

Table S7 Gene Ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) enrichment

Module	ID	Description	GeneRatio	BgRatio	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID
GO_BP_mf	GO:004821	mRNA stabil	4/122	36/17913	0.000102	0.001801	0.001466	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:004341	regulation of	7/122	158/17913	0.000104	0.001819	0.00148	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:190331	negative regulation of	5/122	69/17913	0.000107	0.001845	0.001501	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:004341	regulation of	7/122	163/17913	0.000127	0.002154	0.001753	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:190321	U2-type protein	2/122	3/17913	0.000137	0.002309	0.001879	SF3A1/SF3
GO_BP_mf	GO:000621	transcription	5/122	73/17913	0.00014	0.002324	0.001891	AQR/POLF
GO_BP_mf	GO:000031	regulation of	4/122	41/17913	0.000171	0.002765	0.00225	DDX5/HNR
GO_BP_mf	GO:004341	RNA stabilization	4/122	41/17913	0.000171	0.002765	0.00225	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:000631	mRNA splicing	4/122	42/17913	0.000188	0.003005	0.002445	SF3A1/SF3
GO_BP_mf	GO:190231	negative regulation of	4/122	43/17913	0.000206	0.003257	0.00265	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:006101	regulation of	7/122	178/17913	0.000218	0.003411	0.002775	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:003151	protein-coupled	8/122	238/17913	0.000226	0.0035	0.002848	CPSF4/RBI
GO_BP_mf	GO:004391	positive regulation of	7/122	180/17913	0.000233	0.00357	0.002905	LRSAM1/P
GO_BP_mf	GO:190231	negative regulation of	4/122	49/17913	0.000342	0.005178	0.004213	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:001901	viral life cycle	9/122	324/17913	0.000378	0.00565	0.004597	DDX5/LRS
GO_BP_mf	GO:000031	mRNA 3' UTR	2/122	5/17913	0.000454	0.006643	0.005405	SF3A1/SF3
GO_BP_mf	GO:003201	ISG15-protein	2/122	5/17913	0.000454	0.006643	0.005405	HERC5/UB
GO_BP_mf	GO:000621	nucleotide	5/122	102/17913	0.000664	0.009611	0.00782	AQR/POLF
GO_BP_mf	GO:004851	positive regulation of	5/122	103/17913	0.000694	0.009941	0.008089	PABPC1/P
GO_BP_mf	GO:005081	progesterone	2/122	8/17913	0.001254	0.01778	0.014466	NEDD4/UE
GO_BP_mf	GO:190331	positive regulation of	4/122	71/17913	0.0014	0.019637	0.015977	HNRNPD/I
GO_BP_mf	GO:004501	positive regulation of	3/122	35/17913	0.001721	0.023896	0.019443	PABPC1/P
GO_BP_mf	GO:004391	regulation of	9/122	408/17913	0.001914	0.026316	0.021411	DDX5/HER
GO_BP_mf	GO:200061	negative regulation of	2/122	10/17913	0.001998	0.027188	0.022121	NEDD4/NE
GO_BP_mf	GO:001901	virion assembly	3/122	38/17913	0.002185	0.029156	0.023723	LRSAM1/R
GO_BP_mf	GO:004271	DNA damage	3/122	38/17913	0.002185	0.029156	0.023723	RPS27A/RI
GO_BP_mf	GO:003111	anaphase	4/122	81/17913	0.002275	0.030057	0.024455	CDC16/CC
GO_BP_mf	GO:000001	ribosomal	2/122	11/17913	0.002431	0.031507	0.025635	RPL11/RPL
GO_BP_mf	GO:190231	negative regulation of	2/122	11/17913	0.002431	0.031507	0.025635	NEDD4/NE
GO_BP_mf	GO:005071	regulation of	6/122	204/17913	0.002744	0.035233	0.028667	DDX5/PAE
GO_BP_mf	GO:006101	positive regulation of	3/122	44/17913	0.00333	0.04236	0.034466	HNRNPD/I
GO_BP_mf	GO:001071	negative regulation of	2/122	13/17913	0.003417	0.042661	0.034711	NEDD4/NE
GO_BP_mf	GO:003041	maturational	2/122	13/17913	0.003417	0.042661	0.034711	RPS14/RP
GO_BP_mf	GO:000981	negative regulation of	7/122	288/17913	0.003592	0.044441	0.036159	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:000631	postreplicative	3/122	47/17913	0.004018	0.048741	0.039658	RPS27A/U
GO_BP_mf	GO:005141	regulation of	3/122	47/17913	0.004018	0.048741	0.039658	CDC20/FB
GO_BP_mf	GO:004501	regulation of	4/122	95/17913	0.004047	0.048741	0.039658	DDX5/PAE
GO_BP_mf	GO:007091	3' UTR-mid	2/122	15/17913	0.004559	0.054423	0.044281	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:004391	regulation of	6/122	232/17913	0.00514	0.060831	0.049495	DDX5/PAE
GO_BP_mf	GO:001701	response to	2/122	17/17913	0.005852	0.068662	0.055866	HNRNPA1
GO_BP_mf	GO:003131	negative regulation of	6/122	244/17913	0.006536	0.070758	0.057572	ELAVL1/HI
GO_BP_mf	GO:004221	error-prone	2/122	18/17913	0.006555	0.070758	0.057572	RPS27A/U
GO_BP_mf	GO:001901	transmission	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	NEDD4
GO_BP_mf	GO:003441	90S preribosome	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	RPL38
GO_BP_mf	GO:003501	sperm entry	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	UBE3A
GO_BP_mf	GO:004401	dissemination	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	NEDD4
GO_BP_mf	GO:005181	dissemination	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	NEDD4
GO_BP_mf	GO:006141	response to	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	RPS3
GO_BP_mf	GO:009951	regulation of	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	RPL22
GO_BP_mf	GO:014021	regulation of	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	RPL22
GO_BP_mf	GO:190251	positive regulation of	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	RPS3
GO_BP_mf	GO:190451	positive regulation of	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	RPL30
GO_BP_mf	GO:190451	response to	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	HNRNPD
GO_BP_mf	GO:190451	cellular response	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	HNRNPD
GO_BP_mf	GO:199081	hepatocyte	1/122	1/17913	0.006811	0.070758	0.057572	HNRNPD
GO_BP_mf	GO:007091	error-free	2/122	19/17913	0.007293	0.074632	0.060724	RPS27A/U

GO_BP_mfGO:19020f response t 2/122	19/17913	0.007293	0.074632	0.060724	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:19039f positive re 3/122	59/17913	0.007593	0.077117	0.062746	PABPC1/P
GO_BP_mfGO:00170f regulation 4/122	115/17913	0.007923	0.079871	0.064987	RPS27A/SI
GO_BP_mfGO:00322f negative r 2/122	20/17913	0.008068	0.080736	0.06569	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:19038f regulation 4/122	117/17913	0.008409	0.083533	0.067966	RPS27A/SI
GO_BP_mfGO:20012f positive re 3/122	62/17913	0.008704	0.085841	0.069844	FBXW7/RP
GO_BP_mfGO:19017f positive re 2/122	21/17913	0.008877	0.086922	0.070724	DDX5/RPL
GO_BP_mfGO:00190f viral genor 4/122	120/17913	0.009173	0.088547	0.072046	DDX5/PAE
GO_BP_mfGO:00341f erythrocyt 4/122	120/17913	0.009173	0.088547	0.072046	RPS14/RP
GO_BP_mfGO:00007f nucleotide 2/122	22/17913	0.009722	0.091886	0.074763	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00007f nucleotide 2/122	22/17913	0.009722	0.091886	0.074763	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:19046f regulation 2/122	22/17913	0.009722	0.091886	0.074763	CDC20/RP
GO_BP_mfGO:00065f protein mc 3/122	65/17913	0.009906	0.092977	0.07565	CUL1/NED
GO_BP_mfGO:00718f DNA biosy 5/122	192/17913	0.010147	0.094593	0.076965	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:00062f nucleotide 2/122	23/17913	0.010601	0.098148	0.079857	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00421f regulation 7/122	354/17913	0.010716	0.098547	0.080182	FBXW7/NE
GO_BP_mfGO:00305f intracellul 6/122	272/17913	0.010839	0.099008	0.080557	DDX5/NEE
GO_BP_mfGO:00313f regulation 5/122	196/17913	0.011024	0.100026	0.081385	CDC20/FB
GO_BP_mfGO:00311f SCF-depe 3/122	69/17913	0.011651	0.104325	0.084884	CCNF/CUL
GO_BP_mfGO:00518f protein au 3/122	69/17913	0.011651	0.104325	0.084884	LRSAM1/L
GO_BP_mfGO:00971f intrinsic a 6/122	277/17913	0.011779	0.104777	0.085251	CUL1/DDX
GO_BP_mfGO:00018f liver devel 4/122	130/17913	0.012047	0.106465	0.086624	FBXW7/HI
GO_BP_mfGO:00002f spliceoson 2/122	25/17913	0.012459	0.106798	0.086896	PRPF3/PRF
GO_BP_mfGO:00610f hepaticobi 4/122	133/17913	0.013009	0.106798	0.086896	FBXW7/HI
GO_BP_mfGO:00709f global ger 2/122	26/17913	0.013438	0.106798	0.086896	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00107f negative r 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	NEDD4
GO_BP_mfGO:00441f developm 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	NEDD4
GO_BP_mfGO:00467f modificati 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	CPSF4
GO_BP_mfGO:00602f positive re 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPS19
GO_BP_mfGO:00705f positive re 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	SNW1
GO_BP_mfGO:19013f response t 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	HNRNPD
GO_BP_mfGO:19025f regulation 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPS3
GO_BP_mfGO:19033f positive re 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	FBXW7
GO_BP_mfGO:19045f regulation 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPL30
GO_BP_mfGO:19050f regulation 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPS3
GO_BP_mfGO:19050f positive re 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPS3
GO_BP_mfGO:19056f positive re 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	HNRNPD
GO_BP_mfGO:19901f mainten 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPS23
GO_BP_mfGO:20004f negative r 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPL11
GO_BP_mfGO:20006f negative r 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	FBXW7
GO_BP_mfGO:20012f positive re 1/122	2/17913	0.013575	0.106798	0.086896	RPS3
GO_BP_mfGO:00448f cell cycle C 6/122	288/17913	0.014046	0.109864	0.08939	CDC34/CL
GO_BP_mfGO:19043f negative r 2/122	27/17913	0.014449	0.112373	0.091432	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:00723f intrinsic a 3/122	75/17913	0.014582	0.112761	0.091747	DDX5/RPL
GO_BP_mfGO:00514f positive re 2/122	28/17913	0.015492	0.118453	0.096379	CDC20/FB
GO_BP_mfGO:00611f mRNA des 2/122	28/17913	0.015492	0.118453	0.096379	HNRNPD/I
GO_BP_mfGO:00510f negative r 4/122	141/17913	0.015811	0.120216	0.097813	FBXW7/HI
GO_BP_mfGO:00305f negative r 3/122	78/17913	0.016189	0.12241	0.099598	RPS27A/SI
GO_BP_mfGO:00062f nucleotide 2/122	29/17913	0.016566	0.123883	0.100797	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00356f TRIF-depe 2/122	29/17913	0.016566	0.123883	0.100797	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00322f regulation 3/122	79/17913	0.016747	0.124547	0.101337	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:19038f negative r 3/122	80/17913	0.017314	0.127593	0.103815	RPS27A/SI
GO_BP_mfGO:00022f myeloid c 4/122	145/17913	0.017344	0.127593	0.103815	RPS14/RP
GO_BP_mfGO:00507f RNA desta 2/122	30/17913	0.017671	0.129306	0.105209	HNRNPD/I
GO_BP_mfGO:19039f regulation 4/122	147/17913	0.018144	0.132051	0.107442	DDX5/PAE
GO_BP_mfGO:19033f regulation 5/122	223/17913	0.018324	0.132651	0.107931	CDC20/FB
GO_BP_mfGO:00331f positive re 2/122	31/17913	0.018807	0.135431	0.110192	SNW1/SR
GO_BP_mfGO:00466f response t 2/122	32/17913	0.019973	0.138103	0.112367	HNRNPA1

GO_BP_mfGO:00974f liver regen 2/122	32/17913	0.019973	0.138103	0.112367	RPL30/SRS
GO_BP_mfGO:00021f cap-deper 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	EIF3D
GO_BP_mfGO:00107f regulation 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	NEDD4
GO_BP_mfGO:00396f modulatio 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	CPSF4
GO_BP_mfGO:00721f distal tubu 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	KLHL3
GO_BP_mfGO:19043f response t 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	HNRNPD
GO_BP_mfGO:19056f regulation 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	HNRNPD
GO_BP_mfGO:20004f regulation 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	RPL11
GO_BP_mfGO:20006f regulation 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	FBXW7
GO_BP_mfGO:20012f positive re 1/122	3/17913	0.020294	0.138103	0.112367	NEDD4L
GO_BP_mfGO:00027f MyD88-inr 2/122	33/17913	0.021168	0.14333	0.116619	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00902f negative r 4/122	156/17913	0.022026	0.148403	0.120747	NEDD4/RF
GO_BP_mfGO:00004f protein pe 2/122	35/17913	0.023645	0.156216	0.127104	PPIE/PPIH
GO_BP_mfGO:00063f mRNA pol 2/122	35/17913	0.023645	0.156216	0.127104	PABPC1/SI
GO_BP_mfGO:00452f mRNA cis 2/122	35/17913	0.023645	0.156216	0.127104	SRSF1/WB
GO_BP_mfGO:00704f nucleotide 2/122	35/17913	0.023645	0.156216	0.127104	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00358f modificatic 4/122	160/17913	0.023902	0.157154	0.127868	CPSF4/RPL
GO_BP_mfGO:00027f MyD88-d 2/122	36/17913	0.024926	0.161542	0.131438	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00322f negative r 2/122	36/17913	0.024926	0.161542	0.131438	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:00358f nucleotide 2/122	36/17913	0.024926	0.161542	0.131438	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00062f nucleotide 2/122	37/17913	0.026234	0.166079	0.135129	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00436f RNA polya 2/122	37/17913	0.026234	0.166079	0.135129	PABPC1/SI
GO_BP_mfGO:00000f ribosomal 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	RPS15
GO_BP_mfGO:00217f amygdala 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	UBA6
GO_BP_mfGO:00320f positive re 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	RPS3
GO_BP_mfGO:00702f renal sodiu 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	KLHL3
GO_BP_mfGO:00902f positive re 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	CDC34
GO_BP_mfGO:00971f circadian r 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	HNRNPD
GO_BP_mfGO:20003f negative r 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	FBXW7
GO_BP_mfGO:20006f regulation 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	PABPC1
GO_BP_mfGO:20006f negative r 1/122	4/17913	0.026968	0.166079	0.135129	PABPC1
GO_BP_mfGO:20002f negative r 2/122	38/17913	0.027571	0.169025	0.137526	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:00336f nucleotide 2/122	39/17913	0.028933	0.176585	0.143677	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00199f translesior 2/122	40/17913	0.030323	0.184239	0.149905	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00704f interleukin 3/122	101/17913	0.031711	0.187397	0.152474	CUL1/RPS:
GO_BP_mfGO:00504f positive re 2/122	41/17913	0.031738	0.187397	0.152474	POLR2B/SI
GO_BP_mfGO:20006f regulation 2/122	41/17913	0.031738	0.187397	0.152474	NEDD4/NF
GO_BP_mfGO:00165f protein de 5/122	260/17913	0.032677	0.187397	0.152474	CDC20/EIF
GO_BP_mfGO:00003f re-entry in 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	CCNF
GO_BP_mfGO:00023f T cell proli 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPS6
GO_BP_mfGO:00102f SCF compl 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	CUL1
GO_BP_mfGO:00108f negative r 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	FBXW7
GO_BP_mfGO:00305f ubiquitin-(1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	SMURF2
GO_BP_mfGO:00320f positive re 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPS3
GO_BP_mfGO:00459f positive re 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPL30
GO_BP_mfGO:00602f negative r 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPS19
GO_BP_mfGO:00700f ubiquitin-(1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	LRSAM1
GO_BP_mfGO:00995f regulation 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPL22
GO_BP_mfGO:01402f regulation 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPL22
GO_BP_mfGO:19022f positive re 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPL11
GO_BP_mfGO:19032f positive re 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	FBXW7
GO_BP_mfGO:19039f cellular res 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:20012f negative r 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	FBXW7
GO_BP_mfGO:20012f regulation 1/122	5/17913	0.033596	0.187397	0.152474	RPS3
GO_BP_mfGO:00510f positive re 4/122	181/17913	0.035318	0.196195	0.159632	EIF3C/EIF3
GO_BP_mfGO:00432f response t 3/122	106/17913	0.035833	0.197442	0.160647	DHX15/EF
GO_BP_mfGO:20002f regulation 3/122	106/17913	0.035833	0.197442	0.160647	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:00351f productior 2/122	44/17913	0.036137	0.198135	0.161211	DDX5/SRR

GO_BP_mfGO:00436f post-trans 6/122	360/17913	0.036701	0.198135	0.161211	CCNF/CUL
GO_BP_mfGO:00000f G1/S trans 5/122	269/17913	0.036993	0.198135	0.161211	CDC34/CL
GO_BP_mfGO:00071f transformi 4/122	184/17913	0.037167	0.198135	0.161211	RPS27A/SI
GO_BP_mfGO:00182f peptidyl-p 2/122	45/17913	0.037653	0.198135	0.161211	PPIE/PPIH
GO_BP_mfGO:00085f fibroblast 3/122	109/17913	0.038431	0.198135	0.161211	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:00436f regulation 3/122	109/17913	0.038431	0.198135	0.161211	NEDD4/RF
GO_BP_mfGO:00706f protein m 5/122	273/17913	0.039019	0.198135	0.161211	CDC20/EIF
GO_BP_mfGO:00619f selective a 2/122	46/17913	0.039193	0.198135	0.161211	KLHL3/LRS
GO_BP_mfGO:00705f protein K6 2/122	46/17913	0.039193	0.198135	0.161211	NEDD4/UF
GO_BP_mfGO:00313f positive re 3/122	110/17913	0.039319	0.198135	0.161211	CDC20/FB
GO_BP_mfGO:00000f ribosomal 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	RPS15
GO_BP_mfGO:00015f selenocyst 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	RPL30
GO_BP_mfGO:00030f renal sodiu 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	KLHL3
GO_BP_mfGO:00064f translation 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	RPL30
GO_BP_mfGO:00321f positive re 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	SNW1
GO_BP_mfGO:00321f positive re 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	SNW1
GO_BP_mfGO:00328f negative r 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	FBXW7
GO_BP_mfGO:00337f ribosome l 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	RPS15
GO_BP_mfGO:00602f regulation 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	RPS19
GO_BP_mfGO:00602f negative r 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	RPS19
GO_BP_mfGO:00705f regulation 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	SNW1
GO_BP_mfGO:19011f positive re 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	SMURF2
GO_BP_mfGO:19021f positive re 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	FBXW7
GO_BP_mfGO:19030f negative r 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	FBXW7
GO_BP_mfGO:19039f response t 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:19044f regulation 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	LRSAM1
GO_BP_mfGO:19044f positive re 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	LRSAM1
GO_BP_mfGO:20012f regulation 1/122	6/17913	0.04018	0.198135	0.161211	NEDD4L
GO_BP_mfGO:00902f regulation 5/122	276/17913	0.040583	0.199397	0.162238	NEDD4/RF
GO_BP_mfGO:00302f erythrocyt 3/122	112/17913	0.041124	0.20133	0.163811	RPS14/RP
GO_BP_mfGO:00609f regulation 3/122	113/17913	0.042042	0.204355	0.166272	DDX5/ELA
GO_BP_mfGO:00310f dsRNA prc 2/122	48/17913	0.042342	0.204355	0.166272	DDX5/SRR
GO_BP_mfGO:00422f response t 2/122	48/17913	0.042342	0.204355	0.166272	EFTUD2/U
GO_BP_mfGO:00709f productior 2/122	48/17913	0.042342	0.204355	0.166272	DDX5/SRR
GO_BP_mfGO:00427f regulation 3/122	114/17913	0.042971	0.206655	0.168143	FBXW7/HI
GO_BP_mfGO:00436f regulation 3/122	115/17913	0.04391	0.209852	0.170745	NEDD4/RF
GO_BP_mfGO:00003f spliceoson 2/122	50/17913	0.045584	0.209852	0.170745	PRPF3/PRF
GO_BP_mfGO:00007f DNA syntf 2/122	50/17913	0.045584	0.209852	0.170745	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00070f sister chro 2/122	50/17913	0.045584	0.209852	0.170745	CDC20/FB
GO_BP_mfGO:00362f interstranc 2/122	50/17913	0.045584	0.209852	0.170745	RPS27A/U
GO_BP_mfGO:00601f regulation 3/122	117/17913	0.045818	0.209852	0.170745	DDX5/ELA
GO_BP_mfGO:00609f regulation 3/122	117/17913	0.045818	0.209852	0.170745	DDX5/ELA
GO_BP_mfGO:00171f negative r 4/122	198/17913	0.046521	0.209852	0.170745	EIF3E/HNF
GO_BP_mfGO:19030f regulation 4/122	198/17913	0.046521	0.209852	0.170745	FBXW7/RP
GO_BP_mfGO:00485f rhythmic p 5/122	287/17913	0.046638	0.209852	0.170745	DDX5/FBX
GO_BP_mfGO:00004f maturator 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPS19
GO_BP_mfGO:00025f respiratory 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPS19
GO_BP_mfGO:00069f activation- 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPS6
GO_BP_mfGO:00070f nucleolus 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPS19
GO_BP_mfGO:00226f mammalia 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPS6
GO_BP_mfGO:00483f axial meso 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPL38
GO_BP_mfGO:00610f negative r 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	UBE3A
GO_BP_mfGO:00714f rRNA-con 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPS15
GO_BP_mfGO:19020f cellular res 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:19022f positive re 1/122	7/17913	0.046719	0.209852	0.170745	RPS3
GO_BP_mfGO:00322f positive re 2/122	51/17913	0.047238	0.21079	0.171508	HNRNPA1
GO_BP_mfGO:19023f regulation 2/122	51/17913	0.047238	0.21079	0.171508	NEDD4/NF
GO_BP_mfGO:00076f circadian r 4/122	201/17913	0.048681	0.216142	0.175862	FBXW7/HI

GO_BP_mfGO:00075fembryo im	2/122	52/17913	0.048914	0.216142	0.175862	RPL29/SM
GO_BP_mfGO:19017fnegative re	2/122	52/17913	0.048914	0.216142	0.175862	RPL11/UBI
GO_BP_mfGO:00901fnegative re	3/122	121/17913	0.049756	0.219151	0.178311	RPS27A/SI
GO_BP_mfGO:00322fregulation	2月21日	13/17913	0.000101	0.000333	0.000127	NUP153/T
GO_BP_mfGO:00198fantigen pr	4月21日	220/17913	0.000112	0.000368	0.00014	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00902fregulation	2月21日	14/17913	0.000118	0.00038	0.000145	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00902fregulation	2月21日	14/17913	0.000118	0.00038	0.000145	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:19035fregulation	2月21日	14/17913	0.000118	0.00038	0.000145	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00508fantigen re	4月21日	224/17913	0.000121	0.000386	0.000147	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00488fstem cell c	4月21日	237/17913	0.00015	0.000477	0.000182	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00380fFc recepto	4月21日	241/17913	0.00016	0.000504	0.000192	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00421fcellular ket	4月21日	241/17913	0.00016	0.000504	0.000192	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:20000fregulation	4月21日	250/17913	0.000184	0.000577	0.00022	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00608fregulation	4月21日	264/17913	0.000227	0.000707	0.00027	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00713fcellular res	4月21日	266/17913	0.000233	0.000724	0.000276	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00468fnegative re	2月21日	20/17913	0.000246	0.000759	0.000289	NUP153/T
GO_BP_mfGO:00346fresponse t	4月21日	284/17913	0.000299	0.00092	0.000351	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00002fprotein po	4月21日	288/17913	0.000316	0.000965	0.000368	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00027finnate inm	4月21日	298/17913	0.000359	0.001094	0.000417	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00511fimport intc	3月21日	125/17913	0.000402	0.001213	0.000463	NUP153/N
GO_BP_mfGO:20012fnegative re	3月21日	125/17913	0.000402	0.001213	0.000463	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00600fcanonical '	4月21日	311/17913	0.000422	0.001267	0.000483	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00022factivation	4月21日	319/17913	0.000465	0.001388	0.000529	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00070fmitotic spi	2月21日	30/17913	0.000558	0.001628	0.000621	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00071ffemale me	2月21日	30/17913	0.000558	0.001628	0.000621	AURKA/TC
GO_BP_mfGO:00315fspindle ch	2月21日	30/17913	0.000558	0.001628	0.000621	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00711fspindle ass	2月21日	30/17913	0.000558	0.001628	0.000621	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00711fmitotic spi	2月21日	30/17913	0.000558	0.001628	0.000621	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00301fregulation	4月21日	341/17913	0.000598	0.001734	0.000661	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00458fnegative re	2月21日	32/17913	0.000636	0.001826	0.000696	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:20008fnegative re	2月21日	32/17913	0.000636	0.001826	0.000696	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00065fcellular arr	4月21日	347/17913	0.000638	0.001826	0.000696	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00070fmitotic cel	3月21日	147/17913	0.000646	0.001841	0.000702	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:19021fnegative re	2月21日	33/17913	0.000676	0.001909	0.000728	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:19058fnegative re	2月21日	33/17913	0.000676	0.001909	0.000728	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00070fregulation	3月21日	150/17913	0.000685	0.001925	0.000734	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00002fnuclear div	4月21日	357/17913	0.00071	0.001986	0.000757	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00436fpost-trans	4月21日	360/17913	0.000732	0.00204	0.000778	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00330fnegative re	2月21日	35/17913	0.000761	0.002109	0.000805	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00450fpositive re	4月21日	373/17913	0.000836	0.002308	0.00088	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00330fnegative re	2月21日	37/17913	0.00085	0.002337	0.000891	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00165fhistone ph	2月21日	38/17913	0.000897	0.002443	0.000932	AURKA/CC
GO_BP_mfGO:00519fnegative re	2月21日	38/17913	0.000897	0.002443	0.000932	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00517fregulation	3月21日	172/17913	0.001019	0.002763	0.001054	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00482forganelle f	4月21日	395/17913	0.001035	0.002795	0.001066	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00024fimmune re	4月21日	399/17913	0.001074	0.002889	0.001102	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00323fregulation	4月21日	400/17913	0.001085	0.002903	0.001107	NUP153/N
GO_BP_mfGO:00319fmRNA exp	1月21日	1/17913	0.001172	0.003111	0.001187	TPR
GO_BP_mfGO:00482fnegative re	1月21日	1/17913	0.001172	0.003111	0.001187	THOC1
GO_BP_mfGO:00300fregulation	2月21日	44/17913	0.001202	0.003177	0.001212	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00458fnegative re	2月21日	45/17913	0.001257	0.003308	0.001262	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:19020fregulation	2月21日	46/17913	0.001313	0.003441	0.001312	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00070fmetaphase	2月21日	47/17913	0.001371	0.003562	0.001358	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00109fregulation	2月21日	47/17913	0.001371	0.003562	0.001358	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00027fimmune re	4月21日	434/17913	0.001466	0.003794	0.001447	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00447fmetaphase	2月21日	49/17913	0.001489	0.003821	0.001457	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00513fmitotic sist	2月21日	49/17913	0.001489	0.003821	0.001457	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00450fregulation	4月21日	440/17913	0.001542	0.003941	0.001503	PSMA5/PS

GO_BP_mfGO:00517fnegative re	2月21日	52/17913	0.001675	0.004247	0.00162	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:19058fregulation	2月21日	52/17913	0.001675	0.004247	0.00162	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00517finteraction	3月21日	211/17913	0.001832	0.004625	0.001764	NUP153/T
GO_BP_mfGO:00423fregulation	2月21日	55/17913	0.001872	0.004708	0.001795	NUP54/TP
GO_BP_mfGO:19037fregulation	4月21日	468/17913	0.001934	0.004842	0.001847	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00330fregulation	2月21日	57/17913	0.00201	0.005012	0.001911	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:19045fregulation	2月21日	58/17913	0.00208	0.005166	0.00197	NUP54/TP
GO_BP_mfGO:00070fspindle as	1月21日	2/17913	0.002343	0.005707	0.002176	AURKA
GO_BP_mfGO:00314fregulation	1月21日	2/17913	0.002343	0.005707	0.002176	TPR
GO_BP_mfGO:00314fpositive re	1月21日	2/17913	0.002343	0.005707	0.002176	TPR
GO_BP_mfGO:00458fpositive re	1月21日	2/17913	0.002343	0.005707	0.002176	TOP2A
GO_BP_mfGO:19001fpositive re	1月21日	2/17913	0.002343	0.005707	0.002176	AURKA
GO_BP_mfGO:00160fWnt signal	4月21日	498/17913	0.002425	0.005882	0.002243	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:01987fcell-cell si	4月21日	500/17913	0.00246	0.005945	0.002267	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:01400fmitotic nu	3月21日	237/17913	0.00255	0.006138	0.002341	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00323fnegative re	2月21日	65/17913	0.002604	0.006244	0.002381	NUP153/T
GO_BP_mfGO:00513fchromosol	2月21日	68/17913	0.002846	0.006798	0.002593	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00330fregulation	2月21日	70/17913	0.003013	0.007169	0.002734	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00311fanimal org	2月21日	75/17913	0.00345	0.00808	0.003082	AURKA/CC
GO_BP_mfGO:00064fRNA impo	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	TPR
GO_BP_mfGO:00070fspindle as	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	AURKA
GO_BP_mfGO:00457fpositive re	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	TPR
GO_BP_mfGO:00602fpositive re	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	AURKA
GO_BP_mfGO:00713fcellular res	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	CCNA2
GO_BP_mfGO:00713fcellular res	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	CCNA2
GO_BP_mfGO:19054fnegative re	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	TOP2A
GO_BP_mfGO:19058fpositive re	1月21日	3/17913	0.003513	0.00808	0.003082	AURKA
GO_BP_mfGO:00070fchromosol	3月21日	275/17913	0.003879	0.008888	0.00339	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00108fregulation	1月21日	4/17913	0.004681	0.010533	0.004017	TPR
GO_BP_mfGO:00346fresponse t	1月21日	4/17913	0.004681	0.010533	0.004017	CCNA2
GO_BP_mfGO:00458fnegative re	1月21日	4/17913	0.004681	0.010533	0.004017	THOC1
GO_BP_mfGO:00757fviral penet	1月21日	4/17913	0.004681	0.010533	0.004017	NUP153
GO_BP_mfGO:19025fmulti-orga	1月21日	4/17913	0.004681	0.010533	0.004017	NUP153
GO_BP_mfGO:00311fmRNA 3'-e	2月21日	89/17913	0.004821	0.010807	0.004122	THOC1/TF
GO_BP_mfGO:00512fspindle as	2月21日	90/17913	0.004927	0.011005	0.004197	AURKA/TP
GO_BP_mfGO:00519fregulation	2月21日	93/17913	0.005251	0.011689	0.004458	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00330fregulation	3月21日	311/17913	0.005467	0.012125	0.004624	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00302fapoptotic	1月21日	5/17913	0.005849	0.012834	0.004895	TOP2A
GO_BP_mfGO:19054fregulation	1月21日	5/17913	0.005849	0.012834	0.004895	TOP2A
GO_BP_mfGO:20000fnegative re	1月21日	5/17913	0.005849	0.012834	0.004895	THOC1
GO_BP_mfGO:00066fprotein im	2月21日	103/17913	0.006403	0.014001	0.00534	NUP54/TP
GO_BP_mfGO:00311fRNA 3'-en	2月21日	107/17913	0.006893	0.01502	0.005728	THOC1/TF
GO_BP_mfGO:00482fregulation	1月21日	6/17913	0.007014	0.015125	0.005768	THOC1
GO_BP_mfGO:00903fspindle as	1月21日	6/17913	0.007014	0.015125	0.005768	AURKA
GO_BP_mfGO:19019fnegative re	1月21日	6/17913	0.007014	0.015125	0.005768	THOC1
GO_BP_mfGO:00106fnegative re	3月21日	352/17913	0.007695	0.016534	0.006306	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00062fDNA topol	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	TOP2A
GO_BP_mfGO:00071ffemale me	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	AURKA
GO_BP_mfGO:00400fembryonic	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	TOP2A
GO_BP_mfGO:00482fisotype sw	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	THOC1
GO_BP_mfGO:00902fpositive re	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	TPR
GO_BP_mfGO:00902fpositive re	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	TPR
GO_BP_mfGO:19001fregulation	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	AURKA
GO_BP_mfGO:19025fmulti-orga	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	NUP153
GO_BP_mfGO:19025fmulti-orga	1月21日	7/17913	0.008179	0.017011	0.006488	NUP153
GO_BP_mfGO:19001fregulation	2月21日	117/17913	0.008191	0.017011	0.006488	NUP54/TP
GO_BP_mfGO:00457fpositive re	3月21日	373/17913	0.009017	0.018665	0.007118	AURKA/TF
GO_BP_mfGO:00169fpoly(A)+ n	1月21日	8/17913	0.009342	0.01921	0.007326	THOC2

GO_BP_mfGO:19034fpositive re	1月21日	8/17913	0.009342	0.01921	0.007326	AURKA
GO_BP_mfGO:00000fmitotic sist	2月21日	132/17913	0.010326	0.021042	0.008025	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00072ffemale gar	2月21日	132/17913	0.010326	0.021042	0.008025	AURKA/TC
GO_BP_mfGO:00000fDNA dam	2月21日	133/17913	0.010476	0.021042	0.008025	AURKA/TF
GO_BP_mfGO:00016fregulation	1月21日	9/17913	0.010504	0.021042	0.008025	TPR
GO_BP_mfGO:00602fregulation	1月21日	9/17913	0.010504	0.021042	0.008025	AURKA
GO_BP_mfGO:19019fpositive re	1月21日	9/17913	0.010504	0.021042	0.008025	TPR
GO_BP_mfGO:19058fregulation	1月21日	9/17913	0.010504	0.021042	0.008025	AURKA
GO_BP_mfGO:19903fcellular res	1月21日	9/17913	0.010504	0.021042	0.008025	CCNA2
GO_BP_mfGO:00170fprotein im	2月21日	140/17913	0.011556	0.023074	0.0088	NUP54/TP
GO_BP_mfGO:00027fnegative r	1月21日	10/17913	0.011665	0.023143	0.008826	THOC1
GO_BP_mfGO:00028fnegative r	1月21日	10/17913	0.011665	0.023143	0.008826	THOC1
GO_BP_mfGO:00315fDNA integ	2月21日	141/17913	0.011714	0.023166	0.008835	AURKA/TF
GO_BP_mfGO:01400fmeiotic nu	2月21日	142/17913	0.011873	0.023406	0.008927	AURKA/TC
GO_BP_mfGO:00070fspindle or	2月21日	147/17913	0.012682	0.024732	0.009432	AURKA/TP
GO_BP_mfGO:00026fnegative r	1月21日	11/17913	0.012824	0.024732	0.009432	THOC1
GO_BP_mfGO:00071fmitotic cer	1月21日	11/17913	0.012824	0.024732	0.009432	AURKA
GO_BP_mfGO:00315fheterochrc	1月21日	11/17913	0.012824	0.024732	0.009432	TPR
GO_BP_mfGO:00354fhistone-se	1月21日	11/17913	0.012824	0.024732	0.009432	AURKA
GO_BP_mfGO:00354fcellular res	1月21日	11/17913	0.012824	0.024732	0.009432	TPR
GO_BP_mfGO:00432fproteasom	1月21日	11/17913	0.012824	0.024732	0.009432	PSMD11
GO_BP_mfGO:19030fmeiotic ce	2月21日	151/17913	0.013346	0.025659	0.009786	AURKA/TC
GO_BP_mfGO:00459fpositive re	2月21日	154/17913	0.013854	0.026553	0.010127	AURKA/TP
GO_BP_mfGO:00002fmeiotic sp	1月21日	12/17913	0.013982	0.026553	0.010127	AURKA
GO_BP_mfGO:00512fcentrosom	1月21日	12/17913	0.013982	0.026553	0.010127	AURKA
GO_BP_mfGO:00603fpositive re	1月21日	12/17913	0.013982	0.026553	0.010127	NUP93
GO_BP_mfGO:00008fsister chro	2月21日	157/17913	0.014371	0.027208	0.010377	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00702fprotein he	1月21日	13/17913	0.015139	0.028575	0.010898	NUP54
GO_BP_mfGO:00705fregulation	2月21日	170/17913	0.016704	0.031435	0.011989	AURKA/TP
GO_BP_mfGO:00450fregulation	1月21日	15/17913	0.017448	0.032735	0.012485	TOP2A
GO_BP_mfGO:00433fneutrophil	3月21日	485/17913	0.018257	0.034149	0.013024	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00022fneutrophil	3月21日	488/17913	0.018556	0.03428	0.013074	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00396fsingle stra	1月21日	16/17913	0.018601	0.03428	0.013074	TOP2A
GO_BP_mfGO:00717fcellular res	1月21日	16/17913	0.018601	0.03428	0.013074	CCNA2
GO_BP_mfGO:20000fregulation	1月21日	16/17913	0.018601	0.03428	0.013074	THOC1
GO_BP_mfGO:00439fpositive re	2月21日	180/17913	0.018603	0.03428	0.013074	AURKA/TC
GO_BP_mfGO:00024fneutrophil	3月21日	499/17913	0.019679	0.03605	0.013749	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00421fneutrophil	3月21日	499/17913	0.019679	0.03605	0.013749	PSMA5/PS
GO_BP_mfGO:00062fDNA ligati	1月21日	17/17913	0.019753	0.036078	0.01376	TOP2A
GO_BP_mfGO:00443fcellular res	1月21日	18/17913	0.020903	0.037734	0.014391	CCNA2
GO_BP_mfGO:00459fnegative r	1月21日	18/17913	0.020903	0.037734	0.014391	TPR
GO_BP_mfGO:00708fheterochrc	1月21日	18/17913	0.020903	0.037734	0.014391	TPR
GO_BP_mfGO:00713fcellular res	1月21日	18/17913	0.020903	0.037734	0.014391	CCNA2
GO_BP_mfGO:00063fDNA pack	2月21日	194/17913	0.021407	0.038421	0.014653	TOP2A/TP
GO_BP_mfGO:00310fregenerati	2月21日	194/17913	0.021407	0.038421	0.014653	AURKA/CC
GO_BP_mfGO:00717fresponse t	1月21日	19/17913	0.022052	0.039351	0.015008	CCNA2
GO_BP_mfGO:19021fcellular res	1月21日	19/17913	0.022052	0.039351	0.015008	CCNA2
GO_BP_mfGO:00328fregulation	2月21日	199/17913	0.022448	0.039944	0.015234	AURKA/TP
GO_BP_mfGO:19016fregulation	1月21日	20/17913	0.0232	0.041163	0.015699	TPR
GO_BP_mfGO:00513fmeiotic ce	2月21日	203/17913	0.023297	0.041218	0.01572	AURKA/TC
GO_BP_mfGO:00354fresponse t	1月21日	21/17913	0.024346	0.042709	0.016289	TPR
GO_BP_mfGO:00361fcellular res	1月21日	21/17913	0.024346	0.042709	0.016289	CCNA2
GO_BP_mfGO:00468fpositive re	1月21日	21/17913	0.024346	0.042709	0.016289	TPR
GO_BP_mfGO:00327fpositive re	1月21日	22/17913	0.025491	0.044095	0.016817	THOC1
GO_BP_mfGO:00361fresponse t	1月21日	22/17913	0.025491	0.044095	0.016817	CCNA2
GO_BP_mfGO:00443fresponse t	1月21日	22/17913	0.025491	0.044095	0.016817	CCNA2
GO_BP_mfGO:00603fregulation	1月21日	22/17913	0.025491	0.044095	0.016817	NUP93
GO_BP_mfGO:19034fregulation	1月21日	22/17913	0.025491	0.044095	0.016817	AURKA

GO_BP_mfGO:00331fregulation	2月21日	220/17913	0.027049	0.04653	0.017746	NUP54/TP
GO_BP_mfGO:00988fnuclear ch	2月21日	220/17913	0.027049	0.04653	0.017746	ANAPC15/
GO_BP_mfGO:00345fprotein loc	2月21日	223/17913	0.027735	0.04752	0.018124	NUP54/TP
GO_BP_mfGO:00516fcentrosom	1月21日	24/17913	0.027778	0.04752	0.018124	AURKA
GO_BP_mfGO:00015foocyte ma	1月21日	25/17913	0.028919	0.049202	0.018765	AURKA
GO_BP_mfGO:00618fmicrotubu	1月21日	25/17913	0.028919	0.049202	0.018765	AURKA
GO_BP_mfGO:00901fregulation	1月21日	27/17913	0.031198	0.052934	0.020188	TPR
GO_BP_mfGO:00346fresponse t	1月21日	28/17913	0.032335	0.054418	0.020754	CCNA2
GO_BP_mfGO:00396fviral RNA c	1月21日	28/17913	0.032335	0.054418	0.020754	TOP2A
GO_BP_mfGO:00508fnegative re	1月21日	28/17913	0.032335	0.054418	0.020754	THOC1
GO_BP_mfGO:00312freplication	1月21日	29/17913	0.033471	0.056177	0.021425	THOC1
GO_BP_mfGO:00715fprotein loc	1月21日	30/17913	0.034606	0.057926	0.022092	AURKA
GO_BP_mfGO:00302fapoptotic	1月21日	31/17913	0.03574	0.059343	0.022633	TOP2A
GO_BP_mfGO:00459fnegative re	1月21日	31/17913	0.03574	0.059343	0.022633	THOC1
GO_BP_mfGO:19055fprotein loc	1月21日	31/17913	0.03574	0.059343	0.022633	AURKA
GO_BP_mfGO:00062fDNA replic	2月21日	260/17913	0.036763	0.060736	0.023164	CCNA2/TF
GO_BP_mfGO:00302fchromosom	1月21日	32/17913	0.036872	0.060736	0.023164	TOP2A
GO_BP_mfGO:00974fliver regen	1月21日	32/17913	0.036872	0.060736	0.023164	AURKA
GO_BP_mfGO:00069fcellular col	1月21日	33/17913	0.038003	0.062105	0.023686	TOP2A
GO_BP_mfGO:00450fDNA-depe	1月21日	33/17913	0.038003	0.062105	0.023686	THOC1
GO_BP_mfGO:00451fregulation	1月21日	33/17913	0.038003	0.062105	0.023686	THOC1
GO_BP_mfGO:00713fcellular res	1月21日	34/17913	0.039133	0.063784	0.024326	CCNA2
GO_BP_mfGO:00027fnegative re	1月21日	35/17913	0.040262	0.065111	0.024833	THOC1
GO_BP_mfGO:00450fpositive re	1月21日	35/17913	0.040262	0.065111	0.024833	TOP2A
GO_BP_mfGO:00713fcellular res	1月21日	35/17913	0.040262	0.065111	0.024833	CCNA2
GO_BP_mfGO:00337fresponse t	1月21日	36/17913	0.041389	0.066587	0.025396	CCNA2
GO_BP_mfGO:00468fregulation	1月21日	36/17913	0.041389	0.066587	0.025396	TPR
GO_BP_mfGO:00711fDNA confc	2月21日	279/17913	0.041786	0.067051	0.025573	TOP2A/TP
GO_BP_mfGO:00423fpositive re	1月21日	37/17913	0.042515	0.067871	0.025885	TPR
GO_BP_mfGO:00602fregulation	1月21日	37/17913	0.042515	0.067871	0.025885	TPR
GO_BP_mfGO:00900fpositive re	2月21日	283/17913	0.042875	0.06827	0.026037	AURKA/TP
GO_BP_mfGO:00027fnegative re	1月21日	38/17913	0.04364	0.069311	0.026434	THOC1
GO_BP_mfGO:00448fcell cycle C	2月21日	288/17913	0.044251	0.070102	0.026736	AURKA/CC
GO_BP_mfGO:00327fregulation	1月21日	39/17913	0.044764	0.070554	0.026908	THOC1
GO_BP_mfGO:19045fpositive re	1月21日	39/17913	0.044764	0.070554	0.026908	TPR
GO_BP_mfGO:00028fnegative re	1月21日	40/17913	0.045886	0.07214	0.027513	THOC1
GO_BP_mfGO:00902fregulation	1月21日	41/17913	0.047007	0.073715	0.028114	TPR
GO_BP_mfGO:00310fembryonic	2月11日	36/17913	0.000214	0.003727	0.00208	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00487fskeletal sy	3月11日	204/17913	0.000224	0.003727	0.00208	WDR60/IF
GO_BP_mfGO:00215fneural tub	2月11日	39/17913	0.000251	0.003905	0.002179	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00615fprotein loc	2月11日	42/17913	0.000291	0.004266	0.00238	WDR35/W
GO_BP_mfGO:19055fnon-motil	2月11日	49/17913	0.000397	0.00549	0.003064	IFT80/IFT7
GO_BP_mfGO:00076fvisual beh	2月11日	52/17913	0.000447	0.005859	0.003269	DYNLRB1/
GO_BP_mfGO:00363fopsin tran	1月11日	1/17913	0.000614	0.00695	0.003878	IFT20
GO_BP_mfGO:19015fresponse t	1月11日	1/17913	0.000614	0.00695	0.003878	WDR35
GO_BP_mfGO:19057fcellular res	1月11日	1/17913	0.000614	0.00695	0.003878	WDR35
GO_BP_mfGO:00085fregulation	2月11日	78/17913	0.001004	0.010865	0.006063	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00487fembryonic	2月11日	85/17913	0.00119	0.01235	0.006891	WDR60/W
GO_BP_mfGO:00099fdorsal/ven	2月11日	89/17913	0.001304	0.012987	0.007247	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00073fpattern sp	3月11日	408/17913	0.001689	0.01613	0.009001	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00485fembryonic	3月11日	413/17913	0.001749	0.01613	0.009001	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00608fciliary rece	1月11日	3/17913	0.001841	0.016374	0.009137	WDR19
GO_BP_mfGO:00487fembryonic	2月11日	117/17913	0.002239	0.01922	0.010725	WDR60/W
GO_BP_mfGO:00610fmyotome	1月11日	4/17913	0.002454	0.01922	0.010725	WDR19
GO_BP_mfGO:00303fembryonic	2月11日	123/17913	0.00247	0.01922	0.010725	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00351fembryonic	2月11日	123/17913	0.00247	0.01922	0.010725	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00015fskeletal sy	3月11日	479/17913	0.002671	0.020155	0.011247	WDR60/IF
GO_BP_mfGO:20005fregulation	1月11日	5/17913	0.003067	0.022343	0.012468	IFT20

GO_BP_mfGO:00017fmorphoge	2月11日	139/17913	0.003141	0.022343	0.012468	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00351fappendag	2月11日	146/17913	0.003458	0.022904	0.012781	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00351flimb morp	2月11日	146/17913	0.003458	0.022904	0.012781	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00357fplatelet-d	1月11日	6/17913	0.003679	0.022904	0.012781	IFT20
GO_BP_mfGO:19016fnegative re	1月11日	6/17913	0.003679	0.022904	0.012781	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:20000fnegative re	1月11日	6/17913	0.003679	0.022904	0.012781	IFT80
GO_BP_mfGO:00219fneural tub	2月11日	155/17913	0.003887	0.023608	0.013174	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00506fnegative re	2月11日	163/17913	0.004289	0.02485	0.013867	IFT80/IFT7
GO_BP_mfGO:19034fprotein loc	1月11日	7/17913	0.004291	0.02485	0.013867	WDR19
GO_BP_mfGO:19016fregulation	1月11日	8/17913	0.004903	0.02696	0.015044	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00487fappendag	2月11日	176/17913	0.004981	0.02696	0.015044	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00601flimb devel	2月11日	176/17913	0.004981	0.02696	0.015044	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00358fphotorece	1月11日	9/17913	0.005514	0.029215	0.016302	IFT20
GO_BP_mfGO:00435fear develo	2月11日	212/17913	0.007147	0.037074	0.020688	WDR19/IF
GO_BP_mfGO:00033fkeratinocy	1月11日	12/17913	0.007346	0.037332	0.020832	IFT74
GO_BP_mfGO:00326fnegative re	1月11日	14/17913	0.008566	0.042659	0.023804	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00363fpost-anal	1月11日	18/17913	0.011001	0.053367	0.02978	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00018fkidney dev	2月11日	276/17913	0.011869	0.053367	0.02978	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00485fembryonic	2月11日	276/17913	0.011869	0.053367	0.02978	WDR60/W
GO_BP_mfGO:19907fprotein loc	2月11日	276/17913	0.011869	0.053367	0.02978	WDR19/IF
GO_BP_mfGO:00336fpositive re	1月11日	20/17913	0.012217	0.053367	0.02978	IFT74
GO_BP_mfGO:00450fnegative re	1月11日	20/17913	0.012217	0.053367	0.02978	WDR35
GO_BP_mfGO:19044fnegative re	1月11日	20/17913	0.012217	0.053367	0.02978	WDR35
GO_BP_mfGO:00720frenal syste	2月11日	291/17913	0.013131	0.055012	0.030698	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00340fprotein loc	1月11日	22/17913	0.013431	0.055012	0.030698	IFT20
GO_BP_mfGO:20000fregulation	1月11日	22/17913	0.013431	0.055012	0.030698	IFT80
GO_BP_mfGO:00430fcamera-ty	2月11日	295/17913	0.013477	0.055012	0.030698	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00094fresponse t	2月11日	307/17913	0.014539	0.056973	0.031792	DYNLRB1/
GO_BP_mfGO:00106fregulation	1月11日	24/17913	0.014644	0.056973	0.031792	IFT20
GO_BP_mfGO:00506fnegative re	1月11日	24/17913	0.014644	0.056973	0.031792	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00030fregionaliza	2月11日	318/17913	0.015544	0.059545	0.033228	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00459fnegative re	1月11日	26/17913	0.015855	0.059817	0.033379	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00016furogenital	2月11日	324/17913	0.016105	0.059851	0.033398	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00601finner ear r	1月11日	27/17913	0.01646	0.060274	0.033634	IFT20
GO_BP_mfGO:00902fpositive re	1月11日	28/17913	0.017065	0.061583	0.034365	WDR35
GO_BP_mfGO:00301fregulation	2月11日	341/17913	0.01774	0.062332	0.034782	IFT80/IFT2
GO_BP_mfGO:00016feye develc	2月11日	342/17913	0.017839	0.062332	0.034782	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:01500fvisual syste	2月11日	346/17913	0.018235	0.062332	0.034782	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00458fnegative re	1月11日	30/17913	0.018274	0.062332	0.034782	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00488fsensory sy	2月11日	351/17913	0.018735	0.062674	0.034974	TRAF3IP1/
GO_BP_mfGO:00458fpositive re	1月11日	31/17913	0.018878	0.062674	0.034974	IFT80
GO_BP_mfGO:00974fliver regen	1月11日	32/17913	0.019481	0.063827	0.035617	WDR35
GO_BP_mfGO:20007fregulation	1月11日	33/17913	0.020085	0.064949	0.036243	IFT20
GO_BP_mfGO:00506fregulation	2月11日	369/17913	0.020584	0.065711	0.036668	IFT80/IFT7
GO_BP_mfGO:19034fnegative re	1月11日	37/17913	0.022494	0.070899	0.039563	WDR35
GO_BP_mfGO:00440fregulation	1月11日	38/17913	0.023095	0.071885	0.040113	IFT20
GO_BP_mfGO:00601finner ear r	1月11日	39/17913	0.023697	0.072845	0.040649	IFT20
GO_BP_mfGO:00424fphotorece	1月11日	44/17913	0.026697	0.078833	0.043991	IFT20
GO_BP_mfGO:00487fembryonic	1月11日	44/17913	0.026697	0.078833	0.043991	WDR19
GO_BP_mfGO:00506fepithelial c	2月11日	425/17913	0.026808	0.078833	0.043991	IFT80/IFT7
GO_BP_mfGO:00336fregulation	1月11日	45/17913	0.027297	0.078833	0.043991	IFT74
GO_BP_mfGO:00324fnegative re	1月11日	46/17913	0.027895	0.078833	0.043991	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00901fregulation	1月11日	46/17913	0.027895	0.078833	0.043991	WDR35
GO_BP_mfGO:00093fresponse t	2月11日	435/17913	0.027992	0.078833	0.043991	DYNLRB1/
GO_BP_mfGO:00028fnegative re	1月11日	47/17913	0.028494	0.078833	0.043991	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00085fvisual learr	1月11日	47/17913	0.028494	0.078833	0.043991	IFT20
GO_BP_mfGO:00326fregulation	1月11日	48/17913	0.029092	0.079492	0.044358	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00431freceptor c	1月11日	49/17913	0.02969	0.079492	0.044358	WDR19

GO_BP_mfGO:00901f cochlea de	1月11日	49/17913	0.02969	0.079492	0.044358	IFT20
GO_BP_mfGO:00326f interferon-	1月11日	50/17913	0.030287	0.080229	0.04477	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00601f inner ear r	1月11日	53/17913	0.032078	0.084078	0.046917	IFT20
GO_BP_mfGO:00480f platelet-de	1月11日	55/17913	0.03327	0.085404	0.047657	IFT20
GO_BP_mfGO:19020f regulation	1月11日	55/17913	0.03327	0.085404	0.047657	IFT20
GO_BP_mfGO:00018f release of	1月11日	57/17913	0.03446	0.087557	0.048859	WDR35
GO_BP_mfGO:00424f mechanor	1月11日	58/17913	0.035055	0.088169	0.0492	IFT20
GO_BP_mfGO:00465f photorece	1月11日	59/17913	0.03565	0.088198	0.049216	IFT20
GO_BP_mfGO:00160f Wnt signal	2月11日	498/17913	0.035932	0.088198	0.049216	IFT80/IFT2
GO_BP_mfGO:01987f cell-cell sig	2月11日	500/17913	0.036198	0.088198	0.049216	IFT80/IFT2
GO_BP_mfGO:00336f cell adhesi	1月11日	61/17913	0.036838	0.088198	0.049216	IFT74
GO_BP_mfGO:00427f embryonic	1月11日	61/17913	0.036838	0.088198	0.049216	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:20003f negative re	1月11日	64/17913	0.038617	0.091245	0.050916	WDR35
GO_BP_mfGO:00454f regulation	1月11日	65/17913	0.03921	0.091245	0.050916	WDR35
GO_BP_mfGO:19048f cranial ske	1月11日	65/17913	0.03921	0.091245	0.050916	WDR19
GO_BP_mfGO:00000f autophagc	1月11日	70/17913	0.042167	0.097218	0.05425	IFT20
GO_BP_mfGO:00506f regulation	1月11日	73/17913	0.043937	0.099458	0.0555	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:19050f autophagc	1月11日	73/17913	0.043937	0.099458	0.0555	IFT20
GO_BP_mfGO:00311f animal org	1月11日	75/17913	0.045116	0.100303	0.055971	WDR35
GO_BP_mfGO:00350f embryonic	1月11日	75/17913	0.045116	0.100303	0.055971	TRAF3IP1
GO_BP_mfGO:00068f nitric oxide	1月11日	76/17913	0.045705	0.100713	0.0562	WDR35
GO_BP_mfGO:00083f associative	1月11日	77/17913	0.046293	0.101115	0.056424	IFT20
GO_BP_mfGO:00977f negative re	1月11日	79/17913	0.047469	0.102782	0.057354	WDR35
GO_BP_mfGO:00462f nitric oxide	1月11日	81/17913	0.048644	0.103525	0.057769	WDR35
GO_BP_mfGO:00610f somite dev	1月11日	81/17913	0.048644	0.103525	0.057769	WDR19
GO_BP_mfGO:00457f positive re	11/133	373/17913	0.000108	0.004169	0.002996	BRCA2/CC
GO_BP_mfGO:19010f guanosine	3/133	13/17913	0.000108	0.004169	0.002996	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00080f regulation	7/133	147/17913	0.000114	0.004333	0.003114	ABI2/ACT1
GO_BP_mfGO:19029f regulation	10/133	313/17913	0.000117	0.00437	0.00314	ABI2/ACT1
GO_BP_mfGO:00308f regulation	7/133	148/17913	0.000119	0.004409	0.003168	ABI2/ACT1
GO_BP_mfGO:00062f CTP biosyr	3/133	14/17913	0.000137	0.0049	0.003521	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00092f pyrimidine	3/133	14/17913	0.000137	0.0049	0.003521	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00460f CTP metat	3/133	14/17913	0.000137	0.0049	0.003521	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00091f nucleoside	7/133	153/17913	0.000146	0.005166	0.003712	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00508f multicellul	5/133	68/17913	0.00015	0.00523	0.003758	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00007f telomere r	7/133	154/17913	0.000152	0.005255	0.003777	BRCA2/CC
GO_BP_mfGO:00002f microtubu	12/133	460/17913	0.000165	0.005623	0.004041	BRCA2/C2
GO_BP_mfGO:00091f purine ribc	9/133	266/17913	0.000168	0.005623	0.004041	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00092f pyrimidine	3/133	15/17913	0.000171	0.005623	0.004041	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00161f snRNA prc	3/133	15/17913	0.000171	0.005623	0.004041	INTS4/INT
GO_BP_mfGO:00109f negative re	8/133	210/17913	0.000175	0.005698	0.004094	ARRB2/BIN
GO_BP_mfGO:19040f epithelial c	6/133	111/17913	0.000179	0.005775	0.00415	ARRB2/DN
GO_BP_mfGO:00070f centrosom	6/133	112/17913	0.000188	0.005992	0.004306	BRCA2/C2
GO_BP_mfGO:00509f leukocyte	12/133	467/17913	0.00019	0.005992	0.004306	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00075f hemostasi	10/133	336/17913	0.000207	0.006457	0.00464	ARRB2/AV
GO_BP_mfGO:00102f response t	3/133	16/17913	0.000209	0.006457	0.00464	BRCA2/WF
GO_BP_mfGO:00301f water horr	5/133	74/17913	0.000224	0.006828	0.004907	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00075f cell aging	6/133	116/17913	0.000228	0.006828	0.004907	BRCA2/CD
GO_BP_mfGO:00322f positive re	6/133	116/17913	0.000228	0.006828	0.004907	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:00092f ribonuclec	9/133	279/17913	0.00024	0.006975	0.005012	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00025f acute infla	8/133	220/17913	0.00024	0.006975	0.005012	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00061f purine nuc	9/133	280/17913	0.000246	0.006975	0.005012	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00300f myeloid ce	11/133	411/17913	0.00025	0.006975	0.005012	ABI1/ASH2
GO_BP_mfGO:00322f telomere c	7/133	167/17913	0.000251	0.006975	0.005012	BRCA2/CC
GO_BP_mfGO:00068f intra-Golg	3/133	17/17913	0.000252	0.006975	0.005012	COG2/CO1
GO_BP_mfGO:00091f pyrimidine	3/133	17/17913	0.000252	0.006975	0.005012	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00341f activation	3/133	17/17913	0.000252	0.006975	0.005012	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00325f DNA duplc	5/133	76/17913	0.000253	0.006975	0.005012	DDB1/NBN

GO_BP_mfGO:00104fnegative re8/133	223/17913	0.000263	0.007168	0.005151	ARRB2/BIN
GO_BP_mfGO:00463fribose phc9/133	284/17913	0.000273	0.007326	0.005265	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00030frenal syste6/133	120/17913	0.000274	0.007326	0.005265	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00310fmicrotubu6/133	122/17913	0.000299	0.007783	0.005593	BRCA2/C2
GO_BP_mfGO:00106fnegative re10/133	352/17913	0.0003	0.007783	0.005593	ARRB2/CH
GO_BP_mfGO:00091fcyclic nucl3/133	18/17913	0.000301	0.007783	0.005593	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00526fcyclic purif3/133	18/17913	0.000301	0.007783	0.005593	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00431fnegative re5/133	79/17913	0.000304	0.007787	0.005596	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00901fC-5 methy2/133	4/17913	0.000325	0.00817	0.005871	DNMT1/D
GO_BP_mfGO:19900flens fiber c2/133	4/17913	0.000325	0.00817	0.005871	E2F1/E2F2
GO_BP_mfGO:00725fpurine-col9/133	291/17913	0.000327	0.00817	0.005871	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00512fprotein po8/133	232/17913	0.000343	0.008502	0.006109	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:00018fblastocyst 3/133	19/17913	0.000355	0.008599	0.006179	BRCA2/NE
GO_BP_mfGO:00091fpyrimidine 3/133	19/17913	0.000355	0.008599	0.006179	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00902fnegative re3/133	19/17913	0.000355	0.008599	0.006179	ARRB2/CLI
GO_BP_mfGO:00329fregulation 9/133	297/17913	0.000379	0.009103	0.006541	ABI2/ACTF
GO_BP_mfGO:19017fregulation 7/133	179/17913	0.000382	0.009103	0.006541	CHEK1/NB
GO_BP_mfGO:00061fnucleoside 6/133	129/17913	0.000403	0.009335	0.006708	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00308fregulation 6/133	129/17913	0.000403	0.009335	0.006708	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:00716fgranulocyt5/133	84/17913	0.000404	0.009335	0.006708	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00069facute-pha4/133	47/17913	0.000405	0.009335	0.006708	F8/ITIH4/C
GO_BP_mfGO:00062fDNA-dep6/133	130/17913	0.00042	0.009554	0.006866	BRCA2/CC
GO_BP_mfGO:00509fpositive re6/133	130/17913	0.00042	0.009554	0.006866	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00427fsignal tran6/133	131/17913	0.000438	0.009804	0.007045	BRCA2/CE
GO_BP_mfGO:00469fnucleotide 6/133	131/17913	0.000438	0.009804	0.007045	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00323fDNA geon5/133	86/17913	0.00045	0.009807	0.007048	DDB1/NB
GO_BP_mfGO:00447fmitotic DN5/133	86/17913	0.00045	0.009807	0.007048	CLSPN/E2
GO_BP_mfGO:00481fregulation 5/133	86/17913	0.00045	0.009807	0.007048	CDC73/CD
GO_BP_mfGO:00507fpositive re7/133	184/17913	0.000451	0.009807	0.007048	ABI1/ARRE
GO_BP_mfGO:00481ffibroblast j5/133	87/17913	0.000475	0.009848	0.007077	CDC73/CD
GO_BP_mfGO:00726flymphocyt5/133	87/17913	0.000475	0.009848	0.007077	CCR6/CCR
GO_BP_mfGO:20001fnegative re5/133	87/17913	0.000475	0.009848	0.007077	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00482fpositive re4/133	49/17913	0.000475	0.009848	0.007077	ARRB2/CLI
GO_BP_mfGO:00026fregulation 7/133	186/17913	0.000481	0.009848	0.007077	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00424fpurine nuc3/133	21/17913	0.000483	0.009848	0.007077	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00460fcAMP met3/133	21/17913	0.000483	0.009848	0.007077	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00461fpurine ribc3/133	21/17913	0.000483	0.009848	0.007077	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00461fpyrimidine 3/133	21/17913	0.000483	0.009848	0.007077	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00459fnegative re9/133	308/17913	0.000494	0.010005	0.00719	CDC73/CD
GO_BP_mfGO:00182fpeptidyl-lj10/133	376/17913	0.000504	0.010155	0.007298	ASH2L/BR
GO_BP_mfGO:00102fmaintenan2/133	5/17913	0.000539	0.010552	0.007583	CTCF/DNM
GO_BP_mfGO:00327fDNA meth2/133	5/17913	0.000539	0.010552	0.007583	DNMT1/D
GO_BP_mfGO:00703fnegative re2/133	5/17913	0.000539	0.010552	0.007583	E2F1/E2F3
GO_BP_mfGO:00481fpositive re4/133	51/17913	0.000554	0.010552	0.007583	CDK6/E2F
GO_BP_mfGO:00447fmitotic DN5/133	90/17913	0.000555	0.010552	0.007583	CLSPN/E2
GO_BP_mfGO:00094fresponse t6/133	137/17913	0.000555	0.010552	0.007583	BRCA2/CD
GO_BP_mfGO:00092fpyrimidine 3/133	22/17913	0.000556	0.010552	0.007583	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00327fpositive re3/133	22/17913	0.000556	0.010552	0.007583	CDC73/LE
GO_BP_mfGO:20007fnegative re3/133	22/17913	0.000556	0.010552	0.007583	CDK6/PRK
GO_BP_mfGO:00456fregulation 8/133	250/17913	0.000563	0.010621	0.007632	ASH2L/CD
GO_BP_mfGO:00310fregulation 6/133	138/17913	0.000577	0.010809	0.007767	CHEK1/CT
GO_BP_mfGO:00325fregulation 9/133	315/17913	0.00058	0.010809	0.007767	ABI2/ACTF
GO_BP_mfGO:19020fregulation 3/133	23/17913	0.000636	0.011771	0.008459	BIN1/CLU/
GO_BP_mfGO:00327fnegative re4/133	54/17913	0.000689	0.012682	0.009114	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00024fdendritic c3/133	24/17913	0.000723	0.013058	0.009383	CCR6/CCR
GO_BP_mfGO:00092fpyrimidine 3/133	24/17913	0.000723	0.013058	0.009383	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00109fpositive re3/133	24/17913	0.000723	0.013058	0.009383	RAB11A/R
GO_BP_mfGO:00429famyloid p4/133	55/17913	0.000739	0.013273	0.009538	BIN1/CLU/

GO_BP_mfGO:00302:megakaryoc	5/133	96/17913	0.000745	0.01329	0.00955	ABI1/ASH2
GO_BP_mfGO:00300:actin filam	6/133	145/17913	0.000749	0.01329	0.00955	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:19019:positive re	5/133	97/17913	0.000781	0.013779	0.009902	CDC73/DL
GO_BP_mfGO:00514:regulation	11/133	472/17913	0.000796	0.013967	0.010037	ABI2/ACTN
GO_BP_mfGO:00070:mitotic cel	6/133	147/17913	0.000804	0.014027	0.01008	CLSPN/E2F
GO_BP_mfGO:00075:blood coag	9/133	331/17913	0.000825	0.014308	0.010282	ARRB2/EN
GO_BP_mfGO:00514:positive re	7/133	205/17913	0.000856	0.014739	0.010592	ABI2/ACTN
GO_BP_mfGO:00510:regulation	10/133	403/17913	0.00086	0.014739	0.010592	ARRB2/BR
GO_BP_mfGO:00975:granulocyt	5/133	100/17913	0.000896	0.015162	0.010895	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00439:histone H3	4/133	58/17913	0.000904	0.015162	0.010895	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00000:G1/S trans	8/133	269/17913	0.000907	0.015162	0.010895	CCNE2/CC
GO_BP_mfGO:00072:nitric oxid	3/133	26/17913	0.000918	0.015162	0.010895	FPR1/THBS
GO_BP_mfGO:00314:regulation	3/133	26/17913	0.000918	0.015162	0.010895	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00713:cellular res	3/133	26/17913	0.000918	0.015162	0.010895	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00165:histone ac	6/133	151/17913	0.000925	0.015162	0.010895	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00326:regulation	6/133	151/17913	0.000925	0.015162	0.010895	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00508:coagulation	9/133	337/17913	0.000936	0.0152	0.010922	ARRB2/EN
GO_BP_mfGO:00458:negative re	5/133	101/17913	0.000937	0.0152	0.010922	AEBP2/DN
GO_BP_mfGO:00432:regulation	10/133	409/17913	0.000962	0.015512	0.011147	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:00329:regulation	9/133	341/17913	0.001017	0.015969	0.011475	ABI2/ACTN
GO_BP_mfGO:00485:positive re	5/133	103/17913	0.001024	0.015969	0.011475	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00459:positive re	6/133	154/17913	0.001024	0.015969	0.011475	BRCA2/DL
GO_BP_mfGO:00305:neutrophil	4/133	60/17913	0.001027	0.015969	0.011475	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00159:nucleobas	3/133	27/17913	0.001027	0.015969	0.011475	AK9/NME3
GO_BP_mfGO:00363:dendritic c	3/133	27/17913	0.001027	0.015969	0.011475	CCR6/CCR
GO_BP_mfGO:19027:positive re	3/133	27/17913	0.001027	0.015969	0.011475	RAB11A/R
GO_BP_mfGO:00602:anatomica	10/133	413/17913	0.001035	0.016007	0.011502	ALDOA/BF
GO_BP_mfGO:00326:tumor nec	6/133	155/17913	0.001059	0.01621	0.011648	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:19035:regulation	6/133	155/17913	0.001059	0.01621	0.011648	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00109:negative re	9/133	344/17913	0.001081	0.016464	0.011831	CDC73/CC
GO_BP_mfGO:00183:internal pe	6/133	156/17913	0.001095	0.01649	0.01185	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00190:fusion of v	2/133	7/17913	0.001121	0.01649	0.01185	CD4/GAS6
GO_BP_mfGO:00396:membrane	2/133	7/17913	0.001121	0.01649	0.01185	CD4/GAS6
GO_BP_mfGO:00448:multi-orga	2/133	7/17913	0.001121	0.01649	0.01185	CD4/GAS6
GO_BP_mfGO:19029:mitotic DN	2/133	7/17913	0.001121	0.01649	0.01185	BRCA2/RA
GO_BP_mfGO:20005:positive re	2/133	7/17913	0.001121	0.01649	0.01185	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:20006:negative re	2/133	7/17913	0.001121	0.01649	0.01185	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:00903:negative re	3/133	28/17913	0.001144	0.016747	0.012034	CDK6/PRK
GO_BP_mfGO:00092:purine ribc	6/133	159/17913	0.001208	0.017587	0.012638	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00091:purine nuc	6/133	160/17913	0.001247	0.017965	0.01291	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00103:histone m	3/133	29/17913	0.00127	0.017965	0.01291	CDC73/DE
GO_BP_mfGO:00312:replication	3/133	29/17913	0.00127	0.017965	0.01291	BRCA2/RA
GO_BP_mfGO:00342:amyloid-b	3/133	29/17913	0.00127	0.017965	0.01291	BIN1/CLU
GO_BP_mfGO:00460:GTP meta	3/133	29/17913	0.00127	0.017965	0.01291	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00461:pyrimidine	3/133	29/17913	0.00127	0.017965	0.01291	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00064:internal pr	6/133	161/17913	0.001288	0.018052	0.012972	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00717:tumor nec	6/133	161/17913	0.001288	0.018052	0.012972	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00510:positive re	7/133	222/17913	0.001358	0.018955	0.013621	ARRB2/DN
GO_BP_mfGO:00002:nuclear di	9/133	357/17913	0.001398	0.018955	0.013621	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00448:cell cycle	8/133	288/17913	0.001403	0.018955	0.013621	CCNE2/CC
GO_BP_mfGO:00062:DNA replic	3/133	30/17913	0.001403	0.018955	0.013621	CCNE2/NE
GO_BP_mfGO:00315:G2 DNA d	3/133	30/17913	0.001403	0.018955	0.013621	CHEK1/CL
GO_BP_mfGO:00343:Arp2/3 cor	3/133	30/17913	0.001403	0.018955	0.013621	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:00715:protein loc	3/133	30/17913	0.001403	0.018955	0.013621	C2CD3/GC
GO_BP_mfGO:19029:regulation	3/133	30/17913	0.001403	0.018955	0.013621	BIN1/CLU
GO_BP_mfGO:00092:ribonuclec	6/133	164/17913	0.001415	0.018955	0.013621	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00183:peptidyl-l	6/133	164/17913	0.001415	0.018955	0.013621	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:19022:regulation	6/133	165/17913	0.00146	0.019239	0.013825	CHEK1/CT

GO_BP_mfGO:00018:negative re	8/133	290/17913	0.001465	0.019239	0.013825	ADCY7/AR
GO_BP_mfGO:00091:nucleotide	9/133	360/17913	0.001481	0.019239	0.013825	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00199:second-m	9/133	360/17913	0.001481	0.019239	0.013825	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00430:DNA meth	2/133	8/17913	0.001488	0.019239	0.013825	DNMT1/D
GO_BP_mfGO:19015:changes tc	2/133	8/17913	0.001488	0.019239	0.013825	DNMT1/D
GO_BP_mfGO:20005:regulation	2/133	8/17913	0.001488	0.019239	0.013825	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:20006:positive re	2/133	8/17913	0.001488	0.019239	0.013825	ABI2/WAS
GO_BP_mfGO:00311:cytoplasm	3/133	31/17913	0.001545	0.019807	0.014233	PCM1/RAF
GO_BP_mfGO:19055:protein loc	3/133	31/17913	0.001545	0.019807	0.014233	C2CD3/GC
GO_BP_mfGO:19012:nucleoside	9/133	365/17913	0.001628	0.020784	0.014935	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:20012:positive re	6/133	169/17913	0.001649	0.020964	0.015065	DLGAP5/D
GO_BP_mfGO:00713:cellular res	8/133	297/17913	0.001703	0.02149	0.015443	ACTN2/AC
GO_BP_mfGO:00181:peptidyl-s	7/133	231/17913	0.001705	0.02149	0.015443	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00327:negative re	4/133	69/17913	0.001729	0.021613	0.015531	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00714:cellular res	4/133	69/17913	0.001729	0.021613	0.015531	INTS7/RAF
GO_BP_mfGO:00072:phospholip	4/133	70/17913	0.001823	0.022698	0.01631	ACTN2/C3
GO_BP_mfGO:00302:T cell diffe	7/133	234/17913	0.001834	0.022741	0.016342	CCR6/CCR
GO_BP_mfGO:00424:ribonuclec	3/133	33/17913	0.001855	0.022808	0.01639	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00450:DNA-dep	3/133	33/17913	0.001855	0.022808	0.01639	BRCA2/RA
GO_BP_mfGO:00609:coronary a	2/133	9/17913	0.001904	0.02331	0.01675	SEC24B/VI
GO_BP_mfGO:19035:negative re	4/133	71/17913	0.001921	0.02343	0.016837	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00331:regulation	5/133	119/17913	0.001944	0.02361	0.016966	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00091:nucleoside	6/133	175/17913	0.001967	0.023798	0.017101	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00071:adenylate	4/133	72/17913	0.002023	0.024272	0.017442	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:19902:neutrophil	4/133	72/17913	0.002023	0.024272	0.017442	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00026:positive re	5/133	121/17913	0.002091	0.024894	0.017889	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00550:cardiac mt	5/133	121/17913	0.002091	0.024894	0.017889	ACTN2/AR
GO_BP_mfGO:00063:mRNA pol	3/133	35/17913	0.002201	0.025797	0.018538	CCNT1/CE
GO_BP_mfGO:00302:monocyte	3/133	35/17913	0.002201	0.025797	0.018538	CD4/CDK6
GO_BP_mfGO:00461:pyrimidine	3/133	35/17913	0.002201	0.025797	0.018538	NME3/NM
GO_BP_mfGO:19031:mononucl	3/133	35/17913	0.002201	0.025797	0.018538	CD4/CDK6
GO_BP_mfGO:00712:cellular res	8/133	310/17913	0.002224	0.025855	0.018579	CDC25A/C
GO_BP_mfGO:01040:cellular res	8/133	310/17913	0.002224	0.025855	0.018579	CDC25A/C
GO_BP_mfGO:00322:regulation	6/133	180/17913	0.002266	0.026172	0.018807	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:00330:regulation	8/133	311/17913	0.002268	0.026172	0.018807	CHEK1/CT
GO_BP_mfGO:00018:neural plat	2/133	10/17913	0.002368	0.02654	0.019071	C2CD3/DV
GO_BP_mfGO:00107:regulation	2/133	10/17913	0.002368	0.02654	0.019071	THBS1/VE
GO_BP_mfGO:00448:multi-org	2/133	10/17913	0.002368	0.02654	0.019071	CD4/GAS6
GO_BP_mfGO:00703:fat cell pro	2/133	10/17913	0.002368	0.02654	0.019071	E2F1/E2F3
GO_BP_mfGO:00703:regulation	2/133	10/17913	0.002368	0.02654	0.019071	E2F1/E2F3
GO_BP_mfGO:00507:regulation	7/133	245/17913	0.002376	0.02654	0.019071	ABI1/ARRE
GO_BP_mfGO:00091:cyclic nucl	3/133	36/17913	0.002389	0.02654	0.019071	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00337:response t	3/133	36/17913	0.002389	0.02654	0.019071	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00343:smooth m	3/133	36/17913	0.002389	0.02654	0.019071	ARRB2/DN
GO_BP_mfGO:00343:regulation	3/133	36/17913	0.002389	0.02654	0.019071	ARRB2/DN
GO_BP_mfGO:00436:RNA poly	3/133	37/17913	0.002585	0.028484	0.020469	CCNT1/CE
GO_BP_mfGO:00346:cellular res	4/133	77/17913	0.002586	0.028484	0.020469	CDC25A/C
GO_BP_mfGO:19037:regulation	10/133	468/17913	0.0026	0.028484	0.020469	ASH2L/CD
GO_BP_mfGO:00075:aging	8/133	318/17913	0.002602	0.028484	0.020469	BRCA2/CD
GO_BP_mfGO:00509:regulation	6/133	186/17913	0.002669	0.029115	0.020922	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00550:cardiac mt	4/133	78/17913	0.00271	0.02946	0.02117	ACTN2/CT
GO_BP_mfGO:00482:organelle	9/133	395/17913	0.002774	0.030003	0.02156	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00182:peptidyl-s	7/133	252/17913	0.00278	0.030003	0.02156	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00456:regulation	4/133	79/17913	0.002839	0.030106	0.021634	ASH2L/KM
GO_BP_mfGO:00975:lamellipod	4/133	79/17913	0.002839	0.030106	0.021634	ABI1/NCK
GO_BP_mfGO:00165:histone m	5/133	130/17913	0.002856	0.030106	0.021634	ASH2L/CT
GO_BP_mfGO:00023:pro-B cell	2/133	11/17913	0.00288	0.030106	0.021634	PRKDC/SC
GO_BP_mfGO:00026:regulation	2/133	11/17913	0.00288	0.030106	0.021634	CCR7/THB

