



CpG ID	Symbol	RefSeq	Entrez	Group A		Group B		Fold Change	Adjusted <i>p</i> value	DB
				Mean	SD	Mean	SD			
cg03608167	CXCR4	NM_001008540.1	7852	0.02	0.02	0.31	0.13	16.72	1.93E-04	0.29
cg21859434										
cg09229912	CUTL2	NM_015267.1	23316	0.03	0.03	0.47	0.30	16.69	0.002	0.44
cg19018097	SNX32	NM_152760.2	254122	0.03	0.03	0.45	0.21	13.75	3.07E-04	0.42
cg06710648	DAB1	NM_021080.3	1600	0.03	0.04	0.45	0.22	13.51	4.26E-04	0.42
cg00848728										
cg04922810	CRHR2	NM_001883.2	1395	0.03	0.03	0.38	0.26	13.01	0.004	0.35
cg14896516										
cg19118812	ELMO1	NM_014800.8	9844	0.04	0.02	0.56	0.15	12.65	6.10E-06	0.51
cg08453021										
cg23097006	VSX1	NM_014588.4	30813	0.04	0.02	0.48	0.22	12.59	3.09E-04	0.44
cg06151165										
cg21696393	SOX8	NM_014587.2	30812	0.03	0.03	0.43	0.27	12.48	0.002	0.40
cg21530890										
cg02407785	PCDH9	NM_203487.1	5101	0.04	0.05	0.47	0.26	11.45	0.001	0.43
cg25422943										
cg14008883	SLC18A3	NM_003055.1	6572	0.05	0.04	0.52	0.24	11.29	3.67E-04	0.47
cg11389172										
cg24890043	TMEM163	NM_030923.2	81615	0.04	0.04	0.41	0.25	11.26	0.002	0.37
cg17619823	ADRB3	NM_000025.1	155	0.04	0.05	0.50	0.20	11.24	1.41E-04	0.45
cg18089852	PDE8B	NM_003719.2	8622	0.04	0.03	0.41	0.25	10.94	0.002	0.37
cg03755123	UTF1	NM_003577.2	8433	0.06	0.08	0.63	0.20	10.44	1.21E-05	0.57
cg09053680										
cg24800810	RGS7	NM_002924.2	6000	0.05	0.03	0.50	0.23	10.40	3.64E-04	0.45
cg21303386										
cg21296676	EYA4	NM_004100.2	2070	0.03	0.04	0.35	0.22	10.39	0.002	0.32
cg01401376										
cg01805282										
cg24176563										
cg26656135										
cg20113732	NELL1	NM_006157.2	4745	0.05	0.04	0.54	0.25	10.39	4.37E-04	0.48
cg17371081										
cg21965997	CALY	NM_015722.2	50632	0.04	0.03	0.40	0.25	10.33	0.002	0.36
cg24505341	CADPS	NM_183393.1	8618	0.06	0.04	0.59	0.18	10.29	2.69E-05	0.54
cg21458907										
cg24892510	ZNF415	NM_018355.2	55786	0.04	0.04	0.39	0.22	10.18	0.002	0.35
cg10332700										
cg12087643	GFRA1	NM_005264.2	2674	0.05	0.04	0.49	0.21	10.14	2.54E-04	0.44
cg23898073										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg08383315	RIC3	NM_024557.2	79608	0.04	0.05	0.42	0.25	10.03	0.002	0.38
cg19776201	ZNF132	NM_003433.2	7691	0.05	0.07	0.54	0.20	10.02	1.53E-04	0.49
cg13877915										
cg18349835	VIPR2	NM_003382.3	7434	0.05	0.04	0.45	0.29	9.97	0.003	0.41
cg03667047	KL	NM_004795.2	9365	0.05	0.01	0.49	0.18	9.94	7.69E-05	0.44
cg23282559										
cg00290506	CNIH3	NM_152495.1	149111	0.04	0.04	0.40	0.25	9.94	0.003	0.36
cg16787600	SORCS3	NM_014978.1	22986	0.05	0.04	0.53	0.24	9.89	3.78E-04	0.47
cg09551147										
cg25875213	ZNF781	NM_152605.2	163115	0.04	0.04	0.42	0.17	9.87	9.19E-05	0.38
cg04598121	PENK	NM_006211.2	5179	0.04	0.03	0.43	0.21	9.74	6.68E-04	0.39
cg24645221										
cg21513553	COL6A2	NM_001849.2	1292	0.04	0.03	0.42	0.25	9.67	0.002	0.37
cg18221862	TMEFF2	NM_016192.2	23671	0.04	0.02	0.40	0.24	9.36	0.002	0.36
cg06856528										
cg03086857	EDNRB	NT_024524.13	1910	0.04	0.03	0.35	0.17	9.23	5.70E-04	0.32
cg23316360										
cg15836660										
cg12847373										
cg19135706	RAB3C	NM_138453.2	115827	0.04	0.04	0.40	0.18	9.19	4.71E-04	0.35
cg03014628										
cg13449778	FAM163A	NM_173509.2	148753	0.04	0.04	0.37	0.29	9.15	0.009	0.33
cg04490714	SLC6A2	NM_001043.2	6530	0.05	0.04	0.49	0.24	9.00	6.63E-04	0.43
cg07644368	CDO1	NM_001801.2	1036	0.05	0.05	0.45	0.21	8.90	5.22E-04	0.40
cg12880658										
cg13202751	SLC6A3	NM_001044.2	6531	0.04	0.02	0.33	0.20	8.88	0.003	0.29
cg26205131										
cg20855565	TRIM58	NM_015431.2	25893	0.06	0.06	0.54	0.25	8.76	5.60E-04	0.48
cg07533148										
cg23739862	PRMT8	NM_019854.3	56341	0.04	0.04	0.34	0.20	8.67	0.002	0.30
cg19461621	COLEC12	NM_030781.2	81035	0.05	0.03	0.43	0.26	8.64	0.002	0.38
cg27319898	ZNF804B	NM_181646.2	219578	0.06	0.02	0.50	0.22	8.57	2.89E-04	0.44
cg03167763	UBXN10	NM_152376.2	127733	0.04	0.03	0.32	0.21	8.50	0.004	0.28
cg06911113										
cg26929536	SCG3	NM_013243.2	29106	0.04	0.04	0.38	0.22	8.45	0.002	0.33
cg22886089										
cg01805540	CACNB2	NM_201593.1	783	0.07	0.06	0.55	0.20	8.44	6.42E-05	0.48
cg08315770	KCNK17	NM_031460.2	89822	0.06	0.05	0.49	0.24	8.42	8.45E-04	0.43
cg05396987	TMEM155	NM_152399.1	132332	0.06	0.03	0.46	0.19	8.39	2.11E-04	0.41
cg20537629	MAGI2	NM_012301.3	9863	0.05	0.02	0.40	0.24	8.29	0.002	0.35
cg05902852										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg09952204	RASGRF2	NM_006909.1	5924	0.05	0.05	0.37	0.28	8.26	0.008	0.33
cg17108819	CD8A	NM_001768.4	925	0.03	0.04	0.29	0.22	8.24	0.010	0.25
cg23750142	CA8	NM_004056.4	767	0.05	0.07	0.44	0.19	8.18	2.87E-04	0.39
cg23850212	ZFP28	NM_020828.1	140612	0.04	0.04	0.35	0.20	8.12	0.002	0.31
cg09558850	TFPI2	NM_006528.2	7980	0.04	0.03	0.36	0.17	8.07	6.24E-04	0.32
cg22799321										
cg19784477										
cg23686014										
cg14377593										
cg23141855										
cg00973677	CHRM2	NM_000739.2	1129	0.03	0.01	0.21	0.11	8.04	0.001	0.19
cg23922454	LHX5	NM_022363.2	64211	0.06	0.05	0.48	0.22	8.01	4.49E-04	0.42
cg23182299										
cg04237663	KCNV1	NM_014379.2	27012	0.05	0.02	0.42	0.16	8.01	1.33E-04	0.37
cg05860890										
cg15852891	OTP	NM_032109.2	23440	0.05	0.03	0.37	0.19	7.99	9.80E-04	0.33
cg18794577	GRIN3A	NM_133445.1	116443	0.05	0.05	0.40	0.15	7.99	8.82E-05	0.35
cg08997253										
cg12874092	VIM	NM_003380.2	7431	0.03	0.04	0.25	0.19	7.98	0.010	0.22
cg13929328	FOXI2	NM_207426.1	399823	0.06	0.04	0.48	0.22	7.97	4.62E-04	0.42
cg19884262										
cg11990309	HTR1E	NM_000865.1	3354	0.06	0.03	0.47	0.18	7.97	1.57E-04	0.41
cg04278702										
cg26344532	IPF1	NM_000209.1	3651	0.04	0.02	0.35	0.26	7.93	0.008	0.30
cg17740399										
cg16463460	WT1	NM_000378.3	7490	0.06	0.04	0.50	0.22	7.86	3.79E-04	0.44
cg15446391										
cg25782229										
cg01693350										
cg13641903										
cg12006284										
cg13301003										
cg04096767										
cg04456238										
cg22511262										
cg22975913										
cg05222924										
cg06516124										
cg16092786										
cg22533573										
cg25563456										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg25094569											
cg15107670											
cg26831415	MICO3	NM_181723.1	286097	0.05	0.05	0.40	0.23	7.85	0.002	0.35	
cg25886284	ZFP82	NM_133466.1	284406	0.06	0.07	0.45	0.15	7.83	1.96E-05	0.40	
cg12300353	KCTD8	NM_198353.1	386617	0.05	0.03	0.40	0.25	7.78	0.003	0.35	
cg19456540	SIX6	NM_007374.1	4990	0.06	0.05	0.47	0.18	7.70	9.83E-05	0.41	
cg14611174											
cg26021627	FAM150A	NM_207413.1	389658	0.07	0.05	0.51	0.26	7.67	0.001	0.45	
cg17162024											
cg24693368	KCNJ3	NM_002239.2	3760	0.06	0.03	0.48	0.18	7.66	1.34E-04	0.41	
cg03425110	NEUROG3	NM_020999.2	50674	0.05	0.05	0.36	0.24	7.65	0.005	0.32	
cg25437385	SLC35F3	NM_173508.1	148641	0.08	0.05	0.62	0.11	7.58	2.83E-08	0.54	
cg15337897	FGF3	NM_005247.2	2248	0.06	0.03	0.47	0.24	7.57	8.52E-04	0.41	
cg10331779	CTNND2	NM_001332.2	1501	0.07	0.07	0.56	0.18	7.55	2.37E-05	0.48	
cg25302419											
cg19461644	COL15A1	NM_001855.2	1306	0.05	0.02	0.37	0.22	7.51	0.002	0.32	
cg08097882	POU4F1	NM_006237.2	5457	0.06	0.05	0.48	0.27	7.44	0.002	0.42	
cg11164400	PPP1R9A	NT_007933.14	55607	0.05	0.05	0.38	0.19	7.42	0.001	0.33	
cg16872560											
cg19221959											
cg24662718	VAV3	NM_006113.3	10451	0.05	0.02	0.35	0.22	7.39	0.003	0.31	
cg19246110	ZNF671	NM_024833.1	79891	0.06	0.06	0.46	0.26	7.38	0.002	0.40	
cg01806928	SYT9	NM_175733.2	143425	0.09	0.08	0.63	0.17	7.38	5.81E-06	0.54	
cg08185661											
cg11674404	WDR17	NM_181265.2	116966	0.08	0.09	0.61	0.17	7.38	5.36E-06	0.53	
cg18443378											
cg15843823	ALOX15	NM_001140.3	246	0.05	0.03	0.34	0.20	7.31	0.003	0.29	
cg09872233											
cg12645220	PAK5	NM_177990.1	57144	0.06	0.07	0.47	0.24	7.30	8.28E-04	0.40	
cg12388309											
cg17688525	L3MBTL4	NM_173464.1	91133	0.06	0.05	0.42	0.31	7.25	0.008	0.36	
cg18454685	CACNA1G	NM_018896.3	8913	0.05	0.05	0.37	0.21	7.24	0.002	0.32	
cg24625128	JAM3	NM_032801.3	83700	0.04	0.03	0.31	0.20	7.23	0.004	0.27	
cg07447922	EPHA10	NM_173641.1	284656	0.08	0.05	0.55	0.18	7.15	6.94E-05	0.47	
cg12128017											
cg00768439	NAP1L3	NM_004538.3	4675	0.06	0.05	0.41	0.18	7.13	2.74E-04	0.35	
cg22189618											
cg02233559	SLC46A3	NM_181785.1	283537	0.06	0.10	0.41	0.22	7.06	0.002	0.35	
cg24321030											
cg21500966	NAALAD2	NM_005467.2	10003	0.06	0.03	0.41	0.17	7.04	3.07E-04	0.35	
cg05500015											

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg08623787	RXRG	NM_006917.3	6258	0.05	0.06	0.38	0.20	7.04	0.001	0.33
cg10364513										
cg19172575	GATA4	NT_077531.3	2626	0.06	0.07	0.44	0.19	7.00	2.87E-04	0.38
cg10866709										
cg20279283										
cg13434842										
cg00090147										
cg24646414										
cg21073927										
cg18123948										
cg08369065										
cg01546563										
cg11981599										
cg09626984										
cg25216696										
cg14900471										
cg06321883	COL19A1	NM_001858.4	1310	0.05	0.04	0.36	0.24	6.96	0.005	0.31
cg07017374	FLT3	NM_004119.1	2322	0.09	0.09	0.59	0.19	6.93	1.79E-05	0.51
cg26832142	PDE4B	NM_002600.2	5142	0.07	0.06	0.49	0.19	6.93	1.35E-04	0.42
cg26963271										
cg27320127	KCNK12	NM_022055.1	56660	0.05	0.02	0.32	0.21	6.92	0.004	0.27
cg27138584										
cg13206017	SST	NM_001048.3	6750	0.08	0.03	0.58	0.20	6.91	6.56E-05	0.50
cg02164046										
cg19831575	FGF4	NM_002007.1	2249	0.08	0.06	0.57	0.24	6.90	3.71E-04	0.48
cg12613383	PLD5	NM_152666.1	200150	0.07	0.06	0.46	0.19	6.90	2.63E-04	0.39
cg01664666										
cg03616357	MAP9	NM_024826.1	79884	0.07	0.09	0.48	0.22	6.83	4.09E-04	0.41
cg12832649	SPOCK	NM_004598.2	6695	0.06	0.03	0.44	0.31	6.81	0.007	0.37
cg04048259	EDN3	NM_000114.2	1908	0.08	0.06	0.52	0.20	6.80	1.23E-04	0.44
cg25070010	MYRIP	NM_015460.2	25924	0.03	0.03	0.21	0.11	6.77	0.002	0.18
cg19547629										
cg19135761	WRAP73	NM_017818.2	49856	0.09	0.05	0.58	0.17	6.77	1.32E-05	0.50
cg26128092										
cg26186727	NETO1	NM_138999.1	81832	0.04	0.04	0.30	0.16	6.77	0.002	0.25
cg21922574										
cg19055231	STAC	NM_003149.1	6769	0.05	0.03	0.32	0.17	6.75	0.001	0.27
cg17892556	ZNF625	NM_145233.2	90589	0.05	0.05	0.36	0.27	6.73	0.009	0.31
cg17945001	IGSF21	NM_032880.2	84966	0.10	0.08	0.70	0.19	6.72	5.60E-06	0.59
cg23349790										
cg12109455	DPYSL4	NM_006426.1	10570	0.07	0.04	0.46	0.21	6.71	5.17E-04	0.39

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg07295678											
cg06458239	ZNF549	NM_153263.1	256051	0.05	0.05	0.34	0.19	6.70	0.002	0.29	
cg07054095											
cg06498267	HCN1	NM_021072.1	348980	0.08	0.03	0.52	0.18	6.70	9.07E-05	0.44	
cg11285003											
cg01344171	RSPH9	NM_152732.2	221421	0.07	0.05	0.43	0.21	6.65	7.84E-04	0.37	
cg04600618											
cg20415809	ITGA4	NM_000885.4	3676	0.05	0.05	0.35	0.25	6.64	0.008	0.30	
cg23290344	NEF3	NM_005382.1	4741	0.08	0.06	0.54	0.19	6.62	6.44E-05	0.46	
cg14384532	NTRK3	NM_001007156.1	4916	0.07	0.04	0.45	0.23	6.61	0.001	0.38	
cg07102705	HTR4	NM_000870.2	3360	0.08	0.04	0.55	0.15	6.61	2.15E-05	0.46	
cg11323198	CDH8	NM_001796.2	1006	0.06	0.04	0.40	0.16	6.60	2.63E-04	0.34	
cg27444994											
cg11934695	ADRA1D	NM_000678.2	146	0.07	0.06	0.49	0.19	6.60	1.34E-04	0.42	
cg15835825	HTR5A	NM_024012.1	3361	0.07	0.08	0.46	0.18	6.58	1.07E-04	0.39	
cg26466094	AK5	NM_174858.1	26289	0.07	0.05	0.44	0.20	6.58	5.80E-04	0.37	
cg25604883											
cg14696396	TM6SF1	NM_023003.1	53346	0.06	0.09	0.40	0.27	6.55	0.006	0.34	
cg24322623	MYOD1	NM_002478.3	4654	0.08	0.05	0.55	0.21	6.55	1.68E-04	0.46	
cg18555440											
cg16519321											
cg07271264											
cg08432727	SOX11	NM_003108.3	6664	0.07	0.07	0.46	0.23	6.53	7.71E-04	0.39	
cg20008332											
cg06971096	PTPRN	NM_002846.2	5798	0.07	0.06	0.43	0.23	6.50	0.002	0.37	
cg10140638											
cg05896682	GALR1	NM_001480.2	2587	0.10	0.08	0.64	0.19	6.49	1.38E-05	0.54	
cg00662556											
cg15343119											
cg26721264											
cg10486998											
cg12699371											
cg04534765											
cg13912117	ADCY8	NM_001115.1	114	0.08	0.07	0.55	0.20	6.49	8.70E-05	0.47	
cg18801691	DCC	NT_010966.13	1630	0.07	0.05	0.48	0.20	6.47	2.79E-04	0.41	
cg05420896											
cg23242898											
cg21669679											
cg00399483											
cg25602457											
cg04272086											

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg25266232										
cg18841634										
cg01839464										
cg02624705										
cg13958426	CCDC181	NM_021179.1	57821	0.07	0.07	0.48	0.19	6.43	1.21E-04	0.40
cg08047907										
cg03567830	NTSR1	NM_002531.1	4923	0.08	0.08	0.53	0.18	6.41	5.30E-05	0.44
cg22646710	SYT6	NM_205848.1	148281	0.07	0.06	0.45	0.20	6.41	3.90E-04	0.38
cg05368341										
cg10734665	ATP10A	NT_026446.13	57194	0.07	0.09	0.42	0.13	6.40	1.18E-05	0.36
cg19326876										
cg17793621										
cg20550118	CRABP1	NM_004378.1	1381	0.06	0.04	0.38	0.23	6.39	0.003	0.32
cg23337754										
cg16703647										
cg11200929										
cg06243556	ZNF447	NM_023926.3	65982	0.05	0.03	0.35	0.21	6.38	0.004	0.29
cg18888520										
cg01405761	CLVS1	NM_173519.1	157807	0.07	0.03	0.45	0.21	6.36	6.47E-04	0.38
cg18236079	HS3ST3A1	NM_006042.1	9955	0.04	0.03	0.28	0.16	6.35	0.003	0.23
cg07480567										
cg22392666	FXYP7	NM_022006.1	53822	0.06	0.04	0.35	0.21	6.32	0.003	0.29
cg20774846	DPYS	NM_001385.1	1807	0.09	0.07	0.56	0.20	6.31	8.38E-05	0.47
cg10303487										
cg19528976	NAT16	NM_198571.1	375607	0.06	0.03	0.37	0.23	6.28	0.004	0.31
cg18722841	PHOX2A	NM_005169.2	401	0.07	0.06	0.42	0.23	6.28	0.001	0.36
cg20019546	SFRP4	NM_003014.2	6424	0.06	0.03	0.37	0.14	6.28	1.79E-04	0.31
cg08261094										
cg12515638										
cg20645065	ALPL	NM_000478.2	249	0.08	0.05	0.47	0.25	6.25	0.002	0.40
cg11965370	NTM	NM_016522.2	50863	0.08	0.05	0.53	0.18	6.25	6.20E-05	0.44
cg20881910										
cg01939681	GABRB2	NM_021911.1	2561	0.04	0.02	0.26	0.18	6.24	0.007	0.22
cg16509658										
cg01410472	CRISPLD1	NM_031461.3	83690	0.05	0.03	0.30	0.21	6.21	0.007	0.26
cg13234863	TMEM132D	NM_133448.1	121256	0.09	0.06	0.56	0.15	6.18	6.31E-06	0.47
cg03469054										
cg15873301	SYN2	NM_133625.2	6854	0.07	0.07	0.43	0.23	6.17	0.001	0.36
cg04172348										
cg22187630	CACNA1A	NM_023035.1	773	0.06	0.05	0.36	0.24	6.17	0.006	0.30
cg18011401										



