

**Supplementary Table 3. KEGG annotation of PRPF3 co-expressed genes.**

geneSet	description	ES	NES	pValue	FDR	link	size	leadingEdgeNum	leadingEdgeld	userId
hsa03040	Spliceosome	0.7712	2.1347	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03040+9129+10262+27316+9939+220988+0988+3192+6635+8495+08175+9984+663+210915+3183+9775+7307+6625+6628+4670+11338+1325+25766+9343+9416+6637+6627+57819+6626+57187+22985+10465+22916+24148+6434+84991+55110+3178+9128+3190+4116+57461+84844+9879+10946+4686+6631+10084+6633+9410+10713+144983+10450+23020+6629+199746+55696+51645+8449+1665+29896+1659+55119+84321+55660+856+6636+10992+6">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03040+9129+10262+27316+9939+220988+0988+3192+6635+8495+08175+9984+663+210915+3183+9775+7307+6625+6628+4670+11338+1325+25766+9343+9416+6637+6627+57819+6626+57187+22985+10465+22916+24148+6434+84991+55110+3178+9128+3190+4116+57461+84844+9879+10946+4686+6631+10084+6633+9410+10713+144983+10450+23020+6629+199746+55696+51645+8449+1665+29896+1659+55119+84321+55660+856+6636+10992+6</a>	115	69	9129;10262;27316;9939;220988;3192;6635;8495;0;8175;9984;663+2;10915;3183;9775;7307;6625;6628;4670;11338;1325;25766;9343;9416;6637;6627;57819;6626;57187;22985;10465;22916;24148;6434;84991;55110;3178;9128;3190;4116;57461;84844;9879;10946;4686;6631;10084;6633;9410;10713;144983;10450;23020;6629;199746;55696;51645;8449;1665;29896;1659;55119;84321;55660;856;6636;10992;6	ACIN1;C RNKL1; DDX23; DDX42; DDX46; DHX15; DHX16; DHX8;E FTUD2;E IF4A3;H NRNPA1 ;HNRNP A1L2;HN RNPA3; HNRNP C;HNRN PK;HNR NPM;HN RNPU;IS Y1;LSM2 ;MAGOH ;MAGOH B;NCBP 1;NCBP2 ;PHF5A;

hsa03030	DNA replication	0.8588	2.0923	0.00E+00	0.00E+00	http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03030+5984+4171+4175+4174+3978+1763+4172+2237+10714+5422+5111+5557+5424+23649+4176+5558+5427+10535+5985+4173+54107+5983+5426+5982+79621+6117	36	26	5984;4171;4175;4174;3978;1763;4172;2237;10714;5422;5111;5557;5424;23649;4176;5558;5427;10535;5985;4173;54107;5983;5426;5982;79621;6117	DNA2;FEN1;LIG1;MCM2;MCM3;MCM4;MCM5;MCM6;MCM7;PCNA;POLA1;POLA2;POLD1;POLD3;POLE;POLE2;POLY3;PRIM1;PRIM2;RFC2;RFC3;RFC4;RFC5;RNASEH2A;RNASEH2B;RPA1
----------	-----------------	--------	--------	----------	----------	--	----	----	--	---

hsa04110	Cell cycle	0.7296	2.0171	0.00E+00	0.00E+00	http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04110+7272+990+4171+8318+4175+983+4174+995+5347+991;4172+701+9232;9133+1111+699+1869+9134+5111+1870+9700+8317+891+9088+4176+29945+3066+4085+993+1031+4173+51434+890+27127+7027+9184+10926;1017+5933+1029;898+10744+1871;1019+996+8881+3065	118	47	7272;990;4171;8318;4175;983;4174;995;5347;991;4172;701;9232;9133;1111;699;1869;9134;5111;1870;9700;8317;891;9088;4176;29945;3066;4085;993;1031;4173;51434;890;27127;7027;9184;10926;1017;5933;1029;898;10744;1871;1019;996;8881;3065	ANAPC4 ;ANAPC7; BUB1B; BUB1B; BUB3; CNA2; CNB1; CNB2; CNE1; CNE2; DC16; DC20; DC25A; CDC25C; CDC27; CDC45; CDC6; DC7; CDK1; CDK2; CDK4; DKN2A; CDKN2C; CHEK1; DBF4; E2F1; E2F2;
----------	------------	--------	--------	----------	----------	--	-----	----	--	---

hsa03460	Fanconi anemia pathway	0.7839	1.9485	0.00E+00	0.00E+00	http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03460+29089+146956+5215+2189+2178+672+641+2177+2187+5888+5889+7398+80010+8940+84126+55120+2175+80198+83990+6117+675+57697+2188+51455	44	24	29089;146956;55215;2189;2178;672;641;2177;2187;5888;5889;7398;80010;8940;84126;55120;2175;80198;83990;6117;675;57697;2188;51455	ATRIP;B LM;BRC A1;BRC A2;BRIP 1;EME1; FANCA; FANCB; FANCD2 ;FANCE; FANCF; FANCG; FANCI;F ANCL;F ANCM;M US81;RA D51;RA D51C;R EV1;RMI 1;RPA1; TOP3B; UBE2T; USP1
----------	------------------------	--------	--------	----------	----------	--	----	----	---	--

