

Acid_PPase	p=1.5E-01	n=1
Adenylsucc_synt	p=1.5E-01	n=1
ALAD	p=1.5E-01	n=1
ALMS_motif	p=1.5E-01	n=1
Aminotran_1_2	p=1.5E-01	n=3
ANAPC16	p=1.5E-01	n=1
AOX	p=1.5E-01	n=1
APP_amyloid	p=1.5E-01	n=1
APP_Cu_bd	p=1.5E-01	n=1
APP_E2	p=1.5E-01	n=1
APP_N	p=1.5E-01	n=1
ATG16	p=1.5E-01	n=1
bZIP_1	p=1.5E-01	n=3
CBM_21	p=1.5E-01	n=2
CCDC154	p=1.5E-01	n=1
CCDC24	p=1.5E-01	n=1
CCDC53	p=1.5E-01	n=1
CD20	p=1.5E-01	n=2
CKAP2_C	p=1.5E-01	n=1
Clat_adaptor_s	p=1.5E-01	n=2
CLU	p=1.5E-01	n=1
CLU_N	p=1.5E-01	n=1
Cystatin	p=1.5E-01	n=1
DED	p=1.5E-01	n=2
DHR10	p=1.5E-01	n=1
dsrm	p=1.5E-01	n=3
DUF1084	p=1.5E-01	n=1
DUF2428	p=1.5E-01	n=1
DUF4707	p=1.5E-01	n=1
DUF5578	p=1.5E-01	n=1

fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.01	bg=0.00
fg=0.01	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.01	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.01	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00
fg=0.00	bg=0.00

-log<sub>10</sub>(p)

n=417/401 input genes with annotations



fraction