

GO results of ncc-RNA (GO categories shown in Figure 2.5)							
	Enrichment FDR	nGenes	Pathway Genes	Fold Enrichment	Pathway	URL	Genes
BP:GO - upregulated DEGs in humans compared to chimpanzee (n = 3543)	3.3E-04	40	241	2.48	GO:0044242 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0044242	PNPLA4,HADHA
	8.5E-04	111	1028	1.61	GO:0006082 org	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006082	AASS,ELOVL1,F
	1.7E-03	50	368	2.03	GO:0016042 lipid	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0016042	PNPLA4,HADHA
	1.7E-03	107	1009	1.58	GO:0043436 oxc	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0043436	AASS,ELOVL1,F
	2.9E-03	38	255	2.23	GO:0046395 car	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0046395	HADHA,ACOX3,
	2.9E-03	232	2618	1.32	GO:0007399 ner	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0007399	COX6B1,G6PD,S
	3.0E-03	38	259	2.19	GO:0016054 org	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0016054	HADHA,ACOX3,
	3.0E-03	150	1563	1.43	GO:0120036 pla	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0120036	FUZ,EHD3,EPH
	3.0E-03	153	1606	1.42	GO:0030030 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0030030	FUZ,EHD3,EPH
	3.3E-03	72	628	1.71	GO:0032787 mo	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0032787	ELOVL1,PFKP,S
	3.5E-03	102	983	1.55	GO:0019752 car	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0019752	AASS,ELOVL1,F
	3.5E-03	145	1516	1.43	GO:0006629 lipid	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006629	CYP26B1,PNPL
	8.0E-03	51	414	1.84	GO:0006631 fatt	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006631	ELOVL1,SLC27A
	8.0E-03	241	2805	1.28	GO:0009056 cat	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0009056	CSNK2A2,FUCA
	1.4E-02	100	1001	1.49	GO:0031175 neu	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0031175	EPHA3,LAMA3,F
	1.5E-02	70	644	1.62	GO:0120035 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0120035	PLD1,PAK3,LZT
	1.5E-06	200	1936	1.54	GO:0044281 sm	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0044281	FUCA2,PDK2,A
in chimpanzee compared to human (n = 2857)	2.2E-05	70	514	1.98	GO:0000280 nuc	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0000280	CDC27,ZNF207,
	1.1E-05	76	564	1.96	GO:0048285 org	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0048285	CDC27,ZNF207,
	4.1E-04	62	476	1.89	GO:0044772 mit	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0044772	CDC27,ZNF207,
	2.0E-05	87	689	1.83	GO:0051301 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0051301	KLHL13,CDC27,
	4.9E-06	98	781	1.82	GO:0010564 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0010564	KLHL13,CDC27,
	1.5E-10	164	1321	1.80	GO:0022402 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0022402	KLHL13,CDC27,
	3.0E-04	74	598	1.80	GO:0044770 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0044770	CDC27,DBF4,ZN
	9.1E-06	101	825	1.78	GO:1903047 mit	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:1903047	CDC27,ZNF207,
	6.2E-07	121	996	1.76	GO:0000278 mit	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0000278	CDC27,ZNF207,
	1.1E-10	220	1937	1.65	GO:0007049 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0007049	KLHL13,CDC27,
	3.0E-05	133	1213	1.59	GO:0051726 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0051726	KLHL13,CDC27,