hsa01230	Biosynthesis of amino acids	-0.5903	-2.0781	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa01230+5213+229+50+3417+5053+875+10993+3419+3418+113+675+1491+48+414+3+6472+1373+202+7+6470+2805+5223+84706+445+435+5009+5091+2806+2875+6898+95">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa01230+5213+229+50+3417+5053+875+10993+3419+3418+113+675+1491+48+414+3+6472+1373+202+7+6470+2805+5223+84706+445+435+5009+5091+2806+2875+6898+95</a>	69	28	5213;229;50;3417;5053;875;10993;3419;3418;113;675;1491;48;414;3;6472;1373;202;7;6470;2805;5223;84706;445;435;5009;5091;2806;2875;6898;95	ACO1;A CO2;AC Y1;ALD OB;ASL; ASS1;C BS;CPS 1;CTH;E NO3;GO T1;GOT 2;GPT;G PT2;IDH 1;IDH2;I DH3A;M AT1A;O TC;PAH; PC;PFK M;PGAM 1;SDS;S DSL;SH MT1;SH MT2;TA T
----------	-----------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	---

hsa05012	Parkinson disease	-0.5683	-2.1450	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa05012+4707+9377+2771+7318+11315+4711+4704+4706+4697+6622+5566+6571+7326+2861+4708+120892+7386+9246+1346+10975+4717+4705+27089+7314+10105+374291+4714+13275+4719+4723+4729+7384+7385+4698+6390+6392+6389+291+65018">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa05012+4707+9377+2771+7318+11315+4711+4704+4706+4697+6622+5566+6571+7326+2861+4708+120892+7386+9246+1346+10975+4717+4705+27089+7314+10105+374291+4714+13275+4719+4723+4729+7384+7385+4698+6390+6392+6389+291+65018</a>	115	39	4707;9377;2771;7318;11315;4711;4704;4706;4697;6622;5566;6571;7326;2861;4708;120892;7386;9246;1346;10975;4717;4705;27089;7314;10105;374291;4714;13275;4719;4723;4729;7384;7385;4698;6390;6392;6389;291;65018	COX4I1; COX5A; COX7A1; GNAI2; GPR37;LRRK2;N DUFA10; NDUFA4; NDUFA5;NDUF A9;NDU FAB1;N DUFB1; NDUFB2; NDUF B5;NDUF B8;NDU FC1;ND UFS1;N DUF S7; NDUFV1; NDUFV 2;PARK7; PINK1;P PIF;PRK
----------	-------------------	---------	---------	----------	----------	---	-----	----	---	---

hsa00010	Glycolysis / Gluconeogenesis	-0.6367	-2.1522	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00010+441531+10327+3939+130589+224+220+126+128+2645+2538+5213+5162+229+5160+9562+130+219+55902+2027+2203+124+5223+501+1738+5106+5105+127+125;5236+217">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00010+441531+10327+3939+130589+224+220+126+128+2645+2538+5213+5162+229+5160+9562+130+219+55902+2027+2203+124+5223+501+1738+5106+5105+127+125;5236+217</a>	66	30	441531;10327;3939;130589;224;220;126;128;2645;2538;5213;5162;229;5160;9562;130;219;55902;2027;2203;124;5223;501;1738;5106;5105;127;125;5236;217	ACSS2; ADH1A; ADH1B; ADH1C; ADH4;A DH5;AD H6;AKR1 A1;ALDH 1A3;ALD H1B1;AL DH2;AL DH3A2;A LDH7A1; ALDOB; DLD;EN O3;FBP1 ;G6PC;G ALM;GC K;LDHA; MINPP1; PCK1;P CK2;PD HA1;PD HB;PFK M;PGAM
----------	---------------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	--

hsa00120	Primary bile acid biosynthesis	-0.8369	-2.1878	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00120+1593+10858+6718+1109+8309+9420+570+6342+1582+51302+23600+3295+10998">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00120+1593+10858+6718+1109+8309+9420+570+6342+1582+51302+23600+3295+10998</a>	17	13	1593;10858;6718;1109;8309;9420;570;6342;1582;51302;23600;3295;10998	ACOX2; AKR1C4; AKR1D1; AMACR; BAAT; CYP27A1; CYP39A1; CYP46A1; CYP7B1; CYP8B1; HSD17B4; SCP2; SLC27A5
----------	--------------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	---



hsa00620	Pyruvate metabolism	-0.7278	-2.2046	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00620+4190+5162+5160+32+219+55902+3029+501+1738+5106+5105+4191+5091+134526+9380+98+38+217+197257">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00620+4190+5162+5160+32+219+55902+3029+501+1738+5106+5105+4191+5091+134526+9380+98+38+217+197257</a>	38	19	4190;5162;5160;32;219;55902;3029;501;1738;5106;5105;4191;5091;134526;9380;98;38;217;197257	ACACB; ACAT1; ACOT12; ACS2; ACYP2; ALDH1B1; ALDH2; ALDH7A1; DLD; GRHPR; HAGH; LDHD; MDH1; MDH2; PC; PCK1; PCK2; PDHA1; PDHB
----------	---------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	---

hsa00140	Steroid hormone biosynthesis	-0.6704	-2.2158	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00140+6783+1645+79799+1312+54600+1543+51144+220074+6718+54579+1573+1109+1586+7366+54658+7923+54490+54659+5457+1544+8630+9420+3290+7364+1583+1576+412+6715+6716+7365">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00140+6783+1645+79799+1312+54600+1543+51144+220074+6718+54579+1573+1109+1586+7366+54658+7923+54490+54659+5457+1544+8630+9420+3290+7364+1583+1576+412+6715+6716+7365</a>	57	30	6783;1645;79799;1312;54600;1543;51144;220074;6718;54579;1573;1109;1586;7366;54658;7923;54490;54659;5457;1544;8630;9420;3290;7364;1583;1576;412;6715;6716;7365	AKR1C1; AKR1C4; AKR1D1; COMT; CYP11A1; CYP17A1; CYP1A1; CYP1A2; CYP2E1; CYP3A4; CYP7B1; HSD17B12; HSD17B6; HSD17B8; LRTOMT; SRD5A1; SRD5A2; STS; SULT1E1; UGT1A1; UGT1A3; UGT1A4; UGT1
----------	------------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	--