GO_BP_mfGO:00314f positive re 2/133	11/17913	0.00288	0.030106	0.021634	CDC73/LEI
GO_BP_mfGO:00335f histone H2 2/133	11/17913	0.00288	0.030106	0.021634	CDC73/LEI
GO_BP_mfGO:00970f dendritic c 2/133	11/17913	0.00288	0.030106	0.021634	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:20006f regulation 2/133	11/17913	0.00288	0.030106	0.021634	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:19019f negative r 7/133	254/17913	0.002905	0.03026	0.021745	CDC73/CC
GO_BP_mfGO:00458f negative r 8/133	324/17913	0.002917	0.030278	0.021758	ARRB2/BIN
GO_BP_mfGO:00300f lymphocyt 8/133	325/17913	0.002972	0.030746	0.022094	CCR6/CCR
GO_BP_mfGO:00327f regulation 3/133	39/17913	0.003008	0.031012	0.022285	CDC73/LEI
GO_BP_mfGO:00026f positive re 4/133	81/17913	0.003108	0.03182	0.022866	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00517f interaction 4/133	81/17913	0.003108	0.03182	0.022866	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00429f amyloid p 3/133	40/17913	0.003235	0.032894	0.023638	BIN1/CLU/
GO_BP_mfGO:00504f amyloid-b 3/133	40/17913	0.003235	0.032894	0.023638	BIN1/CLU/
GO_BP_mfGO:19019f positive re 4/133	82/17913	0.003249	0.032925	0.02366	DLGAP5/R
GO_BP_mfGO:00064f protein ac 6/133	195/17913	0.00337	0.034031	0.024455	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00007f telomere r 2/133	12/17913	0.003439	0.034031	0.024455	BRCA2/RA
GO_BP_mfGO:00024f dendritic c 2/133	12/17913	0.003439	0.034031	0.024455	CCR7/THB
GO_BP_mfGO:00329f positive re 2/133	12/17913	0.003439	0.034031	0.024455	CDC73/LEI
GO_BP_mfGO:19024f negative r 2/133	12/17913	0.003439	0.034031	0.024455	BIN1/CLU
GO_BP_mfGO:19029f regulation 2/133	12/17913	0.003439	0.034031	0.024455	CLU/HGF
GO_BP_mfGO:00091f nucleoside 3/133	41/17913	0.003471	0.034031	0.024455	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00310f negative r 3/133	41/17913	0.003471	0.034031	0.024455	DNMT1/PI
GO_BP_mfGO:00504f positive re 3/133	41/17913	0.003471	0.034031	0.024455	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00703f negative r 3/133	41/17913	0.003471	0.034031	0.024455	CHEK1/E2I
GO_BP_mfGO:00550f cardiac cel 4/133	84/17913	0.003543	0.034624	0.024881	ACTN2/CT
GO_BP_mfGO:00062f pyrimidine 3/133	42/17913	0.003718	0.036098	0.02594	NME3/NM
GO_BP_mfGO:19016f glycosyl cc 3/133	42/17913	0.003718	0.036098	0.02594	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00450f actin nucle 3/133	43/17913	0.003976	0.038473	0.027646	ABI2/ARPC
GO_BP_mfGO:00458f positive re 5/133	141/17913	0.004044	0.038578	0.027722	ARRB2/CLI
GO_BP_mfGO:00017f in utero er 8/133	342/17913	0.004044	0.038578	0.027722	B9D1/BRC
GO_BP_mfGO:00018f inner cell r 2/133	13/17913	0.004045	0.038578	0.027722	BRCA2/PA
GO_BP_mfGO:00610f negative r 2/133	13/17913	0.004045	0.038578	0.027722	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00024f neutrophil 10/133	499/17913	0.004097	0.038578	0.027722	ALDOA/C:
GO_BP_mfGO:00421f neutrophil 10/133	499/17913	0.004097	0.038578	0.027722	ALDOA/C:
GO_BP_mfGO:00434f positive re 10/133	499/17913	0.004097	0.038578	0.027722	ACKR3/AR
GO_BP_mfGO:00457f positive re 6/133	203/17913	0.004102	0.038578	0.027722	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00513f meiotic ce 6/133	203/17913	0.004102	0.038578	0.027722	BRCA2/NE
GO_BP_mfGO:00513f negative r 9/133	420/17913	0.004152	0.038927	0.027972	ARRB2/BIN
GO_BP_mfGO:00973f cellular res 4/133	88/17913	0.004186	0.039121	0.028112	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00165f histone ub 3/133	44/17913	0.004243	0.039413	0.028322	CDC73/DE
GO_BP_mfGO:00716f regulation 3/133	44/17913	0.004243	0.039413	0.028322	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00181f peptidyl-t 8/133	346/17913	0.004335	0.040139	0.028844	ABI1/ABI2,
GO_BP_mfGO:00450f T cell selec 3/133	45/17913	0.004522	0.041479	0.029806	CCR7/CD3
GO_BP_mfGO:00703f regulation 3/133	45/17913	0.004522	0.041479	0.029806	CHEK1/E2I
GO_BP_mfGO:19010f guanosine 3/133	45/17913	0.004522	0.041479	0.029806	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00512f spindle as 4/133	90/17913	0.004535	0.041479	0.029806	CEP63/HA
GO_BP_mfGO:00182f peptidyl-t 8/133	349/17913	0.004564	0.041609	0.0299	ABI1/ABI2,
GO_BP_mfGO:00069f humoral ir 7/133	276/17913	0.004577	0.041609	0.0299	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00971f intrinsic a 7/133	277/17913	0.004667	0.041932	0.030132	ACKR3/BR
GO_BP_mfGO:00319f positive re 2/133	14/17913	0.004696	0.041932	0.030132	DNMT1/SI
GO_BP_mfGO:00343f regulation 2/133	14/17913	0.004696	0.041932	0.030132	ABI2/WAS
GO_BP_mfGO:00343f negative r 2/133	14/17913	0.004696	0.041932	0.030132	ARRB2/DN
GO_BP_mfGO:00511f positive re 2/133	14/17913	0.004696	0.041932	0.030132	ABI2/WAS
GO_BP_mfGO:00713f cellular res 2/133	14/17913	0.004696	0.041932	0.030132	ADCY7/DN
GO_BP_mfGO:00901f regulation 3/133	46/17913	0.004812	0.042678	0.030668	ARRB2/CLI
GO_BP_mfGO:00070f spindle or 5/133	147/17913	0.004823	0.042678	0.030668	CEP63/HA
GO_BP_mfGO:00712f cellular res 5/133	147/17913	0.004823	0.042678	0.030668	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00711f DNA conf 7/133	279/17913	0.004852	0.042811	0.030764	CTCF/DDB
GO_BP_mfGO:00086f intrinsic a 4/133	92/17913	0.004903	0.043136	0.030998	ACKR3/BR

GO_BP_mf:GO:00344(nucleobas	6/133	211/17913	0.004945	0.043381	0.031173	ALDOA/EN
GO_BP_mf:GO:00352(segmentat	4/133	93/17913	0.005095	0.044325	0.031852	ABI1/DVL2
GO_BP_mf:GO:00332(nuclear Df	3/133	47/17913	0.005112	0.044325	0.031852	BRCA2/PC
GO_BP_mf:GO:00450(G0 to G1 t	3/133	47/17913	0.005112	0.044325	0.031852	CHEK1/E2f
GO_BP_mf:GO:00726(protein loc	3/133	47/17913	0.005112	0.044325	0.031852	C2CD3/GC
GO_BP_mf:GO:00027(immune re	9/133	434/17913	0.00513	0.044353	0.031872	ABI1/ARPC
GO_BP_mf:GO:00900(positive re	7/133	283/17913	0.005238	0.045151	0.032446	CDC73/DL
GO_BP_mf:GO:00070(Golgi orga	4/133	94/17913	0.005291	0.04535	0.032589	COG2/COI
GO_BP_mf:GO:00071(adenylate	4/133	94/17913	0.005291	0.04535	0.032589	ADCY3/AC
GO_BP_mf:GO:00013(formation	2/133	15/17913	0.005393	0.045359	0.032595	NBN/WRN
GO_BP_mf:GO:00017(endoderm	2/133	15/17913	0.005393	0.045359	0.032595	CDC73/LEI
GO_BP_mf:GO:00107(positive re	2/133	15/17913	0.005393	0.045359	0.032595	C3AR1/TH
GO_BP_mf:GO:00906(t-circle for	2/133	15/17913	0.005393	0.045359	0.032595	NBN/WRN
GO_BP_mf:GO:00907(telomere r	2/133	15/17913	0.005393	0.045359	0.032595	NBN/WRN
GO_BP_mf:GO:19029(negative r	2/133	15/17913	0.005393	0.045359	0.032595	BIN1/CLU
GO_BP_mf:GO:00723(protein ac	5/133	151/17913	0.005398	0.045359	0.032595	C3AR1/CFI
GO_BP_mf:GO:19052(negative r	3/133	48/17913	0.005424	0.04545	0.032661	DNMT1/PI
GO_BP_mf:GO:00326(regulation	4/133	96/17913	0.005699	0.047621	0.03422	ARRB2/CC
GO_BP_mf:GO:00900(regulation	9/133	442/17913	0.005764	0.048036	0.034519	ABI2/ACTN
GO_BP_mf:GO:19016(cellular res	8/133	364/17913	0.005849	0.048562	0.034896	ACTN2/AC
GO_BP_mf:GO:00350(cardiocyte	5/133	154/17913	0.00586	0.048562	0.034896	ACTN2/AR
GO_BP_mf:GO:00443(protein loc	3/133	50/17913	0.006081	0.050114	0.036012	C2CD3/GC
GO_BP_mf:GO:20007(regulation	3/133	50/17913	0.006081	0.050114	0.036012	ARRB2/CT
GO_BP_mf:GO:00326(negative r	2/133	16/17913	0.006133	0.050272	0.036125	ARRB2/TH
GO_BP_mf:GO:00514(positive re	2/133	16/17913	0.006133	0.050272	0.036125	C3AR1/S1I
GO_BP_mf:GO:00487(cardiac mt	6/133	221/17913	0.006171	0.050443	0.036248	ACTN2/AR
GO_BP_mf:GO:00019(positive re	3/133	51/17913	0.006426	0.051889	0.037287	CCR7/CDK
GO_BP_mf:GO:00062(pyrimidine	3/133	51/17913	0.006426	0.051889	0.037287	NME3/NM
GO_BP_mf:GO:00350(regulation	3/133	51/17913	0.006426	0.051889	0.037287	CHEK1/CT
GO_BP_mf:GO:20007(regulation	3/133	51/17913	0.006426	0.051889	0.037287	CDK6/PRK
GO_BP_mf:GO:00525(regulation	8/133	370/17913	0.006434	0.051889	0.037287	ARRB2/BIN
GO_BP_mf:GO:00482(regulation	4/133	100/17913	0.006576	0.05289	0.038006	ARRB2/CLI
GO_BP_mf:GO:00550(muscle cel	5/133	159/17913	0.006691	0.053161	0.038201	ACTN2/BIF
GO_BP_mf:GO:00507(regulation	3/133	52/17913	0.006783	0.053161	0.038201	CCR7/GAS
GO_BP_mf:GO:00515(histone H	3/133	52/17913	0.006783	0.053161	0.038201	ASH2L/DN
GO_BP_mf:GO:00725(pyrimidine	3/133	52/17913	0.006783	0.053161	0.038201	NME3/NM
GO_BP_mf:GO:00025(antigen pr	4/133	101/17913	0.006808	0.053161	0.038201	SEC24A/SF
GO_BP_mf:GO:00486(positive re	4/133	101/17913	0.006808	0.053161	0.038201	DNMT1/LI
GO_BP_mf:GO:19052(positive re	4/133	101/17913	0.006808	0.053161	0.038201	DNMT1/PI
GO_BP_mf:GO:00063(regulation	2/133	17/17913	0.006917	0.053161	0.038201	CTCF/DNM
GO_BP_mf:GO:00439(positive re	2/133	17/17913	0.006917	0.053161	0.038201	CCNT1/CT
GO_BP_mf:GO:00726(lamellipod	2/133	17/17913	0.006917	0.053161	0.038201	ABI1/WAS
GO_BP_mf:GO:00316(receptor ir	4/133	102/17913	0.007046	0.053161	0.038201	ACKR3/AR
GO_BP_mf:GO:00326(regulation	3/133	53/17913	0.007151	0.053161	0.038201	ARRB2/CC
GO_BP_mf:GO:00061(dADP pho	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00061(dGDP pho	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00067(AMP phos	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00069(induction I	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CD4
GO_BP_mf:GO:00219(central ner	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	TCTN1
GO_BP_mf:GO:00353(helper T c	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CD4
GO_BP_mf:GO:00381(chemokin	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CCR7
GO_BP_mf:GO:00605(regulation	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	WRN
GO_BP_mf:GO:00615(CDP phos	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00615(dAMP phc	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00615(CMP phos	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00615(dCMP phc	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00615(GDP phos	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mf:GO:00615(UDP phos	1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9

GO_BP_mfGO:00615f dCDP pho 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mfGO:00615f TDP phosf 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	AK9
GO_BP_mfGO:00985f positive re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	WRN
GO_BP_mfGO:19001f negative re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	GAS6
GO_BP_mfGO:19016f negative re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	SIN3A
GO_BP_mfGO:19028f regulation 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CLU
GO_BP_mfGO:19029f positive re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CLU
GO_BP_mfGO:19035f regulation 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	VEGFA
GO_BP_mfGO:19035f positive re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	VEGFA
GO_BP_mfGO:19036f regulation 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	NCK1
GO_BP_mfGO:19036f positive re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	NCK1
GO_BP_mfGO:19041f DN3 thym 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CCR6
GO_BP_mfGO:19058f regulation 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CLU
GO_BP_mfGO:19058f negative re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CLU
GO_BP_mfGO:19058f regulation 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CLU
GO_BP_mfGO:19058f negative re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CLU
GO_BP_mfGO:20005f positive re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CCR7
GO_BP_mfGO:20005f positive re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	CCR7
GO_BP_mfGO:20005f negative re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	GAS6
GO_BP_mfGO:20012f negative re 1/133	1/17913	0.007425	0.053161	0.038201	PRKDC
GO_BP_mfGO:00108f negative re 3/133	54/17913	0.007531	0.053796	0.038658	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00070f cell cycle a 6/133	231/17913	0.007604	0.054187	0.038939	BIN1/CDK1
GO_BP_mfGO:00063f mitotic rec 2/133	18/17913	0.007744	0.054646	0.039269	BRCA2/RA
GO_BP_mfGO:00063f methylatio 2/133	18/17913	0.007744	0.054646	0.039269	DNMT1/D
GO_BP_mfGO:00609f coronary v 2/133	18/17913	0.007744	0.054646	0.039269	SEC24B/Vf
GO_BP_mfGO:00439f regulation 6/133	232/17913	0.00776	0.054646	0.039269	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:19040f positive re 6/133	232/17913	0.00776	0.054646	0.039269	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00026f regulation 4/133	105/17913	0.007793	0.054751	0.039344	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00435f protein ac 6/133	233/17913	0.007918	0.055279	0.039723	BRCA2/CH
GO_BP_mfGO:00103f response t 3/133	55/17913	0.007923	0.055279	0.039723	BRCA2/PR
GO_BP_mfGO:00326f interleukin 3/133	55/17913	0.007923	0.055279	0.039723	ARRB2/CC
GO_BP_mfGO:00199f cyclic-nuc 5/133	166/17913	0.007988	0.055603	0.039956	ADCY3/AL
GO_BP_mfGO:19019f negative re 6/133	235/17913	0.00824	0.057223	0.04112	CDC73/CC
GO_BP_mfGO:00610f positive re 3/133	56/17913	0.008327	0.057693	0.041458	ABI1/DVL2
GO_BP_mfGO:01400f mitotic nu 6/133	237/17913	0.008572	0.0582	0.041823	CHEK1/CT
GO_BP_mfGO:00326f interleukin 4/133	108/17913	0.00859	0.0582	0.041823	ARRB2/CC
GO_BP_mfGO:00064f protein m 5/133	169/17913	0.008594	0.0582	0.041823	ASH2L/CT
GO_BP_mfGO:00082f protein alk 5/133	169/17913	0.008594	0.0582	0.041823	ASH2L/CT
GO_BP_mfGO:00025f regulation 2/133	19/17913	0.008614	0.0582	0.041823	CCR7/THB
GO_BP_mfGO:00070f mitotic G2 2/133	19/17913	0.008614	0.0582	0.041823	CLSPN/NB
GO_BP_mfGO:00310f negative re 2/133	19/17913	0.008614	0.0582	0.041823	DNMT1/PI
GO_BP_mfGO:00450f thymic T c 2/133	19/17913	0.008614	0.0582	0.041823	CCR7/CD3
GO_BP_mfGO:00516f nucleus lo 2/133	19/17913	0.008614	0.0582	0.041823	BIN1/PCM
GO_BP_mfGO:19052f vascular a 2/133	19/17913	0.008614	0.0582	0.041823	DNMT1/E2
GO_BP_mfGO:19054f regulation 2/133	19/17913	0.008614	0.0582	0.041823	DNMT1/E2
GO_BP_mfGO:00018f release of 3/133	57/17913	0.008743	0.058675	0.042164	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00447f cell cycle [3/133	57/17913	0.008743	0.058675	0.042164	BRCA2/PC
GO_BP_mfGO:20007f regulation 3/133	57/17913	0.008743	0.058675	0.042164	CHEK1/CT
GO_BP_mfGO:00975f myeloid le 5/133	170/17913	0.008803	0.058951	0.042362	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00349f histone lys 4/133	109/17913	0.008867	0.059111	0.042477	ASH2L/DN
GO_BP_mfGO:00436f regulation 4/133	109/17913	0.008867	0.059111	0.042477	CHEK1/NC
GO_BP_mfGO:00486f regulation 5/133	172/17913	0.009232	0.061409	0.044128	DNMT1/LI
GO_BP_mfGO:00518f positive re 5/133	173/17913	0.009451	0.062524	0.04493	ARRB2/CC
GO_BP_mfGO:00719f regulation 9/133	479/17913	0.009522	0.062524	0.04493	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00023f lymphoid j 2/133	20/17913	0.009525	0.062524	0.04493	PRKDC/SC
GO_BP_mfGO:00070f microtubu 2/133	20/17913	0.009525	0.062524	0.04493	TUBGCP4/
GO_BP_mfGO:00456f regulation 2/133	20/17913	0.009525	0.062524	0.04493	CD4/CDK6
GO_BP_mfGO:19055f positive re 2/133	20/17913	0.009525	0.062524	0.04493	C3AR1/TH

GO_BP_mfGO:00062fpyrimidine 3/133	59/17913	0.00961	0.062537	0.044939	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00512fcentrosom 3/133	59/17913	0.00961	0.062537	0.044939	BRCA2/C2
GO_BP_mfGO:00726fT cell migr 3/133	59/17913	0.00961	0.062537	0.044939	CCR6/CXC
GO_BP_mfGO:00903fregulation 3/133	59/17913	0.00961	0.062537	0.044939	CDK6/PRK
GO_BP_mfGO:00606fregulation 9/133	480/17913	0.009645	0.062627	0.045004	ACTN2/AF
GO_BP_mfGO:00486fsmooth m 5/133	174/17913	0.009674	0.062685	0.045045	DNMT1/LI
GO_BP_mfGO:00525fregulation 8/133	398/17913	0.009772	0.063181	0.045402	ARRB2/BIN
GO_BP_mfGO:00024fimmune re 8/133	399/17913	0.009911	0.063944	0.04595	ABI1/ARPC
GO_BP_mfGO:00518fmodificati 4/133	113/17913	0.010033	0.064223	0.04615	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00714fcellular res 4/133	113/17913	0.010033	0.064223	0.04615	CDC25A/C
GO_BP_mfGO:00025fsomatic di 3/133	60/17913	0.010062	0.064223	0.04615	CCR6/NBN
GO_BP_mfGO:00164fsomatic ce 3/133	60/17913	0.010062	0.064223	0.04615	CCR6/NBN
GO_BP_mfGO:00507finterleukin 3/133	60/17913	0.010062	0.064223	0.04615	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:00025f leukocyte 9/133	485/17913	0.010275	0.065305	0.046928	CCR6/CCR
GO_BP_mfGO:00433fneutrophil 9/133	485/17913	0.010275	0.065305	0.046928	ALDOA/C3
GO_BP_mfGO:00719fpositive re 7/133	322/17913	0.010307	0.065372	0.046976	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00431freceptor n 5/133	177/17913	0.010365	0.065603	0.047142	ACKR3/AR
GO_BP_mfGO:00319fregulation 2/133	21/17913	0.010476	0.066166	0.047547	DNMT1/SI
GO_BP_mfGO:00434fresponse t 8/133	404/17913	0.01063	0.06695	0.04811	ACTN2/AC
GO_BP_mfGO:00436fregulation 4/133	115/17913	0.010651	0.06695	0.04811	CHEK1/NC
GO_BP_mfGO:00022fneutrophil 9/133	488/17913	0.010667	0.06695	0.04811	ALDOA/C3
GO_BP_mfGO:00030fheart mor 6/133	249/17913	0.010767	0.067437	0.04846	C2CD3/DV
GO_BP_mfGO:00017fsomitogen 3/133	62/17913	0.011002	0.06876	0.049411	ABI1/PALB
GO_BP_mfGO:00439fpositive re 5/133	180/17913	0.011089	0.069165	0.049702	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00019fregulation 4/133	117/17913	0.011294	0.070296	0.050514	CCR7/CDK
GO_BP_mfGO:19053fregulation 5/133	181/17913	0.011338	0.070424	0.050606	ARRB2/DV
GO_BP_mfGO:00342fregulation 2/133	22/17913	0.011468	0.070938	0.050976	CDC73/LE
GO_BP_mfGO:00509fpositive re 2/133	22/17913	0.011468	0.070938	0.050976	S1PR1/VEC
GO_BP_mfGO:00086fapoptotic 4/133	119/17913	0.011961	0.073564	0.052863	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00310fregulation 3/133	64/17913	0.011991	0.073564	0.052863	CTCF/DNM
GO_BP_mfGO:00461fpurine ribc 3/133	64/17913	0.011991	0.073564	0.052863	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00467fregulation 3/133	64/17913	0.011991	0.073564	0.052863	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00091fpurine ribc 9/133	500/17913	0.012352	0.075625	0.054344	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00107fregulation 2/133	23/17913	0.0125	0.075629	0.054347	C3AR1/TH
GO_BP_mfGO:00448fmitotic G2 2/133	23/17913	0.0125	0.075629	0.054347	CLSPN/NB
GO_BP_mfGO:00509fregulation 2/133	23/17913	0.0125	0.075629	0.054347	S1PR1/VEC
GO_BP_mfGO:00511fregulation 2/133	23/17913	0.0125	0.075629	0.054347	ABI2/WAS
GO_BP_mfGO:20007fnegative re 2/133	23/17913	0.0125	0.075629	0.054347	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00065fprotein mc 3/133	65/17913	0.012504	0.075629	0.054347	CDC73/DC
GO_BP_mfGO:00703fpositive re 5/133	186/17913	0.01264	0.076297	0.054827	ACKR3/AR
GO_BP_mfGO:00091fnucleoside 7/133	337/17913	0.012988	0.078022	0.056066	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00180fpeptidyl-l 4/133	122/17913	0.013009	0.078022	0.056066	ASH2L/DN
GO_BP_mfGO:00511fnegative re 3/133	66/17913	0.01303	0.078022	0.056066	CTDP1/DN
GO_BP_mfGO:19052fregulation 3/133	66/17913	0.01303	0.078022	0.056066	ARRB2/CT
GO_BP_mfGO:00301fregulation 6/133	262/17913	0.013567	0.078976	0.056752	ARRB2/BIN
GO_BP_mfGO:00022fsomatic di 3/133	67/17913	0.013568	0.078976	0.056752	CCR6/NBN
GO_BP_mfGO:00422fpurine nuc 3/133	67/17913	0.013568	0.078976	0.056752	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00509fpositive ch 3/133	67/17913	0.013568	0.078976	0.056752	HGF/S1PR
GO_BP_mfGO:00020fpositive re 2/133	24/17913	0.013571	0.078976	0.056752	ARRB2/VE
GO_BP_mfGO:00319fpositive re 2/133	24/17913	0.013571	0.078976	0.056752	NBN/VEGF
GO_BP_mfGO:00900fpositive re 2/133	24/17913	0.013571	0.078976	0.056752	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:19030fpositive re 2/133	24/17913	0.013571	0.078976	0.056752	CCR7/RAB
GO_BP_mfGO:20010fregulation 2/133	24/17913	0.013571	0.078976	0.056752	THBS1/VE
GO_BP_mfGO:20001fnegative re 4/133	124/17913	0.013739	0.078976	0.056752	CDC73/CD
GO_BP_mfGO:00506fepithelial c 8/133	425/17913	0.014077	0.078976	0.056752	BRCA2/CC
GO_BP_mfGO:19013fregulation 8/133	425/17913	0.014077	0.078976	0.056752	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:20012fnegative re 4/133	125/17913	0.014113	0.078976	0.056752	DNMT1/N
GO_BP_mfGO:00516flocalizatio 4/133	126/17913	0.014494	0.078976	0.056752	RAB8A/SE

GO_BP_mfGO:00427fibrinolysis 2/133	25/17913	0.01468	0.078976	0.056752	PROS1/TH
GO_BP_mfGO:00481fregulation 2/133	25/17913	0.01468	0.078976	0.056752	RAB11A/R
GO_BP_mfGO:00610fregulation 2/133	25/17913	0.01468	0.078976	0.056752	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00715fgenetic im 2/133	25/17913	0.01468	0.078976	0.056752	CTCF/DNM
GO_BP_mfGO:00020fdesensitiz 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	ARRB2
GO_BP_mfGO:00031fcoronary v 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	VEGFA
GO_BP_mfGO:00083folfactory k 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	ADCY3
GO_BP_mfGO:00092fpurine dec 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	AK9
GO_BP_mfGO:00190fearly viral 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CCNT2
GO_BP_mfGO:00219fneural plat 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	C2CD3
GO_BP_mfGO:00346fresponse t 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	YY1
GO_BP_mfGO:00354fhistone H 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CHEK1
GO_BP_mfGO:00381fVEGF-acti 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	VEGFA
GO_BP_mfGO:00400fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CTCF
GO_BP_mfGO:00439fhistone H 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	SIN3A
GO_BP_mfGO:00482fGolgi vesic 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	RAB8A
GO_BP_mfGO:00515fmeiotic rec 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	RAD1
GO_BP_mfGO:00516factin filam 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	ACTN2
GO_BP_mfGO:00617fchaperone 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CLU
GO_BP_mfGO:00709fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CXCL6
GO_BP_mfGO:00709fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CXCL6
GO_BP_mfGO:00713fcellular res 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	GAS6
GO_BP_mfGO:00860fphospholi 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	ACTN2
GO_BP_mfGO:00970frenal albu 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	GAS6
GO_BP_mfGO:00970flymphocyt 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CCR7
GO_BP_mfGO:00971fendoplasn 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	STX17
GO_BP_mfGO:00972fhematopo 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	GAS6
GO_BP_mfGO:00976fdouble-str 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	PRKDC
GO_BP_mfGO:00989fdendritic t 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	WASF1
GO_BP_mfGO:19001fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	GAS6
GO_BP_mfGO:19013fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	SEC24B
GO_BP_mfGO:19016fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	SIN3A
GO_BP_mfGO:19023fpositive re 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	VEGFA
GO_BP_mfGO:19029fnegative r 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	BIN1
GO_BP_mfGO:19029fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CLU
GO_BP_mfGO:19039fnegative r 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	BIN1
GO_BP_mfGO:19041fDN2 thym 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CCR6
GO_BP_mfGO:19045fresponse t 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CLU
GO_BP_mfGO:19045fcellular res 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CLU
GO_BP_mfGO:19055fpositive re 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	LDLRAP1
GO_BP_mfGO:19056fpositive re 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	LDLRAP1
GO_BP_mfGO:19057fprotein loc 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	GOLGB1
GO_BP_mfGO:19059fnegative r 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	DNMT1
GO_BP_mfGO:19059fnegative r 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	DNMT1
GO_BP_mfGO:20005fpositive re 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	CCR7
GO_BP_mfGO:20005fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	GAS6
GO_BP_mfGO:20012fregulation 1/133	2/17913	0.014795	0.078976	0.056752	PRKDC
GO_BP_mfGO:00069fcompleme 4/133	128/17913	0.015276	0.081398	0.058492	C3AR1/CF
GO_BP_mfGO:00432fregulation 5/133	196/17913	0.015539	0.082656	0.059397	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00716fpositive re 2/133	26/17913	0.015827	0.083691	0.06014	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00063fDNA alkyl 3/133	71/17913	0.015846	0.083691	0.06014	CTCF/DNM
GO_BP_mfGO:00063fDNA meth 3/133	71/17913	0.015846	0.083691	0.06014	CTCF/DNM
GO_BP_mfGO:19019fregulation 3/133	71/17913	0.015846	0.083691	0.06014	CHEK1/CT
GO_BP_mfGO:19028fnegative r 4/133	130/17913	0.016083	0.084797	0.060935	CDC73/CD
GO_BP_mfGO:20007fregulation 3/133	72/17913	0.016447	0.086561	0.062202	CHEK1/PR
GO_BP_mfGO:00067fNADH reg 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	ALDOA/Pf
GO_BP_mfGO:00331fnegative r 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	HGF/NCK1
GO_BP_mfGO:00439fmodulatio 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	CCNT1/CT

GO_BP_mfGO:00524fmodulatio 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00616fglycolytic p 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	ALDOA/PK
GO_BP_mfGO:00617fglucose ca 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	ALDOA/PK
GO_BP_mfGO:19026fpositive re 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:19052fnegative re 2/133	27/17913	0.017011	0.088242	0.063411	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00724fsignal tran 3/133	73/17913	0.01706	0.088242	0.063411	CHEK1/E2I
GO_BP_mfGO:00724fsignal tran 3/133	73/17913	0.01706	0.088242	0.063411	CHEK1/E2I
GO_BP_mfGO:00434fmacromol 6/133	276/17913	0.017114	0.088367	0.0635	ASH2L/CT
GO_BP_mfGO:20010fregulation 5/133	201/17913	0.017143	0.088367	0.0635	ACKR3/CH
GO_BP_mfGO:00421fT cell activ 8/133	443/17913	0.017628	0.090712	0.065185	CCR6/CCR
GO_BP_mfGO:00723fsignal tran 3/133	74/17913	0.017687	0.090856	0.065289	CHEK1/E2I
GO_BP_mfGO:00426fmuscle cel 7/133	359/17913	0.01778	0.091181	0.065522	ACTN2/AF
GO_BP_mfGO:00436fpost-trans 7/133	360/17913	0.018024	0.092076	0.066165	DDB1/GAS
GO_BP_mfGO:00507fregulation 5/133	204/17913	0.018157	0.092076	0.066165	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00029fregulation 4/133	135/17913	0.018218	0.092076	0.066165	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00457fpositive re 2/133	28/17913	0.018231	0.092076	0.066165	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00506fpositive re 2/133	28/17913	0.018231	0.092076	0.066165	CDC73/LE
GO_BP_mfGO:00523fmodulatio 2/133	28/17913	0.018231	0.092076	0.066165	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00616fglycolytic p 2/133	28/17913	0.018231	0.092076	0.066165	ALDOA/PK
GO_BP_mfGO:00616fglycolytic p 2/133	28/17913	0.018231	0.092076	0.066165	ALDOA/PK
GO_BP_mfGO:00850fextracellul 2/133	28/17913	0.018231	0.092076	0.066165	GAS6/QSC
GO_BP_mfGO:00018fpositive re 8/133	446/17913	0.018278	0.092089	0.066174	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00311fanimal org 3/133	75/17913	0.018326	0.092089	0.066174	GAS6/HGF
GO_BP_mfGO:00723fintrinsic ac 3/133	75/17913	0.018326	0.092089	0.066174	BRCA2/E2I
GO_BP_mfGO:00356fcellular res 7/133	362/17913	0.018519	0.092904	0.066761	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00068fretrograde 3/133	76/17913	0.018977	0.095045	0.068299	COG3/RAE
GO_BP_mfGO:00102fendomem 7/133	365/17913	0.019279	0.096395	0.069269	BIN1/CLU
GO_BP_mfGO:00000fregulation 2/133	29/17913	0.019487	0.097275	0.069902	E2F1/ORC
GO_BP_mfGO:00518fmodificati 3/133	77/17913	0.019642	0.097721	0.070222	CCNT1/CT
GO_BP_mfGO:00903fcellular ser 3/133	77/17913	0.019642	0.097721	0.070222	CDK6/PRK
GO_BP_mfGO:00024fimmune re 4/133	139/17913	0.020046	0.099003	0.071143	ABI1/ARPC
GO_BP_mfGO:00326fregulation 4/133	139/17913	0.020046	0.099003	0.071143	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00380fFc-gamm 4/133	139/17913	0.020046	0.099003	0.071143	ABI1/ARPC
GO_BP_mfGO:00327fpositive re 3/133	78/17913	0.020319	0.099003	0.071143	CLU/ORM
GO_BP_mfGO:00506fregulation 7/133	369/17913	0.020326	0.099003	0.071143	BRCA2/CC
GO_BP_mfGO:00346fresponse t 2/133	30/17913	0.020779	0.099003	0.071143	CCR7/YY1
GO_BP_mfGO:00900fregulation 2/133	30/17913	0.020779	0.099003	0.071143	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00380fFc-gamm 4/133	141/17913	0.021002	0.099003	0.071143	ABI1/ARPC
GO_BP_mfGO:00024fFc recepto 4/133	142/17913	0.021489	0.099003	0.071143	ABI1/ARPC
GO_BP_mfGO:00031foutflow tra 3/133	80/17913	0.021712	0.099003	0.071143	DVL2/SEC
GO_BP_mfGO:00071fcell-matrix 5/133	214/17913	0.021818	0.099003	0.071143	ACTN2/CC
GO_BP_mfGO:00199fcAMP-me 4/133	143/17913	0.021984	0.099003	0.071143	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:19036fregulation 4/133	143/17913	0.021984	0.099003	0.071143	E2F2/PKM
GO_BP_mfGO:00070fcentriole r 2/133	31/17913	0.022106	0.099003	0.071143	C2CD3/CE
GO_BP_mfGO:00166fRac protei 2/133	31/17913	0.022106	0.099003	0.071143	ABI2/WAS
GO_BP_mfGO:00357fendothelia 2/133	31/17913	0.022106	0.099003	0.071143	THBS1/VE
GO_BP_mfGO:19013fnegative re 2/133	31/17913	0.022106	0.099003	0.071143	ACTN2/BI
GO_BP_mfGO:19022fnegative re 2/133	31/17913	0.022106	0.099003	0.071143	ACKR3/CL
GO_BP_mfGO:00007fDNA recor 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	RAD51
GO_BP_mfGO:00021fcap-deper 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	NCK1
GO_BP_mfGO:00024fimmune c 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CLU
GO_BP_mfGO:00025fnegative re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	THBS1
GO_BP_mfGO:00032fcardiac mt 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	S1PR1
GO_BP_mfGO:00107fnegative re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	THBS1
GO_BP_mfGO:00107fnegative re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	THBS1
GO_BP_mfGO:00107fregulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CHEK1
GO_BP_mfGO:00107fregulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	RAB11A
GO_BP_mfGO:00140fneural plat 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	DVL2

GO_BP_mfGO:00217 cochlear n 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	SEC24B
GO_BP_mfGO:00220 convergen 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	DVL2
GO_BP_mfGO:00323 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	LDLRAP1
GO_BP_mfGO:00323 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	LDLRAP1
GO_BP_mfGO:00323 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	LDLRAP1
GO_BP_mfGO:00364 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	NCK1
GO_BP_mfGO:00380 VEGF-acti 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	VEGFA
GO_BP_mfGO:00380 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	VEGFA
GO_BP_mfGO:00421 strand inv 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	WRN
GO_BP_mfGO:00426 follicle-stir 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	ARRB2
GO_BP_mfGO:00450 double-str 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	RAD51
GO_BP_mfGO:00460 dADP met 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	AK9
GO_BP_mfGO:00460 dGDP met 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	AK9
GO_BP_mfGO:00515 response t 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	SIN3A
GO_BP_mfGO:00604 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CCR6
GO_BP_mfGO:00609 cardiac va 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	VEGFA
GO_BP_mfGO:00617 protein tar 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CLU
GO_BP_mfGO:00709 regulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CXCL6
GO_BP_mfGO:00719 negative r 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	E2F1
GO_BP_mfGO:00897 protein kir 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	VEGFA
GO_BP_mfGO:00907 DNA repai 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	RAD51
GO_BP_mfGO:00970 renal prot 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	GAS6
GO_BP_mfGO:00975 stress resp 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	VEGFA
GO_BP_mfGO:00975 cellular str 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	VEGFA
GO_BP_mfGO:01061 negative r 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	BIN1
GO_BP_mfGO:19029 neurofibril 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CLU
GO_BP_mfGO:19036 regulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	NCK1
GO_BP_mfGO:19036 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	NCK1
GO_BP_mfGO:19045 response t 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CLU
GO_BP_mfGO:19045 cellular res 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CLU
GO_BP_mfGO:19046 midbrain r 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	SOS1
GO_BP_mfGO:19048 negative r 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	BIN1
GO_BP_mfGO:19052 negative r 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	BIN1
GO_BP_mfGO:19053 mesenchy 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	ACKR3
GO_BP_mfGO:19053 regulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	ACKR3
GO_BP_mfGO:19053 positive re 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	ACKR3
GO_BP_mfGO:20005 regulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CCR7
GO_BP_mfGO:20005 regulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CCR7
GO_BP_mfGO:20005 regulation 1/133	3/17913	0.022111	0.099003	0.071143	CCR7
GO_BP_mfGO:00147 striated m 7/133	376/17913	0.022253	0.099493	0.071496	ACTN2/AF
GO_BP_mfGO:00063 double-str 3/133	81/17913	0.022428	0.09953	0.071522	MDC1/NB
GO_BP_mfGO:00070 cell-substr 3/133	81/17913	0.022428	0.09953	0.071522	ACTN2/TH
GO_BP_mfGO:00480 focal adhe 3/133	81/17913	0.022428	0.09953	0.071522	ACTN2/TH
GO_BP_mfGO:00610 somite dev 3/133	81/17913	0.022428	0.09953	0.071522	ABI1/PALB
GO_BP_mfGO:19035 positive re 3/133	81/17913	0.022428	0.09953	0.071522	CLU/ORM
GO_BP_mfGO:00351 tube form 4/133	144/17913	0.022486	0.099643	0.071603	DVL2/SEC
GO_BP_mfGO:00485 developm 5/133	216/17913	0.022603	0.100015	0.071871	CTDP1/RA
GO_BP_mfGO:00550 striated m 4/133	145/17913	0.022995	0.101598	0.073008	ACTN2/CT
GO_BP_mfGO:00326 regulation 3/133	82/17913	0.023156	0.102158	0.07341	ARRB2/CC
GO_BP_mfGO:00550 negative r 2/133	32/17913	0.023466	0.102923	0.07396	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00611 negative r 2/133	32/17913	0.023466	0.102923	0.07396	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00613 heart trab 2/133	32/17913	0.023466	0.102923	0.07396	S1PR1/SO
GO_BP_mfGO:19040 positive re 2/133	32/17913	0.023466	0.102923	0.07396	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00000 regulation 3/133	83/17913	0.023897	0.104506	0.075097	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00063 chromatin 3/133	83/17913	0.023897	0.104506	0.075097	DNMT1/D
GO_BP_mfGO:00198 antigen pr 5/133	220/17913	0.02423	0.105806	0.076032	CCR7/SEC
GO_BP_mfGO:00457 regulation 7/133	383/17913	0.024304	0.105977	0.076155	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00488 multicellul 8/133	472/17913	0.024645	0.107177	0.077017	ADCY3/AL

GO_BP_mfGO:00000:regulation	3/133	84/17913	0.024651	0.107177	0.077017	CHEK1/RA
GO_BP_mfGO:00480:neurotropl	2/133	33/17913	0.024861	0.107777	0.077448	SOS1/WAS
GO_BP_mfGO:00972:amyloid-b	2/133	33/17913	0.024861	0.107777	0.077448	CLU/RAB1
GO_BP_mfGO:00068:receptor-r	6/133	301/17913	0.02495	0.10801	0.077616	ACKR3/AR
GO_BP_mfGO:20001:regulation	5/133	222/17913	0.02507	0.108345	0.077857	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00326:interleukin	4/133	149/17913	0.0251	0.108345	0.077857	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00705:response t	3/133	85/17913	0.025417	0.109558	0.078728	CCR7/E2F1
GO_BP_mfGO:20012:negative r	5/133	223/17913	0.025498	0.109746	0.078863	ACKR3/AR
GO_BP_mfGO:19030:meiotic ce	4/133	151/17913	0.026195	0.112272	0.080678	BRCA2/RA
GO_BP_mfGO:00331:positive re	3/133	86/17913	0.026197	0.112272	0.080678	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00610:regulation	3/133	86/17913	0.026197	0.112272	0.080678	ABI1/DVL2
GO_BP_mfGO:00607:cell fate cc	2/133	34/17913	0.026288	0.112342	0.080728	CDC73/LEI
GO_BP_mfGO:19026:regulation	2/133	34/17913	0.026288	0.112342	0.080728	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:19040:regulation	3/133	87/17913	0.026989	0.115036	0.082664	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00605:muscle tiss	7/133	392/17913	0.027128	0.115036	0.082664	ACTN2/AF
GO_BP_mfGO:00094:response t	6/133	307/17913	0.027137	0.115036	0.082664	BRCA2/CD
GO_BP_mfGO:00069:phagocyt	6/133	308/17913	0.027513	0.115036	0.082664	ABI1/ARPC
GO_BP_mfGO:00482:macroph	2/133	35/17913	0.027748	0.115036	0.082664	C3AR1/TH
GO_BP_mfGO:00985:centriole a	2/133	35/17913	0.027748	0.115036	0.082664	C2CD3/CE
GO_BP_mfGO:00310:positive re	3/133	88/17913	0.027794	0.115036	0.082664	DNMT1/PI
GO_BP_mfGO:19040:regulation	3/133	88/17913	0.027794	0.115036	0.082664	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00219:neural tub	4/133	155/17913	0.028469	0.115036	0.082664	C2CD3/DV
GO_BP_mfGO:00007:non-recor	3/133	89/17913	0.028611	0.115036	0.082664	MDC1/NB
GO_BP_mfGO:00091:ribonuclec	3/133	89/17913	0.028611	0.115036	0.082664	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00311:mRNA 3'-	3/133	89/17913	0.028611	0.115036	0.082664	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00447:DNA meth	3/133	89/17913	0.028611	0.115036	0.082664	CTCF/DNM
GO_BP_mfGO:00512:protein ho	3/133	89/17913	0.028611	0.115036	0.082664	ACTN2/AL
GO_BP_mfGO:20012:regulation	7/133	397/17913	0.028789	0.115036	0.082664	ACKR3/AR
GO_BP_mfGO:00060:glucose ca	2/133	36/17913	0.029239	0.115036	0.082664	ALDOA/PK
GO_BP_mfGO:00067:NADH me	2/133	36/17913	0.029239	0.115036	0.082664	ALDOA/PK
GO_BP_mfGO:00081:negative r	2/133	36/17913	0.029239	0.115036	0.082664	BRCA2/TTI
GO_BP_mfGO:00988:regulation	2/133	36/17913	0.029239	0.115036	0.082664	AVPR2/GA
GO_BP_mfGO:19055:regulation	2/133	36/17913	0.029239	0.115036	0.082664	C3AR1/TH
GO_BP_mfGO:00024:myeloid d	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CCR7
GO_BP_mfGO:00026:negative r	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	THBS1
GO_BP_mfGO:00031:positive re	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	GAS6
GO_BP_mfGO:00070:mitotic chr	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	DLGAP5
GO_BP_mfGO:00072:vitellogen	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	SOS1
GO_BP_mfGO:00091:purine dec	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	AK9
GO_BP_mfGO:00091:deoxyribo	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	AK9
GO_BP_mfGO:00107:regulation	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	THBS1
GO_BP_mfGO:00107:negative r	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	THBS1
GO_BP_mfGO:00159:plasma m	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	THBS1
GO_BP_mfGO:00162:autophag	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	STX17
GO_BP_mfGO:00190:late viral tr	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CCNT2
GO_BP_mfGO:00300:microspike	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	ACTN2
GO_BP_mfGO:00318:telomeric	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	NBN
GO_BP_mfGO:00325:response t	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	GAS6
GO_BP_mfGO:00333:meiotic ce	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	RAD1
GO_BP_mfGO:00333:mitotic DN	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CLSPN
GO_BP_mfGO:00336:negative r	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	BRCA2
GO_BP_mfGO:00358:negative r	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	AVPR2
GO_BP_mfGO:00359:COPI-coat	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	TMED10
GO_BP_mfGO:00381:chemokin	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CCR7
GO_BP_mfGO:00381:neuropilin	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	VEGFA
GO_BP_mfGO:00467:positive re	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	DDB1
GO_BP_mfGO:00482:Golgi tran	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	TMED10
GO_BP_mfGO:00482:COPI coat	1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	TMED10

GO_BP_mfGO:00603: primitive e 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	VEGFA
GO_BP_mfGO:00606: regulation 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	HGF
GO_BP_mfGO:00609: lipid tube 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	BIN1
GO_BP_mfGO:00610: negative re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	PHF1
GO_BP_mfGO:00706: regulation 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CTCF
GO_BP_mfGO:00708: phosphory 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CDK12
GO_BP_mfGO:00712: protein tar 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CLU
GO_BP_mfGO:00727: cellular res 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	RAD51
GO_BP_mfGO:00902: positive re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CLU
GO_BP_mfGO:00970: lymphocyt 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CCR7
GO_BP_mfGO:00970: dendritic c 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CCR7
GO_BP_mfGO:00970: mature co 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CCR7
GO_BP_mfGO:00972: oligodend 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	GAS6
GO_BP_mfGO:19000: positive re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	VEGFA
GO_BP_mfGO:19002: negative re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	DNMT1
GO_BP_mfGO:19039: negative re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	NCK1
GO_BP_mfGO:19046: positive re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	NCK1
GO_BP_mfGO:19059: positive re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	CLU
GO_BP_mfGO:19904: negative re 1/133	4/17913	0.029372	0.115036	0.082664	NCK1
GO_BP_mfGO:00343: adherens j 3/133	90/17913	0.029441	0.115155	0.08275	ACTN2/TH
GO_BP_mfGO:00973: response t 5/133	232/17913	0.029555	0.115447	0.08296	ADCY3/AC
GO_BP_mfGO:00008: sister chro 4/133	157/17913	0.02965	0.115668	0.083119	CTCF/DLG
GO_BP_mfGO:00092: purine ribc 6/133	314/17913	0.029844	0.116276	0.083556	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:19016: response t 8/133	491/17913	0.030188	0.117401	0.084364	ACTN2/AC
GO_BP_mfGO:00321: positive re 6/133	315/17913	0.030245	0.117401	0.084364	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00022: hematopo 4/133	158/17913	0.03025	0.117401	0.084364	CDK6/PRK
GO_BP_mfGO:00106: negative re 2/133	37/17913	0.030763	0.119081	0.085571	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00302: hyaluronat 2/133	37/17913	0.030763	0.119081	0.085571	HGF/ITIH4
GO_BP_mfGO:00456: negative re 3/133	92/17913	0.03114	0.120386	0.086509	CDC73/CD
GO_BP_mfGO:00030: regionaliz 6/133	318/17913	0.031468	0.121207	0.087099	ABI1/DVL2
GO_BP_mfGO:00026: regulation 4/133	160/17913	0.031474	0.121207	0.087099	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00358: modificati 4/133	160/17913	0.031474	0.121207	0.087099	CCNT1/CE
GO_BP_mfGO:00091: ribonuclec 6/133	319/17913	0.031883	0.122628	0.08812	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00726: protein loc 5/133	237/17913	0.031975	0.122636	0.088126	ACTN2/GA
GO_BP_mfGO:00326: interleukin 3/133	93/17913	0.032008	0.122636	0.088126	ARRB2/CC
GO_BP_mfGO:00480: vascular er 3/133	93/17913	0.032008	0.122636	0.088126	ABI1/NCK:
GO_BP_mfGO:00432: negative re 2/133	38/17913	0.032316	0.123345	0.088636	ACTN2/BII
GO_BP_mfGO:00432: apoptotic 2/133	38/17913	0.032316	0.123345	0.088636	GAS6/THB
GO_BP_mfGO:19040: positive re 2/133	38/17913	0.032316	0.123345	0.088636	ARRB2/TH
GO_BP_mfGO:00073: pattern sp 7/133	408/17913	0.032686	0.124274	0.089303	ABI1/C2CE
GO_BP_mfGO:00439: regulation 7/133	408/17913	0.032686	0.124274	0.089303	CCNT1/CE
GO_BP_mfGO:00091: purine nuc 6/133	321/17913	0.032724	0.124274	0.089303	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00513: regulation 4/133	162/17913	0.032725	0.124274	0.089303	BRCA2/RA
GO_BP_mfGO:00486: cell morph 8/133	500/17913	0.033092	0.125408	0.090118	ABI1/ABI2:
GO_BP_mfGO:00315: cell-substr 6/133	322/17913	0.033149	0.125408	0.090118	ACTN2/CC
GO_BP_mfGO:00434: regulation 6/133	322/17913	0.033149	0.125408	0.090118	CDK12/DV
GO_BP_mfGO:00506: negative re 4/133	163/17913	0.033362	0.126054	0.090582	BRCA2/CD
GO_BP_mfGO:00718: protein-DI 5/133	240/17913	0.033485	0.126076	0.090598	CTCF/DDB
GO_BP_mfGO:00024: antigen pr 3/133	95/17913	0.033782	0.126076	0.090598	SEC24A/SI
GO_BP_mfGO:00085: female goi 3/133	95/17913	0.033782	0.126076	0.090598	ARRB2/BR
GO_BP_mfGO:00332: response t 3/133	95/17913	0.033782	0.126076	0.090598	CD4/DNM
GO_BP_mfGO:00725: pyrimidine 3/133	95/17913	0.033782	0.126076	0.090598	NME3/NM
GO_BP_mfGO:00032: physiologi 2/133	39/17913	0.033901	0.126076	0.090598	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00033: physiologi 2/133	39/17913	0.033901	0.126076	0.090598	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00147: negative re 2/133	39/17913	0.033901	0.126076	0.090598	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00310: positive re 2/133	39/17913	0.033901	0.126076	0.090598	DNMT1/PI
GO_BP_mfGO:00381: neurotropl 2/133	39/17913	0.033901	0.126076	0.090598	SOS1/WA:
GO_BP_mfGO:00610: cell growt 2/133	39/17913	0.033901	0.126076	0.090598	CTDP1/YY

GO_BP_mfGO:19022fregulation 2/133	39/17913	0.033901	0.126076	0.090598	ACKR3/CL
GO_BP_mfGO:00380fFc recepto 5/133	241/17913	0.033998	0.126076	0.090598	ABI1/ARPC
GO_BP_mfGO:00488fhomeosta 5/133	241/17913	0.033998	0.126076	0.090598	CCR7/CDK
GO_BP_mfGO:00518fregulation 5/133	241/17913	0.033998	0.126076	0.090598	ARRB2/CC
GO_BP_mfGO:00070fcell-substr 3/133	96/17913	0.034688	0.128316	0.092207	ACTN2/TH
GO_BP_mfGO:00106fregulation 3/133	96/17913	0.034688	0.128316	0.092207	ARRB2/DN
GO_BP_mfGO:00330fmuscle cel 5/133	243/17913	0.035039	0.128957	0.092668	DNMT1/LI
GO_BP_mfGO:00319fregulation 2/133	40/17913	0.035515	0.128957	0.092668	NBN/VEGF
GO_BP_mfGO:00326fnegative r 2/133	40/17913	0.035515	0.128957	0.092668	ARRB2/GA
GO_BP_mfGO:00466fnegative r 2/133	40/17913	0.035515	0.128957	0.092668	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00198fantigen pr 3/133	97/17913	0.035606	0.128957	0.092668	SEC24A/Sf
GO_BP_mfGO:00347fnegative r 3/133	97/17913	0.035606	0.128957	0.092668	ACTN2/BI
GO_BP_mfGO:19027fnegative r 3/133	97/17913	0.035606	0.128957	0.092668	CHEK1/CL
GO_BP_mfGO:00023fimmunogl 3/133	98/17913	0.036537	0.128957	0.092668	CCR6/NBN
GO_BP_mfGO:00021fcap-indep 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	NCK1
GO_BP_mfGO:00025fsomatic di 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	PRKDC
GO_BP_mfGO:00025fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	THBS1
GO_BP_mfGO:00026fsomatic re 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	PRKDC
GO_BP_mfGO:00032fgrowth inv 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	S1PR1
GO_BP_mfGO:00092fdeoxyribo 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	AK9
GO_BP_mfGO:00215fsomatic m 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	TCTN1
GO_BP_mfGO:00220finterkinetic 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	PCM1
GO_BP_mfGO:00301fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	NBN
GO_BP_mfGO:00331fT cell rece 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	PRKDC
GO_BP_mfGO:00344fprotein loc 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	STX17
GO_BP_mfGO:00358fnegative r 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	AVPR2
GO_BP_mfGO:00380fpositive re 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	VEGFA
GO_BP_mfGO:00468freceptor-r 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	GAS6
GO_BP_mfGO:00510fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	RAB11A
GO_BP_mfGO:00511fpositive re 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	RAD51
GO_BP_mfGO:00703flens fiber c 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	ABI2
GO_BP_mfGO:00709fneutrophil 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	CXCL6
GO_BP_mfGO:00709fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	CXCL6
GO_BP_mfGO:00902fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	VEGFA
GO_BP_mfGO:00906fcell differe 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	DNMT1
GO_BP_mfGO:19000fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	VEGFA
GO_BP_mfGO:19015fresponse t 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	RAD51
GO_BP_mfGO:19038fnegative r 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	NCK1
GO_BP_mfGO:19044fprotein loc 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	TCTN1
GO_BP_mfGO:19046fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	NCK1
GO_BP_mfGO:19054fvascular sr 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	DNMT1
GO_BP_mfGO:19056fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	LDLRAP1
GO_BP_mfGO:19059fnegative r 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	CLU
GO_BP_mfGO:19059fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	DNMT1
GO_BP_mfGO:19059fregulation 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	DNMT1
GO_BP_mfGO:20011fpositive re 1/133	5/17913	0.036581	0.128957	0.092668	ACTN2
GO_BP_mfGO:00011fresponse t 6/133	330/17913	0.036685	0.129171	0.092822	CCR7/DNM
GO_BP_mfGO:00105fregulation 2/133	41/17913	0.037158	0.130532	0.0938	CHEK1/RA
GO_BP_mfGO:00457fpositive re 2/133	41/17913	0.037158	0.130532	0.0938	RAB11A/V
GO_BP_mfGO:00018fblastocyst 3/133	99/17913	0.037481	0.131511	0.094504	BRCA2/NE
GO_BP_mfGO:00018fneural tub 3/133	100/17913	0.038437	0.134237	0.096462	DVL2/SEC
GO_BP_mfGO:00024fantigen pr 3/133	100/17913	0.038437	0.134237	0.096462	SEC24A/Sf
GO_BP_mfGO:00106fmuscle cel 3/133	100/17913	0.038437	0.134237	0.096462	ARRB2/DN
GO_BP_mfGO:00465fdevelopm 3/133	100/17913	0.038437	0.134237	0.096462	ARRB2/BR
GO_BP_mfGO:00358fvascular sr 2/133	42/17913	0.03883	0.134697	0.096793	DNMT1/VI
GO_BP_mfGO:00482flymphocyt 2/133	42/17913	0.03883	0.134697	0.096793	CXCR3/GA
GO_BP_mfGO:00514fregulation 2/133	42/17913	0.03883	0.134697	0.096793	CCR7/MYC
GO_BP_mfGO:00434fpositive re 5/133	250/17913	0.038838	0.134697	0.096793	DVL2/FPR

GO_BP_mfGO:00905f sensory or 5/133	250/17913	0.038838	0.134697	0.096793	ABI2/DVL2
GO_BP_mfGO:20000f regulation 5/133	250/17913	0.038838	0.134697	0.096793	ARRB2/DV
GO_BP_mfGO:00550f regulation 3/133	101/17913	0.039405	0.136399	0.098016	ARRB2/CT
GO_BP_mfGO:00517f regulation 4/133	172/17913	0.039419	0.136399	0.098016	CHEK1/DL
GO_BP_mfGO:00322f methylatio 6/133	336/17913	0.039489	0.136484	0.098077	ASH2L/CT
GO_BP_mfGO:00106f positive re 4/133	173/17913	0.040129	0.138375	0.099436	CCR6/RAB
GO_BP_mfGO:00706f regulation 4/133	173/17913	0.040129	0.138375	0.099436	C3AR1/CL
GO_BP_mfGO:00062f regulation 3/133	102/17913	0.040385	0.138961	0.099857	BRCA2/NE
GO_BP_mfGO:00511f negative r 2/133	43/17913	0.04053	0.138961	0.099857	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00550f negative r 2/133	43/17913	0.04053	0.138961	0.099857	CTDP1/YY
GO_BP_mfGO:00970f dendritic c 2/133	43/17913	0.04053	0.138961	0.099857	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:19900f cellular res 2/133	43/17913	0.04053	0.138961	0.099857	E2F1/WAS
GO_BP_mfGO:00108f regulation 4/133	175/17913	0.041569	0.142036	0.102066	ARRB2/CL
GO_BP_mfGO:00359f response t 4/133	175/17913	0.041569	0.142036	0.102066	CLU/NCK1
GO_BP_mfGO:19033f regulation 4/133	175/17913	0.041569	0.142036	0.102066	C3AR1/CL
GO_BP_mfGO:00072f positive re 5/133	255/17913	0.041699	0.142318	0.10227	C3AR1/CC
GO_BP_mfGO:00302f macrophag 2/133	44/17913	0.042258	0.143735	0.103288	CD4/VEGF
GO_BP_mfGO:00507f regulation 2/133	44/17913	0.042258	0.143735	0.103288	CCR7/ORM
GO_BP_mfGO:19035f negative r 2/133	44/17913	0.042258	0.143735	0.103288	CLU/NCK1
GO_BP_mfGO:00190f viral transc 4/133	177/17913	0.043039	0.143868	0.103383	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:20000f regulation 4/133	177/17913	0.043039	0.143868	0.103383	CDC73/CC
GO_BP_mfGO:00326f interferon- 3/133	105/17913	0.043401	0.143868	0.103383	AVPR2/CC
GO_BP_mfGO:00013f replicative 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	WRN
GO_BP_mfGO:00023f B cell linea 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	PRKDC
GO_BP_mfGO:00024f compleme 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	C3AR1
GO_BP_mfGO:00028f positive re 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	CCR7
GO_BP_mfGO:00107f negative r 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	THBS1
GO_BP_mfGO:00165f nucleosom 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	CTCF
GO_BP_mfGO:00303f fructose 1, 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	ALDOA
GO_BP_mfGO:00315f intra-S DN 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	MDC1
GO_BP_mfGO:00320f positive re 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	NCK1
GO_BP_mfGO:00322f central ner 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	CLU
GO_BP_mfGO:00357f hematopo 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	GAS6
GO_BP_mfGO:00364f eiF2alpha 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	NCK1
GO_BP_mfGO:00443f canonical 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	DVL2
GO_BP_mfGO:00458f positive re 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	DLGAP5
GO_BP_mfGO:00484f replication 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	BRCA2
GO_BP_mfGO:00511f regulation 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	RAD51
GO_BP_mfGO:00600f convergen 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	DVL2
GO_BP_mfGO:00611f pulmonary 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	SEC24B
GO_BP_mfGO:00614f positive re 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	VEGFA
GO_BP_mfGO:00615f centriole e 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	C2CD3
GO_BP_mfGO:00615f microglial 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	CLU
GO_BP_mfGO:00726f thymocyte 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	CCR6
GO_BP_mfGO:00901f receptor-r 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	LDLRAP1
GO_BP_mfGO:00974f motor neu 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	VEGFA
GO_BP_mfGO:00989f dendritic t 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	WASF1
GO_BP_mfGO:19017f positive re 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	VEGFA
GO_BP_mfGO:19019f positive re 1/133	6/17913	0.043736	0.143868	0.103383	DLGAP5
GO_BP_mfGO:00512f protein ho 6/133	345/17913	0.043947	0.144148	0.103584	ACTN2/AL
GO_BP_mfGO:00359f endoderm 2/133	45/17913	0.044013	0.144148	0.103584	CDC73/LE
GO_BP_mfGO:00716f regulation 2/133	45/17913	0.044013	0.144148	0.103584	C3AR1/TH
GO_BP_mfGO:19030f regulation 2/133	45/17913	0.044013	0.144148	0.103584	CCR7/RAB
GO_BP_mfGO:00020f columnar/ 3/133	106/17913	0.04443	0.144881	0.104111	B9D1/CDK
GO_BP_mfGO:00303f DNA dam 3/133	106/17913	0.04443	0.144881	0.104111	BRCA2/E2
GO_BP_mfGO:00432f response t 3/133	106/17913	0.04443	0.144881	0.104111	DNMT3A/
GO_BP_mfGO:00550f cardiac mt 3/133	106/17913	0.04443	0.144881	0.104111	CTDP1/S1
GO_BP_mfGO:00165f protein de 5/133	260/17913	0.044686	0.145556	0.104596	ARRB2/CD

GO_BP_mfGO:00508T cell rece	4/133	180/17913	0.045297	0.147388	0.105913	CCR7/CD3
GO_BP_mfGO:00311RNA 3'-en	3/133	107/17913	0.045472	0.147796	0.106206	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00316protein de	2/133	46/17913	0.045795	0.148365	0.106614	CDC73/PR
GO_BP_mfGO:19900response t	2/133	46/17913	0.045795	0.148365	0.106614	E2F1/WAS
GO_BP_mfGO:20001negative r	2/133	46/17913	0.045795	0.148365	0.106614	CCR7/GAS
GO_BP_mfGO:00020sprouting	4/133	181/17913	0.046065	0.149077	0.107126	E2F2/PKM.
GO_BP_mfGO:00026regulation	7/133	441/17913	0.046447	0.150121	0.107877	ARRB2/C3.
GO_BP_mfGO:00506regulation	3/133	108/17913	0.046526	0.150121	0.107877	CCNT1/CC
GO_BP_mfGO:00511striated m	5/133	263/17913	0.046538	0.150121	0.107877	ACTN2/AR
GO_BP_mfGO:00099anterior/p	4/133	182/17913	0.046839	0.150933	0.10846	ABI1/PALB
GO_BP_mfGO:00485camera-ty	3/133	109/17913	0.047592	0.151764	0.109057	ABI2/VEGF
GO_BP_mfGO:00901regulation	3/133	109/17913	0.047592	0.151764	0.109057	ARRB2/DV
GO_BP_mfGO:00022somatic re	2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	CCR6/NBN
GO_BP_mfGO:00022somatic di	2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	CCR6/NBN
GO_BP_mfGO:00330cellular pi	2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	POMC/RA
GO_BP_mfGO:00447multi-org	2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	CD4/GAS6
GO_BP_mfGO:00451isotype sw	2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	CCR6/NBN
GO_BP_mfGO:00481regulation	2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	RAB11A/R.
GO_BP_mfGO:00613trabecula	r 2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	S1PR1/SO.
GO_BP_mfGO:19007regulation	2/133	47/17913	0.047603	0.151764	0.109057	HGF/VEGF
GO_BP_mfGO:00109positive re	5/133	265/17913	0.047797	0.152221	0.109386	DVL2/HGF
GO_BP_mfGO:00108positive re	3/133	110/17913	0.048669	0.154749	0.111202	CCR7/CDK
GO_BP_mfGO:00511regulation	4/133	185/17913	0.049207	0.154749	0.111202	ARRB2/CT
GO_BP_mfGO:00346nucleobas	2/133	48/17913	0.049437	0.154749	0.111202	ENTPD1/E
GO_BP_mfGO:00433negative r	2/133	48/17913	0.049437	0.154749	0.111202	E2F1/SIN3
GO_BP_mfGO:00458positive re	2/133	48/17913	0.049437	0.154749	0.111202	DLGAP5/N
GO_BP_mfGO:00616histone H	2/133	48/17913	0.049437	0.154749	0.111202	CHEK1/DN
GO_BP_mfGO:00903regulation	2/133	48/17913	0.049437	0.154749	0.111202	BRCA2/NE
GO_BP_mfGO:19035regulation	2/133	48/17913	0.049437	0.154749	0.111202	THBS1/VE
GO_BP_mfGO:00434protein kir	5/133	268/17913	0.049725	0.154749	0.111202	ARRB2/CC
GO_BP_mfGO:00067ATP gener	3/133	111/17913	0.049759	0.154749	0.111202	AK9/ALDC
GO_BP_mfGO:00109regulation	4月26日	171/17913	0.000102	0.002681	0.001444	PPP1R12A
GO_BP_mfGO:00193cyclooxyge	2月26日	11/17913	0.000111	0.002803	0.00151	PTGS1/PT
GO_BP_mfGO:00193epoxygen	2月26日	11/17913	0.000111	0.002803	0.00151	CYP2C8/C
GO_BP_mfGO:00436inositol ph	3月26日	68/17913	0.000128	0.003123	0.001683	INPP5E/M
GO_BP_mfGO:00508negative r	3月26日	68/17913	0.000128	0.003123	0.001683	MTMR2/P
GO_BP_mfGO:00341positive re	2月26日	16/17913	0.00024	0.005563	0.002998	ALOX15/L
GO_BP_mfGO:00461polyol cat	2月26日	16/17913	0.00024	0.005563	0.002998	INPP5E/M
GO_BP_mfGO:19002regulation	2月26日	16/17913	0.00024	0.005563	0.002998	ROCK1/TR
GO_BP_mfGO:00192regulation	5月26日	402/17913	0.000248	0.005638	0.003038	FGR/MTM
GO_BP_mfGO:00900regulation	5月26日	442/17913	0.000383	0.008584	0.004625	ALOX12/A
GO_BP_mfGO:00353peptidyl-t	3月26日	101/17913	0.000412	0.008923	0.004808	MTMR2/M
GO_BP_mfGO:00714cellular res	2月26日	21/17913	0.000418	0.008923	0.004808	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:20001regulation	2月26日	21/17913	0.000418	0.008923	0.004808	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00102response t	2月26日	22/17913	0.00046	0.009653	0.005202	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00328regulation	2月26日	23/17913	0.000503	0.010243	0.005519	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00519positive re	2月26日	23/17913	0.000503	0.010243	0.005519	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00301regulation	4月26日	262/17913	0.000519	0.010409	0.005609	ALOX15/F
GO_BP_mfGO:00108positive re	3月26日	110/17913	0.000529	0.010446	0.005629	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00197polyol met	3月26日	115/17913	0.000602	0.011721	0.006316	INPP5E/M
GO_BP_mfGO:00341regulation	2月26日	26/17913	0.000644	0.012199	0.006573	ALOX15/L
GO_BP_mfGO:00701negative r	2月26日	26/17913	0.000644	0.012199	0.006573	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00468phosphatic	2月26日	27/17913	0.000695	0.01298	0.006994	PI4KA/PIP
GO_BP_mfGO:00015prostaglan	2月26日	28/17913	0.000748	0.013387	0.007214	PTGS1/PT
GO_BP_mfGO:00464prostanoic	2月26日	28/17913	0.000748	0.013387	0.007214	PTGS1/PT
GO_BP_mfGO:19907response t	2月26日	28/17913	0.000748	0.013387	0.007214	PTGS2/RO
GO_BP_mfGO:00352regulation	3月26日	125/17913	0.000767	0.013387	0.007214	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00977regulation	3月26日	125/17913	0.000767	0.013387	0.007214	ALOX12/P

GO_BP_mfGO:00105fpositive re	3月26日	129/17913	0.00084	0.014481	0.007803	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00508fregulation	3月26日	133/17913	0.000918	0.01562	0.008417	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00351fregulation	3月26日	134/17913	0.000938	0.015763	0.008494	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00435fpositive re	2月26日	32/17913	0.000978	0.016232	0.008746	FGR/PTK2f
GO_BP_mfGO:00105fregulation	4月26日	314/17913	0.001021	0.016647	0.00897	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00972famyloid-b	2月26日	33/17913	0.00104	0.016647	0.00897	ROCK1/TR
GO_BP_mfGO:20007fregulation	2月26日	33/17913	0.00104	0.016647	0.00897	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00432fnegative re	3月26日	144/17913	0.001155	0.017693	0.009534	CYP4F2/PT
GO_BP_mfGO:00458fpositive re	3月26日	144/17913	0.001155	0.017693	0.009534	FGR/PTGS
GO_BP_mfGO:00902fpositive re	2月26日	36/17913	0.001238	0.017693	0.009534	FGR/PTK2f
GO_BP_mfGO:19055fregulation	2月26日	36/17913	0.001238	0.017693	0.009534	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00458fpositive re	4月26日	333/17913	0.001269	0.017693	0.009534	ALOX12/Li
GO_BP_mfGO:00344fresponse t	2月26日	37/17913	0.001308	0.017693	0.009534	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:00432fapoptotic	2月26日	38/17913	0.001379	0.017693	0.009534	ALOX15/T
GO_BP_mfGO:00440fregulation	2月26日	38/17913	0.001379	0.017693	0.009534	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00313fpositive re	4月26日	341/17913	0.001385	0.017693	0.009534	PIP4K2C/P
GO_BP_mfGO:00103fresponse t	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	PTGS2
GO_BP_mfGO:00314foxylipin m	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	ALOX12
GO_BP_mfGO:00355fpositive re	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	PPP1R12A
GO_BP_mfGO:00381fC-C chem	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:00467fviral replic	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	PI4KA
GO_BP_mfGO:00703fdetection c	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:00714fcellular res	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	PTGS2
GO_BP_mfGO:19017fleukotrien	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	ALOX12
GO_BP_mfGO:19030fregulation	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:19030fpositive re	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:19040fregulation	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:19040fnegative re	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:19052fpositive re	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:20003fpositive re	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	TREM2
GO_BP_mfGO:20013flipoxin B4	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	ALOX12
GO_BP_mfGO:20013flipoxin B4	1月26日	1/17913	0.001451	0.017693	0.009534	ALOX12
GO_BP_mfGO:00468flipid phos	2月26日	39/17913	0.001452	0.017693	0.009534	PI4KA/PIP
GO_BP_mfGO:00181fpeptidyl-t	4月26日	346/17913	0.001461	0.017693	0.009534	FGR/LCK/F
GO_BP_mfGO:00182fpeptidyl-t	4月26日	349/17913	0.001508	0.0181	0.009753	FGR/LCK/F
GO_BP_mfGO:00030fvascular pi	3月26日	161/17913	0.001592	0.018429	0.009931	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00066fprostanoid	2月26日	41/17913	0.001604	0.018429	0.009931	PTGS1/PT
GO_BP_mfGO:00066fprostaglan	2月26日	41/17913	0.001604	0.018429	0.009931	PTGS1/PT
GO_BP_mfGO:00069fphagocyt	2月26日	41/17913	0.001604	0.018429	0.009931	ALOX15/T
GO_BP_mfGO:00988fmodulatio	2月26日	41/17913	0.001604	0.018429	0.009931	MTMR2/P
GO_BP_mfGO:00323ficosanoid	2月26日	42/17913	0.001683	0.019009	0.010243	CYP4F2/PL
GO_BP_mfGO:00454fpositive re	2月26日	42/17913	0.001683	0.019009	0.010243	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:00717ficosanoid	2月26日	43/17913	0.001764	0.019428	0.010469	CYP4F2/PL
GO_BP_mfGO:19015ffatty acid c	2月26日	43/17913	0.001764	0.019428	0.010469	CYP4F2/PL
GO_BP_mfGO:19044fpositive re	2月26日	43/17913	0.001764	0.019428	0.010469	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:00082fregulation	3月26日	169/17913	0.001829	0.01998	0.010766	CYP4F2/PT
GO_BP_mfGO:00461falcohol ca	2月26日	44/17913	0.001846	0.020007	0.010781	INPP5E/M
GO_BP_mfGO:00423fregulation	4月26日	374/17913	0.001943	0.020851	0.011235	ALOX12/M
GO_BP_mfGO:00106fpositive re	3月26日	173/17913	0.001955	0.020851	0.011235	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:19037fpositive re	2月26日	48/17913	0.002193	0.023143	0.012471	FGR/PTK2f
GO_BP_mfGO:00015fossificatio	4月26日	388/17913	0.002221	0.023143	0.012471	ALOX15/F
GO_BP_mfGO:00457fpositive re	4月26日	388/17913	0.002221	0.023143	0.012471	ALOX15/Li
GO_BP_mfGO:00435fblood vess	3月26日	182/17913	0.002258	0.023348	0.012581	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00098fpositive re	4月26日	392/17913	0.002306	0.023655	0.012746	PIP4K2C/P
GO_BP_mfGO:00519fregulation	2月26日	50/17913	0.002378	0.023847	0.01285	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:00990fplasma me	2月26日	50/17913	0.002378	0.023847	0.01285	ALOX15/T
GO_BP_mfGO:19055fmacrophag	2月26日	50/17913	0.002378	0.023847	0.01285	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00703fpositive re	3月26日	186/17913	0.002402	0.023915	0.012887	ALOX15/P

