Pathway	Gene ranks		NES	pval	padj
GOBP_FATTY_ACID_METABOLIC_PROCESS	MINITED MATERIAL TO THE PROPERTY OF THE PARTY OF THE PART		2.84	5.6·10 ⁻⁴⁵	2.4·10 ⁻⁴¹
GOBP_SMALL_MOLECULE_CATABOLIC_PROCESS	110 11 11 million management in the	.m	2.54	5.7·10 ⁻²⁹	1.2·10 ⁻²⁵
GOBP_ORGANIC_ACID_CATABOLIC_PROCESS	10 100 1 1 10 million imminute in the		2.71	2.8·10 ⁻²⁷	3.2·10 ⁻²⁴
GOBP_CELLULAR_LIPID_CATABOLIC_PROCESS	M III 1111 milimini milimi 1	***************************************	2.73	$3.1 \cdot 10^{-27}$	3.2·10 ⁻²⁴
GOBP_RIBOSE_PHOSPHATE_METABOLIC_PROCESS	1111111 11 1 11111111 111111 11111 11111		2.41	7.5·10 ⁻²⁷	6.3·10 ⁻²⁴
GOBP_ACYL_COA_METABOLIC_PROCESS	1 1 rinnin	11 []	2.96	1.6·10 ⁻²⁶	1.1·10 ⁻²³
GOBP_NUCLEOSIDE_PHOSPHATE_BIOSYNTHETIC_PROCESS			2.60	1.9·10 ⁻²⁵	1.1·10 ⁻²²
CLASE_ACTIVATING_G_PROTEIN_COUPLED_RECEPTOR_SIGNALING_PATHWAY	-	II	2.74	2.2·10 ⁻²⁵	1.1·10 ⁻²²
GOBP_LIPID_CATABOLIC_PROCESS	MIII	" "WITHITH	2.50	2.0-10 ⁻²⁴	9.2·10 ⁻²²
GOBP_RIBOSE_PHOSPHATE_BIOSYNTHETIC_PROCESS	MIL 11 min 1 min		2.68	2.7·10 ⁻²⁴	1.1·10 ⁻²¹
GOBP_ORGANIC_ACID_BIOSYNTHETIC_PROCESS	1110 1 00 00 00 00 00 00 00 00 00 00 00		2.50	1.2·10 ⁻²³	4.5·10 ⁻²¹
ASE_MODULATING_G_PROTEIN_COUPLED_RECEPTOR_SIGNALING_PATHWAY		11 1111	2.59	1.5·10 ⁻²³	5.2·10 ⁻²¹
GOBP_ALCOHOL_METABOLIC_PROCESS	MIN HIRI 1001 C 1 000 000 000 000 000 000 000 00		2.36	2.8·10 ⁻²²	$9.1 \cdot 10^{-20}$
GOBP_OLEFINIC_COMPOUND_METABOLIC_PROCESS)		2.65	3.9·10 ⁻²²	1.2·10 ⁻¹⁹
GOBP_LIPID_MODIFICATION	MIN HILIMATER OF SECTION 1	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	2.62	9.5·10 ⁻²²	2.7·10 ⁻¹⁹
GOBP_PROTEIN_ACYLATION		н шт Т	-2.03	7.5·10 ⁻⁷	1.4·10 ⁻⁵
GOBP_SUPPRESSION_OF_VIRAL_RELEASE_BY_HOST	T	I	-2.24	6.1·10 ⁻⁷	1.2·10 ⁻⁵
GOBP_TRANSCRIPTION_PREINITIATION_COMPLEX_ASSEMBLY	III in in		-2.12	4.6·10 ⁻⁷	9.8·10 ⁻⁶
GOBP_NEGATIVE_REGULATION_OF_VIRAL_TRANSCRIPTION	H i i .	I I	-2.23	1.5·10 ⁻⁷	3.6·10 ⁻⁶
GOBP_CELLULAR_GLUCURONIDATION	1	I	-2.27	6.6·10 ⁻⁸	1.8·10 ⁻⁶
GOBP_PEPTIDYL_CYSTEINE_MODIFICATION	11 11 11 11 1	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-2.26	3.2·10 ⁻⁸	9.5·10 ⁻⁷
GOBP_NEUTRAL_AMINO_ACID_TRANSPORT	To the second of	1 111	-2.25	2.5·10 ⁻⁸	7.6·10 ⁻⁷
GOBP_PROTEIN_K63_LINKED_UBIQUITINATION	H 1 1 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 1	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-2.25	8.6·10 ⁻⁹	3.0·10 ⁻⁷
GOBP_PROTEIN_POLYUBIQUITINATION		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-2.00	2.2·10 ⁻¹⁰	1.1·10 ⁻⁸
GOBP_AMINO_ACID_TRANSMEMBRANE_TRANSPORT		1 III	-2.34	5.2·10 ⁻¹¹	3.2·10 ⁻⁹
GOBP_RNA_POLYMERASE_II_PREINITIATION_COMPLEX_ASSEMBLY	l ti n .	1111	-2.49	2.1·10 ⁻¹²	1.6·10 ⁻¹⁰
GOBP_PROTEIN_MODIFICATION_BY_SMALL_PROTEIN_REMOVAL	T 10 - 100 -		-2.50	5.3·10 ⁻¹⁴	5.8·10 ⁻¹²
GOBP_PEPTIDYL_L_CYSTEINE_S_PALMITOYLATION	I i	I	-2.63	5.0·10 ⁻¹⁶	7.0·10 ⁻¹⁴
GOBP_PROTEIN_DEUBIQUITINATION	The many sections and the section of	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-2.70	6.0·10 ⁻¹⁷	9.6·10 ⁻¹⁵
GOBP_PROTEIN_PALMITOYLATION	l III I	·	-2.68	5.2·10 ⁻¹⁸	9.2·10 ⁻¹⁶
	0 10000 20000	30000			