hsa00220	Arginine biosynthesis	-0.8058	-2.2280	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00220+4846+27165+1373+4842+2746+2805+84706+445+435+5009+2806+2875+95">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00220+4846+27165+1373+4842+2746+2805+84706+445+435+5009+2806+2875+95</a>	20	13	4846;27165;1373;4842;2746;2805;84706;445;435;5009;2806;2875;95	ACY1;ASS1;CPS1;GLSD1;GOT1;GOT2;GPT;GPOT2;NOS1;NOS3;OTC
----------	-----------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	--

hsa00260	Glycine, serine and threonine metabolism	-0.7477	-2.2547	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00260+212+441531+132158+635+51268+189+4129+2628+4128+2593+875+10993+211+113675+1491+8639+2346+6472+64902+6470+29958+5223+1757+501+1738">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00260+212+441531+132158+635+51268+189+4129+2628+4128+2593+875+10993+211+113675+1491+8639+2346+6472+64902+6470+29958+5223+1757+501+1738</a>	39	28	212;441531;132158;635;51268;189;4129;2628;4128;2593;875;10993;211;113675;1491;8639;2346;6472;64902;6470;29958;5223;1757;501;1738	AGXT;A GXT2;AL AS1;ALA S2;ALDH 7A1;AO C3;BHM T;CBS;C TH;DLD; DMGDH; GAMT;G ATM;GC AT;GCS H;GLYC TK;GRH PR;MAO A;MAOB ;PGAM1; PGAM4; PIPOX;S ARDH;S DS;SDS L;SHMT 1;SHMT 2;SRR
----------	--	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	--

hsa00410	beta-Alanine metabolism	-0.7669	-2.2799	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00410+219+1807+8639+55748+501+18+1892+26275+3030+34+1962+4329+217">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00410+219+1807+8639+55748+501+18+1892+26275+3030+34+1962+4329+217</a>	31	14	219;1807;8639;55748;501;18;1892;26275;3030;34;1962;4329;217;	ABAT;A CADM;A LDH1B1; ALDH2;A LDH6A1; ALDH7A1;AOC3; CNDP2; DPYS;E CHS1;E HHADH; HADHA; HIBCH; MLYCD
----------	-------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	---

hsa00650	Butanoate metabolism	-0.7993	-2.3206	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00650+3158+3157+54511+79944+348158+123876+7915+186296+54988+56898+1892+3030+351962+622+3033+38+3155">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00650+3158+3157+54511+79944+348158+123876+7915+186296+54988+56898+1892+3030+351962+622+3033+38+3155</a>	27	19	3158;3157;54511;79944;348158;123876;7915;186296;54988;56898;1892;3030;351962;622;3033;38;3155	ABAT;A CAD5;A CAT1;A CSM2A; ACSM2B ;ACSM3; ACSM5; ALDH5A 1;BDH1; BDH2;E CHS1;E HHADH; HADH;H ADHA;H MGCL;H MGCL1 ;HMGCS 1;HMGC
----------	----------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	---

hsa00350	Tyrosine metabolism	-0.7705	-2.3252	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00350+1312+220+126+128+220074+4129+81889+4128+130+8639+316+124+2805+3081+2184+127+125+2806+6898+3242+2954">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00350+1312+220+126+128+220074+4129+81889+4128+130+8639+316+124+2805+3081+2184+127+125+2806+6898+3242+2954</a>	36	21	1312;220;126;128;220074;4129;81889;4128;130;8639;316;124;2805;3081;2184;127;125;2806;6898;3242;2954	ADH1A; ADH1B; ADH1C; ADH4;A DH5;AD H6;ALD H1A3;A OC3;AO X1;COM T;FAH;F AHD1;G OT1;GO T2;GSTZ 1;HGD;H PD;LRT OMT;MA OA;MAO B;TAT
----------	---------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	---

hsa00980	Metabolism of xenobiotics by cytochrome P450	-0.6753	-2.3533	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00980">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00980</a>	70	39	6822;1645;7979 9;54600;873;220 ;126;2952;1543; 128;1559;54579; 1571;2946;130;8 574;4257;2948;7 366;1548;54658; 54490;2944;155 5;54659;54657;1 544;3290;7364;1 24;1576;2949;94 46;4258;127;125 ;7365;22977;373 156	ADH1A; ADH1B; ADH1C; ADH4;A DH5;AD H6;AKR1 C1;AKR7 A2;AKR7 A3;ALDH 1A3;CBR 1;CYP1A 1;CYP1A 2;CYP2A 6;CYP2B 6;CYP2C 9;CYP2E 1;CYP3A 4;GSTK1 ;GSTM1; GSTM2; GSTM4; GSTM5; GSTO1; GSTT1; HSD11B
----------	--	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	--



hsa00630	Glyoxylate and dicarboxylate metabolism	-0.8082	-2.3656	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00630+189+4190+51179+50+48+6472+55902+6470+5095+543+63+1738+5096+2653+4191+84693+847+9380+38">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00630+189+4190+51179+50+48+6472+55902+6470+5095+543+63+1738+5096+2653+4191+84693+847+9380+38</a>	28	18	189;4190;51179;50;48;6472;55902;6470;5095;543;63;1738;5096;2653;4191;84693;847;9380;38	ACAT1;ACCO1;ACSO2;ACSS2;AGXT;CAT;DLD;GCSH;GRHPR;HAO1;HAO2;MCEE;MDH1;MDH2;PCCA;PCCB;SHMT1;SHMT2
----------	---	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	--

