.00	2.33
109	96	PC-3p-20044_69	TTGGGTGGGTGGGGCGTGAAG	21	chr18	+	12307093	12307199	tggtgttatttcattttcctacattttctcagaaacaaaaggaatgcctaaaaagtatttgttttgcattatttttggTTGGGTGGGTGGGGCGTGAAGgaacagaa	3'	...((((..(((((..((((((.....((((....(((((..(((((..(((.....)))))))))..)))))).))))...))))))).)))))..))))....	101	36.40	-22.50	24.00	4.67
110	97	PC-5p-61596_16	GGGGCTGGTGAGCTGGCTC	19	chr10	-	17396352	17396447	tttgctttttttGGGGGTGGTGAGCTGGCTCttacagttatctcagtcaacataaagctgtctcttctcaccatccccactctcacttaaagcgcg	5'	...(((((..((((((((((((..(((.((((((..((((.....)))).)))))..)))....))))))))))))).....)))))...	90	46.90	-31.30	3.33	2.00
111	98	PC-3p-120140_5	TTCCCGATGAGTAACTAAACT	21	chr18	-	12759767	12759836	ctcgactttagggacttagaggggtgctacggtctttaccgtaccTTCCCGATAAGTAACTAAACTccg	3'	...((.(((((..(((((..(((...((((((....)))))))...)))))..)))))..)))))..))....	64	50.00	-25.80	0.00	1.67
112	99	PC-5p-99743_7	CGACACACGGGATTCTCAGG	20	chr18	+	28507191	28507336	gggcgatttttcgcaaaaaatcggcgatatatcgccgataaatcggCGACACACGGGATTCTCAGGcgatttttttcataaaatcgcctatttatcctgtgtcgccgatatatcgccgatttttttggcgatttttttgcgaaaaatcg	5'	...(((((((((((((((((((.(((...((((.(((((.(((((((((((((..((((....((((((((((.....)))))))))))....))))))))))))))))))).))))).))))...))).)))))))))))))))))))	143	43.20	-83.30	0.00	2.33
113	100	PC-5p-122833_5	AAAATGGCTGAAAAGAAACGA	21	chr1	-	2083462	2083568	gccgagAAAATGGCTGAAAAGAAACGAagagacgagttggaatattgcaacagtaaacataagtttccaacttgtaattttattttctttttcctcattttctcagt	5'	...((((((((((..((((((((((..((((.((((((((((((..((((....))))).....)))))))))))))).....))))...))))))))))).))))))))...	101	33.60	-34.30	0.00	1.67
114	101	PC-3p-147903_5	CTTCAGCCCTGCTTCCCATCC	21	chr13	-	24240697	24240858	gtcttaaacttctagagatctcagacatgaaaggagtagtcagggtgggtggtgagttttatgggaactcctcttttcaCTTCAGCCCTCCTTCCCATCCctgtaaactatatcattttgtaatgtccaattgggagaaatggttatgtcgtggaggcata	3'	(((((..((..((....(((((((((((((.((((((((((((((..(((((((((.....)))).)..)..)..))))..)))).)))...)))))....)))))....)))....)))))...	159	42.60	-39.80	3.33	0.00
115	102	PC-5p-78206_11	CTTCTTTTCTCTGCAGGTC	19	chr9	+	162848	162942	CTTCTTTTCTCTGCAGTTCgtggtggtagagatgatagttatagtctgaagaatctctgaaatttgtactactgaccagctaatgggagagggca	5'	..(((((((((...((((.((((((((((.((((..((((.....((....)).....)))..)))).))))))).)).))))...)))))))))..	91	42.10	-25.60	3.67	0.00
116	103	PC-5p-46731_24	CAAAGCCCTTTTTCTTTCT	19	chr12	-	19356613	19356746	actgttgctagcccattgagcctcacgtggtacgtTAAAGCCCTTTTTCTTTCTtatagcttggattaccatttctacactcgggttggggccctttgatgtatatgcatgcttagccttcatgagctttagac	5'	...(((...(((.(((..((..((((((((((((((((((...(((.....(((..(((....))))...))).....))))..))))))))))...))))...)).))..))).))))...)))	131	44.80	-30.70	6.33	3.67