GO_BP_mfGO:00019fpositive re	2月26日	51/17913	0.002472	0.023988	0.012926	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00700fchemokin	2月26日	51/17913	0.002472	0.023988	0.012926	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:01500fregulation	2月26日	51/17913	0.002472	0.023988	0.012926	PTGS2/TRI
GO_BP_mfGO:00323fregulation	4月26日	400/17913	0.002481	0.023988	0.012926	FGR/MTM
GO_BP_mfGO:00435fregulation	2月26日	53/17913	0.002667	0.024521	0.013213	FGR/PTK2E
GO_BP_mfGO:00068fpotassium	3月26日	194/17913	0.002707	0.024521	0.013213	MTMR6/P
GO_BP_mfGO:00432fregulation	3月26日	196/17913	0.002786	0.024521	0.013213	ALOX12/L
GO_BP_mfGO:00025farachidoni	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	ALOX5
GO_BP_mfGO:00025f leukotrien	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	ALOX5
GO_BP_mfGO:00025fpositive re	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	TREM2
GO_BP_mfGO:00025fpositive re	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	TREM2
GO_BP_mfGO:00025fpositive re	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	TREM2
GO_BP_mfGO:00324fdetection	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	TREM2
GO_BP_mfGO:00423fmenaquin	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00423fvitamin K	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00903fpositive re	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	PTGS2
GO_BP_mfGO:01100fregulation	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	ROCK1
GO_BP_mfGO:19010fregulation	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	ALOX15
GO_BP_mfGO:19019fpositive re	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	TREM2
GO_BP_mfGO:19035fnegative r	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	INPP5E
GO_BP_mfGO:19045fphosphatic	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	MTMR3
GO_BP_mfGO:19059fpositive re	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	ALOX12
GO_BP_mfGO:20005fregulation	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	PTK2B
GO_BP_mfGO:20005fpositive re	1月26日	2/17913	0.002901	0.024521	0.013213	PTK2B
GO_BP_mfGO:00108fregulation	3月26日	201/17913	0.002992	0.025131	0.013542	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00323fpositive re	3月26日	203/17913	0.003077	0.025539	0.013762	FGR/MTM
GO_BP_mfGO:19034fpositive re	2月26日	57/17913	0.003078	0.025539	0.013762	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00103fmembran	2月26日	58/17913	0.003186	0.026266	0.014153	ALOX15/T
GO_BP_mfGO:00106fnegative r	2月26日	59/17913	0.003294	0.026998	0.014548	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:19908fresponse t	2月26日	60/17913	0.003405	0.027568	0.014855	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:19908fcellular res	2月26日	60/17913	0.003405	0.027568	0.014855	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00341fheterotypi	2月26日	61/17913	0.003517	0.028306	0.015253	ALOX15/L
GO_BP_mfGO:00352fsynaptic tr	2月26日	62/17913	0.003631	0.028878	0.015561	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00435fregulation	2月26日	62/17913	0.003631	0.028878	0.015561	FGR/PTK2E
GO_BP_mfGO:20001fregulation	3月26日	222/17913	0.003956	0.031272	0.016851	ALOX12/L
GO_BP_mfGO:00454fregulation	2月26日	65/17913	0.003984	0.031272	0.016851	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:01100fregulation	3月26日	228/17913	0.004263	0.031272	0.016851	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00509fleukocyte	4月26日	467/17913	0.004324	0.031272	0.016851	LCK/PTK2E
GO_BP_mfGO:00030fpressure n	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00033fapical con	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	ROCK1
GO_BP_mfGO:00092fmenaquin	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00322fnegative r	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	PTGS2
GO_BP_mfGO:00356fmaintenan	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	PTGS2
GO_BP_mfGO:00423fphylloquin	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00423fphylloquin	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00701fpositive re	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	TREM2
GO_BP_mfGO:00903fplatelet-d	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	PTGS2
GO_BP_mfGO:00903fregulation	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	PTGS2
GO_BP_mfGO:19016fquinone c	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	CYP4F2
GO_BP_mfGO:19052fregulation	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	TREM2
GO_BP_mfGO:20006fnegative r	1月26日	3/17913	0.004348	0.031272	0.016851	MTMR2
GO_BP_mfGO:00508fmulticellul	2月26日	68/17913	0.004351	0.031272	0.016851	ALOX12/C
GO_BP_mfGO:00105fregulation	3月26日	231/17913	0.004421	0.031531	0.01699	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00069fautophagy	4月26日	471/17913	0.004457	0.031531	0.01699	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00619fprocess ut	4月26日	471/17913	0.004457	0.031531	0.01699	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00488fmulticellul	4月26日	472/17913	0.004491	0.031602	0.017029	ALOX12/C
GO_BP_mfGO:00000fautophag	2月26日	70/17913	0.004605	0.032232	0.017368	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00606fregulation	4月26日	480/17913	0.004767	0.033195	0.017887	ALOX15/F

GO_BP_mfGO:19016forganic hy	3月26日	241/17913	0.004975	0.034443	0.01856	ALOX12/A
GO_BP_mfGO:19050fautophagc	2月26日	73/17913	0.004997	0.034443	0.01856	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00301fwater hom	2月26日	74/17913	0.005132	0.035131	0.01893	ALOX12/C
GO_BP_mfGO:00313fnegative re	3月26日	244/17913	0.005149	0.035131	0.01893	MTMR2/Rf
GO_BP_mfGO:00068fnitric oxide	2月26日	76/17913	0.005405	0.036504	0.01967	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:01500fneuroinfla	2月26日	76/17913	0.005405	0.036504	0.01967	PTGS2/TRf
GO_BP_mfGO:00434fpositive re	4月26日	499/17913	0.005467	0.03673	0.019792	ALOX15/Pf
GO_BP_mfGO:00025fregulation	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	TREM2
GO_BP_mfGO:00066fplatelet ac	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00313fpositive re	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	PTGS2
GO_BP_mfGO:00323fnegative re	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00324fdetection f	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	TREM2
GO_BP_mfGO:00359fcellular res	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	ALOX15
GO_BP_mfGO:00361fleukotrien	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00361fleukotrien	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00361fleukotrien	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00423fvitamin E r	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00712fcellular res	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	PTGS2
GO_BP_mfGO:00971fepoxide m	1月26日	4/17913	0.005794	0.03673	0.019792	ALOX12
GO_BP_mfGO:00442fcellular car	3月26日	256/17913	0.005883	0.037118	0.020001	INPP5E/Mf
GO_BP_mfGO:00435fpositive re	2月26日	80/17913	0.005972	0.037504	0.020209	ALOX12/Pf
GO_BP_mfGO:00070fcell-substr	2月26日	81/17913	0.006117	0.037889	0.020416	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00462fnitric oxide	2月26日	81/17913	0.006117	0.037889	0.020416	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:00480ffocal adhe	2月26日	81/17913	0.006117	0.037889	0.020416	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00069fresponse t	2月26日	82/17913	0.006265	0.038623	0.020812	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:00308fpositive re	2月26日	84/17913	0.006564	0.040102	0.021609	ALOX15/Pf
GO_BP_mfGO:20010freactive ni	2月26日	84/17913	0.006564	0.040102	0.021609	PTGS2/PTf
GO_BP_mfGO:00725freactive ox	3月26日	269/17913	0.006744	0.041016	0.022101	ALOX12/Pf
GO_BP_mfGO:00094fresponse t	3月26日	270/17913	0.006814	0.041041	0.022115	CYP2C8/Pf
GO_BP_mfGO:00703fregulation	3月26日	271/17913	0.006883	0.041041	0.022115	ALOX15/Pf
GO_BP_mfGO:00435fendothelia	3月26日	275/17913	0.007166	0.041041	0.022115	ALOX12/Pf
GO_BP_mfGO:00701fregulation	2月26日	88/17913	0.007183	0.041041	0.022115	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00025fregulation	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	TREM2
GO_BP_mfGO:00226fmembrane	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	ROCK1
GO_BP_mfGO:00342fregulation	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	TREM2
GO_BP_mfGO:00342fpositive re	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	TREM2
GO_BP_mfGO:00355fnegative re	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	ROCK1
GO_BP_mfGO:00359fresponse t	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	ALOX15
GO_BP_mfGO:00712fcellular res	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	TREM2
GO_BP_mfGO:00902fpositive re	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	PTGS2
GO_BP_mfGO:19015ficosanoid f	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	CYP4F2
GO_BP_mfGO:19022fnegative re	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	PTGS2
GO_BP_mfGO:19033fnegative re	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	ROCK1
GO_BP_mfGO:19041fpositive re	1月26日	5/17913	0.007237	0.041041	0.022115	TREM2
GO_BP_mfGO:00159ffatty acid t	2月26日	90/17913	0.007502	0.042009	0.022636	CYP4F2/PI
GO_BP_mfGO:00343fadherens j	2月26日	90/17913	0.007502	0.042009	0.022636	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00507fregulation	2月26日	90/17913	0.007502	0.042009	0.022636	ALOX15/Ff
GO_BP_mfGO:00480fvascular er	2月26日	93/17913	0.007992	0.044349	0.023897	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00098fnegative re	3月26日	288/17913	0.008134	0.044349	0.023897	MTMR2/Rf
GO_BP_mfGO:00072fintegrin-m	2月26日	94/17913	0.008158	0.044349	0.023897	FGR/PTK2f
GO_BP_mfGO:00703fERK1 and f	3月26日	289/17913	0.008211	0.044349	0.023897	ALOX15/Pf
GO_BP_mfGO:00600fexcitatory	2月26日	95/17913	0.008326	0.044349	0.023897	MTMR2/Pf
GO_BP_mfGO:00070fcell-substr	2月26日	96/17913	0.008496	0.044349	0.023897	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00106fregulation	2月26日	96/17913	0.008496	0.044349	0.023897	ALOX12/Pf
GO_BP_mfGO:00106fregulation	3月26日	294/17913	0.008605	0.044349	0.023897	ALOX12/Pf
GO_BP_mfGO:00300fcontractile	2月26日	97/17913	0.008667	0.044349	0.023897	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00431fstress fiber	2月26日	97/17913	0.008667	0.044349	0.023897	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00025fregulation	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	TREM2

GO_BP_mfGO:00029lipid hydrolysis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	CYP2C8
GO_BP_mfGO:00342macrophage cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	TREM2
GO_BP_mfGO:00359cardiolipin biosynthesis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00423vitamin K1 biosynthesis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00464platelet activation	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00510negative regulation of cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	ROCK1
GO_BP_mfGO:00618positive regulation of cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	TREM2
GO_BP_mfGO:00716macrophage cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	TREM2
GO_BP_mfGO:00716regulation of cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	TREM2
GO_BP_mfGO:19022regulation of cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	PTGS2
GO_BP_mfGO:20003regulation of cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	TREM2
GO_BP_mfGO:20012positive regulation of cell chemotaxis	1月26日	6/17913	0.008678	0.044349	0.023897	PTGS2
GO_BP_mfGO:00421neurotransmission	2月26日	98/17913	0.00884	0.044531	0.023995	PTGS2/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00432regulation of neurotransmission	2月26日	98/17913	0.00884	0.044531	0.023995	PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00508regulation of neurotransmission	2月26日	98/17913	0.00884	0.044531	0.023995	PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00329regulation of neurotransmission	3月26日	297/17913	0.008847	0.044531	0.023995	ALOX15/PTGS2
GO_BP_mfGO:00988cellular oxidative stress	2月26日	99/17913	0.009014	0.045204	0.024358	PTGS1/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00106muscle cell chemotaxis	2月26日	100/17913	0.00919	0.045744	0.024649	ALOX12/PTGS2
GO_BP_mfGO:00468regulation of muscle cell chemotaxis	2月26日	100/17913	0.00919	0.045744	0.024649	PPP1R12A
GO_BP_mfGO:00486positive regulation of muscle cell chemotaxis	2月26日	101/17913	0.009367	0.046115	0.024849	ALOX12/PTGS2
GO_BP_mfGO:19034regulation of muscle cell chemotaxis	2月26日	101/17913	0.009367	0.046115	0.024849	PTGS2/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:20003positive regulation of muscle cell chemotaxis	2月26日	101/17913	0.009367	0.046115	0.024849	PTGS2/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00026positive regulation of cell chemotaxis	3月26日	305/17913	0.00951	0.046649	0.025137	FGR/LCK/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00995chemical synapse maturation	2月26日	103/17913	0.009726	0.047535	0.025614	MTMR2/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00069phagocytosis	3月26日	308/17913	0.009767	0.047546	0.02562	ALOX15/PTGS2/ROCK1
GO_BP_mfGO:00069smooth muscle cell chemotaxis	2月26日	105/17913	0.010092	0.047546	0.02562	PTGS2/ROCK1
GO_BP_mfGO:00097response to hypoxia	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	PTGS2
GO_BP_mfGO:00316positive regulation of response to hypoxia	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	PTGS2
GO_BP_mfGO:00329regulation of response to hypoxia	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	PTK2B
GO_BP_mfGO:00436engulfment	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	ALOX15
GO_BP_mfGO:00617CAMKK-A signaling	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	TREM2
GO_BP_mfGO:19015regulation of engulfment	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	ALOX12
GO_BP_mfGO:19019regulation of engulfment	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	TREM2
GO_BP_mfGO:19041microglial cell chemotaxis	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	TREM2
GO_BP_mfGO:19041regulation of microglial cell chemotaxis	1月26日	7/17913	0.010118	0.047546	0.02562	TREM2
GO_BP_mfGO:19029regulation of microglial cell chemotaxis	3月26日	313/17913	0.010203	0.047778	0.025745	ALOX15/PTGS2
GO_BP_mfGO:00321positive regulation of microglial cell chemotaxis	3月26日	315/17913	0.01038	0.048441	0.026102	PTGS2/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:19907cellular dephosphorylation	2月26日	107/17913	0.010463	0.048659	0.02622	PTGS1/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00508positive regulation of cellular dephosphorylation	3月26日	319/17913	0.010741	0.049708	0.026785	FGR/LCK/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:19030positive regulation of cellular dephosphorylation	2月26日	109/17913	0.01084	0.049708	0.026785	PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00315cell-substrate junction assembly	3月26日	322/17913	0.011016	0.049708	0.026785	ALOX15/PTGS2
GO_BP_mfGO:00068xenobiotic response	2月26日	110/17913	0.011031	0.049708	0.026785	CYP2C8/PTGS2
GO_BP_mfGO:00070actin filament organization	3月26日	325/17913	0.011295	0.049708	0.026785	ALOX15/PTGS2
GO_BP_mfGO:00512release of actin filament	2月26日	112/17913	0.011418	0.049708	0.026785	LCK/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00512negative regulation of actin filament release	2月26日	112/17913	0.011418	0.049708	0.026785	LCK/PTK2B/TREM2
GO_BP_mfGO:00071signal transduction	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	PTK2B
GO_BP_mfGO:00086intrinsic apoptosis	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	PTGS2
GO_BP_mfGO:00230CD40 signaling	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	TREM2
GO_BP_mfGO:00316regulation of signal transduction	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	PTGS2
GO_BP_mfGO:00316negative regulation of signal transduction	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	MTMR2
GO_BP_mfGO:00329inositol trisphosphate signaling	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	PTK2B
GO_BP_mfGO:00356interleukin signaling	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	ALOX5
GO_BP_mfGO:00357B cell chemotaxis	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	PTK2B
GO_BP_mfGO:00481autophagy	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	TREM2
GO_BP_mfGO:00600regulation of autophagy	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	TREM2
GO_BP_mfGO:00713cellular response to hypoxia	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	ALOX5
GO_BP_mfGO:00990calmodulin-dependent protein kinase signaling	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	TREM2
GO_BP_mfGO:19035regulation of calmodulin-dependent protein kinase signaling	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	INPP5E

GO_BP_mfGO:20001fnegative re	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	CYP4F2
GO_BP_mfGO:20006fpositive re	1月26日	8/17913	0.011555	0.049708	0.026785	MTMR2
GO_BP_mfGO:00105fpositive re	2月26日	113/17913	0.011613	0.049708	0.026785	PIP4K2C/R
GO_BP_mfGO:00467facid secret	2月26日	113/17913	0.011613	0.049708	0.026785	CYP4F2/PI
GO_BP_mfGO:00987fdetoxificat	2月26日	113/17913	0.011613	0.049708	0.026785	PTGS1/PT
GO_BP_mfGO:00512fregulation	2月26日	114/17913	0.01181	0.05039	0.027153	LCK/PTK2E
GO_BP_mfGO:00075fblood coag	3月26日	331/17913	0.011866	0.050469	0.027195	ALOX12/C
GO_BP_mfGO:00322fpositive re	2月26日	116/17913	0.012208	0.05176	0.027891	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00100fresponse t	3月26日	335/17913	0.012256	0.051797	0.027911	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00075fhemostasi	3月26日	336/17913	0.012355	0.051797	0.027911	ALOX12/C
GO_BP_mfGO:00019fregulation	2月26日	117/17913	0.01241	0.051797	0.027911	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00140fregulation	2月26日	117/17913	0.01241	0.051797	0.027911	FGR/PIP4K
GO_BP_mfGO:00512fsequesteri	2月26日	117/17913	0.01241	0.051797	0.027911	LCK/PTK2E
GO_BP_mfGO:00508fcoagulatio	3月26日	337/17913	0.012454	0.05182	0.027923	ALOX12/C
GO_BP_mfGO:00432fpositive re	2月26日	118/17913	0.012612	0.052273	0.028167	ALOX12/L
GO_BP_mfGO:00060falcohol me	3月26日	339/17913	0.012653	0.052273	0.028167	INPP5E/M
GO_BP_mfGO:00329fregulation	3月26日	341/17913	0.012855	0.052273	0.028167	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00023fmarginal z	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	PTK2B
GO_BP_mfGO:00025fpositive re	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	TREM2
GO_BP_mfGO:00421fketone cat	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00423ffat-soluble	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00427flong-chain	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00902ffibroblast	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	PTGS2
GO_BP_mfGO:00902fregulation	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	PTGS2
GO_BP_mfGO:20006fregulation	1月26日	9/17913	0.01299	0.052273	0.028167	MTMR2
GO_BP_mfGO:00026fpositive re	2月26日	121/17913	0.01323	0.053076	0.0286	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:19034freactive ox	2月26日	122/17913	0.013438	0.053752	0.028964	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00031fendotheliu	2月26日	124/17913	0.01386	0.054917	0.029592	ALOX12/R
GO_BP_mfGO:00083fregulation	2月26日	124/17913	0.01386	0.054917	0.029592	FGR/PTK2E
GO_BP_mfGO:00106fepithelial c	3月26日	354/17913	0.014209	0.054917	0.029592	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00421fregulation	3月26日	354/17913	0.014209	0.054917	0.029592	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00300festablishm	2月26日	126/17913	0.014287	0.054917	0.029592	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00515fresponse t	2月26日	126/17913	0.014287	0.054917	0.029592	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00975fcalcium io	2月26日	126/17913	0.014287	0.054917	0.029592	LCK/PTK2E
GO_BP_mfGO:00016ffever gene	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	PTGS2
GO_BP_mfGO:00316fpositive re	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	PTGS2
GO_BP_mfGO:00448fmulti-orga	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	PI4KA
GO_BP_mfGO:00519fpositive re	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	ALOX12
GO_BP_mfGO:00700fregulation	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	TREM2
GO_BP_mfGO:00703fresponse t	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	TREM2
GO_BP_mfGO:00712fcellular res	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	TREM2
GO_BP_mfGO:00903fpositive re	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	PTGS2
GO_BP_mfGO:01060fregulation	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	PTGS2
GO_BP_mfGO:20004fregulation	1月26日	10/17913	0.014424	0.054917	0.029592	ALOX15
GO_BP_mfGO:00600fregulation	2月26日	127/17913	0.014503	0.055018	0.029646	MTMR2/P
GO_BP_mfGO:00901fepithelium	3月26日	357/17913	0.014532	0.055018	0.029646	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00308fregulation	2月26日	129/17913	0.014938	0.056238	0.030304	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:19033fpositive re	2月26日	129/17913	0.014938	0.056238	0.030304	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00466fresponse t	2月26日	130/17913	0.015158	0.056717	0.030562	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00509fpositive re	2月26日	130/17913	0.015158	0.056717	0.030562	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00901ftissue migr	3月26日	363/17913	0.015192	0.056717	0.030562	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00070fvacuole or	2月26日	131/17913	0.01538	0.056977	0.030702	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:00109fregulation	3月26日	365/17913	0.015416	0.056977	0.030702	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00072ffemale gar	2月26日	132/17913	0.015602	0.056977	0.030702	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00313fregulation	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	PTGS2
GO_BP_mfGO:00319fpositive re	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	PTGS2
GO_BP_mfGO:00320fbleb assen	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	ROCK1
GO_BP_mfGO:00324fdetection	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	TREM2

GO_BP_mfGO:00324fresponse t	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	TREM2
GO_BP_mfGO:00329finositol tris	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	PTK2B
GO_BP_mfGO:00706fresponse t	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	ALOX5
GO_BP_mfGO:00903fnegative re	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	MTMR2
GO_BP_mfGO:19015ffatty acid c	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	CYP4F2
GO_BP_mfGO:19039fpositive re	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	TREM2
GO_BP_mfGO:20007fpositive re	1月26日	11/17913	0.015855	0.056977	0.030702	PIP4K2C
GO_BP_mfGO:00525fregulation	3月26日	370/17913	0.015983	0.057226	0.030836	ALOX12/L
GO_BP_mfGO:00316fregulation	2月26日	134/17913	0.016052	0.057226	0.030836	MTMR2/P
GO_BP_mfGO:00343fadherens j	2月26日	134/17913	0.016052	0.057226	0.030836	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:20010fpositive re	2月26日	135/17913	0.016279	0.057881	0.031189	ALOX12/L
GO_BP_mfGO:00510f actin filam	2月26日	136/17913	0.016508	0.058539	0.031543	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00157f monocarb	2月26日	137/17913	0.016737	0.059042	0.031814	CYP4F2/PL
GO_BP_mfGO:00615f actin filam	2月26日	137/17913	0.016737	0.059042	0.031814	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00140f phosphatic	2月26日	138/17913	0.016968	0.05911	0.031851	FGR/PIP4K
GO_BP_mfGO:00091f vitamin ca	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00107f regulation	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	PTK2B
GO_BP_mfGO:00316f regulation	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	PTGS2
GO_BP_mfGO:00381f interleukin	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	PTK2B
GO_BP_mfGO:00427f exogenous	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	CYP2C8
GO_BP_mfGO:00514f myoblast r	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	ROCK1
GO_BP_mfGO:00903fnegative re	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	ALOX12
GO_BP_mfGO:19015f regulation	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	ROCK1
GO_BP_mfGO:19024fnegative re	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	ROCK1
GO_BP_mfGO:19031f regulation	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	ROCK1
GO_BP_mfGO:19041f positive re	1月26日	12/17913	0.017284	0.05911	0.031851	ALOX12
GO_BP_mfGO:00718f cellular po	2月26日	140/17913	0.017435	0.059322	0.031966	MTMR6/TI
GO_BP_mfGO:00718f potassium	2月26日	140/17913	0.017435	0.059322	0.031966	MTMR6/TI
GO_BP_mfGO:00457f regulation	3月26日	383/17913	0.017514	0.059442	0.03203	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00620f positive re	2月26日	143/17913	0.018144	0.061004	0.032872	PTGS2/TRI
GO_BP_mfGO:00224f regulation	3月26日	389/17913	0.018248	0.061004	0.032872	ALOX12/A
GO_BP_mfGO:00140f response t	2月26日	145/17913	0.018624	0.061004	0.032872	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00300f actin filam	2月26日	145/17913	0.018624	0.061004	0.032872	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00421f neurotrans	2月26日	145/17913	0.018624	0.061004	0.032872	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00508f positive re	2月26日	145/17913	0.018624	0.061004	0.032872	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00604f calcium io	2月26日	145/17913	0.018624	0.061004	0.032872	LCK/PTK2E
GO_BP_mfGO:00330f positive re	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	FGR
GO_BP_mfGO:00433f positive re	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	FGR
GO_BP_mfGO:00440f positive re	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	PIP4K2C
GO_BP_mfGO:00474f regulation	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	PTGS2
GO_BP_mfGO:00618f regulation	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	TREM2
GO_BP_mfGO:00709f oxidative c	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	CYP2C8
GO_BP_mfGO:00713f cellular res	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	PTK2B
GO_BP_mfGO:19036f positive re	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	MTMR2
GO_BP_mfGO:20012f regulation	1月26日	13/17913	0.018712	0.061004	0.032872	PTGS2
GO_BP_mfGO:00508f modulatio	3月26日	393/17913	0.018746	0.061004	0.032872	MTMR2/P
GO_BP_mfGO:00435fnegative re	2月26日	146/17913	0.018866	0.061117	0.032933	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00991f regulation	3月26日	394/17913	0.018872	0.061117	0.032933	MTMR2/P
GO_BP_mfGO:00080f regulation	2月26日	147/17913	0.01911	0.061739	0.033268	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00308f regulation	2月26日	148/17913	0.019354	0.062312	0.033577	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00525f regulation	3月26日	398/17913	0.01938	0.062312	0.033577	ALOX12/L
GO_BP_mfGO:00512f positive re	3月26日	403/17913	0.020026	0.062854	0.033868	FGR/PTGS
GO_BP_mfGO:00020fnegative re	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	MTMR2
GO_BP_mfGO:00066f phosphatic	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	ALOX15
GO_BP_mfGO:00091f coenzyme	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00320f cardiolipin	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00353f regulation	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	ALOX15
GO_BP_mfGO:00381f angiotensi	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	ROCK1

GO_BP_mfGO:00429f activation	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	PTK2B
GO_BP_mfGO:00459f negative re	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	PTGS2
GO_BP_mfGO:00508f positive re	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	LCK
GO_BP_mfGO:00600f regulation	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	ALOX15
GO_BP_mfGO:00706f response t	1月26日	14/17913	0.020137	0.062854	0.033868	PTK2B
GO_BP_mfGO:00442f small mole	3月26日	404/17913	0.020156	0.062854	0.033868	CYP4F2/IN
GO_BP_mfGO:00301f platelet ac	2月26日	152/17913	0.020346	0.063299	0.034109	ALOX12/LI
GO_BP_mfGO:00507f positive re	2月26日	153/17913	0.020597	0.063933	0.034445	PTGS2/TRI
GO_BP_mfGO:00510f positive re	3月26日	409/17913	0.020816	0.064463	0.034736	CYP4F2/FC
GO_BP_mfGO:00341f negative re	1月26日	15/17913	0.02156	0.065902	0.035511	ALOX12
GO_BP_mfGO:00343f NAD biosy	1月26日	15/17913	0.02156	0.065902	0.035511	PTGS2
GO_BP_mfGO:19029f negative re	1月26日	15/17913	0.02156	0.065902	0.035511	ROCK1
GO_BP_mfGO:19051f regulation	1月26日	15/17913	0.02156	0.065902	0.035511	ALOX15
GO_BP_mfGO:19052f positive re	1月26日	15/17913	0.02156	0.065902	0.035511	ROCK1
GO_BP_mfGO:00604f cytosolic c	2月26日	157/17913	0.021616	0.065902	0.035511	LCK/PTK2E
GO_BP_mfGO:00068f calcium ioi	3月26日	415/17913	0.021624	0.065902	0.035511	LCK/PTGS:
GO_BP_mfGO:00435f regulation	2月26日	158/17913	0.021873	0.066511	0.035839	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00480f phosphatic	2月26日	160/17913	0.022393	0.067937	0.036608	FGR/PIP4K
GO_BP_mfGO:00109f positive re	2月26日	161/17913	0.022655	0.068114	0.036703	ALOX12/LI
GO_BP_mfGO:00019f renal syste	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00109f regulation	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	PTK2B
GO_BP_mfGO:00316f heat gener	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	PTGS2
GO_BP_mfGO:00322f regulation	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	PTGS2
GO_BP_mfGO:00323f positive re	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00361f phosphatic	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00903f regulation	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	PTGS2
GO_BP_mfGO:19002f regulation	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	ROCK1
GO_BP_mfGO:19052f regulation	1月26日	16/17913	0.022982	0.068114	0.036703	ROCK1
GO_BP_mfGO:19013f regulation	3月26日	425/17913	0.023009	0.068114	0.036703	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00310f actomyosi	2月26日	163/17913	0.023182	0.068175	0.036736	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00480f inositol lip	2月26日	163/17913	0.023182	0.068175	0.036736	FGR/PIP4K
GO_BP_mfGO:20012f regulation	2月26日	163/17913	0.023182	0.068175	0.036736	LCK/PTGS:
GO_BP_mfGO:00714f cellular res	2月26日	164/17913	0.023447	0.068806	0.037076	CYP2C8/P
GO_BP_mfGO:00162f regulation	2月26日	166/17913	0.023982	0.069926	0.037679	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:20012f regulation	2月26日	166/17913	0.023982	0.069926	0.037679	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00712f cellular res	2月26日	167/17913	0.024251	0.069926	0.037679	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00189f ether metz	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	ALOX12
GO_BP_mfGO:00305f negative re	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	PTK2B
GO_BP_mfGO:00436f linoleic aci	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	ALOX12
GO_BP_mfGO:00487f positive re	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	TREM2
GO_BP_mfGO:19038f positive re	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	TREM2
GO_BP_mfGO:19039f regulation	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	TREM2
GO_BP_mfGO:19039f positive re	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	TREM2
GO_BP_mfGO:20006f regulation	1月26日	17/17913	0.024401	0.069926	0.037679	MTMR2
GO_BP_mfGO:00481f regulation	2月26日	169/17913	0.024793	0.070899	0.038204	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00620f regulation	3月26日	439/17913	0.025028	0.071075	0.038298	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00081f actin polyr	2月26日	170/17913	0.025066	0.071075	0.038298	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00487f tissue rem	2月26日	170/17913	0.025066	0.071075	0.038298	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00975f myeloid le	2月26日	170/17913	0.025066	0.071075	0.038298	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:19049f positive re	3月26日	440/17913	0.025175	0.071233	0.038384	FGR/PTGS:
GO_BP_mfGO:00069f response t	3月26日	442/17913	0.025473	0.071253	0.038394	PTGS1/PTC
GO_BP_mfGO:00071f establishm	2月26日	172/17913	0.025616	0.071253	0.038394	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00486f regulation	2月26日	172/17913	0.025616	0.071253	0.038394	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00068f cellular zin	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	LCK
GO_BP_mfGO:00322f myelin ass	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	MTMR2
GO_BP_mfGO:00330f positive re	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	FGR
GO_BP_mfGO:00361f phosphatic	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00380f peptidyl-t	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	PTK2B

GO_BP_mfGO:00713: cellular res	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	PTGS2
GO_BP_mfGO:00903: regulation	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	ALOX12
GO_BP_mfGO:00985: detection (1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	TREM2
GO_BP_mfGO:20001: positive re	1月26日	18/17913	0.025819	0.071253	0.038394	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00016: ameoboidal	3月26日	446/17913	0.026072	0.071659	0.038613	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00018: positive re	3月26日	446/17913	0.026072	0.071659	0.038613	FGR/PTGS:
GO_BP_mfGO:00486: smooth m	2月26日	174/17913	0.026171	0.071783	0.03868	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00023: mature B c	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	PTK2B
GO_BP_mfGO:00025: regulation	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	TREM2
GO_BP_mfGO:00031: morphoge	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	ALOX12
GO_BP_mfGO:00105: negative re	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	ALOX12
GO_BP_mfGO:00193: leukotrien	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	ALOX5
GO_BP_mfGO:00323: regulation	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00328: negative re	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00611: endothelia	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	ALOX12
GO_BP_mfGO:01401: positive re	1月26日	19/17913	0.027234	0.073352	0.039525	PTK2B
GO_BP_mfGO:00708: divalent m	3月26日	454/17913	0.027295	0.073369	0.039535	LCK/PTGS:
GO_BP_mfGO:00109: positive re	2月26日	180/17913	0.027864	0.074596	0.040196	ALOX12/L
GO_BP_mfGO:00322: regulation	2月26日	180/17913	0.027864	0.074596	0.040196	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00725: divalent in	3月26日	458/17913	0.027918	0.074596	0.040196	LCK/PTGS:
GO_BP_mfGO:00020: sprouting	2月26日	181/17913	0.028151	0.075053	0.040442	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00100: response t	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	PTGS2
GO_BP_mfGO:00325: positive re	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	PPP1R12A
GO_BP_mfGO:00353: peroxisom	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	ALOX15
GO_BP_mfGO:00457: positive re	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	PTGS2
GO_BP_mfGO:00550: zinc ion hc	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	LCK
GO_BP_mfGO:00716: positive re	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	PTGS2
GO_BP_mfGO:00970: dendritic s	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	MTMR2
GO_BP_mfGO:01400: neuron pr	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	ROCK1
GO_BP_mfGO:19055: positive re	1月26日	20/17913	0.028647	0.075053	0.040442	TREM2
GO_BP_mfGO:00507: positive re	2月26日	184/17913	0.029018	0.075875	0.040885	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:19021: regulation	2月26日	185/17913	0.029309	0.076339	0.041135	MTMR3/PI
GO_BP_mfGO:19029: positive re	2月26日	185/17913	0.029309	0.076339	0.041135	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00026: regulation	2月26日	186/17913	0.029601	0.076804	0.041385	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00509: regulation	2月26日	186/17913	0.029601	0.076804	0.041385	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00307: ovulation	1月26日	21/17913	0.030059	0.077245	0.041623	PTGS2
GO_BP_mfGO:00361: phosphatic	1月26日	21/17913	0.030059	0.077245	0.041623	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00510: regulation	1月26日	21/17913	0.030059	0.077245	0.041623	ROCK1
GO_BP_mfGO:00519: regulation	1月26日	21/17913	0.030059	0.077245	0.041623	ALOX12
GO_BP_mfGO:00977: connective	1月26日	21/17913	0.030059	0.077245	0.041623	ROCK1
GO_BP_mfGO:00514: regulation	3月26日	472/17913	0.030158	0.077286	0.041645	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00197: calcium-m	2月26日	188/17913	0.03019	0.077286	0.041645	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00156: monovaler	3月26日	477/17913	0.030981	0.079161	0.042656	MTMR6/P
GO_BP_mfGO:00457: positive re	2月26日	192/17913	0.031381	0.079499	0.042838	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00095: detection (1月26日	22/17913	0.031468	0.079499	0.042838	TREM2
GO_BP_mfGO:00433: positive re	1月26日	22/17913	0.031468	0.079499	0.042838	FGR
GO_BP_mfGO:00463: phosphatic	1月26日	22/17913	0.031468	0.079499	0.042838	ALOX15
GO_BP_mfGO:00510: positive re	1月26日	22/17913	0.031468	0.079499	0.042838	PTK2B
GO_BP_mfGO:20008: regulation	1月26日	22/17913	0.031468	0.079499	0.042838	ROCK1
GO_BP_mfGO:00712: cellular res	2月26日	194/17913	0.031983	0.080497	0.043376	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:20003: regulation	2月26日	194/17913	0.031983	0.080497	0.043376	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00097: response t	2月26日	195/17913	0.032286	0.080897	0.043591	PTGS2/PT
GO_BP_mfGO:00025: leukocyte	3月26日	485/17913	0.032323	0.080897	0.043591	LCK/PTK2E
GO_BP_mfGO:00433: neutrophil	3月26日	485/17913	0.032323	0.080897	0.043591	ALOX5/FG
GO_BP_mfGO:00022: neutrophil	3月26日	488/17913	0.032834	0.081074	0.043686	ALOX5/FG
GO_BP_mfGO:00102: response t	1月26日	23/17913	0.032876	0.081074	0.043686	PTGS2
GO_BP_mfGO:00107: regulation	1月26日	23/17913	0.032876	0.081074	0.043686	PTK2B
GO_BP_mfGO:00508: positive re	1月26日	23/17913	0.032876	0.081074	0.043686	LCK

GO_BP_mfGO:00518fmitochondr	1月26日	23/17913	0.032876	0.081074	0.043686	ALOX12
GO_BP_mfGO:00601fpositive re	1月26日	23/17913	0.032876	0.081074	0.043686	TREM2
GO_BP_mfGO:00614festablishm	1月26日	23/17913	0.032876	0.081074	0.043686	ALOX12
GO_BP_mfGO:19020fregulation	1月26日	23/17913	0.032876	0.081074	0.043686	ROCK1
GO_BP_mfGO:19030fregulation	2月26日	198/17913	0.033202	0.081728	0.044039	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:19016fresponse t	3月26日	491/17913	0.033349	0.081939	0.044153	PTGS2/RO
GO_BP_mfGO:00026fregulation	3月26日	492/17913	0.033521	0.082213	0.0443	FGR/LCK/T
GO_BP_mfGO:00096fresponse t	2月26日	200/17913	0.033818	0.08264	0.04453	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00342fresponse t	2月26日	200/17913	0.033818	0.08264	0.04453	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00329finositol ph	1月26日	24/17913	0.034281	0.082718	0.044573	PTK2B
GO_BP_mfGO:00466fdecidualiz	1月26日	24/17913	0.034281	0.082718	0.044573	PTGS2
GO_BP_mfGO:00481fastrocyte e	1月26日	24/17913	0.034281	0.082718	0.044573	TREM2
GO_BP_mfGO:01500fpositive re	1月26日	24/17913	0.034281	0.082718	0.044573	TREM2
GO_BP_mfGO:19018fnegative re	1月26日	24/17913	0.034281	0.082718	0.044573	ROCK1
GO_BP_mfGO:19034fregulation	1月26日	24/17913	0.034281	0.082718	0.044573	ROCK1
GO_BP_mfGO:19036fregulation	1月26日	24/17913	0.034281	0.082718	0.044573	MTMR2
GO_BP_mfGO:00024fneutrophil	3月26日	499/17913	0.034744	0.083106	0.044781	ALOX5/FG
GO_BP_mfGO:00096fresponse t	3月26日	499/17913	0.034744	0.083106	0.044781	PTGS1/PTI
GO_BP_mfGO:00421fneutrophil	3月26日	499/17913	0.034744	0.083106	0.044781	ALOX5/FG
GO_BP_mfGO:00508fregulation	3月26日	499/17913	0.034744	0.083106	0.044781	ALOX12/C
GO_BP_mfGO:00457fpositive re	2月26日	203/17913	0.034751	0.083106	0.044781	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00514fpositive re	2月26日	205/17913	0.035379	0.083265	0.044867	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00000fvery long-	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00015foocyte ma	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	PTK2B
GO_BP_mfGO:00019fsynaptic tr	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	PTGS2
GO_BP_mfGO:00023fmature B c	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	PTK2B
GO_BP_mfGO:00030frenal syste	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00341fregulation	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	ALOX12
GO_BP_mfGO:00352fionotropic	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	PTK2B
GO_BP_mfGO:00456fpositive re	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	TREM2
GO_BP_mfGO:00459fnegative re	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	PTGS2
GO_BP_mfGO:00509f leukocyte	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	ROCK1
GO_BP_mfGO:00518fpositive re	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	ROCK1
GO_BP_mfGO:19016fregulation	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	PTK2B
GO_BP_mfGO:19043fcellular res	1月26日	25/17913	0.035685	0.083265	0.044867	ROCK1
GO_BP_mfGO:19012fnegative re	2月26日	207/17913	0.036011	0.083879	0.045198	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00435fregulation	2月26日	210/17913	0.036967	0.085059	0.045834	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00467fprotein au	2月26日	210/17913	0.036967	0.085059	0.045834	FGR/PTK2I
GO_BP_mfGO:00199fcGMP-me	1月26日	26/17913	0.037087	0.085059	0.045834	PTK2B
GO_BP_mfGO:00316fnegative re	1月26日	26/17913	0.037087	0.085059	0.045834	MTMR2
GO_BP_mfGO:00335fregulation	1月26日	26/17913	0.037087	0.085059	0.045834	ALOX12
GO_BP_mfGO:00361fphosphatic	1月26日	26/17913	0.037087	0.085059	0.045834	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00601fregulation	1月26日	26/17913	0.037087	0.085059	0.045834	TREM2
GO_BP_mfGO:19010fpositive re	1月26日	26/17913	0.037087	0.085059	0.045834	TREM2
GO_BP_mfGO:19037fnegative re	1月26日	26/17913	0.037087	0.085059	0.045834	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00071fcell-matrix	2月26日	214/17913	0.038257	0.086934	0.046844	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00343fcell junctic	2月26日	214/17913	0.038257	0.086934	0.046844	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00359fresponse t	1月26日	27/17913	0.038486	0.086934	0.046844	PTK2B
GO_BP_mfGO:00361fphosphatic	1月26日	27/17913	0.038486	0.086934	0.046844	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00433fregulation	1月26日	27/17913	0.038486	0.086934	0.046844	FGR
GO_BP_mfGO:00459fpositive re	1月26日	27/17913	0.038486	0.086934	0.046844	PTGS2
GO_BP_mfGO:19016fquinone r	1月26日	27/17913	0.038486	0.086934	0.046844	CYP4F2
GO_BP_mfGO:20001fregulation	1月26日	27/17913	0.038486	0.086934	0.046844	CYP4F2
GO_BP_mfGO:20004fpositive re	1月26日	27/17913	0.038486	0.086934	0.046844	PTK2B
GO_BP_mfGO:00031faortic valv	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	ROCK1
GO_BP_mfGO:00327fpositive re	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	PTK2B
GO_BP_mfGO:00396fviral RNA c	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	PI4KA
GO_BP_mfGO:00482fnegative re	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	MTMR2

GO_BP_mfGO:00504farachidoni	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00602flong-term	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	PTK2B
GO_BP_mfGO:00611f mRNA des	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	ROCK1
GO_BP_mfGO:19039farachidoni	1月26日	28/17913	0.039884	0.088896	0.047901	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00316fcellular res	2月26日	220/17913	0.040225	0.089507	0.04823	MTMR3/PT
GO_BP_mfGO:00028fpositive re	1月26日	29/17913	0.04128	0.09125	0.04917	FGR
GO_BP_mfGO:00105fpositive re	1月26日	29/17913	0.04128	0.09125	0.04917	PTGS2
GO_BP_mfGO:00330fregulation	1月26日	29/17913	0.04128	0.09125	0.04917	FGR
GO_BP_mfGO:00342famyloid-b	1月26日	29/17913	0.04128	0.09125	0.04917	ROCK1
GO_BP_mfGO:00097fresponse t	2月26日	224/17913	0.041558	0.091563	0.049339	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00464forganoph	2月26日	224/17913	0.041558	0.091563	0.049339	INPP5E/M
GO_BP_mfGO:00105fregulation	1月26日	30/17913	0.042673	0.093409	0.050333	ALOX12
GO_BP_mfGO:00506fregulation	1月26日	30/17913	0.042673	0.093409	0.050333	LCK
GO_BP_mfGO:00507fRNA desta	1月26日	30/17913	0.042673	0.093409	0.050333	ROCK1
GO_BP_mfGO:19029fregulation	1月26日	30/17913	0.042673	0.093409	0.050333	ROCK1
GO_BP_mfGO:19033fregulation	2月26日	230/17913	0.043589	0.094758	0.05106	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00181fpeptidyl-s	2月26日	231/17913	0.043931	0.094758	0.05106	PTGS2/RO
GO_BP_mfGO:00026fpositive re	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	PTGS2
GO_BP_mfGO:00033fepithelial c	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	ROCK1
GO_BP_mfGO:00066fphosphatic	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:00308fcortical act	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	ROCK1
GO_BP_mfGO:00331fresponse t	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	PTGS2
GO_BP_mfGO:00459fpositive re	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	PTGS2
GO_BP_mfGO:00464fphosphatic	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	PLA2G4A
GO_BP_mfGO:19033fpositive re	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	ROCK1
GO_BP_mfGO:19039fregulation	1月26日	31/17913	0.044065	0.094758	0.05106	TREM2
GO_BP_mfGO:00512fprotein po	2月26日	232/17913	0.044274	0.094902	0.051138	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:19040fpositive re	2月26日	232/17913	0.044274	0.094902	0.051138	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00324fregulation	2月26日	234/17913	0.044963	0.096226	0.051851	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00031faortic valv	1月26日	32/17913	0.045455	0.096818	0.05217	ROCK1
GO_BP_mfGO:00327fpositive re	1月26日	32/17913	0.045455	0.096818	0.05217	TREM2
GO_BP_mfGO:20011fpositive re	1月26日	32/17913	0.045455	0.096818	0.05217	TREM2
GO_BP_mfGO:00726fprotein loc	2月26日	237/17913	0.046004	0.097832	0.052717	ROCK1/TR
GO_BP_mfGO:00514fneuron ap	2月26日	238/17913	0.046354	0.098371	0.053007	PTK2B/RO
GO_BP_mfGO:00313fpositive re	2月26日	239/17913	0.046704	0.098371	0.053007	ALOX15/P
GO_BP_mfGO:00109fpositive re	1月26日	33/17913	0.046843	0.098371	0.053007	PPP1R12A
GO_BP_mfGO:00328freceptor c	1月26日	33/17913	0.046843	0.098371	0.053007	MTMR2
GO_BP_mfGO:00328fpositive re	1月26日	33/17913	0.046843	0.098371	0.053007	CYP4F2
GO_BP_mfGO:00425fsuperoxide	1月26日	33/17913	0.046843	0.098371	0.053007	ALOX12
GO_BP_mfGO:00430fpositive re	1月26日	33/17913	0.046843	0.098371	0.053007	TREM2
GO_BP_mfGO:19018fpositive re	1月26日	33/17913	0.046843	0.098371	0.053007	ROCK1
GO_BP_mfGO:00421fcellular ket	2月26日	241/17913	0.047407	0.099244	0.053478	CYP4F2/P1
GO_BP_mfGO:00972fcellular res	2月26日	241/17913	0.047407	0.099244	0.053478	PTGS1/PTI
GO_BP_mfGO:00228fregulation	2月26日	242/17913	0.04776	0.099828	0.053792	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00330f muscle cel	2月26日	243/17913	0.048114	0.100031	0.053901	ALOX12/P
GO_BP_mfGO:00105fregulation	1月26日	34/17913	0.048229	0.100031	0.053901	PTGS2
GO_BP_mfGO:00326fnegative re	1月26日	34/17913	0.048229	0.100031	0.053901	TREM2
GO_BP_mfGO:20002fregulation	1月26日	34/17913	0.048229	0.100031	0.053901	PTK2B
GO_BP_mfGO:20004fpositive re	1月26日	34/17913	0.048229	0.100031	0.053901	PTK2B
GO_BP_mfGO:00519fregulation	2月26日	244/17913	0.048469	0.100374	0.054086	PTGS2/PTI
GO_BP_mfGO:00507fregulation	2月26日	245/17913	0.048825	0.100956	0.0544	PTK2B/TRE
GO_BP_mfGO:00018fmaternal p	1月26日	35/17913	0.049613	0.101647	0.054772	PTGS2
GO_BP_mfGO:00308fcortical cyt	1月26日	35/17913	0.049613	0.101647	0.054772	ROCK1
GO_BP_mfGO:00459fpositive re	1月26日	35/17913	0.049613	0.101647	0.054772	PTGS2
GO_BP_mfGO:00482fmacrophag	1月26日	35/17913	0.049613	0.101647	0.054772	PTK2B
GO_BP_mfGO:00487fregulation	1月26日	35/17913	0.049613	0.101647	0.054772	TREM2
GO_BP_mfGO:20003fregulation	1月26日	35/17913	0.049613	0.101647	0.054772	PTK2B
GO_BP_mfGO:00601fregulation	6/116	117/17913	0.000113	0.001081	0.000761	NUP107/N

GO_BP_mzGO:00609	regulation	6/116	117/17913	0.000113	0.001081	0.000761	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00061	regulation	5/116	75/17913	0.000126	0.001194	0.000841	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00070	regulation	3/116	16/17913	0.000139	0.001316	0.000927	CDC23/CDC
GO_BP_mzGO:00902	regulation	4/116	41/17913	0.000141	0.001318	0.000928	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00308	regulation	5/116	77/17913	0.000142	0.001326	0.000934	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00169	protein su	5/116	78/17913	0.000151	0.0014	0.000986	NUP107/N
GO_BP_mzGO:19000	regulation	5/116	79/17913	0.000161	0.001478	0.00104	NUP107/N
GO_BP_mzGO:20012	negative r	6/116	125/17913	0.000162	0.001484	0.001044	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00616	cytoskelet	5/116	82/17913	0.000192	0.001739	0.001224	AURKB/CE
GO_BP_mzGO:00069	nuclear en	4/116	45/17913	0.000203	0.001816	0.001279	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00458	negative r	4/116	45/17913	0.000203	0.001816	0.001279	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00434	regulation	5/116	84/17913	0.000214	0.00191	0.001345	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00190	viral gene	7/116	191/17913	0.000246	0.002121	0.001493	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00063	nucleosom	6/116	135/17913	0.000247	0.002121	0.001493	KNL1/CEN
GO_BP_mzGO:00309	establishm	2/116	4/17913	0.000247	0.002121	0.001493	CKAP5/KIF
GO_BP_mzGO:00482	snoRNA lo	2/116	4/17913	0.000247	0.002121	0.001493	FBL/NOP5
GO_BP_mzGO:19028	regulation	2/116	4/17913	0.000247	0.002121	0.001493	SIAH1/SIA
GO_BP_mzGO:19028	negative r	2/116	4/17913	0.000247	0.002121	0.001493	SIAH1/SIA
GO_BP_mzGO:00458	positive re	4/116	48/17913	0.000261	0.002223	0.001565	CDCA5/ES
GO_BP_mzGO:19016	regulation	3/116	20/17913	0.000278	0.002358	0.00166	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00311	mRNA 3'-	5/116	89/17913	0.000281	0.002367	0.001666	CCNB1/CS
GO_BP_mzGO:00609	regulation	6/116	139/17913	0.000289	0.002418	0.001703	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00511	regulation	5/116	90/17913	0.000296	0.002435	0.001714	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00512	spindle as	5/116	90/17913	0.000296	0.002435	0.001714	AURKB/HN
GO_BP_mzGO:20011	regulation	5/116	90/17913	0.000296	0.002435	0.001714	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00070	regulation	3/116	21/17913	0.000323	0.002642	0.00186	BUB1/CDC
GO_BP_mzGO:00517	negative r	4/116	52/17913	0.000356	0.002859	0.002013	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00903	mitotic spi	4/116	52/17913	0.000356	0.002859	0.002013	AURKB/HN
GO_BP_mzGO:00513	meiotic ce	7/116	203/17913	0.000356	0.002859	0.002013	BUB3/ESPI
GO_BP_mzGO:00315	positive re	2/116	5/17913	0.00041	0.003261	0.002296	CDCA5/UE
GO_BP_mzGO:19054	positive re	2/116	5/17913	0.00041	0.003261	0.002296	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00106	negative r	9/116	352/17913	0.000475	0.003752	0.002641	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00314	chromatin	6/116	153/17913	0.000482	0.003788	0.002666	KNL1/CEN
GO_BP_mzGO:00109	positive re	3/116	24/17913	0.000485	0.003788	0.002666	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00900	positive re	8/116	283/17913	0.000512	0.003977	0.0028	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00063	chromatin	6/116	156/17913	0.000535	0.004129	0.002907	KNL1/CEN
GO_BP_mzGO:00066	NLS-beari	2/116	6/17913	0.000613	0.004677	0.003293	CBLB/RAN
GO_BP_mzGO:00309	establishm	2/116	6/17913	0.000613	0.004677	0.003293	CKAP5/KIF
GO_BP_mzGO:00517	positive re	4/116	60/17913	0.000616	0.004677	0.003293	CDCA5/ES
GO_BP_mzGO:00311	RNA 3'-en	5/116	107/17913	0.000656	0.00496	0.003492	CCNB1/CS
GO_BP_mzGO:19027	positive re	3/116	27/17913	0.000691	0.005194	0.003656	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00063	transcripti	4/116	62/17913	0.000697	0.005213	0.00367	HEATR1/U
GO_BP_mzGO:19003	regulation	5/116	109/17913	0.000714	0.005309	0.003738	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00347	nucleosom	6/116	165/17913	0.000718	0.005311	0.003739	KNL1/CEN
GO_BP_mzGO:00060	glycolytic	5/116	110/17913	0.000744	0.005419	0.003815	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00308	regulation	5/116	110/17913	0.000744	0.005419	0.003815	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00313	positive re	5/116	110/17913	0.000744	0.005419	0.003815	HUWE1/PI
GO_BP_mzGO:00400	establishm	3/116	28/17913	0.00077	0.005579	0.003928	CENPA/ES
GO_BP_mzGO:00067	ATP gener	5/116	111/17913	0.000775	0.005587	0.003933	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00004	cleavage ir	2/116	7/17913	0.000855	0.006097	0.004292	NOB1/NO
GO_BP_mzGO:19018	positive re	2/116	7/17913	0.000855	0.006097	0.004292	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00428	pyruvate b	5/116	114/17913	0.000875	0.006175	0.004347	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00511	regulation	5/116	114/17913	0.000875	0.006175	0.004347	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00459	negative r	8/116	308/17913	0.000889	0.006248	0.004399	AURKB/BU
GO_BP_mzGO:00346	cellular res	5/116	117/17913	0.000983	0.006871	0.004837	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00514	regulation	10/116	472/17913	0.000991	0.006893	0.004853	CLASP2/H
GO_BP_mzGO:00190	viral transc	6/116	177/17913	0.001034	0.007152	0.005035	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00063	terminatio	3/116	31/17913	0.001042	0.007152	0.005035	CSTF1/FIP:

GO_BP_mzGO:00002{mitotic cyt 4/116	69/17913	0.001044	0.007152	0.005035	CENPA/CL
GO_BP_mzGO:00063{chromatin 6/116	178/17913	0.001065	0.007261	0.005112	KNL1/CEN
GO_BP_mzGO:00850{protein K6 2/116	8/17913	0.001135	0.007619	0.005364	RNF4/UBE
GO_BP_mzGO:19038{positive re 2/116	8/17913	0.001135	0.007619	0.005364	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:19054{regulation 2/116	8/17913	0.001135	0.007619	0.005364	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00460{ADP metal 5/116	121/17913	0.001143	0.007619	0.005364	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00302{chromosom 3/116	32/17913	0.001144	0.007619	0.005364	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00190{viral life cy 8/116	324/17913	0.00123	0.008151	0.005739	CDK1/NUF
GO_BP_mzGO:00512{ nuclear pc 2/116	9/17913	0.001453	0.009581	0.006745	AHCTF1/N
GO_BP_mzGO:19033{positive re 5/116	128/17913	0.001467	0.00963	0.00678	HUWE1/PI
GO_BP_mzGO:00061{nucleoside 5/116	129/17913	0.001519	0.00992	0.006984	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00512{establishm 3/116	36/17913	0.001617	0.010513	0.007401	CENPA/ES
GO_BP_mzGO:00469{ nucleotide 5/116	131/17913	0.001625	0.010519	0.007406	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091{purine nuc 5/116	133/17913	0.001737	0.011118	0.007827	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091{purine ribc 5/116	133/17913	0.001737	0.011118	0.007827	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00313{regulation 6/116	196/17913	0.001742	0.011118	0.007827	HUWE1/PI
GO_BP_mzGO:00602{regulation 3/116	37/17913	0.001751	0.011128	0.007834	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00109{negative r 8/116	344/17913	0.001795	0.011356	0.007995	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00091{ribonuclec 5/116	135/17913	0.001855	0.011683	0.008225	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00165{histone ph 3/116	38/17913	0.001892	0.011863	0.008352	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00324{regulation 4/116	83/17913	0.00207	0.012918	0.009094	AHCTF1/A
GO_BP_mzGO:00354{histone-se 2/116	11/17913	0.002201	0.013555	0.009543	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00451{protein ne 2/116	11/17913	0.002201	0.013555	0.009543	RNF7/UBE
GO_BP_mzGO:00550{ventricular 2/116	11/17913	0.002201	0.013555	0.009543	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00193{nicotinami 5/116	142/17913	0.002314	0.014062	0.0099	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00193{pyridine nr 5/116	142/17913	0.002314	0.014062	0.0099	NUP107/N
GO_BP_mzGO:01400{meiotic nu 5/116	142/17913	0.002314	0.014062	0.0099	ESPL1/KIF1
GO_BP_mzGO:00516{spindle loc 3/116	41/17913	0.002358	0.014269	0.010046	CENPA/ES
GO_BP_mzGO:00436{post-trans 8/116	360/17913	0.002381	0.014345	0.010099	ASB12/ASI
GO_BP_mzGO:00725{pyridine-c 5/116	145/17913	0.002533	0.0152	0.010701	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00004{maturator 2/116	12/17913	0.00263	0.015646	0.011015	NOP14/M
GO_BP_mzGO:19046{positive re 2/116	12/17913	0.00263	0.015646	0.011015	PLK1/UBE2
GO_BP_mzGO:00460{ATP metal 7/116	287/17913	0.002659	0.015754	0.011091	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00060{pyruvate n 5/116	147/17913	0.002688	0.015855	0.011162	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00165{histone ub 3/116	44/17913	0.002888	0.016966	0.011945	HUWE1/TF
GO_BP_mzGO:00067{ATP biosyr 5/116	150/17913	0.002933	0.017154	0.012077	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00457{positive re 8/116	373/17913	0.002959	0.017236	0.012134	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:19030{meiotic ce 5/116	151/17913	0.003018	0.017505	0.012324	ESPL1/KIF1
GO_BP_mzGO:00380{netrin-acti 2/116	13/17913	0.003095	0.017806	0.012536	SIAH1/SIA
GO_BP_mzGO:00620{positive re 2/116	13/17913	0.003095	0.017806	0.012536	ESPL1/HN
GO_BP_mzGO:00512{protein de 4/116	93/17913	0.00313	0.017934	0.012626	CKAP5/CL
GO_BP_mzGO:00091{nucleoside 5/116	153/17913	0.003193	0.01822	0.012827	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00316{protein de 3/116	46/17913	0.00328	0.018563	0.013069	UTP25/PL1
GO_BP_mzGO:00705{protein K6 3/116	46/17913	0.00328	0.018563	0.013069	RNF115/RI
GO_BP_mzGO:00345{protein loc 6/116	223/17913	0.003314	0.018609	0.013101	CBLB/CDK
GO_BP_mzGO:19033{regulation 6/116	223/17913	0.003314	0.018609	0.013101	HUWE1/PI
GO_BP_mzGO:00977{ciliary basc 4/116	95/17913	0.003379	0.018897	0.013304	CDK1/CKA
GO_BP_mzGO:00353{protein loc 2/116	14/17913	0.003596	0.020027	0.014099	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00094{response t 5/116	158/17913	0.003663	0.020324	0.014308	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00092{purine ribc 5/116	159/17913	0.003763	0.020795	0.01464	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091{purine nuc 5/116	160/17913	0.003865	0.021272	0.014976	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00469{pore com 2/116	15/17913	0.004131	0.02265	0.015946	AHCTF1/N
GO_BP_mzGO:00092{ribonuclec 5/116	164/17913	0.004291	0.023435	0.016499	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00092{purine ribc 7/116	314/17913	0.004357	0.023613	0.016624	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00062{regulation 4/116	102/17913	0.004358	0.023613	0.016624	CDK1/PDS
GO_BP_mzGO:00091{purine ribc 7/116	317/17913	0.004587	0.02476	0.017432	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00091{purine nuc 7/116	318/17913	0.004666	0.025088	0.017662	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00090{dosage co 2/116	16/17913	0.004702	0.025088	0.017662	HNRNPU/I

GO_BP_mzGO:00550:ventricular 2/116	16/17913	0.004702	0.025088	0.017662	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00091:ribonuclec 7/116	319/17913	0.004746	0.025225	0.017759	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00091:nucleotide 5/116	169/17913	0.004871	0.025792	0.018158	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091:purine nuc 7/116	321/17913	0.004908	0.025892	0.018228	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00071:establishm 5/116	172/17913	0.005244	0.027558	0.019402	CENPA/CK
GO_BP_mzGO:00091:purine nuc 5/116	174/17913	0.005503	0.028707	0.02021	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091:purine ribc 5/116	174/17913	0.005503	0.028707	0.02021	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091:nucleoside 5/116	175/17913	0.005636	0.029184	0.020546	NUP107/N
GO_BP_mzGO:19012:nucleoside 5/116	175/17913	0.005636	0.029184	0.020546	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091:ribonuclec 7/116	331/17913	0.005784	0.029838	0.021006	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00075:dosage co 2/116	18/17913	0.005944	0.030329	0.021352	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00344:ncRNA 5'- 2/116	18/17913	0.005944	0.030329	0.021352	NOP14/RP
GO_BP_mzGO:00518:negative r 2/116	18/17913	0.005944	0.030329	0.021352	CLASP2/R
GO_BP_mzGO:00193:pyridine n 5/116	179/17913	0.006192	0.031364	0.02208	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00464:nicotinami 5/116	179/17913	0.006192	0.031364	0.02208	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091:nucleoside 7/116	337/17913	0.006363	0.031544	0.022207	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00007:karyogamy 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	CDK1
GO_BP_mzGO:00073:pronuclear 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	CDK1
GO_BP_mzGO:00466:response t 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	CCNB1
GO_BP_mzGO:00996:microtubu 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	CENPE
GO_BP_mzGO:00996:lateral atta 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	CENPE
GO_BP_mzGO:19028:protein loc 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	HNRNPU
GO_BP_mzGO:19902:histone glt 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	FBL
GO_BP_mzGO:19902:RNA locali 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	HNRNPU
GO_BP_mzGO:19903:protein K3 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	KLHL20
GO_BP_mzGO:20007:histone H 1/116	1/17913	0.006476	0.031544	0.022207	CCNB1
GO_BP_mzGO:19033:negative r 2/116	19/17913	0.006616	0.032113	0.022608	CLASP2/R
GO_BP_mzGO:00725:pyridine-c 5/116	184/17913	0.006939	0.033568	0.023632	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00160:carbohydr. 5/116	185/17913	0.007096	0.03409	0.024	NUP107/N
GO_BP_mzGO:19021:regulation 5/116	185/17913	0.007096	0.03409	0.024	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00329:circadian r 3/116	61/17913	0.007249	0.034707	0.024434	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00009:RNA 5'-en 2/116	20/17913	0.00732	0.034925	0.024588	NOP14/RP
GO_BP_mzGO:00091:ribonuclec 5/116	188/17913	0.007581	0.036048	0.025378	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00091:nucleoside 7/116	349/17913	0.00765	0.036252	0.025522	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00067:oxidoredu 5/116	192/17913	0.008263	0.039025	0.027474	NUP107/N
GO_BP_mzGO:19046:regulation 2/116	22/17913	0.008825	0.041538	0.029243	PLK1/UBE2
GO_BP_mzGO:00091:nucleoside 5/116	196/17913	0.008986	0.042102	0.02964	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00467:microtubu 3/116	66/17913	0.009005	0.042102	0.02964	CKAP5/CL
GO_BP_mzGO:00061:regulation 5/116	198/17913	0.009364	0.043579	0.03068	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00451:meiotic ch 3/116	67/17913	0.009383	0.043579	0.03068	ESPL1/PLK
GO_BP_mzGO:00102:endomem 7/116	365/17913	0.009653	0.044687	0.03146	KNL1/CCN
GO_BP_mzGO:00324:positive re 3/116	68/17913	0.00977	0.045079	0.031737	DET1/PLK1
GO_BP_mzGO:00076:circadian r 5/116	201/17913	0.009951	0.04576	0.032215	CDK1/HNF
GO_BP_mzGO:00063:DNA-tem 3/116	69/17913	0.010167	0.046298	0.032595	CSTF1/FIP
GO_BP_mzGO:00311:regulation 3/116	69/17913	0.010167	0.046298	0.032595	CLASP2/M
GO_BP_mzGO:00518:protein au 3/116	69/17913	0.010167	0.046298	0.032595	RNF115/RI
GO_BP_mzGO:00001:establishm 2/116	24/17913	0.010455	0.046998	0.033087	CENPA/PL
GO_BP_mzGO:00020:regulation 2/116	24/17913	0.010455	0.046998	0.033087	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00506:negative r 2/116	24/17913	0.010455	0.046998	0.033087	PCBP2/RIC
GO_BP_mzGO:19018:negative r 2/116	24/17913	0.010455	0.046998	0.033087	CLASP2/R
GO_BP_mzGO:00905:RNA phos 3/116	70/17913	0.010573	0.047375	0.033353	NOB1/NO
GO_BP_mzGO:00905:RNA phos 4/116	132/17913	0.010692	0.047756	0.033621	NOB1/NO
GO_BP_mzGO:00335:histone H 2/116	25/17913	0.011317	0.050385	0.035472	TRIM37/UI
GO_BP_mzGO:00724:signal tran 3/116	73/17913	0.011847	0.05241	0.036898	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00724:signal tran 3/116	73/17913	0.011847	0.05241	0.036898	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00344:nucleobas 5/116	211/17913	0.012089	0.053312	0.037532	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00723:signal tran 3/116	74/17913	0.01229	0.05403	0.038038	CCNB1/CE
GO_BP_mzGO:00004:endonucle 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	NOP14

GO_BP_mzGO:00009(rRNA 5'-e1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	NOP14
GO_BP_mzGO:00608: random in 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	RLIM
GO_BP_mzGO:00701(synaptone 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	PLK1
GO_BP_mzGO:00712(cellular res 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	CCNB1
GO_BP_mzGO:00723(chromosom 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	RCC2
GO_BP_mzGO:19024(regulation 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	HNRNPU
GO_BP_mzGO:19024(positive re 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	HNRNPU
GO_BP_mzGO:19030(regulation 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	MAPRE1
GO_BP_mzGO:19030(positive re 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	MAPRE1
GO_BP_mzGO:19907(response t 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	RIOK3
GO_BP_mzGO:19907(cellular res 1/116	2/17913	0.01291	0.054691	0.038503	RIOK3
GO_BP_mzGO:00068(retrograde 3/116	76/17913	0.013205	0.055772	0.039264	CENPE/KIF
GO_BP_mzGO:01400(organelle l4/116	141/17913	0.01336	0.056255	0.039604	CDK1/CKA
GO_BP_mzGO:00092(response t 5/116	219/17913	0.014009	0.058585	0.041245	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00512(establishm 2/116	28/17913	0.014081	0.058585	0.041245	CENPA/PL
GO_BP_mzGO:00514(positive re 2/116	28/17913	0.014081	0.058585	0.041245	PLK1/UBE2
GO_BP_mzGO:00711(protein loc 2/116	28/17913	0.014081	0.058585	0.041245	CDCA5/PL
GO_BP_mzGO:00550(cardiac mt 3/116	78/17913	0.014158	0.058732	0.041348	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00224(cellular col 8/116	492/17913	0.014706	0.060825	0.042821	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00434(regulation 2/116	29/17913	0.01506	0.062107	0.043724	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00464(organopho 5/116	224/17913	0.015309	0.062945	0.044314	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00510(regulation 7/116	403/17913	0.015918	0.065259	0.045943	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00315(G2 DNA d 2/116	30/17913	0.016068	0.065683	0.046242	CDK1/PLK
GO_BP_mzGO:20000(positive re 3/116	82/17913	0.016178	0.065939	0.046422	DET1/PLK1
GO_BP_mzGO:00224(membran 4/116	150/17913	0.016418	0.06672	0.046972	CDK1/CKA
GO_BP_mzGO:00550(cardiac cel 3/116	84/17913	0.017246	0.069883	0.049199	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00311(negative r 2/116	32/17913	0.018169	0.07341	0.051681	CLASP2/M
GO_BP_mzGO:19019(negative r 5/116	235/17913	0.018446	0.074314	0.052318	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00004(endonucle 1/116	3/17913	0.019303	0.07623	0.053667	NOP14
GO_BP_mzGO:00140(regulation 1/116	3/17913	0.019303	0.07623	0.053667	CDK1
GO_BP_mzGO:00183(peptidyl-g 1/116	3/17913	0.019303	0.07623	0.053667	FBL
GO_BP_mzGO:00439(histone H 1/116	3/17913	0.019303	0.07623	0.053667	AURKB
GO_BP_mzGO:00902(regulation 1/116	3/17913	0.019303	0.07623	0.053667	RNF4
GO_BP_mzGO:00989(dendritic t 1/116	3/17913	0.019303	0.07623	0.053667	HNRNPU
GO_BP_mzGO:00989(dendritic t 1/116	3/17913	0.019303	0.07623	0.053667	HNRNPU
GO_BP_mzGO:00165(histone m 7/116	420/17913	0.019495	0.076565	0.053903	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00071(meiosis l 3/116	88/17913	0.019497	0.076565	0.053903	ESPL1/PLK
GO_BP_mzGO:00513(regulation 4/116	162/17913	0.02113	0.082745	0.058254	AHCTF1/A
GO_BP_mzGO:00619(meiosis l c 3/116	91/17913	0.021287	0.083127	0.058523	ESPL1/PLK
GO_BP_mzGO:00091(coenzyme 5/116	245/17913	0.021643	0.084281	0.059335	NUP107/N
GO_BP_mzGO:19018(positive re 3/116	93/17913	0.022529	0.087468	0.061579	DET1/PLK1
GO_BP_mzGO:00165(covalent cl 7/116	433/17913	0.022587	0.087468	0.061579	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00081(negative r 2/116	36/17913	0.022694	0.087641	0.061701	PDS5A/SM
GO_BP_mzGO:00070(Golgi orga 3/116	94/17913	0.023165	0.089212	0.062807	CDK1/CLA
GO_BP_mzGO:00620(regulation 7/116	439/17913	0.024122	0.092646	0.065224	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:20012(positive re 4/116	169/17913	0.024226	0.092788	0.065324	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:19019(negative r 5/116	254/17913	0.024812	0.094631	0.066621	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00198(antigen pr 3/116	97/17913	0.025129	0.094631	0.066621	CENPE/KIF
GO_BP_mzGO:19027(negative r 3/116	97/17913	0.025129	0.094631	0.066621	AURKB/CC
GO_BP_mzGO:00000(ribosomal 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	XPO1
GO_BP_mzGO:00000(ribosomal 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	XPO1
GO_BP_mzGO:00004(endonucle 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	NOP14
GO_BP_mzGO:00070(mitotic chr 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	CENPE
GO_BP_mzGO:00331(positive re 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	RANBP2
GO_BP_mzGO:00395(negative r 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	RIOK3
GO_BP_mzGO:00448(mitotic cyt 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	AURKB
GO_BP_mzGO:00606(regulation 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	CCNB1
GO_BP_mzGO:00719(regulation 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	CDCA5

GO_BP_mzGO:00719	mitotic sist 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	SGO1
GO_BP_mzGO:19036	negative r 1/116	4/17913	0.025655	0.094631	0.066621	CLASP2
GO_BP_mzGO:00600	positive re 2/116	39/17913	0.02636	0.096977	0.068273	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00024	antigen pr 3/116	100/17913	0.027181	0.099735	0.070215	CENPE/KIF
GO_BP_mzGO:00108	regulation 2/116	40/17913	0.027632	0.10086	0.071007	TRIM37/XF
GO_BP_mzGO:00400	positive re 2/116	40/17913	0.027632	0.10086	0.071007	CLASP2/U
GO_BP_mzGO:00025	antigen pr 3/116	101/17913	0.027884	0.101516	0.071469	CENPE/KIF
GO_BP_mzGO:19035	positive re 2/116	41/17913	0.028928	0.105042	0.073951	CCNB1/CC
GO_BP_mzGO:00091	purine ribc 5/116	266/17913	0.029483	0.10678	0.075175	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00019	negative r 2/116	42/17913	0.030248	0.109268	0.076926	CLASP2/R
GO_BP_mzGO:00003	mRNA 3' - 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	SF1
GO_BP_mzGO:00004	endonucle 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	NOP14
GO_BP_mzGO:00004	endonucle 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	NOP14
GO_BP_mzGO:00004	box C/D sr 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	SNU13
GO_BP_mzGO:00100	response t 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CCNB1
GO_BP_mzGO:00439	histone H 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CCNB1
GO_BP_mzGO:00443	protein K2 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	UBE2D4
GO_BP_mzGO:00458	negative r 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	ESPL1
GO_BP_mzGO:00709	CRD-medi 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	HNRNPU
GO_BP_mzGO:01100	regulation 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CLASP2
GO_BP_mzGO:19033	positive re 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	RANBP2
GO_BP_mzGO:19042	regulation 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CLASP2
GO_BP_mzGO:19042	positive re 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CLASP2
GO_BP_mzGO:19056	regulation 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CDCA5
GO_BP_mzGO:20005	regulation 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CBLB
GO_BP_mzGO:20011	basement 1/116	5/17913	0.031966	0.110888	0.078067	CLASP2
GO_BP_mzGO:00071	male meio 2/116	44/17913	0.032958	0.114049	0.080292	KIF18A/UB
GO_BP_mzGO:19030	positive re 3/116	109/17913	0.033857	0.116869	0.082277	DET1/PLK1
GO_BP_mzGO:00324	regulation 3/116	110/17913	0.034647	0.1193	0.083989	DET1/PLK1
GO_BP_mzGO:00092	ribonuclec 5/116	279/17913	0.035133	0.120678	0.084959	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00061	purine nuc 5/116	280/17913	0.035594	0.12196	0.085862	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00140	response t 2/116	46/17913	0.03576	0.122041	0.085919	CDK1/RAN
GO_BP_mzGO:00718	DNA biosy 4/116	192/17913	0.036255	0.122041	0.085919	AURKB/CE
GO_BP_mzGO:00028	negative r 2/116	47/17913	0.037195	0.122041	0.085919	PCBP2/RIC
GO_BP_mzGO:00451	homologo 2/116	47/17913	0.037195	0.122041	0.085919	ESPL1/PLK
GO_BP_mzGO:00514	regulation 2/116	47/17913	0.037195	0.122041	0.085919	PLK1/UBE2
GO_BP_mzGO:00726	protein loc 2/116	47/17913	0.037195	0.122041	0.085919	HNRNPU/I
GO_BP_mzGO:00463	ribose phc 5/116	284/17913	0.037473	0.122041	0.085919	NUP107/N
GO_BP_mzGO:00427	regulation 3/116	114/17913	0.0379	0.122041	0.085919	CDK1/PPP
GO_BP_mzGO:00436	cellular pr 4/116	195/17913	0.038037	0.122041	0.085919	CKAP5/CL
GO_BP_mzGO:00000	ribosomal 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	XPO1
GO_BP_mzGO:00004	maturator 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	NOP14
GO_BP_mzGO:00004	small nucl 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	SNU13
GO_BP_mzGO:00098	abscission 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	AURKB
GO_BP_mzGO:00109	free ubiqu 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	UBE2C
GO_BP_mzGO:00163	female me 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	PLK1
GO_BP_mzGO:00328	negative r 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	SMC1A
GO_BP_mzGO:00337	ribosome l 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	XPO1
GO_BP_mzGO:00341	positive re 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	PJA2
GO_BP_mzGO:00355	protein K2 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	UBE2D4
GO_BP_mzGO:00357	platelet-d 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	CBLB
GO_BP_mzGO:00458	positive re 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	ESPL1
GO_BP_mzGO:00708	aggresom 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	TRIM37
GO_BP_mzGO:00719	cohesin lo 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	CDCA5
GO_BP_mzGO:00901	Golgi disa 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	CDK1
GO_BP_mzGO:00902	regulation 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	RNF4
GO_BP_mzGO:00989	dendritic t 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	HNRNPU
GO_BP_mzGO:19019	positive re 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	ESPL1

GO_BP_mfGO:19045fpositive re 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	MAPRE1
GO_BP_mfGO:20003fregulation 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	HNRNPU
GO_BP_mfGO:20003fpositive re 1/116	6/17913	0.038236	0.122041	0.085919	HNRNPU
GO_BP_mfGO:00485frhythmic p 5/116	287/17913	0.038922	0.123948	0.087261	CDK1/HNF
GO_BP_mfGO:00459fpositive re 2/116	49/17913	0.040129	0.126922	0.089355	CCNB1/CC
GO_BP_mfGO:00550fpositive re 2/116	49/17913	0.040129	0.126922	0.089355	CCNB1/CC
GO_BP_mfGO:19005fpositive re 2/116	49/17913	0.040129	0.126922	0.089355	CCNB1/CC
GO_BP_mfGO:00725fpurine-cof 5/116	291/17913	0.040907	0.129092	0.090883	NUP107/N
GO_BP_mfGO:00443fprotein loc 2/116	50/17913	0.041627	0.13107	0.092275	HNRNPU/I
GO_BP_mfGO:00550fcardiac m 3/116	121/17913	0.043956	0.135139	0.09514	CCNB1/CC
GO_BP_mfGO:00091fpurine ribc 7/116	500/17913	0.043965	0.135139	0.09514	CCNB1/CC
GO_BP_mfGO:00004fmaturator 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	NOP14
GO_BP_mfGO:00109fubiquitin r 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	UBE2C
GO_BP_mfGO:00324fnegative r 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	AURKB
GO_BP_mfGO:00340festablishm 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	CDCA5
GO_BP_mfGO:00360fcleavage fi 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	AURKB
GO_BP_mfGO:00395fregulation 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	RIOK3
GO_BP_mfGO:00512fmitotic spi 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	AURKB
GO_BP_mfGO:00513fchromosol 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	CENPE
GO_BP_mfGO:00714frRNA-con 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	XPO1
GO_BP_mfGO:00902fnegative r 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	PPP2R5A
GO_BP_mfGO:00902fregulation 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	HNRNPU
GO_BP_mfGO:00904fprotein loc 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	PLK1
GO_BP_mfGO:19021fpositive re 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	ESPL1
GO_BP_mfGO:19036fregulation 1/116	7/17913	0.044466	0.135139	0.09514	CLASP2
GO_BP_mfGO:00322fregulation 2/116	53/17913	0.046248	0.139944	0.098522	AURKB/HN
GO_BP_mfGO:00604fpositive re 2/116	53/17913	0.046248	0.139944	0.098522	CCNB1/CC
GO_BP_mfGO:00466fregulation 2/116	54/17913	0.047828	0.144413	0.101669	TRIM37/XF
GO_BP_mfGO:00329fregulation 6/46	297/17913	0.000106	0.002283	0.001636	ACTR3/AR
GO_BP_mfGO:00198fantigen pr 4/46	97/17913	0.000111	0.002351	0.001685	DNM2/KIF
GO_BP_mfGO:00325fcytokinetic 3/46	37/17913	0.000116	0.002352	0.001686	KIF23/SNX
GO_BP_mfGO:00484fsynaptic v 3/46	37/17913	0.000116	0.002352	0.001686	ITSN1/PAC
GO_BP_mfGO:01402fpresynapti 3/46	37/17913	0.000116	0.002352	0.001686	ITSN1/PAC
GO_BP_mfGO:00085fregulation 4/46	99/17913	0.00012	0.002399	0.00172	AAK1/ARR
GO_BP_mfGO:00024fantigen pr 4/46	100/17913	0.000125	0.002443	0.001751	DNM2/KIF
GO_BP_mfGO:00474fvesicle trar 3/46	38/17913	0.000126	0.002443	0.001751	KIF1B/KIF2
GO_BP_mfGO:00025fantigen pr 4/46	101/17913	0.00013	0.00247	0.00177	DNM2/KIF
GO_BP_mfGO:00360fcleavage fi 2/46	7/17913	0.000134	0.00247	0.00177	SNX18/SN
GO_BP_mfGO:00723fplus-end- 2/46	7/17913	0.000134	0.00247	0.00177	KIF23/KIFA
GO_BP_mfGO:00516festablishm 7/46	448/17913	0.000134	0.00247	0.00177	ACTR3/DN
GO_BP_mfGO:00457fnegative r 3/46	39/17913	0.000136	0.00247	0.00177	ARRB1/EG
GO_BP_mfGO:00357fintraciliary 3/46	40/17913	0.000146	0.002631	0.001886	DYNC2H1,
GO_BP_mfGO:00516fspindle loc 3/46	41/17913	0.000158	0.002798	0.002006	ACTR3/KIF
GO_BP_mfGO:00723fplus-end- 2/46	8/17913	0.000179	0.003133	0.002245	KIF23/KIFA
GO_BP_mfGO:00514fregulation 7/46	472/17913	0.000185	0.003208	0.0023	ACTR3/AR
GO_BP_mfGO:00329fregulation 6/46	341/17913	0.000224	0.003835	0.002749	ACTR3/AR
GO_BP_mfGO:00420fintraciliary 3/46	48/17913	0.000253	0.004267	0.003059	DYNC2H1,
GO_BP_mfGO:00364fsynaptic v 3/46	50/17913	0.000285	0.004761	0.003412	ITSN1/PAC
GO_BP_mfGO:00509fregulation 3/46	51/17913	0.000303	0.00499	0.003577	DNM2/EG
GO_BP_mfGO:00102fendomem 6/46	365/17913	0.000323	0.005267	0.003775	AGFG1/DN
GO_BP_mfGO:00103fmembran 3/46	58/17913	0.000443	0.007133	0.005113	FCHO2/SN
GO_BP_mfGO:00516festablishm 5/46	253/17913	0.000462	0.007349	0.005267	DNM2/KIF
GO_BP_mfGO:00024fimmune r 6/46	399/17913	0.000519	0.008165	0.005852	ACTR3/AR
GO_BP_mfGO:00009fcytokines 4/46	147/17913	0.000544	0.008461	0.006064	ACTR3/KIF
GO_BP_mfGO:19037fregulation 2/46	14/17913	0.000576	0.008863	0.006353	DNM2/W/
GO_BP_mfGO:00327fregulation 3/46	64/17913	0.000592	0.009011	0.006459	DNM2/EG
GO_BP_mfGO:00516fvesicle loc 5/46	270/17913	0.00062	0.009342	0.006696	DNM2/KIF
GO_BP_mfGO:00020fG protein- 2/46	15/17913	0.000663	0.009884	0.007084	ARRB1/DN