hsa03320	PPAR signaling pathway	-0.6871	-2.4064	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03320+729359+948+6319+8310+4023+2168+3158+345+51129+23305+1593+335+51703+1374+116519+5465+8309+5346+33+10999+2710+2167+10580+11001+6342+5106+5105+1582+3643+284541+2180+5134+1962+1579+1376+10998+30">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03320+729359+948+6319+8310+4023+2168+3158+345+51129+23305+1593+335+51703+1374+116519+5465+8309+5346+33+10999+2710+2167+10580+11001+6342+5106+5105+1582+3643+284541+2180+5134+1962+1579+1376+10998+30</a>	74	38	729359;948;6319;8310;4023;2168;3158;345;51129;23305;1593;335;51703;1374;116519;5465;8309;5346;33;10999;2710;2167;10580;11001;6342;5106;5105;1582;3643;284541;2180;5134;1962;1579;1376;10998;30	ACAA1; ACADL; ACADM; ACOX1; ACOX2; ACOX3; ACSL1;A CSL5;AC SL6;AN GPTL4;A POA1;A POA5;A POC3;A QP7;CD 36;CPT1 A;CPT2; CYP27A 1;CYP4A 11;CYP4 A22;CYP 8B1;EHH ADH;FA BP1;FAB P4;GK;H MGCS2;
----------	------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	---

hsa00380	Tryptophan metabolism	-0.7876	-2.4184	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00380+8942+224+1543+6999+169355+4129+4128+130013+11185+219+4967+316+51166+23498+1544+8564+501+1892+3030+1962+3033+847+55753+38+2639+217">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00380+8942+224+1543+6999+169355+4129+4128+130013+11185+219+4967+316+51166+23498+1544+8564+501+1892+3030+1962+3033+847+55753+38+2639+217</a>	37	26	8942;224;1543;6999;169355;4129;4128;130013;11185;219;4967;316;51166;23498;1544;8564;501;1892;3030;1962;3033;847;55753;38;2639;217	AADAT; ACAT1;A CMSD;A LDH1B1; ALDH2;A LDH3A2; ALDH7A 1;AOX1; CAT;CY P1A1;CY P1A2;EC HS1;EH HADH;G CDH;HA AO;HADH;HADH A;IDO2;I NMT;KM O;KYNU; MAOA;M AOB;OG DH;OGD HL;TDO
----------	-----------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	---

hsa00020	Citrate cycle (TCA cycle)	-0.8227	-2.4549	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00020+4190+5162+5160+50+3417+3419+3418+8802+48+4967+1743+1738+5106+5105+4191+5091+55753+6390+6392+6389+8801">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00020+4190+5162+5160+50+3417+3419+3418+8802+48+4967+1743+1738+5106+5105+4191+5091+55753+6390+6392+6389+8801</a>	30	21	4190;5162;5160;50;3417;3419;3418;8802;48;4967;1743;1738;5106;5105;4191;5091;55753;6390;6392;6389;8801	ACO1;A CO2;DL D;DLST;I DH1;IDH 2;IDH3A; MDH1;M DH2;OG DH;OGD HL;PC;P CK1;PC K2;PDH A1;PDH B;SDHA; SDHB;S DHD;SU CLG1;S UCLG2
----------	------------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	--

hsa01212	Fatty acid metabolism	-0.7575	-2.5006	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa01212+23305+51144+51703+79071+60481+1374+54995+3336+55825+37+1892+3030+2180+5135+34+1962+3033+51102+3032+1376+38+10449+">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa01212+23305+51144+51703+79071+60481+1374+54995+3336+55825+37+1892+3030+2180+5135+34+1962+3033+51102+3032+1376+38+10449+</a>	44	25	23305;51144;51703;79071;60481;1374;54995;3336;55825;37;1892;3030;2180;5135;34;1962;3033;51102;3032;1376;38;10449;30	ACAA1; ACAA2; ACADL; ACADM; ACADS; ACADSB; ACADV; ACAT1; ACOX1; ACSL1; ACSL5; ACSL6; CPT1A; CPT2; ECHS1; EHHADH; ELOVL5; ELOVL6; HADH; HADHA; HADHB; HSD17B12; ME CR; OXS
----------	-----------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	---

hsa00982	Drug metabolism	-0.7208	-2.5060	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00982+220+126+2952+128+1559+4128+2946+130+4257+2948+2329+7366+1548+54658+2327+54490+2944+316+1555+54659+54657+1544+7364+124+1576+2949+9446+1558+4258+127+125+7365+373156">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00982+220+126+2952+128+1559+4128+2946+130+4257+2948+2329+7366+1548+54658+2327+54490+2944+316+1555+54659+54657+1544+7364+124+1576+2949+9446+1558+4258+127+125+7365+373156</a>	66	36	220;126;2952;128;1559;4129;54579;1571;4128;2946;130;4257;2948;2329;7366;1548;54658;2327;54490;2944;316;1555;54659;54657;1544;7364;124;1576;2949;9446;1558;4258;127;125;7365;373156	ADH1A; ADH1B; ADH1C; ADH4;A DH5;AD H6;ALD H1A3;A OX1;CY P1A2;CY P2A6;CY P2B6;CY P2C8;CY P2C9;CY P2E1;CY P3A4;F MO2;FM O4;GST K1;GST M1;GST M2;GST M4;GST M5;GST O1;GST T1;MAO A;MAOB
----------	-----------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	--