117	104	PC-3p-109913_6	TGTTTGGTCCCCGAAAAGTGC	21	chr4	-	8883412	8883502	ctattttttctctctcaatttttggaaaaccaaacatagcctaggttaTGTTTGGTTCCCGAAAAGTGCtaaagaaagaaaaaaaata	3'	...(((((((((.(((..((((((((((..((((((((((((((...)))))))))))))).))))))))).... .))).))))))))...	85	29.70	-34.30	0.00	2.00
118	105	PC-3p-10093_142	CAAATCAACTGCGACATTC	19	chr19	+	7868063	7868140	aaagtgtcagccgttaagtgttgcagttcagccccaaatttcttacggctgatctgtgtCAAATCAACTGCGACATTCt	3'	..((((((.((.(((...((..((((.((((((..... .....))))))).))))..)).....))).)))))))..	74	44.90	-24.50	59.67	24.00
119	106	PC-5p-143805_5	TTTGGAGACCTAGAGAGTTT	20	chr12	-	13596948	13597020	acttTTTGGAGACCTAGGGAGTTTttggatccacaacatgactttagcgacaccctaggtttctccaaagttt	5'	(((((..((((((((((((.((..((..(..((.....)))..)..))..)).))))))))))))..))))))..	71	42.50	-25.60	1.67	0.00

120	107	PC-3p-136919_5	TTTGTTGGTGTGTTTTGTG	19	chr14	-	2606648	2606763	atcttcttgaggagcacagatgggccaacgagtcaatcaccgcgcttcttttggtgggttgtttatgttttgattggtttTTTGTTGGTGGGTTTTGTGaatttgattgagatgac	3'	.((.(((..(....((((((...((((((((((((((((.((((......)))))))............))))))...)))))))))....)))))).......)..))).)).	114	42.20	-30	1.67	0.00
121	108	PC-5p-64549_14	CATTTGGGATTGCACGGGGGC	21	chr3	-	8219281	8219349	tggCATTTGGGATTGCACGGGGGCtcatccactgtgatatcaagccccaaaatgtactcctggatgatt	5'	...((((..(((.((((..((((((.(((......)))....))))))....)))).)))..))))...	63	49.30	-25.90	4.67	0.00
122	109	PC-5p-42500_27	TTGGTTGCCGAGAAAACGCAGT	22	chr6	-	15444588	15444693	ctgtTTGGTTGCCGAGAAAACTCAGTaaaaagacaacaaacaaggggagttcaagtttggaacttttcttgtttttcatctgggttttctctgtacaaccgaaac	5'	...((((((((..((((((((((((...(((((......(((((..((((((.......))))))..))))))))))...))))))))))))....)))))))))..	101	38.70	-40.50	6.33	2.67
123	110	PC-3p-77380_11	TAGTAGCGCAGATGGTACCAG	21	chr1	+	9293531	9293684	cccaggattcgaacttgggtccatgccttaaggacctttagtgtgccctcctggtaccatctgcgctagggaggccactcTAGTAGCGCAGATGGTACCAGgagggcacactaaaggtccttaaggcatggacccaagttcgaatcctggggag	3'	((.((((....))))..))...	151	55.80	-153.90	1.67	2.00
124	111	PC-3p-33143_38	TTTTTGAACTTTGGGCTGGGC	21	chr11	+	16332568	16332664	tggaattaatttgggcttggatgaaatggggtttaaaagaaaaatgggaattagttattgggTTTTTGAACTTTGGGCTGGGCttgagtggattggt	3'	...(((..(((..((((..(......(..((((((((((...((((.........))))...))))))))))..)..)..))))..)))..)))...	91	38.10	-23	14.00	7.67
125	112	PC-3p-53052_20	CAATCAAAACCGTAGTCACCAACT	24	chr19	-	18352784	18352908	tgtctacgccacgtaaattgccacgtcataaaaccgtagttggtaactatggttttatttttaaaaaCAATCAAAACCGTAGTCACCAACCacgattttaactttaagtttaaaaccgtagttt	3'	...(((((.....((((((.....((..(((((.(((.(((((((.((((((((((((((.((....)).))).)))))))))))).)))))).))).)))))))....)))))))....)))))..	119	33.60	-32.60	6.00	2.33