GO_BP_mf:GO:00002f:mitotic cyt 3/46	69/17913	0.000737	0.010876	0.007795	KIF23/SNX
GO_BP_mf:GO:00027f:immune re 6/46	434/17913	0.000806	0.011757	0.008427	ACTR3/AR
GO_BP_mf:GO:01200f:regulation 4/46	166/17913	0.000857	0.012379	0.008873	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00723f:organelle t 3/46	73/17913	0.000869	0.012426	0.008907	KIF1B/KIF2
GO_BP_mf:GO:00604f:regulation 4/46	168/17913	0.000896	0.012682	0.00909	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00071f:establishm 4/46	172/17913	0.000978	0.013703	0.009822	ACTR3/AR
GO_BP_mf:GO:00518f:positive re 4/46	173/17913	0.000999	0.013863	0.009937	EGF/EGFR/
GO_BP_mf:GO:00024f:antigen pr 4/46	174/17913	0.001021	0.013888	0.009954	DNM2/KIF
GO_BP_mf:GO:00990f:vesicle-me 4/46	174/17913	0.001021	0.013888	0.009954	DNM2/ITS
GO_BP_mf:GO:00198f:antigen pr 4/46	176/17913	0.001065	0.014181	0.010165	DNM2/KIF
GO_BP_mf:GO:00020f:desensitizε 2/46	19/17913	0.001073	0.014181	0.010165	ARRB1/DN
GO_BP_mf:GO:00224f:negative a 2/46	19/17913	0.001073	0.014181	0.010165	ARRB1/DN
GO_BP_mf:GO:00975f:lamellipod 3/46	79/17913	0.001093	0.014315	0.010261	ARPC2/AR
GO_BP_mf:GO:00072f:Notch sigr 4/46	179/17913	0.001134	0.014711	0.010544	AAK1/ARR
GO_BP_mf:GO:00105f:positive re 2/46	20/17913	0.00119	0.015298	0.010965	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00510f:regulation 5/46	316/17913	0.001254	0.015977	0.011452	ARRB1/DN
GO_BP_mf:GO:00420f:regulation 3/46	84/17913	0.001306	0.016428	0.011775	EGF/EGFR/
GO_BP_mf:GO:00230f:adaptatior 2/46	21/17913	0.001313	0.016428	0.011775	ARRB1/DN
GO_BP_mf:GO:00480f:antigen pr 4/46	188/17913	0.001359	0.01685	0.012078	DNM2/KIF
GO_BP_mf:GO:00902f:positive re 3/46	91/17913	0.001644	0.020027	0.014355	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:19011f:regulation 3/46	91/17913	0.001644	0.020027	0.014355	EGF/EGFR/
GO_BP_mf:GO:00435f:positive re 5/46	339/17913	0.00171	0.020393	0.014618	AGFG1/AR
GO_BP_mf:GO:00020f:positive re 2/46	24/17913	0.001718	0.020393	0.014618	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:00481f:astrocyte ε 2/46	24/17913	0.001718	0.020393	0.014618	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00609f:dendritic s 3/46	94/17913	0.001804	0.02124	0.015224	ARF4/ITSN
GO_BP_mf:GO:01200f:positive re 3/46	95/17913	0.00186	0.021711	0.015562	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00163f:dendrite d 4/46	216/17913	0.002257	0.025948	0.018599	ARF4/ITSN
GO_BP_mf:GO:00313f:positive re 5/46	362/17913	0.002277	0.025948	0.018599	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00316f:receptor ir 3/46	102/17913	0.002278	0.025948	0.018599	ARRB1/DN
GO_BP_mf:GO:19027f:positive re 2/46	28/17913	0.002337	0.026406	0.018927	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00198f:antigen pr 4/46	220/17913	0.002412	0.027038	0.01938	DNM2/KIF
GO_BP_mf:GO:00513f:regulation 3/46	105/17913	0.002474	0.027255	0.019536	DNM2/EG
GO_BP_mf:GO:00465f:positive re 1/46	1/17913	0.002568	0.027255	0.019536	KIFAP3
GO_BP_mf:GO:00466f:negative rε 1/46	1/17913	0.002568	0.027255	0.019536	KIF25
GO_BP_mf:GO:00712f:cellular res 1/46	1/17913	0.002568	0.027255	0.019536	DNM2
GO_BP_mf:GO:19034f:regulation 1/46	1/17913	0.002568	0.027255	0.019536	DNM2
GO_BP_mf:GO:19034f:positive re 1/46	1/17913	0.002568	0.027255	0.019536	DNM2
GO_BP_mf:GO:19046f:response t 1/46	1/17913	0.002568	0.027255	0.019536	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00105f:regulation 2/46	31/17913	0.002861	0.029912	0.021441	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00457f:positive re 2/46	31/17913	0.002861	0.029912	0.021441	EGF/HIP1
GO_BP_mf:GO:00381f:ERBB2 sigr 2/46	32/17913	0.003047	0.031618	0.022663	EGF/EGFR
GO_BP_mf:GO:00066f:phosphatic 3/46	114/17913	0.003123	0.031934	0.02289	ARF3/OCR
GO_BP_mf:GO:00073f:determina 3/46	114/17913	0.003123	0.031934	0.02289	DYNC2H1,
GO_BP_mf:GO:19011f:positive re 2/46	33/17913	0.003238	0.032873	0.023563	EGF/HIP1
GO_BP_mf:GO:00518f:regulation 4/46	241/17913	0.003349	0.033752	0.024193	EGF/EGFR/
GO_BP_mf:GO:00450f:glycerolipi 4/46	246/17913	0.003604	0.036061	0.025848	ARF3/LDLF
GO_BP_mf:GO:19000f:positive re 2/46	36/17913	0.003845	0.038072	0.027289	ARPC2/DN
GO_BP_mf:GO:00098f:determina 3/46	123/17913	0.003867	0.038072	0.027289	DYNC2H1,
GO_BP_mf:GO:00430f:regulation 5/46	410/17913	0.003886	0.038072	0.027289	AGFG1/AR
GO_BP_mf:GO:00097f:specificatic 3/46	124/17913	0.003956	0.038489	0.027588	DYNC2H1,
GO_BP_mf:GO:00468f:positive re 3/46	125/17913	0.004046	0.039094	0.028022	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:00434f:protein kir 4/46	268/17913	0.004882	0.046851	0.033582	EGF/EGFR/
GO_BP_mf:GO:00140f:astrocyte c 2/46	41/17913	0.004964	0.047306	0.033908	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00030f:regulation 1/46	2/17913	0.005129	0.047592	0.034113	YWHAE
GO_BP_mf:GO:00430f:activation 1/46	2/17913	0.005129	0.047592	0.034113	EGFR
GO_BP_mf:GO:00465f:regulation 1/46	2/17913	0.005129	0.047592	0.034113	KIFAP3
GO_BP_mf:GO:19025f:regulation 1/46	2/17913	0.005129	0.047592	0.034113	RINT1
GO_BP_mf:GO:00615f:protein loc 2/46	42/17913	0.005203	0.047959	0.034376	ARF4/DYN

GO_BP_mfGO:19907 protein loc 4/46	276/17913	0.005415	0.049245	0.035298	EGFR/FCH
GO_BP_mfGO:19027 regulation 2/46	43/17913	0.005448	0.049245	0.035298	ARPC2/DN
GO_BP_mfGO:19900 cellular res 2/46	43/17913	0.005448	0.049245	0.035298	ARPC3/KIF
GO_BP_mfGO:00512 protein ins 2/46	44/17913	0.005698	0.051176	0.036682	EGFR/YWH
GO_BP_mfGO:19900 response t 2/46	46/17913	0.006214	0.055453	0.039748	ARPC3/KIF
GO_BP_mfGO:00420 negative r 2/46	47/17913	0.006648	0.057458	0.041185	EGF/EGFR
GO_BP_mfGO:00072 small GTP 5/46	465/17913	0.006588	0.05805	0.041609	ARRB1/DN
GO_BP_mfGO:00001 activation 2/46	49/17913	0.007026	0.060146	0.043111	EGF/EGFR
GO_BP_mfGO:19055 non-motil 2/46	49/17913	0.007026	0.060146	0.043111	DNM2/DY
GO_BP_mfGO:00066 glyceroph 4/46	300/17913	0.007241	0.060146	0.043111	ARF3/LDLF
GO_BP_mfGO:00609 coronary v 2/46	50/17913	0.007307	0.060146	0.043111	DNM2/DY
GO_BP_mfGO:00990 plasma m 2/46	50/17913	0.007307	0.060146	0.043111	SNX18/SN
GO_BP_mfGO:00457 negative r 2/46	51/17913	0.007593	0.060146	0.043111	ARRB1/DN
GO_BP_mfGO:19000 regulation 2/46	51/17913	0.007593	0.060146	0.043111	ARPC2/DN
GO_BP_mfGO:00108 regulation 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	LDLR
GO_BP_mfGO:00163 meiotic ch 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	ACTR3
GO_BP_mfGO:00426 follicle-stir 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	ARRB1
GO_BP_mfGO:00617 response t 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	LDLR
GO_BP_mfGO:00724 signal tran 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	RINT1
GO_BP_mfGO:19023 negative r 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	YWHAE
GO_BP_mfGO:19027 positive re 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	EGFR
GO_BP_mfGO:19028 negative r 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	DNM2
GO_BP_mfGO:19042 regulation 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	RINT1
GO_BP_mfGO:19051 positive re 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	LDLR
GO_BP_mfGO:19059 negative r 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	YWHAE
GO_BP_mfGO:20005 positive re 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	HIP1
GO_BP_mfGO:20012 positive re 1/46	3/17913	0.007685	0.060146	0.043111	ITSN1
GO_BP_mfGO:00464 phosphatic 3/46	159/17913	0.007878	0.061026	0.043742	ARF3/OCR
GO_BP_mfGO:19011 negative r 2/46	52/17913	0.007884	0.061026	0.043742	EGF/EGFR
GO_BP_mfGO:00995 synaptic v 3/46	162/17913	0.008291	0.063826	0.045749	ITSN1/PAC
GO_BP_mfGO:00020 regulation 2/46	55/17913	0.008787	0.06654	0.047695	ARRB1/EG
GO_BP_mfGO:00480 platelet-d 2/46	55/17913	0.008787	0.06654	0.047695	HIP1/PIK3
GO_BP_mfGO:19020 regulation 2/46	55/17913	0.008787	0.06654	0.047695	DNM2/DY
GO_BP_mfGO:19038 positive re 4/46	318/17913	0.008852	0.066673	0.04779	CEP290/EC
GO_BP_mfGO:00105 positive re 2/46	57/17913	0.009413	0.07052	0.050547	ARF4/EGFI
GO_BP_mfGO:00619 glial cell ac 2/46	59/17913	0.010058	0.071684	0.051382	EGFR/LDLF
GO_BP_mfGO:00009 assembly c 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	KIF23
GO_BP_mfGO:00009 actomyosi 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	KIF23
GO_BP_mfGO:00217 orbitofron 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	ARPC5
GO_BP_mfGO:00324 activation 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	EGFR
GO_BP_mfGO:00335 response t 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	EGFR
GO_BP_mfGO:00335 response t 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	EGFR
GO_BP_mfGO:00344 response t 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	DNM2
GO_BP_mfGO:00609 lipid tube 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	SNX9
GO_BP_mfGO:19001 positive re 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	EGF
GO_BP_mfGO:19059 regulation 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	YWHAE
GO_BP_mfGO:20006 regulation 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	NBAS
GO_BP_mfGO:20006 negative r 1/46	4/17913	0.010233	0.071684	0.051382	NBAS
GO_BP_mfGO:00458 positive re 4/46	333/17913	0.010361	0.072215	0.051762	ARRB1/EG
GO_BP_mfGO:00431 receptor n 3/46	177/17913	0.010547	0.073147	0.05243	ARRB1/DN
GO_BP_mfGO:00300 lamellipod 2/46	61/17913	0.010723	0.074004	0.053045	ARPC2/DN
GO_BP_mfGO:19010 regulation 2/46	62/17913	0.011062	0.075972	0.054456	DNM2/YW
GO_BP_mfGO:19021 regulation 3/46	185/17913	0.011881	0.080624	0.05779	DNM2/DY
GO_BP_mfGO:00161 endosoma 3/46	188/17913	0.012406	0.080624	0.05779	CLTCL1/SN
GO_BP_mfGO:00105 regulation 2/46	66/17913	0.012467	0.080624	0.05779	ARF4/EGFI
GO_BP_mfGO:00421 regulation 4/46	354/17913	0.012741	0.080624	0.05779	EGF/EGFR
GO_BP_mfGO:00107 positive re 1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	EGFR
GO_BP_mfGO:00161 synaptic v 1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	SH3GL1

GO_BP_mf:GO:00300 vesicle transp	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	WASL
GO_BP_mf:GO:00315 activation	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	ARF4
GO_BP_mf:GO:00448 actomyosi	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	KIF23
GO_BP_mf:GO:00516 actin filam	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	ARPC5
GO_BP_mf:GO:00618 negative re	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	LDLR
GO_BP_mf:GO:00801 response t	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	EGFR
GO_BP_mf:GO:19000 regulation	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	EGFR
GO_BP_mf:GO:19000 positive re	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	EGFR
GO_BP_mf:GO:19023 regulation	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	YWHAE
GO_BP_mf:GO:19043 positive re	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	LDLR
GO_BP_mf:GO:19059 negative re	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	LDLR
GO_BP_mf:GO:19900 retrograde	1/46	5/17913	0.012775	0.080624	0.05779	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00002 nuclear div	4/46	357/17913	0.013107	0.082091	0.058842	ACTR3/EG
GO_BP_mf:GO:00457 positive re	3/46	192/17913	0.013125	0.082091	0.058842	EGF/LDLR/
GO_BP_mf:GO:00426 ovulation c	2/46	68/17913	0.013197	0.082175	0.058901	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:20003 regulation	3/46	194/17913	0.013494	0.08365	0.059959	ARF4/DNM
GO_BP_mf:GO:19000 positive re	2/46	69/17913	0.013569	0.083746	0.060028	ITSN1/PAC
GO_BP_mf:GO:00432 regulation	3/46	196/17913	0.013869	0.085218	0.061083	ARRB1/HIF
GO_BP_mf:GO:00601 positive re	2/46	70/17913	0.013946	0.085318	0.061154	ARF4/EGF
GO_BP_mf:GO:00423 vasoconstr	2/46	71/17913	0.014327	0.087268	0.062552	EGFR/PIK3
GO_BP_mf:GO:00902 regulation	3/46	199/17913	0.014441	0.087587	0.06278	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:00309 forebrain c	4/46	371/17913	0.014906	0.088641	0.063536	ARPC5/DY
GO_BP_mf:GO:00106 positive re	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	HIP1
GO_BP_mf:GO:00324 positive re	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	EGFR
GO_BP_mf:GO:00332 meiotic cy	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	ACTR3
GO_BP_mf:GO:00606 regulation	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	LDLR
GO_BP_mf:GO:00701 response t	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	EGFR
GO_BP_mf:GO:00704 prolactin s	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	EGFR
GO_BP_mf:GO:00723 clathrin co	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	SH3GL1
GO_BP_mf:GO:00901 receptor-r	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	LDLR
GO_BP_mf:GO:19052 regulation	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	ITSN1
GO_BP_mf:GO:20012 regulation	1/46	6/17913	0.015311	0.088641	0.063536	ITSN1
GO_BP_mf:GO:01500 neuroinfla	2/46	76/17913	0.016298	0.093967	0.067354	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00487 astrocyte c	2/46	77/17913	0.016706	0.095922	0.068755	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00464 glycerolipi	4/46	385/17913	0.016854	0.09638	0.069083	ARF3/LDLF
GO_BP_mf:GO:00464 glyceroph	3/46	213/17913	0.017292	0.097637	0.069984	ARF3/OCR
GO_BP_mf:GO:00431 negative re	2/46	79/17913	0.017534	0.097637	0.069984	ARRB1/YW
GO_BP_mf:GO:00977 negative re	2/46	79/17913	0.017534	0.097637	0.069984	EGFR/PIK3
GO_BP_mf:GO:00465 regulation	3/46	215/17913	0.017723	0.097637	0.069984	ARRB1/DN
GO_BP_mf:GO:00512 mitotic spi	1/46	7/17913	0.017841	0.097637	0.069984	KIF23
GO_BP_mf:GO:00513 chromosol	1/46	7/17913	0.017841	0.097637	0.069984	ACTR3
GO_BP_mf:GO:00723 vesicle unc	1/46	7/17913	0.017841	0.097637	0.069984	SH3GL1
GO_BP_mf:GO:00902 positive re	1/46	7/17913	0.017841	0.097637	0.069984	ARRB1
GO_BP_mf:GO:01500 amyloid-b	1/46	7/17913	0.017841	0.097637	0.069984	LDLR
GO_BP_mf:GO:19002 positive re	1/46	7/17913	0.017841	0.097637	0.069984	SH3GL1
GO_BP_mf:GO:19900 anterograc	1/46	7/17913	0.017841	0.097637	0.069984	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00508 synapse or	4/46	394/17913	0.018188	0.09915	0.071069	ARF4/ITSN
GO_BP_mf:GO:00482 organelle t	4/46	395/17913	0.01834	0.09943	0.071269	ACTR3/EG
GO_BP_mf:GO:00508 regulation	3/46	218/17913	0.018381	0.09943	0.071269	ARF4/ITSN
GO_BP_mf:GO:00988 nuclear ch	3/46	220/17913	0.018828	0.100105	0.071753	ACTR3/KIF
GO_BP_mf:GO:00508 regulation	3/46	222/17913	0.01928	0.100105	0.071753	ARF4/ITSN
GO_BP_mf:GO:20001 regulation	3/46	222/17913	0.01928	0.100105	0.071753	ARRB1/HIF
GO_BP_mf:GO:00066 phospholip	4/46	402/17913	0.019428	0.100105	0.071753	ARF3/LDLF
GO_BP_mf:GO:00512 positive re	4/46	403/17913	0.019586	0.100105	0.071753	ARRB1/CE
GO_BP_mf:GO:19013 regulation	2/46	84/17913	0.019679	0.100105	0.071753	DNM2/YW
GO_BP_mf:GO:00030 regulation	1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	YWHAE
GO_BP_mf:GO:00072 neuron-ne	1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00219 positive re	1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	EGF

GO_BP_m:GO:00309: otic vesicle 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	CEP290
GO_BP_m:GO:00322: dense core 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	KIF1B
GO_BP_m:GO:00346: phosphatidyl 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	LDLR
GO_BP_m:GO:00466: regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	KIF25
GO_BP_m:GO:00487: pronephros 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	CEP290
GO_BP_m:GO:00991: regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	ITSN1
GO_BP_m:GO:00995: actin filament 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	WASL
GO_BP_m:GO:00995: dense core 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	KIF1B
GO_BP_m:GO:19001: regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	EGF
GO_BP_m:GO:19019: dense core 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	KIF1B
GO_BP_m:GO:19029: regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	EGF
GO_BP_m:GO:19029: positive regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	EGF
GO_BP_m:GO:19051: regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	LDLR
GO_BP_m:GO:19059: regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	LDLR
GO_BP_m:GO:19900: calcium ion 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	YWHAE
GO_BP_m:GO:20005: regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	HIP1
GO_BP_m:GO:20006: positive regulation 1/46	8/17913	0.020364	0.100105	0.071753	WASL
GO_BP_m:GO:00331: positive regulation 2/46	86/17913	0.020567	0.100397	0.071962	ARRB1/EGF
GO_BP_m:GO:00344: substrate 2/46	86/17913	0.020567	0.100397	0.071962	ARPC2/DNM2
GO_BP_m:GO:20001: negative regulation 2/46	87/17913	0.021017	0.102237	0.073281	ARRB1/YWHAE
GO_BP_m:GO:00512: spindle assembly 2/46	90/17913	0.022391	0.107933	0.077364	HAUS3/KIF23
GO_BP_m:GO:00726: protein localization 3/46	237/17913	0.022864	0.107933	0.077364	EGFR/FCHS
GO_BP_m:GO:01400: mitotic nuclear 3/46	237/17913	0.022864	0.107933	0.077364	EGF/KIF23
GO_BP_m:GO:00000: mitotic spindle 1/46	9/17913	0.022881	0.107933	0.077364	KIF23
GO_BP_m:GO:00343: chylomicron 1/46	9/17913	0.022881	0.107933	0.077364	LDLR
GO_BP_m:GO:00601: positive regulation 1/46	9/17913	0.022881	0.107933	0.077364	ITSN1
GO_BP_m:GO:00718: triglyceride 1/46	9/17913	0.022881	0.107933	0.077364	LDLR
GO_BP_m:GO:19029: protein localization 1/46	9/17913	0.022881	0.107933	0.077364	EGF
GO_BP_m:GO:19034: positive regulation 1/46	9/17913	0.022881	0.107933	0.077364	SH3GL1
GO_BP_m:GO:00512: protein degradation 2/46	93/17913	0.023802	0.111736	0.08009	KIF18B/SH3GL1
GO_BP_m:GO:00300: peptide hormone 3/46	241/17913	0.023877	0.111736	0.08009	ARRB1/EGF
GO_BP_m:GO:00070: Golgi organization 2/46	94/17913	0.02428	0.111736	0.08009	DNM2/DYRK1A
GO_BP_m:GO:00601: regulation 2/46	94/17913	0.02428	0.111736	0.08009	ARF4/EGF
GO_BP_m:GO:00973: response to 2/46	96/17913	0.025248	0.111736	0.08009	EGFR/KIF1
GO_BP_m:GO:00107: regulation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	EGFR
GO_BP_m:GO:00219: cell proliferation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	EGF
GO_BP_m:GO:00219: cerebellum 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	EGF
GO_BP_m:GO:00219: regulation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	EGF
GO_BP_m:GO:00324: regulation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	EGFR
GO_BP_m:GO:00353: sterol import 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	LDLR
GO_BP_m:GO:00443: macropinocytosis 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	DNM2
GO_BP_m:GO:00457: positive regulation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	EGF
GO_BP_m:GO:00512: spindle elongation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	KIF23
GO_BP_m:GO:00512: spindle microtubule 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	KIF23
GO_BP_m:GO:00602: epithelial cell 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	OFD1
GO_BP_m:GO:00705: cholesterol 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	LDLR
GO_BP_m:GO:00714: cellular response 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	DNM2
GO_BP_m:GO:00716: otic vesicle 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	CEP290
GO_BP_m:GO:19038: positive regulation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	EGFR
GO_BP_m:GO:19043: regulation 1/46	10/17913	0.025391	0.111736	0.08009	LDLR
GO_BP_m:GO:00076: learning or memory 3/46	247/17913	0.025442	0.111736	0.08009	ARF4/EGF
GO_BP_m:GO:19049: positive regulation 4/46	440/17913	0.026028	0.113834	0.081594	ARRB1/CEP290
GO_BP_m:GO:00303: cholesterol 2/46	98/17913	0.026232	0.113834	0.081594	EGF/LDLR
GO_BP_m:GO:00432: regulation 2/46	98/17913	0.026232	0.113834	0.081594	DNM2/YWHAE
GO_BP_m:GO:00434: positive regulation 3/46	250/17913	0.026244	0.113834	0.081594	ARRB1/EGF
GO_BP_m:GO:00086: phospholipid 3/46	251/17913	0.026515	0.114653	0.082181	ARF3/OCR
GO_BP_m:GO:00608: artery development 2/46	100/17913	0.027231	0.116314	0.083372	DNM2/LDLR
GO_BP_m:GO:00468: regulation 3/46	254/17913	0.027336	0.116314	0.083372	ARRB1/EGF

GO_BP_mfGO:20003f positive re 2/46	101/17913	0.027737	0.116314	0.083372	DNM2/EGF
GO_BP_mfGO:00071f mitotic cer 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	KIF25
GO_BP_mfGO:00215f cell prolife 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	EGF
GO_BP_mfGO:00451f apical prot 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	ARF4
GO_BP_mfGO:00725f caveolin-n 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	ITSN1
GO_BP_mfGO:19016f calcium io 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	YWHAE
GO_BP_mfGO:19039f negative r 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	LDLR
GO_BP_mfGO:19051f lysosomal 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	LDLR
GO_BP_mfGO:19052f regulation 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	ITSN1
GO_BP_mfGO:19056f positive re 1/46	11/17913	0.027895	0.116314	0.083372	EGF
GO_BP_mfGO:00002f microtubu 4/46	460/17913	0.029986	0.122712	0.087957	HAUS3/KIF
GO_BP_mfGO:00217f limbic syst 2/46	106/17913	0.03032	0.122712	0.087957	ARPC5/YW
GO_BP_mfGO:00071f activation 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	EGF
GO_BP_mfGO:00109f magnesiur 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	EGFR
GO_BP_mfGO:00322f secretory c 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	KIF1B
GO_BP_mfGO:00421f lipoproteir 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	LDLR
GO_BP_mfGO:00512f centrosom 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	KIF25
GO_BP_mfGO:00988f modificati 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	ITSN1
GO_BP_mfGO:19020f negative r 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	DNM2
GO_BP_mfGO:19028f regulation 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	DNM2
GO_BP_mfGO:19056f regulation 1/46	12/17913	0.030393	0.122712	0.087957	EGF
GO_BP_mfGO:00159f sterol tran: 2/46	107/17913	0.030848	0.124189	0.089016	EGF/LDLR
GO_BP_mfGO:00725f reactive o 3/46	269/17913	0.031644	0.127031	0.091053	ARF4/DNM
GO_BP_mfGO:00108f positive re 2/46	110/17913	0.032453	0.128333	0.091987	ARPC2/DN
GO_BP_mfGO:00074f midgut de 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	EGFR
GO_BP_mfGO:00300f maintenanc 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	ARPC5
GO_BP_mfGO:00302f intestinal c 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	LDLR
GO_BP_mfGO:00350f regulation 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	DNM2
GO_BP_mfGO:00601f regulation 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	ITSN1
GO_BP_mfGO:00606f regulation 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	RINT1
GO_BP_mfGO:00610f eyelid dev 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	EGFR
GO_BP_mfGO:00618f regulation 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	LDLR
GO_BP_mfGO:00902f regulation 1/46	13/17913	0.032885	0.128333	0.091987	ARRB1
GO_BP_mfGO:00217f glial cell d 2/46	111/17913	0.032995	0.128407	0.09204	EGFR/LDLF
GO_BP_mfGO:00027f positive re 3/46	275/17913	0.033462	0.129097	0.092534	ARRB1/EG
GO_BP_mfGO:00070f chromosom 3/46	275/17913	0.033462	0.129097	0.092534	ACTR3/KIF
GO_BP_mfGO:00070f centrosom 2/46	112/17913	0.033541	0.129097	0.092534	HAUS3/KIF
GO_BP_mfGO:00219f cerebral c 2/46	112/17913	0.033541	0.129097	0.092534	EGFR/YWF
GO_BP_mfGO:00108f positive re 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	LDLR
GO_BP_mfGO:00302f hyaluronat 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	EGF
GO_BP_mfGO:00343f regulation 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	WASL
GO_BP_mfGO:00357f platelet-d 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	HIP1
GO_BP_mfGO:00466f negative r 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	KIF25
GO_BP_mfGO:00487f negative r 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	LDLR
GO_BP_mfGO:00511f positive re 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	WASL
GO_BP_mfGO:00718f regulation 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	KIF9
GO_BP_mfGO:00724f signal tran 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	RINT1
GO_BP_mfGO:00996f protein tra 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	HIP1
GO_BP_mfGO:00996f neurotran 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	HIP1
GO_BP_mfGO:19033f cellular res 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	DNM2
GO_BP_mfGO:20006f positive re 1/46	14/17913	0.03537	0.131442	0.094215	DNM2
GO_BP_mfGO:00900f positive re 3/46	283/17913	0.03597	0.133317	0.095559	EGF/EGFR/
GO_BP_mfGO:00432f positive re 2/46	118/17913	0.036891	0.1355	0.097124	ARRB1/HIF
GO_BP_mfGO:00508f cognition 3/46	286/17913	0.036935	0.1355	0.097124	ARF4/EGFI
GO_BP_mfGO:00331f regulation 2/46	119/17913	0.037461	0.1355	0.097124	ARRB1/EG
GO_BP_mfGO:00098f negative r 3/46	288/17913	0.037585	0.1355	0.097124	EGFR/KIF2
GO_BP_mfGO:00070f protein cat 1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	LDLR
GO_BP_mfGO:00510f positive re 1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	SNX9

GO_BP_mf:GO:00702f:peptidyl-s	1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	YWHAE
GO_BP_mf:GO:00715f:otic vesicle	1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	CEP290
GO_BP_mf:GO:00988f:intestinal li	1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	LDLR
GO_BP_mf:GO:19033f:response t	1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	DNM2
GO_BP_mf:GO:19033f:regulation	1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	DNM2
GO_BP_mf:GO:19900f:amyloid fil	1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	LDLR
GO_BP_mf:GO:20004f:negative r	1/46	15/17913	0.037849	0.1355	0.097124	WASL
GO_BP_mf:GO:00703f:ERK1 and	3/46	289/17913	0.037913	0.1355	0.097124	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:19054f:positive re	2/46	120/17913	0.038035	0.13559	0.097188	EGFR/YWH
GO_BP_mf:GO:00467f:viral entry	2/46	121/17913	0.038612	0.137298	0.098413	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00310f:microtubu	2/46	122/17913	0.039193	0.13901	0.099639	HAUS3/KIF
GO_BP_mf:GO:00016f:acrosome	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	AGFG1
GO_BP_mf:GO:00080f:retrograde	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00302f:growth ho	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	ITSN1
GO_BP_mf:GO:00350f:positive re	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	ARRB1
GO_BP_mf:GO:00457f:positive re	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	EGFR
GO_BP_mf:GO:00468f:positive re	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	EGFR
GO_BP_mf:GO:00717f:cellular res	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	DNM2
GO_BP_mf:GO:00990f:modificati	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	ITSN1
GO_BP_mf:GO:19002f:regulation	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	SH3GL1
GO_BP_mf:GO:20000f:regulation	1/46	16/17913	0.040322	0.139284	0.099836	RINT1
GO_BP_mf:GO:00350f:regulation	2/46	124/17913	0.040364	0.139284	0.099836	ARRB1/ITS
GO_BP_mf:GO:00352f:regulation	2/46	125/17913	0.040954	0.140629	0.100801	EGFR/PIK3
GO_BP_mf:GO:00977f:regulation	2/46	125/17913	0.040954	0.140629	0.100801	EGFR/PIK3
GO_BP_mf:GO:00468f:hormone s	3/46	301/17913	0.041958	0.143724	0.103019	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:00321f:activation	3/46	303/17913	0.042653	0.144103	0.103291	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:00025f:platelet de	2/46	128/17913	0.042745	0.144103	0.103291	EGF/TUBA
GO_BP_mf:GO:00170f:response t	1/46	17/17913	0.042789	0.144103	0.103291	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00329f:positive re	1/46	17/17913	0.042789	0.144103	0.103291	EGFR
GO_BP_mf:GO:00343f:high-dens	1/46	17/17913	0.042789	0.144103	0.103291	LDLR
GO_BP_mf:GO:00346f:cellular pr	1/46	17/17913	0.042789	0.144103	0.103291	WASL
GO_BP_mf:GO:00442f:lipid diges	1/46	17/17913	0.042789	0.144103	0.103291	LDLR
GO_BP_mf:GO:19033f:positive re	2/46	129/17913	0.043349	0.14564	0.104392	EGF/LDLR
GO_BP_mf:GO:00094f:response t	3/46	307/17913	0.04406	0.147674	0.10585	ARRB1/DN
GO_BP_mf:GO:00459f:negative r	3/46	308/17913	0.044415	0.14851	0.106449	EGFR/KIF2
GO_BP_mf:GO:00000f:mitotic sist	2/46	132/17913	0.045179	0.149163	0.106917	KIF23/KIF2
GO_BP_mf:GO:00072f:neuromus	1/46	18/17913	0.045249	0.149163	0.106917	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00380f:peptidyl-t	1/46	18/17913	0.045249	0.149163	0.106917	EGFR
GO_BP_mf:GO:00607f:mammary	1/46	18/17913	0.045249	0.149163	0.106917	EGF
GO_BP_mf:GO:00613f:mammary	1/46	18/17913	0.045249	0.149163	0.106917	EGF
GO_BP_mf:GO:00718f:podosome	1/46	18/17913	0.045249	0.149163	0.106917	KIF9
GO_BP_mf:GO:00099f:hormone t	3/46	311/17913	0.04549	0.149604	0.107234	ARRB1/EG
GO_BP_mf:GO:00508f:regulation	2/46	133/17913	0.045795	0.150255	0.1077	EGFR/PIK3
GO_BP_mf:GO:00302f:entry into	2/46	134/17913	0.046415	0.150525	0.107894	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00351f:regulation	2/46	134/17913	0.046415	0.150525	0.107894	EGFR/PIK3
GO_BP_mf:GO:00444f:entry into	2/46	134/17913	0.046415	0.150525	0.107894	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00518f:entry into	2/46	134/17913	0.046415	0.150525	0.107894	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00518f:entry into	2/46	134/17913	0.046415	0.150525	0.107894	EGFR/LDLF
GO_BP_mf:GO:00902f:positive re	2/46	135/17913	0.047037	0.150863	0.108136	EGF/EGFR
GO_BP_mf:GO:20010f:positive re	2/46	135/17913	0.047037	0.150863	0.108136	ARRB1/HIF
GO_BP_mf:GO:00070f:mitotic G2	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	RINT1
GO_BP_mf:GO:00346f:establishm	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00464f:glyceroph	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	LDLR
GO_BP_mf:GO:00474f:mitochond	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	KIF1B
GO_BP_mf:GO:00516f:nucleus lo	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	KIF25
GO_BP_mf:GO:00717f:response t	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	DNM2
GO_BP_mf:GO:19021f:cellular res	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	DNM2
GO_BP_mf:GO:19023f:positive re	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	DNM2

GO_BP_mfGO:19037fregulation	1/46	19/17913	0.047703	0.150863	0.108136	EGFR
GO_BP_mfGO:00107fpositive re	2/46	138/17913	0.048923	0.154193	0.110522	ARPC2/DN
GO_BP_mfGO:00434fregulation	3/46	322/17913	0.049542	0.154193	0.110522	ARRB1/EG
GO_BP_mfGO:00719fpositive re	3/46	322/17913	0.049542	0.154193	0.110522	ARRB1/EG
GO_BP_mfGO:00507fregulation	2/46	139/17913	0.049558	0.154193	0.110522	ITSN1/PAC
GO_BP_mfGO:00701fmitochondr	1月16日	2/17913	0.001786	0.004286	0.001316	MTIF2
GO_BP_mfGO:00064fregulation	3月16日	397/17913	0.004881	0.01065	0.00327	MTIF2/PTC
GO_BP_mfGO:00327fribosome c	1月16日	7/17913	0.006237	0.012474	0.00383	MTIF2
GO_BP_mfGO:00342fregulation	3月16日	452/17913	0.006997	0.012918	0.003966	MTIF2/PTC
GO_BP_mfGO:00329fribonuclec	1月16日	13/17913	0.011554	0.019806	0.006081	MTIF2
GO_BP_mfGO:00701fregulation	1月16日	25/17913	0.022107	0.035371	0.01086	TSFM
GO_BP_mfGO:00427fDNA dam	1月16日	38/17913	0.033421	0.048404	0.014861	MRPS35
GO_BP_mfGO:00327fregulation	1月16日	39/17913	0.034286	0.048404	0.014861	TSFM
GO_BP_mfGO:00333fnegative re	1月15日	1/17913	0.000837	0.012979	0.007492	GTPBP4
GO_BP_mfGO:00513ftRNA acety	1月15日	1/17913	0.000837	0.012979	0.007492	NAT10
GO_BP_mfGO:19908fRNA acety	1月15日	1/17913	0.000837	0.012979	0.007492	NAT10
GO_BP_mfGO:00064ftRNA mod	2月15日	61/17913	0.001164	0.015973	0.00922	NAT10/NS
GO_BP_mfGO:00063ftranscripti	2月15日	62/17913	0.001202	0.015973	0.00922	POLR1B/P
GO_BP_mfGO:00171fnucleolog	1月15日	2/17913	0.001674	0.018317	0.010573	POLR1B
GO_BP_mfGO:00331fnegative re	1月15日	2/17913	0.001674	0.018317	0.010573	PWP1
GO_BP_mfGO:00333fregulation	1月15日	2/17913	0.001674	0.018317	0.010573	GTPBP4
GO_BP_mfGO:00322fregulation	2月15日	79/17913	0.001943	0.020075	0.011589	GNL3/NAT
GO_BP_mfGO:00000fribosomal	1月15日	4/17913	0.003346	0.028745	0.016593	SDAD1
GO_BP_mfGO:00004fmaturator	1月15日	4/17913	0.003346	0.028745	0.016593	GTPBP4
GO_BP_mfGO:00004fmaturator	1月15日	4/17913	0.003346	0.028745	0.016593	GTPBP4
GO_BP_mfGO:00080ftRNA proc	2月15日	105/17913	0.0034	0.028745	0.016593	NAT10/NS
GO_BP_mfGO:00510fregulation	3月15日	403/17913	0.004205	0.034005	0.019629	GNL3/GTP
GO_BP_mfGO:00094fRNA modi	2月15日	120/17913	0.004414	0.034208	0.019747	NAT10/NS
GO_BP_mfGO:00000fribosomal	1月15日	6/17913	0.005014	0.034544	0.019941	SDAD1
GO_BP_mfGO:00337fribosome l	1月15日	6/17913	0.005014	0.034544	0.019941	SDAD1
GO_BP_mfGO:00347fhistone H4	1月15日	6/17913	0.005014	0.034544	0.019941	PWP1
GO_BP_mfGO:00070fnucleolus c	1月15日	7/17913	0.005848	0.036241	0.02092	POLR1B
GO_BP_mfGO:00331fregulation	1月15日	7/17913	0.005848	0.036241	0.02092	PWP1
GO_BP_mfGO:00714frRNA-con	1月15日	7/17913	0.005848	0.036241	0.02092	SDAD1
GO_BP_mfGO:00510fnegative re	2月15日	141/17913	0.00604	0.036241	0.02092	GTPBP4/N
GO_BP_mfGO:00007ftelomere r	2月15日	154/17913	0.007165	0.041644	0.024039	GNL3/NAT
GO_BP_mfGO:00063ftRNA met	2月15日	160/17913	0.007713	0.04328	0.024983	NAT10/NS
GO_BP_mfGO:00347fhistone H4	1月15日	10/17913	0.008344	0.04328	0.024983	PWP1
GO_BP_mfGO:19018fpositive re	1月15日	10/17913	0.008344	0.04328	0.024983	PWP1
GO_BP_mfGO:00322ftelomere c	2月15日	167/17913	0.008377	0.04328	0.024983	GNL3/NAT
GO_BP_mfGO:00000fribosomal	1月15日	11/17913	0.009175	0.043759	0.02526	RRS1
GO_BP_mfGO:00332fpositive re	1月15日	11/17913	0.009175	0.043759	0.02526	GNL3
GO_BP_mfGO:00425fserine pho	1月15日	11/17913	0.009175	0.043759	0.02526	PWP1
GO_BP_mfGO:19048fpositive re	1月15日	12/17913	0.010005	0.046525	0.026857	GNL3
GO_BP_mfGO:00427fnucleolar l	1月15日	13/17913	0.010835	0.047984	0.027699	PWP1
GO_BP_mfGO:19018fregulation	1月15日	13/17913	0.010835	0.047984	0.027699	PWP1
GO_BP_mfGO:19025fprotein loc	1月15日	14/17913	0.011664	0.049307	0.028462	RRS1
GO_BP_mfGO:19048fregulation	1月15日	14/17913	0.011664	0.049307	0.028462	GNL3
GO_BP_mfGO:00016fosteoblast	2月15日	222/17913	0.014437	0.058876	0.033986	GTPBP4/R
GO_BP_mfGO:19033fregulation	2月15日	223/17913	0.014561	0.058876	0.033986	GNL3/GTP
GO_BP_mfGO:00322fnegative re	1月15日	20/17913	0.016624	0.064417	0.037185	NAT10
GO_BP_mfGO:20007fpositive re	1月15日	20/17913	0.016624	0.064417	0.037185	PWP1
GO_BP_mfGO:00001frRNA mod	1月15日	22/17913	0.018272	0.066639	0.038467	NAT10
GO_BP_mfGO:00332fregulation	1月15日	22/17913	0.018272	0.066639	0.038467	GNL3
GO_BP_mfGO:00459fpositive re	1月15日	22/17913	0.018272	0.066639	0.038467	PWP1
GO_BP_mfGO:00304ftRNA met	1月15日	24/17913	0.019917	0.071243	0.041125	NSUN6
GO_BP_mfGO:00422fribosome i	1月15日	26/17913	0.02156	0.074337	0.042911	RRS1
GO_BP_mfGO:00434fmacromol	2月15日	276/17913	0.021761	0.074337	0.042911	NSUN6/PV

GO_BP_mfGO:00331:negative re	1月15日	27/17913	0.022381	0.074337	0.042911	PWP1
GO_BP_mfGO:19043:negative re	1月15日	27/17913	0.022381	0.074337	0.042911	NAT10
GO_BP_mfGO:00701:protein loc	1月15日	28/17913	0.023201	0.075708	0.043702	GNL3
GO_BP_mfGO:00063:transcripti	1月15日	30/17913	0.024839	0.078305	0.045201	POLR1B
GO_BP_mfGO:19028:positive re	1月15日	30/17913	0.024839	0.078305	0.045201	GNL3
GO_BP_mfGO:00063:terminatio	1月15日	31/17913	0.025657	0.079535	0.045912	POLR1B
GO_BP_mfGO:00063:regulation	1月15日	32/17913	0.026474	0.080724	0.046598	PWP1
GO_BP_mfGO:00330:regulation	2月15日	311/17913	0.02718	0.08154	0.047069	GNL3/NAT
GO_BP_mfGO:00063:transcripti	1月15日	35/17913	0.028922	0.085093	0.04912	POLR1B
GO_BP_mfGO:00081:negative re	1月15日	36/17913	0.029737	0.085093	0.04912	GTPBP4
GO_BP_mfGO:00322:negative re	1月15日	36/17913	0.029737	0.085093	0.04912	NAT10
GO_BP_mfGO:00322:methylatio	2月15日	336/17913	0.031354	0.087071	0.050262	NSUN6/PV
GO_BP_mfGO:20002:negative re	1月15日	38/17913	0.031364	0.087071	0.050262	NAT10
GO_BP_mfGO:00171:stem cell c	1月15日	39/17913	0.032177	0.088014	0.050806	GNL3
GO_BP_mfGO:19028:regulation	1月15日	40/17913	0.032989	0.088928	0.051334	GNL3
GO_BP_mfGO:00070:mitotic me	1月15日	41/17913	0.033801	0.089814	0.051845	RRS1
GO_BP_mfGO:00180:peptidyl-ly	1月15日	42/17913	0.034612	0.090673	0.052341	PWP1
GO_BP_mfGO:00616:pri-miRNA	1月15日	46/17913	0.037849	0.097165	0.056088	GNL3
GO_BP_mfGO:00182:peptidyl-ly	2月15日	376/17913	0.038529	0.097165	0.056088	GNL3/PWI
GO_BP_mfGO:00458:positive re	1月15日	47/17913	0.038657	0.097165	0.056088	POLR1B
GO_BP_mfGO:00015:ossificatio	2月15日	388/17913	0.040795	0.101169	0.0584	GTPBP4/R:
GO_BP_mfGO:00322:positive re	1月15日	51/17913	0.041882	0.101169	0.0584	GNL3
GO_BP_mfGO:20007:regulation	1月15日	51/17913	0.041882	0.101169	0.0584	RSL1D1
GO_BP_mfGO:00075:embryo irr	1月15日	52/17913	0.042686	0.101791	0.058759	POLR1B
GO_BP_mfGO:00322:regulation	1月15日	53/17913	0.04349	0.102395	0.059107	NAT10
GO_BP_mfGO:00513:metaphase	1月15日	55/17913	0.045096	0.104111	0.060098	RRS1
GO_BP_mfGO:00602:anatomica	2月15日	413/17913	0.045677	0.104111	0.060098	GNL3/NAT
GO_BP_mfGO:00015:RNA meth	1月15日	56/17913	0.045898	0.104111	0.060098	NSUN6
GO_BP_mfGO:00903:regulation	1月15日	59/17913	0.048301	0.108241	0.062482	RSL1D1
GO_BP_mfGO:19043:regulation	1月15日	61/17913	0.049899	0.110492	0.063781	NAT10
GO_BP_mfGO:00467:viral entry	3月14日	121/17913	0.000104	0.001188	0.000608	IFITM1/IFI
GO_BP_mfGO:00905:RNA phosyl	3月14日	132/17913	0.000134	0.001348	0.000691	ISG20/RN/
GO_BP_mfGO:00302:entry into	3月14日	134/17913	0.00014	0.001348	0.000691	IFITM1/IFI
GO_BP_mfGO:00444:entry into	3月14日	134/17913	0.00014	0.001348	0.000691	IFITM1/IFI
GO_BP_mfGO:00518:entry into	3月14日	134/17913	0.00014	0.001348	0.000691	IFITM1/IFI
GO_BP_mfGO:00518:entry into	3月14日	134/17913	0.00014	0.001348	0.000691	IFITM1/IFI
GO_BP_mfGO:00713:cellular res	3月14日	153/17913	0.000208	0.001933	0.00099	GBP2/IRF8
GO_BP_mfGO:00603:regulation	2月14日	30/17913	0.000244	0.002153	0.001103	RNASEL/S,
GO_BP_mfGO:00511:negative re	3月14日	162/17913	0.000246	0.002153	0.001103	IFIT1/IFIT2
GO_BP_mfGO:00903:nucleic aci	3月14日	268/17913	0.001067	0.009083	0.004652	ISG20/RN/
GO_BP_mfGO:00190:intracellul	1月14日	2/17913	0.001563	0.011641	0.005962	IFIT1
GO_BP_mfGO:00305:symbiont i	1月14日	2/17913	0.001563	0.011641	0.005962	IFIT1
GO_BP_mfGO:00341:positive re	1月14日	2/17913	0.001563	0.011641	0.005962	RSAD2
GO_BP_mfGO:00517:intracellul	1月14日	2/17913	0.001563	0.011641	0.005962	IFIT1
GO_BP_mfGO:19020:regulation	1月14日	2/17913	0.001563	0.011641	0.005962	SP100
GO_BP_mfGO:00007:DNA catak	1月14日	3/17913	0.002343	0.015178	0.007774	ISG20
GO_BP_mfGO:00062:dGTP cata	1月14日	3/17913	0.002343	0.015178	0.007774	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00341:regulation	1月14日	3/17913	0.002343	0.015178	0.007774	RSAD2
GO_BP_mfGO:00341:positive re	1月14日	3/17913	0.002343	0.015178	0.007774	RSAD2
GO_BP_mfGO:00460:dATP catal	1月14日	3/17913	0.002343	0.015178	0.007774	SAMHD1
GO_BP_mfGO:01100:DNA stran	1月14日	3/17913	0.002343	0.015178	0.007774	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00510:regulation	3月14日	368/17913	0.002645	0.016771	0.00859	IFIT1/IFIT2
GO_BP_mfGO:00320:negative re	2月14日	103/17913	0.002848	0.017683	0.009057	IFIT1/IFIT2
GO_BP_mfGO:00363:Fas signali	1月14日	4/17913	0.003123	0.018612	0.009533	SP100
GO_BP_mfGO:00460:dGTP met:	1月14日	4/17913	0.003123	0.018612	0.009533	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00092:purine dec	1月14日	5/17913	0.003902	0.02194	0.011237	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00460:dATP met:	1月14日	5/17913	0.003902	0.02194	0.011237	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00510:negative re	1月14日	5/17913	0.003902	0.02194	0.011237	IFIT1

GO_BP_mf GO:00450	regulation	3月14日	440/17913	0.004379	0.02405	0.012318	RNASEL/R
GO_BP_mf GO:00091	purine nuc	1月14日	6/17913	0.004681	0.02405	0.012318	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00091	purine dec	1月14日	6/17913	0.004681	0.02405	0.012318	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00341	toll-like re	1月14日	6/17913	0.004681	0.02405	0.012318	RSAD2
GO_BP_mf GO:00468	negative re	1月14日	6/17913	0.004681	0.02405	0.012318	SP100
GO_BP_mf GO:00092	(deoxyribo	1月14日	7/17913	0.005459	0.025822	0.013226	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00467	regulation	1月14日	7/17913	0.005459	0.025822	0.013226	IFIT1
GO_BP_mf GO:19025	multi-orga	1月14日	7/17913	0.005459	0.025822	0.013226	IFIT1
GO_BP_mf GO:19025	multi-orga	1月14日	7/17913	0.005459	0.025822	0.013226	IFIT1
GO_BP_mf GO:20005	positive re	1月14日	7/17913	0.005459	0.025822	0.013226	RSAD2
GO_BP_mf GO:00063	rRNA proc	2月14日	154/17913	0.006244	0.029075	0.014892	ISG20/RN/
GO_BP_mf GO:00092	purine dec	1月14日	9/17913	0.007014	0.031668	0.01622	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00341	regulation	1月14日	9/17913	0.007014	0.031668	0.01622	RSAD2
GO_BP_mf GO:00019	regulation	2月14日	170/17913	0.00756	0.033624	0.017222	RNASEL/S,
GO_BP_mf GO:00091	nucleoside	1月14日	11/17913	0.008566	0.035953	0.018415	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00091	purine dec	1月14日	11/17913	0.008566	0.035953	0.018415	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00164	somatic hy	1月14日	11/17913	0.008566	0.035953	0.018415	SAMHD1
GO_BP_mf GO:20005	regulation	1月14日	11/17913	0.008566	0.035953	0.018415	RSAD2
GO_BP_mf GO:00607	regulation	2月14日	183/17913	0.008713	0.036063	0.018471	RNASEL/S,
GO_BP_mf GO:00512	negative re	2月14日	189/17913	0.009271	0.036143	0.018512	RSAD2/SP
GO_BP_mf GO:00025	somatic di	1月14日	12/17913	0.009341	0.036143	0.018512	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00510	regulation	1月14日	12/17913	0.009341	0.036143	0.018512	IFIT1
GO_BP_mf GO:00603	negative re	1月14日	12/17913	0.009341	0.036143	0.018512	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00024	productio	2月14日	191/17913	0.00946	0.036143	0.018512	RSAD2/SA
GO_BP_mf GO:00160	rRNA met	2月14日	191/17913	0.00946	0.036143	0.018512	ISG20/RN/
GO_BP_mf GO:19049	negative re	2月14日	193/17913	0.009651	0.036406	0.018647	RSAD2/SP
GO_BP_mf GO:00357	T-helper 2	1月14日	13/17913	0.010116	0.037217	0.019062	RSAD2
GO_BP_mf GO:00441	negative re	1月14日	13/17913	0.010116	0.037217	0.019062	IRF8
GO_BP_mf GO:00422	ribosome l	2月14日	202/17913	0.010532	0.038276	0.019605	ISG20/RN/
GO_BP_mf GO:00441	regulation	1月14日	14/17913	0.01089	0.038635	0.019788	IRF8
GO_BP_mf GO:00441	negative re	1月14日	14/17913	0.01089	0.038635	0.019788	IRF8
GO_BP_mf GO:00092	(deoxyribo	1月14日	15/17913	0.011664	0.040417	0.020701	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00441	modulatio	1月14日	15/17913	0.011664	0.040417	0.020701	IRF8
GO_BP_mf GO:00433	regulation	2月14日	217/17913	0.012078	0.041371	0.021189	IFIT1/IFIT2
GO_BP_mf GO:00028	positive re	1月14日	16/17913	0.012437	0.041436	0.021223	RSAD2
GO_BP_mf GO:00441	growth of	1月14日	16/17913	0.012437	0.041436	0.021223	IRF8
GO_BP_mf GO:00345	(protein loc	2月14日	223/17913	0.012723	0.041436	0.021223	GBP2/SP1(
GO_BP_mf GO:00069	DNA dam	1月14日	17/17913	0.01321	0.041436	0.021223	SP100
GO_BP_mf GO:00092	(deoxyribo	1月14日	17/17913	0.01321	0.041436	0.021223	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00441	growth inv	1月14日	17/17913	0.01321	0.041436	0.021223	IRF8
GO_BP_mf GO:00441	growth of	1月14日	17/17913	0.01321	0.041436	0.021223	IRF8
GO_BP_mf GO:00713	cellular res	1月14日	17/17913	0.01321	0.041436	0.021223	IFIT1
GO_BP_mf GO:00427	DNA dam	1月14日	18/17913	0.013982	0.043401	0.022229	SP100
GO_BP_mf GO:00027	positive re	1月14日	19/17913	0.014753	0.044861	0.022977	RSAD2
GO_BP_mf GO:00463	(deoxyribo	1月14日	19/17913	0.014753	0.044861	0.022977	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00428	defense re	1月14日	20/17913	0.015524	0.046261	0.023694	IRF8
GO_BP_mf GO:00468	negative re	1月14日	20/17913	0.015524	0.046261	0.023694	SP100
GO_BP_mf GO:00015	response t	1月14日	21/17913	0.016294	0.047604	0.024382	IRF8
GO_BP_mf GO:00357	CD4-posit	1月14日	21/17913	0.016294	0.047604	0.024382	RSAD2
GO_BP_mf GO:00514	maintenan	1月14日	22/17913	0.017064	0.048894	0.025043	SP100
GO_BP_mf GO:00713	cellular res	1月14日	22/17913	0.017064	0.048894	0.025043	IFIT1
GO_BP_mf GO:00341	positive re	1月14日	23/17913	0.017833	0.050612	0.025923	RSAD2
GO_BP_mf GO:00328	negative re	1月14日	24/17913	0.018602	0.051806	0.026534	IFITM3
GO_BP_mf GO:00341	toll-like re	1月14日	24/17913	0.018602	0.051806	0.026534	RSAD2
GO_BP_mf GO:00093	2'-deoxyri	1月14日	27/17913	0.020904	0.05768	0.029543	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00344	ncRNA prc	2月14日	293/17913	0.021313	0.058268	0.029844	ISG20/RN/
GO_BP_mf GO:00092	(deoxyribo	1月14日	29/17913	0.022436	0.059696	0.030576	SAMHD1
GO_BP_mf GO:00196	(deoxyribo	1月14日	29/17913	0.022436	0.059696	0.030576	SAMHD1

GO_BP_mfGO:00312freplication	1月14日	29/17913	0.022436	0.059696	0.030576	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00028fregulation	1月14日	30/17913	0.023201	0.061186	0.031339	RSAD2
GO_BP_mfGO:00027fregulation	1月14日	31/17913	0.023966	0.062104	0.031809	RSAD2
GO_BP_mfGO:00433fresponse t	1月14日	31/17913	0.023966	0.062104	0.031809	IFIT1
GO_BP_mfGO:00063fDNA catak	1月14日	33/17913	0.025494	0.064383	0.032976	ISG20
GO_BP_mfGO:00450fDNA-depe	1月14日	33/17913	0.025494	0.064383	0.032976	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00905fRNA phosj	1月14日	33/17913	0.025494	0.064383	0.032976	ISG20
GO_BP_mfGO:00327fpositive re	1月14日	34/17913	0.026257	0.065205	0.033397	IRF8
GO_BP_mfGO:00725fmaintenan	1月14日	34/17913	0.026257	0.065205	0.033397	SP100
GO_BP_mfGO:00303fnegative r	2月14日	332/17913	0.026905	0.065462	0.033529	IFITM1/SP
GO_BP_mfGO:00420ftype 2 imn	1月14日	35/17913	0.027019	0.065462	0.033529	RSAD2
GO_BP_mfGO:00450fpositive re	1月14日	35/17913	0.027019	0.065462	0.033529	IFIT1
GO_BP_mfGO:00468fregulation	1月14日	36/17913	0.027781	0.066765	0.034196	SP100
GO_BP_mfGO:00463fpositive re	1月14日	37/17913	0.028543	0.068046	0.034852	RNASEL
GO_BP_mfGO:20001fnegative r	2月14日	347/17913	0.029199	0.068222	0.034943	IFITM1/SP
GO_BP_mfGO:00027fpositive re	1月14日	38/17913	0.029304	0.068222	0.034943	RSAD2
GO_BP_mfGO:00433fresponse t	1月14日	38/17913	0.029304	0.068222	0.034943	IFIT1
GO_BP_mfGO:00061fpurine nuc	1月14日	39/17913	0.030064	0.06945	0.035571	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00023fT cell cytol	1月14日	40/17913	0.030824	0.070657	0.03619	RSAD2
GO_BP_mfGO:00903fnegative r	1月14日	41/17913	0.031583	0.071845	0.036798	SP100
GO_BP_mfGO:00512fnegative r	2月14日	365/17913	0.032055	0.072366	0.037065	IFITM1/SP
GO_BP_mfGO:00064fRNA catab	2月14日	368/17913	0.032541	0.072912	0.037344	ISG20/RN
GO_BP_mfGO:00108fpositive re	1月14日	43/17913	0.033099	0.073609	0.037702	RNASEL
GO_BP_mfGO:00725fpurine-coi	1月14日	44/17913	0.033857	0.07454	0.038178	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00400fnegative r	2月14日	377/17913	0.034018	0.07454	0.038178	IFITM1/SP
GO_BP_mfGO:00226fribonuclec	2月14日	381/17913	0.034683	0.075442	0.038641	ISG20/RN
GO_BP_mfGO:00433fnegative r	1月14日	48/17913	0.036881	0.079642	0.040792	SP100
GO_BP_mfGO:00027fpositive re	1月14日	52/17913	0.039897	0.085535	0.04381	RSAD2
GO_BP_mfGO:00326fregulation	1月14日	53/17913	0.04065	0.086526	0.044317	IRF8
GO_BP_mfGO:00164fsomatic di	1月14日	55/17913	0.042153	0.088462	0.045309	SAMHD1
GO_BP_mfGO:00326finterleukin	1月14日	55/17913	0.042153	0.088462	0.045309	IRF8
GO_BP_mfGO:00325fmaintenan	1月14日	57/17913	0.043654	0.089717	0.045952	SP100
GO_BP_mfGO:00458fnegative r	1月14日	57/17913	0.043654	0.089717	0.045952	SAMHD1
GO_BP_mfGO:19020fregulation	1月14日	57/17913	0.043654	0.089717	0.045952	SP100
GO_BP_mfGO:19039fpositive re	1月14日	59/17913	0.045153	0.091757	0.046997	IFIT1
GO_BP_mfGO:00026fregulation	2月14日	441/17913	0.045263	0.091757	0.046997	IFIT1/RSAL
GO_BP_mfGO:00463fregulation	1月14日	60/17913	0.045902	0.092387	0.047319	RNASEL
GO_BP_mfGO:00018fpositive re	2月14日	446/17913	0.046193	0.092387	0.047319	IRF8/RSAD
GO_BP_mfGO:00027fregulation	1月14日	61/17913	0.04665	0.092679	0.047469	RSAD2
GO_BP_mfGO:00327fpositive re	1月14日	62/17913	0.047398	0.093541	0.04791	IRF8
GO_BP_mfGO:00467fregulation	1月14日	64/17913	0.048892	0.095853	0.049095	IFITM3
GO_BP_mfGO:00323fnegative r	1月14日	65/17913	0.049638	0.09668	0.049518	SP100
GO_BP_mfGO:00109fregulation	3/104	16/17913	0.000101	0.001301	0.000776	GPER1/NT
GO_BP_mfGO:00082finsulin rec	6/104	128/17913	0.000101	0.001303	0.000777	GRB2/PIK3
GO_BP_mfGO:00509fregulation	7/104	186/17913	0.000106	0.001348	0.000803	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00308fregulation	6/104	129/17913	0.000106	0.001348	0.000803	CCL21/GR
GO_BP_mfGO:00902fregulation	8/104	251/17913	0.000108	0.00136	0.000811	ADORA1//
GO_BP_mfGO:00606fregulation	11/104	480/17913	0.000108	0.00136	0.000811	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00026fpositive re	5/104	81/17913	0.000108	0.00136	0.000811	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00171fregulation	7/104	187/17913	0.000109	0.001363	0.000812	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00508fnegative r	7/104	187/17913	0.000109	0.001363	0.000812	ANXA1/CI
GO_BP_mfGO:00509fpositive re	6/104	130/17913	0.00011	0.001371	0.000817	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00513fregulation	4/104	43/17913	0.000111	0.001374	0.000819	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00027fregulation	11/104	483/17913	0.000114	0.001403	0.000836	ADORA1//
GO_BP_mfGO:00025fmonocyte	4/104	44/17913	0.000122	0.001481	0.000883	ANXA1/CC
GO_BP_mfGO:00071fnegative r	3/104	17/17913	0.000122	0.001481	0.000883	EDNRB/GA
GO_BP_mfGO:00451fregulation	3/104	17/17913	0.000122	0.001481	0.000883	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00420fregulation	5/104	84/17913	0.000128	0.001555	0.000927	ADORA1//

GO_BP_mfGO:00706fpositive re 6/104	134/17913	0.00013	0.001572	0.000937	ANXA1/CC
GO_BP_mfGO:00303fnegative re 9/104	332/17913	0.000136	0.001625	0.000968	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00705fresponse t 5/104	85/17913	0.000136	0.001625	0.000968	CCL21/GN
GO_BP_mfGO:19033fregulation 6/104	136/17913	0.000141	0.001684	0.001004	ADORA2B,
GO_BP_mfGO:00610fregulation 5/104	86/17913	0.000144	0.001696	0.001011	ADORA1//
GO_BP_mfGO:19037fregulation 5/104	86/17913	0.000144	0.001696	0.001011	CCKBR/CC
GO_BP_mfGO:00900fpositive re 3/104	18/17913	0.000146	0.001712	0.001021	CCL5/CXC
GO_BP_mfGO:00068fcalcium io 10/104	415/17913	0.00015	0.001758	0.001048	ADRA2A/C
GO_BP_mfGO:00328fcellular res 7/104	197/17913	0.000151	0.001762	0.00105	GHRHR/GI
GO_BP_mfGO:00106fregulation 6/104	138/17913	0.000153	0.00178	0.001061	FAM3C/GC
GO_BP_mfGO:00485fcircadian t 4/104	47/17913	0.000158	0.001819	0.001084	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00906factivation 4/104	47/17913	0.000158	0.001819	0.001084	CCL21/EC
GO_BP_mfGO:00347fpositive re 7/104	199/17913	0.000161	0.001846	0.0011	CXCL10/Fz
GO_BP_mfGO:00076frhythmic t 4/104	48/17913	0.000171	0.001946	0.00116	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00160fdetection 3/104	19/17913	0.000172	0.001946	0.00116	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00312fnegative re 3/104	19/17913	0.000172	0.001946	0.00116	EDNRB/GA
GO_BP_mfGO:00450fregulation 3/104	19/17913	0.000172	0.001946	0.00116	CD28/CD8
GO_BP_mfGO:00466fregulation 5/104	90/17913	0.000178	0.002003	0.001194	ANXA1/CC
GO_BP_mfGO:00323fpositive re 7/104	203/17913	0.000182	0.002033	0.001212	ADORA2B,
GO_BP_mfGO:00071fnegative re 8/104	271/17913	0.000182	0.002033	0.001212	ANXA1/CC
GO_BP_mfGO:00620fpositive re 6/104	143/17913	0.000186	0.002062	0.001229	ADM/ADC
GO_BP_mfGO:00171fregulation 5/104	91/17913	0.000187	0.002062	0.001229	ADORA2B,
GO_BP_mfGO:00603finterferon- 5/104	91/17913	0.000187	0.002062	0.001229	HCK/HLA-
GO_BP_mfGO:19011fregulation 5/104	91/17913	0.000187	0.002062	0.001229	ADORA1//
GO_BP_mfGO:20001fnegative re 9/104	347/17913	0.000189	0.002071	0.001235	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00458fpositive re 6/104	144/17913	0.000193	0.002101	0.001252	ADM/ADC
GO_BP_mfGO:19031fregulation 6/104	144/17913	0.000193	0.002101	0.001252	ADRA2A/C
GO_BP_mfGO:00460fpositive re 2/104	4/17913	0.000199	0.002107	0.001256	GHRHR/NI
GO_BP_mfGO:00604fpositive re 2/104	4/17913	0.000199	0.002107	0.001256	EDNRB/P2
GO_BP_mfGO:00715f lymphocyt 2/104	4/17913	0.000199	0.002107	0.001256	RAC2/ZAP
GO_BP_mfGO:00712fcellular res 7/104	206/17913	0.000199	0.002107	0.001256	CCL5/CCR
GO_BP_mfGO:00300f actin filam 6/104	145/17913	0.000201	0.002107	0.001256	CCL21/GR
GO_BP_mfGO:00508fpositive re 6/104	145/17913	0.000201	0.002107	0.001256	ADORA1//
GO_BP_mfGO:00604fcalcium io 6/104	145/17913	0.000201	0.002107	0.001256	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00076fcopulation 3/104	20/17913	0.000202	0.002107	0.001256	CNR1/EDN
GO_BP_mfGO:00140fdopamine 3/104	20/17913	0.000202	0.002107	0.001256	CNR1/CXC
GO_BP_mfGO:00140fregulation 3/104	20/17913	0.000202	0.002107	0.001256	CNR1/CXC
GO_BP_mfGO:00336fpositive re 3/104	20/17913	0.000202	0.002107	0.001256	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00072f integrin-rr 5/104	94/17913	0.000218	0.002271	0.001354	HCK/LAT/!
GO_BP_mfGO:00072fneurotrans 6/104	149/17913	0.000232	0.002395	0.001428	ADORA2B,
GO_BP_mfGO:00069finflammat 3/104	21/17913	0.000234	0.002395	0.001428	CCL5/CCR
GO_BP_mfGO:00427fregulation 3/104	21/17913	0.000234	0.002395	0.001428	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00508fcircadian s 3/104	21/17913	0.000234	0.002395	0.001428	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00509fsensory pe 3/104	21/17913	0.000234	0.002395	0.001428	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00996f signal rele 6/104	150/17913	0.000241	0.002456	0.001464	ADORA2B,
GO_BP_mfGO:00071fcell-matrix 7/104	214/17913	0.000251	0.002543	0.001516	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00435fregulation 4/104	53/17913	0.000252	0.002543	0.001516	CCKBR/CC
GO_BP_mfGO:00509fregulation 4/104	53/17913	0.000252	0.002543	0.001516	ADORA1//
GO_BP_mfGO:00355fpurinergic 3/104	22/17913	0.00027	0.00266	0.001586	P2RY1/P2F
GO_BP_mfGO:00358fregulation 3/104	22/17913	0.00027	0.00266	0.001586	ADM/EDN
GO_BP_mfGO:00420finterleukin 3/104	22/17913	0.00027	0.00266	0.001586	CD28/CD8
GO_BP_mfGO:00509fnegative re 3/104	22/17913	0.00027	0.00266	0.001586	ADORA1//
GO_BP_mfGO:00513fnegative re 3/104	22/17913	0.00027	0.00266	0.001586	EDNRB/GA
GO_BP_mfGO:19034fregulation 3/104	22/17913	0.00027	0.00266	0.001586	EDNRB/GA
GO_BP_mfGO:00105fpositive re 4/104	54/17913	0.000271	0.00266	0.001586	CXCL10/Fz
GO_BP_mfGO:00326fregulation 4/104	54/17913	0.000271	0.00266	0.001586	ANXA1/CC
GO_BP_mfGO:00512fnegative re 9/104	365/17913	0.000275	0.002686	0.001601	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00466falpha-beta 5/104	99/17913	0.000278	0.002707	0.001613	ANXA1/CC

GO_BP_m̄GO:00319	response t 6/104	155/17913	0.000288	0.002793	0.001664	ADM/ANX
GO_BP_m̄GO:00975	granulocyt 5/104	100/17913	0.000291	0.002818	0.001679	ANXA1/CC
GO_BP_m̄GO:00604	cytosolic c 6/104	157/17913	0.000308	0.002944	0.001755	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00705	calcium ioi 8/104	293/17913	0.000309	0.002944	0.001755	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00708	divalent m 10/104	454/17913	0.000309	0.002944	0.001755	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00327	positive re 3/104	23/17913	0.000309	0.002944	0.001755	CD28/CD8
GO_BP_m̄GO:00716	positive re 3/104	23/17913	0.000309	0.002944	0.001755	CCL5/CXC
GO_BP_m̄GO:00610	positive re 4/104	56/17913	0.000312	0.002962	0.001765	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00717	response t 2/104	5/17913	0.00033	0.003108	0.001852	PTGDR/PT
GO_BP_m̄GO:00717	cellular res 2/104	5/17913	0.00033	0.003108	0.001852	PTGDR/PT
GO_BP_m̄GO:00725	divalent in 10/104	458/17913	0.000331	0.003108	0.001852	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00995	chemical s 5/104	103/17913	0.000334	0.003127	0.001864	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00400	negative r 9/104	377/17913	0.000348	0.003244	0.001934	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00510	negative r 7/104	226/17913	0.000349	0.003244	0.001934	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00024	dendritic c 3/104	24/17913	0.000352	0.003244	0.001934	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00224	circadian s 3/104	24/17913	0.000352	0.003244	0.001934	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00329	inositol ph 3/104	24/17913	0.000352	0.003244	0.001934	GPER1/NT
GO_BP_m̄GO:00466	regulation 4/104	58/17913	0.000358	0.003273	0.001951	PIK3R1/PR
GO_BP_m̄GO:00468	filopodium 4/104	58/17913	0.000358	0.003273	0.001951	CCL21/FGI
GO_BP_m̄GO:00425	glucose hc 7/104	227/17913	0.000359	0.003274	0.001951	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00335	carbohydr 7/104	228/17913	0.000368	0.003351	0.001997	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00451	cellular ext 4/104	59/17913	0.000382	0.003463	0.002064	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00071	regulation 3/104	25/17913	0.000398	0.003547	0.002114	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00108	T cell chen 3/104	25/17913	0.000398	0.003547	0.002114	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00341	regulation 3/104	25/17913	0.000398	0.003547	0.002114	CCL5/PRK
GO_BP_m̄GO:00509	leukocyte 3/104	25/17913	0.000398	0.003547	0.002114	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00900	regulation 3/104	25/17913	0.000398	0.003547	0.002114	CCL5/CXC
GO_BP_m̄GO:19016	regulation 3/104	25/17913	0.000398	0.003547	0.002114	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00106	positive re 4/104	60/17913	0.000407	0.003614	0.002154	GPER1/NT
GO_BP_m̄GO:00484	cell matur 6/104	167/17913	0.000429	0.003791	0.00226	APP/CCL2
GO_BP_m̄GO:00302	T cell diffe 7/104	234/17913	0.000431	0.003797	0.002263	ANXA1/CC
GO_BP_m̄GO:00604	regulation 6/104	168/17913	0.000442	0.00389	0.002318	CCL21/PRI
GO_BP_m̄GO:00224	negative r 6/104	169/17913	0.000457	0.00399	0.002378	ANXA1/CC
GO_BP_m̄GO:00380	Fc-epsilon 6/104	169/17913	0.000457	0.00399	0.002378	GRB2/LAT
GO_BP_m̄GO:00326	interleukin 4/104	62/17913	0.000462	0.004024	0.002398	ANXA1/CC
GO_BP_m̄GO:19040	regulation 8/104	312/17913	0.000469	0.004073	0.002427	ADRA2A//
GO_BP_m̄GO:00421	positive re 4/104	63/17913	0.000491	0.004209	0.002509	APP/CD28
GO_BP_m̄GO:00329	positive re 2/104	6/17913	0.000493	0.004209	0.002509	GPER1/P2I
GO_BP_m̄GO:00336	positive re 2/104	6/17913	0.000493	0.004209	0.002509	CXCL12/N
GO_BP_m̄GO:00459	positive re 2/104	6/17913	0.000493	0.004209	0.002509	GHRHR/NI
GO_BP_m̄GO:20001	negative r 2/104	6/17913	0.000493	0.004209	0.002509	CCL5/CCR
GO_BP_m̄GO:20003	regulation 2/104	6/17913	0.000493	0.004209	0.002509	GNRH1/SF
GO_BP_m̄GO:00326	regulation 3/104	27/17913	0.000502	0.004213	0.002511	CD28/CD8
GO_BP_m̄GO:00363	dendritic c 3/104	27/17913	0.000502	0.004213	0.002511	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00427	circadian s 3/104	27/17913	0.000502	0.004213	0.002511	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00457	regulation 3/104	27/17913	0.000502	0.004213	0.002511	EDNRB/GA
GO_BP_m̄GO:00485	positive re 3/104	27/17913	0.000502	0.004213	0.002511	GHRHR/NI
GO_BP_m̄GO:20010	positive re 3/104	27/17913	0.000502	0.004213	0.002511	CXCL12/G
GO_BP_m̄GO:00068	neurotran 7/104	241/17913	0.000513	0.00428	0.002551	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00300	peptide hc 7/104	241/17913	0.000513	0.00428	0.002551	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00427	regulation 5/104	114/17913	0.000533	0.004428	0.002639	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00330	regulation 3/104	28/17913	0.00056	0.004619	0.002753	CCL5/CCR
GO_BP_m̄GO:00423	vasodilatic 3/104	28/17913	0.00056	0.004619	0.002753	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:19029	positive re 3/104	28/17913	0.00056	0.004619	0.002753	GPER1/NT
GO_BP_m̄GO:00507	regulation 7/104	245/17913	0.000566	0.004653	0.002773	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:19000	regulation 4/104	66/17913	0.000586	0.004804	0.002863	PIK3R1/PR
GO_BP_m̄GO:00019	regulation 5/104	117/17913	0.0006	0.004886	0.002912	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:19001	regulation 5/104	117/17913	0.0006	0.004886	0.002912	ECT2/F2/P