BP:GO - upregulated DEGs (r	4.1E-04	124	1173	1.54	GO:0051276 chr	http://amigo.gene	SMARCE1,MBD
	4.1E-04	132	1269	1.51	GO:0033043 reg	http://amigo.gene	CDC27,SCIN,ZN
	3.0E-04	160	1594	1.46	GO:0007010 cyto	http://amigo.gene	SCIN,ZNF207,TA
	7.6E-12	413	4206	1.43	GO:0006996 org	http://amigo.gene	SMARCE1,MBD
	1.5E-08	372	3932	1.37	GO:0006464 cell	http://amigo.gene	KLHL13,DBNDD
	2.4E-08	372	3952	1.37	GO:0036211 pro	http://amigo.gene	KLHL13,DBNDD
	8.9E-09	395	4206	1.36	GO:0043412 ma	http://amigo.gene	KLHL13,DBNDD
	1.8E-04	321	3617	1.29	GO:0031325 pos	http://amigo.gene	CAMKK1,DBF4,I
	1.8E-04	322	3630	1.29	GO:0044085 cell	http://amigo.gene	SCIN,ZNF207,T
BP:GO - positively correlated only in human ZEB2 (n = 1210)	1.8E-04	73	1563	1.91	GO:0120036 pla	http://amigo.gene	MKS1,FRYL,NRC
	1.8E-04	114	2867	1.63	GO:0009653 ana	http://amigo.gene	FRYL,NRCAM,S
	1.8E-04	164	4617	1.45	GO:0048731 sys	http://amigo.gene	FLT4,FRYL,NRC
	2.0E-04	73	1606	1.86	GO:0030030 cell	http://amigo.gene	MKS1,FRYL,NRC
	1.7E-03	100	2618	1.56	GO:0007399 ner	http://amigo.gene	FRYL,NRCAM,N
	4.7E-03	62	1449	1.75	GO:0030182 neu	http://amigo.gene	FRYL,NRCAM,N
	1.3E-02	62	1522	1.67	GO:0048699 ger	http://amigo.gene	FRYL,NRCAM,N
	1.3E-02	84	2254	1.53	GO:0006928 mo	http://amigo.gene	NRCAM,ITGA6,I
	1.3E-02	69	1757	1.61	GO:0022008 neu	http://amigo.gene	FRYL,NRCAM,N
	1.9E-02	126	3774	1.37	GO:0048513 ani	http://amigo.gene	FLT4,NRCAM,AT
	2.0E-02	90	2509	1.47	GO:0051128 reg	http://amigo.gene	FZD5,CLEC16A,
	4.5E-02	80	2239	1.46	GO:0048468 cell	http://amigo.gene	FRYL,NRCAM,N
	4.5E-02	141	4433	1.30	GO:0019219 reg	http://amigo.gene	ALX4,EYA2,ZFA
	4.8E-02	97	2847	1.39	GO:0035556 intr	http://amigo.gene	GJA1,CANT1,MA
	4.9E-02	75	2086	1.47	GO:0009888 tiss	http://amigo.gene	SIPA1L3,ATRNL
	4.9E-02	91	2642	1.41	GO:0008104 pro	http://amigo.gene	NPEPPS,FZD5,I
	5.0E-02	97	2859	1.39	GO:0006366 tran	http://amigo.gene	ALX4,ZXDC,ATX
	9.8E-03	29	491	2.68	GO:0007389 pat	http://amigo.gene	NPHP3,NPHP3-
	2.1E-02	11	102	4.89	GO:0043535 reg	http://amigo.gene	PRCP,APOE,PT
	2.1E-02	18	262	3.11	GO:0060828 reg	http://amigo.gene	XIAP,PLEKHA4,I

BP:GO - negatively correlated only in human ZEB2
(n = 957)

2.1E-02	47	1123	1.90	GO:0035295 tub	http://amigo.gene	PRCP,JCAD,GD
2.1E-02	89	2618	1.54	GO:0007399 ner	http://amigo.gene	NDRG2,CKB,SE
2.1E-02	94	2805	1.52	GO:0009056 cat	http://amigo.gene	GALC,MMP2,CO
2.4E-02	12	130	4.18	GO:0043534 blo	http://amigo.gene	PRCP,APOE,PT
2.4E-02	65	1777	1.66	GO:0048585 neg	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.4E-02	139	4617	1.36	GO:0048731 sys	http://amigo.gene	NDRG2,CKB,SE
2.5E-02	103	3210	1.45	GO:0009966 reg	http://amigo.gene	HMOX1,NDFIP1
2.6E-02	9	84	4.85	GO:0014032 neu	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.6E-02	9	79	5.16	GO:0030330 DN	http://amigo.gene	CDKN1A,RPS27
2.6E-02	10	98	4.62	GO:0014033 neu	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.6E-02	12	148	3.67	GO:0009799 spe	http://amigo.gene	NPHP3,NPHP3-
2.6E-02	12	147	3.70	GO:0009855 det	http://amigo.gene	NPHP3,NPHP3-
2.6E-02	17	257	3.00	GO:0048863 ste	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.6E-02	19	317	2.72	GO:0060070 car	http://amigo.gene	WNT11,XIAP,PL
2.6E-02	21	368	2.59	GO:0016042 lipid	http://amigo.gene	GALC,APOE,CP
2.6E-02	23	435	2.40	GO:0001503 oss	http://amigo.gene	ITGA11,COL6A1
2.6E-02	27	550	2.22	GO:0002009 mo	http://amigo.gene	PLEKHA4,NPHP
2.6E-02	52	1354	1.74	GO:0009968 neg	http://amigo.gene	PIK3IP1,EYA1,G
2.8E-02	9	89	4.58	GO:0014031 me	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.8E-02	16	249	2.91	GO:0048762 me	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.8E-02	16	250	2.90	GO:2001234 neg	http://amigo.gene	EYA1,LGALS3,T
2.8E-02	23	446	2.34	GO:0001667 am	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.8E-02	45	1150	1.77	GO:0072359 circ	http://amigo.gene	MEF2C,PDLIM4
2.8E-02	46	1189	1.75	GO:0009790 em	http://amigo.gene	WHRN,SOBP,NF
2.9E-02	9	91	4.48	GO:0048864 ste	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
2.9E-02	30	663	2.05	GO:0048729 tiss	http://amigo.gene	PLEKHA4,NPHP
3.0E-02	16	257	2.82	GO:0045926 neg	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
3.0E-02	19	337	2.55	GO:0030111 reg	http://amigo.gene	XIAP,PLEKHA4,I
3.0E-02	54	1483	1.65	GO:0010648 neg	http://amigo.gene	PIK3IP1,EYA1,G
3.0E-02	110	3615	1.38	GO:0023051 reg	http://amigo.gene	HMOX1,NDFIP1
3.1E-02	54	1488	1.64	GO:0023057 neg	http://amigo.gene	PIK3IP1,EYA1,G

