

	Biological process	GO accession	A	S	A/S
AO ~ SO	mitotic sister chromatid segregation	GO:0000070	0,05	0,09	0,56
level 4	meiotic spindle organization and biogenesis	GO:0000212	0,02	0,02	1,00
(n= 217)	sister chromatid segregation	GO:0000819	0,05	0,09	0,56
	regulation of action potential	GO:0001508	0,00	0,02	0,00
	response to hypoxia	GO:0001666	0,04	0,05	0,80
	blastocyst development	GO:0001824	0,04	0,07	0,57
	regulation of systemic arterial blood pressure by hormone	GO:0001990	0,11	0,14	0,79
	leukocyte mediated immunity	GO:0002443	0,02	0,02	1,00
	regulation of immune effector process	GO:0002697	0,04	0,14	0,29
	aldehyde metabolic process	GO:0006081	0,07	0,11	0,64
	electron transport	GO:0006118	3,82	6,14	0,62
	vitamin metabolic process	GO:0006766	0,14	0,21	0,67
	oxygen and reactive oxygen species metabolic process	GO:0006800	0,00	0,02	0,00
	smooth muscle contraction	GO:0006939	0,02	0,02	1,00
	humoral immune response	GO:0006959	0,11	0,14	0,79
	mitotic chromosome condensation	GO:0007076	0,02	0,05	0,40
	neurotransmitter secretion	GO:0007269	0,04	0,05	0,80
	spermatid development	GO:0007286	0,07	0,11	0,64
	eggshell chorion formation	GO:0007306	0,04	0,05	0,80
	neuroblast proliferation	GO:0007405	0,02	0,02	1,00
	sex determination	GO:0007530	0,09	0,14	0,64
	blood coagulation	GO:0007596	0,04	0,05	0,80
	hemostasis	GO:0007599	0,04	0,05	0,80
	regulation of heart contraction	GO:0008016	0,00	0,02	0,00
	axon ensheathment	GO:0008366	0,00	0,02	0,00
	response to virus	GO:0009615	0,02	0,02	1,00
	response to toxin	GO:0009636	0,00	0,05	0,00
	alkaloid metabolic process	GO:0009820	0,02	0,02	1,00
	carbon utilization by fixation of carbon dioxide	GO:0015977	0,05	0,09	0,56
	energy derivation by oxidation of organic compounds	GO:0015980	0,41	1,70	0,24
	macroautophagy	GO:0016236	0,02	0,05	0,40
	somatic diversification of immunoglobulins	GO:0016445	0,02	0,02	1,00
	viral genome replication	GO:0019079	0,02	0,02	1,00
	regulation of lipid metabolic process	GO:0019216	0,02	0,02	1,00
	telencephalon development	GO:0021537	0,02	0,02	1,00
	eggshell formation	GO:0030703	0,04	0,05	0,80
	oocyte fate determination	GO:0030716	0,02	0,02	1,00
	hindbrain development	GO:0030902	0,02	0,02	1,00
	reproductive behavior in a multicellular organism	GO:0033057	0,04	0,05	0,80
	regulation of membrane potential	GO:0042391	0,00	0,02	0,00
	response to drug	GO:0042493	0,07	0,09	0,78
	nitrogen compound biosynthetic process	GO:0044271	0,16	0,30	0,53
	innate immune response	GO:0045087	0,02	0,02	1,00
	homologous chromosome segregation	GO:0045143	0,02	0,02	1,00
	germ-line cyst encapsulation	GO:0048138	0,02	0,02	1,00
	vesicle docking	GO:0048278	0,04	0,05	0,80
	positive regulation of response to stimulus	GO:0048584	0,05	0,11	0,45
	regulation of immune response	GO:0050776	0,04	0,14	0,29
	negative regulation of multicellular organismal process	GO:0051241	0,04	0,05	0,80
	regulation of cell motility	GO:0051270	0,00	0,05	0,00
	establishment of chromosome localization	GO:0051303	0,00	0,02	0,00
	metaphase plate congression	GO:0051310	0,00	0,02	0,00