GO_BP_m̄GO:00300	lymphocyt 8/104	325/17913	0.000613	0.004983	0.00297	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:19049	regulation 3/104	29/17913	0.000622	0.005044	0.003006	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00322	regulation 6/104	180/17913	0.000637	0.005145	0.003066	CCL21/GR
GO_BP_m̄GO:00434	positive re 10/104	499/17913	0.000646	0.005206	0.003103	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00466	response t 8/104	328/17913	0.000651	0.005232	0.003118	ADCY2/CN
GO_BP_m̄GO:00486	cell morph 10/104	500/17913	0.000656	0.005232	0.003118	APP/CXCL
GO_BP_m̄GO:00436	inositol ph 4/104	68/17913	0.000656	0.005232	0.003118	GPER1/INF
GO_BP_m̄GO:00716	mononucl 4/104	68/17913	0.000656	0.005232	0.003118	ANXA1/CC
GO_BP_m̄GO:00030	renal syste 5/104	120/17913	0.000673	0.005347	0.003187	ADCY2/AC
GO_BP_m̄GO:00329	regulation 2/104	7/17913	0.000688	0.005385	0.003209	GPER1/P2I
GO_BP_m̄GO:00516	pointed-e 2/104	7/17913	0.000688	0.005385	0.003209	TMOD2/TI
GO_BP_m̄GO:20006	negative r 2/104	7/17913	0.000688	0.005385	0.003209	CCL21/CXI
GO_BP_m̄GO:00105	regulation 3/104	30/17913	0.000689	0.005385	0.003209	F2/PRKCD,
GO_BP_m̄GO:00700	neuron cel 3/104	30/17913	0.000689	0.005385	0.003209	ADORA1/(
GO_BP_m̄GO:00900	relaxation 3/104	30/17913	0.000689	0.005385	0.003209	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:19030	negative r 5/104	121/17913	0.000699	0.005447	0.003246	ANXA1/CC
GO_BP_m̄GO:19044	positive re 4/104	70/17913	0.000733	0.005697	0.003396	CXCL10/F2
GO_BP_m̄GO:00158	dopamine 3/104	31/17913	0.000759	0.005842	0.003482	CNR1/CXC
GO_BP_m̄GO:00166	Rac protei 3/104	31/17913	0.000759	0.005842	0.003482	RHOG/RHI
GO_BP_m̄GO:00308	cortical ac 3/104	31/17913	0.000759	0.005842	0.003482	ECT2/RHO
GO_BP_m̄GO:00457	positive re 3/104	31/17913	0.000759	0.005842	0.003482	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:20003	regulation 4/104	71/17913	0.000773	0.005931	0.003535	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00197	calcium-m 6/104	188/17913	0.000799	0.006116	0.003645	CCR5/EDN
GO_BP_m̄GO:00071	activation 3/104	32/17913	0.000834	0.006318	0.003766	ADCY2/AC
GO_BP_m̄GO:00326	interleukin 3/104	32/17913	0.000834	0.006318	0.003766	CD28/CD8
GO_BP_m̄GO:00330	myeloid ce 3/104	32/17913	0.000834	0.006318	0.003766	CCL5/CCR
GO_BP_m̄GO:00381	ERBB2 sigr 3/104	32/17913	0.000834	0.006318	0.003766	GRB2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00603	response t 5/104	126/17913	0.000839	0.006336	0.003776	CNR1/GN/
GO_BP_m̄GO:19016	response t 6/104	191/17913	0.000868	0.006498	0.003873	ADCY2/CC
GO_BP_m̄GO:00171	calcium io 5/104	127/17913	0.000869	0.006498	0.003873	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00313	negative r 5/104	127/17913	0.000869	0.006498	0.003873	PRKCD/PT
GO_BP_m̄GO:00600	regulation 5/104	127/17913	0.000869	0.006498	0.003873	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00107	negative r 2/104	8/17913	0.000914	0.00671	0.003999	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:00316	regulation 2/104	8/17913	0.000914	0.00671	0.003999	CNR1/EDN
GO_BP_m̄GO:00329	inositol tri 2/104	8/17913	0.000914	0.00671	0.003999	GPER1/P2I
GO_BP_m̄GO:00600	relaxation 2/104	8/17913	0.000914	0.00671	0.003999	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:19034	negative r 2/104	8/17913	0.000914	0.00671	0.003999	EDNRB/G/
GO_BP_m̄GO:00519	positive re 3/104	33/17913	0.000914	0.00671	0.003999	CXCL12/N
GO_BP_m̄GO:19011	positive re 3/104	33/17913	0.000914	0.00671	0.003999	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00076	locomotor 6/104	194/17913	0.000941	0.00689	0.004107	APP/CXCL
GO_BP_m̄GO:19028	regulation 4/104	76/17913	0.000998	0.007292	0.004346	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00620	regulation 9/104	439/17913	0.001034	0.007536	0.004491	ADM/ADC
GO_BP_m̄GO:00061	regulation 6/104	198/17913	0.001045	0.007599	0.004529	FAM3C/G(
GO_BP_m̄GO:00902	regulation 6/104	199/17913	0.001073	0.007779	0.004636	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00308	cortical cy 3/104	35/17913	0.001087	0.007862	0.004686	ECT2/RHO
GO_BP_m̄GO:00459	positive re 4/104	78/17913	0.0011	0.007903	0.00471	GPER1/NT
GO_BP_m̄GO:00512	regulation 4/104	78/17913	0.0011	0.007903	0.00471	CXCL10/F2
GO_BP_m̄GO:00300	insulin sec 6/104	200/17913	0.001101	0.007903	0.00471	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00977	negative r 4/104	79/17913	0.001154	0.008261	0.004923	ADM/ADC
GO_BP_m̄GO:19035	negative r 6/104	202/17913	0.001159	0.008277	0.004933	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00026	regulation 2/104	9/17913	0.00117	0.008299	0.004946	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00445	relaxation 2/104	9/17913	0.00117	0.008299	0.004946	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00519	negative r 2/104	9/17913	0.00117	0.008299	0.004946	ADORA1/!
GO_BP_m̄GO:00431	regulation 3/104	36/17913	0.001181	0.008313	0.004954	ADM/SRC,
GO_BP_m̄GO:00902	positive re 3/104	36/17913	0.001181	0.008313	0.004954	CCL21/F2/
GO_BP_m̄GO:20005	positive re 3/104	36/17913	0.001181	0.008313	0.004954	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:20010	regulation 4/104	80/17913	0.001209	0.008489	0.005059	CNR1/CXC
GO_BP_m̄GO:00313	positive re 8/104	362/17913	0.00123	0.008594	0.005122	CCL21/CN

GO_BP_m̄GO:00356	cellular res	8/104	362/17913	0.00123	0.008594	0.005122	ADCY2/EC
GO_BP_m̄GO:00030	skeletal m	3/104	37/17913	0.00128	0.008857	0.005279	MYH3/TNF
GO_BP_m̄GO:00423	positive re	3/104	37/17913	0.00128	0.008857	0.005279	ECT2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00515	positive re	3/104	37/17913	0.00128	0.008857	0.005279	CNR1/GPE
GO_BP_m̄GO:00519	synaptic tr	3/104	37/17913	0.00128	0.008857	0.005279	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00342	positive re	5/104	140/17913	0.001343	0.009254	0.005515	APP/CCL5,
GO_BP_m̄GO:19040	positive re	5/104	140/17913	0.001343	0.009254	0.005515	CXCL10/F2
GO_BP_m̄GO:00508	cognition	7/104	286/17913	0.001396	0.009572	0.005705	ADORA1/#
GO_BP_m̄GO:00512	maintenan	7/104	286/17913	0.001396	0.009572	0.005705	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00485	rhythmic p	7/104	287/17913	0.001424	0.009742	0.005806	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00016	cellular glt	5/104	142/17913	0.001431	0.009761	0.005818	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00716	granulocyt	4/104	84/17913	0.001449	0.009782	0.00583	ANXA1/CC
GO_BP_m̄GO:00016	fever gene	2/104	10/17913	0.001457	0.009782	0.00583	CNR1/EDN
GO_BP_m̄GO:00140	regulation	2/104	10/17913	0.001457	0.009782	0.00583	EDNRB/RA
GO_BP_m̄GO:00450	negative tl	2/104	10/17913	0.001457	0.009782	0.00583	CD28/ZAP
GO_BP_m̄GO:00457	positive re	2/104	10/17913	0.001457	0.009782	0.00583	ADORA1/#
GO_BP_m̄GO:01500	regulation	2/104	10/17913	0.001457	0.009782	0.00583	DVL1/MYC
GO_BP_m̄GO:20001	regulation	2/104	10/17913	0.001457	0.009782	0.00583	CCL5/CCR
GO_BP_m̄GO:00610	regulation	5/104	143/17913	0.001476	0.009882	0.00589	ADRA2A/#
GO_BP_m̄GO:00703	ERK1 and	17/104	289/17913	0.001482	0.009903	0.005902	APP/CCL2.
GO_BP_m̄GO:00330	regulation	3/104	39/17913	0.001493	0.009927	0.005916	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:19045	positive re	3/104	39/17913	0.001493	0.009927	0.005916	ECT2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00423	regulation	8/104	374/17913	0.001512	0.010032	0.005979	ADORA1/#
GO_BP_m̄GO:00432	negative r	5/104	144/17913	0.001522	0.010075	0.006004	ADORA1/#
GO_BP_m̄GO:00605	developm	6/104	214/17913	0.001556	0.010277	0.006125	APP/CXCL
GO_BP_m̄GO:00075	response t	6/104	215/17913	0.001593	0.010499	0.006258	CCL28/CN
GO_BP_m̄GO:00065	membran	3/104	40/17913	0.001607	0.010517	0.006268	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:19031	negative r	3/104	40/17913	0.001607	0.010517	0.006268	ADRA2A/#
GO_BP_m̄GO:20002	positive re	3/104	40/17913	0.001607	0.010517	0.006268	ADORA1/#
GO_BP_m̄GO:00485	developm	6/104	216/17913	0.001631	0.010652	0.006349	APP/CXCL
GO_BP_m̄GO:00488	multicellul	9/104	472/17913	0.001706	0.011118	0.006626	ADCY2/AC
GO_BP_m̄GO:00988	modulatio	3/104	41/17913	0.001726	0.011224	0.006689	APP/DVL1.
GO_BP_m̄GO:00329	inositol tri	2/104	11/17913	0.001775	0.011408	0.006799	GPER1/P2I
GO_BP_m̄GO:00433	negative T	2/104	11/17913	0.001775	0.011408	0.006799	CD28/ZAP
GO_BP_m̄GO:00456	regulation	2/104	11/17913	0.001775	0.011408	0.006799	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:00970	dendritic c	2/104	11/17913	0.001775	0.011408	0.006799	CCL21/CX
GO_BP_m̄GO:20006	regulation	2/104	11/17913	0.001775	0.011408	0.006799	CCL21/CX
GO_BP_m̄GO:00903	positive re	5/104	150/17913	0.001821	0.011683	0.006963	ECT2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00482	lymphocyt	3/104	42/17913	0.001851	0.011824	0.007047	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00514	regulation	3/104	42/17913	0.001851	0.011824	0.007047	CCL21/PRI
GO_BP_m̄GO:00357	CD4-posit	4/104	90/17913	0.001869	0.011907	0.007097	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:00345	protein loc	6/104	223/17913	0.001916	0.012184	0.007262	DVL1/ECT:
GO_BP_m̄GO:00347	positive re	5/104	152/17913	0.00193	0.012245	0.007298	CXCL10/F2
GO_BP_m̄GO:00458	negative r	4/104	91/17913	0.001946	0.012291	0.007326	ADORA1/#
GO_BP_m̄GO:19016	cellular res	4/104	91/17913	0.001946	0.012291	0.007326	ADCY2/PT
GO_BP_m̄GO:00433	mast cell c	3/104	43/17913	0.001982	0.012491	0.007445	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00507	positive re	5/104	153/17913	0.001986	0.012491	0.007445	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00025	leukocyte	9/104	485/17913	0.002052	0.01288	0.007676	ANXA1/AF
GO_BP_m̄GO:19030	regulation	4/104	93/17913	0.002107	0.013058	0.007782	GPER1/PIK
GO_BP_m̄GO:00432	positive re	3/104	44/17913	0.002118	0.013058	0.007782	ADORA1/#
GO_BP_m̄GO:00716	regulation	3/104	44/17913	0.002118	0.013058	0.007782	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00028	positive re	2/104	12/17913	0.002121	0.013058	0.007782	CD28/CNF
GO_BP_m̄GO:00316	regulation	2/104	12/17913	0.002121	0.013058	0.007782	CNR1/EDN
GO_BP_m̄GO:00336	positive re	2/104	12/17913	0.002121	0.013058	0.007782	CXCL12/N
GO_BP_m̄GO:00606	branching	2/104	12/17913	0.002121	0.013058	0.007782	ADM/GRB.
GO_BP_m̄GO:00704	leukocyte	2/104	12/17913	0.002121	0.013058	0.007782	RAC2/ZAP
GO_BP_m̄GO:00718	macrophag	2/104	12/17913	0.002121	0.013058	0.007782	CCL5/CCR
GO_BP_m̄GO:00158	organic hy	6/104	228/17913	0.002142	0.013157	0.007841	ADRA2A/C

GO_BP_m̄GO:00432!regulation	4/104	94/17913	0.002191	0.013429	0.008004	FAM3C/GF
GO_BP_m̄GO:00022!mast cell a	3/104	45/17913	0.00226	0.013678	0.008152	ADORA2B.
GO_BP_m̄GO:00024!mast cell n	3/104	45/17913	0.00226	0.013678	0.008152	ADORA2B.
GO_BP_m̄GO:00336!regulation	3/104	45/17913	0.00226	0.013678	0.008152	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00425!neuron m	3/104	45/17913	0.00226	0.013678	0.008152	APP/EDNR
GO_BP_m̄GO:00617!leukocyte	3/104	45/17913	0.00226	0.013678	0.008152	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00716!regulation	3/104	45/17913	0.00226	0.013678	0.008152	CCL5/CXC
GO_BP_m̄GO:00600!excitatory	4/104	95/17913	0.002277	0.013754	0.008197	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00512!protein po	6/104	232/17913	0.002337	0.014083	0.008393	CCL21/GR
GO_BP_m̄GO:00308!negative r	3/104	46/17913	0.002407	0.014448	0.008611	PRKCD/TM
GO_BP_m̄GO:00512!positive re	8/104	403/17913	0.002408	0.014448	0.008611	ECT2/GPEI
GO_BP_m̄GO:00325!regulation	7/104	315/17913	0.002412	0.014448	0.008611	CCL21/CXI
GO_BP_m̄GO:00099!response t	9/104	498/17913	0.002453	0.014659	0.008737	ADM/ADC
GO_BP_m̄GO:00030!negative r	2/104	13/17913	0.002498	0.014746	0.008789	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00336!regulation	2/104	13/17913	0.002498	0.014746	0.008789	PTGER4/SI
GO_BP_m̄GO:00357!interleukin	2/104	13/17913	0.002498	0.014746	0.008789	GRB2/JAK:
GO_BP_m̄GO:00713!cellular res	2/104	13/17913	0.002498	0.014746	0.008789	GRB2/JAK:
GO_BP_m̄GO:19002!negative r	2/104	13/17913	0.002498	0.014746	0.008789	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:20001!regulation	2/104	13/17913	0.002498	0.014746	0.008789	GNRH1/SF
GO_BP_m̄GO:00105!regulation	4/104	98/17913	0.00255	0.015024	0.008954	CXCL10/F2
GO_BP_m̄GO:00069!acute-pha	3/104	47/17913	0.002561	0.015028	0.008956	CNR1/EDN
GO_BP_m̄GO:00466!positive re	3/104	47/17913	0.002561	0.015028	0.008956	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00026!negative r	5/104	163/17913	0.002615	0.015285	0.00911	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00310!actomyosi	5/104	163/17913	0.002615	0.015285	0.00911	ECT2/MYH
GO_BP_m̄GO:00432!regulation	8/104	409/17913	0.002637	0.015382	0.009168	CCL21/GR
GO_BP_m̄GO:00015!regulation	7/104	321/17913	0.00268	0.015598	0.009297	ADORA2B.
GO_BP_m̄GO:19037!positive re	3/104	48/17913	0.00272	0.015802	0.009418	CCL21/PRI
GO_BP_m̄GO:00434!regulation	7/104	322/17913	0.002726	0.015807	0.009421	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00160!synaptic v	4/104	100/17913	0.002744	0.015875	0.009461	ADORA2B.
GO_BP_m̄GO:01200!regulation	5/104	166/17913	0.002829	0.016338	0.009737	CCL21/PRI
GO_BP_m̄GO:00508!multicellul.	3/104	49/17913	0.002885	0.016434	0.009795	MYH3/TNI
GO_BP_m̄GO:00508!musculosk	3/104	49/17913	0.002885	0.016434	0.009795	MYH3/TNI
GO_BP_m̄GO:00108!positive re	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	CCL21/CC
GO_BP_m̄GO:00140!regulation	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00358!positive re	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	EDNRB/OF
GO_BP_m̄GO:00450!T-helper 2	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00459!negative r	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00706!response t	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	GRB2/JAK:
GO_BP_m̄GO:00718!regulation	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	HCK/SRC
GO_BP_m̄GO:00726!eosinophil	2/104	14/17913	0.002903	0.016434	0.009795	CCL5/PTG
GO_BP_m̄GO:00507!regulation	5/104	169/17913	0.003056	0.017238	0.010274	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00519!regulation	3/104	50/17913	0.003057	0.017238	0.010274	ADORA1/(
GO_BP_m̄GO:00069!striated m	5/104	170/17913	0.003134	0.017606	0.010493	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00507!negative r	5/104	170/17913	0.003134	0.017606	0.010493	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00457!negative r	3/104	51/17913	0.003234	0.018133	0.010807	ADM/CCL!
GO_BP_m̄GO:00016!temperatu	5/104	172/17913	0.003295	0.018439	0.010989	ADORA1/(
GO_BP_m̄GO:00016!gastric aci	2/104	15/17913	0.003337	0.018493	0.011022	CCKBR/OF
GO_BP_m̄GO:00140!regulation	2/104	15/17913	0.003337	0.018493	0.011022	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:00302!male sex d	2/104	15/17913	0.003337	0.018493	0.011022	GNRH1/PT
GO_BP_m̄GO:00356!entry of b	2/104	15/17913	0.003337	0.018493	0.011022	GRB2/SRC
GO_BP_m̄GO:00485!negative r	2/104	15/17913	0.003337	0.018493	0.011022	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:19030!regulation	5/104	173/17913	0.003378	0.018654	0.011118	ADRA2A//
GO_BP_m̄GO:00434!positive re	6/104	250/17913	0.003382	0.018654	0.011118	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00986!regulation	4/104	106/17913	0.003385	0.018654	0.011118	ADORA2B.
GO_BP_m̄GO:00509!neuromus	4/104	107/17913	0.003501	0.019256	0.011477	APP/DVL1.
GO_BP_m̄GO:00158!drug trans	5/104	175/17913	0.003548	0.019475	0.011607	CNR1/CXC
GO_BP_m̄GO:00442!cellular car	6/104	256/17913	0.003797	0.020532	0.012237	FAM3C/GC
GO_BP_m̄GO:00017!neutrophil	2/104	16/17913	0.003799	0.020532	0.012237	ANXA1/PII

GO_BP_mfGO:00316 heat gene	2/104	16/17913	0.003799	0.020532	0.012237	CNR1/EDN
GO_BP_mfGO:00330 negative r	2/104	16/17913	0.003799	0.020532	0.012237	CCL5/CCR
GO_BP_mfGO:00448 estrous cy	2/104	16/17913	0.003799	0.020532	0.012237	GNRH1/OI
GO_BP_mfGO:00482 norepinep	2/104	16/17913	0.003799	0.020532	0.012237	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00514 positive re	2/104	16/17913	0.003799	0.020532	0.012237	GNA15/OI
GO_BP_mfGO:00461 polyol bio	3/104	54/17913	0.003804	0.020532	0.012237	GPER1/NT
GO_BP_mfGO:19030 positive re	3/104	54/17913	0.003804	0.020532	0.012237	GPER1/PIK
GO_BP_mfGO:00093 response t	8/104	435/17913	0.003834	0.020656	0.012311	APP/CXCL
GO_BP_mfGO:00321 negative r	7/104	343/17913	0.003861	0.020696	0.012335	ADORA1/I
GO_BP_mfGO:00108 positive re	4/104	110/17913	0.003865	0.020696	0.012335	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00420 regulation	4/104	110/17913	0.003865	0.020696	0.012335	APP/CD28
GO_BP_mfGO:00324 regulation	6/104	257/17913	0.00387	0.020696	0.012335	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00423 regulation	3/104	55/17913	0.004007	0.021387	0.012746	ECT2/PIK3
GO_BP_mfGO:19049 positive re	8/104	440/17913	0.004106	0.021876	0.013038	ECT2/GPEI
GO_BP_mfGO:00336 membran	3/104	56/17913	0.004216	0.022379	0.013338	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00713 cellular res	3/104	56/17913	0.004216	0.022379	0.013338	PTGDR/PT
GO_BP_mfGO:00217 developm	6/104	262/17913	0.00425	0.02246	0.013386	APP/CCL2
GO_BP_mfGO:00467 acid secret	4/104	113/17913	0.004254	0.02246	0.013386	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:19043 regulation	4/104	113/17913	0.004254	0.02246	0.013386	GPER1/PIK
GO_BP_mfGO:00072 G protein-	2/104	17/17913	0.004289	0.022521	0.013422	GNA15/GI
GO_BP_mfGO:00427 positive re	2/104	17/17913	0.004289	0.022521	0.013422	GHRHR/NI
GO_BP_mfGO:00702 negative r	2/104	17/17913	0.004289	0.022521	0.013422	CCL5/PRK
GO_BP_mfGO:00507 positive re	5/104	184/17913	0.004389	0.023001	0.013709	ADORA1/I
GO_BP_mfGO:00105 positive re	3/104	57/17913	0.004432	0.023184	0.013817	CCL5/GNA
GO_BP_mfGO:00197 polyol met	4/104	115/17913	0.004528	0.023645	0.014092	GPER1/INF
GO_BP_mfGO:00516 establishm	8/104	448/17913	0.004572	0.023832	0.014204	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00703 positive re	5/104	186/17913	0.004593	0.023901	0.014245	APP/CCL2
GO_BP_mfGO:00323 positive re	3/104	58/17913	0.004654	0.024042	0.014329	GAL/NTSR
GO_BP_mfGO:00420 T-helper c	3/104	58/17913	0.004654	0.024042	0.014329	ANXA1/CI
GO_BP_mfGO:00510 positive re	3/104	58/17913	0.004654	0.024042	0.014329	GRB2/SOS
GO_BP_mfGO:19045 regulation	3/104	58/17913	0.004654	0.024042	0.014329	ECT2/PIK3
GO_BP_mfGO:00466 positive re	2/104	18/17913	0.004807	0.024703	0.014723	CD28/ZAP
GO_BP_mfGO:00718 podosome	2/104	18/17913	0.004807	0.024703	0.014723	HCK/SRC
GO_BP_mfGO:00903 regulation	2/104	18/17913	0.004807	0.024703	0.014723	PRKCD/PR
GO_BP_mfGO:00322 negative r	3/104	59/17913	0.004883	0.024916	0.01485	PRKCD/TM
GO_BP_mfGO:00903 positive re	3/104	59/17913	0.004883	0.024916	0.01485	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:20005 regulation	3/104	59/17913	0.004883	0.024916	0.01485	ANXA1/CI
GO_BP_mfGO:00347 regulation	8/104	453/17913	0.004883	0.024916	0.01485	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00703 regulation	6/104	271/17913	0.005002	0.025479	0.015185	APP/CCL2
GO_BP_mfGO:00507 regulation	8/104	456/17913	0.005078	0.025817	0.015387	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00022 CD4-posit	3/104	60/17913	0.005118	0.02584	0.015401	ANXA1/CI
GO_BP_mfGO:00468 positive re	3/104	60/17913	0.005118	0.02584	0.015401	ECT2/PIK3
GO_BP_mfGO:00420 cytokine b	4/104	120/17913	0.005263	0.02584	0.015401	APP/CD28
GO_BP_mfGO:00025 chronic inf	2/104	19/17913	0.005353	0.02584	0.015401	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00105 negative r	2/104	19/17913	0.005353	0.02584	0.015401	F2/PRKCD
GO_BP_mfGO:00450 thymic T c	2/104	19/17913	0.005353	0.02584	0.015401	CD28/ZAP
GO_BP_mfGO:01401 positive re	2/104	19/17913	0.005353	0.02584	0.015401	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:19059 regulation	2/104	19/17913	0.005353	0.02584	0.015401	GNRH1/SF
GO_BP_mfGO:00022 alpha-bet	3/104	61/17913	0.00536	0.02584	0.015401	ANXA1/CI
GO_BP_mfGO:00022 alpha-bet	3/104	61/17913	0.00536	0.02584	0.015401	ANXA1/CI
GO_BP_mfGO:00316 positive re	3/104	61/17913	0.00536	0.02584	0.015401	DVL1/NTS
GO_BP_mfGO:00336 cell adhesi	3/104	61/17913	0.00536	0.02584	0.015401	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:19043 positive re	3/104	61/17913	0.00536	0.02584	0.015401	GPER1/PIK
GO_BP_mfGO:20002 positive re	3/104	61/17913	0.00536	0.02584	0.015401	EDNRB/P2
GO_BP_mfGO:00027 positive re	6/104	275/17913	0.005366	0.02584	0.015401	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00421 cytokine r	4/104	121/17913	0.005419	0.02584	0.015401	APP/CD28
GO_BP_mfGO:00352 synaptic tr	3/104	62/17913	0.00561	0.02584	0.015401	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00160 cell growt	8/104	466/17913	0.005769	0.02584	0.015401	APP/CXCL

GO_BP_m̄GO:00316	response t	8/104	466/17913	0.005769	0.02584	0.015401	ADM/CCL
GO_BP_m̄GO:00015	primary ov	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	SRC
GO_BP_m̄GO:00022	alpha-beta	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GPR18
GO_BP_m̄GO:00023	CD8-posit	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GPR18
GO_BP_m̄GO:00025	chronic inf	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00028	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00028	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00082	biolumine	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	MYO9A
GO_BP_m̄GO:00100	root morp	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00100	root epide	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00100	trichoblast	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00226	root syster	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00302	nuclear fra	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GPER1
GO_BP_m̄GO:00322	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00322	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00326	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	CD86
GO_BP_m̄GO:00327	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	CD86
GO_BP_m̄GO:00329	negative r	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00346	establishm	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	RHOT1
GO_BP_m̄GO:00356	enteric sm	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	EDNRB
GO_BP_m̄GO:00430	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	CD86
GO_BP_m̄GO:00430	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	CD86
GO_BP_m̄GO:00483	root devel	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00487	trichoblast	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00487	root hair c	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00487	root hair e	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00515	smooth er	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	APP
GO_BP_m̄GO:00518	cytolysis b	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	F2
GO_BP_m̄GO:00518	general ad	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PENK
GO_BP_m̄GO:00718	phospholiq	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ADRA2A
GO_BP_m̄GO:00726	eosinophil	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PTGER4
GO_BP_m̄GO:00801	root hair c	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00905	plant epid	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00906	plant epid	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:00990	microtubu	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	RHOT1
GO_BP_m̄GO:00994	plant orga	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:01101	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCD
GO_BP_m̄GO:19001	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCD
GO_BP_m̄GO:19001	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCD
GO_BP_m̄GO:19028	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:19028	negative r	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:19038	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:19038	negative r	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:19042	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	TIAM1
GO_BP_m̄GO:19042	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	TIAM1
GO_BP_m̄GO:19053	plant orga	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:19054	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:19054	negative r	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:19907	Schwann c	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	TIAM1
GO_BP_m̄GO:20000	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:20002	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	GAL
GO_BP_m̄GO:20004	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PTGER4
GO_BP_m̄GO:20004	negative r	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PTGER4
GO_BP_m̄GO:20004	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	ECT2
GO_BP_m̄GO:20005	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	CCL21
GO_BP_m̄GO:20005	positive re	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	CCL21
GO_BP_m̄GO:20005	negative r	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	CCL21
GO_BP_m̄GO:20005	regulation	1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCQ

GO_BP_m̄GO:20005 positive re 1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCQ
GO_BP_m̄GO:20007 regulation 1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCD
GO_BP_m̄GO:20007 positive re 1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCD
GO_BP_m̄GO:20007 regulation 1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCD
GO_BP_m̄GO:20007 positive re 1/104	1/17913	0.005806	0.02584	0.015401	PRKCD
GO_BP_m̄GO:00466 regulation 3/104	63/17913	0.005865	0.026066	0.015535	ANXA1/CF
GO_BP_m̄GO:00158 norepinep 2/104	20/17913	0.005925	0.026209	0.015621	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:00607 labyrinthin 2/104	20/17913	0.005925	0.026209	0.015621	ADM/GRB
GO_BP_m̄GO:01400 neuron pr 2/104	20/17913	0.005925	0.026209	0.015621	DVL1/MYC
GO_BP_m̄GO:00026 positive re 5/104	198/17913	0.005966	0.026353	0.015706	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00095 detection 4/104	125/17913	0.006074	0.026747	0.015941	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00468 positive re 4/104	125/17913	0.006074	0.026747	0.015941	GAL/GHRF
GO_BP_m̄GO:00075 excretion 3/104	64/17913	0.006128	0.026944	0.016059	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00072 JNK casc 5/104	200/17913	0.006221	0.027267	0.016251	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00096 response t 5/104	200/17913	0.006221	0.027267	0.016251	CXCL10/C
GO_BP_m̄GO:00484 synaptic v 4/104	126/17913	0.006246	0.027295	0.016268	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00974 establishm 4/104	126/17913	0.006246	0.027295	0.016268	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00076 circadian r 5/104	201/17913	0.00635	0.02771	0.016515	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00420 gliogenesis 6/104	285/17913	0.006361	0.027716	0.016518	APP/F2/P2
GO_BP_m̄GO:00019 positive re 2/104	21/17913	0.006524	0.028254	0.016839	CNR1/GPE
GO_BP_m̄GO:00361 cellular res 2/104	21/17913	0.006524	0.028254	0.016839	SRC/YES1
GO_BP_m̄GO:00510 regulation 2/104	21/17913	0.006524	0.028254	0.016839	ADRA2A/T
GO_BP_m̄GO:00713 cellular res 2/104	21/17913	0.006524	0.028254	0.016839	PTGDR/PT
GO_BP_m̄GO:00095 detection 4/104	128/17913	0.006599	0.028451	0.016957	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00323 response t 4/104	128/17913	0.006599	0.028451	0.016957	GPER1/OP
GO_BP_m̄GO:00713 cellular res 4/104	128/17913	0.006599	0.028451	0.016957	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00022 T cell diffe 3/104	66/17913	0.006675	0.028608	0.01705	ANXA1/CF
GO_BP_m̄GO:00105 regulation 3/104	66/17913	0.006675	0.028608	0.01705	CCL5/GNA
GO_BP_m̄GO:00519 negative r 3/104	66/17913	0.006675	0.028608	0.01705	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:19036 positive re 3/104	66/17913	0.006675	0.028608	0.01705	ANXA1/JA
GO_BP_m̄GO:00324 lysosome l 3/104	67/17913	0.006959	0.029719	0.017712	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00517 multi-org 3/104	67/17913	0.006959	0.029719	0.017712	APP/DVL1
GO_BP_m̄GO:00713 cellular res 4/104	130/17913	0.006965	0.029719	0.017712	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00346 response t 2/104	22/17913	0.007149	0.030297	0.018057	CCL21/GN
GO_BP_m̄GO:00358 regulation 2/104	22/17913	0.007149	0.030297	0.018057	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00361 response t 2/104	22/17913	0.007149	0.030297	0.018057	SRC/YES1
GO_BP_m̄GO:00456 positive re 2/104	22/17913	0.007149	0.030297	0.018057	ANXA1/CF
GO_BP_m̄GO:00713 cellular res 4/104	131/17913	0.007153	0.030297	0.018057	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00426 ovulation 3/104	68/17913	0.00725	0.030662	0.018274	GNRH1/OI
GO_BP_m̄GO:00302 entry into 4/104	134/17913	0.007736	0.032531	0.019388	CCR5/CD8
GO_BP_m̄GO:00444 entry into 4/104	134/17913	0.007736	0.032531	0.019388	CCR5/CD8
GO_BP_m̄GO:00518 entry into 4/104	134/17913	0.007736	0.032531	0.019388	CCR5/CD8
GO_BP_m̄GO:00518 entry into 4/104	134/17913	0.007736	0.032531	0.019388	CCR5/CD8
GO_BP_m̄GO:00075 sex deterr 2/104	23/17913	0.007801	0.032707	0.019493	GNRH1/PT
GO_BP_m̄GO:00435 regulation 2/104	23/17913	0.007801	0.032707	0.019493	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00601 positive re 3/104	70/17913	0.007853	0.032877	0.019594	CCL5/GNA
GO_BP_m̄GO:00335 multicellul 3/104	71/17913	0.008165	0.034036	0.020286	EDNRB/NF
GO_BP_m̄GO:00423 vasoconstr 3/104	71/17913	0.008165	0.034036	0.020286	ADM/ADR
GO_BP_m̄GO:19030 positive re 3/104	71/17913	0.008165	0.034036	0.020286	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:00343 cell junctio 5/104	214/17913	0.008217	0.034202	0.020384	ECT2/MYC
GO_BP_m̄GO:00974 synaptic v 4/104	137/17913	0.008351	0.034711	0.020687	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00028 regulation 2/104	24/17913	0.008478	0.034916	0.02081	CD28/CNF
GO_BP_m̄GO:00358 renal sodit 2/104	24/17913	0.008478	0.034916	0.02081	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00439 negative r 2/104	24/17913	0.008478	0.034916	0.02081	NPY2R/OF
GO_BP_m̄GO:00509 positive re 2/104	24/17913	0.008478	0.034916	0.02081	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00602 regulation 2/104	24/17913	0.008478	0.034916	0.02081	CNR1/NPY
GO_BP_m̄GO:00900 positive re 2/104	24/17913	0.008478	0.034916	0.02081	CCL21/RAI
GO_BP_m̄GO:00723 response t 3/104	72/17913	0.008485	0.034916	0.02081	CNR1/PEN

GO_BP_m̄GO:00097!hormone-	5/104	216/17913	0.008534	0.035069	0.020901	CRHR2/GC
GO_BP_m̄GO:00433!regulation	5/104	217/17913	0.008696	0.035684	0.021267	APP/DVL1
GO_BP_m̄GO:00017!morphoge	4/104	139/17913	0.008778	0.035866	0.021376	ARHGEF19
GO_BP_m̄GO:00455!regulation	4/104	139/17913	0.008778	0.035866	0.021376	ANXA1/CF
GO_BP_m̄GO:00713!cellular res	4/104	139/17913	0.008778	0.035866	0.021376	ADRA2A/CF
GO_BP_m̄GO:00066!phospholij	7/104	402/17913	0.00898	0.03664	0.021837	CCKBR/CC
GO_BP_m̄GO:00092!response t	5/104	219/17913	0.009026	0.036778	0.021919	ADM/ADC
GO_BP_m̄GO:00301!regulation	3/104	74/17913	0.009146	0.036939	0.022016	F2/PRKCD,
GO_BP_m̄GO:00433!CD4-posit	3/104	74/17913	0.009146	0.036939	0.022016	ANXA1/CF
GO_BP_m̄GO:00352!ionotropic	2/104	25/17913	0.009181	0.036939	0.022016	APP/TIAM
GO_BP_m̄GO:00440!regulation	2/104	25/17913	0.009181	0.036939	0.022016	ADORA1/E
GO_BP_m̄GO:00459!negative r	2/104	25/17913	0.009181	0.036939	0.022016	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:00606!embryonic	2/104	25/17913	0.009181	0.036939	0.022016	ADM/GRB,
GO_BP_m̄GO:00955!acetylcholi	2/104	25/17913	0.009181	0.036939	0.022016	GNA15/GF
GO_BP_m̄GO:19038!signal tran	2/104	25/17913	0.009181	0.036939	0.022016	GNA15/GF
GO_BP_m̄GO:19043!cellular res	2/104	25/17913	0.009181	0.036939	0.022016	PRKCD/SR
GO_BP_m̄GO:00331!regulation	5/104	220/17913	0.009194	0.036943	0.022018	ECT2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00083!adult locor	3/104	75/17913	0.009487	0.037961	0.022625	APP/CXCL
GO_BP_m̄GO:00511!smooth m	3/104	75/17913	0.009487	0.037961	0.022625	ADM/EDN
GO_BP_m̄GO:19000!regulation	3/104	75/17913	0.009487	0.037961	0.022625	F2/PRKCD,
GO_BP_m̄GO:00439!regulation	7/104	408/17913	0.009693	0.038733	0.023084	CCL5/CD2
GO_BP_m̄GO:00199!cGMP-me	2/104	26/17913	0.009908	0.03932	0.023435	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00329!positive re	2/104	26/17913	0.009908	0.03932	0.023435	F2/VIM
GO_BP_m̄GO:00486!collateral s	2/104	26/17913	0.009908	0.03932	0.023435	APP/DVL1
GO_BP_m̄GO:00713!cellular res	2/104	26/17913	0.009908	0.03932	0.023435	ADCY2/GC
GO_BP_m̄GO:00716!positive re	2/104	26/17913	0.009908	0.03932	0.023435	CCL21/RA
GO_BP_m̄GO:00447!multi-mult	5/104	225/17913	0.010068	0.039901	0.023781	ADM/CNR
GO_BP_m̄GO:00487!astrocyte c	3/104	77/17913	0.010192	0.040336	0.02404	APP/F2/VI
GO_BP_m̄GO:00602!anatomica	7/104	413/17913	0.010319	0.040783	0.024306	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00107!negative r	6/104	317/17913	0.01045	0.041244	0.024581	APP/EDNR
GO_BP_m̄GO:00108!regulation	3/104	78/17913	0.010556	0.041509	0.024739	PIK3R1/RH
GO_BP_m̄GO:19059!positive re	3/104	78/17913	0.010556	0.041509	0.024739	GAL/NTSR
GO_BP_m̄GO:00712!cellular res	4/104	147/17913	0.010627	0.041509	0.024739	ADCY2/EC
GO_BP_m̄GO:00107!positive re	2/104	27/17913	0.010661	0.041509	0.024739	F2/VIM
GO_BP_m̄GO:00433!regulation	2/104	27/17913	0.010661	0.041509	0.024739	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00466!regulation	2/104	27/17913	0.010661	0.041509	0.024739	CD28/ZAP
GO_BP_m̄GO:01200!negative r	2/104	27/17913	0.010661	0.041509	0.024739	CCL21/PRI
GO_BP_m̄GO:19026!positive re	2/104	27/17913	0.010661	0.041509	0.024739	CCL21/RA
GO_BP_m̄GO:19051!response t	2/104	27/17913	0.010661	0.041509	0.024739	GNA15/GF
GO_BP_m̄GO:19051!cellular res	2/104	27/17913	0.010661	0.041509	0.024739	GNA15/GF
GO_BP_m̄GO:19901!neuron pr	4/104	148/17913	0.010874	0.042284	0.025201	CXCL12/D
GO_BP_m̄GO:00508!regulation	3/104	79/17913	0.010927	0.042293	0.025206	F2/PRKCD,
GO_BP_m̄GO:00975!lamellipod	3/104	79/17913	0.010927	0.042293	0.025206	RAC2/SRC
GO_BP_m̄GO:00719!positive re	6/104	322/17913	0.011226	0.042293	0.025206	ADORA1//
GO_BP_m̄GO:19040!positive re	5/104	232/17913	0.011386	0.042293	0.025206	ADM/ANX
GO_BP_m̄GO:00019!startle resp	2/104	28/17913	0.011438	0.042293	0.025206	DVL1/PEN
GO_BP_m̄GO:00702!negative r	2/104	28/17913	0.011438	0.042293	0.025206	CCL5/PRK
GO_BP_m̄GO:19027!positive re	2/104	28/17913	0.011438	0.042293	0.025206	RAC2/SRC
GO_BP_m̄GO:19907!response t	2/104	28/17913	0.011438	0.042293	0.025206	PRKCD/SR
GO_BP_m̄GO:20001!positive re	2/104	28/17913	0.011438	0.042293	0.025206	CCL5/PIK3
GO_BP_m̄GO:00023!gamma-d	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	GPR18
GO_BP_m̄GO:00023!CD8-posit	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	GPR18
GO_BP_m̄GO:00025!antigen pr	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	HLA-DRA
GO_BP_m̄GO:00025!polysacch	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	HLA-DRA
GO_BP_m̄GO:00025!leukocyte	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	HCK
GO_BP_m̄GO:00074!posterior r	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	EDNRB
GO_BP_m̄GO:00328!regulation	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00336!negative r	1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	PTGER4

GO_BP_mfGO:00357: T-helper 2 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	PRKCQ
GO_BP_mfGO:00357: mesangial 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	CCL21
GO_BP_mfGO:00381: cholecysto 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	CCKBR
GO_BP_mfGO:00423: negative r 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	ADORA1
GO_BP_mfGO:00454: positive re 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	CD86
GO_BP_mfGO:00514: negative r 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	PRKCD
GO_BP_mfGO:00518: cytolysis in 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	F2
GO_BP_mfGO:00518: general ad 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	PENK
GO_BP_mfGO:00601: somatotro 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	GHRHR
GO_BP_mfGO:00604: positive re 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	OPRL1
GO_BP_mfGO:00606: positive re 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	PRKCD
GO_BP_mfGO:00650: protein-ca 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	HLA-DRA
GO_BP_mfGO:00702: negative r 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	ADORA1
GO_BP_mfGO:00704: T cell aggr 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	ZAP70
GO_BP_mfGO:00718: protein-ca 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	HLA-DRA
GO_BP_mfGO:00718: cellular res 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	APP
GO_BP_mfGO:00860: angiotensi 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	SRC
GO_BP_mfGO:00989: NMDA sel 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	TIAM1
GO_BP_mfGO:00995: trans-syna 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	CNR1
GO_BP_mfGO:00995: trans-syna 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	CNR1
GO_BP_mfGO:19017: negative r 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	CXCL10
GO_BP_mfGO:19026: regulation 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	GAL
GO_BP_mfGO:19026: positive re 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	GAL
GO_BP_mfGO:19053: regulation 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	DVL1
GO_BP_mfGO:19053: positive re 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	DVL1
GO_BP_mfGO:19904: response t 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	CXCL12
GO_BP_mfGO:19907: conditione 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	OPRL1
GO_BP_mfGO:19908: response t 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	EDNRB
GO_BP_mfGO:20001: positive re 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	ADM
GO_BP_mfGO:20003: positive re 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	SRC
GO_BP_mfGO:20004: negative r 1/104	2/17913	0.011578	0.042293	0.025206	PTGER4
GO_BP_mfGO:00156: ammoniur 3/104	81/17913	0.011692	0.042546	0.025357	CNR1/CXC
GO_BP_mfGO:19029: regulation 3/104	81/17913	0.011692	0.042546	0.025357	GPER1/NT
GO_BP_mfGO:19035: positive re 3/104	81/17913	0.011692	0.042546	0.025357	APP/CD86
GO_BP_mfGO:00324: regulation 5/104	234/17913	0.011783	0.042823	0.025523	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00330: regulation 2/104	29/17913	0.012239	0.044369	0.026444	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00466: negative r 2/104	29/17913	0.012239	0.044369	0.026444	PRKCD/PR
GO_BP_mfGO:00313: negative r 5/104	237/17913	0.012396	0.044826	0.026716	ADORA1/F
GO_BP_mfGO:00726: protein loc 5/104	237/17913	0.012396	0.044826	0.026716	GPER1/P2I
GO_BP_mfGO:00030: regulation 3/104	83/17913	0.012487	0.045042	0.026845	ADM/ADC
GO_BP_mfGO:00455: positive re 3/104	83/17913	0.012487	0.045042	0.026845	ANXA1/CE
GO_BP_mfGO:00011: response t 6/104	330/17913	0.012551	0.045219	0.02695	CCL21/GN
GO_BP_mfGO:00716: anatomica 4/104	155/17913	0.012711	0.045682	0.027226	APP/EDNR
GO_BP_mfGO:19035: regulation 4/104	155/17913	0.012711	0.045682	0.027226	APP/CD86
GO_BP_mfGO:00017: leukocyte 3/104	84/17913	0.012895	0.046229	0.027552	ANXA1/LA
GO_BP_mfGO:00308: positive re 3/104	84/17913	0.012895	0.046229	0.027552	CCL21/GR
GO_BP_mfGO:00028: regulation 2/104	30/17913	0.013064	0.046429	0.027672	ANXA1/CE
GO_BP_mfGO:00072: activation 2/104	30/17913	0.013064	0.046429	0.027672	GNA15/GI
GO_BP_mfGO:00433: positive re 2/104	30/17913	0.013064	0.046429	0.027672	ANXA1/CE
GO_BP_mfGO:00466: alpha-beta; 2/104	30/17913	0.013064	0.046429	0.027672	CD28/ZAP
GO_BP_mfGO:00506: regulation 2/104	30/17913	0.013064	0.046429	0.027672	CD28/HCK
GO_BP_mfGO:00514: positive re 2/104	30/17913	0.013064	0.046429	0.027672	CCL21/RH
GO_BP_mfGO:00900: regulation 2/104	30/17913	0.013064	0.046429	0.027672	CCL21/RA
GO_BP_mfGO:00488: homeosta; 5/104	241/17913	0.013246	0.047021	0.028024	ANXA1/LA
GO_BP_mfGO:01060: neuron pr 3/104	85/17913	0.013312	0.047137	0.028094	APP/DVL1
GO_BP_mfGO:19040: negative r 3/104	85/17913	0.013312	0.047137	0.028094	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00228: regulation 5/104	242/17913	0.013465	0.047622	0.028382	ADRA2A/F
GO_BP_mfGO:00022: lymphocyt 4/104	158/17913	0.013556	0.047884	0.028538	ANXA1/CE

GO_BP_m̄GO:00480: ephrin rec	3/104	86/17913	0.013736	0.048461	0.028882	SRC/TIAM
GO_BP_m̄GO:00459: negative r	2/104	31/17913	0.013912	0.048786	0.029076	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:00459: positive re	2/104	31/17913	0.013912	0.048786	0.029076	GPER1/NP
GO_BP_m̄GO:00513: response t	2/104	31/17913	0.013912	0.048786	0.029076	GPER1/SR
GO_BP_m̄GO:00519: regulation	2/104	31/17913	0.013912	0.048786	0.029076	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:19000: negative r	2/104	31/17913	0.013912	0.048786	0.029076	PRKCD/PR
GO_BP_m̄GO:00026: regulation	4/104	160/17913	0.014138	0.049518	0.029512	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00717: tumor nec	4/104	161/17913	0.014435	0.050497	0.030096	APP/CD86
GO_BP_m̄GO:00076: learning o	5/104	247/17913	0.014595	0.050913	0.030344	APP/CNR1
GO_BP_m̄GO:00022: T cell activ	3/104	88/17913	0.014607	0.050913	0.030344	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00973: cellular res	3/104	88/17913	0.014607	0.050913	0.030344	ADCY2/PT
GO_BP_m̄GO:00995: synaptic v	4/104	162/17913	0.014736	0.051161	0.030492	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00322: regulation	2/104	32/17913	0.014784	0.051161	0.030492	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:00435: positive re	2/104	32/17913	0.014784	0.051161	0.030492	CCL21/SR
GO_BP_m̄GO:00516: actin filam	2/104	32/17913	0.014784	0.051161	0.030492	TMOD2/TI
GO_BP_m̄GO:00702: regulation	2/104	32/17913	0.014784	0.051161	0.030492	CCL5/PRK
GO_BP_m̄GO:19039: positive re	2/104	32/17913	0.014784	0.051161	0.030492	RAC2/RHC
GO_BP_m̄GO:00028: positive re	3/104	89/17913	0.015054	0.052032	0.031011	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00456: regulation	4/104	164/17913	0.01535	0.052992	0.031583	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00427: eating beh	2/104	33/17913	0.015679	0.053999	0.032183	OPRL1/P2I
GO_BP_m̄GO:00480: neurotrop	2/104	33/17913	0.015679	0.053999	0.032183	GRB2/SRC
GO_BP_m̄GO:20012: regulation	4/104	166/17913	0.01598	0.054969	0.032761	APP/GAL/I
GO_BP_m̄GO:00516: establishm	5/104	253/17913	0.016033	0.055088	0.032832	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00140: response t	2/104	34/17913	0.016597	0.056496	0.033671	CNR1/PEN
GO_BP_m̄GO:00321: activation	2/104	34/17913	0.016597	0.056496	0.033671	ADRA2A/S
GO_BP_m̄GO:00432: response t	2/104	34/17913	0.016597	0.056496	0.033671	CNR1/PEN
GO_BP_m̄GO:00457: respiratory	2/104	34/17913	0.016597	0.056496	0.033671	HCK/RAC2
GO_BP_m̄GO:00457: positive re	2/104	34/17913	0.016597	0.056496	0.033671	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:19026: regulation	2/104	34/17913	0.016597	0.056496	0.033671	CCL21/RA
GO_BP_m̄GO:00507: positive re	7/104	455/17913	0.016793	0.056496	0.033671	APP/CNR1
GO_BP_m̄GO:00440: regulation	3/104	93/17913	0.016919	0.056496	0.033671	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00456: positive re	3/104	93/17913	0.016919	0.056496	0.033671	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00480: vascular er	3/104	93/17913	0.016919	0.056496	0.033671	PIK3CB/PI
GO_BP_m̄GO:00487: tissue rem	4/104	170/17913	0.017288	0.056496	0.033671	ANXA1/RA
GO_BP_m̄GO:00025: peptide ar	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	HLA-DRA
GO_BP_m̄GO:00072: phospholi	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	GNA15
GO_BP_m̄GO:00140: neural plat	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	DVL1
GO_BP_m̄GO:00140: negative r	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	EDNRB
GO_BP_m̄GO:00140: negative r	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00140: positive re	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	NTSR1
GO_BP_m̄GO:00220: convergen	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	DVL1
GO_BP_m̄GO:00230: terminatio	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	PRKCD
GO_BP_m̄GO:00326: lymphotox	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CD86
GO_BP_m̄GO:00328: negative r	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	ADRA2A
GO_BP_m̄GO:00329: regulation	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	ECT2
GO_BP_m̄GO:00330: positive re	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	PIK3CB
GO_BP_m̄GO:00336: negative r	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CNR1
GO_BP_m̄GO:00342: negative r	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CXCL10
GO_BP_m̄GO:00420: interleukin	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CD86
GO_BP_m̄GO:00421: lymphotox	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CD86
GO_BP_m̄GO:00433: beta select	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	ZAP70
GO_BP_m̄GO:00454: regulation	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CD86
GO_BP_m̄GO:00457: respiratory	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	HCK
GO_BP_m̄GO:00517: positive re	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	GAL
GO_BP_m̄GO:00713: cellular res	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	SRC
GO_BP_m̄GO:00718: response t	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	APP
GO_BP_m̄GO:00861: endothelir	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	EDNRB
GO_BP_m̄GO:00989: retrograde	1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CNR1

GO_BP_m̄GO:00989;retrograde 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CNR1
GO_BP_m̄GO:19004;negative r̄ 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	ADORA1
GO_BP_m̄GO:19040;regulation 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	OPRL1
GO_BP_m̄GO:19059;negative r̄ 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	PTGDR2
GO_BP_m̄GO:19906;response t 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	GNRH1
GO_BP_m̄GO:20001;positive re 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	SRC
GO_BP_m̄GO:20002;negative r̄ 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	PTGDR2
GO_BP_m̄GO:20005;regulation 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	CCL21
GO_BP_m̄GO:20005;positive re 1/104	3/17913	0.017318	0.056496	0.033671	SRC
GO_BP_m̄GO:00028;positive re 3/104	94/17913	0.017404	0.056496	0.033671	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:00226;digestive s 3/104	94/17913	0.017404	0.056496	0.033671	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00601;regulation 3/104	94/17913	0.017404	0.056496	0.033671	CCL5/GNA
GO_BP_m̄GO:01100;regulation 3/104	94/17913	0.017404	0.056496	0.033671	ECT2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00075;neuromus; 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	APP/DVL1
GO_BP_m̄GO:00308;negative r̄ 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	TMOD2/TI
GO_BP_m̄GO:00420;type 2 imn 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:00450;positive re 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	CCL5/CD2
GO_BP_m̄GO:00456;regulation 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:00482;macroph; 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	CCL5/EDN
GO_BP_m̄GO:00487;regulation 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	APP/F2
GO_BP_m̄GO:19010;negative r̄ 2/104	35/17913	0.017537	0.056496	0.033671	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00508;protein st; 4/104	171/17913	0.017625	0.056716	0.033803	DVL1/GNA
GO_BP_m̄GO:01200;positive re 3/104	95/17913	0.017897	0.05753	0.034288	CCL21/RA
GO_BP_m̄GO:00080;neuron rec 2/104	36/17913	0.018499	0.0592	0.035283	APP/CNR1
GO_BP_m̄GO:00337;response t 2/104	36/17913	0.018499	0.0592	0.035283	ADCY2/GC
GO_BP_m̄GO:00480;insulin-like 2/104	36/17913	0.018499	0.0592	0.035283	GHRHR/PI
GO_BP_m̄GO:00988;regulation 2/104	36/17913	0.018499	0.0592	0.035283	ADORA1/E
GO_BP_m̄GO:00990;vesicle-me 4/104	174/17913	0.01866	0.059652	0.035552	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00300;contractile 3/104	97/17913	0.018907	0.060241	0.035903	PIK3R1/PT
GO_BP_m̄GO:00347;negative r̄ 3/104	97/17913	0.018907	0.060241	0.035903	ADRA2A/
GO_BP_m̄GO:00431;stress fiber 3/104	97/17913	0.018907	0.060241	0.035903	PIK3R1/PT
GO_BP_m̄GO:19037;regulation 7/104	468/17913	0.019279	0.061358	0.036569	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:00070;cell-cell ju 3/104	98/17913	0.019424	0.061683	0.036763	ECT2/TLN;
GO_BP_m̄GO:00432;regulation 3/104	98/17913	0.019424	0.061683	0.036763	ADORA1/
GO_BP_m̄GO:00016;behavioral 2/104	37/17913	0.019483	0.061734	0.036793	NPY2R/PE
GO_BP_m̄GO:00463;positive re 2/104	37/17913	0.019483	0.061734	0.036793	PIK3R1/RH
GO_BP_m̄GO:19021;regulation 5/104	267/17913	0.01975	0.062513	0.037257	ANXA1/CE
GO_BP_m̄GO:00703;cellular res 3/104	99/17913	0.019948	0.063071	0.03759	ECT2/PRK
GO_BP_m̄GO:00510;regulation 6/104	368/17913	0.020371	0.064147	0.038231	APP/DVL1.
GO_BP_m̄GO:00468;regulation 3/104	100/17913	0.02048	0.064147	0.038231	ECT2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00022;behavioral 2/104	38/17913	0.020488	0.064147	0.038231	NPY2R/PE
GO_BP_m̄GO:00323;regulation 2/104	38/17913	0.020488	0.064147	0.038231	ADM/GAL
GO_BP_m̄GO:00332;response t 2/104	38/17913	0.020488	0.064147	0.038231	CXCL10/PI
GO_BP_m̄GO:00718;response t 2/104	38/17913	0.020488	0.064147	0.038231	APP/PENK
GO_BP_m̄GO:00718;response t 2/104	38/17913	0.020488	0.064147	0.038231	APP/PENK
GO_BP_m̄GO:00900;positive re 2/104	38/17913	0.020488	0.064147	0.038231	ANXA1/RH
GO_BP_m̄GO:19035;negative r̄ 2/104	38/17913	0.020488	0.064147	0.038231	ADM/ADC
GO_BP_m̄GO:00516;vesicle loc; 5/104	270/17913	0.020614	0.064472	0.038425	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00439;positive re 4/104	180/17913	0.020844	0.06512	0.038811	CCL5/CD2
GO_BP_m̄GO:00507;negative r̄ 5/104	271/17913	0.020907	0.065178	0.038846	APP/EDNR
GO_BP_m̄GO:00514;stress-acti; 5/104	271/17913	0.020907	0.065178	0.038846	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00486;axon exter 3/104	101/17913	0.02102	0.065388	0.038971	CXCL12/D'
GO_BP_m̄GO:20003;positive re 3/104	101/17913	0.02102	0.065388	0.038971	F2/GRB2/F
GO_BP_m̄GO:00316;regulation 5/104	272/17913	0.021204	0.065735	0.039178	DVL1/GNA
GO_BP_m̄GO:00513;negative r̄ 5/104	272/17913	0.021204	0.065735	0.039178	DVL1/GNA
GO_BP_m̄GO:19053;regulation 4/104	181/17913	0.021222	0.065735	0.039178	ARHGEF1
GO_BP_m̄GO:19054;regulation 4/104	181/17913	0.021222	0.065735	0.039178	GPER1/PIK
GO_BP_m̄GO:00381;neurotropl 2/104	39/17913	0.021515	0.066498	0.039633	GRB2/SRC

GO_BP_mfGO:00425f fear respo	2/104	39/17913	0.021515	0.066498	0.039633	NPY2R/PE
GO_BP_mfGO:00719f regulation	7/104	479/17913	0.021576	0.066616	0.039703	ADORA1/f
GO_BP_mfGO:00457f positive re	6/104	373/17913	0.021601	0.066623	0.039707	APP/CD28
GO_BP_mfGO:00485f response t	6/104	375/17913	0.022107	0.06808	0.040575	ADM/ANX
GO_BP_mfGO:00066f protein im	3/104	103/17913	0.022123	0.06808	0.040575	ECT2/PIK3
GO_BP_mfGO:19907f protein loc	5/104	276/17913	0.022416	0.06808	0.040575	GPER1/P2I
GO_BP_mfGO:00343f cell junctio	5/104	277/17913	0.022726	0.06808	0.040575	ECT2/MYC
GO_BP_mfGO:19029f positive re	4/104	185/17913	0.022779	0.06808	0.040575	APP/CCL2
GO_BP_mfGO:00009f assembly c	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ECT2
GO_BP_mfGO:00009f actomyosi	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ECT2
GO_BP_mfGO:00022f astrocyte e	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	APP
GO_BP_mfGO:00023f MHC class	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	HLA-DRA
GO_BP_mfGO:00024f myeloid de	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	CCL21
GO_BP_mfGO:00026f positive re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00066f glucosylce	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	PRKCD
GO_BP_mfGO:00140f microglia c	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	APP
GO_BP_mfGO:00140f regulation	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ADRA2A
GO_BP_mfGO:00148f vein smoo	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	EDNRB
GO_BP_mfGO:00161f axon midli	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	APP
GO_BP_mfGO:00320f positive re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	PRKCD
GO_BP_mfGO:00328f neurotropl	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ADORA1
GO_BP_mfGO:00329f regulation	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	MYBPC3
GO_BP_mfGO:00358f negative re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ADORA1
GO_BP_mfGO:00381f chemokin e	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	CCL21
GO_BP_mfGO:00381f chemokin e	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	CXCL12
GO_BP_mfGO:00426f catagen	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	GAL
GO_BP_mfGO:00456f negative re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ANXA1
GO_BP_mfGO:00482f epinephrir	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ADRA2A
GO_BP_mfGO:00514f positive re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	GAL
GO_BP_mfGO:00517f regulation	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	GAL
GO_BP_mfGO:00607f regulation	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	RAC2
GO_BP_mfGO:00707f D-asparta	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	NTSR1
GO_BP_mfGO:00707f D-asparta	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	NTSR1
GO_BP_mfGO:00970f dendritic c	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	CCL21
GO_BP_mfGO:00995f positive re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	CNR1
GO_BP_mfGO:00997f induction	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	CNR1
GO_BP_mfGO:19001f positive re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	TIAM1
GO_BP_mfGO:19007f positive re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	F2
GO_BP_mfGO:19059f positive re	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	APP
GO_BP_mfGO:19059f regulation	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	PTGDR2
GO_BP_mfGO:19904f adrenome	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ADM
GO_BP_mfGO:20001f regulation	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	ADM
GO_BP_mfGO:20002f regulation	1/104	4/17913	0.023024	0.06808	0.040575	PTGDR2
GO_BP_mfGO:00310f stress-acti	5/104	278/17913	0.023038	0.06808	0.040575	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00140f astrocyte c	2/104	41/17913	0.023631	0.06976	0.041577	APP/VIM
GO_BP_mfGO:00432f response t	3/104	106/17913	0.023836	0.070294	0.041895	CNR1/PEN
GO_BP_mfGO:00600f Wnt signal	3/104	107/17913	0.024423	0.071877	0.042838	ARHGEF19
GO_BP_mfGO:19046f glucose tra	3/104	107/17913	0.024423	0.071877	0.042838	PIK3R1/RH
GO_BP_mfGO:00019f negative re	2/104	42/17913	0.02472	0.072238	0.043053	PIK3R1/SR
GO_BP_mfGO:00108f positive re	2/104	42/17913	0.02472	0.072238	0.043053	GNA15/GI
GO_BP_mfGO:00140f glutamate	2/104	42/17913	0.02472	0.072238	0.043053	ADORA1/f
GO_BP_mfGO:00353f positive re	2/104	42/17913	0.02472	0.072238	0.043053	ADORA1/f
GO_BP_mfGO:00358f vascular sr	2/104	42/17913	0.02472	0.072238	0.043053	ADM/GPEI
GO_BP_mfGO:00990f presynaps	2/104	42/17913	0.02472	0.072238	0.043053	APP/DVL1
GO_BP_mfGO:19002f regulation	2/104	42/17913	0.02472	0.072238	0.043053	ADORA1/f
GO_BP_mfGO:00097f response t	4/104	190/17913	0.02482	0.072456	0.043183	ADRA2A/C
GO_BP_mfGO:00324f positive re	3/104	108/17913	0.025017	0.072959	0.043483	GAL/NTSR
GO_BP_mfGO:00901f regulation	3/104	109/17913	0.025619	0.074639	0.044485	ARHGEF19

GO_BP_m̄GO:00094(response t 2/104	43/17913	0.025829	0.074874	0.044624	ADM/CXC
GO_BP_m̄GO:00108(positive re 2/104	43/17913	0.025829	0.074874	0.044624	PIK3R1/RH
GO_BP_m̄GO:00350(response t 2/104	43/17913	0.025829	0.074874	0.044624	CNR1/PEN
GO_BP_m̄GO:00433(regulation 2/104	43/17913	0.025829	0.074874	0.044624	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:19027(regulation 2/104	43/17913	0.025829	0.074874	0.044624	RAC2/SRC
GO_BP_m̄GO:00075(female pre 4/104	193/17913	0.026096	0.075571	0.04504	ADM/CNR
GO_BP_m̄GO:00096(response t 7/104	499/17913	0.026229	0.075881	0.045225	CCL5/CNR
GO_BP_m̄GO:00160(carbohydr 4/104	194/17913	0.02653	0.076598	0.045652	FAM3C/GF
GO_BP_m̄GO:20003(regulation 4/104	194/17913	0.02653	0.076598	0.045652	F2/GRB2/F
GO_BP_m̄GO:00024(inflammat 2/104	44/17913	0.026958	0.077477	0.046176	CD28/CNF
GO_BP_m̄GO:00329(regulation 2/104	44/17913	0.026958	0.077477	0.046176	F2/VIM
GO_BP_m̄GO:19002(regulation 2/104	44/17913	0.026958	0.077477	0.046176	GNA15/GI
GO_BP_m̄GO:19032(regulation 2/104	44/17913	0.026958	0.077477	0.046176	RAC2/RHC
GO_BP_m̄GO:00097(response t 4/104	195/17913	0.026968	0.077477	0.046176	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00519(negative r 5/104	290/17913	0.02701	0.07752	0.046202	APP/EDNR
GO_BP_m̄GO:00086(hexose tra 3/104	112/17913	0.027472	0.078769	0.046946	PIK3R1/RH
GO_BP_m̄GO:00109(regulation 3/104	113/17913	0.028106	0.079143	0.047169	FAM3C/GC
GO_BP_m̄GO:00308(regulation 2/104	45/17913	0.028107	0.079143	0.047169	TMOD2/TI
GO_BP_m̄GO:00450(T cell selec 2/104	45/17913	0.028107	0.079143	0.047169	CD28/ZAP
GO_BP_m̄GO:00991(presynaps 2/104	45/17913	0.028107	0.079143	0.047169	APP/DVL1
GO_BP_m̄GO:00025(peptide ar 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	HLA-DRA
GO_BP_m̄GO:00140(microglia c 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	APP
GO_BP_m̄GO:00140(regulation 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	NTSR1
GO_BP_m̄GO:00161(axon choic 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	APP
GO_BP_m̄GO:00302(apoptotic 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GPER1
GO_BP_m̄GO:00315(activation 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	CCL5
GO_BP_m̄GO:00319(negative r 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	CNR1
GO_BP_m̄GO:00320(positive re 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	PRKCD
GO_BP_m̄GO:00330(negative r 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GNRH1
GO_BP_m̄GO:00356(receptor tr 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	ADRA2A
GO_BP_m̄GO:00361(Schwann c 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	TIAM1
GO_BP_m̄GO:00381(cannabino 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	CNR1
GO_BP_m̄GO:00423(negative r 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00434(cortisol se 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GAL
GO_BP_m̄GO:00434(response t 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	CRHR2
GO_BP_m̄GO:00448(actomyosi 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	ECT2
GO_BP_m̄GO:00453(positive re 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	APP
GO_BP_m̄GO:00482(epinephrir 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	ADRA2A
GO_BP_m̄GO:00486(collateral s 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	APP
GO_BP_m̄GO:00488(positive re 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GAL
GO_BP_m̄GO:00507(positive re 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	APP
GO_BP_m̄GO:00514(regulation 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GAL
GO_BP_m̄GO:00601(somatotro 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GHRHR
GO_BP_m̄GO:00617(leukotrien 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	LTB4R
GO_BP_m̄GO:00709(neutrophil 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	F2
GO_BP_m̄GO:00713(cellular res 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	CRHR2
GO_BP_m̄GO:00718(adenylate 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	ADRA2A
GO_BP_m̄GO:00973(neutrophil 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	ANXA1
GO_BP_m̄GO:00995(trans-syna 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	CNR1
GO_BP_m̄GO:00995(trans-syna 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	CNR1
GO_BP_m̄GO:01500(regulation 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	APP
GO_BP_m̄GO:19001(regulation 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	TIAM1
GO_BP_m̄GO:19007(regulation 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	F2
GO_BP_m̄GO:20004(regulation 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	PTGER4
GO_BP_m̄GO:20007(positive re 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GPER1
GO_BP_m̄GO:20008(positive re 1/104	5/17913	0.028697	0.079143	0.047169	GAL
GO_BP_m̄GO:00157(monosacc 3/104	114/17913	0.028747	0.079179	0.04719	PIK3R1/RH
GO_BP_m̄GO:00712(cellular res 4/104	199/17913	0.028765	0.079179	0.04719	PTGDR/PT

GO_BP_m̄GO:00342	response t 4/104	200/17913	0.029225	0.080278	0.047845	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00550	sodium ion 2/104	46/17913	0.029275	0.080278	0.047845	ADORA1/E
GO_BP_m̄GO:00607	labyrinthin 2/104	46/17913	0.029275	0.080278	0.047845	ADM/GRB
GO_BP_m̄GO:00702	T cell apopt 2/104	46/17913	0.029275	0.080278	0.047845	CCL5/PRK
GO_BP_m̄GO:00108	positive re 3/104	115/17913	0.029395	0.080531	0.047996	GPER1/RA
GO_BP_m̄GO:00322	positive re 3/104	116/17913	0.030052	0.082174	0.048975	CCL21/GR
GO_BP_m̄GO:00342	carbohydr 3/104	116/17913	0.030052	0.082174	0.048975	PIK3R1/RH
GO_BP_m̄GO:00149	positive re 2/104	47/17913	0.030463	0.082984	0.049458	CCL5/SRC
GO_BP_m̄GO:00433	regulation 2/104	47/17913	0.030463	0.082984	0.049458	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00447	multi-orga 2/104	47/17913	0.030463	0.082984	0.049458	CCR5/F2
GO_BP_m̄GO:19031	regulation 2/104	47/17913	0.030463	0.082984	0.049458	ADORA1/I
GO_BP_m̄GO:00457	positive re 4/104	203/17913	0.030632	0.083365	0.049685	ADM/ANX
GO_BP_m̄GO:00457	positive re 3/104	117/17913	0.030716	0.083516	0.049775	CCL5/CD2
GO_BP_m̄GO:00300	actin filam 2/104	48/17913	0.031669	0.085704	0.051079	TMOD2/TI
GO_BP_m̄GO:00422	response t 2/104	48/17913	0.031669	0.085704	0.051079	CNR1/TIAI
GO_BP_m̄GO:00459	positive re 2/104	48/17913	0.031669	0.085704	0.051079	GPER1/NP
GO_BP_m̄GO:00519	regulation 2/104	48/17913	0.031669	0.085704	0.051079	PRKCQ/SR
GO_BP_m̄GO:19033	positive re 2/104	48/17913	0.031669	0.085704	0.051079	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:19054	positive re 3/104	120/17913	0.032755	0.08844	0.05271	GPER1/PIK
GO_BP_m̄GO:00032	regulation 2/104	49/17913	0.032894	0.08844	0.05271	NTSR1/SR
GO_BP_m̄GO:00107	regulation 2/104	49/17913	0.032894	0.08844	0.05271	F2/VIM
GO_BP_m̄GO:00301	negative re 2/104	49/17913	0.032894	0.08844	0.05271	F2/PRKCD
GO_BP_m̄GO:00315	ruffle orga 2/104	49/17913	0.032894	0.08844	0.05271	CCL21/RH
GO_BP_m̄GO:00439	regulation 2/104	49/17913	0.032894	0.08844	0.05271	NPY2R/OF
GO_BP_m̄GO:19037	positive re 2/104	49/17913	0.032894	0.08844	0.05271	NTSR1/PR
GO_BP_m̄GO:00109	negative re 4/104	210/17913	0.034067	0.089415	0.053291	APP/ITIH3
GO_BP_m̄GO:00083	glial cell m 2/104	50/17913	0.034137	0.089415	0.053291	P2RY1/TIA
GO_BP_m̄GO:19000	negative re 2/104	50/17913	0.034137	0.089415	0.053291	F2/PRKCD
GO_BP_m̄GO:19055	macrophag 2/104	50/17913	0.034137	0.089415	0.053291	CCL5/EDN
GO_BP_m̄GO:00323	regulation 3/104	122/17913	0.034152	0.089415	0.053291	GAL/NTSR
GO_BP_m̄GO:00347	negative re 3/104	122/17913	0.034152	0.089415	0.053291	ADRA2A/I
GO_BP_m̄GO:00550	monovalen 3/104	122/17913	0.034152	0.089415	0.053291	ADORA1/C
GO_BP_m̄GO:19029	negative re 3/104	122/17913	0.034152	0.089415	0.053291	PRKCD/TM
GO_BP_m̄GO:00021	male germ 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	PTGDR2
GO_BP_m̄GO:00071	transmembr 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	TRIO
GO_BP_m̄GO:00105	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	CCL5
GO_BP_m̄GO:00106	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	SRC
GO_BP_m̄GO:00322	negative re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00322	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	ADORA1
GO_BP_m̄GO:00330	regulation 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	PIK3CB
GO_BP_m̄GO:00336	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	CCL5
GO_BP_m̄GO:00341	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	CCL5
GO_BP_m̄GO:00360	germ cell 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	PTGDR2
GO_BP_m̄GO:00429	D-amino a 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	NTSR1
GO_BP_m̄GO:00456	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	ANXA1
GO_BP_m̄GO:00460	adenosine 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	PTGDR
GO_BP_m̄GO:00510	negative re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	TIMP1
GO_BP_m̄GO:00519	negative re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	SRC
GO_BP_m̄GO:00600	convergen 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	DVL1
GO_BP_m̄GO:00606	regulation 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	PRKCD
GO_BP_m̄GO:00618	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	APP
GO_BP_m̄GO:00717	nuclear m 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	GPER1
GO_BP_m̄GO:00902	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	NTSR1
GO_BP_m̄GO:00976	amylin rec 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	ADM
GO_BP_m̄GO:01101	regulation 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	PRKCD
GO_BP_m̄GO:19011	negative re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	TIMP1
GO_BP_m̄GO:19052	regulation 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	TIAM1
GO_BP_m̄GO:20005	positive re 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	CCL5

GO_BP_mfGO:20007fregulation 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	GPER1
GO_BP_mfGO:20012fregulation 1/104	6/17913	0.034338	0.089415	0.053291	SRC
GO_BP_mfGO:00517finteraction 4/104	211/17913	0.034576	0.089953	0.053611	CCR5/CD8
GO_BP_mfGO:00015faction pot 3/104	123/17913	0.034863	0.090456	0.053911	CNR1/GPE
GO_BP_mfGO:00017festablishm 3/104	123/17913	0.034863	0.090456	0.053911	ARHGEF19
GO_BP_mfGO:00071festablishm 3/104	123/17913	0.034863	0.090456	0.053911	ARHGEF19
GO_BP_mfGO:00019fpositive re 2/104	51/17913	0.035398	0.091435	0.054495	CCL21/CC
GO_BP_mfGO:00326finterleukin 2/104	51/17913	0.035398	0.091435	0.054495	CD28/PRK
GO_BP_mfGO:00455fnegative r 2/104	51/17913	0.035398	0.091435	0.054495	GPER1/TRI
GO_BP_mfGO:00508fneuromus 2/104	51/17913	0.035398	0.091435	0.054495	APP/RAC3
GO_BP_mfGO:00702fregulation 2/104	51/17913	0.035398	0.091435	0.054495	CCL5/PRK
GO_BP_mfGO:00463fpositive re 3/104	124/17913	0.035581	0.091824	0.054727	APP/CCL2
GO_BP_mfGO:00511fimport intr 3/104	125/17913	0.036306	0.093613	0.055793	ECT2/PIK3
GO_BP_mfGO:00421fB cell activ 4/104	215/17913	0.036654	0.094234	0.056163	CD28/PIK3
GO_BP_mfGO:00028fregulation 2/104	52/17913	0.036677	0.094234	0.056163	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00713fcellular res 2/104	52/17913	0.036677	0.094234	0.056163	APP/PENK
GO_BP_mfGO:20002fnegative r 2/104	52/17913	0.036677	0.094234	0.056163	PTGDR2/T
GO_BP_mfGO:19013fregulation 6/104	425/17913	0.037463	0.096166	0.057314	ADM/ANX
GO_BP_mfGO:00454fresponse t 3/104	127/17913	0.03778	0.096896	0.057749	CNR1/GNF
GO_BP_mfGO:00069fcellular de 2/104	53/17913	0.037974	0.096964	0.05779	ADORA2B
GO_BP_mfGO:00192fregulation 2/104	53/17913	0.037974	0.096964	0.05779	ADM/ADR
GO_BP_mfGO:00322fregulation 2/104	53/17913	0.037974	0.096964	0.05779	PRKCQ/SR
GO_BP_mfGO:00329fcollagen b 2/104	53/17913	0.037974	0.096964	0.05779	F2/VIM
GO_BP_mfGO:00508fnegative r 2/104	53/17913	0.037974	0.096964	0.05779	F2/PRKCD
GO_BP_mfGO:00140fregulation 3/104	128/17913	0.038529	0.097936	0.058369	APP/F2/TI
GO_BP_mfGO:00452fcell-cell ju 3/104	128/17913	0.038529	0.097936	0.058369	ECT2/TLN
GO_BP_mfGO:00514fnegative r 3/104	128/17913	0.038529	0.097936	0.058369	PRKCD/TM
GO_BP_mfGO:00080fcell recogn 3/104	129/17913	0.039284	0.097936	0.058369	APP/CCL2
GO_BP_mfGO:00305fintracellul 3/104	129/17913	0.039284	0.097936	0.058369	GHRHR/GI
GO_BP_mfGO:00015fovarian fol 2/104	54/17913	0.039289	0.097936	0.058369	GNRH1/SF
GO_BP_mfGO:00611fregulation 2/104	54/17913	0.039289	0.097936	0.058369	ADRA2A/T
GO_BP_mfGO:00025facute infla 4/104	220/17913	0.039351	0.097936	0.058369	ADORA1/C
GO_BP_mfGO:00017fneutrophil 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	PIK3CB
GO_BP_mfGO:00018fneural plat 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	DVL1
GO_BP_mfGO:00022fconnective 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	TIMP1
GO_BP_mfGO:00023fMHC prot 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	HLA-DRA
GO_BP_mfGO:00026fpositive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CCL21
GO_BP_mfGO:00066fsphingomy 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	PRKCD
GO_BP_mfGO:00067fprogester 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	ADM
GO_BP_mfGO:00158fnucleoside 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	ADORA1
GO_BP_mfGO:00190ffusion of v 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CCR5
GO_BP_mfGO:00218fcerebral c 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	RAC3
GO_BP_mfGO:00316fpositive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CNR1
GO_BP_mfGO:00330fpositive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	PIK3CB
GO_BP_mfGO:00396fmembran 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CCR5
GO_BP_mfGO:00400fembryonic 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	PIK3CB
GO_BP_mfGO:00448fmulti-org 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CCR5
GO_BP_mfGO:00456fpositive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CD86
GO_BP_mfGO:00459fnegative r 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	ADM
GO_BP_mfGO:00464fglycosylce 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	PRKCD
GO_BP_mfGO:00488fpositive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CXCL12
GO_BP_mfGO:00511fsynaptic g 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	APP
GO_BP_mfGO:00600fBergmann 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	VIM
GO_BP_mfGO:00701fnegative r 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CCL5
GO_BP_mfGO:00709fneutrophil 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	F2
GO_BP_mfGO:00713fcellular res 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	GPER1
GO_BP_mfGO:00906fmodulatio 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	APP
GO_BP_mfGO:00971fpositive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	NTSR1

