

Gene symbol	Chr	Start	End	Size	Band	Gastric cancer tumor only spectral counts
TPM1	15	6.30E+07	6.30E+07	2.90E+04	15q22.2	82
COL12A1 (isoform 4)	6	7.60E+07	7.60E+07	1.20E+05	6q14.1	58
TNC (isoform 4)	9	1.20E+08	1.20E+08	9.80E+04	9q33.1	56
SPTAN1	9	1.30E+08	1.30E+08	8.10E+04	9q34.11	56
TUBB3	16	9.00E+07	9.00E+07	1.30E+04	16q24.3	49
ACTA1	1	2.30E+08	2.30E+08	2.90E+03	1q42.13	38
HSPA2	14	6.50E+07	6.50E+07	7.30E+03	14q23.3	36
PKM2	15	7.20E+07	7.30E+07	3.30E+04	15q23	35
TRIM28	19	5.90E+07	5.90E+07	6.20E+03	19q13.43	30
TNC (isoform 5)	9	1.20E+08	1.20E+08	9.80E+04	9q33.1	28
OLFM4	13	5.40E+07	5.40E+07	2.30E+04	13q14.3	25
TFRC	3	2.00E+08	2.00E+08	5.50E+04	3q29	21
SSB	2	1.70E+08	1.70E+08	2.00E+04	2q31.1	21
PGM5	9	7.10E+07	7.10E+07	1.70E+05	9q21.11	21
CEACAM5	19	4.20E+07	4.20E+07	2.20E+04	19q13.2	20
STAT1	2	1.90E+08	1.90E+08	5.70E+04	2q32.2	19
PALLD	4	1.70E+08	1.70E+08	4.30E+05	4q32.3	19
SFPQ	1	3.60E+07	3.60E+07	1.70E+04	1p34.3	18
SLMAP	3	5.80E+07	5.80E+07	1.70E+05	3p14.3	18
COL12A1	6	7.60E+07	7.60E+07	1.20E+05	6q14.1	18
NES	1	1.60E+08	1.60E+08	8.60E+03	1q23.1	17
PDLIM3	4	1.90E+08	1.90E+08	3.50E+04	4q35.1	17
ASS1	9	1.30E+08	1.30E+08	5.70E+04	9q34.11	16
PSMC2	7	1.00E+08	1.00E+08	2.50E+04	7q22.1	16
HLA-A (A-33 alpha chain)	6	3.00E+07	3.00E+07	4.60E+03	6p22.1	15
MYLK	3	1.20E+08	1.20E+08	2.70E+05	3q21.1	15
CTSB	8	1.20E+07	1.20E+07	2.70E+04	8p23.1	14
RDX	11	1.10E+08	1.10E+08	1.20E+05	11q22.3	14
MUC5B	11	1244295	1284402	4.00E+04	11p15.5	14
HLA-A (A-69 alpha chain)	6	N/A	N/A	4.60E+03	HSCHR6_M HC_DBB	13
TPM2	9	3.60E+07	3.60E+07	9.00E+03	9p13.3	12
HLA-A (A-11 alpha chain)	6	N/A	N/A	4.60E+03	HSCHR6_M HC_DBB	12
STMN1	1	2.60E+07	2.60E+07	2.30E+04	1p36.11	12
HSPH1	13	3.20E+07	3.20E+07	2.60E+04	13q12.3	12
TNC	9	1.20E+08	1.20E+08	9.80E+04	9q33.1	11

EIF2S3	X	2.40E+07	2.40E+07	2.40E+04	Xp22.11	11
RBBP7	X	1.70E+07	1.70E+07	3.10E+04	Xp22.2	11
PDLIM5	4	9.50E+07	9.60E+07	2.20E+05	4q22.3	11
HNRNPA1	12	5.50E+07	5.50E+07	6.90E+03	12q13.13	10
DDX6	11	1.20E+08	1.20E+08	4.40E+04	11q23.3	10
RPL13	16	9.00E+07	9.00E+07	3.90E+03	16q24.3	10
SRSF9	12	1.20E+08	1.20E+08	8.10E+03	12q24.31	10
RCC2	1	1.80E+07	1.80E+07	3.30E+04	1p36.13	10
HNRNPCL1	1	1.30E+07	1.30E+07	1.30E+03	1p36.21	9
C4B	6	3.20E+07	3.20E+07	2.10E+04	6p21.33	9
MCM4	8	4.90E+07	4.90E+07	1.80E+04	8q11.21	9
MCM7	7	1.00E+08	1.00E+08	9.20E+03	7q22.1	9
TMPO	12	9.90E+07	9.90E+07	3.50E+04	12q23.1	9
STAT1	2	1.90E+08	1.90E+08	5.70E+04	2q32.2	9
ACTN3	11	6.60E+07	6.60E+07	1.70E+04	11q13.2	9
