Pathway	Gene ranks	NES	pval	padj
MITOCHONDRIAL_UNCOUPLING		1.62	$9.0 \cdot 10^{-4}$	9.4·10 <sup>-3</sup>
THE_FATTY_ACID_CYCLING_MODEL		1.62	9.0-10 <sup>-4</sup>	$9.4 \cdot 10^{-3}$
ERCC6_CSB_AND_EHMT2_G9A_POSITIVELY_REGULATE_RRNA_EXPRESSION	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-1.55	1.1·10 <sup>-6</sup>	3.3·10 <sup>-5</sup>
RESPONSE_OF_EIF2AK4_GCN2_TO_AMINO_ACID_DEFICIENCY	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-1.55	2.9·10 <sup>-9</sup>	1.9·10 <sup>-7</sup>
SRP_DEPENDENT_COTRANSLATIONAL_PROTEIN_TARGETING_TO_MEMBRANE		-1.55	2.6·10 <sup>-10</sup>	2.7·10 <sup>-8</sup>
CALNEXIN_CALRETICULIN_CYCLE		-1.55	1.6·10 <sup>-4</sup>	2.3·10 <sup>-3</sup>
ORY_PROCESSING_OF_SOUND_BY_OUTER_HAIR_CELLS_OF_THE_COCHLEA	e e e e e e e e e e e e e e e e e e e	-1.55	3.7·10 <sup>-4</sup>	$4.4 \cdot 10^{-3}$
BASE_EXCISION_REPAIR_AP_SITE_FORMATION		-1.55	$7.7 \cdot 10^{-6}$	1.8-10 <sup>-4</sup>
EUKARYOTIC_TRANSLATION_INITIATION		-1.56	7.6·10 <sup>-11</sup>	1.1·10 <sup>-8</sup>
D_UPTAKE_BY_INSULIN_LIKE_GROWTH_FACTOR_BINDING_PROTEINS_IGFBPS		-1.57	3.1·10 <sup>-8</sup>	1.5·10 <sup>-6</sup>
SELENOAMINO_ACID_METABOLISM		-1.57	9.9·10 <sup>-11</sup>	1.2·10 <sup>-8</sup>
COLLAGEN_BIOSYNTHESIS_AND_MODIFYING_ENZYMES	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-1.58	1.1·10 <sup>-5</sup>	2.4-10 <sup>-4</sup>
ASSEMBLY_OF_THE_ORC_COMPLEX_AT_THE_ORIGIN_OF_REPLICATION	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-1.58	9.7·10 <sup>-7</sup>	3.0·10 <sup>-5</sup>
SIRT1_NEGATIVELY_REGULATES_RRNA_EXPRESSION		-1.58	5.2·10 <sup>-7</sup>	1.8·10 <sup>-5</sup>
AMYLOID_FIBER_FORMATION	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-1.59	8.7·10 <sup>-9</sup>	4.9·10 <sup>-7</sup>
ON_OF_DNA_GLYCOSYLASE_WITH_SITE_CONTAINING_AN_AFFECTED_PURINE	e de la companya del companya de la companya de la companya del companya de la co	-1.59	4.6·10 <sup>-6</sup>	1.1-10 <sup>-4</sup>
PRC2_METHYLATES_HISTONES_AND_DNA		-1.59	2.6·10 <sup>-7</sup>	9.9·10 <sup>-6</sup>
EUKARYOTIC_TRANSLATION_ELONGATION	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-1.60	3.2·10 <sup>-10</sup>	3.2·10 <sup>-8</sup>
CHOLESTEROL_BIOSYNTHESIS	in the second of	-1.60	1.8-10 <sup>-4</sup>	2.5·10 <sup>-3</sup>
TION_OF_AR_ANDROGEN_RECEPTOR_REGULATED_GENES_KLK2_AND_KLK3	en e	-1.64	3.0·10 <sup>-7</sup>	1.1·10 <sup>-5</sup>
DNA_METHYLATION	e e e e e e e e e e e e e e e e e e e	-1.69	1.9·10 <sup>-8</sup>	9.8·10 <sup>-7</sup>
CONDENSATION_OF_PROPHASE_CHROMOSOMES	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-1.69	9.1·10 <sup>-10</sup>	7.2·10 <sup>-8</sup>
	0 2500 5000 7500 10000			