126	113	PC-3p-48690_22	TGGGCCGGATACCAGAGTGGC	21	chr19	+	15593975	15594043	gttgggacgtcatttgtttgtttggccctggtcagccgcaTGGGCCGGATACCAGAGTGGCctccccag	3'	...((((.(((((((...(((..((((((((....))).. ..)))))..)))...))))))).))))...	63	60.90	-31.10	4.00	3.33
127	114	PC-3p-132433_5	TACATTGGGCTCTCTTCTTC	20	chr4	-	2265841	2265943	gatgtagggagtagaatgcagccaaggatgacttgccggagatggggcattcctcgttaatccggcaagttgtccttggcTACATTGGGCTCTCTTCTTCtca	3'	((...(((((((..((((.(((((((((..(((((((((((((((((....))))))))..))))))))))..)))))))))).))))..)))))))...))...	100	51.50	-62.50	1.67	0.00
128	115	PC-5p-97643_7	TGGGGGAGGTGTGAGTGGC	19	chr14	-	25707368	25707476	tgaggacattgtgacatttggatTGGCGGAGGTGTGAGTGGCtgccttgaaatcatccactttgtaacatcactactgcttgtccctatgagcatccactatgtccaat	5'	...((((((.(((.(((..((((..((((.((((((((((.((.........)).))))))....)))))....))))..)))))..)))......))).))))))...	103	45.90	-32.40	2.33	0.00
129	116	PC-5p-127847_5	AACCTTGCATAGAAATCAG	19	chr6	-	12673908	12673996	agatggaagaAACTTTGCATAGAAATCAGactgtttgggtagtaagaaaatcacctctcatgttgattgttgcgttgtcactaccaaga	5'	...(((.((..((..((((....((((((..((...((((..(......)..))))..))..))))))..))))..))..)).)))...	83	38.20	-18.50	0.00	1.67
130	117	PC-5p-15081_93	ATTGGCCATGTGACCGTTGGAGGC	24	chr4	+	8371668	8371752	ataATTGGCCATGTGACCGTTGGAGGCttagctccaacaatcacatgggctggagctaggctccaacggtcacatgactgatgga	5'	...((..(.(((((((((((((((.((((((((((....((....))..)))))))))))))))))))))))))).)..))...	79	51.80	-51.10	23.00	8.00
131	118	PC-3p-58285_17	ACTTGCTCAAATGACCCTCCCTTG	24	chr6	+	2634791	2634932	aggagattttagaagcttcctgcttttctatataagttccagggatggtcatttgagtaggttatgacacttatgtcacgACTTGCTCAAATGACCTTCCCTTGggtttatataggtgagtagaaagcttctagaaccttgg	3'	..(((.((((((((((((.((((((..(((((((((..(.(((((.((((((((((((((((((..(((((....)))))..)))))))))))))))))).))))).)..))))))))..))))))).))))))))))).))))..	138	40.10	-81.40	5.33	3.67

132	119	PC-5p-43111_27	TAGGCATAGAATTCTTCTTGG	21	chr6	+	9001424	9001544	attttcttttcttgtcttaagTAGGCATAGAATTCTTCTTGGtaaatggttctaatgaccttagggactgtgctaaagaaccaatcattgctttgcttattgacttcagaatagaaatcc	5'	...(((((.((((.(((.((((((((((..((....((((((((..(..(((((.....)))))..))))).))))).....))..))).).)))))))..)))...)))).))))...	115	33.90	-27.20	6.67	2.33
133	120	PC-3p-39331_30	CAACAATCATCTTCCCCACATCT	23	chr9	+	2983723	2983800	aatgatggaggggaaggtgggcagttgggtttcatctctaccattgaaattctCAACAATCATCTTCCCCACATCTct	3'	...((((..((((((((((...(((((((((((.....).....)))))..))))))..)))))))))))).)))).....	72	44.90	-32.30	6.00	4.00