HNRNPD	4	8.30E+07	8.30E+07	2.20E+04	4q21.22	9
PRAF2	X	4.90E+07	4.90E+07	2.90E+03	Xp11.23	8
MMP9	20	4.50E+07	4.50E+07	7.70E+03	20q13.12	8
DPEP1	16	9.00E+07	9.00E+07	2.50E+04	16q24.3	8
HLA-B	6	3.10E+07	3.10E+07	3.30E+03	6p21.33	8
KPNA2	17	6.60E+07	6.60E+07	1.10E+04	17q24.2	8
AK2	1	3.30E+07	3.40E+07	7.30E+04	1p35.1	8
OXCT1	5	4.20E+07	4.20E+07	1.40E+05	5p13.1	8
CBX1	17	4.60E+07	4.60E+07	3.10E+04	17q21.32	8
EFEMP1	2	5.60E+07	5.60E+07	5.80E+04	2p16.1	8
PMVK	1	1.50E+08	1.50E+08	1.20E+04	1q21.3	8
CSRP2	12	7.70E+07	7.70E+07	2.00E+04	12q21.2	8
TBCB	19	3.70E+07	3.70E+07	1.10E+04	19q13.12	8
PDLIM7	5	1.80E+08	1.80E+08	1.40E+04	5q35.3	8
GLS	2	1.90E+08	1.90E+08	8.50E+04	2q32.2	7
DMD	X	3.10E+07	3.30E+07	2.20E+06	Xp21.1	7
HLA-A	6	3.00E+07	3.00E+07	4.60E+03	6p22.1	7
STOM	9	1.20E+08	1.20E+08	3.10E+04	9q33.2	7
MAP4	3	4.80E+07	4.80E+07	2.40E+05	3p21.31	7
MAP1B	5	7.10E+07	7.20E+07	1.00E+05	5q13.2	7
ALDH7A1	5	1.30E+08	1.30E+08	5.40E+04	5q23.2	7
HIST1H2BD	6	2.60E+07	2.60E+07	1.30E+04	6p22.2	7
PPP1CB	2	2.90E+07	2.90E+07	5.10E+04	2p23.2	7
PLOD1	1	1.20E+07	1.20E+07	4.10E+04	1p36.22	7
RBBP4	1	3.30E+07	3.30E+07	3.50E+04	1p35.1	7
DDX39B	6	3.10E+07	3.20E+07	1.20E+04	6p21.33	7
SAFB2	19	5587010	5622938	3.60E+04	19p13.3	7
CNN3	1	9.50E+07	9.50E+07	3.00E+04	1p21.3	7
TOMM34	20	4.40E+07	4.40E+07	1.80E+04	20q13.12	7
KRT79	12	5.30E+07	5.30E+07	1.30E+04	12q13.13	7
ABHD11	7	7.30E+07	7.30E+07	2.80E+03	7q11.23	7

8-Sep	5	1.30E+08	1.30E+08	5.60E+04	5q31.1	7
COL12A1	6	7.60E+07	7.60E+07	1.20E+05	6q14.1	7
PUF60	8	1.40E+08	1.40E+08	1.40E+04	8q24.3	7
HLA-A (A-28 alpha chain)	6	3.00E+07	3.00E+07	4.60E+03	6p22.1	6
CES1	16	5.60E+07	5.60E+07	3.00E+04	16q12.2	6
LMOD1	1	2.00E+08	2.00E+08	5.00E+04	1q32.1	6
RPL3	22	4.00E+07	4.00E+07	7.50E+03	22q13.1	6
RPL6	12	1.10E+08	1.10E+08	1.40E+04	12q24.13	6
GBE1	3	8.20E+07	8.20E+07	2.70E+05	3p12.2	6
PAK2	3	2.00E+08	2.00E+08	9.30E+04	3q29	6
RBM39	20	3.40E+07	3.40E+07	3.90E+04	20q11.22	6
AARS2	6	4.40E+07	4.40E+07	1.50E+04	6p21.1	6
HP1BP3	1	2.10E+07	2.10E+07	4.50E+04	1p36.12	6
C20orf3	20	2.50E+07	2.50E+07	3.00E+04	20p11.21	6
RAB23	6	5.70E+07	5.70E+07	3.30E+04	6p11.2	6
GGCT	7	3.10E+07	3.10E+07	8.20E+03	7p14.3	5
PMPCB	7	1.00E+08	1.00E+08	3.20E+04	7q22.1	5
LGALS1	22	3.80E+07	3.80E+07	4.20E+03	22q13.1	5
RPL14	3	4.00E+07	4.10E+07	7.80E+03	3p22.1	5
RAD23B	9	1.10E+08	1.10E+08	4.90E+04	9q31.2	5
H3F3C	12	3.20E+07	3.20E+07	1.10E+03	12p11.21	5
GLT25D1	19	1.80E+07	1.80E+07	2.80E+04	19p13.11	5
RCN3	19	5.00E+07	5.00E+07	1.60E+04	19q13.33	5
