

Standard Deviation Allowed	Number of Genes Identified	Genes Identified by Random Forest (% of seeds gene appeared)
1	9	ARHGAP4 (30 %), COL5A3 (50 %), EZH1 (10 %), FLYWCH1 (30 %), GIGYF1 (100 %), MAPK8IP3 (20 %), MEGF6 (20 %), PTOV1 (90 %), RHOT2 (10 %)
1.25	7	ARHGAP4 (50 %), COL5A3 (60 %), FLYWCH1 (70 %), GIGYF1 (90 %), MAPK8IP3 (10 %), MEGF6 (10 %), PTOV1 (100 %)
1.5	2	GIGYF1 (100 %), PTOV1 (100 %)
1.75	5	COL5A3 (10 %), FLYWCH1 (30 %), GIGYF1 (100 %), PTOV1 (80 %), SLC4A10 (10 %)
2	3	FLYWCH1 (20 %), GIGYF1 (90 %), PTOV1 (90 %)