García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg12238343	RLN3R1	NM_016568.1	51289	0.07	0.04	0.40	0.16	6.15	2.92E-04	0.34
cg03909500										
cg23615676	KCNN2	NM_021614.2	3781	0.09	0.09	0.56	0.15	6.14	3.51E-06	0.47
cg27403635										
cg00489401	FLT4	NM_182925.1	2324	0.10	0.06	0.64	0.19	6.13	1.83E-05	0.53
cg23967169	FAM19A4	NM_182522.3	151647	0.09	0.09	0.55	0.23	6.10	1.74E-04	0.46
cg13921352										
cg03160135	VGLL2	NM_153453.1	245806	0.06	0.03	0.39	0.21	6.05	0.002	0.32
cg11191210										
cg05063104	SLC5A8	NM_145913.2	160728	0.06	0.03	0.35	0.11	6.05	4.67E-05	0.29
cg10141715										
cg16178491										
cg20740029										
cg05722918										
cg08003150	KCNQ2	NM_004518.2	3785	0.05	0.06	0.31	0.16	6.04	9.42E-04	0.26
cg15361590	PCDHGC4	NM_018928.2	56098	0.07	0.04	0.39	0.17	6.03	4.25E-04	0.33
cg08719486	DAPK1	NM_004938.1	1612	0.04	0.03	0.26	0.17	6.02	0.005	0.22
cg24754277										
cg15746719										
cg19734228										
cg22660578	LHX1	NM_005568.2	3975	0.07	0.06	0.43	0.23	6.02	0.002	0.36
cg21269934	NATBL	NM_178557.2	339983	0.07	0.08	0.43	0.20	6.02	4.63E-04	0.36
cg06201642	ST6GALNAC5	NM_030965.1	81849	0.07	0.08	0.43	0.17	5.98	1.78E-04	0.36
cg13823136										
cg13806135	PCDH17	NM_014459.2	27253	0.07	0.04	0.40	0.17	5.98	3.56E-04	0.33
cg14893163										
cg07703401	HBQ1	NM_005331.3	3049	0.09	0.06	0.53	0.19	5.97	1.11E-04	0.44
cg09137696	MT1A	NM_005946.2	4489	0.07	0.06	0.43	0.20	5.96	5.03E-04	0.36
cg20103758	SLC27A6	NM_014031.3	28965	0.08	0.05	0.46	0.24	5.95	0.001	0.38
cg07103493										
cg16898420	PLPPR1	NM_017753.2	54886	0.07	0.03	0.41	0.19	5.95	6.66E-04	0.34
cg02590345										
cg08583049	FOXB1	NM_012182.1	27023	0.04	0.03	0.21	0.11	5.92	0.001	0.17
cg10520887	UNC5C	NM_003728.2	8633	0.08	0.06	0.47	0.23	5.91	0.001	0.39
cg13265789										
cg02055963	CDX2	NM_001265.2	1045	0.06	0.03	0.37	0.14	5.89	2.58E-04	0.30
cg01424107										
cg13277716	ANOS1	NM_000216.1	3730	0.07	0.05	0.41	0.15	5.89	1.30E-04	0.34
cg06110728	NELL2	NM_006159.1	4753	0.06	0.04	0.35	0.18	5.89	0.002	0.29
cg23129478	ST8SIA5	NM_013305.3	29906	0.08	0.03	0.44	0.17	5.85	2.30E-04	0.37
cg19751300										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg14717170	SLITRK3	NM_014926.2	22865	0.08	0.08	0.45	0.22	5.83	8.57E-04	0.37
cg13619915										
cg00512279	SLC18A2	NM_003054.2	6571	0.06	0.05	0.33	0.22	5.82	0.006	0.28
cg01129459	LRRC9	NM_198499.1	341883	0.07	0.05	0.43	0.17	5.79	1.86E-04	0.35
cg18871276										
cg21053529	GJD2	NM_020660.1	57369	0.07	0.05	0.43	0.16	5.75	1.08E-04	0.35
cg00792849										
cg17136126	ZNF71	NM_021216.3	58491	0.05	0.04	0.28	0.20	5.71	0.010	0.23
cg01009664	TRH	NM_007117.1	7200	0.12	0.08	0.65	0.13	5.69	1.83E-07	0.54
cg11657808	RYR2	NM_001035.1	6262	0.11	0.10	0.64	0.20	5.69	2.36E-05	0.53
cg26780333	ACOT4	NM_152331.2	122970	0.05	0.05	0.31	0.08	5.69	2.43E-06	0.26
cg08441806	NKX6-2	NM_177400.1	84504	0.08	0.03	0.44	0.23	5.68	0.001	0.37
cg09260089										
cg12741420	IRF4	NM_002460.1	3662	0.06	0.05	0.35	0.23	5.66	0.006	0.29
cg13589108	BRINP2	NM_021165.1	57795	0.07	0.08	0.40	0.14	5.65	5.51E-05	0.33
cg13843613										
cg22571530	NFASC	NM_001005387.1	23114	0.09	0.04	0.53	0.19	5.63	1.42E-04	0.44
cg14785479	SCARF2	NM_182895.1	91179	0.07	0.04	0.40	0.26	5.63	0.005	0.33
cg22471346	GAS7	NM_003644.2	8522	0.07	0.11	0.41	0.28	5.62	0.007	0.34
cg17615007	ZNF134	NM_003435.2	7693	0.09	0.06	0.52	0.20	5.58	1.76E-04	0.43
cg08849574										
cg20950011	CIDEA	NM_001279.2	1149	0.05	0.03	0.29	0.20	5.56	0.007	0.24
cg06937608	ACAN	NM_001135.1	176	0.06	0.06	0.32	0.14	5.54	3.22E-04	0.26
cg18230771										
cg10556064	SMPD3	NM_018667.2	55512	0.03	0.05	0.19	0.13	5.54	0.008	0.16
cg00891541										
cg15201635										
cg22619018	CSMD1	NM_033225.3	64478	0.11	0.09	0.60	0.24	5.53	3.00E-04	0.49
cg03996793	MIR7-3HG	NM_174947.2	284424	0.06	0.04	0.33	0.22	5.52	0.007	0.27
cg01400401										
cg07456645										
cg04640886										
cg02479575										
cg26005082										
cg18438777	NPY5R	NM_006174.2	4889	0.10	0.05	0.54	0.21	5.51	2.59E-04	0.44
cg15918284	GABRA2	NM_000807.1	2555	0.06	0.06	0.34	0.22	5.49	0.006	0.28
cg21820677										
cg24122922	SYNDIG1	NM_024893.1	79953	0.07	0.05	0.40	0.20	5.47	0.002	0.33
cg16098981										
cg20674577	PHACTR3	NM_183244.1	116154	0.10	0.07	0.56	0.21	5.46	1.40E-04	0.46
cg20357628										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg00685836	PPFIA2	NM_003625.2	8499	0.04	0.02	0.22	0.12	5.46	0.002	0.18
cg16254309	CNTNAP2	NM_014141.3	26047	0.09	0.06	0.51	0.17	5.45	7.47E-05	0.42
cg07028533										
cg12614105	NPY	NM_000905.2	4852	0.09	0.03	0.49	0.20	5.45	3.37E-04	0.40
cg05158615										
cg05521696	SLC2A14	NM_153449.2	144195	0.08	0.06	0.41	0.20	5.43	7.71E-04	0.34
cg13323752										
cg02416716	ZNF215	NM_013250.1	7762	0.04	0.06	0.23	0.15	5.41	0.007	0.18
cg11822659	DOK5	NM_018431.3	55816	0.07	0.03	0.36	0.18	5.40	0.001	0.29
cg09260441										
cg26756083	MMP16	NM_022564.1	4325	0.06	0.04	0.32	0.23	5.39	0.009	0.26
cg02501779	CBLN4	NM_080617.4	140689	0.10	0.04	0.54	0.12	5.38	3.55E-06	0.44
cg25993718										
cg19576304	RAX	NM_013435.1	30062	0.07	0.02	0.40	0.23	5.37	0.003	0.32
cg13870866	TBX20	NM_020417.1	57057	0.09	0.09	0.49	0.17	5.37	5.34E-05	0.40
cg02008154										
cg18488855	NOVA1	NM_006489.2	4857	0.07	0.04	0.39	0.19	5.34	0.001	0.32
cg25465406	GUCY2D	NM_000180.1	3000	0.08	0.05	0.45	0.19	5.34	3.09E-04	0.36
cg13663218	TRHDE	NM_013381.1	29953	0.08	0.04	0.43	0.22	5.34	0.001	0.35
cg01817029										
cg07748540	PDGFD	NM_025208.3	80310	0.07	0.08	0.35	0.22	5.34	0.005	0.29
cg15540820	EOMES	NM_005442.2	8320	0.09	0.04	0.46	0.18	5.33	2.73E-04	0.38
cg02166532	IGF2	NM_000612.2	3481	0.07	0.08	0.35	0.24	5.33	0.008	0.28
cg20339650										
cg13756879										
cg23207990	SFRP2	NT_016354.18	6423	0.07	0.03	0.36	0.25	5.32	0.008	0.29
cg01946574	PTPRM	NM_002845.2	5797	0.07	0.05	0.39	0.18	5.31	6.12E-04	0.32
cg26270746	GSH1	NM_145657.1	219409	0.12	0.10	0.62	0.15	5.30	1.11E-06	0.50
cg26609631										
cg13701109	ADAMTS19	NM_133638.2	171019	0.05	0.06	0.28	0.18	5.29	0.006	0.23
cg15034135										
cg14329157	WDR69	NM_178821.1	164781	0.05	0.03	0.28	0.18	5.29	0.006	0.23
cg21577049										
cg22598028	ZNF660	NM_173658.1	285349	0.10	0.08	0.52	0.16	5.29	1.89E-05	0.42
cg14614901	TMEM215	NM_212558.1	401498	0.07	0.03	0.36	0.18	5.28	0.001	0.29
cg11308840										
cg15191648	SALL3	NM_171999.1	27164	0.08	0.07	0.41	0.27	5.28	0.008	0.33
cg08118311										
cg06722216	NOL4	NM_003787.1	8715	0.09	0.07	0.46	0.17	5.27	1.17E-04	0.38
cg17188046	T	NM_003181.2	6862	0.10	0.10	0.51	0.20	5.27	1.67E-04	0.41
cg19096475	CLMP	NM_024769.2	79827	0.11	0.05	0.58	0.14	5.27	2.89E-06	0.47

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg17389519	PTF1A	NM_178161.1	256297	0.12	0.05	0.62	0.15	5.26	4.75E-06	0.51
cg11438428										
cg05832051	MYADM	NM_138373.3	91663	0.06	0.06	0.30	0.21	5.26	0.008	0.24
cg18482268	POU4F3	NM_002700.1	5459	0.08	0.03	0.43	0.18	5.25	4.20E-04	0.35
cg23303408										
cg08918749	LPL	NM_000237.1	4023	0.08	0.05	0.44	0.22	5.25	0.001	0.36
cg02613386	FBXO39	NM_153230.1	162517	0.08	0.05	0.43	0.28	5.25	0.006	0.35
cg20723355										
cg21816539	GRIK1	NM_000830.3	2897	0.06	0.04	0.32	0.20	5.24	0.005	0.26
cg09542111										
cg04144788	OXCT2	NM_022120.1	64064	0.07	0.06	0.36	0.21	5.24	0.003	0.29
cg25763788	HTR1B	NM_000863.1	3351	0.08	0.04	0.40	0.17	5.24	4.22E-04	0.32
cg08614481										
cg21475402	BCAN	NM_198427.1	63827	0.10	0.03	0.51	0.23	5.23	6.72E-04	0.41
cg19162106	GPC5	NM_004466.3	2262	0.09	0.07	0.46	0.26	5.23	0.002	0.37
cg23196831	COL14A1	NM_021110.1	7373	0.05	0.04	0.27	0.16	5.22	0.003	0.22
cg21902544	CBLN2	NM_182511.2	147381	0.08	0.05	0.42	0.24	5.21	0.003	0.34
cg03775422	VSTM2A	NM_182546.1	222008	0.08	0.05	0.40	0.16	5.20	2.66E-04	0.32
cg12601757	ST6GALNAC3	NM_152996.1	256435	0.10	0.11	0.53	0.18	5.20	2.94E-05	0.43
cg26363196										
cg21688264	SNAP91	NM_014841.1	9892	0.09	0.10	0.46	0.25	5.19	0.002	0.37
cg25014318	GLPIR	NM_002062.2	2740	0.09	0.07	0.45	0.26	5.18	0.003	0.37
cg19721889	HAND1	NM_004821.1	9421	0.07	0.03	0.34	0.24	5.18	0.008	0.28
cg12800028	GPR6	NM_005284.2	2830	0.09	0.09	0.48	0.18	5.16	1.24E-04	0.39
cg26252167										
cg11981631	ABCC8	NM_000352.2	6833	0.08	0.08	0.44	0.25	5.16	0.003	0.35
cg11241627	FERD3L	NM_152898.2	222894	0.10	0.05	0.51	0.17	5.15	6.74E-05	0.41
cg25691167										
cg20023231	HS3ST2	NM_006043.1	9956	0.11	0.06	0.58	0.18	5.14	3.08E-05	0.47
cg19064258										
cg10300684	FOXG1B	NM_005249.3	2290	0.08	0.07	0.43	0.19	5.14	0.001	0.35
cg02681442										
cg05508084	ZNF667	NM_022103.2	63934	0.06	0.05	0.32	0.13	5.12	3.33E-04	0.26
cg03289872										
cg12277666	TDRD5	NM_173533.2	163589	0.10	0.06	0.50	0.23	5.10	6.50E-04	0.40
cg24250393	PRKCB1	NM_002738.5	5579	0.08	0.11	0.43	0.22	5.10	0.001	0.35
cg05436658										
cg23699324	CTNNA2	NM_004389.2	1496	0.10	0.08	0.53	0.18	5.10	5.44E-05	0.43
cg08107272										
cg16708981	ZNF677	NM_182609.1	342926	0.08	0.05	0.39	0.15	5.09	2.12E-04	0.32
cg18335068										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg23357981	GRP	NM_002091.3	2922	0.08	0.03	0.42	0.17	5.09	3.78E-04	0.34
cg22415432	PCDH11Y	NM_032971.1	83259	0.10	0.06	0.53	0.16	5.07	3.48E-05	0.42
cg19006008	F2RL3	NM_003950.1	9002	0.09	0.06	0.45	0.21	5.06	8.82E-04	0.36
cg21790626	ZNF154	NM_003444.1	7710	0.10	0.06	0.49	0.20	5.05	3.09E-04	0.39
cg08668790										
cg23244913	HCG9	NM_005844.2	10255	0.08	0.08	0.41	0.15	5.03	9.84E-05	0.33
cg04623837										
cg13526007	LRFN5	NM_152447.2	145581	0.11	0.08	0.55	0.18	5.00	4.91E-05	0.44
cg04784672										
cg19378133	A2BP1	NM_018723.2	54715	0.08	0.03	0.38	0.16	5.00	5.25E-04	0.31
cg03586879										
cg07903918	GABBR2	NM_005458.5	9568	0.09	0.05	0.45	0.22	5.00	0.001	0.36
cg03355526	ZNF454	NM_182594.1	285676	0.10	0.07	0.48	0.20	4.99	4.51E-04	0.38
cg23037403										
cg12052765	CHAT	NM_020986.1	1103	0.09	0.05	0.43	0.19	4.99	5.26E-04	0.35
cg18592174										
cg06493386	TRPA1	NM_007332.1	8989	0.11	0.11	0.55	0.20	4.98	1.26E-04	0.44
cg01610488										
cg17471928	STAC2	NM_198993.2	342667	0.06	0.06	0.31	0.22	4.98	0.009	0.25
cg25720804	TLX3	NM_021025.2	30012	0.09	0.05	0.43	0.24	4.97	0.003	0.35
cg25942450										
cg27420236	RPRM	NM_019845.2	56475	0.08	0.04	0.39	0.22	4.96	0.003	0.31
cg25524350	PEG10	XM_496907.2	23089	0.05	0.04	0.26	0.12	4.94	0.001	0.21
cg25057743	PTHR2	NM_005048.2	5746	0.08	0.04	0.41	0.20	4.92	0.001	0.33
cg02409351	CART1	NM_006982.1	8092	0.08	0.05	0.38	0.20	4.91	0.002	0.31
cg20798152	CARTPT	NM_004291.2	9607	0.10	0.07	0.47	0.21	4.91	6.65E-04	0.37
cg23300372										
cg13547644	ACTA1	NM_001100.3	58	0.09	0.03	0.43	0.20	4.90	9.01E-04	0.35
cg20025656										
cg27352992	CNTN1	NM_001843.2	1272	0.08	0.05	0.38	0.19	4.90	0.002	0.30
cg20959866	AJAP1	NM_018836.2	55966	0.12	0.08	0.59	0.24	4.89	4.04E-04	0.47
cg17525406										
cg06423920	FEZF2	NM_018008.2	55079	0.08	0.07	0.41	0.18	4.89	4.31E-04	0.33
cg19629292										
cg24997944	KCNH8	NM_144633.2	131096	0.07	0.03	0.35	0.11	4.86	3.33E-05	0.28
cg07657236										
cg26926521	ADRA2A	NM_000681.2	150	0.06	0.07	0.31	0.18	4.86	0.003	0.25
cg02440177	ZNF702	NM_024924.3	79986	0.09	0.10	0.44	0.23	4.84	0.002	0.35
cg21665000	MYOCD	NM_153604.1	93649	0.06	0.03	0.29	0.15	4.83	0.002	0.23
cg22776578	CPLX2	NM_001008220.1	10814	0.11	0.06	0.54	0.20	4.81	1.63E-04	0.43
cg19885761										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg21331821	ZSCAN1	NM_182572.2	284312	0.11	0.10	0.54	0.18	4.81	4.59E-05	0.43
cg01231779	NID2	NM_007361.2	22795	0.13	0.14	0.61	0.24	4.81	2.10E-04	0.49
cg22881914										
cg00554682	ZNF804A	NM_194250.1	91752	0.08	0.05	0.36	0.17	4.81	7.67E-04	0.29
cg13121699										
cg06165395	GRIK3	NM_000831.2	2899	0.12	0.10	0.59	0.21	4.80	7.96E-05	0.47
cg06722633										
cg21229055	GPM6B	NM_001001995.1	2824	0.08	0.06	0.39	0.16	4.80	4.43E-04	0.31
cg03003060										
cg10298815	GPR88	NM_022049.1	54112	0.08	0.04	0.39	0.19	4.79	0.001	0.31
cg20977864	HYDIN	NM_017558.2	54768	0.09	0.06	0.42	0.19	4.78	6.49E-04	0.34
cg09794131										
cg08223748	MEF2C	NM_002397.2	4208	0.04	0.03	0.19	0.12	4.75	0.007	0.15
cg00027083	EPB41L3	NM_012307.2	23136	0.13	0.14	0.62	0.12	4.73	3.89E-07	0.49
cg26309134	ZNF542	NM_194319.1	147947	0.08	0.09	0.40	0.22	4.73	0.002	0.32
cg08572611	ACTL6B	NM_016188.3	51412	0.12	0.08	0.58	0.19	4.72	5.65E-05	0.45
cg04499325	EPDR1	NM_017549.2	54749	0.09	0.06	0.42	0.18	4.72	5.03E-04	0.33
cg00263760	VAX1	NM_199131.1	11023	0.09	0.05	0.40	0.27	4.71	0.008	0.32
cg00546491	PDE1C	NM_005020.1	5137	0.10	0.08	0.45	0.15	4.71	3.89E-05	0.36
cg22131691										
cg01836044	PCDH20	NM_022843.2	64881	0.06	0.04	0.29	0.20	4.71	0.010	0.23
cg18420965	EPHA5	NM_182472.1	2044	0.10	0.06	0.49	0.19	4.71	2.35E-04	0.39
cg04878152	AGTR1	NM_000685.3	185	0.11	0.07	0.51	0.23	4.70	7.96E-04	0.40
cg20530314										
cg06821993	CSMD3	NM_052900.2	114788	0.09	0.04	0.40	0.18	4.70	7.05E-04	0.32
cg00333226	VWC2	NM_198570.1	375567	0.09	0.07	0.43	0.22	4.70	0.002	0.34
cg00499822	CXCL12	NM_199168.2	6387	0.09	0.05	0.41	0.16	4.68	3.14E-04	0.32
cg18618334										
cg18338311	TMEM132E	NM_207313.1	124842	0.09	0.04	0.43	0.30	4.68	0.009	0.34
cg22459146	GHSR	NM_198407.1	2693	0.09	0.03	0.42	0.22	4.68	0.002	0.33
cg11812218										
cg26557658	FAM43B	NM_207334.1	163933	0.11	0.06	0.51	0.19	4.67	1.68E-04	0.40
cg20404387										
cg22359606	NEUROD1	NM_002500.1	4760	0.10	0.05	0.44	0.19	4.65	7.88E-04	0.35
cg22418909	SFRP1	NM_003012.3	6422	0.09	0.07	0.44	0.27	4.64	0.005	0.34
cg12680609	ZFP41	NM_173832.3	286128	0.10	0.07	0.46	0.21	4.63	0.001	0.36
cg18573383	KCNC2	NM_139137.2	3747	0.08	0.06	0.37	0.15	4.62	4.24E-04	0.29
cg21237591	IGF2AS	NM_016412.1	51214	0.11	0.08	0.52	0.26	4.62	0.001	0.41
cg16817891										
cg13791131										
cg25163476										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg25574024											
cg08109815	NMBR	NM_002511.1	4829	0.06	0.04	0.28	0.19	4.61	0.008	0.22	
cg17256157											
cg26416466	MEGF11	NM_032445.1	84465	0.08	0.06	0.35	0.19	4.61	0.003	0.28	
cg14859460	GRM6	NM_000843.2	2916	0.12	0.06	0.54	0.23	4.61	4.23E-04	0.42	
cg15489294	LVRN	NM_173800.3	206338	0.13	0.10	0.60	0.17	4.59	8.65E-06	0.47	
cg25044651											
cg12422450	CHGA	NM_001275.2	1113	0.10	0.07	0.47	0.20	4.59	5.61E-04	0.37	
cg11946503	NEUROG1	NT_034772.5	4762	0.10	0.06	0.44	0.22	4.59	0.001	0.34	
cg14958635											
cg09030119	ZNF285	NM_152354.2	26974	0.06	0.03	0.28	0.15	4.59	0.003	0.22	
cg26918645											
cg25176823	FSCN1	NM_003088.2	6624	0.06	0.04	0.29	0.12	4.58	4.61E-04	0.23	
cg17861230	PDE4C	NM_000923.1	5143	0.15	0.08	0.69	0.14	4.58	2.45E-07	0.54	
cg00234616	TLX2	NM_001534.2	3196	0.09	0.04	0.39	0.23	4.57	0.004	0.31	
cg25361106											
cg16263182	HBA2	NM_000517.3	3040	0.07	0.04	0.31	0.15	4.56	0.002	0.24	
cg02217159	KHDRBS2	NM_152688.1	202559	0.12	0.11	0.57	0.20	4.55	6.02E-05	0.44	
cg18239753											
cg08896053	SNTG1	NM_018967.2	54212	0.08	0.04	0.37	0.17	4.55	0.001	0.29	
cg02994974	SPON1	NM_006108.1	10418	0.08	0.05	0.37	0.23	4.54	0.006	0.29	
cg01144286	LAMP5	NM_012261.2	24141	0.08	0.04	0.35	0.19	4.51	0.003	0.27	
cg06277657	DGKI	NM_004717.2	9162	0.12	0.06	0.54	0.21	4.51	2.44E-04	0.42	
cg19343464	GRIA4	NM_000829.1	2893	0.11	0.11	0.50	0.16	4.50	2.94E-05	0.39	
cg04997967	KCNIP2	NM_173192.2	30819	0.12	0.08	0.56	0.17	4.50	2.72E-05	0.44	
cg25123470											
cg17241310	BARHL2	NM_020063.1	343472	0.05	0.03	0.24	0.09	4.49	2.78E-04	0.19	
cg06384463											
cg16428251	SOX14	NM_004189.2	8403	0.12	0.09	0.54	0.19	4.48	1.27E-04	0.42	
cg08990057	PLS3	NM_005032.3	5358	0.07	0.04	0.32	0.15	4.47	0.001	0.25	
cg16221059											
cg13297960	NCAM2	NM_004540.2	4685	0.11	0.06	0.47	0.25	4.47	0.003	0.37	
cg08952029	CHRDL2	NM_015424.3	25884	0.07	0.02	0.32	0.19	4.46	0.005	0.25	
cg22994720											
cg12024292	ASTN2	NM_198188.1	23245	0.08	0.03	0.36	0.21	4.46	0.005	0.28	
cg00121640											
cg17963840	ADRA1A	NM_033302.1	148	0.08	0.05	0.36	0.18	4.46	0.002	0.28	
cg22461835											
cg14724613	GRM3	NM_000840.2	2913	0.07	0.05	0.32	0.15	4.45	8.31E-04	0.25	
cg18382305	CCDC178	NM_198995.1	374864	0.08	0.07	0.36	0.17	4.45	9.82E-04	0.28	
cg05245861											