134	121	PC-3p-23087_59	CCCGTTGAGTTCTTACGC	18	chr13	+	11908439	11908513	tattaagaactcaaccggaccttccctctcgaatcagagccaaagaggggatgggtCCCATTGAGTTCTTACGCt	3'	...(((((((((((..((((((..((((((.....))))))..))))))..))))))))))))....	68	49.30	-34.50	7.00	14.33
135	122	PC-5p-15384_92	ACAGAAATCTCGTGTGGA	18	chr18	-	19539101	19539173	TCAGAAATCTCGTGTGGAatgtgccgctcattgcgcccaattgaaggagctgcgtttgcacaaagatttcatc	5'	...(((((((.(((..((...(((.((((....((.....)...))))).)))))..)))..))))))...	67	47.90	-21.70	54.67	49.67
136	123	PC-5p-119769_5	TTTGTTTTGCACTGTCAG	18	chr2	+	5789926	5790022	ccatgagttgaactcctatgtTTTGTTTTGCACTGTCAGgttgttgggacacaaggatatgcagccccagaatatattgaaactggtcatctcactg	5'	...((((.(((..((.(((((((((..(((((.((((.(.((....))))...))))))))...))))))))..)).....))).))))...	91	43.30	-19.50	1.67	0.00
137	124	PC-5p-108199_6	TCTTATCCCATGTTTGGTTAG	21	chr7	+	4650141	4650240	ataacataTCTTATCCCATGTTTGGTTAGtaaggggatatgataaattatctcatcaattatattctatattcaaccaaacaagagataaaataggtagt	5'	...((.(((.((((((...((((((((((((..((((((((((.....)))))))))).)))).))))))))...)))))).))).))...	94	27.00	-23	0.00	2.00
138	125	PC-3p-141010_5	ATGTATGTGTGCATGTGCATGT	22	chr13	-	21633185	21633283	gtctatctgcgtgtttatgtgtgtacatatgcacatgtgtacttgtaagcaatgtgcatgcttggagGTGTATGTGTGCATGTGCATGTgagggtgaat	3'	...(((((((((((....(..((((((((((((..(((((((((....))).)))))).....)))))))))))))..)))))))..)))))...	93	43.40	-33.30	0.00	1.67
139	126	PC-5p-18924_74	TACATCTCCAATCAGCGGCTG	21	chr10	+	16111359	16111491	tgcaacatgtctttcaccatctccttaaaatcTGCATCTCCAATCAGCGGCTGagataagcatccaaattcaattttttttccgttatagaatttggagatgtagatttcaaggagatggtgagagacatgttc	5'	...(((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((((..((((.....))))..)))))...))..))))))))))))))))))))))))))))))))))))))).	129	38.30	-68.90	31.50	7.17
140	127	PC-5p-29589_44	TCCCAGGAGAGATGGCACCTGC	22	chr17	+	5927861	5927980	gagagggagggagggagggagggctggtgTCCCAGGAGAGATGGCACCTGCtttgagctgtgattgattaagcaggtttcatctccctgagacatcagatgctgctacttctaatcttcc	5'	..(((((..(((((..((.((..((((((((.((((.((((((..((((((((.....)))))))).).))))))))).))))))))...)).)).)))))..)))).	117	53.30	-55.40	7.67	7.00
141	128	PC-3p-9076_158	AGTCCACTGAACCTTATC	18	chr14	-	24704202	24704265	ttctaagagttcggtgaaatttcgtctacaatgttgtgagaAGTCCACTGAATCTTATCattta	3'	...(((((.(((((((..(((((.((.(((....))))))))))).)))))))))))).....	54	34.40	-15.60	331.33	233.00
142	129	PC-3p-126762_5	CGGATACCAGAGTGGCCTCCC	21	chr6	+	3382248	3382316	gttgggacgtcatttgtttgtttggccctgggcagccgcatgggcCGGATACCAGAGTGGCCTCCCcag	3'	...((((.(((((((...(((..(((((...((....)).)))))..)))...)))))))..))))...	63	62.30	-32.30	0.00	1.67