	3.1E-02	27	580	2.11	GO:1905114 cell	http://amigo.gene	WNT11,XIAP,PL
	3.1E-02	37	902	1.86	GO:0035239 tub	http://amigo.gene	PRCP,JCAD,GD
	3.2E-02	9	96	4.25	GO:0060021 roo	http://amigo.gene	SNAI2,WNT11,L
	3.2E-02	11	139	3.59	GO:2000027 reg	http://amigo.gene	PLEKHA4,GDNF
	3.2E-02	109	3602	1.37	GO:0010646 reg	http://amigo.gene	HMOX1,NDFIP1
	3.3E-02	20	377	2.40	GO:0003002 reg	http://amigo.gene	SOSTDC1,DDIT
	3.5E-02	11	142	3.51	GO:0090090 neg	http://amigo.gene	ANKRD6,DRAXI
	3.6E-02	93	2990	1.41	GO:0007166 cell	http://amigo.gene	SEMA3F,BTN3A
	4.2E-02	27	600	2.04	GO:0051272 pos	http://amigo.gene	SEMA3F,CD99,S
	4.3E-02	75	2312	1.47	GO:1901575 org	http://amigo.gene	GALC,COMT,RN
	4.5E-02	126	4338	1.32	GO:0048583 reg	http://amigo.gene	HMOX1,NDFIP1
	4.7E-02	13	199	2.96	GO:0030308 neg	http://amigo.gene	SEMA3F,SEMA3
	4.7E-02	20	395	2.29	GO:2001233 reg	http://amigo.gene	EYA1,LGALS3,T
	4.7E-02	28	641	1.98	GO:0048598 em	http://amigo.gene	WHRN,SOBP,NF
	4.7E-02	77	2402	1.45	GO:0044248 cell	http://amigo.gene	GALC,COMT,RN
	1.8E-04	169	2618	1.42	GO:0071702 org	http://amigo.gene	USP36,PINK1,U
	1.9E-04	163	2509	1.43	GO:0051128 reg	http://amigo.gene	USP36,CDKL3,F
	2.3E-04	255	4309	1.31	GO:0010556 reg	http://amigo.gene	ZNF195,ETV1,T
	3.3E-04	260	4433	1.29	GO:0019219 reg	http://amigo.gene	ZNF195,ETV1,T
	5.9E-04	242	4112	1.30	GO:0051252 reg	http://amigo.gene	ZNF195,ETV1,T
	6.1E-04	270	4676	1.27	GO:1901362 org	http://amigo.gene	NCBP1,ZNF195,
	6.9E-04	228	3847	1.31	GO:0010604 pos	http://amigo.gene	RNF14,BCLAF1,
	7.4E-04	261	4513	1.28	GO:0019438 aro	http://amigo.gene	NCBP1,ZNF195,
	8.5E-04	244	4181	1.29	GO:0009893 pos	http://amigo.gene	ABHD5,RNF14,B
	8.8E-04	256	4425	1.28	GO:0034654 nuc	http://amigo.gene	NCBP1,ZNF195,
	1.1E-03	259	4503	1.27	GO:0018130 het	http://amigo.gene	NCBP1,ZNF195,
	1.3E-03	172	2795	1.36	GO:0051246 reg	http://amigo.gene	DBNDD1,RNF14
	1.6E-03	214	3630	1.30	GO:0044085 cell	http://amigo.gene	SMARCA5,EHD3
	2.2E-03	228	3936	1.28	GO:0006351 tran	http://amigo.gene	NCBP1,ZNF195,
	2.2E-03	228	3937	1.28	GO:0097659 nuc	http://amigo.gene	NCBP1,ZNF195,