hsa00830	Retinol metabolism	-0.7648	-2.5200	0.00E+00	0.00E+00	http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00830+126+1543+128+7286+1543+128+7286+35+1559+317749+54579+130+1592+7366+1548+54658+10901+54490+316+1555+8608;54659;54657;1544;8630;7364;124;1576;9249;1558;284541;127;125;7365;1579;8228;51109;54884;5959	63	35	126;1543;128;728635;1559;317749;54579;130;1592;7366;1548;54658;10901;54490;316;1555;8608;54659;54657;1544;8630;7364;124;1576;9249;1558;284541;127;125;7365;1579;8228;51109;54884;5959	ADH1A; ADH1B; ADH1C; ADH4;A DH5;AD H6;AOX 1;CYP1A 1;CYP1A 2;CYP26 A1;CYP2 A6;CYP2 B6;CYP2 C8;CYP2 C9;CYP3 A4;CYP4 A11;CYP 4A22;DH RS3;DH RS4;DH RS4L1;D HRS4L2; HSD17B 6;PNPLA 4;RDH11 ;RDH16;
----------	--------------------	---------	---------	----------	----------	--	----	----	---	--

hsa01200	Carbon metabolism	-0.6904	-2.5225	0.00E+00	0.00E+00	http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa01200+128+2645+2747+189+4190+5213+516+229+51179+5160+50+3417+2098+10993+3419+3418+113675+8802+9104+48+4967+6472+1373+55902+2746+2027+2	110	56	128;2645;2747;189;4190;5213;5162;229;51179;5160;50;3417;2098;10993;3419;3418;113675;8802;9104;48;4967;6472;1373;55902;2746;2027	ACADM; ACADS; ACAT1;ACO2;ACS S2;ADH5;AGXT;ALDH6A1;ALDOB;CAT;CP S1;DLD;DLST;E CHS1;E HHADH;ENO3;E SD;FBP1;GCK;G CSH;GL UD1;GL UD2;GOT1;GOT2;GPT;GPT2;HADHA;HADHAO1;HAO
----------	-------------------	---------	---------	----------	----------	--	-----	----	---	---



hsa00640	Propanoate metabolism	-0.8687	-2.5403	0.00E+00	0.00E+00	http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00640+32+8802+55902+5592+509+594+18+1738+5096+1892+2627+5+3030+593+8469+3+34+1962+1629+79611+4329+38+23417+8801	31	21	32;8802;55902;5095;594;18;1738;5096;1892;2627;5;3030;593;8469;3;34;1962;1629;79611;4329;38;23417;8801	ABAT;A CACB;A CADM;A CAT1;A CSS2;A CSS3;AL DH6A1;B CKDHA; BCKDHB ;DBT;DL D;ECHS 1;EHHA DH;HAD HA;HIBC H;MCEE ;MLYCD; PCCA;P CCB;SU CLG1;S
----------	-----------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	---



hsa00071	Fatty acid degradation	-0.8221	-2.6228	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00071+224+126+128+233+05;51703;1374;130;219;33;36;124;37;501;1892;3030;284541;2180;51;35;127;34;125;1962;3033;3032;1579;1376;38;2639;217;10449;30">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00071+224+126+128+233+05;51703+1374+130+219+33+36+124+37+501+1892+3030+284541+2180+51+35+127+34+125+1962+3033+3032+1579+1376+38+2639+217+10449+30</a>	42	32	224;126;128;233 05;51703;1374;130;219;33;36;124;37;501;1892;3030;284541;2180;51;35;127;34;125;1962;3033;3032;1579;1376;38;2639;217;10449;30	ACAA1; ACAA2; ACADL; ACADM; ACADS; ACADSB ;ACADV L;ACAT1 ;ACOX1; ACSL1;A CSL5;AC SL6;ADH 1A;ADH1 B;ADH1 C;ADH4; ADH5;A DH6;AL DH1B1;A LDH2;AL DH3A2;A LDH7A1; CPT1A; CPT2;C YP4A11; CYP4A2
----------	------------------------	---------	---------	----------	----------	---	----	----	--	--



hsa00280	Valine, leucine and isoleucine degradation	-0.8633	-2.8511	0.00E+00	0.00E+00	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00280+219+3028+316+36+64902+5095+27034+594+501+18+1738+5096+1892+26275+549+19732+2+3030+593+84693+35+34+1962+1629+3033+3032+4329+11112+38+2173+3155+10449+30+3712+64087">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00280+219+3028+316+36+64902+5095+27034+594+501+18+1738+5096+1892+26275+549+19732+2+3030+593+84693+35+34+1962+1629+3033+3032+4329+11112+38+2173+3155+10449+30+3712+64087</a>	47	34	219;3028;316;36;64902;5095;27034;594;501;18;1738;5096;1892;26275;549;19732;2;3030;593;84693;35;34;1962;1629;3033;3032;4329;11112;38;2173;3155;10449;30;3712;64087	ABAT;A CAA1;A CAA2;A CAD8;A CADM;A CADS;A CADSB; ACAT1;A CSF3;A GXT2;AL DH1B1;A LDH2;AL DH6A1;A LDH7A1; AOX1;A UH;BCK DHA;BC KDHB;D BT;DLD; ECHS1; EHHAD H;HADH; HADHA; HADHB; HIBADH;
----------	--	---------	---------	----------	----------	---	----	----	---	--