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg13959523	CHST8	NM_022467.3	64377	0.06	0.04	0.28	0.13	4.45	0.001	0.22
cg21238818	GAL3ST3	NM_033036.1	89792	0.11	0.07	0.48	0.20	4.44	4.61E-04	0.38
cg15747595	TSPYL5	NM_033512.2	85453	0.14	0.08	0.60	0.15	4.44	2.12E-06	0.47
cg10065825	CDH11	NM_001797.2	1009	0.11	0.07	0.49	0.24	4.43	0.001	0.38
cg12163490										
cg20684549	PLPPR3	NM_024888.1	79948	0.10	0.05	0.43	0.25	4.41	0.004	0.33
cg15640375										
cg21621248	LRRTM1	NM_178839.3	347730	0.09	0.06	0.38	0.18	4.41	9.95E-04	0.30
cg00465284										
cg03538436	NOS1	NM_000620.1	4842	0.09	0.07	0.41	0.26	4.41	0.007	0.32
cg03240509	KCNA6	NM_002235.2	3742	0.13	0.09	0.55	0.18	4.40	5.51E-05	0.43
cg26162582										
cg14070647	RSPO2	NM_178565.3	340419	0.11	0.06	0.50	0.19	4.40	3.12E-04	0.38
cg07104706	SLITRK1	NM_052910.1	114798	0.11	0.07	0.47	0.17	4.38	1.49E-04	0.36
cg25938646										
cg21176048	PEX5L	NM_016559.1	51555	0.08	0.08	0.37	0.17	4.38	7.56E-04	0.28
cg01283289	ACSS3	NM_024560.2	79611	0.07	0.03	0.32	0.19	4.37	0.006	0.25
cg14654926	FGF10	NM_004465.1	2255	0.11	0.07	0.48	0.18	4.35	1.56E-04	0.37
cg20387341										
cg18016365	GABRB1	NM_000812.2	2560	0.09	0.06	0.38	0.17	4.34	5.68E-04	0.29
cg12294121										
cg22815110	FOXD3	NM_012183.1	27022	0.10	0.07	0.43	0.27	4.34	0.008	0.33
cg15543551	FGF12	NM_021032.2	2257	0.08	0.07	0.37	0.16	4.31	5.84E-04	0.28
cg02992632										
cg08896945	CALCB	NM_000728.3	797	0.10	0.05	0.43	0.13	4.30	4.42E-05	0.33
cg14011639	PCDHGB7	NM_018927.2	56099	0.12	0.06	0.50	0.16	4.30	8.69E-05	0.38
cg23563234										
cg08575537	EPO	NM_000799.2	2056	0.16	0.10	0.67	0.16	4.29	1.67E-06	0.51
cg20209009	TBX21	NM_013351.1	30009	0.09	0.05	0.41	0.24	4.29	0.004	0.31
cg17029168	NKX2-2	NM_002509.2	4821	0.10	0.05	0.43	0.15	4.28	7.78E-05	0.33
cg09873258	DLK1	NT_026437.11	8788	0.08	0.08	0.33	0.20	4.27	0.005	0.26
cg17412258										
cg01920232	RFX4	NM_002920.3	5992	0.08	0.04	0.32	0.21	4.27	0.009	0.25
cg25668368	KCNH7	NM_033272.2	90134	0.11	0.04	0.48	0.16	4.26	1.59E-04	0.37
cg19965810										
cg07536847	PAX7	NM_002584.1	5081	0.11	0.08	0.46	0.21	4.25	7.72E-04	0.35
cg14883392	ASCL1	NM_004316.2	429	0.11	0.07	0.45	0.17	4.24	2.68E-04	0.34
cg20053158										
cg11653709	CDKN2A	NT_008413.17	1029	0.12	0.11	0.50	0.18	4.24	1.40E-04	0.38
cg12840719										
cg07752420										



García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg10895543											
cg09099744											
cg23092823	PODN	NM_153703.3	127435	0.08	0.05	0.35	0.18	4.22	0.002	0.27	
cg03634234	MLL3	NM_021230.1	58508	0.06	0.03	0.26	0.12	4.21	0.001	0.20	
cg21432954	TRPC4	NM_016179.1	7223	0.08	0.09	0.35	0.16	4.20	8.67E-04	0.26	
cg22821324	GPM6A	NM_201592.1	2823	0.11	0.13	0.45	0.17	4.19	2.22E-04	0.35	
cg19781133	KCNH2	NM_000238.2	3757	0.10	0.10	0.40	0.17	4.18	4.44E-04	0.31	
cg08535373	SLC32A1	NM_080552.2	140679	0.07	0.02	0.31	0.16	4.18	0.002327815	0.24	
cg03556497											
cg18902090	PCDHAC1	NM_018898.3	56135	0.13	0.09	0.53	0.24	4.17	8.91E-04	0.40	
cg12629325											
cg15749748	GATA5	NM_080473.3	140628	0.07	0.06	0.31	0.18	4.17	0.004	0.23	
cg09083627	SLITRK5	NM_015567.1	26050	0.12	0.12	0.50	0.22	4.17	6.51E-04	0.38	
cg10124201	BOLL	NM_033030.3	66037	0.13	0.08	0.52	0.18	4.15	1.31E-04	0.40	
cg17560332											
cg04396791	SHANK2	NM_012309.1	22941	0.10	0.07	0.42	0.25	4.15	0.005	0.32	
cg06092815	SKIP	NM_030623.1	80309	0.10	0.09	0.43	0.18	4.14	4.48E-04	0.32	
cg04072323											
cg20792062	KCNA5	NM_002234.2	3741	0.13	0.07	0.54	0.19	4.14	1.02E-04	0.41	
cg13081704	KCNQ1DN	NM_018722.1	55539	0.11	0.05	0.46	0.19	4.13	4.68E-04	0.34	
cg05656180											
cg01530101											
cg04457979											
cg07474356	PCDH11X	NM_032967.1	27328	0.08	0.07	0.33	0.15	4.13	0.001	0.25	
cg06958829	CHAD	NM_001267.1	1101	0.11	0.08	0.44	0.19	4.13	5.01E-04	0.34	
cg06818777											
cg25484904	FLJ21511	NM_025087.1	80157	0.10	0.07	0.40	0.25	4.13	0.007	0.30	
cg04005707											
cg24989962	PTGDR	NM_000953.2	5729	0.17	0.28	0.72	0.21	4.13	2.08E-04	0.55	
cg09516965											
cg02844545	GCM2	NM_004752.1	9247	0.09	0.09	0.37	0.21	4.09	0.004	0.28	
cg09829319											
cg26465611	MEGF10	NM_032446.1	84466	0.09	0.09	0.36	0.22	4.08	0.006	0.27	
cg06940792											
cg07501965	CHRFAM7A	NM_139320.1	89832	0.06	0.02	0.24	0.10	4.03	6.73E-04	0.18	
cg00015770	GPR103	NM_198179.1	84109	0.11	0.04	0.44	0.20	4.03	0.001	0.33	
cg10114327											
cg16158681	MT3	NM_005954.2	4504	0.09	0.03	0.36	0.24	4.02	0.009	0.27	
cg24110050	TCTEX1D1	NM_152665.1	200132	0.08	0.07	0.34	0.20	4.02	0.005	0.26	
cg12111714	ATP8A2	NM_016529.3	51761	0.15	0.10	0.60	0.19	4.00	4.27E-05	0.45	
cg18236477											

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg22411207	MOS	NM_005372.1	4342	0.08	0.03	0.32	0.16	3.98	0.002	0.24
cg17923358	RELN	NM_005045.2	5649	0.09	0.05	0.35	0.21	3.98	0.007	0.26
cg00107187	TMEM179	NM_207379.1	388021	0.15	0.12	0.61	0.22	3.98	1.10E-04	0.46
cg03734874										
cg10175795	TCERG1L	NM_174937.1	256536	0.13	0.07	0.51	0.17	3.97	9.87E-05	0.38
cg03943081										
cg04632671	PPARG	NM_138712.2	5468	0.07	0.08	0.28	0.17	3.97	0.008	0.21
cg09188980	CALCA	NM_001741.2	796	0.12	0.05	0.47	0.17	3.97	1.97E-04	0.35
cg22183706										
cg14348532										
cg01971122										
cg10467022										
cg06295856										
cg09068492										
cg04645342	NEGR1	NM_173808.2	257194	0.10	0.07	0.39	0.21	3.94	0.003	0.29
cg14473924	PDZRN3	NM_015009.1	23024	0.12	0.08	0.48	0.20	3.94	5.96E-04	0.36
cg26055770										
cg20979799	RFX6	NM_173560.1	222546	0.13	0.04	0.51	0.23	3.94	0.001	0.38
cg10003443	FOXA2	NM_021784.3	3170	0.09	0.04	0.36	0.16	3.93	0.001	0.27
cg07572341										
cg27389185	ZNF540	NM_152606.2	163255	0.15	0.06	0.58	0.16	3.93	1.50E-05	0.43
cg03975694										
cg15201877	PTGER3	NM_000957.2	5733	0.11	0.05	0.44	0.20	3.91	0.002	0.33
cg10217445	OLIG2	NM_005806.2	10215	0.13	0.05	0.49	0.15	3.90	5.71E-05	0.36
cg07376535	ADCYAP1	NM_001117.2	116	0.10	0.03	0.37	0.17	3.90	0.001	0.28
cg01837719	FUT9	NM_006581.2	10690	0.09	0.05	0.34	0.20	3.89	0.006	0.25
cg24713204	ZNF471	NM_020813.1	57573	0.09	0.07	0.37	0.14	3.88	2.59E-04	0.27
cg14289985										
cg25549459	POU3F3	NM_006236.1	5455	0.16	0.09	0.64	0.18	3.88	1.74E-05	0.47
cg20291049										
cg02161900	IRXL1	NM_173576.1	283078	0.10	0.05	0.39	0.22	3.87	0.005	0.29
cg14614211										
cg21243096	POU3F1	NM_002699.2	5453	0.13	0.07	0.49	0.19	3.87	2.88E-04	0.36
cg20640433	LAMA2	NM_000426.2	3908	0.12	0.05	0.45	0.20	3.86	0.001	0.34
cg19774122										
cg23582408	EEF1A2	NM_001958.2	1917	0.05	0.05	0.20	0.09	3.86	6.92E-04	0.15
cg23303074	LRAT	NM_004744.3	9227	0.09	0.06	0.36	0.17	3.85	0.002	0.26
cg23587449										
cg21461100	NOVA2	NM_002516.1	4858	0.11	0.08	0.44	0.26	3.84	0.005	0.32
cg19718882	WIT-1	NM_015855.2	51352	0.08	0.07	0.30	0.15	3.84	0.002	0.22
cg25577842										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg01580681	HAND2	NM_021973.1	9464	0.14	0.03	0.54	0.18	3.84	2.07E-04	0.40
cg05647859	LIN7A	NM_004664.2	8825	0.14	0.07	0.55	0.17	3.84	4.99E-05	0.41
cg07442479	GDNF	NM_000514.2	2668	0.11	0.05	0.43	0.23	3.83	0.004	0.31
cg00970325	PAQR9	NM_198504.1	344838	0.09	0.02	0.34	0.14	3.83	5.84E-04	0.25
cg26385222	TMEM176A	NM_018487.2	55365	0.10	0.06	0.37	0.20	3.82	0.004	0.28
cg02244695										
cg01661993	TTYH1	NM_020659.2	57348	0.13	0.07	0.48	0.19	3.80	4.66E-04	0.35
cg21094669	GLRA3	NM_006529.1	8001	0.07	0.06	0.27	0.15	3.80	0.004	0.20
cg19968631										
cg14726637	CR1	NM_000573.2	1378	0.11	0.08	0.44	0.17	3.80	3.48E-04	0.32
cg11935147	PDE4DIP	NM_001002812.1	9659	0.11	0.05	0.42	0.21	3.79	0.003	0.31
cg05380982	KCNJ6	NM_002240.2	3763	0.12	0.07	0.44	0.22	3.78	0.002	0.32
cg12827555	CHX10	NM_182894.1	338917	0.13	0.05	0.47	0.20	3.76	9.18E-04	0.35
cg11525285										
cg22179082	GPR12	NM_005288.1	2835	0.08	0.03	0.29	0.17	3.75	0.006	0.21
cg09786257	PCSK1	NM_000439.3	5122	0.08	0.04	0.32	0.16	3.72	0.003	0.23
cg23187653										
cg09630404	STAR	NM_001007243.1	6770	0.10	0.08	0.37	0.10	3.72	1.59E-05	0.27
cg05890484	BHMT	NM_001713.1	635	0.15	0.08	0.56	0.19	3.72	1.06E-04	0.41
cg10660256										
cg12164282	PXDN	XM_935180.1	7837	0.13	0.11	0.48	0.25	3.71	0.003	0.35
cg17063929	NOX4	NM_016931.2	50507	0.12	0.06	0.44	0.24	3.71	0.004	0.32
cg25148589	GRIA2	NM_000826.2	2891	0.10	0.06	0.38	0.15	3.71	5.91E-04	0.28
cg15425280										
cg15974053	HSD17B14	NM_016246.2	51171	0.12	0.11	0.43	0.16	3.68	2.37E-04	0.31
cg10281002	TBX5	NM_080718.1	6910	0.11	0.06	0.41	0.17	3.68	7.65E-04	0.30
cg21907579										
cg03742003	SLIT2	NM_004787.1	9353	0.10	0.06	0.35	0.16	3.68	9.98E-04	0.26
cg18972811										
cg00891278	CFAP100	NM_182628.1	348807	0.09	0.05	0.34	0.21	3.68	0.008	0.25
cg20312228										
cg13262687	POU4F2	NM_004575.1	5458	0.13	0.09	0.48	0.17	3.67	1.25E-04	0.35
cg24199834										
cg00911351	PCDHGB4	NM_003736.2	8641	0.10	0.07	0.37	0.14	3.67	3.63E-04	0.27
cg26282384										
cg14221171	TAC1	NM_003182.1	6863	0.10	0.05	0.37	0.15	3.66	7.50E-04	0.27
cg07550362										
cg20890210	KCNB2	NM_004770.2	9312	0.12	0.04	0.44	0.18	3.66	9.22E-04	0.32
cg06918467	OLIG3	NM_175747.2	167826	0.09	0.03	0.31	0.18	3.66	0.006	0.23
cg04263186	TACR3	NM_001059.1	6870	0.10	0.03	0.37	0.17	3.66	0.002	0.27
cg05389335										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg03365437	ALDH1A2	NM_003888.2	8854	0.11	0.06	0.38	0.20	3.64	0.003	0.28
cg25853078	OPCML	NM_002545.3	4978	0.10	0.08	0.36	0.15	3.64	7.76E-04	0.26
cg03923934										
cg09595479	PRPH	NM_006262.3	5630	0.11	0.06	0.40	0.20	3.64	0.002	0.29
cg15183083	KCNA4	NM_002233.2	3739	0.11	0.07	0.40	0.16	3.63	4.39E-04	0.29
cg03506489										
cg27239157	MCF2L2	NM_015078.2	23101	0.07	0.06	0.27	0.17	3.63	0.009	0.20
cg05522383	PITX2	NM_153426.1	5308	0.10	0.04	0.36	0.20	3.62	0.005	0.26
cg16112129	DRD1	NM_000794.2	1812	0.10	0.04	0.35	0.21	3.61	0.007	0.25
cg17694877	DIAPH2	NM_007309.1	1730	0.10	0.05	0.34	0.15	3.59	9.22E-04	0.25
cg07917796										
cg13878010	ADCY5	NM_183357.1	111	0.08	0.08	0.30	0.18	3.59	0.008	0.22
cg19358493	EMX2	NM_004098.2	2018	0.06	0.05	0.20	0.09	3.59	0.001	0.15
cg03811478	SOX14	NM_004189.2	8403	0.14	0.07	0.50	0.16	3.59	8.60E-05	0.36
cg10839723	TBL1X	NM_005647.2	6907	0.13	0.11	0.48	0.14	3.56	3.09E-05	0.34
cg14105781										
cg00910067	SLC7A10	NM_019849.1	56301	0.10	0.03	0.36	0.23	3.56	0.010	0.26
cg09674215	TWIST1	NM_000474.3	7291	0.11	0.03	0.38	0.17	3.55	0.002	0.28
cg22498251										
cg26898336	TEKT3	NM_031898.1	64518	0.11	0.06	0.39	0.15	3.54	4.06E-04	0.28
cg27601582	NMRK2	NM_170678.1	27231	0.04	0.03	0.16	0.08	3.53	0.003	0.11
cg12374721	PRAC	NM_032391.2	84366	0.13	0.06	0.45	0.24	3.52	0.004	0.33
cg01870826	KBAKDN	NM_203393.1	389458	0.16	0.08	0.55	0.21	3.52	4.23E-04	0.40
cg06790324	GRB10	NM_005311.3	2887	0.04	0.04	0.15	0.07	3.52	0.002	0.11
cg15883716	ANKRD45	NM_198493.1	339416	0.10	0.04	0.34	0.17	3.51	0.003	0.25
cg04446579										
cg22719623	OPRM1	NM_000914.2	4988	0.12	0.06	0.41	0.18	3.51	0.001	0.30
cg14262937										
cg05822100	CDH6	NM_004932.2	1004	0.08	0.06	0.28	0.14	3.50	0.003	0.20
cg23694248	PTPRR	NM_002849.2	5801	0.10	0.07	0.36	0.17	3.50	0.002	0.26
cg03928182										
cg26491213	SIX3	NM_005413.1	6496	0.05	0.03	0.19	0.10	3.49	0.005	0.14
cg13163729										
cg27223047	FBN2	NM_001999.3	2201	0.11	0.05	0.38	0.22	3.48	0.007	0.27
cg03495868	PTGFR	NM_000959.2	5737	0.12	0.07	0.40	0.19	3.46	0.002	0.29
cg24022301										
cg25550573	FLJ23191	NM_024574.2	79625	0.07	0.07	0.24	0.15	3.46	0.009	0.17
cg26626089	PRKCG	NM_002739.3	5582	0.10	0.04	0.34	0.19	3.45	0.007	0.24
cg07773116	GDF10	NM_004962.2	2662	0.11	0.05	0.38	0.23	3.45	0.008	0.27
cg10647513	HBA1	NM_000558.3	3039	0.11	0.06	0.37	0.20	3.44	0.004	0.26
cg02245378	CCDC140	NM_153038.1	151278	0.13	0.06	0.45	0.18	3.44	6.09E-04	0.32