BP:GO - positively correlated only in chimp,ZEB2
(n = 1617)

2.8E-03	228	3957	1.27	GO:0032774 RN	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0032774	NCBP1,ZNF195,
3.6E-03	172	2867	1.32	GO:0009653 ana	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0009653	CDKL3,NEDD4L
3.6E-03	219	3797	1.27	GO:0006355 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006355	ZNF195,ETV1,T
3.6E-03	219	3798	1.27	GO:1903506 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:1903506	ZNF195,ETV1,T
3.9E-03	162	2680	1.33	GO:0050793 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0050793	CDKL3,WWC3,N
3.9E-03	219	3807	1.27	GO:2001141 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:2001141	ZNF195,ETV1,T
6.3E-03	191	3283	1.28	GO:0009892 neg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0009892	DBNDD1,TIMP2
1.0E-02	265	4823	1.21	GO:0006810 tran	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006810	VPS18,USP36,P
1.1E-02	245	4424	1.22	GO:0006950 res	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006950	MYH9,RAD52,S
1.2E-02	167	2859	1.29	GO:0006366 tran	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006366	NCBP1,ETV1,TF
1.2E-02	272	4987	1.20	GO:0051234 est	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0051234	VPS18,USP36,P
1.2E-02	254	4617	1.21	GO:0048731 sys	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0048731	HSPA5,MAPKAP
1.3E-02	174	3005	1.28	GO:0006796 pho	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006796	DBNDD1,CDKL3
1.3E-02	161	2748	1.29	GO:0031324 neg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0031324	DBNDD1,TIMP2
1.4E-02	175	3030	1.27	GO:0006793 pho	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006793	DBNDD1,CDKL3
1.5E-02	176	3057	1.27	GO:0010605 neg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0010605	DBNDD1,TIMP2
1.5E-02	188	3300	1.26	GO:0070887 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0070887	HSPA5,SYT1,TG
1.8E-02	190	3356	1.25	GO:0065009 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0065009	DBNDD1,GCLM
2.5E-02	184	3269	1.24	GO:0010033 res	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0010033	TIMP2,HSPA5,T
4.2E-02	222	4103	1.19	GO:0065008 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0065008	VPS18,MYH9,C
1.1E-05	266	4338	1.35	GO:0048583 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0048583	ECT2,GPR89A,S
1.1E-07	273	4206	1.43	GO:0006996 org	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006996	SMARCA5,USP3
1.3E-05	188	2847	1.46	GO:0035556 intr	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0035556	ECT2,GPR89A,S
1.4E-05	217	3403	1.41	GO:0051173 pos	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0051173	RNF14,BCLAF1,
1.6E-11	277	3952	1.55	GO:0036211 pro	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0036211	DBNDD1,CDKL3
1.6E-11	291	4206	1.53	GO:0043412 ma	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0043412	DBNDD1,CDKL3
1.9E-11	275	3932	1.54	GO:0006464 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0006464	DBNDD1,CDKL3
2.0E-06	182	2642	1.52	GO:0008104 pro	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0008104	USP36,CCT4,PI
2.1E-06	233	3602	1.43	GO:0010646 reg	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0010646	VPS18,ECT2,GF
3.0E-05	162	2402	1.49	GO:0044248 cell	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0044248	USP36,UBE3C,A
5.6E-07	212	3133	1.49	GO:0033036 ma	http://amigo.geneontology.org/amigo/term/GO:0033036	USP36,CCT4,PI

	6.3E-05	224	3617	1.37	GO:0031325 pos	http://amigo.gene	ABHD5,RNF14,B
	6.3E-05	268	4482	1.32	GO:0031326 reg	http://amigo.gene	ZNF195,ETV1,T
	6.5E-05	271	4545	1.32	GO:0009889 reg	http://amigo.gene	ZNF195,ETV1,T
	7.4E-06	204	3120	1.44	GO:0051641 cell	http://amigo.gene	VPS18,USP36,C
	7.8E-05	181	2805	1.42	GO:0009056 cat	http://amigo.gene	USP36,UBE3C,A
	8.8E-07	215	3210	1.48	GO:0009966 reg	http://amigo.gene	ECT2,GPR89A,S
	8.8E-07	236	3615	1.44	GO:0023051 reg	http://amigo.gene	VPS18,ECT2,GF
correlated (n = 1819)	3.1E-03	203	4823	1.32	GO:0006810 tran	http://amigo.gene	ITGB3,HTRA2,C
	4.6E-03	193	4617	1.31	GO:0048731 sys	http://amigo.gene	TNMD,ITGA2B,C
	4.6E-03	206	4987	1.30	GO:0051234 est	http://amigo.gene	ITGB3,HTRA2,C