GO_BP_m̄GO:00976: calcitonin 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	ADM
GO_BP_m̄GO:00988: modulator 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	NTSR1
GO_BP_m̄GO:00989: retrograde 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CNR1
GO_BP_m̄GO:19015: regulation 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CXCL10
GO_BP_m̄GO:19024: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	DVL1
GO_BP_m̄GO:19033: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	PENK
GO_BP_m̄GO:19039: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	SRC
GO_BP_m̄GO:19040: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	OPRL1
GO_BP_m̄GO:19041: negative re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	SRC
GO_BP_m̄GO:20003: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	SRC
GO_BP_m̄GO:20005: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	CCL21
GO_BP_m̄GO:20008: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	GAL
GO_BP_m̄GO:20009: positive re 1/104	7/17913	0.039946	0.097936	0.058369	PENK
GO_BP_m̄GO:00466: response t 3/104	130/17913	0.040048	0.098102	0.058468	APP/P2RY:
GO_BP_m̄GO:00096: response t 5/104	323/17913	0.040096	0.098137	0.058489	CCL5/CXC
GO_BP_m̄GO:00510: positive re 4/104	222/17913	0.040461	0.098834	0.058904	CD28/PRK
GO_BP_m̄GO:00458: negative re 5/104	324/17913	0.040544	0.098834	0.058904	APP/F2/ITI
GO_BP_m̄GO:00316: lipopolysa 2/104	55/17913	0.04062	0.098834	0.058904	CCL5/HCK
GO_BP_m̄GO:00327: positive re 2/104	55/17913	0.04062	0.098834	0.058904	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00353: positive re 2/104	55/17913	0.04062	0.098834	0.058904	ADORA1/F
GO_BP_m̄GO:00609: dendritic s 2/104	55/17913	0.04062	0.098834	0.058904	DVL1/TIAM
GO_BP_m̄GO:00989: regulation 2/104	55/17913	0.04062	0.098834	0.058904	CNR1/NTS
GO_BP_m̄GO:00104: negative re 4/104	223/17913	0.041022	0.099729	0.059438	APP/ITIH3,
GO_BP_m̄GO:00097: response t 4/104	224/17913	0.041588	0.100788	0.060069	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00075: digestion 3/104	132/17913	0.041597	0.100788	0.060069	ADRA2A/C
GO_BP_m̄GO:00485: digestive t 3/104	132/17913	0.041597	0.100788	0.060069	CCKBR/ED
GO_BP_m̄GO:00512: negative re 3/104	132/17913	0.041597	0.100788	0.060069	ANXA1/G/
GO_BP_m̄GO:19018: negative re 2/104	56/17913	0.041968	0.101602	0.060554	TMOD2/TI
GO_BP_m̄GO:00328: regulation 2/104	57/17913	0.043333	0.104644	0.062367	ADORA1/I
GO_BP_m̄GO:00454: bone resol 2/104	57/17913	0.043333	0.104644	0.062367	RAC2/SRC
GO_BP_m̄GO:19037: positive re 2/104	57/17913	0.043333	0.104644	0.062367	RAC2/RHC
GO_BP_m̄GO:00026: regulation 6/104	441/17913	0.043535	0.105044	0.062606	ADORA2B,
GO_BP_m̄GO:00028: regulation 3/104	135/17913	0.043978	0.106023	0.063189	ANXA1/CI
GO_BP_m̄GO:00458: positive re 5/104	333/17913	0.044708	0.106392	0.063409	ADRA2A/F
GO_BP_m̄GO:00713: cellular res 2/104	58/17913	0.044715	0.106392	0.063409	ANXA1/GF
GO_BP_m̄GO:00510: actin filam 3/104	136/17913	0.044786	0.106392	0.063409	PIK3R1/PT
GO_BP_m̄GO:00506: cytokine s 4/104	230/17913	0.045078	0.106392	0.063409	ANXA1/LC
GO_BP_m̄GO:00022: wound he: 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	TIMP1
GO_BP_m̄GO:00028: positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	CNR1
GO_BP_m̄GO:00071: signal corr 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	SRC
GO_BP_m̄GO:00072: neuron-ne 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	TMOD2
GO_BP_m̄GO:00105: regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	CCL5
GO_BP_m̄GO:00107: positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00140: gamma-ar 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	NTSR1
GO_BP_m̄GO:00312: positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	ADORA2B
GO_BP_m̄GO:00320: regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	PRKCD
GO_BP_m̄GO:00320: positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	PRKCD
GO_BP_m̄GO:00330: regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	GNRH1
GO_BP_m̄GO:00336: positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	SRC
GO_BP_m̄GO:00343: negative re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	PRKCD
GO_BP_m̄GO:00381: interleukin 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	JAK1
GO_BP_m̄GO:00420: epithelial f 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	EDNRB
GO_BP_m̄GO:00508: progester 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	SRC
GO_BP_m̄GO:00517: cytolysis in 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	F2
GO_BP_m̄GO:00600: convergen 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	DVL1
GO_BP_m̄GO:00704: positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	GPER1
GO_BP_m̄GO:00709: neutrophil 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	F2
GO_BP_m̄GO:00714: cellular res 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	PRKCD

GO_BP_m̄GO:00902:regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	NTSR1
GO_BP_m̄GO:00987:response t 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	JAK1
GO_BP_m̄GO:00987:cellular res 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	JAK1
GO_BP_m̄GO:00991:regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	TIAM1
GO_BP_m̄GO:01500:positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	DVL1
GO_BP_m̄GO:19026:positive re 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	CXCL12
GO_BP_m̄GO:19059:regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	APP
GO_BP_m̄GO:20002:negative r̄ 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	NPY2R
GO_BP_m̄GO:20004:negative r̄ 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	ANXA1
GO_BP_m̄GO:20005:regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	CCL21
GO_BP_m̄GO:20005:regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	SRC
GO_BP_m̄GO:20008:regulation 1/104	8/17913	0.045522	0.106392	0.063409	GAL
GO_BP_m̄GO:00305:adult beha 3/104	137/17913	0.045602	0.106392	0.063409	APP/CXCL
GO_BP_m̄GO:00507:negative r̄ 3/104	137/17913	0.045602	0.106392	0.063409	ADRA2A/
GO_BP_m̄GO:00615:actin filam 3/104	137/17913	0.045602	0.106392	0.063409	PIK3R1/PT
GO_BP_m̄GO:19039:positive re 2/104	59/17913	0.046112	0.107496	0.064067	CCL5/CD2
GO_BP_m̄GO:00107:positive re 3/104	138/17913	0.046425	0.108051	0.064398	CXCL12/R
GO_BP_m̄GO:00308:mammary 3/104	138/17913	0.046425	0.108051	0.064398	ARHGAP5
GO_BP_m̄GO:00513:response t 3/104	139/17913	0.047255	0.109895	0.065497	ADM/ANX
GO_BP_m̄GO:00305:neutrophil 2/104	60/17913	0.047526	0.110347	0.065766	CCL21/RA
GO_BP_m̄GO:00463:regulation 2/104	60/17913	0.047526	0.110347	0.065766	PIK3R1/RH
GO_BP_m̄GO:00060:alcohol m̄ 5/104	339/17913	0.047622	0.110483	0.065847	APP/GPER
GO_BP_m̄GO:00170:protein im 3/104	140/17913	0.048093	0.111485	0.066444	ECT2/PIK3
GO_BP_m̄GO:00301:regulation 5/104	341/17913	0.048619	0.112613	0.067117	APP/DVL1
GO_BP_m̄GO:00300:lamellipod 2/104	61/17913	0.048955	0.113031	0.067366	RAC2/VCL
GO_BP_m̄GO:00357:insulin sec 2/104	61/17913	0.048955	0.113031	0.067366	ADRA2A/T
GO_BP_m̄GO:00468:negative r̄ 2/104	61/17913	0.048955	0.113031	0.067366	ADORA1/
GO_BP_m̄GO:19043:regulation 2/104	61/17913	0.048955	0.113031	0.067366	PRKCQ/SR
GO_BP_m̄GO:00027:negative r̄ 3/104	142/17913	0.049791	0.114346	0.06815	ADRA2A/
GO_BP_m̄GO:00076:learning 3/104	142/17913	0.049791	0.114346	0.06815	APP/NTSR
GO_BP_m̄GO:00063:transcripti 4/55	79/17913	0.000101	0.000992	0.00066	ERCC3/GT
GO_BP_m̄GO:00322:regulation 4/55	79/17913	0.000101	0.000992	0.00066	ERCC1/NE
GO_BP_m̄GO:00063:terminatio 3/55	31/17913	0.000116	0.001134	0.000754	ERCC3/GT
GO_BP_m̄GO:00182:peptidyl-s 6/55	252/17913	0.000119	0.001158	0.00077	AKAP9/ER
GO_BP_m̄GO:00064:RNA catab 7/55	368/17913	0.000127	0.001227	0.000816	PSMB2/PS
GO_BP_m̄GO:00702:protein po 2/55	6/17913	0.000138	0.001326	0.000882	PARP1/PA
GO_BP_m̄GO:00063:7-methylg 3/55	33/17913	0.00014	0.00134	0.000891	ERCC3/GT
GO_BP_m̄GO:00094:7-methylg 3/55	34/17913	0.000153	0.00145	0.000964	ERCC3/GT
GO_BP_m̄GO:00362:RNA cappi 3/55	34/17913	0.000153	0.00145	0.000964	ERCC3/GT
GO_BP_m̄GO:00063:transcripti 3/55	35/17913	0.000167	0.001574	0.001046	ERCC3/GT
GO_BP_m̄GO:00086:intrinsic a 4/55	92/17913	0.000182	0.001694	0.001126	ERCC6/RA
GO_BP_m̄GO:00081:negative r̄ 3/55	36/17913	0.000182	0.001694	0.001126	LIG3/RAD1
GO_BP_m̄GO:00723:plus-end- 2/55	7/17913	0.000192	0.001782	0.001185	KIF3A/KIF5
GO_BP_m̄GO:00311:microtubu 4/55	94/17913	0.000198	0.001819	0.00121	AKAP9/CD
GO_BP_m̄GO:00070:mitotic spi 4/55	95/17913	0.000206	0.001885	0.001253	CEP192/D
GO_BP_m̄GO:00466:regulation 2/55	8/17913	0.000256	0.00232	0.001543	KIF11/NEK
GO_BP_m̄GO:00723:plus-end- 2/55	8/17913	0.000256	0.00232	0.001543	KIF3A/KIF5
GO_BP_m̄GO:00105:regulation 3/55	41/17913	0.000269	0.002422	0.00161	PARP1/RP
GO_BP_m̄GO:00481:Golgi vesic 6/55	304/17913	0.000328	0.002937	0.001953	ACTR1A/D
GO_BP_m̄GO:00007:double-str 4/55	108/17913	0.000336	0.002999	0.001994	LIG3/PARF
GO_BP_m̄GO:00007:recombina 4/55	109/17913	0.000348	0.00309	0.002055	LIG3/PARF
GO_BP_m̄GO:00712:cellular res 6/55	310/17913	0.000364	0.003192	0.002123	DDB2/PAR
GO_BP_m̄GO:01040:cellular res 6/55	310/17913	0.000364	0.003192	0.002123	DDB2/PAR
GO_BP_m̄GO:00330:regulation 6/55	311/17913	0.00037	0.003231	0.002148	CDK5RAP2
GO_BP_m̄GO:00062:regulation 4/55	112/17913	0.000386	0.00335	0.002227	ERCC6/PA
GO_BP_m̄GO:00069:response t 7/55	442/17913	0.000388	0.00335	0.002227	ERCC1/ER
GO_BP_m̄GO:00714:cellular res 4/55	113/17913	0.0004	0.003436	0.002285	DDB2/PAR
GO_BP_m̄GO:00709:UV-dama 2/55	10/17913	0.00041	0.003508	0.002332	DDB2/XPC

GO_BP_mfGO:00000 DNA replic 2/55	11/17913	0.0005	0.004236	0.002817	RAD17/RA
GO_BP_mfGO:00071 mitotic cer 2/55	11/17913	0.0005	0.004236	0.002817	KIF11/NEK
GO_BP_mfGO:00903 mitotic spi 3/55	52/17913	0.000544	0.004586	0.003049	CEP192/KI
GO_BP_mfGO:00514 regulation 7/55	472/17913	0.000574	0.004803	0.003193	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:00162 telomere c 3/55	53/17913	0.000576	0.004803	0.003193	ERCC1/NE
GO_BP_mfGO:00104 centriole-c 2/55	12/17913	0.000599	0.00495	0.003291	KIF3A/NEK
GO_BP_mfGO:00512 centrosom 2/55	12/17913	0.000599	0.00495	0.003291	KIF11/NEK
GO_BP_mfGO:00070 microtubu 5/55	224/17913	0.000612	0.00503	0.003344	KIF11/KIF3
GO_BP_mfGO:00103 response t 3/55	55/17913	0.000642	0.005252	0.003492	ERCC6/PA
GO_BP_mfGO:00002 nuclear di 6/55	357/17913	0.000765	0.006229	0.004141	CCNA1/CI
GO_BP_mfGO:00160 Wnt signal 7/55	498/17913	0.000787	0.006334	0.004211	PSMB2/PS
GO_BP_mfGO:00512 centrosom 3/55	59/17913	0.000788	0.006334	0.004211	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:01400 mitotic nu 5/55	237/17913	0.000789	0.006334	0.004211	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:01987 cell-cell sig 7/55	500/17913	0.000806	0.006439	0.004281	PSMB2/PS
GO_BP_mfGO:00466 negative r 2/55	14/17913	0.000823	0.006542	0.00435	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00063 DNA recor 5/55	244/17913	0.000899	0.007116	0.004731	ERCC1/LIC
GO_BP_mfGO:00429 cytoplasm 2/55	15/17913	0.000947	0.007464	0.004963	NFKBIA/NI
GO_BP_mfGO:00109 transport e 4/55	143/17913	0.000968	0.00756	0.005027	KIF3A/KIF3
GO_BP_mfGO:00991 microtubu 4/55	143/17913	0.000968	0.00756	0.005027	KIF3A/KIF3
GO_BP_mfGO:00102 response t 2/55	16/17913	0.001081	0.008396	0.005583	ERCC5/TP!
GO_BP_mfGO:00467 microtubu 3/55	66/17913	0.001093	0.008455	0.005621	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:00352 multicellul 4/55	149/17913	0.001128	0.008686	0.005775	ERCC1/ER
GO_BP_mfGO:00102 response t 2/55	17/17913	0.001222	0.009368	0.006229	ERCC6/XP!
GO_BP_mfGO:00063 DNA-tem 3/55	69/17913	0.001243	0.009403	0.006252	ERCC3/GT
GO_BP_mfGO:00311 regulation 3/55	69/17913	0.001243	0.009403	0.006252	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:00714 cellular res 3/55	69/17913	0.001243	0.009403	0.006252	RAD9A/TP
GO_BP_mfGO:00307 cytoskeleton 4/55	154/17913	0.001274	0.009595	0.00638	KIF3A/KIF3
GO_BP_mfGO:00482 organelle 16/55	395/17913	0.001289	0.009661	0.006424	CCNA1/CI
GO_BP_mfGO:00422 error-pror 2/55	18/17913	0.001372	0.010241	0.006809	RFC1/RPA!
GO_BP_mfGO:20007 regulation 3/55	72/17913	0.001406	0.010448	0.006947	PARP1/RP!
GO_BP_mfGO:00723 organelle 13/55	73/17913	0.001463	0.010824	0.007197	KIF3A/KIF3
GO_BP_mfGO:00070 chromosom 5/55	275/17913	0.001529	0.011177	0.007431	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00465 regulation 2/55	19/17913	0.001531	0.011177	0.007431	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00709 error-free 2/55	19/17913	0.001531	0.011177	0.007431	RFC1/RPA!
GO_BP_mfGO:00971 intrinsic a 5/55	277/17913	0.001578	0.011474	0.007629	ERCC6/PA
GO_BP_mfGO:00070 microtubu 2/55	20/17913	0.001697	0.012288	0.00817	AKAP9/CE
GO_BP_mfGO:00611 regulation 4/55	167/17913	0.001717	0.012374	0.008228	PRKACA/P
GO_BP_mfGO:00108 telomere r 3/55	79/17913	0.001836	0.013182	0.008765	NEK2/PAR
GO_BP_mfGO:00468 positive re 2/55	21/17913	0.001872	0.013383	0.008898	PRKACA/T
GO_BP_mfGO:00512 cytoplasm 2/55	22/17913	0.002056	0.014631	0.009728	NFKBIA/NI
GO_BP_mfGO:00063 transcriptio 4/55	178/17913	0.002166	0.015353	0.010208	ERCC3/GT
GO_BP_mfGO:00000 regulation 3/55	84/17913	0.002189	0.015451	0.010273	PARP1/RP!
GO_BP_mfGO:19017 regulation 4/55	179/17913	0.002211	0.015538	0.010331	RAD17/RA
GO_BP_mfGO:00447 mitotic DN 3/55	86/17913	0.002341	0.016387	0.010895	RPA2/TP5!
GO_BP_mfGO:00516 centrosom 2/55	24/17913	0.002446	0.017054	0.011339	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00618 microtubu 2/55	25/17913	0.002654	0.018421	0.012248	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00447 mitotic DN 3/55	90/17913	0.002664	0.018421	0.012248	RPA2/TP5!
GO_BP_mfGO:20010 positive re 3/55	92/17913	0.002836	0.019527	0.012983	ERCC6/PA
GO_BP_mfGO:00109 response t 2/55	26/17913	0.002869	0.0196	0.013032	XPA/XPC
GO_BP_mfGO:19035 negative r 2/55	26/17913	0.002869	0.0196	0.013032	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00519 regulation 3/55	93/17913	0.002924	0.019891	0.013225	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00184 peptidyl-g 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	PARP1
GO_BP_mfGO:00514 microtubu 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	CEP192
GO_BP_mfGO:00902 centrosom 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	CEP192
GO_BP_mfGO:19019 regulation 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	TCEA1
GO_BP_mfGO:19019 positive re 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	TCEA1
GO_BP_mfGO:19031 negative r 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	NEK2
GO_BP_mfGO:19031 regulation 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	UBE2I

GO_BP_mfGO:19037! positive re 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	UBE2I
GO_BP_mfGO:19051! positive re 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	KIF5B
GO_BP_mfGO:19057! positive re 1/55	1/17913	0.00307	0.020082	0.013352	TCEA1
GO_BP_mfGO:19030! regulation 4/55	198/17913	0.003181	0.020724	0.013779	PRKACA/P
GO_BP_mfGO:00311! positive re 2/55	28/17913	0.003324	0.021494	0.014291	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:19005! negative re 2/55	28/17913	0.003324	0.021494	0.014291	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00323! positive re 4/55	203/17913	0.003478	0.0224	0.014893	DYNC1H1,
GO_BP_mfGO:00459! negative re 2/55	29/17913	0.003564	0.022866	0.015203	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00514! positive re 4/55	205/17913	0.003602	0.023023	0.015307	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:00062! regulation 3/55	102/17913	0.003794	0.024163	0.016066	LIG3/RAD1
GO_BP_mfGO:00064! protein AC 2/55	30/17913	0.003811	0.024176	0.016074	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:00070! centriole re 2/55	31/17913	0.004065	0.025601	0.017022	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:19019! regulation 2/55	31/17913	0.004065	0.025601	0.017022	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00311! positive re 2/55	32/17913	0.004328	0.027153	0.018054	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:00421! regulation 5/55	354/17913	0.004539	0.028371	0.018864	PRKACA/P
GO_BP_mfGO:00988! nuclear ch 4/55	220/17913	0.004628	0.02882	0.019162	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00345! protein loc 4/55	223/17913	0.004854	0.03012	0.020027	NFKBIA/P/
GO_BP_mfGO:00102! multicellul. 2/55	34/17913	0.004876	0.030145	0.020043	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00985! centriole a 2/55	35/17913	0.005161	0.031781	0.021131	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00063! DNA modi 3/55	114/17913	0.005178	0.031781	0.021131	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:00510! regulation 5/55	368/17913	0.005341	0.032661	0.021716	NEK2/NFK
GO_BP_mfGO:19033! regulation 4/55	230/17913	0.005411	0.032764	0.021784	PRKACA/P
GO_BP_mfGO:00322! negative re 2/55	36/17913	0.005454	0.032764	0.021784	ERCC1/PA
GO_BP_mfGO:00459! positive re 2/55	36/17913	0.005454	0.032764	0.021784	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00468! regulation 2/55	36/17913	0.005454	0.032764	0.021784	PRKACA/T
GO_BP_mfGO:00512! establishm 2/55	36/17913	0.005454	0.032764	0.021784	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00063! DNA-templ 4/55	231/17913	0.005494	0.032773	0.02179	ERCC3/GT
GO_BP_mfGO:00181! peptidyl-s 4/55	231/17913	0.005494	0.032773	0.02179	AKAP9/ER!
GO_BP_mfGO:00511! regulation 3/55	120/17913	0.00597	0.034972	0.023253	NEK2/NFK
GO_BP_mfGO:00474! vesicle trar 2/55	38/17913	0.006062	0.034972	0.023253	KIF3A/KIF5
GO_BP_mfGO:00071! epidermal 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	RAB7A
GO_BP_mfGO:00219! cerebellar 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	TTBK2
GO_BP_mfGO:00429! D-serine tr 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	NFKBIE
GO_BP_mfGO:00723! regulation 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	TP53
GO_BP_mfGO:00906! DNA clam 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	RFC1
GO_BP_mfGO:19035! positive re 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	PARP1
GO_BP_mfGO:19045! negative re 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	TTBK2
GO_BP_mfGO:19047! positive re 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	PARP1
GO_BP_mfGO:19049! negative re 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	RAB7A
GO_BP_mfGO:19053! regulation 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	RAB7A
GO_BP_mfGO:19053! negative re 1/55	2/17913	0.006132	0.034972	0.023253	RAB7A
GO_BP_mfGO:20012! negative re 3/55	125/17913	0.006682	0.037833	0.025154	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00108! regulation 2/55	40/17913	0.0067	0.037833	0.025154	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00357! intraciliary 2/55	40/17913	0.0067	0.037833	0.025154	KIF3A/KIF5
GO_BP_mfGO:00516! spindle loc 2/55	41/17913	0.00703	0.039563	0.026305	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00514! negative re 3/55	128/17913	0.007133	0.04001	0.026602	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00902! regulation 4/55	251/17913	0.007337	0.041021	0.027274	AKAP9/PA
GO_BP_mfGO:00080! anterograc 2/55	43/17913	0.007711	0.042688	0.028383	KIF4A/KIF5
GO_BP_mfGO:00106! positive re 2/55	43/17913	0.007711	0.042688	0.028383	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:00995! vesicle cytr 2/55	43/17913	0.007711	0.042688	0.028383	KIF3A/KIF5
GO_BP_mfGO:00000! mitotic sist 3/55	132/17913	0.007761	0.042826	0.028474	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00147! positive re 2/55	44/17913	0.008062	0.0442	0.029388	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:00432! positive re 2/55	44/17913	0.008062	0.0442	0.029388	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00723! signal tran 4/55	264/17913	0.008731	0.046577	0.030968	RAD17/RA
GO_BP_mfGO:00619! selective a 2/55	46/17913	0.008787	0.046577	0.030968	RAB7A/TP!
GO_BP_mfGO:00022! somatic re 2/55	47/17913	0.009159	0.046577	0.030968	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00022! somatic dir 2/55	47/17913	0.009159	0.046577	0.030968	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00311! regulation 2/55	47/17913	0.009159	0.046577	0.030968	AKAP9/CD

GO_BP_mfGO:00451f isotype sw 2/55	47/17913	0.009159	0.046577	0.030968	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00726f protein loc 2/55	47/17913	0.009159	0.046577	0.030968	CEP192/TT
GO_BP_mfGO:00007f pyrimidine 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	ERCC1
GO_BP_mfGO:00062f base-excis 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	LIG3
GO_BP_mfGO:00219f hindbrain 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	TTBK2
GO_BP_mfGO:00309f regulation 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	NEK2
GO_BP_mfGO:00351f post-emb 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	ERCC1
GO_BP_mfGO:00618f telomeric l 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	ERCC1
GO_BP_mfGO:00706f proteasom 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	PSMD9
GO_BP_mfGO:00723f regulation 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	TP53
GO_BP_mfGO:00727f cellular res 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	TP53
GO_BP_mfGO:00902f negative r 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	LIG3
GO_BP_mfGO:00986f regulation 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	TP53
GO_BP_mfGO:19026f negative r 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	TP53
GO_BP_mfGO:19035f regulation 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	PARP1
GO_BP_mfGO:19035f negative r 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	RAB7A
GO_BP_mfGO:19040f negative r 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	TP53
GO_BP_mfGO:19057f regulation 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	ERCC1
GO_BP_mfGO:19057f negative r 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	ERCC1
GO_BP_mfGO:19057f regulation 1/55	3/17913	0.009183	0.046577	0.030968	TCEA1
GO_BP_mfGO:00420f intraciliary 2/55	48/17913	0.009539	0.047948	0.03188	KIF3A/KIF3
GO_BP_mfGO:00433f negative r 2/55	48/17913	0.009539	0.047948	0.03188	NEK2/NFK
GO_BP_mfGO:00519f regulation 2/55	48/17913	0.009539	0.047948	0.03188	NEK2/TP5
GO_BP_mfGO:00164f somatic re 2/55	49/17913	0.009925	0.049743	0.033074	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00362f interstranc 2/55	50/17913	0.010319	0.05141	0.034182	ERCC1/RP,
GO_BP_mfGO:00443f protein loc 2/55	50/17913	0.010319	0.05141	0.034182	CEP192/TT
GO_BP_mfGO:00322f positive re 2/55	51/17913	0.010719	0.053092	0.0353	ERCC1/NE
GO_BP_mfGO:00989f axonal trar 2/55	51/17913	0.010719	0.053092	0.0353	KIF4A/KIF5
GO_BP_mfGO:00070f regulation 3/55	150/17913	0.010987	0.054106	0.035975	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00903f positive re 3/55	150/17913	0.010987	0.054106	0.035975	KIF5B/PRK
GO_BP_mfGO:00900f positive re 4/55	283/17913	0.011065	0.05433	0.036123	DYNC1H1,
GO_BP_mfGO:19017f negative r 2/55	52/17913	0.011126	0.054471	0.036217	PSMF1/US
GO_BP_mfGO:00512f maintenanc 4/55	286/17913	0.011467	0.055979	0.03722	AKAP9/NF
GO_BP_mfGO:00516f establishm 5/55	448/17913	0.011936	0.05628	0.03742	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00108f negative r 2/55	54/17913	0.01196	0.05628	0.03742	LIG3/TP53
GO_BP_mfGO:00226f protein to 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	RAB7A
GO_BP_mfGO:00356f histone H2 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	USP7
GO_BP_mfGO:00704f nucleotide 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	NFKBIA
GO_BP_mfGO:00706f intralumer 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	RAB7A
GO_BP_mfGO:00727f response t 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	TP53
GO_BP_mfGO:00902f regulation 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	LIG3
GO_BP_mfGO:00904f oxidative s 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	TP53
GO_BP_mfGO:00972f oligodend 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	TP53
GO_BP_mfGO:00977f de novo c 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	PLK4
GO_BP_mfGO:00985f de novo c 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	PLK4
GO_BP_mfGO:19010f negative r 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	TP53
GO_BP_mfGO:19015f positive re 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	USP7
GO_BP_mfGO:19018f negative r 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	LIG3
GO_BP_mfGO:19044f positive re 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	ERCC1
GO_BP_mfGO:19045f regulation 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	ERCC1
GO_BP_mfGO:19045f negative r 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	ERCC1
GO_BP_mfGO:19049f regulation 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	RAB7A
GO_BP_mfGO:19051f regulation 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	KIF5B
GO_BP_mfGO:19909f ATP gener 1/55	4/17913	0.012226	0.05628	0.03742	PARP1
GO_BP_mfGO:00023f immunogl 2/55	55/17913	0.012387	0.056712	0.037707	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00164f somatic di 2/55	55/17913	0.012387	0.056712	0.037707	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00008f sister chro 3/55	157/17913	0.012422	0.056719	0.037712	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00022f lymphocyt 3/55	158/17913	0.012635	0.057538	0.038256	ERCC1/TP!

GO_BP_mfGO:00511(negative r	3/55	162/17913	0.01351	0.061355	0.040794	NEK2/NFK
GO_BP_mfGO:20012(regulation	3/55	163/17913	0.013733	0.062204	0.041359	PARP1/RA
GO_BP_mfGO:00025(somatic di	2/55	60/17913	0.014621	0.064787	0.043076	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00164(somatic ce	2/55	60/17913	0.014621	0.064787	0.043076	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00468(positive re	2/55	60/17913	0.014621	0.064787	0.043076	PRKACA/T
GO_BP_mfGO:00080(axo-dendr	2/55	61/17913	0.015087	0.064787	0.043076	KIF4A/KIF5
GO_BP_mfGO:19043(regulation	2/55	61/17913	0.015087	0.064787	0.043076	NEK2/PAR
GO_BP_mfGO:20012(positive re	3/55	169/17913	0.015121	0.064787	0.043076	ERCC1/NE
GO_BP_mfGO:00023(T cell proli	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:00097(response t	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	ERCC1
GO_BP_mfGO:00102(maintenan	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	USP7
GO_BP_mfGO:00196(glucose ca	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:00196(glycolytic f	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:00196(glucose ca	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:00196(nitrogeno	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:00331(positive re	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	ERCC6
GO_BP_mfGO:00342(response t	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	ERCC1
GO_BP_mfGO:00356(stress grar	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	KIF5B
GO_BP_mfGO:00510(negative r	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:00702(positive re	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:19028(regulation	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TTBK2
GO_BP_mfGO:19028(negative r	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TTBK2
GO_BP_mfGO:19040(regulation	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	TP53
GO_BP_mfGO:19040(response t	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	PARP1
GO_BP_mfGO:19047(regulation	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	PARP1
GO_BP_mfGO:19058(positive re	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	DYNC1H1
GO_BP_mfGO:19900(retrograde	1/55	5/17913	0.01526	0.064787	0.043076	KIF5B
GO_BP_mfGO:00457(positive re	2/55	62/17913	0.01556	0.06573	0.043703	ERCC6/PA
GO_BP_mfGO:20012(positive re	2/55	62/17913	0.01556	0.06573	0.043703	RAD9A/TP
GO_BP_mfGO:00434(negative r	3/55	171/17913	0.015601	0.06574	0.04371	NFKBIA/NI
GO_BP_mfGO:00517(regulation	3/55	172/17913	0.015844	0.066599	0.04428	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00315(mitotic G1	2/55	63/17913	0.016038	0.067084	0.044603	RPA2/TP5:
GO_BP_mfGO:00448(mitotic G1	2/55	63/17913	0.016038	0.067084	0.044603	RPA2/TP5:
GO_BP_mfGO:19038(positive re	4/55	318/17913	0.016348	0.068211	0.045352	KIF5B/PAR
GO_BP_mfGO:00447(G1 DNA d	2/55	64/17913	0.016523	0.068773	0.045726	RPA2/TP5:
GO_BP_mfGO:00069(vesicle fusi	2/55	66/17913	0.017512	0.072367	0.048116	KIF5B/RAB
GO_BP_mfGO:00022(somatic di	2/55	67/17913	0.018016	0.072367	0.048116	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00070(telomere r	2/55	67/17913	0.018016	0.072367	0.048116	NEK2/RFC.
GO_BP_mfGO:19030(negative r	2/55	67/17913	0.018016	0.072367	0.048116	PSMF1/US
GO_BP_mfGO:00013(replicative	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	ERCC1
GO_BP_mfGO:00023(B cell linea	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	TP53
GO_BP_mfGO:00061(fermentati	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	TP53
GO_BP_mfGO:00109(regulation	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	PARP1
GO_BP_mfGO:00315(intra-S DN	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	XPC
GO_BP_mfGO:00323(serine tran	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	NFKBIE
GO_BP_mfGO:00364(myofibro	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	PARP1
GO_BP_mfGO:00429(D-amino e	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	NFKBIE
GO_BP_mfGO:00434(regulation	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	TP53
GO_BP_mfGO:00458(positive re	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	TP53
GO_BP_mfGO:00466(positive re	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	PLK4
GO_BP_mfGO:00516(maintenan	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	AKAP9
GO_BP_mfGO:00607(regulation	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	TCEA1
GO_BP_mfGO:00614(positive re	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	TP53
GO_BP_mfGO:00617(lipophagy	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	RAB7A
GO_BP_mfGO:19016(negative r	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	PRKACA
GO_BP_mfGO:19026(regulation	1/55	6/17913	0.018284	0.072367	0.048116	TP53
GO_BP_mfGO:00320(positive re	2/55	68/17913	0.018526	0.073154	0.048639	KIF5B/PSM
GO_BP_mfGO:00002(mitotic cyt	2/55	69/17913	0.019042	0.075016	0.049877	KIF20A/KIF

GO_BP_mfGO:19021:regulation	3/55	185/17913	0.019198	0.075455	0.050169	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00023: B cell activ	2/55	71/17913	0.020092	0.078604	0.052262	ERCC1/TP53
GO_BP_mfGO:00901: organelle	12/55	71/17913	0.020092	0.078604	0.052262	KIF5B/RAB7A
GO_BP_mfGO:19021: positive re	2/55	72/17913	0.020626	0.080002	0.053192	DYNC1H1, KIF4A
GO_BP_mfGO:00062: DNA topo	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	ERCC3
GO_BP_mfGO:00072: cytoplasmic	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	NFKBIA
GO_BP_mfGO:00331: regulation	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	ERCC6
GO_BP_mfGO:00512: mitotic spi	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	KIF4A
GO_BP_mfGO:00714: cellular res	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	TP53
GO_BP_mfGO:00902: regulation	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	DYNC1H1
GO_BP_mfGO:00903: phagosom	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	RAB7A
GO_BP_mfGO:19015: negative re	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	TP53
GO_BP_mfGO:19015: regulation	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	USP7
GO_BP_mfGO:19018: regulation	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	LIG3
GO_BP_mfGO:19022: positive re	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	RAD9A
GO_BP_mfGO:19025: multi-org	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	RAB7A
GO_BP_mfGO:19025: multi-org	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	RAB7A
GO_BP_mfGO:19032: multi-cilia	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	PLK4
GO_BP_mfGO:19044: regulation	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	ERCC1
GO_BP_mfGO:19900: anterograc	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	KIF5B
GO_BP_mfGO:19901: intrinsic a	1/55	7/17913	0.021299	0.080002	0.053192	TP53
GO_BP_mfGO:00062: RNA-depe	2/55	74/17913	0.021711	0.081368	0.054101	NEK2/RFC1
GO_BP_mfGO:00106: regulation	2/55	76/17913	0.022282	0.085335	0.056738	PARP1/PARP2
GO_BP_mfGO:00096: response t	3/55	200/17913	0.023521	0.086681	0.057633	NFKBIA/XF1
GO_BP_mfGO:00015: microtubu	2/55	78/17913	0.023952	0.086681	0.057633	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:19030: organelle	12/55	78/17913	0.023952	0.086681	0.057633	KIF5B/TP53
GO_BP_mfGO:00007: DNA stran	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	TP53
GO_BP_mfGO:00074: negative re	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	TP53
GO_BP_mfGO:00108: positive re	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	PLK4
GO_BP_mfGO:00192: lactate bio	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	TP53
GO_BP_mfGO:00318: protection	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	ERCC1
GO_BP_mfGO:00320: positive re	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	TCEA1
GO_BP_mfGO:00322: dense cor	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	KIF5B
GO_BP_mfGO:00344: microtubu	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	KIF3A
GO_BP_mfGO:00364: neuron int	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	PARP1
GO_BP_mfGO:00466: negative re	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00485: bone marr	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	TP53
GO_BP_mfGO:00904: stress-ind	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	TP53
GO_BP_mfGO:00989: regulation	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	AKAP9
GO_BP_mfGO:00995: dense cor	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	KIF5B
GO_BP_mfGO:19016: regulation	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	PRKACA
GO_BP_mfGO:19019: dense cor	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	KIF5B
GO_BP_mfGO:19033: regulation	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	PARP1
GO_BP_mfGO:19043: negative re	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	ERCC1
GO_BP_mfGO:19051: positive re	1/55	8/17913	0.024306	0.086681	0.057633	PARP1
GO_BP_mfGO:00147: regulation	2/55	79/17913	0.024526	0.087101	0.057912	PARP1/PARP2
GO_BP_mfGO:20010: negative re	2/55	79/17913	0.024526	0.087101	0.057912	ERCC1/TP53
GO_BP_mfGO:19033: negative re	2/55	80/17913	0.025106	0.088974	0.059158	PSMF1/USP7
GO_BP_mfGO:00063: double-str	2/55	81/17913	0.025692	0.09067	0.060285	ERCC1/TP53
GO_BP_mfGO:00551: regulation	2/55	81/17913	0.025692	0.09067	0.060285	AKAP9/PRKACA
GO_BP_mfGO:00616: cytoskelet	2/55	82/17913	0.026283	0.092372	0.061417	KIF20A/KIF5B
GO_BP_mfGO:00711: positive re	2/55	82/17913	0.026283	0.092372	0.061417	PRKACA/T
GO_BP_mfGO:00000: mitotic spi	1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	KIF4A
GO_BP_mfGO:00313: positive re	1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	KIF5B
GO_BP_mfGO:00355: monoubiq	1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	USP7
GO_BP_mfGO:00458: regulation	1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	TP53
GO_BP_mfGO:00511: DNA ligati	1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	LIG3
GO_BP_mfGO:00704: cellular res	1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	NFKBIA

GO_BP_mfGO:00713 cellular res 1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	PRKACA
GO_BP_mfGO:00996 anterograc 1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	KIF5B
GO_BP_mfGO:19031 negative r 1/55	9/17913	0.027303	0.094197	0.06263	TP53
GO_BP_mfGO:00457 positive re 4/55	373/17913	0.027444	0.094494	0.062827	DYNC1H1,
GO_BP_mfGO:00451 maintenanc 2/55	85/17913	0.028089	0.096518	0.064174	NFKBIA/NF
GO_BP_mfGO:00421 B cell activ 3/55	215/17913	0.028331	0.097151	0.064594	ERCC1/TP
GO_BP_mfGO:00331 positive re 2/55	86/17913	0.028703	0.098226	0.065309	AKAP9/ER
GO_BP_mfGO:00092 response t 3/55	219/17913	0.029696	0.100613	0.066896	NFKBIA/PF
GO_BP_mfGO:00331 regulation 3/55	220/17913	0.030042	0.100613	0.066896	KIF5B/PRK
GO_BP_mfGO:00000 single stra 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	PARP1
GO_BP_mfGO:00062 mitochondonc 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	LIG3
GO_BP_mfGO:00070 cytoplasm 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	KIF5B
GO_BP_mfGO:00466 positive re 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	PLK4
GO_BP_mfGO:00512 spindle elc 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	KIF4A
GO_BP_mfGO:00512 spindle mi 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	KIF4A
GO_BP_mfGO:00516 maintenanc 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	AKAP9
GO_BP_mfGO:00519 positive re 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	PARP1
GO_BP_mfGO:00714 cellular res 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	TP53BP1
GO_BP_mfGO:00723 microtubu 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	KIF3A
GO_BP_mfGO:19037 negative r 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	TP53
GO_BP_mfGO:19038 positive re 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	TP53
GO_BP_mfGO:19045 regulation 1/55	10/17913	0.030291	0.100613	0.066896	TTBK2
GO_BP_mfGO:00007 non-recor 2/55	89/17913	0.030574	0.100959	0.067126	ERCC1/TP
GO_BP_mfGO:00320 negative r 2/55	89/17913	0.030574	0.100959	0.067126	NFKBIA/US
GO_BP_mfGO:00447 DNA meth 2/55	89/17913	0.030574	0.100959	0.067126	PARP1/US
GO_BP_mfGO:20011 regulation 2/55	90/17913	0.031208	0.102853	0.068385	PARP1/TP
GO_BP_mfGO:00097 response t 3/55	224/17913	0.03145	0.103449	0.068782	ERCC1/KIF
GO_BP_mfGO:00902 positive re 2/55	91/17913	0.031848	0.104554	0.069516	KIF5B/PSM
GO_BP_mfGO:19012 positive re 2/55	93/17913	0.033142	0.106539	0.070836	PARP1/TP
GO_BP_mfGO:00018 phagolyso 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	RAB7A
GO_BP_mfGO:00072 activation 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	ERCC6
GO_BP_mfGO:00331 positive re 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	PARP1
GO_BP_mfGO:00332 positive re 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	UBE2I
GO_BP_mfGO:00425 serine pho 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	ERCC6
GO_BP_mfGO:00432 telomere r 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	ERCC1
GO_BP_mfGO:00432 proteasom 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	PSMD9
GO_BP_mfGO:00519 negative r 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	TP53
GO_BP_mfGO:00702 protein au 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	PARP1
GO_BP_mfGO:00702 regulation 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	TP53
GO_BP_mfGO:19053 protein loc 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	KIF5B
GO_BP_mfGO:19904 positive re 1/55	11/17913	0.03327	0.106539	0.070836	TP53
GO_BP_mfGO:00482 organelle 12/55	94/17913	0.033797	0.108023	0.071823	KIF5B/RAB
GO_BP_mfGO:00323 regulation 4/55	400/17913	0.034215	0.109154	0.072575	DYNC1H1,
GO_BP_mfGO:00512 protein po 3/55	232/17913	0.034368	0.109436	0.072762	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:00512 positive re 4/55	403/17913	0.035023	0.11121	0.073942	KIF5B/PRK
GO_BP_mfGO:00324 regulation 3/55	234/17913	0.035119	0.11121	0.073942	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00069 regulation 2/55	96/17913	0.035122	0.11121	0.073942	AKAP9/PR
GO_BP_mfGO:00007 telomere r 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	ERCC1
GO_BP_mfGO:00069 ER overloa 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	TP53
GO_BP_mfGO:00108 negative r 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00216 cerebellar 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	TTBK2
GO_BP_mfGO:00322 positive re 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	KIF5B
GO_BP_mfGO:00322 secretory c 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	KIF5B
GO_BP_mfGO:00343 high-dens 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	PRKACA
GO_BP_mfGO:00510 regulation 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	TP53
GO_BP_mfGO:00519 regulation 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	NEK2
GO_BP_mfGO:00603 positive re 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	PARP1
GO_BP_mfGO:00607 trophobla 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	PLK4

GO_BP_mfGO:00711(response t 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	PRKACA
GO_BP_mfGO:00989(regulation 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	AKAP9
GO_BP_mfGO:00996(axo-dendr 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	KIF5B
GO_BP_mfGO:19004(regulation 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	TP53
GO_BP_mfGO:19041(positive re 1/55	12/17913	0.03624	0.111308	0.074007	PARP1
GO_BP_mfGO:00020(regulation 2/55	98/17913	0.036467	0.111308	0.074007	AKAP9/PR
GO_BP_mfGO:00023(immunogl 2/55	98/17913	0.036467	0.111308	0.074007	ERCC1/TP!
GO_BP_mfGO:00215(cerebellun 2/55	98/17913	0.036467	0.111308	0.074007	TP53/TTBK
GO_BP_mfGO:00432(regulation 2/55	98/17913	0.036467	0.111308	0.074007	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00485(embryonic 4/55	413/17913	0.037795	0.114853	0.076364	ERCC1/PLI
GO_BP_mfGO:00324(positive re 2/55	100/17913	0.037832	0.114853	0.076364	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00468(regulation 2/55	100/17913	0.037832	0.114853	0.076364	PRKACA/T
GO_BP_mfGO:00228(regulation 3/55	242/17913	0.038208	0.115787	0.076985	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00313(negative r 3/55	244/17913	0.039002	0.116707	0.077597	PSMF1/TP
GO_BP_mfGO:00060(lactate me 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	TP53
GO_BP_mfGO:00071(SMAD pro 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	PARP1
GO_BP_mfGO:00107(negative r 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	NFKBIA
GO_BP_mfGO:00215(cell migrat 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	TTBK2
GO_BP_mfGO:00329(ribonuclec 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	KIF5B
GO_BP_mfGO:00704(nucleotide 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	NFKBIA
GO_BP_mfGO:00718(mitotic cel 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	TP53
GO_BP_mfGO:00718(cellular res 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	PRKACA
GO_BP_mfGO:19024(protein loc 1/55	13/17913	0.039201	0.116707	0.077597	KIF3A
GO_BP_mfGO:00066(protein im 2/55	103/17913	0.039916	0.118627	0.078873	NFKBIA/TF
GO_BP_mfGO:00435(regulation 2/55	106/17913	0.042042	0.122273	0.081297	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:20002(regulation 2/55	106/17913	0.042042	0.122273	0.081297	NEK2/TP5!
GO_BP_mfGO:00353(protein loc 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	TTBK2
GO_BP_mfGO:00485(post-emb 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	ERCC1
GO_BP_mfGO:00511(RNA polyr 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	TP53
GO_BP_mfGO:00602(positive re 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	TP53
GO_BP_mfGO:00608(smoothen 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	PRKACA
GO_BP_mfGO:00610(positive re 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	PARP2
GO_BP_mfGO:00702(positive re 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	TP53
GO_BP_mfGO:00902(regulation 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00902(regulation 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:00903(replicative 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	TP53
GO_BP_mfGO:19035(regulation 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	CDK5RAP2
GO_BP_mfGO:20006(positive re 1/55	14/17913	0.042153	0.122273	0.081297	KIF5B
GO_BP_mfGO:00510(regulation 4/55	429/17913	0.042488	0.123035	0.081804	NFKBIA/NI
GO_BP_mfGO:00220(metencepl 2/55	107/17913	0.04276	0.123401	0.082047	TP53/TTBK
GO_BP_mfGO:00620(negative r 2/55	107/17913	0.04276	0.123401	0.082047	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00033(cardiac mt 2/55	108/17913	0.043483	0.124848	0.08301	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:00324(positive re 2/55	108/17913	0.043483	0.124848	0.08301	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00711(regulation 2/55	108/17913	0.043483	0.124848	0.08301	PRKACA/T
GO_BP_mfGO:19003(regulation 2/55	109/17913	0.044211	0.126061	0.083816	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00324(regulation 3/55	257/17913	0.044363	0.126061	0.083816	AKAP9/KIF
GO_BP_mfGO:00308(regulation 2/55	110/17913	0.044942	0.126061	0.083816	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00324(regulation 2/55	110/17913	0.044942	0.126061	0.083816	RAD23B/U
GO_BP_mfGO:19035(regulation 2/55	110/17913	0.044942	0.126061	0.083816	PARP1/TP!
GO_BP_mfGO:00013(formation 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	ERCC1
GO_BP_mfGO:00308(negative r 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	TP53
GO_BP_mfGO:00343(glial cell a 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	TP53
GO_BP_mfGO:00511(negative r 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	TP53
GO_BP_mfGO:00906(t-circle for 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	ERCC1
GO_BP_mfGO:00907(telomere r 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	ERCC1
GO_BP_mfGO:00988(protein tra 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	KIF5B
GO_BP_mfGO:00991(microtubu 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	KIF5B
GO_BP_mfGO:19001(positive re 1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	TP53

GO_BP_mfGO:19033fregulation	1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	AKAP9
GO_BP_mfGO:19035fpositive re	1/55	15/17913	0.045096	0.126061	0.083816	RAB7A
GO_BP_mfGO:00148fstriated m	2/55	111/17913	0.045679	0.127479	0.084759	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:19049fpositive re	4/55	440/17913	0.045899	0.127884	0.085028	KIF5B/PRK
GO_BP_mfGO:00148fmuscle hy	2/55	113/17913	0.047165	0.131021	0.087114	PARP1/PA
GO_BP_mfGO:00427fregulation	2/55	114/17913	0.047915	0.131021	0.087114	TP53/USP7
GO_BP_mfGO:00080fretrograde	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	KIF5B
GO_BP_mfGO:00083fdetermina	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	TP53
GO_BP_mfGO:00108fpositive re	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	NFKBIA
GO_BP_mfGO:00165fprotein au	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	PARP1
GO_BP_mfGO:00302fhyaluronar	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	HMMR
GO_BP_mfGO:00609fnegative r	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	TP53
GO_BP_mfGO:00702fthymocyte	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	TP53
GO_BP_mfGO:00718fresponse t	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	PRKACA
GO_BP_mfGO:19035fregulation	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	RAB7A
GO_BP_mfGO:20000fregulation	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	RPA2
GO_BP_mfGO:20011fnegative r	1/55	16/17913	0.048031	0.131021	0.087114	PARP1
GO_BP_mfGO:00075fcell aging	2/55	116/17913	0.049428	0.134399	0.08936	ERCC1/TP1
GO_BP_mfGO:00322fpositive re	2/55	116/17913	0.049428	0.134399	0.08936	AKAP9/CD
GO_BP_mfGO:00000fG1/S trans	3/55	269/17913	0.049623	0.134713	0.089569	CCNA1/RF
GO_BP_mfGO:00104fexit from r	2月11日	28/17913	0.000128	0.000305	9.17E-05	CHMP4B/C
GO_BP_mfGO:00705fregulation	3月11日	170/17913	0.000131	0.000308	9.25E-05	CHMP2B/C
GO_BP_mfGO:00517fregulation	3月11日	172/17913	0.000136	0.000316	9.47E-05	CHMP2B/C
GO_BP_mfGO:00224fcellular col	4月11日	492/17913	0.000159	0.000366	0.00011	CHMP2B/C
GO_BP_mfGO:00328fregulation	3月11日	199/17913	0.000209	0.000475	0.000143	CHMP2B/C
GO_BP_mfGO:00064fnegative r	3月11日	222/17913	0.000288	0.000649	0.000195	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00069fnuclear en	2月11日	45/17913	0.000335	0.000746	0.000224	CHMP4B/C
GO_BP_mfGO:00336fnegative r	3月11日	244/17913	0.00038	0.000838	0.000251	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00507fregulation	3月11日	245/17913	0.000385	0.00084	0.000252	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00083fendosome	2月11日	49/17913	0.000397	0.000858	0.000257	CHMP2B/1
GO_BP_mfGO:00513fnegative r	3月11日	272/17913	0.000522	0.001117	0.000335	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00453flate endos	1月11日	1/17913	0.000614	0.001276	0.000383	CHMP7
GO_BP_mfGO:19048fESCRT con	1月11日	1/17913	0.000614	0.001276	0.000383	CHMP6
GO_BP_mfGO:19049fESCRT III c	1月11日	1/17913	0.000614	0.001276	0.000383	CHMP6
GO_BP_mfGO:00181fpeptidyl-t	3月11日	346/17913	0.001051	0.002162	0.000649	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00182fpeptidyl-t	3月11日	349/17913	0.001077	0.002195	0.000659	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00617fmultivesic	1月11日	2/17913	0.001228	0.002433	0.00073	CHMP2B
GO_BP_mfGO:20003fregulation	1月11日	2/17913	0.001228	0.002433	0.00073	TSG101
GO_BP_mfGO:20003fpositive re	1月11日	2/17913	0.001228	0.002433	0.00073	TSG101
GO_BP_mfGO:00070flysosomal	2月11日	94/17913	0.001453	0.002853	0.000856	CHMP2B/1
GO_BP_mfGO:00019fnegative r	3月11日	416/17913	0.001786	0.003474	0.001042	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00068fextracellul	1月11日	3/17913	0.001841	0.00355	0.001065	TSG101
GO_BP_mfGO:00423fnegative r	3月11日	455/17913	0.002307	0.004409	0.001323	CHMP6/TS
GO_BP_mfGO:00002fmicrotubu	3月11日	460/17913	0.00238	0.004508	0.001353	CHMP2B/C
GO_BP_mfGO:00364fmaintenan	1月11日	4/17913	0.002454	0.004567	0.00137	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00448fmitotic cyt	1月11日	4/17913	0.002454	0.004567	0.00137	CHMP4C
GO_BP_mfGO:00514fregulation	3月11日	472/17913	0.002562	0.004726	0.001418	CHMP2B/C
GO_BP_mfGO:00700fubiquitin-c	1月11日	5/17913	0.003067	0.00561	0.001683	TSG101
GO_BP_mfGO:00066fposttransk	1月11日	6/17913	0.003679	0.006507	0.001952	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00098fabcission	1月11日	6/17913	0.003679	0.006507	0.001952	CHMP4C
GO_BP_mfGO:00325fendosome	1月11日	6/17913	0.003679	0.006507	0.001952	CHMP2B
GO_BP_mfGO:19035fregulation	1月11日	6/17913	0.003679	0.006507	0.001952	TSG101
GO_BP_mfGO:00324fnegative r	1月11日	7/17913	0.004291	0.007466	0.00224	CHMP4C
GO_BP_mfGO:00719fextracellul	1月11日	7/17913	0.004291	0.007466	0.00224	TSG101
GO_BP_mfGO:00901fmembran	1月11日	8/17913	0.004903	0.008394	0.002519	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00991fregulation	1月11日	8/17913	0.004903	0.008394	0.002519	CHMP2B
GO_BP_mfGO:19052fregulation	1月11日	11/17913	0.006736	0.011441	0.003433	CHMP2B
GO_BP_mfGO:19029fnegative r	1月11日	13/17913	0.007956	0.013407	0.004023	CHMP4B

GO_BP_mfGO:00431fubiquitin-c	1月11日	15/17913	0.009175	0.015221	0.004567	TSG101
GO_BP_mfGO:19035fpositive re	1月11日	15/17913	0.009175	0.015221	0.004567	TSG101
GO_BP_mfGO:00990fmodificati	1月11日	16/17913	0.009784	0.015983	0.004796	CHMP2B
GO_BP_mfGO:19035fregulation	1月11日	16/17913	0.009784	0.015983	0.004796	TSG101
GO_BP_mfGO:00517fnegative re	1月11日	18/17913	0.011001	0.017835	0.005351	CHMP4C
GO_BP_mfGO:19901fexosomal :	1月11日	19/17913	0.011609	0.018679	0.005605	TSG101
GO_BP_mfGO:00977fextracellul	1月11日	20/17913	0.012217	0.01951	0.005854	TSG101
GO_BP_mfGO:00995fmodificati	1月11日	21/17913	0.012824	0.020328	0.006099	CHMP2B
GO_BP_mfGO:01401fextracellul	1月11日	22/17913	0.013431	0.021134	0.006341	TSG101
GO_BP_mfGO:00711fprotein loc	1月11日	28/17913	0.017065	0.026657	0.007998	CHMP7
GO_BP_mfGO:00700fneuron cel	1月11日	30/17913	0.018274	0.028338	0.008503	CHMP2B
GO_BP_mfGO:00162fnegative re	1月11日	33/17913	0.020085	0.030701	0.009212	CHMP4B
GO_BP_mfGO:20007fregulation	1月11日	33/17913	0.020085	0.030701	0.009212	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00973fautophagc	1月11日	34/17913	0.020687	0.031398	0.009421	TSG101
GO_BP_mfGO:00440fregulation	1月11日	38/17913	0.023095	0.034806	0.010443	CHMP4B
GO_BP_mfGO:19021fnegative re	1月11日	39/17913	0.023697	0.035462	0.01064	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00602fanatomica	2月11日	413/17913	0.025416	0.037771	0.011333	CHMP2B/C
GO_BP_mfGO:00725festablishm	2月11日	452/17913	0.030054	0.044356	0.013309	CHMP4B/1
GO_BP_mfGO:00065fprotein mc	1月11日	65/17913	0.03921	0.057472	0.017244	TSG101
GO_BP_mfGO:00000fautophagc	1月11日	70/17913	0.042167	0.061386	0.018419	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00901forganelle i	1月11日	71/17913	0.042757	0.061825	0.018551	CHMP2B
GO_BP_mfGO:19050fautophagc	1月11日	73/17913	0.043937	0.063105	0.018935	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00345fprotein loc	1月11日	82/17913	0.049231	0.06968	0.020907	CHMP7
GO_BP_mfGO:00459fpositive re	1月11日	82/17913	0.049231	0.06968	0.020907	TSG101
GO_BP_mfGO:00105fnegative re	1月11日	83/17913	0.049818	0.06968	0.020907	CHMP4B
GO_BP_mfGO:00324fregulation	1月11日	83/17913	0.049818	0.06968	0.020907	CHMP4C
GO_CC_mfGO:00057frough end	5/121	74/18678	0.000118	0.000485	0.000299	RPL18/RPL
GO_CC_mfGO:19904fParkin-FB	2/121	3/18678	0.000124	0.000493	0.000304	CUL1/FBX
GO_CC_mfGO:00150fCajal body	5/121	75/18678	0.000126	0.000493	0.000304	DDX42/DC
GO_CC_mfGO:00985fcytoplasm	2/121	5/18678	0.000411	0.001567	0.000966	RPS28/RP
GO_CC_mfGO:00190fSCF ubiqu	3/121	35/18678	0.001492	0.005561	0.003427	CCNF/CUL
GO_CC_mfGO:00985fcytoplasm	2/121	15/18678	0.004136	0.015073	0.009287	RPS28/RP
GO_CC_mfGO:00364fcytoplasm	5/121	176/18678	0.005794	0.020655	0.012727	ELAVL1/P/
GO_CC_mfGO:00332feukaryotic	1/121	1/18678	0.006478	0.021249	0.013093	RPL38
GO_CC_mfGO:00346fU11/U12 s	1/121	1/18678	0.006478	0.021249	0.013093	SF3B1
GO_CC_mfGO:00709ftranslation	1/121	1/18678	0.006478	0.021249	0.013093	RPL38
GO_CC_mfGO:00715feukaryotic	1/121	1/18678	0.006478	0.021249	0.013093	EIF3E
GO_CC_mfGO:00351fexon-exor	2/121	19/18678	0.006622	0.021296	0.013122	RBM8A/SF
GO_CC_mfGO:00357fribonuclec	5/121	188/18678	0.007608	0.023996	0.014786	ELAVL1/P/
GO_CC_mfGO:00056fanaphase-	2/121	21/18678	0.008065	0.024954	0.015376	CDC16/CC
GO_CC_mfGO:00308frough end	2/121	23/18678	0.009634	0.02926	0.018029	RPS28/RP
GO_CC_mfGO:00711fNF-kappal	1/121	2/18678	0.012915	0.03851	0.023729	RPS3
GO_CC_mfGO:00710fU4/U6 snR	1/121	3/18678	0.01931	0.052781	0.032522	PPIH
GO_CC_mfGO:00710fU2-type p	1/121	3/18678	0.01931	0.052781	0.032522	SF3A1
GO_CC_mfGO:00710fU2-type p	1/121	3/18678	0.01931	0.052781	0.032522	DHX15
GO_CC_mfGO:00710fprespliceo	1/121	3/18678	0.01931	0.052781	0.032522	SF3A1
GO_CC_mfGO:00710fpost-mRN	1/121	3/18678	0.01931	0.052781	0.032522	DHX15
GO_CC_mfGO:00314fCul3-RINC	2/121	34/18678	0.020398	0.054841	0.033792	KLHL2/KLF
GO_CC_mfGO:00001fnuclear ub	2/121	38/18678	0.025137	0.065764	0.040522	CDC16/CC
GO_CC_mfGO:00058feukaryotic	1/121	4/18678	0.025664	0.065764	0.040522	EIF2S3
GO_CC_mfGO:00335fHULC com	1/121	4/18678	0.025664	0.065764	0.040522	UBE2A
GO_CC_mfGO:00080fcyclin/CD	1/121	5/18678	0.031977	0.080682	0.049714	SNW1
GO_CC_mfGO:00710fU2-type c	1/121	7/18678	0.044483	0.108883	0.067091	RBM8A
GO_CC_mfGO:00710fcatalytic st	1/121	7/18678	0.044483	0.108883	0.067091	RBM8A
GO_CC_mfGO:00104fcytoplasm	2/121	55/18678	0.049471	0.119313	0.073518	ELAVL1/P/
GO_CC_mfGO:00451fpronucleu	2月21日	15/18678	0.000125	0.000547	0.000201	AURKA/CC
GO_CC_mfGO:19908fcytoplasm	1月21日	1/18678	0.001124	0.004666	0.001716	NUP214
GO_CC_mfGO:00093fDNA topo	1月21日	2/18678	0.002247	0.008479	0.003118	TOP2A

GO_CC_m:GO:00190	viral integr	1月21日	2/18678	0.002247	0.008479	0.003118	TOP2A
GO_CC_m:GO:00425	germinal v	1月21日	3/18678	0.003369	0.011652	0.004286	AURKA
GO_CC_m:GO:00971	cyclin A2-r	1月21日	3/18678	0.003369	0.011652	0.004286	CCNA2
GO_CC_m:GO:00162	inclusion b	2月21日	81/18678	0.003698	0.012276	0.004515	NUP153/TP
GO_CC_m:GO:00016	female ger	1月21日	4/18678	0.00449	0.014334	0.005272	AURKA
GO_CC_m:GO:00726	mitotic spi	2月21日	97/18678	0.005256	0.015759	0.005796	AURKA/TP
GO_CC_m:GO:00347	secretory c	3月21日	321/18678	0.005316	0.015759	0.005796	PSMA5/PS
GO_CC_m:GO:00986	chromosom	3月21日	337/18678	0.006084	0.016557	0.00609	THOC1/TH
GO_CC_m:GO:00602	cytoplasm	3月21日	338/18678	0.006134	0.016557	0.00609	PSMA5/PS
GO_CC_m:GO:00319	vesicle lurr	3月21日	339/18678	0.006184	0.016557	0.00609	PSMA5/PS
GO_CC_m:GO:00019	male pron	1月21日	6/18678	0.006728	0.01745	0.006418	CCNA2
GO_CC_m:GO:00007	nuclear ch	2月21日	121/18678	0.008065	0.019572	0.007199	THOC1/TH
GO_CC_m:GO:00058	centriole	2月21日	124/18678	0.008454	0.019572	0.007199	AURKA/TC
GO_CC_m:GO:19048	ficolin-1-r	2月21日	124/18678	0.008454	0.019572	0.007199	PSMA5/PS
GO_CC_m:GO:00166	nuclear sp	3月21日	386/18678	0.008835	0.019572	0.007199	NXT1/THC
GO_CC_m:GO:00197	proteasom	1月21日	8/18678	0.008961	0.019572	0.007199	PSMA5
GO_CC_m:GO:00432	axon hilloc	1月21日	8/18678	0.008961	0.019572	0.007199	AURKA
GO_CC_m:GO:00019	female prc	1月21日	9/18678	0.010076	0.021443	0.007886	CCNA2
GO_CC_m:GO:00058	proteasom	1月21日	10/18678	0.011189	0.022651	0.008331	PSMD1
GO_CC_m:GO:00726	meiotic sp	1月21日	10/18678	0.011189	0.022651	0.008331	AURKA
GO_CC_m:GO:00056	nuclear lar	1月21日	11/18678	0.012301	0.02431	0.008941	NUP35
GO_CC_m:GO:00007	chromosom	2月21日	156/18678	0.013117	0.025318	0.009312	THOC1/TH
GO_CC_m:GO:00316	spindle po	1月21日	13/18678	0.014523	0.027395	0.010075	AURKA
GO_CC_m:GO:00444	microtubu	2月21日	170/18678	0.015439	0.028476	0.010473	AURKA/TC
GO_CC_m:GO:01010	ficolin-1-r	2月21日	185/18678	0.018108	0.032674	0.012017	PSMA5/PS
GO_CC_m:GO:00058	cytoplasm	1月21日	17/18678	0.01895	0.033466	0.012308	TPR
GO_CC_m:GO:00430	germ cell r	1月21日	19/18678	0.021157	0.036585	0.013455	AURKA
GO_CC_m:GO:00058	proteasom	1月21日	20/18678	0.022259	0.037704	0.013867	PSMA5
GO_CC_m:GO:00056	anaphase-	1月21日	21/18678	0.023359	0.038777	0.014262	ANAPC15
GO_CC_m:GO:00974	mitotic spi	1月21日	26/18678	0.028844	0.046942	0.017265	AURKA
GO_CC_m:GO:00003	cyclin-dep	1月21日	29/18678	0.032121	0.05127	0.018856	CCNA2
GO_CC_m:GO:00001	nuclear ub	1月21日	38/18678	0.041888	0.065598	0.024126	ANAPC15
GO_CC_m:GO:00302	dynein cor	1月21日	39/18678	0.042967	0.066042	0.02429	TPR
GO_CC_m:GO:00315	motile cili	3月11日	162/18678	0.0001	0.00028	3.77E-05	WDR19/IF
GO_CC_m:GO:00444	microtubu	3月11日	170/18678	0.000116	0.000284	3.83E-05	WDR60/W
GO_CC_m:GO:00058	centrosom	4月11日	473/18678	0.000116	0.000284	3.83E-05	WDR60/W
GO_CC_m:GO:00328	plasma me	3月11日	181/18678	0.000139	0.00032	4.32E-05	TRAF3IP1/
GO_CC_m:GO:00323	photorece	2月11日	36/18678	0.000196	0.000426	5.75E-05	WDR19/IF
GO_CC_m:GO:00017	photorece	2月11日	75/18678	0.000855	0.001754	0.000237	WDR19/IF
GO_CC_m:GO:00310	interphase	1月11日	2/18678	0.001178	0.002187	0.000295	WDR60
GO_CC_m:GO:19026	kinociliary	1月11日	2/18678	0.001178	0.002187	0.000295	IFT20
GO_CC_m:GO:00995	cytoplasm	3月11日	402/18678	0.001436	0.002409	0.000325	TRAF3IP1/
GO_CC_m:GO:00977	photorece	2月11日	98/18678	0.001453	0.002409	0.000325	WDR19/IF
GO_CC_m:GO:00977	9+0 non-r	2月11日	99/18678	0.001483	0.002409	0.000325	WDR19/IF
GO_CC_m:GO:00058	centriole	2月11日	124/18678	0.002312	0.003468	0.000468	WDR34/IF
GO_CC_m:GO:00977	non-motil	2月11日	124/18678	0.002312	0.003468	0.000468	WDR19/IF
GO_CC_m:GO:00600	kinocilium	1月11日	6/18678	0.003529	0.004915	0.000663	IFT20
GO_CC_m:GO:00977	9+2 non-r	1月11日	6/18678	0.003529	0.004915	0.000663	IFT20
GO_CC_m:GO:00442	dendrite te	1月11日	12/18678	0.007046	0.009476	0.001279	IFT20
GO_CC_m:GO:00002	pericentric	1月11日	20/18678	0.011719	0.015234	0.002056	WDR60
GO_CC_m:GO:00058	cis-Golgi r	1月11日	39/18678	0.022736	0.028603	0.00386	IFT20
GO_CC_m:GO:00324	stereociliu	1月11日	51/18678	0.029636	0.036119	0.004874	IFT20
GO_CC_m:GO:00324	stereociliu	1月11日	54/18678	0.031355	0.037055	0.005001	IFT20
GO_CC_m:GO:00059	microvillus	1月11日	80/18678	0.04613	0.052914	0.007141	IFT20
GO_CC_m:GO:00058	spindle	10/133	326/18678	0.000116	0.001309	0.00087	ALMS1/CE
GO_CC_m:GO:00331	endoplasm	5/133	70/18678	0.000142	0.001515	0.001006	F8/RAB1B/
GO_CC_m:GO:00360	ciliary bas	6/133	111/18678	0.000143	0.001515	0.001006	B9D1/B9D
GO_CC_m:GO:00320	integrator	3/133	15/18678	0.000151	0.00155	0.00103	INTS4/INT

GO_CC_m:GO:19029:protein kir 5/133	77/18678	0.000222	0.002218	0.001474	CCNE2/CC
GO_CC_m:GO:00009:gamma-tu 3/133	18/18678	0.000266	0.002508	0.001667	TUBG1/TU
GO_CC_m:GO:00324:filopodium 3/133	18/18678	0.000266	0.002508	0.001667	ABI1/ABI2,
GO_CC_m:GO:00347(methyltr 5/133	88/18678	0.000414	0.003796	0.002523	AEBP2/ASI
GO_CC_m:GO:00358:site of dou 4/133	51/18678	0.000474	0.004227	0.002809	ARPC4/NE
GO_CC_m:GO:00080:cyclin/CDK 2/133	5/18678	0.000496	0.004313	0.002866	CCNT1/CC
GO_CC_m:GO:00056:replication 4/133	54/18678	0.00059	0.004999	0.003322	DNMT1/N
GO_CC_m:GO:00444:ciliary part 10/133	415/18678	0.000784	0.00648	0.004306	B9D1/B9D
GO_CC_m:GO:00306:Golgi-assc 5/133	102/18678	0.000814	0.006569	0.004365	SEC24A/Sf
GO_CC_m:GO:00358:ciliary tran 4/133	61/18678	0.000937	0.007384	0.004907	B9D1/B9D
GO_CC_m:GO:00550:recycling e 6/133	164/18678	0.001145	0.008822	0.005862	ACKR3/LD
GO_CC_m:GO:00907:site of DN 4/133	65/18678	0.001189	0.008956	0.005951	ARPC4/NE
GO_CC_m:GO:00009:gamma-tu 2/133	8/18678	0.00137	0.009676	0.00643	TUBGCP4/
GO_CC_m:GO:00082:gamma-tu 2/133	8/18678	0.00137	0.009676	0.00643	TUBGCP4/
GO_CC_m:GO:00165:Cdc73/Paf 2/133	8/18678	0.00137	0.009676	0.00643	CDC73/LE
GO_CC_m:GO:00446:MLL3/4 co 2/133	9/18678	0.001753	0.01213	0.00806	ASH2L/KM
GO_CC_m:GO:00301:clathrin-cc 6/133	182/18678	0.001946	0.013194	0.008768	AVPR2/CD
GO_CC_m:GO:00007:condensec 4/133	75/18678	0.002021	0.013431	0.008925	BRCA2/CH
GO_CC_m:GO:00171:Golgi tran: 2/133	11/18678	0.002654	0.016791	0.011158	COG2/CO
GO_CC_m:GO:00300:TRAPP cor 2/133	11/18678	0.002654	0.016791	0.011158	TRAPPC10
GO_CC_m:GO:00058:cis-Golgi r 3/133	39/18678	0.002675	0.016791	0.011158	COG3/GO
GO_CC_m:GO:00007:chromatin 10/133	500/18678	0.003099	0.0191	0.012692	ASH2L/CH
GO_CC_m:GO:00008:lateral eler 2/133	14/18678	0.00433	0.025751	0.017112	BRCA2/RA
GO_CC_m:GO:00310:platelet de 2/133	14/18678	0.00433	0.025751	0.017112	ITIH4/SERF
GO_CC_m:GO:00301:vesicle coe 3/133	48/18678	0.004832	0.027636	0.018364	SEC24A/Sf
GO_CC_m:GO:00310:Ino80 com 2/133	15/18678	0.004973	0.027636	0.018364	RUVBL1/Y
GO_CC_m:GO:00328:carboxy-te 2/133	15/18678	0.004973	0.027636	0.018364	CCNT1/CC
GO_CC_m:GO:00332:DNA helic: 2/133	15/18678	0.004973	0.027636	0.018364	RUVBL1/Y
GO_CC_m:GO:00301:filopodium 4/133	99/18678	0.005491	0.030022	0.01995	ABI1/ABI2,
GO_CC_m:GO:00350:ESC/E(Z) c 2/133	16/18678	0.005657	0.030439	0.020227	AEBP2/PH
GO_CC_m:GO:00057:endoplasm 7/133	306/18678	0.006365	0.033281	0.022115	CD4/CLU/I
GO_CC_m:GO:00421(T cell rece) 2/133	17/18678	0.006381	0.033281	0.022115	CD3D/CD4
GO_CC_m:GO:00007:nuclear ch 7/133	309/18678	0.006702	0.033527	0.022278	ASH2L/DN
GO_CC_m:GO:19047:tertiary gr 3/133	55/18678	0.00707	0.033527	0.022278	ALDOA/OI
GO_CC_m:GO:00335:BRCA2-M, 1/133	1/18678	0.007121	0.033527	0.022278	BRCA2
GO_CC_m:GO:00609:lipid tube 1/133	1/18678	0.007121	0.033527	0.022278	BIN1
GO_CC_m:GO:00971:cyclin D2- 1/133	1/18678	0.007121	0.033527	0.022278	CDK6
GO_CC_m:GO:00990:perinuclea 1/133	1/18678	0.007121	0.033527	0.022278	CLU
GO_CC_m:GO:19029:pyruvate k 1/133	1/18678	0.007121	0.033527	0.022278	PKM
GO_CC_m:GO:00306:clathrin-cc 4/133	110/18678	0.007933	0.036838	0.024479	AVPR2/CD
GO_CC_m:GO:00002:pericentric 2/133	20/18678	0.008792	0.040275	0.026763	PCM1/TUE
GO_CC_m:GO:00428:platelet de 2/133	21/18678	0.009672	0.043718	0.02905	ITIH4/SERF
GO_CC_m:GO:01010(ficolin-1-r 5/133	185/18678	0.010479	0.046624	0.030981	ALDOA/CF
GO_CC_m:GO:00973:INO80-ty 2/133	22/18678	0.01059	0.046624	0.030981	RUVBL1/Y
GO_CC_m:GO:00306:transport \ 5/133	188/18678	0.011177	0.048579	0.03228	SEC24A/Sf
GO_CC_m:GO:19048: ficolin-1-r 4/133	124/18678	0.01195	0.051278	0.034074	ALDOA/CF
GO_CC_m:GO:00301:transport \ 7/133	349/18678	0.012562	0.053232	0.035372	GOSR1/RA
GO_CC_m:GO:00007:condensec 5/133	199/18678	0.014011	0.057271	0.038056	BRCA2/CH
GO_CC_m:GO:00029:cyclin K-C 1/133	2/18678	0.014191	0.057271	0.038056	CDK12
GO_CC_m:GO:00351:Rb-E2F co 1/133	2/18678	0.014191	0.057271	0.038056	E2F1
GO_CC_m:GO:00971:cyclin E2-(1/133	2/18678	0.014191	0.057271	0.038056	CCNE2
GO_CC_m:GO:00312(SNARE cor 2/133	28/18678	0.016855	0.06722	0.044667	GOSR1/ST
GO_CC_m:GO:00446:MLL1/2 co 2/133	29/18678	0.01802	0.070215	0.046657	ASH2L/RU
GO_CC_m:GO:00713:MLL1 com 2/133	29/18678	0.01802	0.070215	0.046657	ASH2L/RU
GO_CC_m:GO:00310:extracellul: 8/133	468/18678	0.018924	0.072899	0.048441	CLU/ITIH4,
GO_CC_m:GO:00344:centriolar : 2/133	30/18678	0.019218	0.073201	0.048641	C2CD3/PC
GO_CC_m:GO:00162:inclusion t 3/133	81/18678	0.020123	0.075796	0.050366	CLU/DVL2.
GO_CC_m:GO:00725: blood micr 4/133	147/18678	0.021011	0.078272	0.052012	CLU/ITIH4,