hsa03410	Base excision repair	0.7685	1.8462	0.00E+00	2.36E-04	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03410+3978+2237+10714+5111+5424+5427+55247+54107+142+3980+10038+7515+6996+5426+4595">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03410+3978+2237+10714+5111+5424+5427+55247+54107+142+3980+10038+7515+6996+5426+4595</a>	33	15	3978;2237;10714;5111;5424;5427;55247;54107;142;3980;10038;7515;6996;5426;4595	FEN1;LIG3;MUTYH;NEIL3;P;ARP1;P;ARP2;P;CNA;POL;LD1;POL;D3;POL;E;POLE2;POLE3;TDG;XRCC1
----------	----------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	---	--

hsa03015	mRNA surveillance pathway	0.6753	1.8259	0.00E+00	4.72E-04	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03015+9939+9887+11052+23381+65109+80336+55339+1478+22794+26528+10921+9775+81608+22985+65110+2916+55110+1479+4116+29107+5528+10482+5501+4686+51692">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03015+9939+9887+11052+23381+65109+80336+55339+1478+22794+26528+10921+9775+81608+22985+65110+2916+55110+1479+4116+29107+5528+10482+5501+4686+51692</a>	87	25	9939;9887;11052;23381;65109;80336;55339;1478;22794;26528;10921;9775;81608;22985;65110;2916;55110;1479;4116;29107;5528;10482;5501;4686;51692	ACIN1;C ASC3;C PSF3;CP SF6;CST F2;CSTF 3;DAZAP 1;EIF4A 3;FIP1L1 ;MAGOH ;MAGOH B;NCBP 1;NCBP2 ;NXF1;N XT1;PAB PC1L;PP P1CC;P PP2R5D; RBM8A; RNPS1; SMG5;S MG7;UP F3A;UPF 3B;WDR 33
----------	---------------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	---	--



hsa03440	Homologous recombination	0.7649	1.8269	0.00E+00	5.39E-04	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03440+146956+8438+672+641+10714+7517+5424+5888+5889+25788+7516+11073+8940+5932+80198+83990+6117+675+51720+5893+29935">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03440+146956+8438+672+641+10714+7517+5424+5888+5889+25788+7516+11073+8940+5932+80198+83990+6117+675+51720+5893+29935</a>	34	22	146956;8438;672;641;10714;7517;5424;5888;5889;25788;7516;11073;8940;5932;80198;83990;6117;675;51720;5893;29935	BARD1; BLM;BR CA1;BR CA2;BRI P1;EME 1;MUS8 1;POLD1 ;POLD3; RAD51; RAD51C ;RAD52; RAD54B; RAD54L; RBBP8; RPA1;R PA4;TO P3B;TO PBP1;UI MC1;XR CC2;XR CC3
----------	--------------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	--	--

hsa03430	Mismatch repair	0.7844	1.7900	0.00E+00	8.92E-04	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03430+5984+9156+3978+10714+4436+5111+5424+5985+2956">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03430+5984+9156+3978+10714+4436+5111+5424+5985+2956</a>	23	11	5984;9156;3978;10714;4436;5111;5424;5985;2956;5983;5982	EXO1;LIG1;MSH2;MSH6;PCNA;POLD1;POLD3;RFC2;RFC3;RFC4;RFC5
hsa03420	Nucleotide excision repair	0.6963	1.7182	2.47E-03	5.62E-03	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03420+5984+3978+10714+5111+5424+5427+5985+54107+5983+5426+5982+2071+8450+2968+6117">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03420+5984+3978+10714+5111+5424+5427+5985+54107+5983+5426+5982+2071+8450+2968+6117</a>	45	15	5984;3978;10714;5111;5424;5427;5985;54107;5983;5426;5982;2071;8450;2968;6117	CUL4B;ERCC3;GTF2H4;LIG1;PCNA;POLD1;POLD3;POLE;POLE2;POLE3;RFC2;RFC3;RFC4;RFC5;RPA1

hsa04114	Oocyte meiosis	0.6051	1.6829	0.00E+00	8.67E-03	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04114+983+995+5347+991+286151+9232+9133+699+9134+9700+891+9088+26271+29945+6790+4085+51434+27127+1017+898+10744+5528+996+8881+5501+112+729597+285955+245711+442590+3710+163688">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04114+983+995+5347+991+286151+9232+9133+699+9134+9700+891+9088+26271+29945+6790+4085+51434+27127+1017+898+10744+5528+996+8881+5501+112+729597+285955+245711+442590+3710+163688</a>	118	32	983;995;5347;991;286151;9232;9133;699;9134;9700;891;9088;26271;29945;6790;4085;51434;27127;1017;898;10744;5528;996;8881;5501;112;729597;285955;245711;442590;3710;163688	ADCY6; ANAPC4 ;ANAPC 7;AURK A;BUB1; CALML6 ;CCNB1; CCNB2; CCNE1; CCNE2; CDC16; CDC20; CDC25C ;CDC27; CDK1;C DK2;ES PL1;FBX O43;FBX O5;ITPR 3;MAD2 L1;PKM YT1;PLK 1;PPP1C C;PPP2 R5D;PTT
----------	-------------------	--------	--------	----------	----------	---	-----	----	--	---

hsa03008	Ribosome biogenesis in eukaryotes	0.6284	1.6340	1.14E-03	1.77E-02	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03008+4931+55813+51602+51096+7514+10528+10813+84128+6949+10940+1736+55127+29107+83732+5901+10482+55226+5822+2091+10556+55341+29889+10557+23560">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03008+4931+55813+51602+51096+7514+10528+10813+84128+6949+10940+1736+55127+29107+83732+5901+10482+55226+5822+2091+10556+55341+29889+10557+23560</a>	69	24	4931;55813;51602;51096;7514;10528;10813;84128;6949;10940;1736;55127;29107;83732;5901;10482;55226;5822;2091;10556;55341;29889;10557;23560	DKC1;FBL;GNL2;GTPBP4;HEATR1;LSG1;NAT10;NOP56;NOP58;NVL;NXF1;NXT1;POP1;PW2;RAN;RIOK1;RPP30;RPP38;TCOF1;UTP14A;UTP18;UTP6;WDR75;XPO1
----------	-----------------------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	--	--