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg05056120	EBF	NM_024007.2	1879	0.10	0.05	0.35	0.19	3.44	0.006	0.25
cg12457773	NRSN1	NM_080723.2	140767	0.15	0.08	0.50	0.17	3.43	1.87E-04	0.35
cg00059225	GLRA1	NM_000171.1	2741	0.10	0.06	0.36	0.17	3.43	0.002	0.25
cg14319409										
cg17031727	COG2	NM_007357.1	22796	0.06	0.02	0.20	0.12	3.43	0.007	0.14
cg00318573	CHRNA4	NM_000744.2	1137	0.15	0.07	0.50	0.18	3.43	2.74E-04	0.35
cg16154416	RASGRF1	NM_002891.3	5923	0.13	0.07	0.45	0.22	3.42	0.003	0.32
cg09220361	GABRG2	NM_000816.2	2566	0.12	0.05	0.42	0.12	3.41	3.90E-05	0.30
cg12768605	LYPD5	NM_182573.1	284348	0.12	0.05	0.42	0.21	3.41	0.003	0.30
cg25808906	DGKG	NM_001346.1	1608	0.10	0.12	0.33	0.20	3.40	0.010	0.23
cg16853982	ACTN2	NM_001103.1	88	0.16	0.06	0.54	0.18	3.39	1.46E-04	0.38
cg21376883										
cg20166532	EDG1	NM_001400.2	1901	0.07	0.06	0.25	0.09	3.39	2.81E-04	0.17
cg27114120	PROKR2	NM_144773.2	128674	0.15	0.05	0.50	0.20	3.39	7.90E-04	0.35
cg02920216	CHODL	NM_024944.2	140578	0.17	0.08	0.56	0.18	3.39	1.17E-04	0.40
cg24130010										
cg21504918	GPX3	NM_002084.2	2878	0.07	0.04	0.25	0.15	3.38	0.008	0.18
cg11722531	APC2	NM_005883.2	10297	0.07	0.04	0.25	0.12	3.37	0.003	0.17
cg22289837	CA3	NM_005181.2	761	0.10	0.06	0.32	0.17	3.35	0.004	0.23
cg18674980										
cg20073553	BAPX1	NM_001189.2	579	0.12	0.04	0.39	0.17	3.35	0.001	0.27
cg01366419	WBSCR17	NM_022479.1	64409	0.17	0.14	0.58	0.15	3.35	1.45E-05	0.41
cg23239396	CALCR	NM_001742.2	799	0.12	0.05	0.40	0.20	3.34	0.004	0.28
cg04062391	ZNF560	NM_152476.1	147741	0.12	0.07	0.40	0.15	3.34	2.75E-04	0.28
cg05221167										
cg11656547	MAMDC2	NM_153267.3	256691	0.11	0.03	0.36	0.19	3.34	0.004	0.25
cg02332525	GRM7	NM_181874.1	2917	0.11	0.06	0.36	0.19	3.33	0.003	0.25
cg04527363										
cg00044245	EPHA7	NM_004440.2	2045	0.10	0.08	0.33	0.13	3.33	6.40E-04	0.23
cg08001895										
cg27480700	ZNF480	NM_144684.1	147657	0.05	0.06	0.18	0.11	3.33	0.008	0.13
cg27096144	MSX2	NM_002449.3	4488	0.10	0.09	0.32	0.15	3.32	0.002	0.23
cg20914508	GAP43	NM_002045.2	2596	0.12	0.04	0.39	0.19	3.31	0.003	0.27
cg26646370	SHD	NM_020209.2	56961	0.16	0.14	0.53	0.25	3.30	0.002	0.37
cg16954341	SCGN	NM_006998.3	10590	0.10	0.09	0.34	0.19	3.29	0.007	0.24
cg06493994										
cg25802093	SPAG6	NM_012443.2	9576	0.14	0.11	0.46	0.21	3.26	0.002	0.32
cg06908778										
cg24697184	TTC22	NM_017904.1	55001	0.06	0.03	0.18	0.11	3.25	0.008	0.12
cg00576250	ZNF663	NM_173643.1	284747	0.08	0.06	0.27	0.11	3.23	5.44E-04	0.19
cg13168820	PTPRT	NM_133170.2	11122	0.14	0.25	0.47	0.17	3.23	0.005	0.32

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg07675169	NKAIN4	NM_152864.2	128414	0.16	0.11	0.51	0.16	3.23	9.42E-05	0.35
cg12448933	RAB37	NM_001006637.1	326624	0.16	0.06	0.50	0.17	3.22	1.59E-04	0.35
cg07952391	THNSL2	NM_018271.2	55258	0.10	0.09	0.32	0.15	3.22	0.003	0.22
cg09851465	C1orf87	NM_152377.1	127795	0.11	0.05	0.36	0.19	3.20	0.005	0.25
cg14294758	LSAMP	NM_002338.2	4045	0.13	0.05	0.42	0.14	3.20	2.99E-04	0.29
cg23095584	GBX2	NM_001485.2	2637	0.13	0.05	0.40	0.19	3.19	0.003	0.28
cg21279601	DRD5	NM_000798.3	1816	0.16	0.11	0.51	0.18	3.19	1.99E-04	0.35
cg09936561										
cg16293105	SIGLEC6	NM_198846.1	946	0.10	0.05	0.33	0.16	3.18	0.004	0.22
cg07379574	TMEM59L	NM_012109.1	25789	0.12	0.04	0.38	0.19	3.17	0.003	0.26
cg15089387	TSLP	NM_033035.3	85480	0.08	0.05	0.27	0.16	3.17	0.010	0.18
cg20134215	MCHR2	NM_032503.1	84539	0.17	0.05	0.52	0.17	3.17	2.18E-04	0.36
cg10235817	ADRA2C	NM_000683.3	152	0.16	0.10	0.52	0.22	3.17	0.001	0.35
cg12331389	RBP4	NM_006744.3	5950	0.07	0.05	0.22	0.11	3.16	0.003	0.15
cg25511429	NRN1	NM_016588.2	51299	0.15	0.07	0.48	0.18	3.16	4.97E-04	0.33
cg23710218	MSC	NM_005098.2	9242	0.15	0.09	0.48	0.23	3.16	0.002	0.33
cg05250458	ZNF177	NM_003451.1	7730	0.18	0.09	0.56	0.19	3.15	2.11E-04	0.38
cg09643544										
cg15539420	HOXB8	NM_024016.2	3218	0.11	0.04	0.35	0.15	3.15	0.001	0.24
cg26219051	SCUBE1	NM_173050.1	80274	0.15	0.06	0.47	0.21	3.14	0.002	0.32
cg15202954	VGCNL1	NM_052867.1	259232	0.15	0.07	0.47	0.22	3.14	0.002	0.32
cg02932669										
cg24650501	LMX1A	NM_001033507.1	4009	0.09	0.07	0.28	0.16	3.14	0.009	0.19
cg09250703	PIR	NM_003662.2	8544	0.13	0.10	0.39	0.17	3.14	0.001	0.27
cg19144013										
cg11710969	ARMC3	NM_173081.1	219681	0.06	0.05	0.20	0.10	3.13	0.004	0.13
cg11673092										
cg00393585	FAM218A	NM_153027.1	152756	0.14	0.10	0.45	0.14	3.13	8.57E-05	0.30
cg15309006	CHP2	NM_022097.1	63928	0.05	0.03	0.17	0.09	3.13	0.004	0.11
cg21296230	GREM1	NM_013372.5	26585	0.16	0.18	0.49	0.19	3.12	0.001	0.33
cg01129847	C19orf35	NM_198532.1	374872	0.17	0.09	0.53	0.17	3.11	1.29E-04	0.36
cg20973210										
cg17987660	C8orf37	NM_177965.2	157657	0.06	0.04	0.18	0.10	3.11	0.008	0.12
cg23317501	UGT3A1	NM_152404.2	133688	0.13	0.04	0.40	0.19	3.11	0.003	0.27
cg10539507	NKX6-1	NM_006168.1	4825	0.12	0.06	0.38	0.20	3.09	0.004	0.26
cg17342283	SRGN	NM_002727.2	5552	0.09	0.05	0.28	0.16	3.09	0.008	0.19
cg00231140	ACAA2	NM_006111.1	10449	0.06	0.06	0.20	0.11	3.09	0.008	0.13
cg18275051	CYB5R1	NM_016243.2	51706	0.10	0.04	0.30	0.15	3.06	0.005	0.20
cg09214254	SMOC2	NM_022138.1	64094	0.13	0.06	0.40	0.20	3.06	0.004	0.27
cg03918304	HOXD10	NM_002148.2	3236	0.18	0.08	0.56	0.16	3.05	4.51E-05	0.38
cg21591742										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg03958979	NR2E1	NM_003269.2	7101	0.18	0.08	0.54	0.24	3.04	0.002	0.36
cg20616414	WNK2	NM_006648.3	65268	0.06	0.04	0.18	0.08	3.04	0.002	0.12
cg12571423	CCNA1	NM_003914.2	8900	0.14	0.07	0.41	0.11	3.03	3.20E-05	0.28
cg16422907										
cg15125472	HSPB6	NM_144617.1	126393	0.15	0.10	0.45	0.20	3.03	0.002	0.30
cg24673765										
cg17665193	GAD2	NM_000818.1	2572	0.09	0.05	0.27	0.14	3.03	0.005	0.18
cg15898840	IGFBP3	NM_000598.4	3486	0.06	0.05	0.18	0.08	3.02	0.002	0.12
cg00548268	NPTX2	NM_002523.1	4885	0.20	0.21	0.60	0.17	3.02	3.09E-04	0.40
cg12799895										
cg26885858	NBPF3	NM_032264.2	84224	0.06	0.06	0.19	0.08	3.00	0.001	0.13
cg16232126	SLC5A7	NM_021815.2	60482	0.18	0.11	0.55	0.18	3.00	2.14E-04	0.37
cg25725843	ST6GAL2	NM_032528.1	84620	0.13	0.06	0.40	0.18	3.00	0.002	0.26
cg21229859	MYEF2	NM_016132.2	50804	0.09	0.07	0.27	0.14	2.99	0.005	0.18
cg16530429	LIN28	NM_024674.3	79727	0.15	0.07	0.44	0.22	2.98	0.004	0.29
cg07036530	GPR26	NM_153442.1	2849	0.20	0.11	0.59	0.15	2.96	1.42E-05	0.39
cg02757432										
cg10839997	B3GNT6	NM_006876.1	11041	0.06	0.06	0.18	0.10	2.96	0.008	0.12
cg13199589	RIMKLA	NM_173642.1	284716	0.09	0.03	0.26	0.12	2.95	0.004	0.17
cg25141674	LINC00472	NM_024882.1	79940	0.12	0.06	0.36	0.18	2.95	0.004	0.24
cg04219321	HLF	NM_002126.3	3131	0.10	0.03	0.29	0.14	2.95	0.003	0.19
cg22680204	CRMP1	NM_001313.3	1400	0.25	0.19	0.73	0.10	2.95	7.08E-06	0.48
cg03544320										
cg25552492	LGI3	NM_139278.2	203190	0.07	0.03	0.20	0.11	2.93	0.007	0.13
cg16792800	GPC6	NM_005708.2	10082	0.22	0.16	0.64	0.12	2.93	8.64E-06	0.42
cg27038439	MSX1	NM_002448.1	4487	0.15	0.05	0.42	0.19	2.92	0.003	0.28
cg09748975										
cg22609784										
cg24840099										
cg20588069										
cg07621046	C10orf82	NM_144661.2	143379	0.18	0.10	0.51	0.19	2.92	6.58E-04	0.34
cg18110483	THBS4	NM_003248.3	7060	0.12	0.12	0.36	0.18	2.91	0.005	0.24
cg10887021	PCDHB2	NM_018936.2	56133	0.11	0.05	0.32	0.14	2.91	0.002	0.21
cg02260587										
cg19797376	TAL1	NM_003189.1	6886	0.15	0.06	0.44	0.17	2.90	8.08E-04	0.29
cg10757144	PCDHB15	NM_018935.2	56121	0.18	0.05	0.51	0.16	2.90	1.66E-04	0.34
cg11368643										
cg09601629	CCDC105	NM_173482.1	126402	0.17	0.06	0.48	0.15	2.90	1.59E-04	0.32
cg06190053	PGM5	NM_021965.3	5239	0.09	0.04	0.26	0.14	2.90	0.006	0.17
cg09230173										
cg24516901	FAM124B	NM_024785.2	79843	0.13	0.06	0.39	0.15	2.88	7.36E-04	0.25

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg17169998	MLC1	NM_015166.2	23209	0.08	0.03	0.24	0.11	2.88	0.003	0.16
cg24719601	PHOX2B	NM_003924.2	8929	0.09	0.02	0.27	0.13	2.87	0.003	0.18
cg23130254	HOXD12	NM_021193.2	3238	0.16	0.13	0.45	0.17	2.87	8.17E-04	0.29
cg03874199										
cg05184394	AMER3	NM_152698.1	205147	0.12	0.05	0.33	0.18	2.85	0.006	0.22
cg25784308										
cg21233722	DOCK2	NM_004946.1	1794	0.20	0.12	0.56	0.17	2.85	8.92E-05	0.37
cg11038843	B3GAT1	NM_018644.2	27087	0.14	0.04	0.40	0.12	2.84	2.00E-04	0.26
cg00250430	DMRT2	NM_006557.3	10655	0.15	0.10	0.42	0.24	2.83	0.010	0.27
cg08359956	TMEM176B	NM_014020.2	28959	0.12	0.11	0.34	0.13	2.83	9.42E-04	0.22
cg04875162	PABPC5	NM_080832.1	140886	0.20	0.10	0.57	0.16	2.83	4.29E-05	0.37
cg02250594	ONECUT2	NM_004852.1	9480	0.15	0.07	0.42	0.22	2.81	0.007	0.27
cg22752533	SLC12A5	NM_020708.3	57468	0.25	0.15	0.70	0.09	2.81	1.23E-06	0.45
cg16902509	ITGA8	NM_003638.1	8516	0.09	0.05	0.26	0.09	2.80	4.75E-04	0.17
cg13492340										
cg13102585	RUNDC3A	NM_006695.3	10900	0.13	0.05	0.36	0.19	2.80	0.007	0.23
cg08185241	G0S2	NM_015714.2	50486	0.09	0.09	0.25	0.14	2.80	0.009	0.16
cg11584690	ZNF574	NM_022752.3	64763	0.22	0.13	0.61	0.14	2.79	1.57E-05	0.39
cg17215680	SIGLEC10	NM_033130.2	89790	0.11	0.05	0.29	0.17	2.78	0.010	0.19
cg21289015	USH1C	NM_005709.2	10083	0.09	0.06	0.24	0.11	2.78	0.002	0.16
cg26025891	PSTPIP1	NM_003978.2	9051	0.15	0.08	0.41	0.23	2.78	0.009	0.26
cg24881834	ME1	NM_002395.2	4199	0.13	0.07	0.37	0.20	2.77	0.010	0.23
cg04907257	ADCY2	NM_020546.1	108	0.20	0.15	0.57	0.20	2.77	5.72E-04	0.36
cg16714091	ADAMTSL1	NM_052866.2	92949	0.16	0.03	0.43	0.17	2.76	0.001	0.28
cg00646140	ARSD	NM_001669.2	414	0.09	0.06	0.24	0.11	2.76	0.004	0.15
cg22134325	NPAS4	NM_178864.2	266743	0.22	0.09	0.62	0.17	2.76	5.97E-05	0.39
cg16977035	ALX4	NM_021926.2	60529	0.10	0.08	0.27	0.12	2.75	0.002	0.17
cg11797994										
cg18546622										
cg27318318										
cg00061629										
cg13807496										
cg22709192	HOXC11	NM_014212.2	3227	0.17	0.06	0.46	0.24	2.75	0.007	0.29
cg02620013	MLNR	NM_001507.1	2862	0.16	0.07	0.45	0.23	2.75	0.007	0.28
cg25033993	STX1B	NM_052874.1	112755	0.13	0.04	0.36	0.11	2.74	2.60E-04	0.23
cg08832227	KCNA1	NM_000217.1	3736	0.10	0.07	0.27	0.13	2.74	0.005	0.17
cg26590537										
cg13969584	AFG3L1	NM_001132.2	172	0.09	0.04	0.26	0.12	2.73	0.003	0.16
cg13264741	GRIN2B	NM_000834.2	2904	0.08	0.07	0.22	0.11	2.73	0.006	0.14
cg05073035	ZIC1	NM_003412.3	7545	0.17	0.05	0.47	0.17	2.73	8.61E-04	0.30
cg14456683										



García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg10722799	CLIC6	NM_053277.1	54102	0.15	0.11	0.42	0.22	2.71	0.008	0.26
cg27351358	BDNF	NM_170733.2	627	0.11	0.04	0.30	0.14	2.71	0.004	0.19
cg16257091										
cg00503840	DLX5	NT_007933.14	1749	0.20	0.11	0.54	0.15	2.71	7.88E-05	0.34
cg02101486										
cg27016494										
cg18873386										
cg13462129										
cg11500797										
cg20080624										
cg06015218	GRM1	NM_000838.2	2911	0.12	0.04	0.31	0.16	2.71	0.008	0.20
cg13722123										
cg16731240	ZNF577	NM_032679.1	84765	0.20	0.08	0.53	0.25	2.70	0.004	0.34
cg11521965	PTN	NM_002825.5	5764	0.12	0.05	0.33	0.16	2.70	0.005	0.21
cg20555507	TRPM3	NM_020952.3	80036	0.16	0.06	0.44	0.16	2.70	8.88E-04	0.27
cg16832407										
cg15928398	ST6GAL1	NM_173216.1	6480	0.16	0.08	0.44	0.20	2.70	0.003	0.28
cg03336167	SLC22A18	NM_183233.1	5002	0.13	0.09	0.34	0.18	2.69	0.007	0.21
cg19906550										
cg21019522										
cg26164310	LPPR4	NM_014839.3	9890	0.16	0.10	0.43	0.19	2.68	0.003	0.27
cg21226224	SOX17	NM_022454.2	64321	0.18	0.09	0.47	0.20	2.68	0.002	0.30
cg02919422										
cg00540769	ACOT12	NM_130767.1	134526	0.21	0.06	0.56	0.16	2.68	1.21E-04	0.35
cg14419187	UNC80	NM_182587.1	285175	0.19	0.07	0.52	0.19	2.67	7.51E-04	0.32
cg26620157	PAX9	NM_006194.1	5083	0.21	0.14	0.55	0.17	2.67	2.63E-04	0.34
cg00509670										
cg24623694	PRX	NM_020956.1	57716	0.13	0.07	0.33	0.17	2.66	0.007	0.21
cg10189695	GPR78	NM_080819.2	27201	0.14	0.11	0.36	0.17	2.65	0.005	0.22
cg04286933	APOBEC3G	NM_021822.1	60489	0.15	0.06	0.39	0.20	2.65	0.006	0.24
cg03388193	HPSE2	NM_021828.2	60495	0.12	0.07	0.31	0.15	2.65	0.005	0.20
cg27590397	SSTR1	NM_001049.2	6751	0.11	0.06	0.28	0.11	2.65	0.001	0.17
cg13099330	RBP1	NM_002899.2	5947	0.18	0.10	0.48	0.21	2.64	0.002	0.30
cg16806597	GRAP	NM_006613.3	10750	0.14	0.09	0.37	0.17	2.61	0.005	0.23
cg23276115										
cg25434223	ELAVL3	NM_001420.3	1995	0.15	0.11	0.38	0.20	2.61	0.008	0.24
cg14882700	OTOP1	NM_177998.1	133060	0.21	0.06	0.56	0.18	2.61	3.99E-04	0.35
cg15105987	SOX2	NM_003106.2	6657	0.20	0.10	0.52	0.15	2.58	1.05E-04	0.32
cg13302823	SCRT1	NM_031309.3	83482	0.23	0.11	0.58	0.18	2.56	2.51E-04	0.35
cg24435562	PCDHB13	NM_018933.2	56123	0.10	0.02	0.26	0.14	2.56	0.010	0.16
cg12351433	LHCGR	NM_000233.1	3973	0.19	0.06	0.49	0.17	2.55	8.24E-04	0.30