GO_CC_m:GO:00007! euchroma	2/133	32/18678	0.021712	0.080003	0.053161	ASH2L/DN
GO_CC_m:GO:00325! trans-Golc	3/133	85/18678	0.022825	0.082969	0.055132	COG2/CO
GO_CC_m:GO:19025! H4 histone	2/133	33/18678	0.023006	0.082969	0.055132	POLE3/RU
GO_CC_m:GO:00301! membrane	3/133	86/18678	0.02353	0.083089	0.055212	SEC24A/SF
GO_CC_m:GO:00484! coated me	3/133	86/18678	0.02353	0.083089	0.055212	SEC24A/SF
GO_CC_m:GO:00620! collagen-c	7/133	399/18678	0.024221	0.083317	0.055364	CLU/ITIH4,
GO_CC_m:GO:00007! synaptone	2/133	34/18678	0.024332	0.083317	0.055364	BRCA2/RA
GO_CC_m:GO:00990! synaptone	2/133	34/18678	0.024332	0.083317	0.055364	BRCA2/RA
GO_CC_m:GO:00059! DNA-dep	1/133	4/18678	0.028182	0.090988	0.060461	PRKDC
GO_CC_m:GO:00320! NELF com	1/133	4/18678	0.028182	0.090988	0.060461	NELFCD
GO_CC_m:GO:00330! Rad51B-R	1/133	4/18678	0.028182	0.090988	0.060461	RAD51B
GO_CC_m:GO:00708! SOSS com	1/133	4/18678	0.028182	0.090988	0.060461	NABP1
GO_CC_m:GO:00972! R2TP com	1/133	4/18678	0.028182	0.090988	0.060461	RUVBL1
GO_CC_m:GO:00988! postsynap	1/133	4/18678	0.028182	0.090988	0.060461	RAB11A
GO_CC_m:GO:00708! tertiary gr	4/133	164/18678	0.029842	0.095437	0.063417	ALDOA/FP
GO_CC_m:GO:00329! protein-li	2/133	39/18678	0.031408	0.099508	0.066122	BIN1/CLU
GO_CC_m:GO:00156! actin cytos	7/133	432/18678	0.035096	0.105311	0.069978	ACTN2/AL
GO_CC_m:GO:00058! polar micr	1/133	5/18678	0.035104	0.105311	0.069978	TUBG1
GO_CC_m:GO:00086! epsilon D	1/133	5/18678	0.035104	0.105311	0.069978	POLE3
GO_CC_m:GO:00314! Cul4B-R	1/133	5/18678	0.035104	0.105311	0.069978	DDB1
GO_CC_m:GO:00707! gamma-se	1/133	5/18678	0.035104	0.105311	0.069978	TMED10
GO_CC_m:GO:00974! neurofibril	1/133	5/18678	0.035104	0.105311	0.069978	CLU
GO_CC_m:GO:00315! PcG protei	2/133	42/18678	0.035996	0.10704	0.071127	AEBP2/PH
GO_CC_m:GO:00163! nuclear m	3/133	106/18678	0.040075	0.118133	0.078499	DNMT3A/I
GO_CC_m:GO:00308! smooth er	1/133	6/18678	0.041976	0.120593	0.080133	STX17
GO_CC_m:GO:00974! smooth er	1/133	6/18678	0.041976	0.120593	0.080133	STX17
GO_CC_m:GO:00975! sperm pla	1/133	6/18678	0.041976	0.120593	0.080133	CCR6
GO_CC_m:GO:00058! microtubu	6/133	357/18678	0.042643	0.121479	0.080722	HAUS5/RA
GO_CC_m:GO:00007! chromosom	4/133	185/18678	0.043379	0.122546	0.081431	CTCF/DNM
GO_CC_m:GO:00056! transcripti	5/133	270/18678	0.044069	0.123467	0.082043	E2F1/E2F2
GO_CC_m:GO:00300! lamellipod	4/133	191/18678	0.047788	0.132346	0.087943	ABI1/ABI2,
GO_CC_m:GO:00058! kinetochor	1/133	7/18678	0.0488	0.132346	0.087943	RAB11A
GO_CC_m:GO:00308! Mre11 cor	1/133	7/18678	0.0488	0.132346	0.087943	NBN
GO_CC_m:GO:00330! DNA recor	1/133	7/18678	0.0488	0.132346	0.087943	RAD51B
GO_CC_m:GO:00312! cell leadin	5月26日	384/18678	0.000165	0.00455	0.003158	FGR/INPP5
GO_CC_m:GO:00312! extrinsic cc	2月26日	54/18678	0.00255	0.04266	0.029611	ALOX15/P
GO_CC_m:GO:00198! extrinsic cc	3月26日	199/18678	0.002585	0.04266	0.029611	ALOX15/M
GO_CC_m:GO:00190! viral replic	1月26日	2/18678	0.002782	0.04266	0.029611	PI4KA
GO_CC_m:GO:01060! amyloid-b	1月26日	2/18678	0.002782	0.04266	0.029611	ROCK1
GO_CC_m:GO:00420! host cell n	1月26日	3/18678	0.00417	0.048824	0.03389	PI4KA
GO_CC_m:GO:00440! host cell n	1月26日	3/18678	0.00417	0.048824	0.03389	PI4KA
GO_CC_m:GO:00058! lipid dropl	2月26日	70/18678	0.004246	0.048824	0.03389	ALOX15/P
GO_CC_m:GO:00302! protein ph	1月26日	4/18678	0.005557	0.056964	0.03954	PPP4R2
GO_CC_m:GO:00319! organelle	2月26日	82/18678	0.005779	0.056964	0.03954	ALOX5/FG
GO_CC_m:GO:00336! host intrac	1月26日	5/18678	0.006941	0.057322	0.039788	PI4KA
GO_CC_m:GO:00336! host intrac	1月26日	5/18678	0.006941	0.057322	0.039788	PI4KA
GO_CC_m:GO:00325! ruffle merr	2月26日	91/18678	0.007071	0.057322	0.039788	FGR/MTM
GO_CC_m:GO:00451! membrane	3月26日	309/18678	0.008796	0.057322	0.039788	LCK/PTGS:
GO_CC_m:GO:00198! extrinsic cc	2月26日	102/18678	0.008812	0.057322	0.039788	ALOX15/P
GO_CC_m:GO:00988! membrane	3月26日	310/18678	0.008874	0.057322	0.039788	LCK/PTGS:
GO_CC_m:GO:00347! secretory c	3月26日	321/18678	0.009757	0.057322	0.039788	ALOX5/FG
GO_CC_m:GO:00985! membrane	3月26日	321/18678	0.009757	0.057322	0.039788	LCK/PTGS:
GO_CC_m:GO:00098! cytoplasm	2月26日	114/18678	0.010907	0.057322	0.039788	ALOX15/P
GO_CC_m:GO:00602! cytoplasm	3月26日	338/18678	0.011219	0.057322	0.039788	ALOX5/FG
GO_CC_m:GO:00319! vesicle lurr	3月26日	339/18678	0.011309	0.057322	0.039788	ALOX5/FG
GO_CC_m:GO:00001! protein ph	1月26日	9/18678	0.012461	0.057322	0.039788	SHOC2
GO_CC_m:GO:00056! nuclear en	1月26日	9/18678	0.012461	0.057322	0.039788	ALOX5
GO_CC_m:GO:00320! bleb	1月26日	9/18678	0.012461	0.057322	0.039788	ROCK1

GO_CC_m:GO:00336	host intrac	1月26日	9/18678	0.012461	0.057322	0.039788	PI4KA
GO_CC_m:GO:00436	intracellul	1月26日	9/18678	0.012461	0.057322	0.039788	PI4KA
GO_CC_m:GO:00985	side of me	3月26日	359/18678	0.013194	0.058733	0.040768	ALOX15/K
GO_CC_m:GO:00171	NMDA sel	1月26日	11/18678	0.01521	0.063606	0.04415	PTK2B
GO_CC_m:GO:00481	Set1C/COI	1月26日	11/18678	0.01521	0.063606	0.04415	WDR82
GO_CC_m:GO:00985	cytoplasm	2月26日	138/18678	0.015684	0.063659	0.044187	ALOX15/P
GO_CC_m:GO:00336	host cell p	1月26日	12/18678	0.016582	0.065182	0.045245	PI4KA
GO_CC_m:GO:00059	focal adhe	3月26日	397/18678	0.017246	0.065182	0.045245	PI4KA/PPP
GO_CC_m:GO:00059	cell-substr	3月26日	399/18678	0.017476	0.065182	0.045245	PI4KA/PPP
GO_CC_m:GO:00300	cell-substr	3月26日	404/18678	0.018061	0.065588	0.045526	PI4KA/PPP
GO_CC_m:GO:00312	leading ed	2月26日	153/18678	0.019049	0.067403	0.046786	FGR/MTM
GO_CC_m:GO:00444	microtubu	2月26日	170/18678	0.023196	0.078803	0.054699	LCK/ROCK
GO_CC_m:GO:00974	apical den	1月26日	17/18678	0.023412	0.078803	0.054699	PTK2B
GO_CC_m:GO:00058	centrosom	3月26日	473/18678	0.027242	0.08822	0.061236	LCK/PPP1F
GO_CC_m:GO:00002	pericentric	1月26日	20/18678	0.027489	0.08822	0.061236	LCK
GO_CC_m:GO:00300	lamellipod	2月26日	191/18678	0.028783	0.090275	0.062662	PTK2B/RO
GO_CC_m:GO:00059	adherens j	3月26日	496/18678	0.030768	0.094356	0.065495	PI4KA/PPP
GO_CC_m:GO:00316	A band	1月26日	31/18678	0.042297	0.12689	0.088078	PPP1R12A
GO_CC_m:GO:00017	immunolo	1月26日	36/18678	0.048955	0.143742	0.099775	LCK
GO_CC_m:GO:00056	annulate k	2/117	5/18678	0.000384	0.002157	0.001287	RANBP2/X
GO_CC_m:GO:19907	microtubu	3/117	26/18678	0.000561	0.003077	0.001836	CKAP5/KIF
GO_CC_m:GO:00444	nuclear ch	10/117	469/18678	0.000736	0.003951	0.002357	AURKB/BU
GO_CC_m:GO:00306	90S prerib	2/117	8/18678	0.001063	0.005585	0.003332	IMP3/NOF
GO_CC_m:GO:00343	nuclear pe	5/117	126/18678	0.001183	0.006088	0.003632	AHCTF1/C
GO_CC_m:GO:00056	nuclear en	9/117	420/18678	0.001312	0.006616	0.003947	AHCTF1/C
GO_CC_m:GO:00316	nuclear pe	2/117	9/18678	0.001361	0.006723	0.004011	CENPA/CE
GO_CC_m:GO:00082	cohesin cc	2/117	12/18678	0.002464	0.011936	0.007121	CDCA5/SM
GO_CC_m:GO:00103	chromocel	2/117	14/18678	0.00337	0.016009	0.009551	AURKB/CC
GO_CC_m:GO:00353	microtubu	2/117	16/18678	0.004408	0.020341	0.012136	CKAP5/KIF
GO_CC_m:GO:00163	nuclear m	4/117	106/18678	0.004447	0.020341	0.012136	AHCTF1/C
GO_CC_m:GO:00451	intercellul	3/117	59/18678	0.006035	0.026224	0.015646	CDCA8/CE
GO_CC_m:GO:00306	Noc comp	1/117	1/18678	0.006264	0.026224	0.015646	NOP14
GO_CC_m:GO:00306	Noc4p-Nc	1/117	1/18678	0.006264	0.026224	0.015646	NOP14
GO_CC_m:GO:00345	chromosom	1/117	1/18678	0.006264	0.026224	0.015646	RCC2
GO_CC_m:GO:00985	inactive se	1/117	1/18678	0.006264	0.026224	0.015646	HNRNPU
GO_CC_m:GO:00057	pericentric	2/117	20/18678	0.006866	0.028045	0.016733	CENPA/CE
GO_CC_m:GO:00058	cytoplasm	3/117	62/18678	0.006926	0.028045	0.016733	CLASP2/KI
GO_CC_m:GO:00319	nuclear m	6/117	281/18678	0.008559	0.034096	0.020343	AHCTF1/N
GO_CC_m:GO:00150	Cajal body	3/117	75/18678	0.011662	0.044069	0.026293	FBL/NOP5
GO_CC_m:GO:00056	U2-type s	3/117	76/18678	0.012087	0.044069	0.026293	GCFC2/LSI
GO_CC_m:GO:00009	condensec	1/117	2/18678	0.012489	0.044069	0.026293	CENPA
GO_CC_m:GO:00320	small-subt	1/117	2/18678	0.012489	0.044069	0.026293	NOP14
GO_CC_m:GO:00344	t-UTP corr	1/117	2/18678	0.012489	0.044069	0.026293	UTP4
GO_CC_m:GO:00344	Mpp10 co	1/117	2/18678	0.012489	0.044069	0.026293	IMP3
GO_CC_m:GO:00446	nuclear pc	1/117	2/18678	0.012489	0.044069	0.026293	RANBP2
GO_CC_m:GO:19907	cytoplasm	1/117	2/18678	0.012489	0.044069	0.026293	RANBP2
GO_CC_m:GO:00007	chromatin	8/117	500/18678	0.01341	0.046652	0.027834	AHCTF1/C
GO_CC_m:GO:00003	cyclin-dep	2/117	29/18678	0.014145	0.048525	0.028951	CCNB1/CC
GO_CC_m:GO:00710	catalytic st	3/117	82/18678	0.014822	0.050151	0.029922	HNRNPA3
GO_CC_m:GO:00057	nuclear he	2/117	33/18678	0.018099	0.056949	0.033978	CENPA/CE
GO_CC_m:GO:00056	U4atac snf	1/117	3/18678	0.018676	0.056949	0.033978	SNU13
GO_CC_m:GO:00309	cortical mi	1/117	3/18678	0.018676	0.056949	0.033978	MAPRE1
GO_CC_m:GO:00314	TRAMP co	1/117	3/18678	0.018676	0.056949	0.033978	MTREX
GO_CC_m:GO:00710	U2-type p	1/117	3/18678	0.018676	0.056949	0.033978	GCFC2
GO_CC_m:GO:00710	post-mRN	1/117	3/18678	0.018676	0.056949	0.033978	GCFC2
GO_CC_m:GO:19057	mitotic spi	1/117	3/18678	0.018676	0.056949	0.033978	MAPRE1
GO_CC_m:GO:19904	mitotic spi	1/117	3/18678	0.018676	0.056949	0.033978	HNRNPU
GO_CC_m:GO:00314	Cul3-RING	2/117	34/18678	0.019153	0.057691	0.034421	KLHL13/KL

GO_CC_m:GO:00058	microtubu	3/117	92/18678	0.020097	0.059805	0.035682	AURKB/BIF
GO_CC_m:GO:00465	U4/U6 x U	2/117	37/18678	0.022463	0.065275	0.038945	LSM6/SNL
GO_CC_m:GO:00975	spliceoson	2/117	37/18678	0.022463	0.065275	0.038945	LSM6/SNL
GO_CC_m:GO:00082	protein ser	2/117	38/18678	0.023615	0.067045	0.040001	PPP1CC/P
GO_CC_m:GO:19032	phosphata	2/117	38/18678	0.023615	0.067045	0.040001	PPP1CC/P
GO_CC_m:GO:00004	MIS12/MI	1/117	4/18678	0.024824	0.068893	0.041104	MIS12
GO_CC_m:GO:00314	Cul7-RINC	1/117	4/18678	0.024824	0.068893	0.041104	CUL7
GO_CC_m:GO:00016	granular c	1/117	5/18678	0.030934	0.08305	0.04955	FBL
GO_CC_m:GO:00451	basal cort	1/117	5/18678	0.030934	0.08305	0.04955	CLASP2
GO_CC_m:GO:19903	3M compl	1/117	5/18678	0.030934	0.08305	0.04955	CUL7
GO_CC_m:GO:00710	U2-type p	2/117	48/18678	0.036394	0.090499	0.053995	LSM6/SNL
GO_CC_m:GO:00710	precatalyti	2/117	48/18678	0.036394	0.090499	0.053995	LSM6/SNL
GO_CC_m:GO:00308	meiotic co	1/117	6/18678	0.037006	0.090499	0.053995	SMC1A
GO_CC_m:GO:00314	Cul5-RINC	1/117	6/18678	0.037006	0.090499	0.053995	RNF7
GO_CC_m:GO:00443	dendritic s	1/117	6/18678	0.037006	0.090499	0.053995	FUS
GO_CC_m:GO:00616	mitotic spi	1/117	6/18678	0.037006	0.090499	0.053995	MAPRE1
GO_CC_m:GO:00707	pre-snoR	1/117	6/18678	0.037006	0.090499	0.053995	NOP58
GO_CC_m:GO:00709	CRD-medi	1/117	6/18678	0.037006	0.090499	0.053995	HNRNPU
GO_CC_m:GO:19901	messenger	1/117	6/18678	0.037006	0.090499	0.053995	HNRNPA3
GO_CC_m:GO:00723	PTW/PP1	1/117	7/18678	0.04304	0.103212	0.06158	PPP1CC
GO_CC_m:GO:01201	Lsm2-8 co	1/117	7/18678	0.04304	0.103212	0.06158	LSM6
GO_CC_m:GO:00321	cleavage fi	2/117	55/18678	0.046585	0.110638	0.066011	CENPC/PP
GO_CC_m:GO:00975	ciliary tran	1/117	8/18678	0.049036	0.114652	0.068405	CENPF
GO_CC_m:GO:00321	cell divisio	2/117	57/18678	0.049667	0.114652	0.068405	CENPC/PP
GO_CC_m:GO:00321	cell divisio	2/117	57/18678	0.049667	0.114652	0.068405	CENPC/PP
GO_CC_m:GO:00198	extrinsic c	4/47	102/18678	0.000125	0.000842	0.000292	AAK1/HIP
GO_CC_m:GO:00058	spindle	6/47	326/18678	0.000159	0.001036	0.00036	CLTCL1/H
GO_CC_m:GO:00360	ciliary bas	4/47	111/18678	0.000173	0.001096	0.000381	CEP290/D
GO_CC_m:GO:00975	ciliary tip	3/47	45/18678	0.000197	0.001209	0.00042	DYNC2H1
GO_CC_m:GO:00312	extrinsic c	3/47	54/18678	0.000339	0.002021	0.000702	HIP1/SNX
GO_CC_m:GO:00358	ciliary tran	3/47	61/18678	0.000485	0.002817	0.000979	CEP290/D
GO_CC_m:GO:00058	cytoplasm	3/47	62/18678	0.000509	0.002875	0.000999	DYNC2L1L
GO_CC_m:GO:00444	ciliary part	6/47	415/18678	0.000577	0.003146	0.001093	CEP290/D
GO_CC_m:GO:00312	leading ed	4/47	153/18678	0.000587	0.003146	0.001093	AMPH/AR
GO_CC_m:GO:00304	growth co	4/47	166/18678	0.000797	0.004047	0.001406	ARPC3/AR
GO_CC_m:GO:00058	cytoplasm	2/47	17/18678	0.000823	0.004047	0.001406	DYNC2H1
GO_CC_m:GO:00907	growth co	2/47	17/18678	0.000823	0.004047	0.001406	ARPC3/YV
GO_CC_m:GO:00017	ruffle	4/47	168/18678	0.000833	0.004047	0.001406	ARF4/DNM
GO_CC_m:GO:00304	site of pol	4/47	169/18678	0.000852	0.004047	0.001406	ARPC3/AR
GO_CC_m:GO:00990	postsynap	2/47	18/18678	0.000924	0.004292	0.001492	DNM2/SH
GO_CC_m:GO:00990	postsynap	2/47	21/18678	0.001262	0.005736	0.001993	DNM2/SH
GO_CC_m:GO:00058	trans-Gol	4/47	196/18678	0.001474	0.006434	0.002236	CLTCL1/DI
GO_CC_m:GO:00301	clathrin ve	2/47	23/18678	0.001516	0.006434	0.002236	CLTCL1/HI
GO_CC_m:GO:00325	ruffle mer	3/47	91/18678	0.001553	0.006434	0.002236	ARF4/DNM
GO_CC_m:GO:00198	extrinsic c	4/47	199/18678	0.001559	0.006434	0.002236	AAK1/HIP
GO_CC_m:GO:00319	vesicle lur	5/47	339/18678	0.00157	0.006434	0.002236	ARPC5/CE
GO_CC_m:GO:00977	photorece	3/47	98/18678	0.001921	0.007722	0.002683	CEP290/KI
GO_CC_m:GO:00977	9+0 non-r	3/47	99/18678	0.001978	0.007799	0.00271	CEP290/KI
GO_CC_m:GO:00018	phagocytic	2/47	27/18678	0.00209	0.007957	0.002765	DNM2/TRI
GO_CC_m:GO:00436	axon termi	3/47	101/18678	0.002094	0.007957	0.002765	AAK1/ITSN
GO_CC_m:GO:00021	podosome	2/47	29/18678	0.00241	0.008993	0.003125	KIF9/SH3C
GO_CC_m:GO:00618	growth co	1/47	1/18678	0.002516	0.009048	0.003145	ARPC3
GO_CC_m:GO:00974	multivesic	1/47	1/18678	0.002516	0.009048	0.003145	EGFR
GO_CC_m:GO:00344	centriolar	2/47	30/18678	0.002578	0.009048	0.003145	CEP290/O
GO_CC_m:GO:00059	cell cortex	4/47	229/18678	0.002598	0.009048	0.003145	FNBP1/SN
GO_CC_m:GO:00098	cytoplasm	3/47	114/18678	0.002953	0.010119	0.003516	HIP1/SNX
GO_CC_m:GO:00443	neuron pr	3/47	120/18678	0.003413	0.011505	0.003998	AAK1/ITSN
GO_CC_m:GO:00323	photorece	2/47	36/18678	0.003697	0.012222	0.004247	CEP290/KI

GO_CC_m:GO:00977: non-motil	3/47	124/18678	0.003743	0.012222	0.004247	CEP290/KI
GO_CC_m:GO:00302: dynein cor	2/47	39/18678	0.004328	0.013916	0.004836	DYNC2H1,
GO_CC_m:GO:00306: clathrin-cc	2/47	40/18678	0.004548	0.014403	0.005005	HIP1/LDLR
GO_CC_m:GO:00301: clathrin co	2/47	41/18678	0.004774	0.014448	0.005021	CLTCL1/HI
GO_CC_m:GO:00361: muscle cel	1/47	2/18678	0.005026	0.014448	0.005021	ARPC2
GO_CC_m:GO:00361: muscle cel	1/47	2/18678	0.005026	0.014448	0.005021	ARPC2
GO_CC_m:GO:00704: Shc-EGFR	1/47	2/18678	0.005026	0.014448	0.005021	EGFR
GO_CC_m:GO:00907: peripheral	1/47	2/18678	0.005026	0.014448	0.005021	ARPC3
GO_CC_m:GO:19906: PCSK9-LD	1/47	2/18678	0.005026	0.014448	0.005021	LDLR
GO_CC_m:GO:00985: cytoplasm	3/47	138/18678	0.005046	0.014448	0.005021	HIP1/SNX:
GO_CC_m:GO:00431: dendritic s	3/47	142/18678	0.005463	0.01543	0.005362	ARF4/ARR
GO_CC_m:GO:00057: Golgi-assc	3/47	145/18678	0.005789	0.015919	0.005532	CLTCL1/O
GO_CC_m:GO:00443: neuron spi	3/47	145/18678	0.005789	0.015919	0.005532	ARF4/ARR
GO_CC_m:GO:00100: endosome	5/47	464/18678	0.006021	0.016343	0.005679	EGFR/LDLF
GO_CC_m:GO:00319: early endo	3/47	148/18678	0.006126	0.016415	0.005704	EGFR/OCR
GO_CC_m:GO:00301: vesicle coe	2/47	48/18678	0.006494	0.017181	0.005971	CLTCL1/HI
GO_CC_m:GO:00058: plus-end k	1/47	3/18678	0.00753	0.019193	0.00667	KIF15
GO_CC_m:GO:00169: kinesin II c	1/47	3/18678	0.00753	0.019193	0.00667	KIFAP3
GO_CC_m:GO:00971: centralspir	1/47	3/18678	0.00753	0.019193	0.00667	KIF23
GO_CC_m:GO:00058: spindle mi	2/47	53/18678	0.007871	0.019819	0.006887	KIF18B/KIF
GO_CC_m:GO:00312: cell projec	4/47	317/18678	0.008183	0.020361	0.007076	ARF4/ARP
GO_CC_m:GO:00990: tethering c	2/47	55/18678	0.008455	0.020763	0.007216	NBAS/RIN
GO_CC_m:GO:00347: secretory c	4/47	321/18678	0.008544	0.020763	0.007216	ARPC5/CE
GO_CC_m:GO:00308: cortical aci	2/47	57/18678	0.009058	0.021759	0.007562	SNX9/WAS
GO_CC_m:GO:00451: intercellul	2/47	59/18678	0.00968	0.022989	0.007989	HAUS3/KIF
GO_CC_m:GO:00304: actin cap	1/47	4/18678	0.010028	0.023288	0.008093	WASL
GO_CC_m:GO:00974: multivesic	1/47	4/18678	0.010028	0.023288	0.008093	EGFR
GO_CC_m:GO:00602: cytoplasm	4/47	338/18678	0.010192	0.023408	0.008135	ARPC5/CE
GO_CC_m:GO:00057: early endo	4/47	340/18678	0.010399	0.023623	0.00821	EGFR/LDLF
GO_CC_m:GO:00328: plasma me	3/47	181/18678	0.010618	0.023862	0.008292	DYNC2LI1,
GO_CC_m:GO:00985: side of me	4/47	359/18678	0.012498	0.026976	0.009375	HIP1/LDLR
GO_CC_m:GO:00907: central rec	1/47	5/18678	0.01252	0.026976	0.009375	YWHAE
GO_CC_m:GO:00988: presynapti	1/47	5/18678	0.01252	0.026976	0.009375	FCHO2
GO_CC_m:GO:00988: extrinsic c	1/47	5/18678	0.01252	0.026976	0.009375	HIP1
GO_CC_m:GO:00451: apical part	4/47	365/18678	0.013214	0.028181	0.009793	DYNC2H1,
GO_CC_m:GO:00163: basolatera	3/47	201/18678	0.014066	0.029696	0.01032	ARRB1/EG
GO_CC_m:GO:00306: phagocytic	2/47	74/18678	0.01492	0.030746	0.010685	DNM2/OC
GO_CC_m:GO:00988: postsynap	1/47	6/18678	0.015005	0.030746	0.010685	ITSN1
GO_CC_m:GO:19900: periciliary	1/47	6/18678	0.015005	0.030746	0.010685	KIFAP3
GO_CC_m:GO:00970: synaptic r	4/47	395/18678	0.017185	0.03487	0.012118	ARRB1/DN
GO_CC_m:GO:00986: photorece	1/47	7/18678	0.017485	0.035137	0.012211	PACSIN1
GO_CC_m:GO:00308: cortical cyt	2/47	81/18678	0.017699	0.03523	0.012243	SNX9/WAS
GO_CC_m:GO:00301: membran	2/47	86/18678	0.019809	0.038268	0.013299	CLTCL1/HI
GO_CC_m:GO:00484: coated me	2/47	86/18678	0.019809	0.038268	0.013299	CLTCL1/HI
GO_CC_m:GO:00324: cuticular p	1/47	8/18678	0.019958	0.038268	0.013299	SNX9
GO_CC_m:GO:00706: HAUS corr	1/47	8/18678	0.019958	0.038268	0.013299	HAUS3
GO_CC_m:GO:00995: postsynap	1/47	9/18678	0.022425	0.042237	0.014678	ITSN1
GO_CC_m:GO:00057: late endos	3/47	240/18678	0.022432	0.042237	0.014678	CLTCL1/EC
GO_CC_m:GO:00726: mitotic spi	2/47	97/18678	0.024798	0.045625	0.015855	HAUS3/KIF
GO_CC_m:GO:00002: astral micr	1/47	10/18678	0.024886	0.045625	0.015855	KIF18B
GO_CC_m:GO:00058: aster	1/47	10/18678	0.024886	0.045625	0.015855	KIF18B
GO_CC_m:GO:00059: axoneme	2/47	100/18678	0.026239	0.047686	0.016572	DYNC2LI1,
GO_CC_m:GO:00970: ciliary plas	2/47	101/18678	0.026727	0.048019	0.016688	DYNC2LI1,
GO_CC_m:GO:00301: AP-2 ada	1/47	11/18678	0.027341	0.048019	0.016688	HIP1
GO_CC_m:GO:00301: clathrin co	1/47	11/18678	0.027341	0.048019	0.016688	CLTCL1
GO_CC_m:GO:00974: ribbon syn	1/47	11/18678	0.027341	0.048019	0.016688	PACSIN1
GO_CC_m:GO:00301: clathrin co	1/47	12/18678	0.02979	0.051456	0.017882	HIP1
GO_CC_m:GO:00992: extrinsic c	1/47	12/18678	0.02979	0.051456	0.017882	HIP1

GO_CC_m:GO:00125: trans-Golc	1/47	13/18678	0.032233	0.054328	0.01888	CLTCL1
GO_CC_m:GO:00360: endolysos	1/47	13/18678	0.032233	0.054328	0.01888	LDLR
GO_CC_m:GO:00360: MKS com	1/47	13/18678	0.032233	0.054328	0.01888	CEP290
GO_CC_m:GO:00343: low-densit	1/47	14/18678	0.03467	0.057968	0.020145	LDLR
GO_CC_m:GO:00140: postsynap	3/47	290/18678	0.036376	0.060338	0.020969	ARRB1/DN
GO_CC_m:GO:00322: asymmetri	3/47	294/18678	0.037647	0.061955	0.02153	ARRB1/DN
GO_CC_m:GO:00058: centriole	2/47	124/18678	0.038921	0.063545	0.022083	CEP290/O
GO_CC_m:GO:00301: clathrin co	1/47	16/18678	0.039526	0.063545	0.022083	HIP1
GO_CC_m:GO:00353: microtubu	1/47	16/18678	0.039526	0.063545	0.022083	KIF18B
GO_CC_m:GO:00444: cell cortex	2/47	128/18678	0.041223	0.06527	0.022682	SNX9/WA
GO_CC_m:GO:00453: phagocytic	2/47	128/18678	0.041223	0.06527	0.022682	DNM2/OC
GO_CC_m:GO:00311: pseudopo	1/47	17/18678	0.041945	0.065421	0.022735	ARRB1
GO_CC_m:GO:00974: apical den	1/47	17/18678	0.041945	0.065421	0.022735	ITSN1
GO_CC_m:GO:00009: gamma-tu	1/47	18/18678	0.044358	0.068167	0.02369	CEP290
GO_CC_m:GO:00360: endolysos	1/47	18/18678	0.044358	0.068167	0.02369	LDLR
GO_CC_m:GO:00989: neuron to	3/47	315/18678	0.044689	0.068176	0.023692	ARRB1/DN
GO_CC_m:GO:00995: postsynap	3/47	316/18678	0.04504	0.068213	0.023705	ARRB1/DN
GO_CC_m:GO:00319: filamentou	1/47	19/18678	0.046765	0.070315	0.024436	ARPC3
GO_CC_m:GO:00427: presynapti	2/47	141/18678	0.049045	0.073218	0.025445	FCHO2/HI
GO_CC_m:GO:00007: condensc	2月16日	75/18678	0.001841	0.025771	0.021314	NIFK/RRS1
GO_CC_m:GO:00007: condensc	2月16日	199/18678	0.012285	0.075407	0.062367	NIFK/RRS1
GO_CC_m:GO:00056: telomeras	1月16日	19/18678	0.016159	0.075407	0.062367	NAT10
GO_CC_m:GO:00166: PML body	2月14日	99/18678	0.002428	0.08012	0.071559	ISG20/SP1
GO_CC_m:GO:00308: Mre11 cor	1月14日	7/18678	0.005236	0.082192	0.073409	SP100
GO_CC_m:GO:00971: tetraspanir	1月14日	10/18678	0.007472	0.082192	0.073409	SAMHD1
GO_CC_m:GO:00358: site of dou	1月14日	51/18678	0.037569	0.150674	0.134573	SAMHD1
GO_CC_m:GO:00907: site of DN	1月14日	65/18678	0.04765	0.150674	0.134573	SAMHD1
GO_CC_m:GO:00602: cytoplasm	9/104	338/18678	0.000114	0.001464	0.000779	APP/CTSM
GO_CC_m:GO:00319: vesicle lurr	9/104	339/18678	0.000116	0.001464	0.000779	APP/CTSM
GO_CC_m:GO:00058: muscle my	3/104	18/18678	0.000129	0.001551	0.000825	MYBPC3/M
GO_CC_m:GO:00431: dendritic s	6/104	142/18678	0.000143	0.001645	0.000875	ADORA1//
GO_CC_m:GO:00363: myofilame	3/104	19/18678	0.000152	0.001645	0.000875	MYBPC3/T
GO_CC_m:GO:00057: Golgi-assc	6/104	145/18678	0.00016	0.001645	0.000875	APP/F5/GI
GO_CC_m:GO:00443: neuron spi	6/104	145/18678	0.00016	0.001645	0.000875	ADORA1//
GO_CC_m:GO:00428: platelet de	3/104	21/18678	0.000207	0.002051	0.001091	CTSW/FAN
GO_CC_m:GO:00164: myosin II c	3/104	22/18678	0.000239	0.002284	0.001215	MYBPC3/M
GO_CC_m:GO:00487: presynapti	4/104	60/18678	0.000348	0.003214	0.00171	ADORA1//
GO_CC_m:GO:00989: neuron to	8/104	315/18678	0.000379	0.00339	0.001804	ADORA1/I
GO_CC_m:GO:00021: podosome	3/104	29/18678	0.000552	0.004774	0.00254	RHOA/SRC
GO_CC_m:GO:00301: COPII-coa	4/104	69/18678	0.000594	0.004985	0.002652	APP/F5/HI
GO_CC_m:GO:00058: troponin c	2/104	7/18678	0.000633	0.005159	0.002745	TNNC2/TN
GO_CC_m:GO:00444: contractile	6/104	192/18678	0.000719	0.005689	0.003026	MYBPC3/M
GO_CC_m:GO:00987: presynaps	9/104	438/18678	0.00076	0.005846	0.00311	ADORA1//
GO_CC_m:GO:00300: myofibril	6/104	197/18678	0.000822	0.006153	0.003273	MYBPC3/M
GO_CC_m:GO:00430: neuronal c	9/104	454/18678	0.000978	0.00713	0.003793	ADORA1//
GO_CC_m:GO:00431: dendritic s	3/104	36/18678	0.001048	0.007259	0.003862	APP/GPER
GO_CC_m:GO:00985: cytoplasm	5/104	138/18678	0.001048	0.007259	0.003862	GNA15/GI
GO_CC_m:GO:00432: contractile	6/104	209/18678	0.001116	0.007538	0.00401	MYBPC3/M
GO_CC_m:GO:00164: unconvent	2/104	10/18678	0.001342	0.008852	0.004709	MYL6/MY
GO_CC_m:GO:00322: symmetric	2/104	11/18678	0.001634	0.010429	0.005548	NTSR1/PEI
GO_CC_m:GO:00312: leading ed	5/104	153/18678	0.001657	0.010429	0.005548	ADORA1/C
GO_CC_m:GO:00995: postsynap	7/104	316/18678	0.001945	0.01197	0.006368	ADORA1/I
GO_CC_m:GO:00436: axon termi	4/104	101/18678	0.002449	0.014746	0.007845	ADORA1/C
GO_CC_m:GO:00198: extrinsic c	4/104	102/18678	0.002538	0.014958	0.007958	ANXA1/GI
GO_CC_m:GO:00300: sarcomere	5/104	174/18678	0.002899	0.016728	0.0089	MYBPC3/M
GO_CC_m:GO:00312: extrinsic c	3/104	54/18678	0.003385	0.018876	0.010043	GNA15/HI
GO_CC_m:GO:00058: striated m	2/104	16/18678	0.003502	0.018876	0.010043	TNNC2/TN
GO_CC_m:GO:00426: MHC class	2/104	16/18678	0.003502	0.018876	0.010043	HLA-DPB1

GO_CC_m GO:00989	glutamate	7/104	352/18678	0.003544	0.018876	0.010043	ADORA2B
GO_CC_m GO:00098	cytoplasm	4/104	114/18678	0.003788	0.019798	0.010533	GNA15/H
GO_CC_m GO:00300	lamellipod	5/104	191/18678	0.004313	0.022122	0.011769	APP/ARAP
GO_CC_m GO:00443	neuron pr	4/104	120/18678	0.004547	0.022898	0.012182	ADORA1/C
GO_CC_m GO:00098	external si	5/104	199/18678	0.005125	0.023939	0.012736	ANXA1/CC
GO_CC_m GO:00198	extrinsic c	5/104	199/18678	0.005125	0.023939	0.012736	ANXA1/GN
GO_CC_m GO:00432	perikaryon	4/104	127/18678	0.005554	0.023939	0.012736	APP/GNRH
GO_CC_m GO:00147	C zone	1/104	1/18678	0.005568	0.023939	0.012736	MYBPC3
GO_CC_m GO:00345	synaptic v	1/104	1/18678	0.005568	0.023939	0.012736	PENK
GO_CC_m GO:00363	TCR signal	1/104	1/18678	0.005568	0.023939	0.012736	LCP2
GO_CC_m GO:00988	dense cor	1/104	1/18678	0.005568	0.023939	0.012736	PENK
GO_CC_m GO:00990	neuronal c	1/104	1/18678	0.005568	0.023939	0.012736	PENK
GO_CC_m GO:19900	neurosecre	1/104	1/18678	0.005568	0.023939	0.012736	GNRH1
GO_CC_m GO:00140	postsynap	6/104	290/18678	0.005671	0.023939	0.012736	ADORA1/I
GO_CC_m GO:00443	main axon	3/104	65/18678	0.005704	0.023939	0.012736	ADORA1//
GO_CC_m GO:00990	postsynap	2/104	21/18678	0.006018	0.024656	0.013117	SRC/YES1
GO_CC_m GO:00322	asymmetri	6/104	294/18678	0.006053	0.024656	0.013117	ADORA1/I
GO_CC_m GO:00310	platelet al	3/104	67/18678	0.006206	0.024913	0.013254	APP/F5/TII
GO_CC_m GO:00970	synaptic r	7/104	395/18678	0.006589	0.025377	0.013501	ADORA1//
GO_CC_m GO:00329	myosin fila	2/104	22/18678	0.006596	0.025377	0.013501	MYBPC3/M
GO_CC_m GO:00426	mast cell c	2/104	22/18678	0.006596	0.025377	0.013501	ANXA1/LA
GO_CC_m GO:00427	presynapti	4/104	141/18678	0.007993	0.030329	0.016136	ADORA1/C
GO_CC_m GO:00990	integral co	3/104	74/18678	0.008166	0.030566	0.016262	ADORA1/C
GO_CC_m GO:00426	MHC prot	2/104	25/18678	0.008474	0.031297	0.016651	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00059	cell-cell ac	3/104	79/18678	0.009764	0.03541	0.018839	ANXA1/TM
GO_CC_m GO:00018	phagocytic	2/104	27/18678	0.009843	0.03541	0.018839	ANXA1/AF
GO_CC_m GO:00442	axonal grc	2/104	28/18678	0.010562	0.036837	0.019598	MYO9A/TI
GO_CC_m GO:00059	phosphatic	1/104	2/18678	0.011105	0.036837	0.019598	PIK3R1
GO_CC_m GO:00380	G protein-	1/104	2/18678	0.011105	0.036837	0.019598	GABBR2
GO_CC_m GO:00704	Grb2-EGF1	1/104	2/18678	0.011105	0.036837	0.019598	GRB2
GO_CC_m GO:19900	granular v	1/104	2/18678	0.011105	0.036837	0.019598	GNRH1
GO_CC_m GO:00988	intrinsic cc	3/104	83/18678	0.011166	0.036837	0.019598	ADORA1/C
GO_CC_m GO:00715	integral co	2/104	29/18678	0.011304	0.036837	0.019598	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00985	luminal si	2/104	29/18678	0.011304	0.036837	0.019598	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00325	trans-Golc	3/104	85/18678	0.011908	0.038353	0.020405	APP/HLA-
GO_CC_m GO:00306	endocytic	4/104	161/18678	0.01256	0.03999	0.021276	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00310	platelet al	3/104	91/18678	0.0143	0.044508	0.023679	APP/F5/TII
GO_CC_m GO:00325	ruffle mem	3/104	91/18678	0.0143	0.044508	0.023679	SRC/TIAM
GO_CC_m GO:00017	ruffle	4/104	168/18678	0.014484	0.044578	0.023716	FGD4/SRC
GO_CC_m GO:00301	coated ves	5/104	261/18678	0.01539	0.046847	0.024923	APP/DVL1
GO_CC_m GO:00081	COP9 sign	2/104	35/18678	0.016212	0.048438	0.02577	GRB2/LAT
GO_CC_m GO:00058	striated m	1/104	3/18678	0.016612	0.048438	0.02577	MYBPC3
GO_CC_m GO:00971	centralspir	1/104	3/18678	0.016612	0.048438	0.02577	ECT2
GO_CC_m GO:19907	growth co	1/104	3/18678	0.016612	0.048438	0.02577	APP
GO_CC_m GO:00431	terminal b	2/104	37/18678	0.018016	0.051984	0.027656	ADORA1/I
GO_CC_m GO:00306	Golgi-assc	3/104	102/18678	0.019347	0.055249	0.029393	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00306	clathrin-cc	2/104	40/18678	0.020874	0.059	0.031389	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00163	nuclear m	3/104	106/18678	0.021396	0.059267	0.031531	GHRHR/PF
GO_CC_m GO:00448	plasma m	3/104	106/18678	0.021396	0.059267	0.031531	HCK/LCP2
GO_CC_m GO:19905	perinuclea	1/104	4/18678	0.022089	0.059986	0.031913	PIK3R1
GO_CC_m GO:19908	growth co	1/104	4/18678	0.022089	0.059986	0.031913	APP
GO_CC_m GO:00301	endocytic	5/104	289/18678	0.022792	0.061295	0.03261	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00432	receptor c	5/104	292/18678	0.023701	0.062705	0.03336	ADORA2A//
GO_CC_m GO:00325	neuron pr	2/104	43/18678	0.023907	0.062705	0.03336	ADORA1/C
GO_CC_m GO:00058	trans-Golc	4/104	196/18678	0.023995	0.062705	0.03336	APP/GPER
GO_CC_m GO:00163	basolatera	4/104	201/18678	0.026012	0.067341	0.035826	ADORA1//
GO_CC_m GO:00976	phosphatic	1/104	5/18678	0.027535	0.069338	0.036889	PIK3R1
GO_CC_m GO:00985	cytoplasm	1/104	5/18678	0.027535	0.069338	0.036889	GNRH1

GO_CC_m GO:00991	extrinsic c	1/104	5/18678	0.027535	0.069338	0.036889	TIAM1
GO_CC_m GO:00057	endoplasm	5/104	306/18678	0.028251	0.070501	0.037508	APP/F2/F5
GO_CC_m GO:00056	nuclear en	6/104	420/18678	0.030002	0.074201	0.039476	APP/EDNR
GO_CC_m GO:00312	cell projec	5/104	317/18678	0.032192	0.077351	0.041152	ADORA1/C
GO_CC_m GO:00423	sarcolemm	3/104	125/18678	0.032691	0.077351	0.041152	ANXA1/G
GO_CC_m GO:00380	G protein-	1/104	6/18678	0.032951	0.077351	0.041152	GABBR2
GO_CC_m GO:00443	dendritic s	1/104	6/18678	0.032951	0.077351	0.041152	GPER1
GO_CC_m GO:00988	extrinsic c	1/104	6/18678	0.032951	0.077351	0.041152	TIAM1
GO_CC_m GO:00989	neuronal c	1/104	6/18678	0.032951	0.077351	0.041152	PENK
GO_CC_m GO:00343	nuclear pe	3/104	126/18678	0.033357	0.077645	0.041308	GHRHR/PF
GO_CC_m GO:00453	phagocytic	3/104	128/18678	0.034709	0.08012	0.042625	INPP5B/R
GO_CC_m GO:00125	ER to Golg	2/104	55/18678	0.037664	0.086222	0.045872	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00708	cell body f	1/104	7/18678	0.038337	0.086337	0.045933	PENK
GO_CC_m GO:00975	cardiac my	1/104	7/18678	0.038337	0.086337	0.045933	MYBPC3
GO_CC_m GO:00987	plasma m	6/104	451/18678	0.040267	0.089952	0.047856	GABBR2/G
GO_CC_m GO:00163	lateral plas	2/104	58/18678	0.041479	0.091002	0.048414	ANXA1/D
GO_CC_m GO:00453	clathrin-cc	2/104	59/18678	0.042782	0.091002	0.048414	HLA-DPB1
GO_CC_m GO:00058	heterotrim	1/104	8/18678	0.043694	0.091002	0.048414	GNA15
GO_CC_m GO:00312	extrinsic c	1/104	8/18678	0.043694	0.091002	0.048414	ANXA1
GO_CC_m GO:00313	extrinsic c	1/104	8/18678	0.043694	0.091002	0.048414	ANXA1
GO_CC_m GO:00976	G protein-	1/104	8/18678	0.043694	0.091002	0.048414	GABBR2
GO_CC_m GO:00988	extrinsic c	1/104	8/18678	0.043694	0.091002	0.048414	TIAM1
GO_CC_m GO:19027	GABA rece	1/104	8/18678	0.043694	0.091002	0.048414	GABBR2
GO_CC_m GO:19053	GTPase co	1/104	8/18678	0.043694	0.091002	0.048414	GNA15
GO_CC_m GO:00301	transport \	5/104	349/18678	0.045546	0.094151	0.05009	APP/HCK/
GO_CC_m GO:00325	integral co	2/104	63/18678	0.048143	0.098783	0.052554	CNR1/RHC
GO_CC_m GO:00056	nuclear en	1/104	9/18678	0.049021	0.099844	0.053119	APP
GO_CC_m GO:00985	intrinsic cc	2/104	64/18678	0.04952	0.100124	0.053268	CNR1/RHC
GO_CC_m GO:00444	ciliary part	7/55	415/18678	0.000206	0.001132	0.000582	CEP78/CN
GO_CC_m GO:00166	PML body	4/55	99/18678	0.000206	0.001132	0.000582	RPA2/TP5
GO_CC_m GO:00058	spindle	6/55	326/18678	0.000381	0.002042	0.001049	CDK5RAP2
GO_CC_m GO:00007	nuclear ch	4/55	121/18678	0.000443	0.002314	0.001189	ERCC1/PA
GO_CC_m GO:00058	spindle mi	3/55	53/18678	0.00051	0.002599	0.001335	KIF11/KIF3
GO_CC_m GO:19041	axon cyto	3/55	54/18678	0.000539	0.002681	0.001377	KIF3A/KIF4
GO_CC_m GO:00058	microtubu	6/55	357/18678	0.000615	0.002992	0.001537	CDK5RAP2
GO_CC_m GO:00002	pericentric	2/55	20/18678	0.001563	0.007427	0.003815	CDK5RAP2
GO_CC_m GO:00304	midbody	4/55	171/18678	0.001608	0.007469	0.003837	CNTRL/KIF
GO_CC_m GO:01201	neuron pr	3/55	80/18678	0.001691	0.007683	0.003947	KIF3A/KIF4
GO_CC_m GO:00328	plasma m	4/55	181/18678	0.001979	0.008801	0.004521	KIF3A/KIF4
GO_CC_m GO:00226	proteasom	2/55	23/18678	0.00207	0.009014	0.004631	PSMD9/PS
GO_CC_m GO:00058	microtubu	3/55	92/18678	0.002521	0.010753	0.005524	ACTR1A/D
GO_CC_m GO:00007	condensec	4/55	199/18678	0.00279	0.011397	0.005855	ANAPC16/
GO_CC_m GO:00313	Rad17 RFC	1/55	1/18678	0.002945	0.011397	0.005855	RAD17
GO_CC_m GO:00324	extrinsic c	1/55	1/18678	0.002945	0.011397	0.005855	RAB7A
GO_CC_m GO:00436	delta DNA	1/55	1/18678	0.002945	0.011397	0.005855	POLD3
GO_CC_m GO:19903	sumoylate	1/55	1/18678	0.002945	0.011397	0.005855	UBE2I
GO_CC_m GO:00007	condensec	3/55	100/18678	0.003193	0.012133	0.006233	ANAPC16/
GO_CC_m GO:00007	condensec	3/55	110/18678	0.004174	0.015579	0.008003	ANAPC16/
GO_CC_m GO:00001	nucleotide	1/55	2/18678	0.005881	0.021191	0.010886	ERCC1
GO_CC_m GO:00971	cyclin A1-	1/55	2/18678	0.005881	0.021191	0.010886	CCNA1
GO_CC_m GO:00995	cytoplasm	5/55	402/18678	0.006485	0.022974	0.011802	ACTR1A/K
GO_CC_m GO:00007	kinetochor	3/55	131/18678	0.006781	0.023621	0.012134	ANAPC16/
GO_CC_m GO:00975	ciliary tip	2/55	45/18678	0.007772	0.026629	0.01368	KIF3A/KIF3
GO_CC_m GO:00003	extrinsic c	1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	RAB7A
GO_CC_m GO:00004	core TFIIH	1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	GTF2H3
GO_CC_m GO:00085	proteasom	1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	PSME1
GO_CC_m GO:00085	proteasom	1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	PSMD9
GO_CC_m GO:00169	kinesin II c	1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	KIF3A

GO_CC_m!GO:00313! Elg1 RFC-1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	RFC1
GO_CC_m!GO:00443! dendritic t 1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	AKAP9
GO_CC_m!GO:00971! cyclin A2-1/55	3/18678	0.008808	0.026681	0.013706	CCNA1
GO_CC_m!GO:00009! spindle po 3/55	152/18678	0.010177	0.030385	0.015609	CDK5RAP2
GO_CC_m!GO:00321! cleavage fi 2/55	55/18678	0.011441	0.033576	0.017249	KIF20A/PL
GO_CC_m!GO:00332! I-kappaB/I 1/55	4/18678	0.011728	0.033576	0.017249	NFKBIA
GO_CC_m!GO:00705! ERCC4-ER 1/55	4/18678	0.011728	0.033576	0.017249	ERCC1
GO_CC_m!GO:00321! cell divisio 2/55	57/18678	0.012251	0.034139	0.017538	KIF20A/PL
GO_CC_m!GO:00321! cell divisio 2/55	57/18678	0.012251	0.034139	0.017538	KIF20A/PL
GO_CC_m!GO:00056! DNA replic 1/55	5/18678	0.014638	0.038243	0.019646	RFC1
GO_CC_m!GO:00314! Cul4B-RIN 1/55	5/18678	0.014638	0.038243	0.019646	DDB2
GO_CC_m!GO:00985! deuteroso 1/55	5/18678	0.014638	0.038243	0.019646	PLK4
GO_CC_m!GO:00991! extrinsic c 1/55	5/18678	0.014638	0.038243	0.019646	AKAP9
GO_CC_m!GO:19901! spermatoz 1/55	5/18678	0.014638	0.038243	0.019646	PSMB9
GO_CC_m!GO:00007! chromosom 3/55	185/18678	0.017206	0.043643	0.02242	ANAPC16/
GO_CC_m!GO:00004! transcriptic 1/55	6/18678	0.017541	0.043643	0.02242	GTF2H3
GO_CC_m!GO:00975! transcriptic 1/55	6/18678	0.017541	0.043643	0.02242	GTF2H3
GO_CC_m!GO:00988! extrinsic c 1/55	6/18678	0.017541	0.043643	0.02242	AKAP9
GO_CC_m!GO:00058! dynactin c 1/55	7/18678	0.020435	0.050052	0.025713	ACTR1A
GO_CC_m!GO:00007! condensc 2/55	75/18678	0.020596	0.050052	0.025713	NEK2/UBE
GO_CC_m!GO:00009! gamma-tu 1/55	8/18678	0.02332	0.053559	0.027515	CDK5RAP2
GO_CC_m!GO:00021! manchette 1/55	8/18678	0.02332	0.053559	0.027515	ACTR1A
GO_CC_m!GO:00059! cAMP-dep 1/55	8/18678	0.02332	0.053559	0.027515	PRKACA
GO_CC_m!GO:00082! gamma-tu 1/55	8/18678	0.02332	0.053559	0.027515	CDK5RAP2
GO_CC_m!GO:00988! extrinsic c 1/55	8/18678	0.02332	0.053559	0.027515	AKAP9
GO_CC_m!GO:01201! centriolar 1/55	9/18678	0.026197	0.059513	0.030574	CNTRL
GO_CC_m!GO:00058! proteasom 1/55	10/18678	0.029066	0.064626	0.0332	PSMD9
GO_CC_m!GO:00352! ciliary root 1/55	10/18678	0.029066	0.064626	0.0332	KIF5B
GO_CC_m!GO:00726! mitotic spi 2/55	97/18678	0.03317	0.072973	0.037488	CDK5RAP2
GO_CC_m!GO:00058! kinesin cor 1/55	12/18678	0.034779	0.074936	0.038497	KIF3A
GO_CC_m!GO:00992! extrinsic c 1/55	12/18678	0.034779	0.074936	0.038497	AKAP9
GO_CC_m!GO:00017! XY body 1/55	13/18678	0.037623	0.079427	0.040803	PLK4
GO_CC_m!GO:00425! DNA polyr 1/55	13/18678	0.037623	0.079427	0.040803	POLD3
GO_CC_m!GO:00163! nuclear m 2/55	106/18678	0.038989	0.081307	0.041769	KIF4A/TP5
GO_CC_m!GO:00331! melanosom 1/55	14/18678	0.040459	0.081307	0.041769	RAB7A
GO_CC_m!GO:00340! phagopho 1/55	14/18678	0.040459	0.081307	0.041769	RAB7A
GO_CC_m!GO:00450! chitosome 1/55	14/18678	0.040459	0.081307	0.041769	RAB7A
GO_CC_m!GO:00907! pigment g 1/55	14/18678	0.040459	0.081307	0.041769	RAB7A
GO_CC_m!GO:00360! ciliary bas 2/55	111/18678	0.042378	0.084352	0.043334	CEP78/TTE
GO_CC_m!GO:00353! microtubu 1/55	16/18678	0.046106	0.090907	0.046701	CDK5RAP2
GO_CC_m!GO:00058! cytoplasm 1/55	17/18678	0.048917	0.095549	0.049086	DYNC1H1
GO_CC_m!GO:00905! Flemming 2月11日	28/18678	0.000118	0.000245	9.78E-05	CHMP4C/
GO_CC_m!GO:00057! multivesic 1月11日	41/18678	0.023889	0.043969	0.017556	TSG101
GO_CC_m!GO:00056! nuclear en 2月11日	420/18678	0.024259	0.043969	0.017556	CHMP4B/(
GO_CC_m!GO:00301! membrane 1月11日	86/18678	0.049511	0.079767	0.031849	CHMP4B
GO_CC_m!GO:00484! coated me 1月11日	86/18678	0.049511	0.079767	0.031849	CHMP4B
GO_MF_m GO:00037! mRNA 3'-15/122	67/16969	0.00012	0.002253	0.001524	DDX5/ELA
GO_MF_m GO:00037! single-stra 5/122	68/16969	0.000128	0.002253	0.001524	HNRNPA1
GO_MF_m GO:00422! ISG15 tran 2/122	3/16969	0.000153	0.002273	0.001537	HERC5/UB
GO_MF_m GO:00508! phosphotr 2/122	3/16969	0.000153	0.002273	0.001537	FBXW7/NE
GO_MF_m GO:00551! ubiquitin-1 3/122	16/16969	0.00019	0.002614	0.001768	CDC20/FB
GO_MF_m GO:00452! cadherin b 9/122	297/16969	0.000296	0.003808	0.002575	EIF2S3/EIF
GO_MF_m GO:00082! poly(U) RN 3/122	20/16969	0.000378	0.00456	0.003084	HNRNPC/I
GO_MF_m GO:00081! poly-pyrin 3/122	22/16969	0.000505	0.005135	0.003473	HNRNPC/I
GO_MF_m GO:00037! translation 2/122	5/16969	0.000505	0.005135	0.003473	ETF1/GSP1
GO_MF_m GO:00080! translation 2/122	5/16969	0.000505	0.005135	0.003473	ETF1/GSP1
GO_MF_m GO:00313! translation 3/122	23/16969	0.000578	0.005578	0.003773	EIF3B/EIF3
GO_MF_m GO:00198! sodium ch 2/122	6/16969	0.000755	0.006936	0.004691	NEDD4/NE

GO_MF_m	GO:00430	ribonucleo	5/122	107/16969	0.001048	0.008824	0.005968	DDX5/EIF3
GO_MF_m	GO:00970	ubiquitin- γ	2/122	7/16969	0.001052	0.008824	0.005968	CDC20/FB
GO_MF_m	GO:00043	helicase ac	5/122	128/16969	0.002316	0.018623	0.012595	AQR/DDX
GO_MF_m	GO:00080	5S rRNA b	2/122	11/16969	0.002703	0.020864	0.014111	RPL11/RPL
GO_MF_m	GO:00160	cyclosporin	2/122	13/16969	0.003797	0.028185	0.019062	PPIE/PPIH
GO_MF_m	GO:00508	cell adhesi	9/122	444/16969	0.004782	0.033699	0.02279	EIF2S3/EIF
GO_MF_m	GO:00451	translation	3/122	48/16969	0.004955	0.033699	0.02279	PABPC1/R
GO_MF_m	GO:00081	poly(A) bir	2/122	15/16969	0.005064	0.033699	0.02279	PABPC1/P
GO_MF_m	GO:00197	FAT10 acti	1/122	1/16969	0.00719	0.041297	0.02793	UBA6
GO_MF_m	GO:00323	oxidized p	1/122	1/16969	0.00719	0.041297	0.02793	RPS3
GO_MF_m	GO:00701	large ribos	1/122	1/16969	0.00719	0.041297	0.02793	RPL23A
GO_MF_m	GO:19048	TORC2 coi	1/122	1/16969	0.00719	0.041297	0.02793	RPL23A
GO_MF_m	GO:00700	proline-ric	2/122	18/16969	0.007275	0.041297	0.02793	NEDD4/W
GO_MF_m	GO:00707	poly-purin	2/122	21/16969	0.009846	0.054295	0.03672	PABPC1/P
GO_MF_m	GO:00355	MH2 dom.	1/122	2/16969	0.014328	0.072771	0.049215	DDX5
GO_MF_m	GO:00617	telomeric	1/122	2/16969	0.014328	0.072771	0.049215	HNRNPA1
GO_MF_m	GO:00988	mRNA cap	1/122	2/16969	0.014328	0.072771	0.049215	EIF3D
GO_MF_m	GO:00037	peptidyl- γ	2/122	26/16969	0.014887	0.072798	0.049234	PPIE/PPIH
GO_MF_m	GO:00463	SMAD bin	3/122	72/16969	0.015088	0.072798	0.049234	DDX5/SMI
GO_MF_m	GO:00168	cis-trans is	2/122	28/16969	0.017154	0.078825	0.053309	PPIE/PPIH
GO_MF_m	GO:00170	sodium ch	2/122	28/16969	0.017154	0.078825	0.053309	NEDD4/NE
GO_MF_m	GO:00616	ubiquitin γ	4/122	139/16969	0.018013	0.080847	0.054677	LRSAM1/N
GO_MF_m	GO:00616	ubiquitin- γ	4/122	145/16969	0.020685	0.086107	0.058235	LRSAM1/N
GO_MF_m	GO:00351	miRNA bir	2/122	31/16969	0.020809	0.086107	0.058235	ELAVL1/HI
GO_MF_m	GO:00316	beta-2 ad	1/122	3/16969	0.021415	0.086107	0.058235	NEDD4
GO_MF_m	GO:00353	selenocyst	1/122	3/16969	0.021415	0.086107	0.058235	RPL30
GO_MF_m	GO:00701	small ribos	1/122	3/16969	0.021415	0.086107	0.058235	RPS3
GO_MF_m	GO:00037	RNA helic	2/122	34/16969	0.024757	0.095564	0.06463	DDX5/DH
GO_MF_m	GO:00421	telomeric	1/2/122	34/16969	0.024757	0.095564	0.06463	HNRNPA1
GO_MF_m	GO:00082	ion chann	2/122	35/16969	0.026136	0.098142	0.066374	NEDD4/NE
GO_MF_m	GO:00162	channel in	2/122	36/16969	0.027546	0.098142	0.066374	NEDD4/NE
GO_MF_m	GO:00306	U1 snRNA	1/122	4/16969	0.028452	0.098142	0.066374	SNRPA
GO_MF_m	GO:00445	DNA topo	1/122	4/16969	0.028452	0.098142	0.066374	SRSF1
GO_MF_m	GO:00508	phosphos	1/122	4/16969	0.028452	0.098142	0.066374	NEDD4
GO_MF_m	GO:00325	ribonucleo	6/122	322/16969	0.028877	0.098142	0.066374	EFTUD2/EI
GO_MF_m	GO:00619	regulatory	2/122	37/16969	0.028985	0.098142	0.066374	ELAVL1/HI
GO_MF_m	GO:00018	nucleoside	6/122	329/16969	0.031603	0.105162	0.071121	EFTUD2/EI
GO_MF_m	GO:00198	potassium	1/122	5/16969	0.035439	0.112126	0.075831	NEDD4L
GO_MF_m	GO:00971	supercoile	1/122	5/16969	0.035439	0.112126	0.075831	RPS3
GO_MF_m	GO:19909	ubiquitin li	1/122	5/16969	0.035439	0.112126	0.075831	RPL11
GO_MF_m	GO:00453	protein ph	2/122	44/16969	0.039859	0.122108	0.082582	FBXW7/NE
GO_MF_m	GO:00506	androgen	2/122	44/16969	0.039859	0.122108	0.082582	DDX5/SNV
GO_MF_m	GO:00551	ubiquitin- γ	1/122	6/16969	0.042376	0.125823	0.085094	RPL11
GO_MF_m	GO:19904	U1 snRNP	1/122	6/16969	0.042376	0.125823	0.085094	SNRPA
GO_MF_m	GO:00430	ribosome	1/2/122	47/16969	0.044922	0.131003	0.088598	EIF3K/ETF1
GO_MF_m	GO:00316	ubiquitin γ	5/122	270/16969	0.045478	0.131003	0.088598	FBXW7/HE
GO_MF_m	GO:00084	translation	1/122	7/16969	0.049263	0.137794	0.09319	PABPC1
GO_MF_m	GO:19902	N6-methy	1/122	7/16969	0.049263	0.137794	0.09319	HNRNPC
GO_MF_m	GO:00039	DNA topo	1月19日	2/16969	0.002238	0.034319	0.021989	TOP2A
GO_MF_m	GO:00615	DNA topo	1月19日	2/16969	0.002238	0.034319	0.021989	TOP2A
GO_MF_m	GO:00039	DNA topo	1月19日	5/16969	0.005587	0.064246	0.041164	TOP2A
GO_MF_m	GO:00050	nuclear ex	1月19日	8/16969	0.008924	0.076931	0.049292	NUP214
GO_MF_m	GO:00434	protein me	1月19日	9/16969	0.010035	0.076931	0.049292	NUP153
GO_MF_m	GO:00974	cyclin-dep	1月19日	15/16969	0.016671	0.09007	0.05771	CCNA2
GO_MF_m	GO:00083	DNA bindi	1月19日	19/16969	0.021072	0.09007	0.05771	TOP2A
GO_MF_m	GO:00042	threonine-\alpha	1月19日	21/16969	0.023266	0.09007	0.05771	PSMA5
GO_MF_m	GO:00700	threonine-\alpha	1月19日	21/16969	0.023266	0.09007	0.05771	PSMA5
GO_MF_m	GO:00510	mitogen- α	1月19日	22/16969	0.024361	0.09007	0.05771	TPR

GO_MF_m	GO:00708	dynein cor	1月19日	22/16969	0.024361	0.09007	0.05771	TPR
GO_MF_m	GO:01401	nucleocytc	1月19日	23/16969	0.025454	0.09007	0.05771	NUP214
GO_MF_m	GO:00085	Ran GTPas	1月19日	28/16969	0.030906	0.101549	0.065066	NXT1
GO_MF_m	GO:00316	ubiquitin p	2月19日	270/16969	0.036098	0.108468	0.069499	AURKA/PS
GO_MF_m	GO:01401	(molecular	1月19日	36/16969	0.039569	0.108468	0.069499	NUP214
GO_MF_m	GO:00443	ubiquitin-l	2月19日	286/16969	0.040086	0.108468	0.069499	AURKA/PS
GO_MF_m	GO:00047	protein sei	1月19日	40/16969	0.043873	0.112119	0.071838	AURKA
GO_MF_m	GO:00020	opsin bind	1月10日	3/16969	0.001767	0.010602	0.00651	IFT20
GO_MF_m	GO:00156	tubulin bir	2月10日	252/16969	0.009138	0.036552	0.022444	TRAF3IP1/
GO_MF_m	GO:00484	beta-tubu	1月10日	38/16969	0.022175	0.060144	0.03693	IFT74
GO_MF_m	GO:00037	microtubu	1月10日	43/16969	0.02506	0.060144	0.03693	DYNLRB1
GO_MF_m	GO:00451	bioactive li	3/129	13/16969	0.000116	0.003112	0.00208	S1PR1/S1P
GO_MF_m	GO:00036	chromatin	12/129	437/16969	0.000126	0.003112	0.00208	ASH2L/CC
GO_MF_m	GO:01400	catalytic ac	7/129	152/16969	0.000162	0.003112	0.00208	DNMT1/D
GO_MF_m	GO:00038	DNA (cyto	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	DNMT1/D
GO_MF_m	GO:01024	dATP phos	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	ENTPD1/E
GO_MF_m	GO:01024	dCTP phos	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	ENTPD1/E
GO_MF_m	GO:01024	dUTP phos	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	ENTPD1/E
GO_MF_m	GO:01024	dTTP phos	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	ENTPD1/E
GO_MF_m	GO:01024	GTP phos	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	ENTPD1/E
GO_MF_m	GO:01024	8-oxo-dG	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	ENTPD1/E
GO_MF_m	GO:01024	dGTP phos	2/129	3/16969	0.000171	0.003112	0.00208	ENTPD1/E
GO_MF_m	GO:00306	protein bir	7/129	156/16969	0.00019	0.003302	0.002207	ABI2/ARPC
GO_MF_m	GO:00080	DNA-depe	5/129	72/16969	0.000219	0.003577	0.002391	NBN/RAD!
GO_MF_m	GO:00004	four-way j	3/129	16/16969	0.000224	0.003577	0.002391	RAD51B/W
GO_MF_m	GO:00600	molecular	8/129	216/16969	0.000247	0.003799	0.002539	ABI2/ARPC
GO_MF_m	GO:00168	phosphori	3/129	17/16969	0.00027	0.004	0.002673	ADCY3/AC
GO_MF_m	GO:00099	cyclase act	3/129	18/16969	0.000322	0.004603	0.003076	ADCY3/AC
GO_MF_m	GO:00090	DNA-met	2/129	5/16969	0.000565	0.007532	0.005035	DNMT1/D
GO_MF_m	GO:00164	C-C chem	2/129	5/16969	0.000565	0.007532	0.005035	CCR6/CCR
GO_MF_m	GO:00002	DNA sece	3/129	23/16969	0.00068	0.008775	0.005866	RAD51B/W
GO_MF_m	GO:00199	C-X-C che	2/129	6/16969	0.000843	0.01054	0.007045	ACKR3/CX
GO_MF_m	GO:00016	G protein-	7/129	205/16969	0.000978	0.011851	0.007922	ARRB2/CX
GO_MF_m	GO:00036	damaged	4/129	60/16969	0.001118	0.013159	0.008795	DDB1/NBN
GO_MF_m	GO:00973	7SK snRN	2/129	7/16969	0.001175	0.013424	0.008973	CCNT1/CC
GO_MF_m	GO:00700	RNA polyr	4/129	63/16969	0.001343	0.014917	0.009971	BIN1/CCN
GO_MF_m	GO:00040	ATP-depe	3/129	31/16969	0.001651	0.017852	0.011933	NBN/RUVI
GO_MF_m	GO:00054	SNAP rece	2/129	9/16969	0.001994	0.020985	0.014027	GOSR1/ST
GO_MF_m	GO:00150	coreceptor	3/129	40/16969	0.003453	0.03542	0.023676	ACKR3/CD
GO_MF_m	GO:00036	DNA helic	3/129	42/16969	0.003969	0.039687	0.026528	NBN/RUVI
GO_MF_m	GO:00080	cytoskelet	2/129	13/16969	0.004234	0.040326	0.026955	ABI2/NCK:
GO_MF_m	GO:00428	histone m	2/129	13/16969	0.004234	0.040326	0.026955	ASH2L/KM
GO_MF_m	GO:00045	nucleoside	2/129	14/16969	0.004915	0.044739	0.029905	AK9/NME7
GO_MF_m	GO:00036	single-stra	4/129	90/16969	0.004921	0.044739	0.029905	BRCA2/NA
GO_MF_m	GO:00426	ATPase ac	6/129	218/16969	0.006451	0.046073	0.030796	MYO10/NI
GO_MF_m	GO:00483	Rac GTPas	3/129	51/16969	0.006851	0.046073	0.030796	ABI2/DVL2
GO_MF_m	GO:00080	ATP-depe	3/129	52/16969	0.007231	0.046073	0.030796	NBN/RUVI
GO_MF_m	GO:00700	purine NTI	3/129	52/16969	0.007231	0.046073	0.030796	NBN/RUVI
GO_MF_m	GO:00314	myosin V	12/129	17/16969	0.007238	0.046073	0.030796	RAB11A/R
GO_MF_m	GO:00010	TFIIF-class	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CTDP1
GO_MF_m	GO:00048	compleme	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	C3AR1
GO_MF_m	GO:00049	N-formyl	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	FPR1
GO_MF_m	GO:00169	flavin-link	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	QSOX1
GO_MF_m	GO:00318	type 2A se	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	ARRB2
GO_MF_m	GO:00318	platelet ac	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	ARRB2
GO_MF_m	GO:00357	chemokine	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CCR7
GO_MF_m	GO:00357	chemokine	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CCR7
GO_MF_m	GO:00381	C-C motif	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CCR7

GO_MF_m	GO:00381	C-C motif	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CCR7
GO_MF_m	GO:00420	interleukin	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CD4
GO_MF_m	GO:00420	interleukin	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CD4
GO_MF_m	GO:00430	chromatin	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	CTCF
GO_MF_m	GO:00700	collagen V	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	THBS1
GO_MF_m	GO:00703	3'-flap-str	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	WRN
GO_MF_m	GO:00709	FHA doma	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	MDC1
GO_MF_m	GO:19901	euchroma	1/129	1/16969	0.007602	0.046073	0.030796	ASH2L
GO_MF_m	GO:00010	RNA polyr	2/129	18/16969	0.008102	0.048371	0.032332	CTDP1/RU
GO_MF_m	GO:00302	protein tyr	2/129	19/16969	0.00901	0.053003	0.035428	ABI1/GAS6
GO_MF_m	GO:00010	basal trans	3/129	60/16969	0.010716	0.061234	0.04093	CDC73/CT
GO_MF_m	GO:00010	basal RNA	3/129	60/16969	0.010716	0.061234	0.04093	CDC73/CT
GO_MF_m	GO:00507	low-densit	2/129	21/16969	0.010956	0.061727	0.041259	CLU/LDLR,
GO_MF_m	GO:00301	receptor si	2/129	22/16969	0.011993	0.065713	0.043924	LDLRAP1/I
GO_MF_m	GO:00430	gamma-tu	2/129	22/16969	0.011993	0.065713	0.043924	B9D2/BRC
GO_MF_m	GO:00001	SNARE bir	3/129	66/16969	0.013867	0.068076	0.045503	RAB11A/S
GO_MF_m	GO:00019	fibronectir	2/129	24/16969	0.014188	0.068076	0.045503	THBS1/VE
GO_MF_m	GO:00047	pyruvate k	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	PKM
GO_MF_m	GO:00081	hedgehog	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	B9D1
GO_MF_m	GO:00093	four-way j	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	WRN
GO_MF_m	GO:00169	thiol oxida	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	QSOX1
GO_MF_m	GO:00316	alpha-1A	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	ARRB2
GO_MF_m	GO:00317	follicle-stir	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	ARRB2
GO_MF_m	GO:00354	histone kir	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	CHEK1
GO_MF_m	GO:00431	vascular er	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	VEGFA
GO_MF_m	GO:00617	forked DN	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	WRN
GO_MF_m	GO:00618	telomeric	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	WRN
GO_MF_m	GO:00700	titin Z dor	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	ACTN2
GO_MF_m	GO:00703	flap-struct	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	WRN
GO_MF_m	GO:00710	eukaryotic	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	NCK1
GO_MF_m	GO:00987	FBXO fami	1/129	2/16969	0.015147	0.068076	0.045503	CDK6
GO_MF_m	GO:00703	lipoproteir	2/129	26/16969	0.016543	0.073523	0.049145	CLU/LDLR,
GO_MF_m	GO:00303	cyclin binc	2/129	28/16969	0.019052	0.083744	0.055976	CDK12/CD
GO_MF_m	GO:00087	S-adenosy	4/129	136/16969	0.020137	0.085736	0.057308	ASH2L/DN
GO_MF_m	GO:00168	ATPase ac	6/129	280/16969	0.020178	0.085736	0.057308	MYO10/NI
GO_MF_m	GO:00329	protein-cc	2/129	29/16969	0.020362	0.085736	0.057308	LDLRAP1/I
GO_MF_m	GO:00420	chemoattr	2/129	29/16969	0.020362	0.085736	0.057308	HGF/VEGF
GO_MF_m	GO:00080	chemokinε	2/129	30/16969	0.02171	0.086227	0.057636	CXCL3/CX
GO_MF_m	GO:00043	fructose-b	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	ALDOA
GO_MF_m	GO:00046	DNA-depe	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	PRKDC
GO_MF_m	GO:00316	alpha-1B	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	ARRB2
GO_MF_m	GO:00318	G protein-	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	ARRB2
GO_MF_m	GO:00513	FATZ bind	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	ACTN2
GO_MF_m	GO:00600	plus-end c	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	MYO10
GO_MF_m	GO:00700	fibrinogen	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	THBS1
GO_MF_m	GO:00709	type 1 mel	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	POMC
GO_MF_m	GO:19057	8-hydroxy	1/129	3/16969	0.022635	0.086227	0.057636	WRN
GO_MF_m	GO:19907	protein tyr	3/129	80/16969	0.023068	0.087049	0.058185	CD4/GAS6
GO_MF_m	GO:00510	actin filam	4/129	143/16969	0.023697	0.088588	0.059214	ACTN2/AR
GO_MF_m	GO:00170	Rho GTPaε	4/129	146/16969	0.025333	0.093826	0.062716	ABI2/DVL2
GO_MF_m	GO:00167	phosphotr	2/129	33/16969	0.025965	0.095286	0.063691	AK9/NME7
GO_MF_m	GO:00048	endopepti	4/129	149/16969	0.027036	0.095448	0.063799	GAS6/ITIH
GO_MF_m	GO:00017	phosphatic	2/129	35/16969	0.028974	0.095448	0.063799	GAS6/THB
GO_MF_m	GO:00302	clathrin bir	2/129	35/16969	0.028974	0.095448	0.063799	BIN1/LDLR
GO_MF_m	GO:00435	ADP bindii	2/129	35/16969	0.028974	0.095448	0.063799	PKM/RUVE
GO_MF_m	GO:00611	endopepti	4/129	154/16969	0.030022	0.095448	0.063799	GAS6/ITIH
GO_MF_m	GO:00004	Y-form DT	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	WRN
GO_MF_m	GO:00048	compleme	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	C3AR1