hsa00240	Pyrimidine metabolism	0.5906	1.6000	0.00E+00	2.61E-02	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00240+10623+2992+2+10714+5422+5557+737+5424+23649+6240+5558+5427+124583+7298+6241+54963+10621+790+54107+7083+1841+5433">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00240+10623+2992+2+10714+5422+5557+737+5424+23649+6240+5558+5427+124583+7298+6241+54963+10621+790+54107+7083+1841+5433</a>	96	21	10623;2992;10714;5422;5557;7371;5424;23649;6240;5558;5427;124583;7298;6241;54963;10621;790;54107;7083;1841;5433	CAD;CANNT1;DTYMK;NME7;POLA1;POLA2;POLD1;POLD3;POLE2;POLE3;POLR2D;POLR3C;POLR3F;PRIM1;PRIM2;RRM1;RRM2;TK1;TYMS;UCK2;UCKL1
----------	-----------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	---	--

hsa04914	Progesterone-mediated oocyte maturation	0.5858	1.6015	0.00E+00	2.73E-02	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04914+983+995+5347+9133+699+891+9088+29945+6790+408+5+993+51434+8907+5603+1017+996+8881+112+729597+285955+994+245711+442590+5601+3835+246184+8697+5595">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04914+983+995+5347+9133+699+891+9088+29945+6790+408+5+993+51434+8907+5603+1017+996+8881+112+729597+285955+994+245711+442590+5601+3835+246184+8697+5595</a>	94	28	983;995;5347;9133;699;891;9088;29945;6790;408;5;993;51434;8907;5603;1017;996;8881;112;729597;285955;994;245711;442590;5601;3835;246184;8697;5595	ADCY6; ANAPC4 ;ANAPC 7;AURK A;BUB1; CCNA2; CCNB1; CCNB2; CDC16; CDC23; CDC25A ;CDC25 B;CDC2 5C;CDC 26;CDC2 7;CDK1; CDK2;KI F22;MA D2L1;M APK13; MAPK3; MAPK9; PKMYT1 ;PLK1;S PDYA;S
----------	---	--------	--------	----------	----------	---	----	----	--	---

hsa03022	Basal transcription factors	0.6338	1.5840	5.97E-03	3.14E-02	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03022+6908+8148+6874+6882+2071+6878+9569+2968+6877+9519+27097+83860+2965+51616+1022+6879+2961">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03022+6908+8148+6874+6882+2071+6878+9569+2968+6877+9519+27097+83860+2965+51616+1022+6879+2961</a>	44	17	6908;8148;6874;6882;2071;6878;9569;2968;6877;9519;27097;83860;2965;51616;1022;6879;2961	CDK7;E RCC3;G TF2E2;G TF2H1;G TF2H4;G TF2IRD1 ;TAF11; TAF15;T AF3;TAF 4;TAF5; TAF5L;T AF6;TAF 7;TAF9B ;TBP;TB PL1
----------	-----------------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	---	---

hsa05206	MicroRNAs in cancer	0.5457	1.5378	0.00E+00	5.68E-02	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa05206+2146+672+995+113130+9493+1869+9134+4194+1870+3925+1786+1944+6464+1029+10642+898+1871+3190+1788+9759+2261+10298+10018+3065+11186+994+559+8+6541+90427+5578+4170+4851+7422+2744+4082+7157+27086+1399+578+7430+2885+6659+8091">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa05206+2146+672+995+113130+9493+1869+9134+4194+1870+3925+1786+1944+6464+1029+10642+898+1871+3190+1788+9759+2261+10298+10018+3065+11186+994+559+8+6541+90427+5578+4170+4851+7422+2744+4082+7157+27086+1399+578+7430+2885+6659+8091</a>	149	46	2146;672;995;113130;9493;1869;9134;4194;1870;3925;1786;1944;6464;1029;10642;898;1871;3190;1788;9759;2261;10298;10018;3065;11186;994;559;8;6541;90427;5578;4170;4851;7422;2744;4082;7157;27086;1399;578;7430;2885;6659;8091	BAK1;B CL2L11; BMF;BR CA1;CC NE1;CC NE2;CD C25A;C DC25B; CDC25C ;CDCA5; CDKN2A ;CRKL;D NMT1;D NMT3A; DNMT3B ;E2F1;E 2F2;E2F 3;EFNA3 ;EZH2;E ZR;FGF R3;FOX P1;GLS; GRB2;H DAC1;H DAC4;H
----------	------------------------	--------	--------	----------	----------	---	-----	----	--	--



hsa03450	Non-homologous end-joining	0.7514	1.5019	3.52E-02	8.63E-02	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03450+2237+64421+2547+7520+274">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa03450+2237+64421+2547+7520+274</a>	12	6	2237;64421;2547;7520;27434;5591	DCLRE1C;FEN1;POLM;PRKDC;XRCC5;XRCC6
----------	----------------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	---	---------------------------------	-------------------------------------