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg11540692	SIM1	NM_005068.2	6492	0.17	0.06	0.43	0.17	2.55	0.002	0.26
cg12622986	BARHL1	NM_020064.2	56751	0.13	0.05	0.34	0.16	2.55	0.005	0.21
cg11634198	NEUROD2	NM_006160.2	4761	0.15	0.04	0.39	0.17	2.54	0.003	0.24
cg16638540	ZNF135	NM_003436.2	7694	0.22	0.15	0.56	0.21	2.53	0.001	0.34
cg10234985	IZUMO1	NM_182575.1	284359	0.13	0.08	0.32	0.15	2.52	0.004	0.20
cg08536841										
cg10484958	PCDH8	NM_032949.1	5100	0.19	0.07	0.47	0.22	2.52	0.005	0.28
cg20366906										
cg00240312	CDH1	NM_004360.2	999	0.05	0.04	0.13	0.07	2.52	0.010	0.08
cg16415058	SORCS1	NM_052918.3	114815	0.18	0.06	0.45	0.15	2.51	3.92E-04	0.27
cg00708598	LECT1	NM_007015.2	11061	0.17	0.06	0.42	0.16	2.51	0.001	0.25
cg22037648	SEMA3B	NT_022517.17	7869	0.06	0.05	0.14	0.05	2.50	0.002	0.09
cg27584469	SLITRK2	NM_032539.2	84631	0.19	0.08	0.48	0.14	2.50	1.51E-04	0.29
cg21494776	ICAM4	NM_001544.2	3386	0.18	0.09	0.44	0.23	2.49	0.009	0.26
cg14826456	ADRB1	NM_000684.1	153	0.23	0.06	0.56	0.19	2.49	5.56E-04	0.34
cg22772878	DIRAS1	NM_145173.1	148252	0.19	0.09	0.47	0.18	2.49	0.001	0.28
cg19352038	PAX3	NM_181457.1	5077	0.19	0.06	0.47	0.15	2.48	3.04E-04	0.28
cg21794225	PRKD1	NM_002742.1	5587	0.19	0.04	0.46	0.20	2.48	0.004	0.28
cg01295203	PRDM14	NM_024504.2	63978	0.22	0.19	0.54	0.16	2.48	0.001	0.32
cg25935911	DBC1	NM_014618.1	1620	0.18	0.07	0.44	0.23	2.48	0.009	0.26
cg23089840	LRRC3	NM_030891.3	81543	0.19	0.03	0.47	0.13	2.48	2.18E-04	0.28
cg05772663	HTR2C	NM_000868.1	3358	0.22	0.10	0.54	0.19	2.47	8.47E-04	0.32
cg00202711										
cg24076884	PCDHAC2	NM_031883.2	56134	0.21	0.09	0.51	0.17	2.47	4.74E-04	0.31
cg00767581	HOXD4	NM_014621.2	3233	0.19	0.10	0.47	0.17	2.47	0.001	0.28
cg18750960										
cg11208483	SOX21	NM_007084.2	11166	0.20	0.09	0.48	0.15	2.46	2.79E-04	0.28
cg06675478	SOX1	NM_005986.2	6656	0.21	0.10	0.51	0.15	2.46	2.05E-04	0.30
cg22303211										
cg10064162	LAMB1	NM_002291.1	3912	0.16	0.05	0.39	0.11	2.45	2.03E-04	0.23
cg04765277	GATA3-AS1	NM_207423.1	399717	0.13	0.06	0.33	0.12	2.45	0.001	0.19
cg00779924										
cg13858139	ZNF43	NM_003423.2	7594	0.10	0.04	0.24	0.10	2.44	0.003	0.14
cg21342728	GPR24	NM_005297.2	2847	0.23	0.08	0.57	0.13	2.44	2.60E-05	0.34
cg17727529	C1orf61	NM_006365.1	10485	0.13	0.07	0.32	0.12	2.43	0.001	0.19
cg15748507	PRLHR	NM_004248.1	2834	0.21	0.09	0.51	0.14	2.42	7.70E-05	0.30
cg16196812										
cg11647681	PCDHGA12	NM_003735.2	26025	0.18	0.10	0.43	0.12	2.42	1.29E-04	0.25
cg07730329										
cg18267381	ZNF659	NM_024697.1	79750	0.21	0.07	0.50	0.16	2.39	4.50E-04	0.29
cg13035743	PRRT1	NM_030651.2	80863	0.23	0.06	0.55	0.17	2.39	4.03E-04	0.32

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg06268694	CELSR1	NM_014246.1	9620	0.16	0.11	0.38	0.13	2.36	0.002	0.22
cg12259537	ZNF606	NM_025027.3	80095	0.14	0.06	0.34	0.10	2.36	2.24E-04	0.20
cg06621358	CELSR3	NM_001407.1	1951	0.20	0.07	0.48	0.16	2.36	9.82E-04	0.27
cg14189571	ZFP42	NM_174900.2	132625	0.20	0.14	0.47	0.20	2.35	0.005	0.27
cg06274159										
cg20972214	SLC2A3	NM_006931.1	6515	0.12	0.07	0.28	0.12	2.35	0.004	0.16
cg10303842	CDH12	NM_004061.2	1010	0.14	0.04	0.34	0.14	2.34	0.003	0.19
cg07177300	FRMPD4	NM_014728.1	9758	0.24	0.12	0.56	0.19	2.32	0.001	0.32
cg17398312										
cg24507762	KCNB1	NM_004975.2	3745	0.21	0.13	0.49	0.17	2.32	0.001	0.28
cg01857260	SCRL	NM_152358.2	126123	0.20	0.11	0.47	0.17	2.32	0.001	0.27
cg09697795										
cg13652336	DEPDC2	NM_024870.2	80243	0.11	0.06	0.26	0.10	2.32	0.003	0.15
cg17028039	FGFR2	NM_000141.2	2263	0.07	0.04	0.16	0.08	2.31	0.009	0.09
cg10604333	ZNF222	NM_013360.1	7673	0.13	0.03	0.30	0.13	2.30	0.006	0.17
cg14159672	PM20D1	NM_152491.3	148811	0.22	0.17	0.50	0.23	2.30	0.009	0.28
cg06346081	ZMYND12	NM_032257.3	84217	0.12	0.05	0.28	0.12	2.29	0.005	0.16
cg17279839	RARRES2	NM_002889.2	5919	0.16	0.08	0.36	0.17	2.29	0.007	0.20
cg26556719	PCDHA13	NM_018904.2	56136	0.16	0.07	0.37	0.11	2.29	3.86E-04	0.21
cg00238052	TCEAL2	NM_080390.3	140597	0.17	0.08	0.39	0.19	2.29	0.010	0.22
cg23163644										
cg20523861	KLHL1	NM_020866.1	57626	0.24	0.09	0.54	0.16	2.27	2.63E-04	0.30
cg06432655	CLIP3	NM_015526.1	25999	0.27	0.12	0.61	0.16	2.26	1.23E-04	0.34
cg15681351	UPF3B	NM_023010.2	65109	0.24	0.08	0.53	0.17	2.26	5.28E-04	0.30
cg10862535	PGLYRP1	NM_005091.1	8993	0.28	0.12	0.64	0.13	2.25	9.11E-06	0.35
cg02806777										
cg01830294	WNT2	NM_003391.1	7472	0.22	0.12	0.50	0.24	2.24	0.010	0.28
cg12485020	CHRD1	NM_145234.2	91851	0.22	0.13	0.50	0.13	2.24	3.94E-04	0.27
cg02994956	NEFH	NM_021076.2	4744	0.26	0.12	0.58	0.21	2.23	0.002	0.32
cg19502744	SRD5A2	NM_000348.2	6716	0.26	0.10	0.57	0.21	2.23	0.002	0.32
cg15403517										
cg14166009	HKR1	NM_181786.2	284459	0.27	0.09	0.60	0.11	2.22	5.03E-06	0.33
cg12024906										
cg22449114	TCF15	NM_004609.3	6939	0.19	0.06	0.43	0.18	2.22	0.005	0.23
cg10246296	CLCN4	NM_001830.2	1183	0.11	0.02	0.24	0.11	2.21	0.007	0.13
cg22635155	PDE2A	NM_002599.1	5138	0.06	0.02	0.13	0.05	2.20	0.002	0.07
cg00739120	NIFIE14	NM_032635.2	10430	0.20	0.06	0.45	0.19	2.20	0.006	0.24
cg17398595	SH3GL2	NM_003026.1	6456	0.16	0.03	0.35	0.08	2.20	8.27E-05	0.19
cg10957151	HOXD9	NM_014213.2	3235	0.29	0.28	0.64	0.15	2.19	0.004	0.35
cg14991487										
cg21126707	MYF5	NM_005593.1	4617	0.25	0.09	0.56	0.17	2.18	5.41E-04	0.30

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg26207503											
cg15310873	C20orf85	NM_178456.2	128602	0.26	0.10	0.57	0.19	2.18	0.001	0.31	
cg16361890	LTC4S	NM_145867.1	4056	0.17	0.06	0.36	0.12	2.18	0.001	0.20	
cg15407570	STAB1	NM_015136.2	23166	0.21	0.11	0.45	0.21	2.17	0.009	0.24	
cg17718322	OPHN1	NM_002547.1	4983	0.12	0.04	0.26	0.07	2.17	1.70E-04	0.14	
cg00949554	UBE2E3	NM_182678.1	10477	0.11	0.05	0.24	0.09	2.17	0.003	0.13	
cg24249486	ARHGAP6	NM_001174.2	395	0.12	0.03	0.25	0.06	2.16	7.15E-05	0.13	
cg27234090	USP2	NM_004205.3	9099	0.09	0.05	0.19	0.08	2.16	0.008	0.10	
cg13707560	NME5	NM_003551.2	8382	0.20	0.07	0.43	0.19	2.15	0.007	0.23	
cg19308222	EREG	NM_001432.1	2069	0.18	0.06	0.39	0.16	2.15	0.005	0.21	
cg15227982	WBP1L	NM_017787.3	54838	0.20	0.10	0.43	0.14	2.15	0.001	0.23	
cg18752880	C1QTNF3	NM_181435.4	114899	0.18	0.06	0.39	0.10	2.15	1.57E-04	0.21	
cg07285167	CSF3R	NM_156038.2	1441	0.27	0.11	0.58	0.12	2.14	2.24E-05	0.31	
cg09088576											
cg06171787	MRPL16	NM_017840.2	54948	0.07	0.01	0.14	0.06	2.14	0.008	0.08	
cg09014354	NEUROD4	NM_021191.1	58158	0.13	0.05	0.27	0.11	2.11	0.004	0.14	
cg09963123	KLF3	NM_016531.3	51274	0.10	0.06	0.22	0.09	2.11	0.006	0.12	
cg19325985	HOXD13	NM_000523.2	3239	0.19	0.07	0.39	0.15	2.11	0.004	0.21	
cg19764436	GNAZ	NM_002073.2	2781	0.14	0.05	0.30	0.12	2.10	0.004	0.16	
cg07084163	UGT3A2	NM_174914.2	167127	0.19	0.05	0.41	0.18	2.10	0.007	0.21	
cg18389752	AMOT	NM_133265.2	154796	0.17	0.07	0.35	0.11	2.10	0.001	0.18	
cg12758687	DRD2	NM_016574.2	1813	0.19	0.05	0.39	0.12	2.09	0.001	0.20	
cg10885338	C2orf40	NM_032411.1	84417	0.28	0.11	0.59	0.19	2.08	0.001	0.30	
cg20831708	SEC31L2	NM_015490.3	25956	0.33	0.16	0.69	0.18	2.08	3.95E-04	0.36	
cg26320696	PARVA	NM_018222.2	55742	0.07	0.05	0.15	0.07	2.08	0.010	0.08	
cg25500444	CCDC81	NM_021827.2	60494	0.26	0.08	0.54	0.15	2.07	5.15E-04	0.28	
cg16404106											
cg00141162	HCLS1	NM_005335.3	3059	0.18	0.09	0.36	0.10	2.06	7.29E-04	0.19	
cg24690731	SOX7	NM_031439.2	83595	0.20	0.09	0.42	0.14	2.06	0.002	0.21	
cg22123464	SLC8A2	NM_015063.1	6543	0.24	0.08	0.49	0.14	2.05	5.27E-04	0.25	
cg11877382	GLT1D1	NM_144669.1	144423	0.13	0.04	0.27	0.12	2.05	0.007	0.14	
cg27425675	DEXI	NM_014015.3	28955	0.28	0.15	0.57	0.04	2.05	1.57E-04	0.29	
cg25593948	TFAP2B	NM_003221.2	7021	0.22	0.06	0.44	0.14	2.04	0.001	0.23	
cg25226247											
cg25882366	HOXB2	NM_002145.2	3212	0.17	0.10	0.34	0.10	2.04	0.002	0.18	
cg23055678	IL1RAPL2	NM_017416.1	26280	0.13	0.07	0.26	0.04	2.04	1.35E-04	0.13	
cg23384620											
cg18536148	TBX4	NM_018488.2	9496	0.31	0.22	0.64	0.14	2.03	0.001	0.32	
cg01968793	CNNM1	NM_020348.1	26507	0.14	0.02	0.28	0.11	2.03	0.006	0.14	
cg09619146	CPXM2	NM_198148.1	119587	0.21	0.06	0.43	0.10	2.02	1.12E-04	0.22	
cg03630088											

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg26489108	DMRT3	NM_021240.2	58524	0.19	0.04	0.39	0.16	2.02	0.006	0.20
cg01683883	CMTM2	NM_144673.2	146225	0.30	0.15	0.61	0.17	2.01	6.90E-04	0.30
cg12884406	COL11A1	NM_001854.2	1301	0.19	0.08	0.38	0.14	2.00	0.003	0.19
cg17692403	R3HDML	NM_178491.2	140902	0.12	0.06	0.23	0.10	2.00	0.009	0.12
cg23921534	POU3F4	NM_000307.1	5456	0.15	0.06	0.30	0.10	2.00	0.003	0.15
cg20065832										
cg26466858	LCE3A	NM_178431.1	353142	0.27	0.10	0.53	0.16	1.99	9.90E-04	0.26
cg00468146	ID4	NM_001546.2	3400	0.11	0.07	0.22	0.07	1.99	0.003	0.11
cg15607672	OTX2	NM_021728.2	5015	0.22	0.05	0.43	0.14	1.99	0.002	0.22
cg13603171	MOXD1	NM_015529.1	26002	0.21	0.09	0.42	0.17	1.98	0.006	0.21
cg12582959	CCDC106	NM_013301.1	29903	0.21	0.10	0.41	0.12	1.98	0.001	0.20
cg10080004	SYT5	NM_003180.1	6861	0.10	0.05	0.20	0.05	1.98	4.80E-04	0.10
cg24628744	H2AFY	NM_004893.2	9555	0.30	0.11	0.60	0.17	1.98	6.41E-04	0.30
cg01550148										
cg15401952	KCNIP4	NM_147181.2	80333	0.07	0.03	0.15	0.04	1.97	0.003	0.07
cg18403361	CLEC14A	NM_175060.1	161198	0.22	0.11	0.42	0.15	1.95	0.004	0.21
cg14473145										
cg24691453	S100A4	NM_002961.2	6275	0.30	0.14	0.59	0.16	1.95	7.39E-04	0.29
cg06374075	ADAM11	NM_002390.3	4185	0.06	0.02	0.12	0.05	1.95	0.008	0.06
cg23777956	CREB3L3	NM_032607.1	84699	0.13	0.04	0.25	0.09	1.94	0.004	0.12
cg23326689	STMN2	NM_007029.2	11075	0.22	0.05	0.42	0.16	1.94	0.006	0.20
cg27063525	NUS1	NM_138459.2	116150	0.19	0.07	0.36	0.08	1.94	7.77E-05	0.18
cg21245652	MAL	NM_022438.1	4118	0.22	0.10	0.42	0.18	1.94	0.010	0.20
cg06457357	KLF8	NM_007250.2	11279	0.20	0.06	0.39	0.09	1.93	1.76E-04	0.19
cg17105014	GYPC	NM_002101.3	2995	0.16	0.07	0.31	0.10	1.93	0.002	0.15
cg03679581	RLN2	NM_134441.1	6019	0.21	0.06	0.41	0.16	1.92	0.006	0.20
cg02875297										
cg01718139	VSTH1	NM_198481.1	284415	0.27	0.09	0.52	0.14	1.92	4.14E-04	0.25
cg06927864	IL1RAPL1	NM_014271.2	11141	0.14	0.03	0.27	0.11	1.92	0.006	0.13
cg12782180	LEP	NM_000230.1	3952	0.31	0.12	0.59	0.19	1.92	0.002	0.28
cg19594666										
cg00112517	PPP1R1B	NM_032192.2	84152	0.12	0.05	0.23	0.08	1.91	0.004	0.11
cg27553955	KCNG3	NM_133329.4	170850	0.23	0.06	0.45	0.16	1.91	0.004	0.21
cg06172871	HP	NM_005143.2	3240	0.22	0.06	0.41	0.14	1.90	0.003	0.20
cg06494782	K6IRS2	NM_080747.1	140807	0.27	0.15	0.52	0.17	1.90	0.005	0.24
cg20050826										
cg07737781	MLXIPL	NM_032951.1	51085	0.08	0.04	0.15	0.06	1.90	0.006	0.07
cg22705225	PDZK3	NM_178140.1	23037	0.25	0.09	0.47	0.17	1.90	0.005	0.22
cg09112782	UPF3A	NM_023011.2	65110	0.13	0.05	0.25	0.09	1.90	0.004	0.12
cg23083672	EGFL6	NM_015507.2	25975	0.30	0.10	0.56	0.15	1.90	5.69E-04	0.26
cg00932276										

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg06899976	PCDHB1	NM_013340.2	29930	0.15	0.04	0.28	0.07	1.89	2.14E-04	0.13
cg06640279	FAIM3	NM_005449.3	9214	0.19	0.07	0.36	0.09	1.89	3.13E-04	0.17
cg13144783	CCR1	NM_001295.2	1230	0.22	0.04	0.41	0.10	1.89	3.03E-04	0.19
cg04080057	CACNG6	NM_145814.1	59285	0.33	0.11	0.61	0.16	1.89	6.85E-04	0.29
cg10548978	TBATA	NM_152710.1	219793	0.28	0.09	0.52	0.14	1.88	8.34E-04	0.24
cg11325578	GPR143	NM_000273.1	4935	0.25	0.09	0.47	0.18	1.87	0.006	0.22
cg18627308	FAM86C1	NM_152563.1	55199	0.06	0.02	0.12	0.04	1.87	0.006	0.05
cg09945801	WRN	NM_000553.2	7486	0.27	0.06	0.50	0.18	1.86	0.005	0.23
cg17568996	NFAM1	NM_145912.4	150372	0.22	0.09	0.41	0.15	1.86	0.006	0.19
cg13152535	CLEC11A	NM_002975.2	6320	0.22	0.07	0.40	0.14	1.86	0.004	0.18
cg06914598	RBAK	NM_021163.2	57786	0.23	0.06	0.44	0.10	1.86	2.08E-04	0.20
cg10236239	SULT1C4	NM_006588.2	27233	0.24	0.09	0.45	0.11	1.85	5.70E-04	0.21
cg12163132	TBX2	NM_005994.3	6909	0.23	0.05	0.42	0.16	1.85	0.007	0.19
cg01033938	ADAMTS8	NM_007037.3	11095	0.18	0.06	0.33	0.13	1.85	0.008	0.15
cg22341310	ZNF541	NM_032255.1	84215	0.29	0.12	0.54	0.17	1.84	0.003	0.25
cg02512226	ARMC4	NM_018076.2	55130	0.23	0.06	0.42	0.14	1.84	0.003	0.19
cg18601426	PTPRN2	NM_002847.2	5799	0.26	0.04	0.48	0.14	1.84	0.001	0.22
cg21542793	ADRA2B	NM_000682.4	151	0.28	0.08	0.52	0.18	1.84	0.004	0.24
cg05436231	CD164L2	NM_207397.1	388611	0.12	0.06	0.23	0.06	1.84	0.001	0.10
cg22980351	DCAF12L1	NM_178470.3	139170	0.31	0.09	0.57	0.12	1.84	1.69E-04	0.26
cg15375586	TBX22	NM_016954.2	50945	0.30	0.12	0.56	0.16	1.84	0.002	0.25
cg18552939	NDN	NM_002487.2	4692	0.26	0.06	0.47	0.14	1.84	0.002	0.21
cg02298008	RAB39B	NM_171998.2	116442	0.29	0.11	0.52	0.14	1.83	0.001	0.24
cg24648715	TCEAL3	NM_032926.2	85012	0.30	0.18	0.56	0.15	1.83	0.004	0.25
cg13673514	BEGAIN	NM_020836.2	57596	0.25	0.07	0.45	0.17	1.83	0.006	0.21
cg01899253	FLT1	NM_002019.2	2321	0.24	0.06	0.44	0.15	1.83	0.005	0.20
cg03037266	GLRA2	NM_002063.2	2742	0.12	0.05	0.22	0.05	1.83	2.73E-04	0.10
cg00565688	TP73	NM_005427.1	7161	0.10	0.07	0.19	0.06	1.83	0.009	0.08
cg23709838	SLC35A2	NM_005660.1	7355	0.28	0.06	0.51	0.11	1.83	9.40E-05	0.23
cg20588045	PCDH15	NM_033056.2	65217	0.21	0.04	0.39	0.14	1.82	0.005	0.18
cg12978308	NEIL1	NM_024608.1	79661	0.14	0.05	0.25	0.09	1.82	0.004	0.11
cg05238794	GK	NM_000167.3	2710	0.19	0.07	0.35	0.09	1.82	6.36E-04	0.16
cg00005847	HOXD3	NM_006898.4	3232	0.24	0.11	0.44	0.14	1.82	0.003	0.20
cg00055233	RLN1	NM_006911.2	6013	0.23	0.07	0.42	0.16	1.81	0.007	0.19
cg17926057	PSMD10	NM_002814.2	5716	0.17	0.05	0.30	0.09	1.81	0.002	0.14
cg15361231	GLRX2	NM_016066.3	51022	0.19	0.05	0.35	0.13	1.81	0.008	0.16
cg27409364	KCNC1	NM_004976.2	3746	0.37	0.14	0.67	0.15	1.81	3.24E-04	0.30
cg15842276	MTNR1B	NM_005959.3	4544	0.34	0.11	0.61	0.16	1.80	8.28E-04	0.27
cg26096837	FGF19	NM_005117.2	9965	0.31	0.20	0.56	0.16	1.80	0.009	0.25
cg03001305	STAT5A	NM_003152.2	6776	0.15	0.08	0.27	0.09	1.80	0.006	0.12
cg09312149	TRIM36	NM_018700.3	55521	0.25	0.04	0.44	0.16	1.79	0.008	0.20