143	130	PC-3p-65258_14	TTTTCAAAGTCCTTTTCATCT	21	chr6	+	21013012	21013128	cttaatttcaaatgattaatttatttagaaaaatattttgaaaaaaatggtagttgataagtttccaccgaTTTTCAAAATCCTTTTCATCTagtgtagattatcatgaaattcat	3'	...(((((((..(((.(((((((..(((((((...(((((((...(((....((.....)).)))).)))))))))))...))))..)))...))))))))))))))))))...	111	22.20	-18.70	6.67	0.00
144	131	PC-5p-34991_36	ACATTTGATCTCTACTCCTTTCGC	24	chr11	+	14465647	14465730	tattctcgtttatACATTTGATCTCTACTCCTTTCGCtacattctataagtgtaagggtagaattttcagtttcccgaggaaa	5'	..((((((.....((((((..(((((.((((.((((.(.....)))).).))))))))....))))))....)))))..	80	34.50	-21.60	9.00	3.00
145	132	PC-3p-115334_6	TCCGGATGTGTACGCTCTGCCAGC	24	chr17	+	8127215	8127278	gatggctcatgcttactatccggatgtgttgtggagactaTCCGGATGTGTACGCTCTGCCAGC	3'	..((((....((.(((((((((((((.(((.....)))))))))))).).).).))...))))..	60	53.10	-26.90	2.00	0.00

146	133	PC-5p-118019_6	CTGGCTGTAAACTTAACTGT	20	chr16	-	17297492	17297586	tcaggtgaaaattCTGGCTGTGAACTTAACTGTggttaagttctttgttaatgcaactcaactactgttaagttcaggtcaaatatcttactgtg	5'	...(((((......(((((.((((((((((.((((((.(((....((((....)))))).)))))).))))))))))))))).......)))))...	89	35.80	-28.50	0.00	2.00
147	134	PC-5p-139659_5	CAAGGGTGCGGTACAAGTT	19	chr14	-	10482753	10482848	atgtgtgtagtacaagggtgcagtaCAAGGGTGCGGTACAAGTGttcagtacaagtactgtgcggtacaagtgtatagtacaagtactatacaagt	5'	...((((((((((....((((..((((...((((.((((((..(((.....))).....))))).))))...))))..)))))..))))))))))...	90	42.70	-34.80	1.67	0.00
148	135	PC-3p-140656_5	AGGCAGAATGACGGTAGCAGAGAG	24	chr9	-	19106816	19106918	atgactgtctctttctcatactttctgctaaagtcatctgcctcttgtgaaggattcagAGGCAGAATGACGGTAGCAGAGAGcaaaaggaagatacagtatt	3'	...(((((.(((((((....((((((((((..(((((((((((((((...........)))))))).))))))..))))))))))....))))))).))))))...	97	41.70	-49.70	0.00	1.67
149	136	PC-5p-116752_6	TAAGAACAAAAGAAAATTG	19	chr14	-	11299644	11299720	aataatggaaaTAAGAACAGAAGAAAATTGatgagctttactctaatatttctgctgtgtattttgggtccatttgt	5'	...((((((..(((((((((.(((((......(((.....)))......))))).))))...)))))..))))))...	71	29.90	-17.60	2.00	0.00
150	137	PC-3p-79501_10	TGCACAAAGAAACACCCATAAATG	24	chr13	-	2026101	2026267	atgaggatattctcatttatgagtatttctttgtgaattcaacactttttttcatgcttgagtgctcattgaggataaaaTGCACAAAGAAACACCCATAAATGaggatgttctaatgtgaaatcatgcattatgtacccatgatcatgacaaccattaatgacctc	3'	...((((((((((((((((((.((.((((((((((..((((((((((((...........)))))....))))).........))))))))))).)).))))))))))))))))))).........(((((.((((((....)))))))))))..................	111	33.50	-48.50	1.67	3.33
