Standard Deviation Allowed	Number of Genes Identified
1	9
1.25	7
1.5	2
1.75	5
2	3

Genes Identified by Random Forest (% of seeds gene appeared)
ARHGAP4 (30 %), COL5A3 (50 %), EZH1 (10 %), FLYWCH1 (30 %), GIGYF1 (100 %), MAPK8IP3 (20 %), MEGF6 (20 %), PTOV1 (90 %), RHOT2 (10 %)
ARHGAP4 (50 %), COL5A3 (60 %), FLYWCH1 (70 %), GIGYF1 (90 %), MAPK8IP3 (10 %), MEGF6 (10 %), PTOV1 (100 %)
GIGYF1 (100 %), PTOV1 (100 %)
COL5A3 (10 %), FLYWCH1 (30 %), GIGYF1 (100 %), PTOV1 (80 %), SLC4A10 (10 %)
FLYWCH1 (20 %), GIGYF1 (90 %), PTOV1 (90 %)