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg25866075	NALP12	NM_033297.1	91662	0.23	0.09	0.41	0.13	1.78	0.003	0.18
cg24101578	CDH22	NM_021248.1	64405	0.34	0.19	0.60	0.15	1.78	0.004	0.26
cg12271671	FGL2	NM_006682.1	10875	0.16	0.06	0.29	0.09	1.78	0.003	0.13
cg06039392	MTNR1A	NM_005958.3	4543	0.24	0.05	0.42	0.15	1.78	0.007	0.18
cg24623271	ZIC2	NM_007129.2	7546	0.09	0.02	0.15	0.05	1.77	0.004	0.07
cg14165663	GALR2	NM_003857.2	8811	0.31	0.10	0.55	0.15	1.77	0.001	0.24
cg13282837	TCL1A	NM_021966.1	8115	0.34	0.20	0.61	0.18	1.77	0.008	0.26
cg22799132	TRPC5	NM_012471.1	7224	0.28	0.09	0.50	0.14	1.77	0.002	0.22
cg23926715	KIAA1166	NM_018684.1	55906	0.23	0.08	0.40	0.09	1.76	4.88E-04	0.17
cg09721659	TSHR	NM_000369.2	7253	0.26	0.09	0.45	0.14	1.76	0.004	0.19
cg19740287	MOSPD2	NM_152581.1	158747	0.22	0.09	0.39	0.09	1.76	8.05E-04	0.17
cg20587168	ACTL9	NM_178525.2	284382	0.29	0.10	0.52	0.17	1.76	0.006	0.22
cg21030598	PAK2	NM_002577.3	5062	0.28	0.06	0.49	0.14	1.75	0.002	0.21
cg20098118	UXT	NM_004182.2	8409	0.26	0.07	0.46	0.13	1.75	0.002	0.20
cg04340502	GSTA3	NM_000847.3	2940	0.25	0.06	0.44	0.13	1.75	0.003	0.19
cg20308511	SAT	NM_002970.1	6303	0.17	0.07	0.30	0.10	1.75	0.005	0.13
cg08145177	ABHD8	NM_024527.3	79575	0.13	0.05	0.22	0.06	1.75	0.003	0.10
cg13030582	MFAP4	NM_002404.1	4239	0.24	0.09	0.42	0.14	1.75	0.006	0.18
cg23651356	RGS17	NM_012419.4	26575	0.26	0.07	0.46	0.09	1.75	1.11E-04	0.20
cg25021247	AMT	NM_000481.2	275	0.37	0.21	0.65	0.12	1.75	0.003	0.28
cg20191453										
cg02635407	SH3TC1	NM_018986.2	54436	0.21	0.13	0.36	0.10	1.74	0.009	0.15
cg22088368	TEX33	NM_178552.2	339669	0.26	0.10	0.45	0.11	1.74	0.001	0.19
cg20244073	MID1	NM_033290.1	4281	0.17	0.05	0.29	0.06	1.74	1.09E-04	0.12
cg26174752	GPR63	NM_030784.1	81491	0.14	0.03	0.25	0.08	1.74	0.005	0.10
cg10951619	BRINP3	NM_199051.1	339479	0.18	0.05	0.32	0.11	1.73	0.005	0.13
cg14755341	CDKL5	NM_003159.1	6792	0.26	0.12	0.45	0.14	1.73	0.006	0.19
cg01885202										
cg27461196	FXYP1	NM_005031.3	5348	0.34	0.17	0.59	0.13	1.73	0.003	0.25
cg16991589	PABPC3	NM_030979.2	5042	0.35	0.11	0.60	0.17	1.73	0.003	0.25
cg13853198	FCER1G	NM_004106.1	2207	0.33	0.12	0.57	0.14	1.72	9.00E-04	0.24
cg00030047	Clorf188	NM_173795.2	148646	0.37	0.20	0.64	0.13	1.72	0.003	0.27
cg15731815										
cg21043558	BRAF	NM_004333.2	673	0.29	0.05	0.50	0.14	1.72	0.002	0.21
cg14654385	FERMT3	NM_031471.4	83706	0.22	0.10	0.38	0.10	1.71	0.002	0.16
cg24088438										
cg21804950	MTMR3	NM_021090.2	8897	0.17	0.08	0.29	0.09	1.71	0.009	0.12
cg22268231	SPIB	NM_003121.2	6689	0.22	0.09	0.37	0.11	1.71	0.004	0.16
cg11412582	HERC2	NM_004667.3	8924	0.28	0.14	0.48	0.15	1.71	0.009	0.20
cg18613421	WDR72	NM_182758.1	256764	0.28	0.04	0.47	0.15	1.71	0.005	0.20
cg12177677	CYTIP	NM_004288.3	9595	0.25	0.09	0.43	0.11	1.71	0.001	0.18

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg10076009	SMARCA1	NM_003069.2	6594	0.28	0.08	0.47	0.11	1.70	5.27E-04	0.19
cg08416046	IRS4	NM_003604.1	8471	0.34	0.12	0.57	0.14	1.70	0.001	0.24
cg08812936	KCNMB2	NM_005832.3	10242	0.30	0.07	0.50	0.11	1.70	4.54E-04	0.21
cg25714610	FAM3A	NM_021806.1	60343	0.27	0.10	0.45	0.14	1.69	0.007	0.18
cg08504583	SLAIN1	NM_144595.2	122060	0.34	0.07	0.57	0.15	1.69	0.001	0.23
cg04721883	ESX1	NM_153448.2	80712	0.38	0.08	0.65	0.12	1.69	7.79E-05	0.26
cg09261015										
cg18806365	FABP5	NM_001444.1	2171	0.23	0.12	0.38	0.11	1.69	0.008	0.16
cg01228667	GPR101	NM_054021.1	83550	0.33	0.08	0.55	0.14	1.69	0.001	0.23
cg11033833										
cg02860342	HCN4	NM_005477.1	10021	0.24	0.05	0.40	0.14	1.68	0.007	0.16
cg11609760	FGD1	NM_004463.2	2245	0.28	0.09	0.46	0.13	1.68	0.003	0.19
cg21395967	TBC1D8B	NM_017752.2	54885	0.25	0.04	0.42	0.09	1.68	3.74E-04	0.17
cg06101212	CLDN3	NM_001306.2	1365	0.22	0.07	0.38	0.10	1.67	0.003	0.15
cg24964368	FPRL1	NM_001462.3	2358	0.26	0.08	0.43	0.10	1.67	9.56E-04	0.17
cg16510657	TMEM35	NM_021637.1	59353	0.30	0.07	0.51	0.11	1.67	5.24E-04	0.20
cg20275344	RAB9B	NM_016370.1	51209	0.33	0.13	0.55	0.13	1.67	0.002	0.22
cg21716693	CPNE5	NM_020939.1	57699	0.31	0.07	0.51	0.17	1.67	0.008	0.21
cg19404582	GRIN1	NM_021569.1	2902	0.27	0.08	0.45	0.09	1.66	4.36E-04	0.18
cg16082125	USP11	NM_004651.3	8237	0.25	0.08	0.42	0.14	1.66	0.008	0.17
cg03924115	QRFP	NM_198180.1	347148	0.32	0.15	0.53	0.16	1.66	0.009	0.21
cg05681757	FGD4	NM_139241.1	121512	0.23	0.06	0.39	0.09	1.66	0.001	0.15
cg21846903	VTN	NM_000638.2	7448	0.26	0.09	0.44	0.11	1.66	0.002	0.17
cg26656113	NPFFR2	NM_053036.1	10886	0.34	0.14	0.57	0.14	1.65	0.003	0.22
cg07549194	PTH2	NM_178449.2	113091	0.26	0.11	0.43	0.11	1.65	0.004	0.17
cg26309951	MORF4L2	NM_012286.1	9643	0.22	0.05	0.36	0.10	1.65	0.004	0.14
cg04376312	MYLK	NM_005965.3	4638	0.33	0.05	0.54	0.18	1.65	0.007	0.21
cg21448423	ACOT11	NM_015547.2	26027	0.30	0.06	0.49	0.16	1.65	0.007	0.19
cg26372517	TFAP2E	NM_178548.2	339488	0.18	0.10	0.30	0.05	1.64	0.007	0.12
cg07745434	CHST13	NM_152889.1	166012	0.08	0.02	0.13	0.04	1.64	0.006	0.05
cg18459342	TPD52	NM_001025252.1	7163	0.18	0.08	0.30	0.08	1.64	0.007	0.12
cg24777950	CTSG	NM_001911.2	1511	0.34	0.14	0.56	0.13	1.64	0.003	0.22
cg02351381	FAM222A	NM_032829.1	84915	0.25	0.06	0.41	0.13	1.64	0.007	0.16
cg26112639	CIAS1	NM_183395.1	114548	0.27	0.10	0.44	0.12	1.64	0.005	0.17
cg14346048	TMEM47	NM_031442.2	83604	0.35	0.12	0.57	0.13	1.64	0.001	0.22
cg21771250	FAM83F	NM_138435.1	113828	0.31	0.12	0.51	0.16	1.63	0.009	0.20
cg05327750	RBM41	NM_018301.2	55285	0.18	0.06	0.30	0.07	1.63	0.001	0.12
cg02863947	NR1I2	NM_022002.1	8856	0.32	0.12	0.53	0.12	1.63	0.002	0.20
cg10894453	ITM2A	NM_004867.3	9452	0.35	0.07	0.57	0.16	1.63	0.002	0.22
cg25812668	MID1IP1	NM_021242.3	58526	0.32	0.10	0.53	0.15	1.63	0.004	0.20
cg08285151	HDAC9	NM_058176.1	9734	0.19	0.05	0.32	0.07	1.62	0.001	0.12



García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg22016571	STK26	NM_016542.2	51765	0.35	0.11	0.57	0.09	1.62	3.25E-04	0.22
cg03257423	ZNF112	NM_013380.2	7771	0.16	0.05	0.26	0.08	1.62	0.007	0.10
cg12431401	RINL	NM_198445.1	126432	0.30	0.09	0.49	0.12	1.62	0.002	0.18
cg03801286	KCNE1	NM_000219.2	3753	0.36	0.12	0.58	0.12	1.61	8.54E-04	0.22
cg24523000	GABRA1	NM_000806.3	2554	0.23	0.04	0.37	0.11	1.61	0.005	0.14
cg02257405	ACSL6	NM_015256.2	23305	0.34	0.06	0.55	0.14	1.61	0.002	0.21
cg10163825	CCDC78	NM_173476.2	124093	0.14	0.07	0.23	0.06	1.61	0.009	0.09
cg09305478	MCRIP2	NM_138418.2	84331	0.18	0.09	0.29	0.04	1.61	0.004	0.11
cg07780118	AR	NT_011669.16	367	0.31	0.06	0.50	0.12	1.61	0.001	0.19
cg21655480	KLHL34	NM_153270.1	257240	0.25	0.06	0.41	0.10	1.61	0.002	0.15
cg24995836	GABRA3	NM_000808.2	2556	0.35	0.09	0.55	0.13	1.61	0.001	0.21
cg23269489	BCORL1	NM_021946.2	63035	0.34	0.14	0.55	0.14	1.60	0.005	0.21
cg13271951	FAM57B	NM_031478.3	83723	0.31	0.06	0.50	0.10	1.60	2.82E-04	0.19
cg15992730	GDF3	NM_020634.1	9573	0.28	0.06	0.45	0.09	1.60	4.18E-04	0.17
cg23424962	GRIA3	NM_181894.1	2892	0.39	0.12	0.63	0.17	1.60	0.004	0.23
cg04655481	GPR21	NM_005294.1	2844	0.35	0.11	0.55	0.13	1.60	0.002	0.21
cg14506552	NPPB	NM_002521.1	4879	0.33	0.10	0.52	0.15	1.59	0.006	0.19
cg05342835	SYNC1	NM_030786.1	81493	0.32	0.13	0.51	0.09	1.59	0.002	0.19
cg03642518	PNOC	NM_006228.2	5368	0.33	0.14	0.52	0.11	1.59	0.004	0.19
cg22054164	ECE1	NM_001397.1	1889	0.29	0.06	0.46	0.14	1.59	0.008	0.17
cg12842316	SLITRK4	NM_173078.2	139065	0.34	0.12	0.53	0.13	1.59	0.003	0.20
cg26069745	HOXA2	NM_006735.3	3199	0.38	0.17	0.60	0.16	1.59	0.009	0.22
cg27011193	LOC654342	XM_946374.1	654342	0.29	0.08	0.47	0.12	1.59	0.003	0.17
cg23950724	SYT10	NM_198992.1	341359	0.34	0.06	0.54	0.14	1.58	0.003	0.20
cg09173897	PPP4R4	NM_020958.2	57718	0.28	0.05	0.44	0.08	1.58	1.81E-04	0.16
cg20720686	POR	NM_000941.1	5447	0.38	0.16	0.60	0.13	1.58	0.004	0.22
cg20748065										
cg03131527	BDH	NM_203315.1	622	0.39	0.12	0.61	0.16	1.58	0.004	0.22
cg24474182	P2RY13	NM_023914.2	53829	0.40	0.16	0.63	0.15	1.57	0.004	0.23
cg11272332	ZDHHC15	NM_144969.1	158866	0.33	0.10	0.52	0.15	1.57	0.008	0.19
cg05373692										
cg17043922	C6orf106	NM_024294.2	64771	0.11	0.05	0.18	0.04	1.57	0.010	0.06
cg01348086	RGS14	NM_006480.4	10636	0.16	0.05	0.25	0.05	1.56	0.002	0.09
cg16097772	LYZ	NM_000239.1	4069	0.28	0.07	0.43	0.08	1.56	4.58E-04	0.16
cg03504078	PCDHB3	NM_018937.2	56132	0.31	0.06	0.49	0.13	1.56	0.003	0.18
cg01512854										
cg15743985	CD22	NM_001771.1	933	0.39	0.17	0.60	0.10	1.56	0.004	0.22
cg00947275	LAS1L	NM_031206.2	81887	0.17	0.05	0.27	0.05	1.56	6.60E-04	0.10
cg20622056	SLC7A3	NM_032803.3	84889	0.32	0.05	0.50	0.10	1.56	4.99E-04	0.18
cg08665772	KCNJ9	NM_004983.2	3765	0.31	0.05	0.48	0.14	1.55	0.006	0.17
cg16517394	TNFSF4	NM_003326.2	7292	0.25	0.07	0.38	0.11	1.55	0.006	0.14

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg21033855	ZSCAN29	NM_152455.2	146050	0.08	0.03	0.12	0.03	1.55	0.010	0.04
cg05996042	RUNX2	NM_001015051.1	860	0.33	0.08	0.51	0.14	1.55	0.005	0.18
cg01946401										
cg14562990	LDOC1	NM_012317.2	23641	0.37	0.07	0.57	0.13	1.55	0.002	0.20
cg03589001	MORF4L1	NM_206839.1	10933	0.40	0.08	0.61	0.12	1.55	4.34E-04	0.22
cg00554250	NR1H3	NM_005693.1	10062	0.32	0.11	0.50	0.12	1.55	0.004	0.18
cg11919271	P2RY12	NM_022788.3	64805	0.41	0.15	0.63	0.16	1.55	0.006	0.22
cg23571457	GPRASP1	NM_014710.2	9737	0.27	0.03	0.42	0.10	1.54	0.003	0.15
cg14600040	GPC4	NM_001448.2	2239	0.34	0.14	0.53	0.12	1.54	0.007	0.19
cg23066860	GPRASP2	NM_138437.3	114928	0.32	0.10	0.50	0.12	1.54	0.003	0.18
cg17711541	HIST1H2AC	NM_003512.3	8334	0.31	0.14	0.48	0.06	1.53	0.005	0.17
cg15814508	P2RY14	NM_014879.2	9934	0.37	0.12	0.57	0.13	1.53	0.003	0.20
cg09571369										
cg20398399	KLHL6	NM_130446.1	89857	0.25	0.07	0.38	0.11	1.53	0.007	0.13
cg14088811	SPI1	NM_003120.1	6688	0.42	0.18	0.64	0.11	1.53	0.006	0.22
cg00846036	DLG2	NM_001364.1	1740	0.32	0.09	0.49	0.12	1.53	0.003	0.17
cg11718090	NOTCH2NL	NM_203458.2	388677	0.08	0.02	0.12	0.03	1.53	0.002	0.04
cg04924696	CXorf58	NM_152761.1	254158	0.32	0.13	0.49	0.11	1.53	0.008	0.17
cg25384595	LILRA1	NM_006863.1	11024	0.31	0.11	0.47	0.10	1.52	0.004	0.16
cg23191950	ALDH1A3	NM_000693.1	220	0.25	0.09	0.38	0.10	1.52	0.007	0.13
cg13462160	ATF4	NM_182810.1	468	0.25	0.08	0.38	0.06	1.52	0.001	0.13
cg27198824	AFF2	NM_002025.1	2334	0.27	0.08	0.40	0.10	1.52	0.004	0.14
cg07899016	PCDHB12	NM_018932.3	56124	0.36	0.10	0.54	0.15	1.51	0.009	0.18
cg16708281	FOXD4L1	NM_012184.3	200350	0.32	0.08	0.48	0.14	1.51	0.008	0.16
cg17468997	NCF1	NM_000265.1	4687	0.41	0.13	0.61	0.08	1.51	8.13E-04	0.21
cg14913610	KLRG1	NM_005810.3	10219	0.36	0.15	0.54	0.10	1.51	0.007	0.18
cg01278291	DOK3	NM_024872.1	79930	0.40	0.16	0.61	0.12	1.51	0.005	0.21
cg04435420	SGCD	NM_000337.4	6444	0.25	0.07	0.38	0.11	1.51	0.009	0.13
cg10562586	MAP2	NM_031845.1	4133	0.26	0.04	0.40	0.11	1.51	0.006	0.13
cg12205230	TPM3	NM_152263.1	7170	0.23	0.07	0.34	0.09	1.50	0.006	0.12
cg23051598	ATXN2L	NM_017492.2	11273	0.28	0.08	0.41	0.10	1.50	0.005	0.14
cg21922731	HSD17B6	NM_003725.2	8630	0.30	0.10	0.45	0.10	1.50	0.004	0.15
cg24889744	SPEF1	NM_015417.2	25876	0.07	0.02	0.11	0.02	1.50	0.004	0.03
cg21870668	SNRPN	NT_026446.13	6638	0.48	0.19	0.71	0.16	1.50	0.009	0.24
cg16321029										
cg11265941										
cg22678136										
cg01001286	IL16	NM_004513.3	3603	0.22	0.07	0.33	0.07	1.49	0.005	0.11
cg07897701	AOC1	NM_001091.2	26	0.32	0.10	0.48	0.09	1.49	0.002	0.16
cg13603551										
cg18905252	CFC1	NM_032545.2	55997	0.34	0.11	0.51	0.10	1.48	0.004	0.17

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg22705954	NR0B1	NM_000475.3	190	0.37	0.05	0.55	0.11	1.48	9.22E-04	0.18
cg18087477	SYCP1	NM_003176.2	6847	0.43	0.09	0.63	0.17	1.48	0.008	0.20
cg19408398	FIP1L1	NM_030917.2	81608	0.28	0.06	0.42	0.08	1.48	7.94E-04	0.14
cg26093148	CELF3	NM_007185.3	11189	0.37	0.08	0.55	0.09	1.48	3.46E-04	0.18
cg19317715	AOC2	NM_001158.3	314	0.25	0.05	0.37	0.09	1.47	0.004	0.12
cg04039397	CD96	NM_005816.3	10225	0.25	0.06	0.37	0.09	1.47	0.003	0.12
cg12064213	WWC3	NM_015691.2	55841	0.37	0.13	0.55	0.10	1.47	0.004	0.18
cg24309555	APOB	NM_000384.1	338	0.40	0.13	0.59	0.12	1.47	0.005	0.19
cg11871549	ZCCHC12	NM_173798.2	170261	0.32	0.12	0.47	0.07	1.47	0.004	0.15
cg08093211	CSTF2	NM_001325.2	1478	0.26	0.07	0.38	0.10	1.47	0.008	0.12
cg05947740	PHYHIP	NM_014759.2	9796	0.38	0.06	0.56	0.10	1.47	3.49E-04	0.18
cg12643449	IFRD1	NM_001550.2	3475	0.28	0.08	0.42	0.11	1.47	0.010	0.13
cg16014085	ZNF553	NM_152652.1	197407	0.34	0.07	0.49	0.13	1.47	0.008	0.16
cg17991347	MAGED1	NM_006986.3	9500	0.20	0.05	0.29	0.07	1.47	0.006	0.09
cg15787039	SGNE1	NM_003020.1	6447	0.38	0.07	0.56	0.14	1.47	0.005	0.18
cg04995717	TEK	NM_000459.1	7010	0.36	0.10	0.53	0.11	1.46	0.004	0.17
cg06416685	TSPAN6	NM_003270.2	7105	0.21	0.04	0.31	0.04	1.46	9.12E-05	0.10
cg08399444	GSG1	NM_031289.1	83445	0.41	0.14	0.60	0.12	1.46	0.007	0.19
cg11822932	LMO2	NM_005574.2	4005	0.40	0.15	0.58	0.11	1.46	0.008	0.18
cg22584138	SLC6A4	NM_001045.2	6532	0.36	0.09	0.52	0.08	1.45	5.22E-04	0.16
cg16944093	LIMS2	NM_017980.2	55679	0.26	0.06	0.37	0.09	1.45	0.006	0.12
cg15836722	IL1B	NM_000576.2	3553	0.34	0.11	0.50	0.11	1.45	0.009	0.15
cg03464416	RPL10	NM_006013.2	6134	0.33	0.10	0.48	0.09	1.45	0.003	0.15
cg24401441	PAX1	NM_006192.1	5075	0.42	0.07	0.61	0.15	1.45	0.005	0.19
cg14552982	EXOSC2	NM_014285.4	23404	0.40	0.08	0.58	0.10	1.45	7.10E-04	0.18
cg02593766	EPN3	NM_017957.1	55040	0.38	0.08	0.54	0.07	1.45	1.47E-04	0.17
cg14145194	ICAM3	NM_002162.2	3385	0.39	0.12	0.56	0.11	1.45	0.005	0.17
cg23509869	LST1	NM_205838.1	7940	0.30	0.08	0.43	0.11	1.44	0.010	0.13
cg15895197	EMILIN1	NM_007046.1	11117	0.41	0.08	0.59	0.14	1.44	0.004	0.18
cg19254235	RB1	NT_024524.13	5925	0.45	0.12	0.65	0.16	1.44	0.009	0.20
cg26150490	SPACA5	NM_205856.1	389852	0.31	0.07	0.44	0.08	1.44	0.002	0.14
cg09303642	NFE2	NM_006163.1	4778	0.47	0.18	0.68	0.10	1.44	0.008	0.21
cg05702774	SUCNR1	NM_033050.2	56670	0.38	0.12	0.55	0.13	1.44	0.010	0.17
cg18624866	SMS	NM_004595.2	6611	0.26	0.06	0.37	0.06	1.44	8.12E-04	0.11
cg14119236	FGF23	NM_020638.2	8074	0.28	0.05	0.40	0.08	1.44	0.001	0.12
cg23137494	SLC16A2	NM_006517.2	6567	0.32	0.04	0.47	0.07	1.44	2.10E-04	0.14
cg21723486	TP63	NM_003722.3	8626	0.43	0.12	0.62	0.15	1.44	0.010	0.19
cg06273903	UBE2A	NM_181762.1	7319	0.30	0.11	0.43	0.08	1.44	0.009	0.13
cg11810837	ARMCX5	NM_022838.2	64860	0.29	0.08	0.42	0.08	1.43	0.004	0.13
cg10681065	TFR2	NM_003227.2	7036	0.44	0.13	0.64	0.10	1.43	0.003	0.19
cg19475870	CDH9	NM_016279.2	1007	0.44	0.12	0.63	0.14	1.43	0.006	0.19