	meiotic metaphase plate congression	GO:0051311	0,00	0,02	0,00
	establishment of vesicle localization	GO:0051650	0,04	0,07	0,57
AO ~ SO	mitochondrial genome maintenance	GO:0000002	0,02	0,02	1,00
level 6	regulation of cyclin-dependent protein kinase activity	GO:0000079	0,04	0,09	0,44
(n= 220)	G2 phase of mitotic cell cycle	GO:0000085	0,02	0,05	0,40
	sulfur amino acid biosynthetic process	GO:0000097	0,04	0,07	0,57
	sulfate assimilation	GO:0000103	0,02	0,02	1,00
	achiasmate meiosis I	GO:0000705	0,00	0,02	0,00
	long-chain fatty acid metabolic process	GO:0001676	0,02	0,02	1,00
	in utero embryonic development	GO:0001701	0,05	0,07	0,71
	somitogenesis	GO:0001756	0,00	0,02	0,00
	myeloid leukocyte differentiation	GO:0002573	0,00	0,02	0,00
	disaccharide metabolic process	GO:0005984	0,02	0,05	0,40
	chitin metabolic process	GO:0006030	0,00	0,02	0,00
	tricarboxylic acid cycle	GO:0006099	0,09	0,14	0,64
	pyrimidine nucleoside metabolic process	GO:0006213	0,02	0,02	1,00
	DNA fragmentation during apoptosis	GO:0006309	0,04	0,05	0,80
	protein amino acid glycosylation	GO:0006486	0,05	0,16	0,31
	protein amino acid lipidation	GO:0006497	0,02	0,02	1,00
	cysteine metabolic process	GO:0006534	0,02	0,05	0,40
	tryptophan metabolic process	GO:0006568	0,05	0,11	0,45
	indolalkylamine metabolic process	GO:0006586	0,05	0,11	0,45
	triacylglycerol metabolic process	GO:0006641	0,04	0,07	0,57
	phospholipid metabolic process	GO:0006644	0,12	0,18	0,67
	porphyrin biosynthetic process	GO:0006779	0,05	0,07	0,71
	vesicle coating	GO:0006901	0,00	0,05	0,00
	phagocytosis	GO:0006909	0,25	0,34	0,74
	phagocytosis. engulfment	GO:0006911	0,25	0,34	0,74
	mitotic centrosome separation	GO:0007100	0,04	0,05	0,80
	Notch signaling pathway	GO:0007219	0,02	0,02	1,00
	oocyte dorsal/ventral axis determination	GO:0007310	0,04	0,07	0,57
	sensory perception of sound	GO:0007605	0,02	0,02	1,00
	Toll signaling pathway	GO:0008063	0,02	0,02	1,00
	amino acid biosynthetic process	GO:0008652	0,12	0,30	0,40
	phospholipid biosynthetic process	GO:0008654	0,05	0,09	0,56
	aerobic respiration	GO:0009060	0,34	1,68	0,20
	glutamine family amino acid metabolic process	GO:0009064	0,09	0,14	0,64
	aromatic amino acid family biosynthetic process	GO:0009073	0,02	0,05	0,40
	histidine family amino acid metabolic process	GO:0009075	0,00	0,02	0,00
	coenzyme catabolic process	GO:0009109	0,09	0,14	0,64
	ribonucleoside metabolic process	GO:0009119	0,05	0,07	0,71
	nucleoside monophosphate biosynthetic process	GO:0009124	0,05	0,11	0,45
	oligosaccharide biosynthetic process	GO:0009312	0,00	0,05	0,00
	response to gamma radiation	GO:0010332	0,00	0,05	0,00
	synaptic vesicle budding	GO:0016185	0,00	0,05	0,00
	benzoate metabolic process	GO:0018874	0,05	0,07	0,71
	hexose metabolic process	GO:0019318	0,21	0,28	0,75
	pyridine nucleotide metabolic process	GO:0019362	0,05	0,09	0,56
	T cell differentiation	GO:0030217	0,00	0,05	0,00
	chromosome condensation	GO:0030261	0,02	0,07	0,29
	apoptotic nuclear changes	GO:0030262	0,04	0,07	0,57
	regulation of protein stability	GO:0031647	0,02	0,09	0,22

tetrapyrrole biosynthetic process	GO:0033014	0,05	0,07	0,71
eye photoreceptor cell development	GO:0042462	0,02	0,02	1,00
organelle ATP synthesis coupled electron transport	GO:0042775	3,04	5,36	0,57
positive regulation of apoptosis	GO:0043065	0,11	0,18	0,61
biopolymer methylation	GO:0043414	0,09	0,14	0,64
regulation of kinase activity	GO:0043549	0,18	0,28	0,64
cellular protein complex assembly	GO:0043623	0,05	0,21	0,24
dicarboxylic acid metabolic process	GO:0043648	0,04	0,16	0,25
cellular carbohydrate catabolic process	GO:0044275	0,16	0,23	0,70
indolalkylamine biosynthetic process	GO:0046219	0,02	0,05	0,40
monosaccharide catabolic process	GO:0046365	0,11	0,23	0,48
acylglycerol biosynthetic process	GO:0046463	0,00	0,07	0,00
retinal cell programmed cell death	GO:0046666	0,02	0,02	1,00
regulation of compound eye retinal cell programmed cell death	GO:0046669	0,02	0,02	1,00
negative regulation of retinal cell programmed cell death	GO:0046671	0,02	0,02	1,00
lipid phosphorylation	GO:0046834	0,00	0,09	0,00
positive regulation of lipid biosynthetic process	GO:0046889	0,02	0,02	1,00
synaptic vesicle endocytosis	GO:0048488	0,02	0,05	0,40
positive regulation of transferase activity	GO:0051347	0,04	0,05	0,80
negative regulation of transferase activity	GO:0051348	0,00	0,02	0,00
oocyte nucleus localization during oocyte axis determination	GO:0051663	0,02	0,02	1,00