FUBP3	9	1.30E+08	1.30E+08	5.90E+04	9q34.11	5
LXN	3	1.60E+08	1.60E+08	2.70E+04	3q25.32	5
IGF2BP1	17	4.70E+07	4.70E+07	5.90E+04	17q21.32	5
UBA2	19	3.50E+07	3.50E+07	4.20E+04	19q13.11	5
SUN2	22	3.90E+07	3.90E+07	5.90E+04	22q13.1	5
SUGT1	13	5.30E+07	5.30E+07	3.60E+04	13q14.3	5
THY1	11	1.20E+08	1.20E+08	7.60E+03	11q23.3	4
RRAS	19	5.00E+07	5.00E+07	4.80E+03	19q13.33	4
CEACAM1	19	4.30E+07	4.30E+07	2.10E+04	19q13.2	4
AK4	1	6.60E+07	6.60E+07	8.50E+04	1p31.3	4
AQP1	7	3.10E+07	3.10E+07	1.40E+04	7p14.3	4
DUT	15	4.90E+07	4.90E+07	1.20E+04	15q21.1	4
PPP5C	19	4.70E+07	4.70E+07	4.60E+04	19q13.32	4
RAB11A	15	6.60E+07	6.60E+07	2.30E+04	15q22.31	4
FBLN2	3	1.40E+07	1.40E+07	1.10E+05	3p25.1	4
FMOD	1	2.00E+08	2.00E+08	1.10E+04	1q32.1	4
MCM6	2	1.40E+08	1.40E+08	3.70E+04	2q21.3	4
PDK3	X	2.40E+07	2.50E+07	8.50E+04	Xp22.11	4
TSN	2	1.20E+08	1.20E+08	3.10E+04	2q14.3	4
IGFBP7	4	5.80E+07	5.80E+07	8.00E+04	4q12	4
PRPF8	17	1553923	1588176	3.40E+04	17p13.3	4
GOLM1	9	8.90E+07	8.90E+07	7.40E+04	9q21.33	4
PGM2	4	3.80E+07	3.80E+07	3.60E+04	4p14	4

PGAM5	12	1.30E+08	1.30E+08	1.20E+04	12q24.33	4
CNPY3	6	4.30E+07	4.30E+07	1.00E+04	6p21.1	4
NHP2	5	1.80E+08	1.80E+08	4.50E+03	5q35.3	4
LUC7L2	7	1.40E+08	1.40E+08	8.30E+04	7q34	4
CLIC4	1	2.50E+07	2.50E+07	9.90E+04	1p36.11	4
BAG2	6	5.70E+07	5.70E+07	1.30E+04	6p11.2	3
CIQC	1	2.30E+07	2.30E+07	4.50E+03	1p36.12	3
S100A9	1	1.50E+08	1.50E+08	3.20E+03	1q21.3	3
SERPINF2	17	1646130	1658560	1.20E+04	17p13.3	3
SRM	1	1.10E+07	1.10E+07	5.50E+03	1p36.22	3
TUBG1	17	4.10E+07	4.10E+07	5.90E+03	17q21.2	3
CEACAM6	19	4.20E+07	4.20E+07	1.70E+04	19q13.2	3
BCAM	19	4.50E+07	4.50E+07	1.20E+04	19q13.32	3
ADAR	1	1.50E+08	1.50E+08	4.60E+04	1q21.3	3
ABCE1	4	1.50E+08	1.50E+08	3.20E+04	4q31.21	3
SKP1	5	1.30E+08	1.30E+08	7.00E+04	5q31.1	3
LTBP2	14	7.50E+07	7.50E+07	1.10E+05	14q24.3	3
PSMD6	3	6.40E+07	6.40E+07	1.30E+04	3p14.1	3
BROX	1	2.20E+08	2.20E+08	2.30E+04	1q41	3
DARS2	1	1.70E+08	1.70E+08	3.40E+04	1q25.1	3
MTDH	8	9.90E+07	9.90E+07	8.60E+04	8q22.1	3
LEMD2	6	3.40E+07	3.40E+07	1.80E+04	6p21.31	3
NPLOC4	17	8.00E+07	8.00E+07	9.20E+04	17q25.3	3
KRT12	17	3.90E+07	3.90E+07	6.30E+03	17q21.2	3
DNAJC7	17	4.00E+07	4.00E+07	4.10E+04	17q21.2	3
HNRNPUL1	19	4.20E+07	4.20E+07	4.50E+04	19q13.2	3
MXRA5	X	3226606	3264684	3.80E+04	Xp22.33	3
BCLAF1	6	1.40E+08	1.40E+08	3.30E+04	6q23.3	3
10-Sep	2	1.10E+08	1.10E+08	7.10E+04	2q13	3
PFDN2	1	1.60E+08	1.60E+08	1.80E+04	1q23.3	3
SNX6	14	3.50E+07	3.50E+07	6.90E+04	14q13.1	3
DYNC1LI1	3	3.30E+07	3.30E+07	4.50E+04	3p22.3	3