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg12864235											
cg20964758	COVA1	NM_182314.1	10495	0.27	0.08	0.38	0.08	1.43	0.006	0.11	
cg01975392	LANCL3	NM_198511.1	347404	0.42	0.11	0.59	0.09	1.43	0.001	0.18	
cg11681617	GAB3	NM_080612.1	139716	0.27	0.09	0.38	0.07	1.43	0.009	0.11	
cg26617508	EDA	NM_001399.4	1896	0.23	0.04	0.33	0.07	1.43	0.003	0.10	
cg12879425	STAP1	NM_012108.1	26228	0.29	0.07	0.41	0.10	1.42	0.010	0.12	
cg03886110	PECAM1	NM_000442.2	5175	0.44	0.15	0.63	0.10	1.42	0.006	0.19	
cg19335327	PEG3	NM_006210.1	5178	0.51	0.16	0.72	0.11	1.42	0.003	0.21	
cg14849423											
cg17906786	SERTM1	NM_203451.1	400120	0.32	0.06	0.46	0.11	1.42	0.008	0.14	
cg21080294	PRPS1	NM_002764.2	5631	0.27	0.07	0.38	0.09	1.42	0.008	0.11	
cg11249173	ERVFRD1	NM_207582.1	405754	0.39	0.11	0.56	0.09	1.41	0.003	0.16	
cg13056210	MXRA5	NM_015419.1	25878	0.40	0.09	0.57	0.13	1.41	0.006	0.17	
cg18449462	COX7B	NM_001866.2	1349	0.34	0.07	0.48	0.07	1.40	4.09E-04	0.14	
cg10009003	UBQLN2	NM_013444.2	29978	0.29	0.09	0.41	0.07	1.40	0.007	0.12	
cg24511534	RP2	NM_006915.1	6102	0.41	0.09	0.57	0.12	1.40	0.006	0.16	
cg16256230	KIF4A	NM_012310.2	24137	0.39	0.13	0.54	0.07	1.39	0.006	0.15	
cg04944936	CXorf17	NM_017848.3	54954	0.37	0.08	0.52	0.10	1.39	0.005	0.15	
cg24354652	PTAFR	NM_000952.3	5724	0.48	0.15	0.67	0.12	1.39	0.007	0.19	
cg07044282	ANGPTL1	NM_004673.3	9068	0.44	0.14	0.61	0.11	1.39	0.009	0.17	
cg01617750	CMTM8	NM_178868.3	152189	0.48	0.13	0.67	0.14	1.39	0.009	0.19	
cg04870470	EXTL2	NM_001033025.1	2135	0.34	0.09	0.48	0.08	1.39	0.005	0.13	
cg24821554	GUCY1B2	NM_004129.2	2974	0.41	0.14	0.57	0.09	1.38	0.010	0.16	
cg19007731	RUNX1T1	NM_004349.2	862	0.39	0.06	0.54	0.12	1.38	0.007	0.15	
cg20018806	TCN1	NM_001062.2	6947	0.44	0.08	0.60	0.10	1.38	0.001	0.17	
cg09096031	RFTN2	NM_144629.1	130132	0.41	0.11	0.57	0.08	1.38	0.003	0.16	
cg01353448	PPP1R17	NM_006658.2	10842	0.49	0.06	0.68	0.10	1.38	3.36E-04	0.19	
cg11891583	GLUD2	NM_012084.3	2747	0.43	0.11	0.60	0.11	1.38	0.006	0.16	
cg23078779	MAGED4	NM_030801.2	81557	0.37	0.08	0.51	0.12	1.38	0.009	0.14	
cg06340713	CHM	NM_000390.1	1121	0.47	0.13	0.64	0.12	1.38	0.009	0.17	
cg00585790	LIMS1	NM_004987.3	3987	0.32	0.06	0.43	0.08	1.37	0.004	0.12	
cg07884019	HMP19	NM_015980.3	51617	0.34	0.05	0.47	0.07	1.37	4.34E-04	0.13	
cg13192155	ERAS	NM_181532.2	3266	0.52	0.13	0.71	0.15	1.37	0.009	0.19	
cg02141570	LOC348840	NM_182631.1	348840	0.45	0.05	0.61	0.11	1.37	0.002	0.16	
cg25165199	RCBTB2	NM_001268.2	1102	0.42	0.07	0.58	0.08	1.37	4.84E-04	0.15	
cg11262874	ZNF681	NM_138286.1	148213	0.26	0.07	0.36	0.04	1.36	0.002	0.09	
cg15739581	GALNT3	NM_004482.2	2591	0.37	0.09	0.51	0.09	1.36	0.005	0.14	
cg22367264	OTOGL	NM_173591.1	283310	0.41	0.09	0.55	0.08	1.35	0.003	0.14	
cg17749384	MPP7	NM_173496.2	143098	0.57	0.14	0.77	0.09	1.35	0.002	0.20	
cg13181019											
cg01679262	RANBP5	NM_002271.4	3843	0.18	0.03	0.25	0.04	1.34	0.001	0.06	

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg22437699	ARX	NM_139058.1	170302	0.42	0.08	0.57	0.12	1.34	0.009	0.14
cg00862290	KCNMB3	NM_014407.3	27094	0.48	0.09	0.64	0.12	1.34	0.006	0.16
cg27091787	HYAL2	NM_003773.2	8692	0.41	0.07	0.54	0.10	1.34	0.004	0.14
cg14925024	C1orf35	NM_024319.2	79169	0.51	0.10	0.69	0.08	1.33	8.60E-04	0.17
cg25670900	ZCCHC5	NM_152694.1	203430	0.47	0.11	0.62	0.11	1.33	0.007	0.16
cg14396117	MYR8	NM_015011.1	23026	0.42	0.05	0.56	0.10	1.33	0.003	0.14
cg02793099	ZIM2	NT_011109.15	23619	0.51	0.10	0.68	0.14	1.33	0.010	0.17
cg22010317	CXorf36	NM_024689.1	79742	0.35	0.07	0.46	0.09	1.32	0.007	0.11
cg25195673	GFPT1	NM_002056.1	2673	0.46	0.08	0.61	0.10	1.32	0.004	0.15
cg07311845	TMLHE	XM_938703.1	55217	0.26	0.04	0.35	0.06	1.32	0.004	0.08
cg26465666	PDE1A	NM_001003683.1	5136	0.49	0.12	0.64	0.09	1.32	0.006	0.15
cg07732037	MPHOSPH9	NM_022782.2	10198	0.44	0.10	0.58	0.08	1.31	0.004	0.14
cg08480367	SRPX	NM_006307.2	8406	0.48	0.04	0.63	0.07	1.31	7.65E-05	0.15
cg24901474	RGS5	NM_003617.2	8490	0.47	0.09	0.62	0.10	1.31	0.005	0.15
cg00128197	HSD17B10	NM_004493.1	3028	0.33	0.06	0.43	0.07	1.31	0.005	0.10
cg14815778	FAM58A	NM_152274.2	92002	0.33	0.04	0.43	0.09	1.30	0.009	0.10
cg24341236	MTCP1	NM_001018024.1	4515	0.44	0.10	0.57	0.10	1.30	0.010	0.13
cg02880679	MBTD1	NM_017643.1	54799	0.59	0.15	0.77	0.11	1.30	0.009	0.18
cg01408383	PIGA	NM_020472.1	5277	0.27	0.04	0.36	0.07	1.30	0.010	0.08
cg01997953	CXorf21	NM_025159.1	80231	0.46	0.10	0.60	0.09	1.29	0.007	0.14
cg05961595	APEX2	NM_014481.2	27301	0.42	0.08	0.54	0.09	1.29	0.008	0.12
cg20320468	LAIR1	NM_002287.2	3903	0.56	0.12	0.72	0.09	1.29	0.005	0.16
cg27063986	NDST4	NM_022569.1	64579	0.60	0.12	0.77	0.10	1.28	0.004	0.17
cg03164831	BRWD3	NM_153252.2	254065	0.39	0.06	0.50	0.07	1.28	0.003	0.11
cg04576021	HLA-DOB	NM_002120.2	3112	0.52	0.11	0.66	0.10	1.27	0.009	0.14
cg12391921	ITGB1BP2	NM_012278.1	26548	0.45	0.06	0.58	0.10	1.27	0.007	0.12
cg16075940	FLJ37396	NM_173671.1	285754	0.62	0.12	0.78	0.08	1.27	0.003	0.17
cg02264284	HPRT1	NM_000194.1	3251	0.31	0.04	0.39	0.05	1.27	0.002	0.08
cg10328573	KRT9	NM_000226.2	3857	0.47	0.06	0.59	0.09	1.27	0.004	0.13
cg15309236	BHLHB9	NM_030639.1	80823	0.40	0.06	0.50	0.08	1.27	0.008	0.11
cg10922280	DPEP2	NM_022355.1	64174	0.41	0.06	0.51	0.05	1.26	5.64E-04	0.11
cg09169633	MAN2A2	NM_006122.2	4122	0.58	0.12	0.74	0.07	1.26	0.005	0.15
cg26900154	OTOF	NM_194248.1	9381	0.59	0.11	0.74	0.12	1.26	0.009	0.15
cg16003238	IGDCC3	NM_004884.2	9543	0.51	0.05	0.64	0.11	1.26	0.007	0.13
cg22740835	DDR2	NM_006182.2	4921	0.60	0.11	0.75	0.07	1.25	0.005	0.15
cg26431343	RTCB	NM_014306.2	51493	0.46	0.05	0.58	0.09	1.25	0.009	0.11
cg08525145	RLN3R2	NM_181885.1	339403	0.21	0.02	0.26	0.04	1.25	0.008	0.05
cg05152459	MAGEE2	NM_138703.3	139599	0.54	0.10	0.68	0.09	1.24	0.008	0.13
cg14986420	YIPF6	NM_173834.2	286451	0.23	0.03	0.29	0.05	1.24	0.008	0.06
cg16303562	MSR1	NM_002445.2	4481	0.49	0.10	0.61	0.07	1.24	0.009	0.12
cg12990410	PCDHB4	NM_018938.2	56131	0.36	0.04	0.44	0.07	1.23	0.009	0.08

García AD (2017) Differential methylation patterns in high-grade cervical intraepithelial neoplasia and cancer revealed by genome-wide methylation analysis of cervical swab DNA

cg13379236	EGF	NM_001963.2	1950	0.48	0.07	0.59	0.08	1.22	0.007	0.11
cg18368125	TMED6	NM_144676.1	146456	0.67	0.12	0.81	0.09	1.22	0.009	0.15
cg02039171	CEBPE	NM_001805.2	1053	0.63	0.10	0.76	0.08	1.21	0.005	0.13
cg09671611	GPR114	NM_153837.1	221188	0.57	0.07	0.69	0.07	1.21	0.001	0.12
cg02718563	SLC25A5	NM_001152.1	292	0.59	0.09	0.71	0.06	1.20	0.005	0.12
cg19205041	PHACTR2	NM_014721.1	9749	0.70	0.11	0.82	0.07	1.19	0.009	0.13
cg22149792	ANKRD36B	NM_020970.1	57730	0.57	0.08	0.67	0.07	1.18	0.008	0.10
cg20721467	MYST4	NM_012330.1	23522	0.67	0.03	0.73	0.03	1.08	0.003	0.05
cg11998307	SCARF1	NM_145349.1	8578	0.78	0.04	0.85	0.04	1.08	0.007	0.06

**Supplementary Table 4.** Data of the 1069 genes with higher degree of methylation in the samples of CIN III/cervical cancer patients compared with CIN I/CIN II and healthy donors. The table shows the fold-change in methylation and the *p*-values for the Student t-test.

**Supplementary Table 5.** Data of the 132 genes with hypermethylated promoter and concomitant down-regulated expression in cervical cancer.

Description	RefSeq	Entrez	Group A		Group B		Fold Change	Adjusted p value	Delta Beta
			Mean	SD	Mean	SD			
<i>fms related tyrosine kinase 4</i>	NM_182925.1	2324	0.10	0.06	0.64	0.19	6.13	1.83E-5	0.53
<i>erythropoietin</i>	NM_000799.2	2056	0.16	0.10	0.67	0.16	4.29	1.67E-6	0.51
<i>erythrocyte membrane protein band 4.1 like 3</i>	NM_012307.2	23136	0.13	0.14	0.62	0.12	4.73	3.89E-7	0.49
<i>fibroblast growth factor 4</i>	NM_002007.1	2249	0.08	0.06	0.57	0.24	6.90	3.71E-4	0.48
<i>TSPY like 5</i>	NM_033512.2	85453	0.14	0.08	0.60	0.15	4.44	2.12E-6	0.47
<i>5-hydroxytryptamine receptor 4</i>	NM_000870.2	3360	0.08	0.04	0.55	0.15	6.61	2.15E-5	0.46
<i>endothelin 3</i>	NM_000114.2	1908	0.08	0.06	0.52	0.20	6.80	1.23E-4	0.44
<i>solute carrier family 6 member 2</i>	NM_001043.2	6530	0.05	0.04	0.49	0.24	9.00	6.63E-4	0.43
<i>zinc finger protein 134</i>	NM_003435.2	7693	0.09	0.06	0.52	0.20	5.58	1.76E-4	0.43
<i>glutamate metabotropic receptor 6</i>	NM_000843.2	2916	0.12	0.06	0.54	0.23	4.61	4.23E-4	0.42
<i>brevican</i>	NM_198427.1	63827	0.10	0.03	0.51	0.23	5.23	6.72E-4	0.41
<i>zinc finger protein 671</i>	NM_024833.1	79891	0.06	0.06	0.46	0.26	7.38	0.002	0.40
<i>cysteine dioxygenase type 1</i>	NM_001801.2	1036	0.05	0.05	0.45	0.21	8.90	5.22E-4	0.40
<i>proenkephalin</i>	NM_006211.2	5179	0.04	0.03	0.43	0.21	9.74	6.68E-4	0.39
<i>EPH receptor A5</i>	NM_182472.1	2044	0.10	0.06	0.49	0.19	4.71	2.35E-4	0.39
<i>solute carrier family 27 member 6</i>	NM_014031.3	28965	0.08	0.05	0.46	0.24	5.95	0.001	0.38
<i>collagen type VI alpha 2 chain</i>	NM_001849.2	1292	0.04	0.03	0.42	0.25	9.67	0.002	0.37
<i>adenylate kinase 5</i>	NM_174858.1	26289	0.07	0.05	0.44	0.20	6.58	5.79E-4	0.37
<i>protein tyrosine phosphatase, receptor type N</i>	NM_002846.2	5798	0.07	0.06	0.43	0.23	6.50	0.002	0.37
<i>PDZ domain containing ring finger 3</i>	NM_015009.1	23024	0.12	0.08	0.48	0.20	3.94	5.96E-4	0.36
<i>paired like homeobox 2a</i>	NM_005169.2	401	0.07	0.06	0.42	0.23	6.28	0.001	0.36
<i>homeobox D9</i>	NM_014213.2	3235	0.29	0.28	0.64	0.15	2.19	0.004	0.35
<i>secreted frizzled related protein 1</i>	NM_003012.3	6422	0.09	0.07	0.44	0.27	4.64	0.005	0.34
<i>zinc finger protein 135</i>	NM_003436.2	7694	0.22	0.15	0.56	0.21	2.53	0.001	0.34
<i>growth arrest specific 7</i>	NM_003644.2	8522	0.07	0.11	0.41	0.28	5.62	0.007	0.34
<i>cadherin 8</i>	NM_001796.2	1006	0.06	0.04	0.40	0.16	6.60	2.63E-4	0.34
<i>laminin subunit alpha 2</i>	NM_000426.2	3908	0.12	0.05	0.45	0.20	3.86	0.001	0.34
<i>HYDIN, axonemal central pair apparatus protein</i>	NM_017558.2	54768	0.09	0.06	0.42	0.19	4.78	6.49E-4	0.34
<i>family with sequence similarity 163 member A</i>	NM_173509.2	1E+05	0.04	0.04	0.37	0.29	9.15	0.008	0.33
<i>synapse differentiation inducing 1</i>	NM_024893.1	79953	0.07	0.05	0.40	0.20	5.47	0.001	0.33
<i>prostaglandin E receptor 3</i>	NM_000957.2	5733	0.11	0.05	0.44	0.20	3.91	0.001	0.33
<i>C-X-C motif chemokine ligand 12</i>	NM_199168.2	6387	0.09	0.05	0.41	0.16	4.68	3.14E-4	0.32
<i>retina and anterior neural fold homeobox</i>	NM_013435.1	30062	0.07	0.02	0.40	0.23	5.37	0.003	0.32
<i>calcium voltage-gated channel subunit alpha 1 G</i>	NM_018896.3	8913	0.05	0.05	0.37	0.21	7.24	0.002	0.32
<i>sperm associated antigen 6</i>	NM_012443.2	9576	0.14	0.11	0.46	0.21	3.26	0.002	0.32
<i>nitric oxide synthase 1</i>	NM_000620.1	4842	0.09	0.07	0.41	0.26	4.41	0.007	0.32
<i>endothelin receptor type B</i>	NT_024524.13	1910	0.04	0.03	0.35	0.17	9.23	5.70E-4	0.32
<i>Ras protein specific guanine nucleotide releasing factor 1</i>	NM_002891.3	5923	0.13	0.07	0.45	0.22	3.42	0.002	0.32
<i>caudal type homeobox 2</i>	NM_001265.2	1045	0.06	0.03	0.37	0.14	5.89	2.58E-4	0.30
<i>cell wall biogenesis 43 C-terminal homolog</i>	NM_025087.1	80157	0.10	0.07	0.40	0.25	4.13	0.006	0.30
<i>pancreatic and duodenal homeobox 1</i>	NM_000209.1	3651	0.04	0.02	0.35	0.26	7.93	0.008	0.30
<i>protein arginine methyltransferase 8</i>	NM_019854.3	56341	0.04	0.04	0.34	0.20	8.67	0.002	0.30
<i>docking protein 5</i>	NM_018431.3	55816	0.07	0.03	0.36	0.18	5.40	0.001	0.29
<i>zinc finger and SCAN domain containing 18</i>	NM_023926.3	65982	0.05	0.03	0.35	0.21	6.38	0.004	0.29
<i>potassium voltage-gated channel subfamily A member 4</i>	NM_002233.2	3739	0.11	0.07	0.40	0.16	3.63	4.39E-4	0.29
<i>platelet derived growth factor D</i>	NM_025208.3	80310	0.07	0.08	0.35	0.22	5.34	0.004	0.29
<i>limbic system-associated membrane protein</i>	NM_002338.2	4045	0.13	0.05	0.42	0.14	3.20	2.99E-4	0.29
<i>zinc finger protein 549</i>	NM_153263.1	3E+05	0.05	0.05	0.34	0.19	6.70	0.002	0.29
<i>spondin 1</i>	NM_006108.1	10418	0.08	0.05	0.37	0.23	4.54	0.006	0.29
<i>gamma-aminobutyric acid type A receptor alpha2 subunit</i>	NM_000807.1	2555	0.06	0.06	0.34	0.22	5.49	0.006	0.28
<i>adrenoceptor alpha 1A</i>	NM_033302.1	148	0.08	0.05	0.36	0.18	4.46	0.002	0.28