151	138	PC-5p-44362_26	ATCAGCGGCTGAGATAAGC	19	chr10	+	16154649	16154776	tcaccatctccttaaaatctatatcttcaATCAGCGGCTGAGATAAGCaaatccaattttcttccatcacagaatttggatttgcttattttagccgctaattggagatgtagattttaaggagatgg	5'	...((((((((((((((((((((((((((((.(((((((((((((((((((((((..((((........)))).))))))))))))))))))))))))).)))))))))))))))))))))))))))	125	35.90	-84.90	5.17	1.17
152	139	PC-3p-87499_8	AAGTTGGAAGCCGGTGGGGGA	21	chr19	+	13141678	13141780	atagggaagttgtcaacctccctcaaaggcttccaattttcctggctaattatcaaggtaagaAAGTTGGAAGCCGGTGGGGGAccttgaaagcttaccccag	3'	...((((((((.((((..(((((((..((((((((((((((...(((.........)))..))))))))))))))..)))))))..)))).))))).)))...	97	47.60	-50.10	1.33	0.00
153	140	PC-5p-27135_49	CTGGTACCATCTGCGCTTCT	20	chr1	-	9293560	9293711	tccccaggattcgaacttgggtccatgccttaaggacctttagtgtgccctcCTGGTACCATCTGCGCTACTagagtggcctccctagcgcagatggtaccaggagggcacactaaaggtccttaaggcatggacccaagttcgaatcctgg	5'	...(((..(((....)))..))	149	55.30	-145.40	8.00	6.50
154	141	PC-5p-111940_6	GAATCAAGAGCTCCAAGTG	19	chr8	-	2150804	2150917	gcagtccaatcaatgatcccaccatctaGAATCAAGAGCTACAAGTGatgaactaattaacaaagttgtggcttaaacgaaccatagatcatggagatctatttattagatgaa	5'	...(((.(((.((((((((((..(((((...((..((((((((((.((.(((.....))).))...))))))))))....)).))....)))))..))).)))).))).))).)))...	108	36.00	-23.40	0.00	2.00
155	142	PC-3p-31512_41	GATAGGCTGGGTGTGGAAG	19	chr4	-	11689758	11689827	ttttgatattattttctatatcttcttctcctccttttgGATAGGTTGGGTGTGGAAGaatagatcacat	3'	...((((....((((((((((((.((((.(((.......))).)))..))))))))))))....))))...	64	32.90	-19.70	30.33	0.00
156	143	PC-3p-49616_22	CATTTCCAGAGACGGGGTTGC	21	chr13	+	20250039	20250103	gtgtctcgtggagctggaaatgctggaatgccccaaactgaagtCATTTCCAGATACGGGGTTGC	3'	...(((((((...(((((((((((((...............)).))))))))))).))))))))....	58	52.30	-18.30	4.67	2.67
157	144	PC-5p-125267_5	TATTCAAGGGATGAGCTTC	19	chr2	+	17572878	17572991	gcacttttggaattacTATTCAAGGGATGAGCTTCacttggatttctcattatgacaacacttacaataattgtccaaagaccgatctcttgtgtaaggaaattccattagaaa	5'	...((..((((((((.((...(((((((((..(((....((((((.....(((.(((......))).)))....)))))))))..).))))))))).....)).)))))))..))...	108	35.10	-22.90	1.67	0.00

158	145	PC-3p-108246_6	TCGCTTTGTGTCTACATTC	19	chr13	-	16356099	16356169	tctgaatgaaggcacactgagcgagatccacggaaccgtgataaaaatgTTGCTTTGTGTCTACATTCttt	3'	...(((((.(((((((..((((((.((.((((....)))).....)).)))))))))))))).)))))...	65	42.30	-24.90	2.00	0.00
159	146	PC-5p-14045_101	TGTCCAATCTGGATTAGTTTC	21	chr12	+	5563675	5563803	aaagagtttttgtagcattagttatcatTGTCCAATCTGGATTAGTTTCctctcgctagataatttcctatattttgcaataagaaactaatccaaatttgacaaggatgtataatgccacaagaactc	5'	...((((((((((.((((((..((((.(((((.(((.((((((((((((.....((.(((((.....))))).)).....)))))))))))).))).)))))).))))..)))))).)))))))))))	126	31.80	-49	17.33	16.33