hsa05166	Human T-cell leukemia virus 1 infection	0.4993	1.4372	0.00E+00	1.66E-01	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa05166+200186+991+10714+701+9232+4605+9133+2648+1111;1869+5111+1870+6908+5424+5427+29945+4085+7514+1031+51434+54107+9184+1856+1029+6929+10744+4602+1871+5902+1019+5426+5901+1857+996+8881+112+4791">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa05166+200186+991+10714+701+9232+4605+9133+2648+1111;1869+5111+1870+6908+5424+5427+29945+4085+7514+1031+51434+54107+9184+1856+1029+6929+10744+4602+1871+5902+1019+5426+5901+1857+996+8881+112+4791</a>	252	37	200186;991;10714;701;9232;4605;9133;2648;1111;1869;5111;1870;6908;5424;5427;29945;4085;7514;1031;51434;54107;9184;1856;1029;6929;10744;4602;1871;5902;1019;5426;5901;1857;996;8881;112;4791	ADCY6; ANAPC4 ;ANAPC 7;BUB1B ;BUB3;C CNB2;C DC16;C DC20;C DC27;C DK4;CD KN2A;C DKN2C; CHEK1; CRTC2; DVL2;DV L3;E2F1; E2F2;E2 F3;KAT2 A;MAD2 L1;MYB; MYBL2; NFKB2;P CNA;PO LD1;POL D3;POL
----------	---	--------	--------	----------	----------	---	-----	----	---	--

hsa04330	Notch signaling pathway	0.5457	1.3839	4.81E-02	2.73E-01	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04330+51107+2648+3066+23385+1856+1857+3065+9794+9612+196403+4851+9253">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04330+51107+2648+3066+23385+1856+1857+3065+9794+9612+196403+4851+9253</a>	48	12	51107;2648;3066;23385;1856;1857;3065;9794;9612;196403;4851;9253	APH1A;DTX3;DVL2;DVL3;HDAC1;HDAC2;KAT2A;MAML1;NCOR2;NCSTN;NOTCH1;NUMBL
----------	-------------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	---	---

hsa04218	Cellular senescence	0.4798	1.3560	2.70E-02	3.37E-01	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04218+286826+983+4605+9133+1111+1869+9134+1870+2305+5810+891+7248+993+5883+890+5603+1017+5933+1029+898+1871+1019">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04218+286826+983+4605+9133+1111+1869+9134+1870+2305+5810+891+7248+993+5883+890+5603+1017+5933+1029+898+1871+1019</a>	155	22	286826;983;4605;9133;1111;1869;9134;1870;2305;5810;891;7248;993;5883;890;5603;1017;5933;1029;898;1871;1019	CCNA2; CCNB1; CCNB2; CCNE1; CCNE2; CDC25A; CDK1; CDK2; CDK4; CDKN2A; CHEK1; E2F1; E2F2; E2F3; FOXM1; LIN9; MAPK13; MYBL2; RAD1; RAD9A; RBL1; TS C1
----------	---------------------	--------	--------	----------	----------	---	-----	----	--	--

hsa04115	p53 signaling pathway	0.5051	1.3396	5.52E-02	3.54E-01	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04115+983+51512+9133+1111+9134+4194+891+6241+92344+1017+1029+898+1019+8493">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa04115+983+51512+9133+1111+9134+4194+891+6241+92344+1017+1029+898+1019+8493</a>	69	14	983;51512;9133;1111;9134;4194;891;6241;92344;1017;1029;898;1019;8493	CCNB1; CCNB2; CCNE1; CCNE2; CDK1; CDK2; CDK4; CDKN2A; CHEK1; GORAB; GTS1; MDM4; PPM1D; RRM2
----------	-----------------------	--------	--------	----------	----------	---	----	----	--	---

hsa05203	Viral carcinogenesis	0.4633	1.3341	2.06E-02	3.56E-01	http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa05203+7186+983+991+2648+1111+9134+6908+148327+3066+7188+890+1017+5933+1029+898+8370+3190+5902+1019+9759+3065+4791+10014+2968+108+8367+9519+6722+6714+3661+2965+8360+79885+1385+245972+8348+5595+6502+7157+121504+578+1388+7534+2885+10488+7533+10971+440689+128312+9261+2961+22938+286436+468+5366+1030+3845+8359	197	58	7186;983;991;2648;1111;9134;6908;148327;3066;7188;890;1017;5933;1029;898;8370;3190;5902;1019;9759;3065;4791;10014;2968;108;8367;9519;6722;6714;3661;2965;8360;79885;1385;245972;8348;5595;6502;7157;121504;578;1388;7534;2885;10488;7533;10971;440689;128312;9261;2961;22938;286436;468;5366;1030;3845;8359	ATF4;ATF6B;ATP6V0D2;B AK1;CC NA2;CC NE1;CC NE2;CD C20;CD K1;CDK2;CDK4;C DKN2A;CDKN2B;CHD4;C HEK1;C REB1;C REB3;C REB3L4;GRB2;G TF2E2;G TF2H1;G TF2H4;H 2BFM;H DAC1;H DAC11;HDAC2;
----------	----------------------	--------	--------	----------	----------	---	-----	----	---	---

hsa00740	Riboflavin metabolism	0.7270	1.3433	1.31E-01	3.58E-01	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00740+803">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00740+803</a>	8	1	80308	FLAD1
hsa00563	Glycosylphosphatidylinositol (GPI)-anchor biosynthesis	0.5876	1.3167	1.06E-01	3.81E-01	<a href="http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00563+5279+93183+94005+80235+54965+5277+128869+8818+51604">http://www.kegg.jp/kegg-bin/show_pathway?hsa00563+5279+93183+94005+80235+54965+5277+128869+8818+51604</a>	25	9	5279;93183;94005;80235;54965;5277;128869;8818;51604	DPM2;PIGA;PIGC;PIGMP;PIGT;PIGU;PIGX;PIGZ