<i>heart and neural crest derivatives expressed 1</i>	NM_004821.1	9421	0.07	0.03	0.34	0.24	5.18	0.008	0.28
<i>adenylate cyclase activating polypeptide 1</i>	NM_001117.2	116	0.10	0.03	0.37	0.17	3.90	0.001	0.28
<i>transient receptor potential cation channel subfamily M member 3</i>	NM_020952.3	80036	0.16	0.06	0.44	0.16	2.70	8.88E-4	0.27
<i>SH3 and cysteine rich domain</i>	NM_003149.1	6769	0.05	0.03	0.32	0.17	6.75	0.001	0.27
<i>zinc finger protein 471</i>	NM_020813.1	57573	0.09	0.07	0.37	0.14	3.88	2.59E-4	0.27
<i>forkhead box A2</i>	NM_021784.3	3170	0.09	0.04	0.36	0.16	3.93	0.001	0.27
<i>steroidogenic acute regulatory protein</i>	NM_001007243.1	6770	0.10	0.08	0.37	0.10	3.72	1.59E-5	0.27
<i>BMP/retinoic acid inducible neural specific 1</i>	NM_014618.1	1620	0.18	0.07	0.44	0.23	2.48	0.009	0.26
<i>cadherin 22</i>	NM_021248.1	64405	0.34	0.19	0.60	0.15	1.78	0.004	0.26
<i>hemoglobin subunit alpha 1</i>	NM_000558.3	3039	0.11	0.06	0.37	0.20	3.44	0.004	0.26
<i>glutamate ionotropic receptor kainate type subunit 1</i>	NM_000830.3	2897	0.06	0.04	0.32	0.20	5.24	0.005	0.26
<i>slit guidance ligand 2</i>	NM_004787.1	9353	0.10	0.06	0.35	0.16	3.68	9.98E-4	0.26
<i>fucosyltransferase 9</i>	NM_006581.2	10690	0.09	0.05	0.34	0.20	3.89	0.006	0.25
<i>diaphanous related formin 2</i>	NM_007309.1	1730	0.10	0.05	0.34	0.15	3.59	9.22E-4	0.25
<i>protocadherin 11 X-linked</i>	NM_032967.1	27328	0.08	0.07	0.33	0.15	4.13	0.001	0.25
<i>adrenoceptor alpha 2A</i>	NM_000681.2	150	0.06	0.07	0.31	0.18	4.86	0.003	0.25
<i>transmembrane protein 147</i>	NM_032635.2	10430	0.20	0.06	0.45	0.19	2.20	0.006	0.24
<i>hemoglobin subunit alpha 2</i>	NM_000517.3	3040	0.07	0.04	0.31	0.15	4.56	0.002	0.24
<i>small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N</i>	NT_026446.13	6638	0.48	0.19	0.71	0.16	1.50	0.009	0.24
<i>v-mos Moloney murine sarcoma viral oncogene homolog</i>	NM_005372.1	4342	0.08	0.03	0.32	0.16	3.98	0.002	0.24
<i>glutamate ionotropic receptor AMPA type subunit 3</i>	NM_181894.1	2892	0.39	0.12	0.63	0.17	1.60	0.004	0.23
<i>malic enzyme 1</i>	NM_002395.2	4199	0.13	0.07	0.37	0.20	2.77	0.009	0.23
<i>NME/NM23 family member 5</i>	NM_003551.2	8382	0.20	0.07	0.43	0.19	2.15	0.007	0.23
<i>purinergic receptor P2Y13</i>	NM_023914.2	53829	0.40	0.16	0.63	0.15	1.57	0.004	0.23
<i>collagen type XIV alpha 1 chain</i>	NM_021110.1	7373	0.05	0.04	0.27	0.16	5.22	0.003	0.22
<i>integral membrane protein 2A</i>	NM_004867.3	9452	0.35	0.07	0.57	0.16	1.63	0.002	0.22
<i>carbohydrate sulfotransferase 8</i>	NM_022467.3	64377	0.06	0.04	0.28	0.13	4.45	0.001	0.22
<i>cathepsin G</i>	NM_001911.2	1511	0.34	0.14	0.56	0.13	1.64	0.003	0.22
<i>paternally expressed 3</i>	NM_006210.1	5178	0.51	0.16	0.72	0.11	1.42	0.003	0.21
<i>necdin, MAGE family member</i>	NM_002487.2	4692	0.26	0.06	0.47	0.14	1.84	0.002	0.21
<i>myosin light chain kinase</i>	NM_005965.3	4638	0.33	0.05	0.54	0.18	1.65	0.007	0.21
<i>epiregulin</i>	NM_001432.1	2069	0.18	0.06	0.39	0.16	2.15	0.005	0.21
<i>periaxin</i>	NM_020956.1	57716	0.13	0.07	0.33	0.17	2.66	0.006	0.21
<i>G protein-coupled receptor 21</i>	NM_005294.1	2844	0.35	0.11	0.55	0.13	1.60	0.002	0.21
<i>homeobox D13</i>	NM_000523.2	3239	0.19	0.07	0.39	0.15	2.11	0.004	0.21
<i>mal, T-cell differentiation protein</i>	NM_022438.1	4118	0.22	0.10	0.42	0.18	1.94	0.009	0.20
<i>dopamine receptor D2</i>	NM_016574.2	1813	0.19	0.05	0.39	0.12	2.09	0.001	0.20
<i>leucine zipper down-regulated in cancer 1</i>	NM_012317.2	23641	0.37	0.07	0.57	0.13	1.55	0.001	0.20
<i>fms related tyrosine kinase 1</i>	NM_002019.2	2321	0.24	0.06	0.44	0.15	1.83	0.005	0.20
<i>glycine receptor alpha 3</i>	NM_006529.1	8001	0.07	0.06	0.27	0.15	3.80	0.004	0.20
<i>haptoglobin</i>	NM_005143.2	3240	0.22	0.06	0.41	0.14	1.90	0.003	0.20
<i>SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily a, member 1</i>	NM_003069.2	6594	0.28	0.08	0.47	0.11	1.70	5.27E-4	0.19
<i>cadherin 12</i>	NM_004061.2	1010	0.14	0.04	0.34	0.14	2.34	0.003	0.19
<i>transferrin receptor 2</i>	NM_003227.2	7036	0.44	0.13	0.64	0.10	1.43	0.003	0.19
<i>HLF, PAR bZIP transcription factor</i>	NM_002126.3	3131	0.10	0.03	0.29	0.14	2.95	0.003	0.19
<i>androgen receptor</i>	NT_011669.16	367	0.31	0.06	0.50	0.12	1.61	0.001	0.19
<i>phytanoyl-CoA 2-hydroxylase interacting protein</i>	NM_014759.2	9796	0.38	0.06	0.56	0.10	1.47	3.49E-4	0.18
<i>nuclear receptor subfamily 0 group B member 1</i>	NM_000475.3	190	0.37	0.05	0.55	0.11	1.48	9.22E-4	0.18
<i>glutamate decarboxylase 2</i>	NM_000818.1	2572	0.09	0.05	0.27	0.14	3.03	0.005	0.18
<i>microfibrillar associated protein 4</i>	NM_002404.1	4239	0.24	0.09	0.42	0.14	1.75	0.006	0.18
<i>glutathione peroxidase 3</i>	NM_002084.2	2878	0.07	0.04	0.25	0.15	3.38	0.008	0.18
<i>myosin VIIA and Rab interacting protein</i>	NM_015460.2	25924	0.03	0.03	0.21	0.11	6.77	0.002	0.18
<i>neuron derived neurotrophic factor</i>	NM_024574.2	79625	0.07	0.07	0.24	0.15	3.46	0.009	0.17



<i>zinc finger C4H2-type containing</i>	NM_018684.1	55906	0.23	0.08	0.40	0.09	1.76	4.88E-4	0.17
<i>vitronectin</i>	NM_000638.2	7448	0.26	0.09	0.44	0.11	1.66	0.002	0.17
<i>discs large MAGUK scaffold protein 2</i>	NM_001364.1	1740	0.32	0.09	0.49	0.12	1.53	0.003	0.17
<i>Fc fragment of IgM receptor</i>	NM_005449.3	9214	0.19	0.07	0.36	0.09	1.89	3.13E-4	0.17
<i>TEK receptor tyrosine kinase</i>	NM_000459.1	7010	0.36	0.10	0.53	0.11	1.46	0.004	0.17
<i>forkhead box D4-like 1</i>	NM_012184.3	2E+05	0.32	0.08	0.48	0.14	1.51	0.008	0.16
<i>solute carrier family 6 member 4</i>	NM_001045.2	6532	0.36	0.09	0.52	0.08	1.45	5.22E-4	0.16
<i>USH1 protein network component harmonin</i>	NM_005709.2	10083	0.09	0.06	0.24	0.11	2.78	0.002	0.16
<i>interleukin 1 beta</i>	NM_000576.2	3553	0.34	0.11	0.50	0.11	1.45	0.009	0.15
<i>ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif 8</i>	NM_007037.3	11095	0.18	0.06	0.33	0.13	1.85	0.008	0.15
<i>sushi repeat containing protein, X-linked</i>	NM_006307.2	8406	0.48	0.04	0.63	0.07	1.31	7.65E-5	0.15
<i>POU class 3 homeobox 4</i>	NM_000307.1	5456	0.15	0.06	0.30	0.10	2.00	0.003	0.15
<i>regulator of G-protein signaling 5</i>	NM_003617.2	8490	0.47	0.09	0.62	0.10	1.31	0.005	0.15
<i>ataxin 2 like</i>	NM_017492.2	11273	0.28	0.08	0.41	0.10	1.50	0.005	0.14
<i>glutamate ionotropic receptor NMDA type subunit 2B</i>	NM_000834.2	2904	0.08	0.07	0.22	0.11	2.73	0.006	0.14
<i>hyaluronoglucosaminidase 2</i>	NM_003773.2	8692	0.41	0.07	0.54	0.10	1.34	0.004	0.14
<i>microtubule associated protein 2</i>	NM_031845.1	4133	0.26	0.04	0.40	0.11	1.51	0.006	0.13
<i>acetyl-CoA acyltransferase 2</i>	NM_006111.1	10449	0.06	0.06	0.20	0.11	3.09	0.008	0.13
<i>chloride voltage-gated channel 4</i>	NM_001830.2	1183	0.11	0.02	0.24	0.11	2.21	0.007	0.13
<i>phosphatase and actin regulator 2</i>	NM_014721.1	9749	0.70	0.11	0.82	0.07	1.19	0.009	0.13
<i>macrophage scavenger receptor 1</i>	NM_002445.2	4481	0.49	0.10	0.61	0.07	1.24	0.009	0.12
<i>inhibitor of DNA binding 4, HLH protein</i>	NM_001546.2	3400	0.11	0.07	0.22	0.07	1.99	0.003	0.11
<i>ubiquitin specific peptidase 2</i>	NM_004205.3	9099	0.09	0.05	0.19	0.08	2.16	0.008	0.10
<i>fibroblast growth factor receptor 2</i>	NM_000141.2	2263	0.07	0.04	0.16	0.08	2.31	0.009	0.09
<i>tumor protein p73</i>	NM_005427.1	7161	0.10	0.07	0.19	0.06	1.83	0.009	0.08
<i>trimethyllysine hydroxylase, epsilon</i>	XM_938703.1	55217	0.26	0.04	0.35	0.06	1.32	0.004	0.08
<i>phosphodiesterase 2A</i>	NM_002599.1	5138	0.06	0.02	0.13	0.05	2.20	0.002	0.07
<i>lysine acetyltransferase 6B</i>	NM_012330.1	23522	0.67	0.03	0.73	0.03	1.08	0.003	0.05

**Supplementary Table 6.** Data of the 85 hypomethylated genes in the samples of CIN III/cervical cancer patients compared with CIN I/CIN II and healthy donors. The genes are arranged by their  $\Delta\beta$ -values in descending order. The table also shows the fold-change in methylation and the  $p$ -values for the Student  $t$ -test.

CpG ID	Gen	RefSeq	Entrez	Group A		Group B		Fold Change	Adjusted p value	Delta Beta
				Mean	SD	Mean	SD			
cg17647273	UPB1	NM_016327.2	51733	0.86	0.07	0.63	0.16	0.73	0.003	-0.24
cg21541083	MAGED1	NM_006949.1	6813	0.85	0.08	0.62	0.11	0.73	0.000	-0.23
cg09830866	FAM173A	NM_023933.1	65990	0.71	0.11	0.49	0.11	0.68	0.000	-0.22
cg25182621	CHRD	NM_177978.1	8646	0.83	0.06	0.63	0.13	0.76	0.001	-0.20
cg16869108	VHL	NT_022517.17	7428	0.68	0.13	0.48	0.10	0.71	0.002	-0.20
cg08124030	GABPA	NM_014220.2	4071	0.71	0.13	0.53	0.15	0.74	0.009	-0.19
cg18623836	RRM2	NM_001034.1	6241	0.64	0.13	0.47	0.08	0.73	0.003	-0.18
cg18149919	PUF60	NM_014281.3	22827	0.83	0.06	0.65	0.09	0.79	0.000	-0.17
cg13625403	TRIM29	NM_058193.1	23650	0.85	0.10	0.68	0.12	0.80	0.004	-0.17
cg02910574	HOXB8	NM_002768.1	5119	0.80	0.11	0.64	0.10	0.80	0.004	-0.16
cg15046693	CEBPG	NM_001806.2	1054	0.57	0.08	0.41	0.11	0.73	0.003	-0.15
cg10305797	KRTDAP	NM_207392.1	388533	0.58	0.14	0.43	0.07	0.74	0.009	-0.15
cg23667432	ALPP	NM_001632.2	250	0.62	0.11	0.47	0.06	0.76	0.002	-0.15
cg20707333	FAM217B	NM_022106.1	63939	0.94	0.04	0.79	0.13	0.84	0.007	-0.15
cg00400263										
cg24691461	CCM2	NM_080625.2	140706	0.57	0.13	0.43	0.06	0.75	0.009	-0.14
cg26233253	SLC35E4	NM_001001479.1	339665	0.69	0.10	0.55	0.09	0.80	0.006	-0.14
cg12554573	PARP3	NM_001003931.1	10039	0.59	0.09	0.46	0.09	0.77	0.005	-0.13
cg19946699	SH3BGR	NM_007341.2	6450	0.53	0.10	0.40	0.07	0.75	0.003	-0.13
cg21372914	CLEC4M	NM_014257.3	10332	0.79	0.04	0.66	0.11	0.83	0.006	-0.13
cg02089348	TMEM129	NM_138385.2	92305	0.45	0.06	0.33	0.10	0.72	0.005	-0.13
cg09547190	CARD19	NM_032310.2	84270	0.52	0.08	0.39	0.06	0.76	0.001	-0.13
cg14757296	HYAL1	NM_007312.3	3373	0.89	0.03	0.76	0.10	0.86	0.008	-0.12
cg17839611	GNGT2	NM_031498.1	2793	0.71	0.10	0.59	0.05	0.83	0.003	-0.12
cg13888886	SPO11	NM_012444.2	23626	0.89	0.04	0.77	0.09	0.86	0.005	-0.12
cg03309967	PSENEN	NM_172341.1	55851	0.71	0.07	0.59	0.09	0.83	0.005	-0.12
cg26065841	CHAC1	NM_024111.2	79094	0.84	0.04	0.72	0.08	0.86	0.002	-0.12
cg15952487	CD1B	NM_001764.1	910	0.52	0.09	0.41	0.07	0.78	0.006	-0.12
cg25076881	OR10J1	NM_012351.1	26476	0.46	0.11	0.34	0.05	0.75	0.009	-0.12
cg11536940	CPQ	NM_016134.2	10404	0.24	0.09	0.13	0.05	0.53	0.004	-0.11

cg23228178	PADI4	NM_012387,1	23569	0.53	0.08	0.42	0.07	0.79	0.004	-0.11
cg00136477	C1QC	NM_172369,2	714	0.70	0.07	0.59	0.07	0.84	0.002	-0.11
cg17676574	UROC1	NM_144639,1	131669	0.77	0.07	0.66	0.06	0.86	0.001	-0.11
cg00750606	CDA	NM_001785,1	978	0.67	0.05	0.56	0.05	0.84	0.000	-0.11
cg24387380	GABRA5	NM_000810,2	2558	0.58	0.10	0.47	0.06	0.81	0.009	-0.11
cg01618851	CD209	NM_021155,2	30835	0.54	0.07	0.43	0.06	0.80	0.003	-0.11
cg11299964	MAPKAP1	NM_001006620,1	79109	0.27	0.09	0.17	0.05	0.61	0.006	-0.11
cg06256735	MFAP5	NM_003480,2	8076	0.71	0.08	0.61	0.06	0.85	0.007	-0.11
cg23988567	IGHG3	NT_026437,13	3502	0.82	0.03	0.71	0.09	0.87	0.009	-0.11
cg11560645										
cg26799474	CASP8	NM_001228,3	841	0.32	0.09	0.21	0.06	0.67	0.007	-0.10
cg01472101	CLEC10A	NM_006344,2	10462	0.47	0.08	0.36	0.06	0.78	0.005	-0.10
cg23350580	TBC1D3C	NM_001001418,2	414060	0.79	0.06	0.69	0.08	0.87	0.007	-0.10
cg02601403										
cg02962602	CCDC57	NM_198082,1	284001	0.35	0.08	0.24	0.05	0.70	0.004	-0.10
cg19836808	S100A7	NM_002963,2	6278	0.30	0.07	0.19	0.05	0.66	0.002	-0.10
cg16052901	VPS52	NM_022553,4	6293	0.39	0.05	0.29	0.06	0.74	0.001	-0.10
cg24304714	LCE1C	NM_178351,3	353133	0.40	0.05	0.30	0.05	0.75	0.001	-0.10
cg07039362	CESSA	NM_145024,1	221223	0.79	0.07	0.69	0.07	0.88	0.007	-0.10
cg21529807	CEACAM4	NM_001817,2	1089	0.33	0.08	0.23	0.03	0.70	0.005	-0.10
cg08409225	NABP2	NM_024068,2	79035	0.29	0.09	0.20	0.05	0.67	0.008	-0.10
cg15627025	FOXG1	NM_013289,1	3811	0.86	0.05	0.77	0.05	0.89	0.000	-0.09
cg22730004	SPTA1	NM_003126,1	6708	0.31	0.05	0.22	0.04	0.70	0.000	-0.09
cg04415689	ANO7	NM_001001666,1	50636	0.83	0.05	0.74	0.05	0.89	0.002	-0.09
cg05684195	CIDEC	NM_022094,2	63924	0.84	0.05	0.75	0.05	0.89	0.001	-0.09
cg19241744	SLC29A3	NM_018344,3	55315	0.25	0.07	0.17	0.03	0.65	0.003	-0.09
cg15804973	GDF2	NM_005923,3	4217	0.27	0.06	0.19	0.05	0.68	0.003	-0.09
cg24377133	HHCM	NM_001001731,1	10639	0.27	0.06	0.18	0.02	0.68	0.001	-0.09
cg06285340	CYP11A1	NM_000781,1	1583	0.82	0.07	0.73	0.05	0.90	0.008	-0.09
cg01646665	TMEM79	NM_032323,1	84283	0.25	0.07	0.17	0.04	0.67	0.004	-0.08
cg08151470	UBE4B	NM_006048,2	10277	0.49	0.06	0.41	0.05	0.83	0.003	-0.08
cg23663653	IGHG1	NT_026437,13	3500	0.80	0.04	0.72	0.07	0.90	0.008	-0.08
cg24568646	CCT8	NM_006585,2	10694	0.12	0.07	0.04	0.03	0.34	0.007	-0.08
cg07330329	TRIM48	NM_024114,2	79097	0.31	0.05	0.23	0.06	0.74	0.009	-0.08
cg25689649	OCEL1	NM_024578,1	79629	0.50	0.06	0.42	0.06	0.84	0.010	-0.08
cg01892727	CRBN	NM_016302,2	51185	0.22	0.06	0.14	0.02	0.63	0.002	-0.08
cg18059933	TP53INP1	NM_033285,2	94241	0.21	0.06	0.13	0.06	0.61	0.008	-0.08
cg10125195	LACRT	NM_033277,1	90070	0.81	0.04	0.73	0.05	0.90	0.003	-0.08
cg25082710	IVL	NM_005547,2	3713	0.38	0.06	0.30	0.03	0.79	0.002	-0.08
cg13283751	GPX5	NM_001509,1	2880	0.20	0.04	0.13	0.06	0.63	0.009	-0.08
cg18221897	KIR2DL1	NM_014218,1	3802	0.83	0.04	0.76	0.06	0.91	0.005	-0.08
cg22039846										
cg02588309	TTC33	NM_012382,1	23548	0.28	0.05	0.21	0.05	0.74	0.003	-0.07
cg10648113	SULT1B1	NM_014465,2	27284	0.92	0.02	0.84	0.06	0.92	0.008	-0.07
cg14532417	TBC1D3F	NM_032258,1	84218	0.85	0.02	0.77	0.05	0.91	0.001	-0.07
cg04901273										
cg17124509	EFCAB13	NM_152347,3	124989	0.14	0.05	0.07	0.03	0.50	0.003	-0.07
cg05600174	NMRK1	NM_017881,1	54981	0.15	0.06	0.08	0.03	0.55	0.005	-0.07
cg27248887	NDUFS1	NM_005006,5	4719	0.33	0.05	0.26	0.05	0.79	0.009	-0.07
cg05294243	KLK13	NM_015596,1	26085	0.29	0.04	0.23	0.04	0.77	0.002	-0.07
cg15819333	COX4I1	NM_001861,2	1327	0.34	0.03	0.27	0.03	0.81	0.000	-0.07
cg05882691	HIST1H3H	NM_003536,2	8357	0.20	0.06	0.14	0.02	0.68	0.005	-0.07
cg05666713	IGFN1	NM_178275,3	91156	0.82	0.05	0.75	0.04	0.92	0.009	-0.06
cg13697387	LCE2A	NM_178428,3	353139	0.24	0.05	0.18	0.04	0.74	0.010	-0.06
cg20291222	CAPS2	NM_032606,2	84698	0.18	0.04	0.12	0.02	0.65	0.000	-0.06
cg11700584	RPL36AL	NM_001001,3	6166	0.21	0.05	0.15	0.04	0.71	0.007	-0.06
cg23983173	TMEM87A	NM_015497,2	25963	0.19	0.04	0.14	0.02	0.70	0.002	-0.06
cg17421623	POGLUT1	NM_152305,1	56983	0.18	0.04	0.12	0.03	0.68	0.003	-0.06
cg00066816	IL12B	NM_002187,2	3593	0.23	0.04	0.17	0.03	0.76	0.004	-0.06
cg22496254	NCAPG	NM_022346,3	64151	0.24	0.05	0.19	0.03	0.77	0.010	-0.05