GO_MF_m GO:000501 vasopressin receptor activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	AVPR2
GO_MF_m GO:000511 scavenger activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	FPR1
GO_MF_m GO:000881 exodeoxyribonuclease activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	RAD1
GO_MF_m GO:001041 H3 histone H3K9me3 methyltransferase activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	BRCA2
GO_MF_m GO:003031 thyroid hormone receptor activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	ACTN2
GO_MF_m GO:003171 melanocortin receptor activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	POMC
GO_MF_m GO:003171 type 3 melanocortin receptor activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	POMC
GO_MF_m GO:003171 type 4 melanocortin receptor activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	POMC
GO_MF_m GO:006181 telomeric DNA telomerase activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	WRN
GO_MF_m GO:006201 D-loop DNA telomerase activity	1/129	4/16969	0.030066	0.095448	0.063799	WRN
GO_MF_m GO:001921 nucleobase phosphatase activity	2/129	36/16969	0.030529	0.096153	0.064271	AK9/NME7
GO_MF_m GO:003041 peptidase activity	4/129	157/16969	0.031904	0.098871	0.066087	GAS6/ITIH
GO_MF_m GO:001701 snRNA binding	2/129	37/16969	0.032115	0.098871	0.066087	CCNT1/CC
GO_MF_m GO:005101 chaperone activity	3/129	91/16969	0.032133	0.098871	0.066087	BIN1/CDC
GO_MF_m GO:000841 RNA polymerase activity	1/129	5/16969	0.037441	0.110121	0.073607	CTDP1
GO_MF_m GO:001661 oxidoreductase activity	1/129	5/16969	0.037441	0.110121	0.073607	QSOX1
GO_MF_m GO:003561 AP-1 adaptor activity	1/129	5/16969	0.037441	0.110121	0.073607	LDLRAP1
GO_MF_m GO:004311 ATP-dependent protein kinase activity	1/129	5/16969	0.037441	0.110121	0.073607	RUVBL1
GO_MF_m GO:007001 fructose bisphosphate aldolase activity	1/129	5/16969	0.037441	0.110121	0.073607	ALDOA
GO_MF_m GO:007191 WD40 domain-containing protein activity	1/129	5/16969	0.037441	0.110121	0.073607	DDB1
GO_MF_m GO:001681 lyase activity	4/129	168/16969	0.039388	0.115002	0.07687	ADCY3/AC
GO_MF_m GO:001801 histone lysine methyltransferase activity	2/129	43/16969	0.042285	0.121682	0.081335	ASH2L/KM
GO_MF_m GO:005081 extracellular matrix metalloproteinase activity	2/129	43/16969	0.042285	0.121682	0.081335	THBS1/VE
GO_MF_m GO:001561 tubulin binding	5/129	252/16969	0.043433	0.124095	0.082948	ALDOA/BS
GO_MF_m GO:000841 3'-5' exonuclease activity	2/129	44/16969	0.044083	0.125057	0.083591	RAD1/WRI
GO_MF_m GO:003241 MutLalpha activity	1/129	6/16969	0.044761	0.125205	0.08369	WRN
GO_MF_m GO:007031 thyroid hormone receptor activity	1/129	6/16969	0.044761	0.125205	0.08369	PKM
GO_MF_m GO:004811 tau protein kinase activity	2/129	45/16969	0.045908	0.127524	0.085239	BIN1/CLU
GO_MF_m GO:199081 promoter activity	2/129	46/16969	0.047762	0.131757	0.088069	DNMT1/RI
GO_MF_m GO:004231 chemokine activity	2/129	47/16969	0.049642	0.136006	0.090909	CXCL3/CX
GO_MF_m GO:001681 hydrolase activity	2月26日	10/16969	0.000101	0.000892	0.000356	ALOX12/A
GO_MF_m GO:001921 phosphatase activity	3月26日	77/16969	0.000217	0.001826	0.000728	PPP1R12A
GO_MF_m GO:000441 monooxygenase activity	3月26日	86/16969	0.0003	0.002417	0.000963	CYP2C8/C
GO_MF_m GO:000471 protein tyrosine kinase activity	3月26日	92/16969	0.000366	0.002819	0.001123	MTMR2/M
GO_MF_m GO:007031 aromatase activity	2月26日	21/16969	0.000466	0.003434	0.001368	CYP2C8/C
GO_MF_m GO:002001 heme biosynthesis	3月26日	106/16969	0.000555	0.003812	0.001519	CYP4F2/P1
GO_MF_m GO:001671 oxidoreductase activity	2月26日	23/16969	0.00056	0.003812	0.001519	CYP2C8/C
GO_MF_m GO:004691 tetrapyrrole biosynthesis	3月26日	116/16969	0.000722	0.00473	0.001885	CYP4F2/P1
GO_MF_m GO:000471 protein tyrosine kinase activity	3月26日	120/16969	0.000796	0.005034	0.002006	FGR/LCK/F
GO_MF_m GO:001991 protein phosphatase activity	3月26日	132/16969	0.001049	0.006405	0.002552	LCK/MTMI
GO_MF_m GO:000171 phosphorylation	2月26日	37/16969	0.001455	0.007137	0.002844	FGR/LCK
GO_MF_m GO:000461 peroxidase activity	2月26日	37/16969	0.001455	0.007137	0.002844	PTGS1/PT
GO_MF_m GO:000471 non-membrane-associated protein kinase activity	2月26日	37/16969	0.001455	0.007137	0.002844	FGR/PTK2I
GO_MF_m GO:000401 arachidonate 5-lipoxygenase activity	1月26日	1/16969	0.001532	0.007137	0.002844	ALOX5
GO_MF_m GO:004341 3-phosphoinositide-dependent kinase activity	1月26日	1/16969	0.001532	0.007137	0.002844	PTK2B
GO_MF_m GO:005281 arachidonate 4-lipoxygenase activity	1月26日	1/16969	0.001532	0.007137	0.002844	CYP4F2
GO_MF_m GO:005281 tocopherol binding	1月26日	1/16969	0.001532	0.007137	0.002844	CYP4F2
GO_MF_m GO:005281 alpha-tocopherol binding	1月26日	1/16969	0.001532	0.007137	0.002844	CYP4F2
GO_MF_m GO:005281 tocotrienol binding	1月26日	1/16969	0.001532	0.007137	0.002844	CYP4F2
GO_MF_m GO:001661 oxidoreductase activity	2月26日	40/16969	0.001699	0.00771	0.003072	PTGS1/PT
GO_MF_m GO:004531 protein phosphatase activity	2月26日	44/16969	0.002053	0.009083	0.003619	FGR/LCK
GO_MF_m GO:001991 phosphatase activity	3月26日	177/16969	0.002432	0.010497	0.004183	LCK/MTMI
GO_MF_m GO:001611 linoleate binding	1月26日	2/16969	0.003062	0.011532	0.004595	ALOX12
GO_MF_m GO:002301 MHC class II binding	1月26日	2/16969	0.003062	0.011532	0.004595	KLRD1
GO_MF_m GO:003491 Fc-gamma receptor binding	1月26日	2/16969	0.003062	0.011532	0.004595	FGR
GO_MF_m GO:005041 arachidonate 15-lipoxygenase activity	1月26日	2/16969	0.003062	0.011532	0.004595	ALOX15
GO_MF_m GO:005111 hepoxilin binding	1月26日	2/16969	0.003062	0.011532	0.004595	ALOX15
GO_MF_m GO:007251 Rho GTPase activity	1月26日	2/16969	0.003062	0.011532	0.004595	ROCK1

GO_MF_m	GO:00162	(antioxidan	2月26日	65/16969	0.004425	0.015328	0.006108	PTGS1/PTC
GO_MF_m	GO:00198	protein ph	2月26日	66/16969	0.004559	0.015328	0.006108	PPP4R2/SF
GO_MF_m	GO:00044	1-phosph	1月26日	3/16969	0.00459	0.015328	0.006108	PI4KA
GO_MF_m	GO:00163	(1-phosph	1月26日	3/16969	0.00459	0.015328	0.006108	PIP4K2C
GO_MF_m	GO:00341	very-low-c	1月26日	3/16969	0.00459	0.015328	0.006108	TREM2
GO_MF_m	GO:00426	CD8 recep	1月26日	3/16969	0.00459	0.015328	0.006108	LCK
GO_MF_m	GO:00512	phosphop	2月26日	76/16969	0.006001	0.017458	0.006956	FGR/LCK
GO_MF_m	GO:00083	arachidoni	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	CYP4F2
GO_MF_m	GO:00083	arachidoni	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	CYP4F2
GO_MF_m	GO:00186	alkane 1-n	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	CYP4F2
GO_MF_m	GO:00230	MHC class	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	KLRD1
GO_MF_m	GO:00336	oxidoredu	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	CYP2C8
GO_MF_m	GO:00348	caffeine ox	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	CYP2C8
GO_MF_m	GO:00500	leukotrien	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	CYP4F2
GO_MF_m	GO:00708	lipoteicho	1月26日	4/16969	0.006115	0.017458	0.006956	TREM2
GO_MF_m	GO:00044	inositol-pc	1月26日	5/16969	0.007638	0.0208	0.008288	INPP5E
GO_MF_m	GO:00341	apolipoprc	1月26日	5/16969	0.007638	0.0208	0.008288	TREM2
GO_MF_m	GO:01010	estrogen 1	1月26日	5/16969	0.007638	0.0208	0.008288	CYP2C8
GO_MF_m	GO:00044	phosphatic	1月26日	6/16969	0.009159	0.023841	0.0095	INPP5E
GO_MF_m	GO:00230	MHC class	1月26日	6/16969	0.009159	0.023841	0.0095	KLRD1
GO_MF_m	GO:00460	inositol tris	1月26日	6/16969	0.009159	0.023841	0.0095	INPP5E
GO_MF_m	GO:00049	NMDA glu	1月26日	7/16969	0.010678	0.02625	0.01046	PTK2B
GO_MF_m	GO:00167	oxidoredu	1月26日	7/16969	0.010678	0.02625	0.01046	CYP4F2
GO_MF_m	GO:00426	T cell rece	1月26日	7/16969	0.010678	0.02625	0.01046	LCK
GO_MF_m	GO:19904	(protein an	1月26日	7/16969	0.010678	0.02625	0.01046	KLRD1
GO_MF_m	GO:00167	oxidoredu	1月26日	8/16969	0.012195	0.028779	0.011467	CYP2C8
GO_MF_m	GO:00230	MHC class	1月26日	8/16969	0.012195	0.028779	0.011467	KLRD1
GO_MF_m	GO:00426	CD4 recep	1月26日	8/16969	0.012195	0.028779	0.011467	LCK
GO_MF_m	GO:00345	phosphatic	1月26日	9/16969	0.013709	0.031109	0.012395	INPP5E
GO_MF_m	GO:00349	immunogl	1月26日	9/16969	0.013709	0.031109	0.012395	FGR
GO_MF_m	GO:00527	phosphatic	1月26日	9/16969	0.013709	0.031109	0.012395	PI4KA
GO_MF_m	GO:01060	phosphatic	1月26日	10/16969	0.015221	0.034102	0.013588	INPP5E
GO_MF_m	GO:00055	phospholij	3月26日	363/16969	0.017533	0.038791	0.015456	ALOX15/P
GO_MF_m	GO:00152	(calcium-ac	1月26日	12/16969	0.018238	0.038893	0.015497	MTMR6
GO_MF_m	GO:00163	phosphatic	1月26日	12/16969	0.018238	0.038893	0.015497	PIP4K2C
GO_MF_m	GO:00170	GTP-Rho t	1月26日	12/16969	0.018238	0.038893	0.015497	ROCK1
GO_MF_m	GO:00046	calmodulir	1月26日	13/16969	0.019744	0.040635	0.016191	PTK2B
GO_MF_m	GO:00428	(histone me	1月26日	13/16969	0.019744	0.040635	0.016191	WDR82
GO_MF_m	GO:00527	inositol ph	1月26日	13/16969	0.019744	0.040635	0.016191	INPP5E
GO_MF_m	GO:00428	peptidogly	1月26日	14/16969	0.021247	0.043226	0.017224	TREM2
GO_MF_m	GO:00301	(low-densit	1月26日	15/16969	0.022747	0.045753	0.018231	TREM2
GO_MF_m	GO:00306	protein bir	2月26日	156/16969	0.023622	0.046648	0.018587	PPP4R2/SL
GO_MF_m	GO:00046	lysophospl	1月26日	16/16969	0.024246	0.046648	0.018587	PLA2G4A
GO_MF_m	GO:00081	protein ph	1月26日	16/16969	0.024246	0.046648	0.018587	SHOC2
GO_MF_m	GO:00341	apolipoprc	1月26日	16/16969	0.024246	0.046648	0.018587	TREM2
GO_MF_m	GO:00080	high-dens	1月26日	17/16969	0.025743	0.048994	0.019522	TREM2
GO_MF_m	GO:00049	ionotropic	1月26日	18/16969	0.027237	0.051287	0.020435	PTK2B
GO_MF_m	GO:00480	cofactor b	3月26日	438/16969	0.028601	0.052969	0.021106	CYP4F2/PT
GO_MF_m	GO:00083	steroid hyc	1月26日	19/16969	0.028729	0.052969	0.021106	CYP2C8
GO_MF_m	GO:00503	tau-protei	1月26日	21/16969	0.031706	0.056687	0.022587	ROCK1
GO_MF_m	GO:01025	phospholij	1月26日	21/16969	0.031706	0.056687	0.022587	PLA2G4A
GO_MF_m	GO:01025	phospholij	1月26日	21/16969	0.031706	0.056687	0.022587	PLA2G4A
GO_MF_m	GO:00080	protein C-	2月26日	186/16969	0.03269	0.057862	0.023055	LCK/PTK2E
GO_MF_m	GO:00052	calcium ac	1月26日	23/16969	0.034675	0.060767	0.024213	MTMR6
GO_MF_m	GO:00230	MHC prote	1月26日	25/16969	0.037635	0.065308	0.026022	KLRD1
GO_MF_m	GO:00046	phospholij	1月26日	26/16969	0.039112	0.065931	0.026271	PLA2G4A
GO_MF_m	GO:00055	calcium-d	1月26日	26/16969	0.039112	0.065931	0.026271	PLA2G4A
GO_MF_m	GO:00080	(glutamate	1月26日	26/16969	0.039112	0.065931	0.026271	PTK2B

GO_MF_m	GO:00435	phosphatic	1月26日	28/16969	0.042059	0.07023	0.027984	LCK
GO_MF_m	GO:00600	molecular	2月26日	216/16969	0.042907	0.070976	0.028281	PPP4R2/SL
GO_MF_m	GO:00015	lipopolysa	1月26日	30/16969	0.044997	0.073069	0.029114	TREM2
GO_MF_m	GO:00718	14-3-3 pr	1月26日	30/16969	0.044997	0.073069	0.029114	PPP1R12A
GO_MF_m	GO:00167	(oxidoredu	1月26日	33/16969	0.049388	0.07947	0.031665	CYP4F2
GO_MF_m	GO:00010	RNA polyr	3/117	18/16969	0.000242	0.004329	0.003284	FBL/HNRN
GO_MF_m	GO:00616	ubiquitin c	3/117	21/16969	0.000388	0.006371	0.004834	UBE2C/UB
GO_MF_m	GO:00197	NEDD8 tra	2/117	6/16969	0.000694	0.010522	0.007984	RNF7/UBE
GO_MF_m	GO:00085	Ran GTPas	3/117	28/16969	0.000923	0.012986	0.009853	BIRC5/RAI
GO_MF_m	GO:00010	TFIID-clas	2/117	11/16969	0.002489	0.032691	0.024804	FBL/NOP5
GO_MF_m	GO:00036	chromatin	9/117	437/16969	0.003268	0.040235	0.030529	CDCA5/CE
GO_MF_m	GO:00351	histone kir	2/117	14/16969	0.004063	0.047085	0.035726	AURKB/CC
GO_MF_m	GO:00171	poly(C) RN	1/117	1/16969	0.006895	0.061741	0.046846	HNRNPU
GO_MF_m	GO:00199	interferon-	1/117	1/16969	0.006895	0.061741	0.046846	KLHL20
GO_MF_m	GO:00616	NEDD8 co	1/117	1/16969	0.006895	0.061741	0.046846	UBE2F
GO_MF_m	GO:00704	tubulin-de	1/117	1/16969	0.006895	0.061741	0.046846	KIF18A
GO_MF_m	GO:19902	histone-gl	1/117	1/16969	0.006895	0.061741	0.046846	FBL
GO_MF_m	GO:00010	basal trans	3/117	60/16969	0.008217	0.067448	0.051176	FBL/HNRN
GO_MF_m	GO:00010	basal RNA	3/117	60/16969	0.008217	0.067448	0.051176	FBL/HNRN
GO_MF_m	GO:00010	TFIIH-clas	1/117	2/16969	0.013743	0.091509	0.069432	HNRNPU
GO_MF_m	GO:00199	interferon	1/117	2/16969	0.013743	0.091509	0.069432	KLHL20
GO_MF_m	GO:00345	box C/D sr	1/117	2/16969	0.013743	0.091509	0.069432	SNU13
GO_MF_m	GO:00360	protein-gl	1/117	2/16969	0.013743	0.091509	0.069432	FBL
GO_MF_m	GO:19908	C-rich sin	ç 1/117	2/16969	0.013743	0.091509	0.069432	PCBP2
GO_MF_m	GO:00443	ubiquitin-l	6/117	286/16969	0.014346	0.091509	0.069432	CCNB1/CL
GO_MF_m	GO:00046	protein sei	7/117	371/16969	0.0144	0.091509	0.069432	AURKB/BU
GO_MF_m	GO:00511	ATPase bir	3/117	77/16969	0.016147	0.099404	0.075423	FBL/SNU1:
GO_MF_m	GO:00345	U3 snoRN,	1/117	3/16969	0.020544	0.115632	0.087735	SNU13
GO_MF_m	GO:00510	nucleic aci	1/117	3/16969	0.020544	0.115632	0.087735	HNRNPA3
GO_MF_m	GO:00510	RNA trans	1/117	3/16969	0.020544	0.115632	0.087735	HNRNPA3
GO_MF_m	GO:00036	single-stra	3/117	90/16969	0.024323	0.131164	0.099521	HNRNPU/I
GO_MF_m	GO:00170	snRNA bin	2/117	37/16969	0.02683	0.131164	0.099521	HNRNPU/:
GO_MF_m	GO:00306	U4atac snf	1/117	4/16969	0.027298	0.131164	0.099521	SNU13
GO_MF_m	GO:00351	histone sei	1/117	4/16969	0.027298	0.131164	0.099521	AURKB
GO_MF_m	GO:00615	cyclin-dep	1/117	4/16969	0.027298	0.131164	0.099521	CCNB1
GO_MF_m	GO:00991	RNA polyr	1/117	4/16969	0.027298	0.131164	0.099521	HNRNPU
GO_MF_m	GO:00192	centromer	1/117	5/16969	0.034006	0.152256	0.115524	KIF2C
GO_MF_m	GO:00321	SUMO pol	1/117	5/16969	0.034006	0.152256	0.115524	RNF4
GO_MF_m	GO:00360	mediator c	1/117	5/16969	0.034006	0.152256	0.115524	SMC1A
GO_MF_m	GO:00037	microtubu	2/117	43/16969	0.035421	0.155066	0.117656	CENPE/KIF
GO_MF_m	GO:00080	protein C-	4/117	186/16969	0.039867	0.160235	0.121579	CENPF/M/
GO_MF_m	GO:00435	kinetochor	1/117	6/16969	0.040669	0.160235	0.121579	CENPE
GO_MF_m	GO:00451	pre-mRN/	1/117	6/16969	0.040669	0.160235	0.121579	SF1
GO_MF_m	GO:00707	leucine bir	1/117	6/16969	0.040669	0.160235	0.121579	UBR2
GO_MF_m	GO:19907	protein bir	1/117	6/16969	0.040669	0.160235	0.121579	DET1
GO_MF_m	GO:00010	RNA polyr	3/117	113/16969	0.043312	0.167304	0.126942	FBL/HNRN
GO_MF_m	GO:00051	patched bi	1/117	7/16969	0.047286	0.172505	0.130888	CCNB1
GO_MF_m	GO:00085	ATP-depe	1/117	7/16969	0.047286	0.172505	0.130888	KIF18A
GO_MF_m	GO:00340	poly(G) bir	1/117	7/16969	0.047286	0.172505	0.130888	HNRNPU
GO_MF_m	GO:00045	endoribon	2/117	52/16969	0.049986	0.17904	0.135846	NOB1/RPF
GO_MF_m	GO:00302	clathrin bir	3/47	35/16969	0.000122	0.001643	0.000806	ARRB1/HIF
GO_MF_m	GO:00198	kinesin bin	3/47	40/16969	0.000183	0.002268	0.001112	KIF18B/KIF
GO_MF_m	GO:00356	clathrin ad	2/47	9/16969	0.000267	0.002866	0.001405	ARRB1/HIF
GO_MF_m	GO:00987	endocytic	2/47	9/16969	0.000267	0.002866	0.001405	ARRB1/HIF
GO_MF_m	GO:00350	phosphatic	5/47	217/16969	0.000324	0.003256	0.001597	FCHO2/HI
GO_MF_m	GO:00316	adrenergic	2/47	17/16969	0.000994	0.009418	0.004618	ARRB1/SH
GO_MF_m	GO:00380	cargo rece	3/47	85/16969	0.001678	0.015006	0.007358	ARRB1/HIF
GO_MF_m	GO:19029	phosphatic	3/47	96/16969	0.002376	0.020132	0.009872	FCHO2/HI

GO_MF_m GO:00318	V2 vasopressin receptor activity	1/16969	0.00277	0.022297	0.010933	ARRB1
GO_MF_m GO:00306	GTPase regulator activity	235/16969	0.004011	0.029676	0.014552	AGFG1/AR
GO_MF_m GO:00443	ion channel activity	116/16969	0.004055	0.029676	0.014552	ARRB1/SH3
GO_MF_m GO:00708	growth factor activity	121/16969	0.004563	0.031809	0.015598	ARF4/EGF/
GO_MF_m GO:00050	epidermal growth factor receptor activity	2/16969	0.005532	0.031809	0.015598	EGFR
GO_MF_m GO:00316	alpha-1A adrenergic receptor activity	2/16969	0.005532	0.031809	0.015598	ARRB1
GO_MF_m GO:00317	follicle-stimulating hormone receptor activity	2/16969	0.005532	0.031809	0.015598	ARRB1
GO_MF_m GO:00350	1-phosphotyrosine phosphatase activity	2/16969	0.005532	0.031809	0.015598	PIK3C2A
GO_MF_m GO:01201	intracellular receptor activity	2/16969	0.005532	0.031809	0.015598	KIFAP3
GO_MF_m GO:00080	enzyme activity	419/16969	0.005864	0.032182	0.015781	AGFG1/AR
GO_MF_m GO:00510	GTPase binding activity	426/16969	0.006282	0.032182	0.015781	ARF4/EGF/
GO_MF_m GO:00605	nucleoside binding activity	267/16969	0.006287	0.032182	0.015781	AGFG1/AR
GO_MF_m GO:00316	ubiquitin ligase activity	270/16969	0.006537	0.032182	0.015781	ARRB1/EG
GO_MF_m GO:00453	protein phosphatase activity	44/16969	0.006596	0.032182	0.015781	ARRB1/YM
GO_MF_m GO:19019	phosphatidylinositol 3-kinase activity	143/16969	0.007248	0.032541	0.015957	FCHO2/HI
GO_MF_m GO:00168	ATPase activity	280/16969	0.007416	0.032541	0.015957	DYNC2H1,
GO_MF_m GO:00443	ubiquitin-ligase activity	286/16969	0.00798	0.032541	0.015957	ARRB1/EG
GO_MF_m GO:00302	very-low-density lipoprotein receptor activity	3/16969	0.008287	0.032541	0.015957	LDLR
GO_MF_m GO:00316	alpha-1B adrenergic receptor activity	3/16969	0.008287	0.032541	0.015957	ARRB1
GO_MF_m GO:00317	D2 dopamine receptor activity	3/16969	0.008287	0.032541	0.015957	DNM2
GO_MF_m GO:00318	vasopressin receptor activity	3/16969	0.008287	0.032541	0.015957	ARRB1
GO_MF_m GO:00320	clathrin ligase activity	3/16969	0.008287	0.032541	0.015957	HIP1
GO_MF_m GO:00452	cadherin binding activity	297/16969	0.009085	0.034825	0.017077	EGFR/SH3
GO_MF_m GO:00316	beta-1 adrenergic receptor activity	4/16969	0.011034	0.040237	0.019731	SH3GL1
GO_MF_m GO:00508	phosphoserine phosphatase activity	4/16969	0.011034	0.040237	0.019731	YWHAE
GO_MF_m GO:00971	scaffold protein activity	58/16969	0.011246	0.040237	0.019731	KIF1B/YWH
GO_MF_m GO:00199	phosphatase activity	177/16969	0.012928	0.045249	0.022188	EGFR/KIFA
GO_MF_m GO:00719	Arp2/3 complex activity	5/16969	0.013774	0.046889	0.022992	SNX9
GO_MF_m GO:00055	phosphatidylinositol 2-kinase activity	65/16969	0.013979	0.046889	0.022992	FCHO2/SN
GO_MF_m GO:00044	phosphatidylinositol 1-kinase activity	6/16969	0.016506	0.052479	0.025733	OCRL
GO_MF_m GO:00320	clathrin heparan sulfate binding activity	6/16969	0.016506	0.052479	0.025733	LDLR
GO_MF_m GO:00050	guanylate cyclase activity	196/16969	0.016955	0.052479	0.025733	ARF4/EGF/
GO_MF_m GO:00016	virus receptor activity	74/16969	0.017869	0.052479	0.025733	EGFR/LDLF
GO_MF_m GO:00192	kinase activity	74/16969	0.017869	0.052479	0.025733	EGF/ITSN1
GO_MF_m GO:01040	hijacked receptor activity	74/16969	0.017869	0.052479	0.025733	EGFR/LDLF
GO_MF_m GO:00050	GTPase activity	203/16969	0.018597	0.052479	0.025733	AGFG1/AR
GO_MF_m GO:00512	phosphoprotein activity	76/16969	0.018789	0.052479	0.025733	ARRB1/YM
GO_MF_m GO:00016	G protein-coupled receptor activity	205/16969	0.019082	0.052479	0.025733	ARRB1/DN
GO_MF_m GO:00302	nitric oxide synthase activity	7/16969	0.019231	0.052479	0.025733	EGFR
GO_MF_m GO:00302	transmembrane receptor activity	7/16969	0.019231	0.052479	0.025733	EGF
GO_MF_m GO:00600	molecular chaperone activity	216/16969	0.021874	0.057931	0.028407	ARRB1/HIF
GO_MF_m GO:00317	angiotensin receptor activity	8/16969	0.021949	0.057931	0.028407	ARRB1
GO_MF_m GO:00426	ATPase activity	218/16969	0.022404	0.058179	0.028528	DYNC2H1,
GO_MF_m GO:00345	phosphatidylinositol 3-kinase activity	9/16969	0.024659	0.062033	0.030418	OCRL
GO_MF_m GO:19907	arrestin family protein activity	9/16969	0.024659	0.062033	0.030418	ARRB1
GO_MF_m GO:00363	phosphatidylinositol 1-kinase activity	10/16969	0.027362	0.066747	0.03273	DNM2
GO_MF_m GO:01060	phosphatidylinositol 1-kinase activity	10/16969	0.027362	0.066747	0.03273	OCRL
GO_MF_m GO:00305	receptor activity	11/16969	0.030058	0.070134	0.034391	EGF
GO_MF_m GO:00314	mitogen-activated protein kinase activity	11/16969	0.030058	0.070134	0.034391	ARRB1
GO_MF_m GO:00350	phosphatidylinositol 3-kinase activity	11/16969	0.030058	0.070134	0.034391	PIK3C2A
GO_MF_m GO:00156	tubulin binding activity	252/16969	0.032497	0.07222	0.035414	DNM2/KIF
GO_MF_m GO:00050	low-density lipoprotein receptor activity	12/16969	0.032746	0.07222	0.035414	LDLR
GO_MF_m GO:00163	phosphatidylinositol 1-kinase activity	12/16969	0.032746	0.07222	0.035414	PIK3C2A
GO_MF_m GO:00507	dopamine receptor activity	12/16969	0.032746	0.07222	0.035414	DNM2
GO_MF_m GO:00508	cell adhesion molecule activity	444/16969	0.034069	0.074122	0.036346	EGFR/SH3
GO_MF_m GO:00527	inositol phosphate binding activity	13/16969	0.035427	0.07605	0.037291	OCRL
GO_MF_m GO:00055	1-phosphotyrosine phosphatase activity	14/16969	0.0381	0.078643	0.038563	SNX9
GO_MF_m GO:00302	lipoprotein receptor activity	14/16969	0.0381	0.078643	0.038563	LDLR

GO_MF_m	GO:00509	nitric-oxid	1/47	14/16969	0.0381	0.078643	0.038563	DNM2
GO_MF_m	GO:00051	insulin-like	1/47	15/16969	0.040767	0.082043	0.040231	ARRB1
GO_MF_m	GO:00301	low-densit	1/47	15/16969	0.040767	0.082043	0.040231	LDLR
GO_MF_m	GO:00050	ARF guany	1/47	16/16969	0.043426	0.084236	0.041306	ARF4
GO_MF_m	GO:00230	MHC class	1/47	16/16969	0.043426	0.084236	0.041306	YWHAE
GO_MF_m	GO:00422	MHC class	1/47	16/16969	0.043426	0.084236	0.041306	TUBB4B
GO_MF_m	GO:00171	SH3 doma	2/47	122/16969	0.044922	0.0861	0.04222	DNM2/SH
GO_MF_m	GO:00050	Ras guany	2/47	125/16969	0.046923	0.088878	0.043582	EGF/ITSN1
GO_MF_m	GO:00700	proline-ric	1/47	18/16969	0.048723	0.091214	0.044727	ITSN1
GO_MF_m	GO:00081	translation	2月14日	67/16969	0.001355	0.003423	NA	GFM1/MTI
GO_MF_m	GO:00055	GTP bindir	3月14日	313/16969	0.001946	0.003423	NA	DAP3/GFM
GO_MF_m	GO:00325	purine ribc	3月14日	318/16969	0.002036	0.003423	NA	DAP3/GFM
GO_MF_m	GO:00018	purine nuc	3月14日	321/16969	0.002091	0.003423	NA	DAP3/GFM
GO_MF_m	GO:00325	ribonuclec	3月14日	322/16969	0.00211	0.003423	NA	DAP3/GFM
GO_MF_m	GO:00018	nucleoside	3月14日	329/16969	0.002243	0.003423	NA	DAP3/GFM
GO_MF_m	GO:00190	guanyl nuc	3月14日	331/16969	0.002282	0.003423	NA	DAP3/GFM
GO_MF_m	GO:00325	guanyl ribc	3月14日	331/16969	0.002282	0.003423	NA	DAP3/GFM
GO_MF_m	GO:00430	ribonuclec	2月14日	107/16969	0.003412	0.004652	NA	MTIF2/PTC
GO_MF_m	GO:00037	translation	1月14日	12/16969	0.009859	0.012323	NA	GFM1
GO_MF_m	GO:00039	GTPase ac	2月14日	224/16969	0.014221	0.016408	NA	GFM1/MTI
GO_MF_m	GO:00037	translation	1月14日	41/16969	0.033313	0.035692	NA	MTIF2
GO_MF_m	GO:00198	rRNA bind	1月14日	44/16969	0.035709	0.035709	NA	PTCD3
GO_MF_m	GO:00480	mRNA 5'-l	2月16日	23/16969	0.000208	0.004807	0.0023	GNL3/RSL
GO_MF_m	GO:00043	helicase ac	3月16日	128/16969	0.000219	0.004807	0.0023	DDX24/DC
GO_MF_m	GO:00037	RNA helic	2月16日	34/16969	0.000459	0.006739	0.003224	DDX24/DC
GO_MF_m	GO:19908	H4K20me	1月16日	1/16969	0.000943	0.010372	0.004963	PWP1
GO_MF_m	GO:01400	catalytic ac	3月16日	268/16969	0.001873	0.016485	0.007887	DDX24/DC
GO_MF_m	GO:00325	ribonuclec	3月16日	322/16969	0.003156	0.021076	0.010084	GNL3/GTP
GO_MF_m	GO:00018	nucleoside	3月16日	329/16969	0.003353	0.021076	0.010084	GNL3/GTP
GO_MF_m	GO:00164	tRNA (cytc	1月16日	5/16969	0.004706	0.025884	0.012385	NSUN6
GO_MF_m	GO:00164	tRNA (cytc	1月16日	8/16969	0.00752	0.036764	0.01759	NSUN6
GO_MF_m	GO:00080	5S rRNA b	1月16日	11/16969	0.010326	0.045435	0.021739	RRS1
GO_MF_m	GO:00701	DNA polyr	1月16日	17/16969	0.015916	0.063665	0.030462	NAT10
GO_MF_m	GO:00081	tRNA metf	1月16日	24/16969	0.022401	0.078942	0.037772	NSUN6
GO_MF_m	GO:00040	ATP-depe	1月16日	25/16969	0.023324	0.078942	0.037772	DDX56
GO_MF_m	GO:00081	RNA-depe	1月16日	28/16969	0.026088	0.081992	0.03923	DDX56
GO_MF_m	GO:00055	GTP bindir	2月16日	313/16969	0.034323	0.087891	0.042053	GNL3/GTP
GO_MF_m	GO:00325	purine ribc	2月16日	318/16969	0.035333	0.087891	0.042053	GNL3/GTP
GO_MF_m	GO:00018	purine nuc	2月16日	321/16969	0.035945	0.087891	0.042053	GNL3/GTP
GO_MF_m	GO:00190	guanyl nuc	2月16日	331/16969	0.038015	0.087891	0.042053	GNL3/GTP
GO_MF_m	GO:00325	guanyl ribc	2月16日	331/16969	0.038015	0.087891	0.042053	GNL3/GTP
GO_MF_m	GO:00198	rRNA bind	1月16日	44/16969	0.040708	0.087891	0.042053	RRS1
GO_MF_m	GO:00000	tRNA bind	1月16日	47/16969	0.043426	0.087891	0.042053	NSUN6
GO_MF_m	GO:00081	RNA meth	1月16日	48/16969	0.044331	0.087891	0.042053	NSUN6
GO_MF_m	GO:00080	ATP-depe	1月16日	52/16969	0.04794	0.087891	0.042053	DDX56
GO_MF_m	GO:00700	purine NTI	1月16日	52/16969	0.04794	0.087891	0.042053	DDX56
GO_MF_m	GO:00045	nuclease a	3月13日	171/16969	0.000267	0.005582	0.001267	ISG20/RN
GO_MF_m	GO:00088	dGTPase a	1月13日	1/16969	0.000766	0.005582	0.001267	SAMHD1
GO_MF_m	GO:00088	exoribonu	1月13日	1/16969	0.000766	0.005582	0.001267	ISG20
GO_MF_m	GO:00167	triphosphc	1月13日	1/16969	0.000766	0.005582	0.001267	SAMHD1
GO_MF_m	GO:00325	guanyl dec	1月13日	1/16969	0.000766	0.005582	0.001267	SAMHD1
GO_MF_m	GO:00325	dGTP bind	1月13日	1/16969	0.000766	0.005582	0.001267	SAMHD1
GO_MF_m	GO:01400	catalytic ac	3月13日	268/16969	0.000991	0.006317	0.001434	ISG20/RN
GO_MF_m	GO:00306	U2 snRNA	1月13日	2/16969	0.001532	0.008679	0.001971	ISG20
GO_MF_m	GO:00345	U3 snoRN	1月13日	3/16969	0.002297	0.011713	0.002659	ISG20
GO_MF_m	GO:00083	single-stra	1月13日	4/16969	0.003061	0.01301	0.002954	ISG20
GO_MF_m	GO:00306	U1 snRNA	1月13日	4/16969	0.003061	0.01301	0.002954	ISG20
GO_MF_m	GO:00325	purine dec	1月13日	5/16969	0.003825	0.013765	0.003125	SAMHD1

GO_MF_m	GO:000821	3'-5'-exoc	1月13日	6/16969	0.004588	0.013765	0.003125	ISG20
GO_MF_m	GO:000821	single-stra	1月13日	6/16969	0.004588	0.013765	0.003125	ISG20
GO_MF_m	GO:003251	deoxyriboi	1月13日	6/16969	0.004588	0.013765	0.003125	SAMHD1
GO_MF_m	GO:007008	chromo sh	1月13日	6/16969	0.004588	0.013765	0.003125	SP100
GO_MF_m	GO:000451	exodeoxyr	1月13日	14/16969	0.010676	0.028657	0.006506	ISG20
GO_MF_m	GO:001681	exodeoxyr	1月13日	14/16969	0.010676	0.028657	0.006506	ISG20
GO_MF_m	GO:003051	snoRNA bi	1月13日	20/16969	0.01522	0.03881	0.008811	ISG20
GO_MF_m	GO:000011	3'-5'-exori	1月13日	29/16969	0.021998	0.043586	0.009896	ISG20
GO_MF_m	GO:000551	GTP bindir	2月13日	313/16969	0.023132	0.043586	0.009896	GBP2/SAM
GO_MF_m	GO:001681	exoribonu	1月13日	31/16969	0.023499	0.043586	0.009896	ISG20
GO_MF_m	GO:003251	purine ribc	2月13日	318/16969	0.023827	0.043586	0.009896	GBP2/SAM
GO_MF_m	GO:000181	purine nuc	2月13日	321/16969	0.024248	0.043586	0.009896	GBP2/SAM
GO_MF_m	GO:003251	ribonuclec	2月13日	322/16969	0.024389	0.043586	0.009896	GBP2/SAM
GO_MF_m	GO:000451	exoribonu	1月13日	33/16969	0.024997	0.043586	0.009896	ISG20
GO_MF_m	GO:000181	nucleoside	2月13日	329/16969	0.025386	0.043586	0.009896	GBP2/SAM
GO_MF_m	GO:001901	guanyl nuc	2月13日	331/16969	0.025674	0.043586	0.009896	GBP2/SAM
GO_MF_m	GO:003251	guanyl ribc	2月13日	331/16969	0.025674	0.043586	0.009896	GBP2/SAM
GO_MF_m	GO:005151	4 iron, 4 st	1月13日	35/16969	0.026494	0.043586	0.009896	RSAD2
GO_MF_m	GO:001701	snRNA bin	1月13日	37/16969	0.027988	0.044605	0.010127	ISG20
GO_MF_m	GO:000451	deoxyriboi	1月13日	41/16969	0.03097	0.047034	0.010679	ISG20
GO_MF_m	GO:000841	3'-5' exoni	1月13日	44/16969	0.033201	0.047034	0.010679	ISG20
GO_MF_m	GO:001671	exonuclea	1月13日	44/16969	0.033201	0.047034	0.010679	ISG20
GO_MF_m	GO:001981	rRNA bind	1月13日	44/16969	0.033201	0.047034	0.010679	RNASEL
GO_MF_m	GO:000451	endoribon	1月13日	52/16969	0.039127	0.053931	0.012244	RNASEL
GO_MF_m	GO:004361	protein sel	1月13日	56/16969	0.042077	0.054587	0.012393	RSAD2
GO_MF_m	GO:005151	iron-sulfur	1月13日	57/16969	0.042813	0.054587	0.012393	RSAD2
GO_MF_m	GO:005151	metal clust	1月13日	57/16969	0.042813	0.054587	0.012393	RSAD2
GO_MF_m	GO:003551	purinergic	3/103	19/16969	0.000196	0.001614	0.000815	ADORA1//
GO_MF_m	GO:003271	heterotrim	2/103	4/16969	0.000217	0.001743	0.00088	ADORA1//
GO_MF_m	GO:004221	peptide bi	7/103	215/16969	0.000337	0.002636	0.001331	CCKBR/ED
GO_MF_m	GO:001921	kinase reg	6/103	154/16969	0.000351	0.002684	0.001356	CCKBR/CC
GO_MF_m	GO:003061	protein bir	6/103	156/16969	0.000376	0.002809	0.001419	CD28/CHN
GO_MF_m	GO:000511	hormone ε	5/103	103/16969	0.000408	0.00298	0.001505	ADM/GAL
GO_MF_m	GO:004801	CCR chem	3/103	26/16969	0.00051	0.003602	0.001819	CCL21/CC
GO_MF_m	GO:000511	neurotropl	2/103	6/16969	0.000539	0.003602	0.001819	GRB2/PIK3
GO_MF_m	GO:000511	neurotropl	2/103	6/16969	0.000539	0.003602	0.001819	GRB2/PIK3
GO_MF_m	GO:003501	phosphatic	2/103	6/16969	0.000539	0.003602	0.001819	CCKBR/PIK
GO_MF_m	GO:003171	CCR5 cher	2/103	7/16969	0.000751	0.004921	0.002485	CCL5/JAK1
GO_MF_m	GO:003321	amide bin	7/103	266/16969	0.001185	0.007605	0.003841	CCKBR/ED
GO_MF_m	GO:000161	G protein-	2/103	9/16969	0.001278	0.008041	0.004061	P2RY1/P2F
GO_MF_m	GO:000831	structural	3/103	36/16969	0.001341	0.008276	0.004179	MYBPC3/
GO_MF_m	GO:000811	neuropept	3/103	38/16969	0.00157	0.009284	0.004688	GAL/NPY2
GO_MF_m	GO:000511	neurotropl	2/103	10/16969	0.001591	0.009284	0.004688	GRB2/PIK3
GO_MF_m	GO:004521	CXCR cher	2/103	10/16969	0.001591	0.009284	0.004688	CXCL10/C
GO_MF_m	GO:001501	coreceptoi	3/103	40/16969	0.001823	0.010449	0.005277	CCR5/CD2
GO_MF_m	GO:006001	molecular	6/103	216/16969	0.002036	0.011464	0.00579	CD28/CHN
GO_MF_m	GO:003201	myosin he	2/103	12/16969	0.002315	0.01281	0.006469	MYBPC3/
GO_MF_m	GO:000391	GTPase ac	6/103	224/16969	0.002442	0.013286	0.00671	ARHGAP5,
GO_MF_m	GO:000181	purine nuc	7/103	321/16969	0.003417	0.018282	0.009233	ADORA1//
GO_MF_m	GO:000181	nucleoside	7/103	329/16969	0.00391	0.020576	0.010391	ADORA1//
GO_MF_m	GO:000461	protein kir	2/103	16/16969	0.004142	0.021105	0.010658	PRKCD/PR
GO_MF_m	GO:001651	nucleotide	2/103	16/16969	0.004142	0.021105	0.010658	P2RY1/P2F
GO_MF_m	GO:009861	cadherin b	2/103	17/16969	0.004676	0.023453	0.011844	ANXA1/TM
GO_MF_m	GO:009711	scaffold pr	3/103	58/16969	0.005262	0.024664	0.012455	P2RY1/SR
GO_MF_m	GO:000441	phosphatic	2/103	19/16969	0.005833	0.024664	0.012455	CCL5/CCR
GO_MF_m	GO:000161	nociceptin	1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	OPRL1
GO_MF_m	GO:001501	gastrin rec	1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	CCKBR
GO_MF_m	GO:003161	A1 adenos	1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	P2RY1

GO_MF_m GO:00317	adrenome 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	ADM
GO_MF_m GO:00317	cholecysto 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	CCKBR
GO_MF_m GO:00317	type B gas 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	CCKBR
GO_MF_m GO:00317	galanin rec 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	GAL
GO_MF_m GO:00317	type 1 gal 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	GAL
GO_MF_m GO:00317	type 2 gal 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	GAL
GO_MF_m GO:00317	type 3 gal 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	GAL
GO_MF_m GO:00450	ADP-activ 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	P2RY1
GO_MF_m GO:00468	chemokinε 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	CCL5
GO_MF_m GO:00995	neurotranε 1/103	1/16969	0.00607	0.024664	0.012455	ADORA1
GO_MF_m GO:00708	growth fac 4/103	121/16969	0.006322	0.025367	0.01281	APP/GRB2
GO_MF_m GO:00051	insulin rec 2/103	20/16969	0.006456	0.025584	0.01292	PIK3R1/SR
GO_MF_m GO:00051	neuropept 2/103	21/16969	0.007107	0.027822	0.01405	GAL/PENK
GO_MF_m GO:00718	neuropept 2/103	23/16969	0.008495	0.032855	0.016592	CCKBR/GA
GO_MF_m GO:00046	phospholiq 2/103	24/16969	0.009231	0.035276	0.017814	CCL5/CCR
GO_MF_m GO:00468	ephrin rec 2/103	25/16969	0.009994	0.03772	0.019049	GRB2/SRC
GO_MF_m GO:00469	protein he 8/103	497/16969	0.01075	0.03772	0.019049	ADCY2/AC
GO_MF_m GO:00055	GTP bindir 6/103	313/16969	0.012061	0.03772	0.019049	ARHGAP5,
GO_MF_m GO:00016	peptide Y 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	NPY2R
GO_MF_m GO:00046	calcium-in 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	PRKCD
GO_MF_m GO:00049	cholecysto 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	CCKBR
GO_MF_m GO:00049	endothelir 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	EDNRB
GO_MF_m GO:00049	G protein- 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	GABBR2
GO_MF_m GO:00049	glucagon 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	GCGR
GO_MF_m GO:00049	vasoactive 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	VIPR1
GO_MF_m GO:00164	G protein- 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	NTSR1
GO_MF_m GO:00316	alpha-2C 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	ADRA2A
GO_MF_m GO:00317	CCR4 cher 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	CCL5
GO_MF_m GO:00317	CCR7 cher 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	CCL21
GO_MF_m GO:00324	GBD domε 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	RHOQ
GO_MF_m GO:00450	UDP-activ 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	P2RY14
GO_MF_m GO:00450	ATP-activ 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	P2RY1
GO_MF_m GO:00469	1-phosph 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	CCKBR
GO_MF_m GO:00717	chemokinε 1/103	2/16969	0.012103	0.03772	0.019049	CCR5
GO_MF_m GO:00325	purine ribc 6/103	318/16969	0.012959	0.039999	0.0202	ARHGAP5,
GO_MF_m GO:00051	epidermal 2/103	29/16969	0.013315	0.040321	0.020362	GRB2/YES:
GO_MF_m GO:00420	chemoattr 2/103	29/16969	0.013315	0.040321	0.020362	CCL5/CXC
GO_MF_m GO:00325	ribonuclec 6/103	322/16969	0.013711	0.041133	0.020772	ARHGAP5,
GO_MF_m GO:00426	peptide ar 2/103	30/16969	0.01421	0.042234	0.021328	HLA-DPB1
GO_MF_m GO:00190	guanyl nu 6/103	331/16969	0.015513	0.04527	0.022861	ARHGAP5,
GO_MF_m GO:00325	guanyl rib 6/103	331/16969	0.015513	0.04527	0.022861	ARHGAP5,
GO_MF_m GO:00986	cell-cell ac 2/103	33/16969	0.017046	0.047625	0.024051	ANXA1/TM
GO_MF_m GO:00049	alpha2-ad 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	ADRA2A
GO_MF_m GO:00049	cannabino 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	CNR1
GO_MF_m GO:00049	prostaglan 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	PTGER4
GO_MF_m GO:00150	uridine nu 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	P2RY14
GO_MF_m GO:00165	growth ho 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	GHRHR
GO_MF_m GO:00198	phospholiq 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	ANXA1
GO_MF_m GO:00302	receptor si 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	CCL5
GO_MF_m GO:00310	troponin T 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	TNNI2
GO_MF_m GO:00316	alpha-1B ε 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	ADRA2A
GO_MF_m GO:00514	PTB doma 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	APP
GO_MF_m GO:00715	G protein- 1/103	3/16969	0.0181	0.047625	0.024051	P2RY14
GO_MF_m GO:00421	SH2 doma 2/103	35/16969	0.019059	0.049739	0.025118	ARHGAP5,
GO_MF_m GO:00015	opioid peç 1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	PENK
GO_MF_m GO:00049	galanin rec 1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	GAL
GO_MF_m GO:00049	leukotrien 1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	LTB4R
GO_MF_m GO:00170	myosin ph 1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	MYH3

GO_MF_m GO:003168	G-protein	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	ADORA1
GO_MF_m GO:004313	ErbB-3 class	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	PIK3R1
GO_MF_m GO:004693	phosphatidylinositol	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	PIK3CB
GO_MF_m GO:005133	norepinephrine	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	ADRA2A
GO_MF_m GO:005261	inositol-1-phosphate	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	INPP5B
GO_MF_m GO:005282	phosphatidylinositol	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	PIK3CB
GO_MF_m GO:007001	thrombospondin	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	F2
GO_MF_m GO:009962	voltage-gated calcium channel	1/103	4/16969	0.024062	0.057213	0.028893	CNR1
GO_MF_m GO:000371	motor actin	3/103	103/16969	0.024806	0.058549	0.029567	MYH3/MYH9
GO_MF_m GO:009861	cell adhesion	2/103	42/16969	0.026835	0.062876	0.031752	ANXA1/TM6SF2
GO_MF_m GO:000492	alpha-adrenergic receptor	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	ADRA2A
GO_MF_m GO:000513	growth hormone receptor	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	JAK1
GO_MF_m GO:001644	C-C chemokine receptor	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	CCR5
GO_MF_m GO:003023	estrogen receptor	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	GPER1
GO_MF_m GO:003168	adenosine	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	P2RY1
GO_MF_m GO:003173	CCR1 chemokine receptor	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	CCL5
GO_MF_m GO:004351	insulin binding	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	PIK3R1
GO_MF_m GO:004822	CXCR3 chemokine receptor	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	CXCL10
GO_MF_m GO:005133	epinephrine	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	ADRA2A
GO_MF_m GO:005282	phosphatidylinositol	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	PIK3CB
GO_MF_m GO:199021	keratin filament	1/103	5/16969	0.029987	0.065039	0.032845	VIM
GO_MF_m GO:000513	integrin beta	3/103	113/16969	0.031457	0.067769	0.034223	CXCL12/SFRP1
GO_MF_m GO:004521	cadherin beta	5/103	297/16969	0.034727	0.074316	0.03753	ANXA1/SR
GO_MF_m GO:000441	phosphatidylinositol	1/103	6/16969	0.035876	0.074781	0.037765	INPP5B
GO_MF_m GO:004601	inositol triphosphate	1/103	6/16969	0.035876	0.074781	0.037765	INPP5B
GO_MF_m GO:007121	connexin	1/103	6/16969	0.035876	0.074781	0.037765	SRC
GO_MF_m GO:199022	steroid hormone	1/103	6/16969	0.035876	0.074781	0.037765	GPER1
GO_MF_m GO:004831	Rac GTPase	2/103	51/16969	0.038369	0.079461	0.040128	DVL1/TIAM1
GO_MF_m GO:000861	cAMP-dependent protein kinase	1/103	7/16969	0.041731	0.083722	0.04228	CXCL10
GO_MF_m GO:003023	LIM domain	1/103	7/16969	0.041731	0.083722	0.04228	TLN1
GO_MF_m GO:003173	type 1 angiotensin receptor	1/103	7/16969	0.041731	0.083722	0.04228	EDNRB
GO_MF_m GO:009952	voltage-gated calcium channel	1/103	7/16969	0.041731	0.083722	0.04228	CNR1
GO_MF_m GO:009962	voltage-gated calcium channel	1/103	7/16969	0.041731	0.083722	0.04228	CNR1
GO_MF_m GO:001991	protein phosphatase	3/103	132/16969	0.046398	0.092508	0.046717	GRB2/JAK2
GO_MF_m GO:000492	adrenergic receptor	1/103	8/16969	0.04755	0.09307	0.047	ADRA2A
GO_MF_m GO:003173	angiotensin receptor	1/103	8/16969	0.04755	0.09307	0.047	EDNRB
GO_MF_m GO:004501	G protein-coupled receptor	1/103	8/16969	0.04755	0.09307	0.047	P2RY1
GO_MF_m GO:003091	receptor tyrosine kinase	2/103	58/16969	0.048412	0.093615	0.047276	PIK3R1/TI
GO_MF_m GO:004831	calcium-dependent protein kinase	2/103	58/16969	0.048412	0.093615	0.047276	ANXA1/RA
GO_MF_m GO:001981	protein kinase	3/103	136/16969	0.049919	0.095952	0.048456	CCL5/CXC
GO_MF_m GO:000461	protein serine/threonine kinase	7/53	371/16969	0.000146	0.002621	0.00161	ERCC3/GT
GO_MF_m GO:001991	phosphatase	5/53	177/16969	0.000223	0.003666	0.002253	CEP192/KI
GO_MF_m GO:000041	bubble domain	2/53	8/16969	0.000265	0.003918	0.002407	ERCC5/XP
GO_MF_m GO:000451	deoxyribose	3/53	41/16969	0.000282	0.003918	0.002407	ERCC1/ER
GO_MF_m GO:000371	motor actin	4/53	103/16969	0.000298	0.003918	0.002407	DYNC1H1
GO_MF_m GO:000371	microtubule	3/53	43/16969	0.000325	0.004002	0.002459	DYNC1H1
GO_MF_m GO:000101	TFIID class	2/53	11/16969	0.000517	0.005992	0.003682	ERCC1/TP
GO_MF_m GO:199009	ATP-dependent protein kinase	2/53	12/16969	0.000619	0.006777	0.004164	DYNC1H1
GO_MF_m GO:001991	protein phosphatase	4/53	132/16969	0.000763	0.007908	0.004859	KIF3A/NEK
GO_MF_m GO:000101	basal transcription factor	3/53	60/16969	0.000868	0.008145	0.005005	ERCC1/ER
GO_MF_m GO:000101	basal RNA polymerase	3/53	60/16969	0.000868	0.008145	0.005005	ERCC1/ER
GO_MF_m GO:199041	protein kinase	2/53	15/16969	0.000979	0.008768	0.005388	PARP1/PA
GO_MF_m GO:000201	p53 binding	3/53	65/16969	0.001096	0.009388	0.005769	TP53/TP53
GO_MF_m GO:003421	protein kinase	2/53	17/16969	0.001263	0.010369	0.006372	AKAP9/PR
GO_MF_m GO:000101	RNA polymerase	2/53	18/16969	0.001418	0.011176	0.006868	ERCC1/TP
GO_MF_m GO:003168	ubiquitin	5/53	270/16969	0.001512	0.011455	0.007039	NFKBIA/PF
GO_MF_m GO:004431	ubiquitin-like	5/53	286/16969	0.001946	0.014199	0.008725	NFKBIA/PF
GO_MF_m GO:000021	DNA sequence	2/53	23/16969	0.002322	0.016337	0.010039	ERCC5/XP

GO_MF_m GO:00080; protein C-	4/53	186/16969	0.002692	0.018288	0.011238	ERCC1/ERCC2
GO_MF_m GO:00004; heterodup	1/53	1/16969	0.003123	0.019848	0.012196	XPC
GO_MF_m GO:00616; SUMO cor	1/53	1/16969	0.003123	0.019848	0.012196	UBE2I
GO_MF_m GO:00041; endopepti	5/53	322/16969	0.003248	0.019998	0.012288	PSMB2/PSMB3
GO_MF_m GO:00045; endodeox	2/53	28/16969	0.003435	0.020504	0.0126	ERCC1/ERCC2
GO_MF_m GO:00428; histone de	3/53	102/16969	0.003973	0.023018	0.014144	PARP1/RAP80
GO_MF_m GO:00421; telomeric l	2/53	34/16969	0.005037	0.028351	0.017421	RPA2/TP53
GO_MF_m GO:00010; RNA polyr	3/53	113/16969	0.005288	0.028939	0.017782	ERCC1/TP53
GO_MF_m GO:00618; DNA clam	1/53	2/16969	0.006237	0.032335	0.019869	RFC1
GO_MF_m GO:00996; microtubu	1/53	2/16969	0.006237	0.032335	0.019869	KIF5B
GO_MF_m GO:00036; DNA helic	2/53	42/16969	0.007608	0.038432	0.023616	CHD1L/ERCC1
GO_MF_m GO:00167; transferas	2/53	45/16969	0.008696	0.040894	0.025129	PARP1/PARP2
GO_MF_m GO:00510; protein kir	2/53	45/16969	0.008696	0.040894	0.025129	AKAP9/PRKACA
GO_MF_m GO:00039; DNA ligas	1/53	3/16969	0.009341	0.040894	0.025129	LIG3
GO_MF_m GO:00433; HLH dom	1/53	3/16969	0.009341	0.040894	0.025129	UBE2I
GO_MF_m GO:00616; ubiquitin r	1/53	3/16969	0.009341	0.040894	0.025129	TP53BP1
GO_MF_m GO:19905; 3' overhan	1/53	3/16969	0.009341	0.040894	0.025129	ERCC1
GO_MF_m GO:00088; exodeoxyr	1/53	4/16969	0.012436	0.048037	0.029518	RAD9A
GO_MF_m GO:00168; ligase acti	1/53	4/16969	0.012436	0.048037	0.029518	LIG3
GO_MF_m GO:00350; histone de	1/53	4/16969	0.012436	0.048037	0.029518	TP53
GO_MF_m GO:00519; dynein lig	1/53	4/16969	0.012436	0.048037	0.029518	DYNC1H1
GO_MF_m GO:00715; RING-like	1/53	4/16969	0.012436	0.048037	0.029518	UBE2I
GO_MF_m GO:19053; retromer c	1/53	4/16969	0.012436	0.048037	0.029518	RAB7A
GO_MF_m GO:00080; microtubu	3/53	166/16969	0.015064	0.056624	0.034794	CDK5RAP2
GO_MF_m GO:00085; ATP-depe	1/53	5/16969	0.015521	0.056624	0.034794	DYNC1H1
GO_MF_m GO:00443; small prot	1/53	5/16969	0.015521	0.056624	0.034794	UBE2I
GO_MF_m GO:00045; nuclease a	3/53	171/16969	0.016298	0.058376	0.035871	ERCC1/ERCC2
GO_MF_m GO:00081; nuclear loc	1/53	6/16969	0.018597	0.063166	0.038814	NFKBIA
GO_MF_m GO:00084; JUN kinas	1/53	6/16969	0.018597	0.063166	0.038814	KIF5B
GO_MF_m GO:00321; DNA inser	1/53	6/16969	0.018597	0.063166	0.038814	XPC
GO_MF_m GO:00036; DNA clam	1/53	7/16969	0.021663	0.067741	0.041626	RFC1
GO_MF_m GO:00046; cAMP-dep	1/53	7/16969	0.021663	0.067741	0.041626	PRKACA
GO_MF_m GO:00085; ATP-depe	1/53	7/16969	0.021663	0.067741	0.041626	KIF3A
GO_MF_m GO:00331; protein-DI	1/53	7/16969	0.021663	0.067741	0.041626	RFC1
GO_MF_m GO:00431; 3'-5' DNA	1/53	7/16969	0.021663	0.067741	0.041626	ERCC3
GO_MF_m GO:00000; single-stra	1/53	8/16969	0.02472	0.074922	0.046038	ERCC1
GO_MF_m GO:00973; MDM2/MI	1/53	8/16969	0.02472	0.074922	0.046038	TP53
GO_MF_m GO:00046; cyclic nucl	1/53	9/16969	0.027768	0.082883	0.05093	PRKACA
GO_MF_m GO:00309; mismatche	1/53	10/16969	0.030806	0.086697	0.053274	XPC
GO_MF_m GO:00985; G-rich stra	1/53	10/16969	0.030806	0.086697	0.053274	RPA2
GO_MF_m GO:01400; ubiquitina	1/53	10/16969	0.030806	0.086697	0.053274	TP53BP1
GO_MF_m GO:01400; ubiquitin-	1/53	10/16969	0.030806	0.086697	0.053274	TP53BP1
GO_MF_m GO:00430; single-stra	1/53	11/16969	0.033835	0.09388	0.057688	RPA2
GO_MF_m GO:00706; proteasom	1/53	12/16969	0.036855	0.100838	0.061963	PSMF1
GO_MF_m GO:00162; RNA polyr	1/53	13/16969	0.039865	0.103334	0.063497	GTF2H3
GO_MF_m GO:00510; microtubu	1/53	13/16969	0.039865	0.103334	0.063497	TTBK2
GO_MF_m GO:00988; sequence-	1/53	13/16969	0.039865	0.103334	0.063497	RPA2
GO_MF_m GO:19903; Lys48-spe	1/53	13/16969	0.039865	0.103334	0.063497	USP7
GO_MF_m GO:00045; endonucle	2/53	105/16969	0.042602	0.106894	0.065684	ERCC1/ERCC2
GO_MF_m GO:00045; exodeoxyr	1/53	14/16969	0.042866	0.106894	0.065684	RAD9A
GO_MF_m GO:00168; exodeoxyr	1/53	14/16969	0.042866	0.106894	0.065684	RAD9A
GO_MF_m GO:00156; tubulin bir	3/53	252/16969	0.044033	0.108431	0.066629	CDK5RAP2
GO_MF_m GO:00039; NAD+ ADI	1/53	15/16969	0.045858	0.110171	0.067698	PARP1
GO_MF_m GO:01402; general tr	1/53	15/16969	0.045858	0.110171	0.067698	GTF2H3
GO_MF_m GO:00431; ubiquitin k	2月11日	54/16969	0.000537	0.004831	0.00226	TSG101/VI
GO_MF_m GO:00321; ubiquitin-l	2月11日	70/16969	0.000901	0.005404	0.002528	TSG101/VI
GO_MF_m GO:00474; protein N-	2月11日	109/16969	0.002165	0.009743	0.004558	CHMP6/VI
GO_MF_m GO:00467; virion binc	1月11日	8/16969	0.005175	0.018476	0.008644	TSG101

GO_MF_m GO:00080	protein C-	2月11日	186/16969	0.006159	0.018476	0.008644	VPS36/VT
GO_MF_m GO:00452	cadherin b	2月11日	297/16969	0.015129	0.038904	0.018201	CHMP2B/C
GO_MF_m GO:00322	phosphatic	1月11日	38/16969	0.024366	0.054824	0.025649	VPS36
GO_MF_m GO:00303	nuclear rec	1月11日	45/16969	0.028795	0.057591	0.026943	TSG101
GO_MF_m GO:00508	cell adhesi	2月11日	444/16969	0.032136	0.057844	0.027062	CHMP2B/C
KEGG_Patf hsa03015	mRNA sur	7/104	91/7946	0.000177	0.001519	0.001413	CPSF4/ETF
KEGG_Patf hsa05169	Epstein-Ba	4月20日	201/7946	0.001401	0.009337	0.006388	CCNA2/PS
KEGG_Patf hsa04914	Progester	2月20日	99/7946	0.025234	0.126171	0.086328	AURKA/CC
KEGG_Patf hsa04110	Cell cycle	2月20日	124/7946	0.038214	0.127392	0.087163	CCNA2/PT
KEGG_Patf hsa04114	Oocyte me	2月20日	128/7946	0.040487	0.127392	0.087163	AURKA/PT
KEGG_Patf hsa03040	Spliceoso	2月20日	135/7946	0.044587	0.127392	0.087163	THOC1/TF
KEGG_Patf hsa05166	Human T-	10/86	219/7946	0.000117	0.001723	0.001199	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa05163	Human cy	10/86	225/7946	0.000146	0.001988	0.001383	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04610	Compleme	6/86	85/7946	0.000298	0.00357	0.002484	C3AR1/CF
KEGG_Patf hsa05169	Epstein-Ba	9/86	201/7946	0.000303	0.00357	0.002484	CCNE2/CD
KEGG_Patf hsa05206	MicroRNA	11/86	310/7946	0.000478	0.005286	0.003678	CCNE2/CD
KEGG_Patf hsa05223	Non-small	5/86	66/7946	0.000703	0.007319	0.005093	CDK6/E2F
KEGG_Patf hsa05224	Breast can	7/86	147/7946	0.00102	0.009746	0.006781	BRCA2/CD
KEGG_Patf hsa05218	Melanoma	5/86	72/7946	0.001046	0.009746	0.006781	CDK6/E2F
KEGG_Patf hsa05226	Gastric car	7/86	149/7946	0.001104	0.009766	0.006795	CCNE2/DV
KEGG_Patf hsa04962	Vasopressi	4/86	44/7946	0.001248	0.010123	0.007043	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa05214	Glioma	5/86	75/7946	0.001258	0.010123	0.007043	CDK6/E2F
KEGG_Patf hsa05220	Chronic m	5/86	76/7946	0.001335	0.010277	0.007151	CDK6/E2F
KEGG_Patf hsa05130	Pathogeni	8/86	202/7946	0.001474	0.010874	0.007566	ABI1/ARPC
KEGG_Patf hsa05225	Hepatocel	7/86	168/7946	0.002204	0.015602	0.010856	CDK6/DVL
KEGG_Patf hsa04926	Relaxin sig	6/86	129/7946	0.002652	0.018056	0.012564	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa05165	Human pa	10/86	330/7946	0.002849	0.018678	0.012997	CCNE2/CD
KEGG_Patf hsa05222	Small cell	15/86	92/7946	0.003106	0.019636	0.013663	CCNE2/CD
KEGG_Patf hsa05167	Kaposi sar	7/86	186/7946	0.003892	0.023028	0.016023	CCR3/CDK
KEGG_Patf hsa05215	Prostate c	5/86	97/7946	0.003903	0.023028	0.016023	CCNE2/E2
KEGG_Patf hsa04060	Cytokine-	9/86	294/7946	0.004343	0.024798	0.017255	ACKR3/CC
KEGG_Patf hsa04916	Melanoge	5/86	101/7946	0.004639	0.025657	0.017852	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04972	Pancreatic	5/86	102/7946	0.004837	0.025943	0.018052	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04927	Cortisol sy	4/86	65/7946	0.005243	0.027296	0.018993	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa05203	Viral carc	ir 7/86	201/7946	0.005934	0.030011	0.020882	CCNE2/CC
KEGG_Patf hsa04015	Rap1 sign	7/86	210/7946	0.007494	0.036	0.025049	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04115	p53 signal	4/86	72/7946	0.007525	0.036	0.025049	CCNE2/CD
KEGG_Patf hsa05161	Hepatitis E	6/86	162/7946	0.008038	0.037442	0.026052	CCNE2/DC
KEGG_Patf hsa04918	Thyroid hc	4/86	74/7946	0.008281	0.037582	0.02615	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa01521	EGFR tyro	9/86	79/7946	0.010382	0.045942	0.031967	GAS6/HGF
KEGG_Patf hsa04540	Gap juncti	4/86	88/7946	0.014979	0.064664	0.044994	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04913	Ovarian str	3/86	49/7946	0.015765	0.066438	0.046228	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04915	Estrogen s	5/86	138/7946	0.016654	0.067403	0.046899	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa05032	Morphine	4/86	91/7946	0.016756	0.067403	0.046899	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04666	Fc gamma	4/86	93/7946	0.018011	0.069302	0.048221	ARPC4/BIN
KEGG_Patf hsa04912	GnRH sign	4/86	93/7946	0.018011	0.069302	0.048221	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa03460	Fanconi ar	3/86	54/7946	0.020423	0.076776	0.053421	BRCA2/PA
KEGG_Patf hsa04925	Aldosteror	4/86	98/7946	0.0214	0.076776	0.053421	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04923	Regulator	3/86	55/7946	0.021436	0.076776	0.053421	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04072	Phospholi	5/86	148/7946	0.021849	0.076776	0.053421	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04914	Progester	4/86	99/7946	0.022122	0.076776	0.053421	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04660	T cell rece	4/86	104/7946	0.025953	0.087007	0.06054	CD3D/CD4
KEGG_Patf hsa05160	Hepatitis C	5/86	155/7946	0.026053	0.087007	0.06054	CDK6/E2F
KEGG_Patf hsa04928	Parathyroi	4/86	106/7946	0.027591	0.090437	0.062927	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04213	Longevity	3/86	62/7946	0.029286	0.094249	0.065579	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa05211	Renal cell	3/86	69/7946	0.038459	0.121557	0.08458	HGF/SOS1
KEGG_Patf hsa04935	Growth ho	4/86	119/7946	0.039728	0.123367	0.08584	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04976	Bile secreti	3/86	72/7946	0.042788	0.130577	0.090856	ADCY3/AC

KEGG_Patf hsa04971	Gastric aci	3/86	75/7946	0.047351	0.142054	0.098842	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04114	Oocyte me	4/86	128/7946	0.049663	0.146506	0.10194	ADCY3/AC
KEGG_Patf hsa04913	Ovarian st	3月24日	49/7946	0.000407	0.004848	0.003544	ALOX5/PL
KEGG_Patf hsa04611	Platelet ac	4月24日	124/7946	0.000471	0.004848	0.003544	PLA2G4A/
KEGG_Patf hsa04921	Oxytocin s	4月24日	153/7946	0.00104	0.00936	0.006842	PLA2G4A/
KEGG_Patf hsa05135	Yersinia in	3月24日	120/7946	0.005394	0.04315	0.031543	LCK/PTK2E
KEGG_Patf hsa04650	Natural kill	3月24日	131/7946	0.006881	0.045996	0.033623	KLRD1/LCI
KEGG_Patf hsa04270	Vascular sr	3月24日	132/7946	0.007027	0.045996	0.033623	PLA2G4A/
KEGG_Patf hsa04923	Regulator	2月24日	55/7946	0.011777	0.070663	0.051654	PTGS1/PTG
KEGG_Patf hsa04370	VEGF sign	2月24日	59/7946	0.01347	0.074605	0.054536	PLA2G4A/
KEGG_Patf hsa04664	Fc epsilon	2月24日	68/7946	0.017641	0.089098	0.06513	ALOX5/PL
KEGG_Patf hsa04062	Chemokin	3月24日	189/7946	0.018562	0.089098	0.06513	FGR/PTK2I
KEGG_Patf hsa05204	Chemical c	2月24日	82/7946	0.025068	0.107531	0.078604	CYP2C8/P
KEGG_Patf hsa04810	Regulator	3月24日	213/7946	0.025389	0.107531	0.078604	PIP4K2C/P
KEGG_Patf hsa05163	Human cy	3月24日	225/7946	0.029251	0.117004	0.085529	PTGS2/PTI
KEGG_Patf hsa04912	GnRH sign	2月24日	93/7946	0.03165	0.119936	0.087673	PLA2G4A/
KEGG_Patf hsa04750	Inflammat	2月24日	100/7946	0.036157	0.128532	0.093956	ALOX12/P
KEGG_Patf hsa04064	NF-kappa	2月24日	102/7946	0.037489	0.128532	0.093956	LCK/PTGS:
KEGG_Patf hsa04670	Leukocyte	2月24日	112/7946	0.044424	0.145387	0.106277	PTK2B/RO
KEGG_Patf hsa03015	mRNA sur	6/67	91/7946	0.000109	0.000902	0.000769	CSTF1/FIP:
KEGG_Patf hsa04115	p53 signal	5/67	72/7946	0.000331	0.002403	0.002049	CCNB1/CC
KEGG_Patf hsa03040	Spliceosor	6/67	135/7946	0.000918	0.005917	0.005047	CHERP/HN
KEGG_Patf hsa05166	Human T-	7/67	219/7946	0.002344	0.013597	0.011598	ANAPC5/E
KEGG_Patf hsa04218	Cellular se	4/67	160/7946	0.045634	0.240614	0.205243	CCNB1/CC
KEGG_Patf hsa04145	Phagosom	4月27日	152/7946	0.001603	0.013266	0.008342	DYNC2H1,
KEGG_Patf hsa05160	Hepatitis C	4月27日	155/7946	0.001723	0.013266	0.008342	EGF/EGFR/
KEGG_Patf hsa05219	Bladder ca	2月27日	41/7946	0.008403	0.058823	0.036991	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa04962	Vasopressi	2月27日	44/7946	0.009634	0.061819	0.038874	DYNC2H1,
KEGG_Patf hsa04072	Phospholiq	3月27日	148/7946	0.013351	0.075751	0.047636	DNM2/EG
KEGG_Patf hsa04961	Endocrine	2月27日	53/7946	0.013773	0.075751	0.047636	CLTCL1/DI
KEGG_Patf hsa05213	Endometri	2月27日	58/7946	0.016351	0.083933	0.052781	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa04530	Tight junct	3月27日	169/7946	0.01901	0.091486	0.057531	ACTR3/TU
KEGG_Patf hsa05223	Non-small	2月27日	66/7946	0.020867	0.093605	0.058863	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa04520	Adherens j	2月27日	71/7946	0.023925	0.093605	0.058863	EGFR/WAS
KEGG_Patf hsa05218	Melanoma	2月27日	72/7946	0.024558	0.093605	0.058863	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa00562	Inositol ph	2月27日	74/7946	0.025844	0.093605	0.058863	OCRL/PIK:
KEGG_Patf hsa05214	Glioma	2月27日	75/7946	0.026497	0.093605	0.058863	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa05212	Pancreatic	2月27日	76/7946	0.027156	0.093605	0.058863	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa04721	Synaptic v	2月27日	78/7946	0.028496	0.093605	0.058863	CLTCL1/DI
KEGG_Patf hsa01521	EGFR tyros	2月27日	79/7946	0.029175	0.093605	0.058863	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa04012	ErbB signa	2月27日	85/7946	0.033389	0.101027	0.06353	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa05210	Colorectal	2月27日	86/7946	0.034113	0.101027	0.06353	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa05235	PD-L1 exp	2月27日	89/7946	0.036323	0.103587	0.06514	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa05215	Prostate ca	2月27日	97/7946	0.042479	0.113127	0.071139	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa05231	Choline m	2月27日	98/7946	0.043274	0.113127	0.071139	EGF/EGFR
KEGG_Patf hsa04070	Phosphatic	2月27日	99/7946	0.044075	0.113127	0.071139	OCRL/PIK:
KEGG_Patf hsa04928	Parathyroi	2月27日	106/7946	0.049838	0.123791	0.077845	ARRB1/EG
KEGG_Patf hsa03020	RNA polyr	1月5日	31/7946	0.01936	0.01936	NA	POLR1B
KEGG_Patf hsa05160	Hepatitis C	3月8日	155/7946	0.000379	0.003035	0.001997	IFIT1/RNA:
KEGG_Patf hsa05164	Influenza A	2月8日	170/7946	0.011706	0.035203	0.02316	RNASEL/R:
KEGG_Patf hsa04621	NOD-like	2月8日	181/7946	0.013201	0.035203	0.02316	GBP2/RNA
KEGG_Patf hsa04014	Ras signali	10/81	232/7946	0.000113	0.000867	0.000427	GRB2/LAT,
KEGG_Patf hsa05131	Shigellosis	10/81	236/7946	0.00013	0.000959	0.000472	CCL5/MYL
KEGG_Patf hsa04020	Calcium sig	9/81	193/7946	0.000141	0.000975	0.00048	ADCY2/AC
KEGG_Patf hsa01521	EGFR tyros	6/81	79/7946	0.000143	0.000975	0.00048	GRB2/JAK:
KEGG_Patf hsa04662	B cell rece	6/81	82/7946	0.000176	0.001156	0.000569	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa04935	Growth ho	7/81	119/7946	0.000197	0.00125	0.000615	ADCY2/GP
KEGG_Patf hsa05210	Colorectal	6/81	86/7946	0.000229	0.001402	0.00069	GRB2/PIK3

KEGG_Patf hsa04370	VEGF sign: 5/81	59/7946	0.000316	0.001877	0.000923	PIK3CB/PII
KEGG_Patf hsa04658	Th1 and Th17 6/81	92/7946	0.00033	0.001896	0.000933	HLA-DPB1
KEGG_Patf hsa04666	Fc gamma 6/81	93/7946	0.00035	0.001896	0.000933	HCK/LAT/FA
KEGG_Patf hsa05323	Rheumatoid 6/81	93/7946	0.00035	0.001896	0.000933	CCL5/CD2
KEGG_Patf hsa05231	Choline m 6/81	98/7946	0.000465	0.002442	0.001202	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa04360	Axon guid 8/81	181/7946	0.000483	0.002471	0.001216	CXCL12/M
KEGG_Patf hsa04061	Viral prote 6/81	100/7946	0.000518	0.002574	0.001267	CCL21/CC
KEGG_Patf hsa05330	Allograft re 4/81	38/7946	0.000568	0.002752	0.001354	CD28/CD8
KEGG_Patf hsa04917	Prolactin s 5/81	70/7946	0.0007	0.00326	0.001604	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa04072	Phospholip 7/81	148/7946	0.000742	0.00326	0.001604	ADCY2/F2
KEGG_Patf hsa04659	Th17 cell c 6/81	107/7946	0.000742	0.00326	0.001604	HLA-DPB1
KEGG_Patf hsa04520	Adherens j 5/81	71/7946	0.000748	0.00326	0.001604	RAC2/RAC
KEGG_Patf hsa05332	Graft-vers 4/81	41/7946	0.000762	0.00326	0.001604	CD28/CD8
KEGG_Patf hsa05100	Bacterial ir 5/81	73/7946	0.000849	0.00355	0.001747	PIK3CB/PII
KEGG_Patf hsa04940	Type I diat 4/81	43/7946	0.000914	0.003738	0.001839	CD28/CD8
KEGG_Patf hsa05212	Pancreatic 5/81	76/7946	0.00102	0.004078	0.002006	JAK1/PIK3
KEGG_Patf hsa04071	Sphingolip 6/81	119/7946	0.001293	0.005061	0.00249	ADORA1/C
KEGG_Patf hsa04530	Tight junct 7/81	169/7946	0.001611	0.006177	0.003039	ARHGAP1
KEGG_Patf hsa05164	Influenza A 7/81	170/7946	0.001667	0.006203	0.003052	CCL5/CXC
KEGG_Patf hsa04012	ErbB signa 5/81	85/7946	0.001686	0.006203	0.003052	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa04540	Gap juncti 5/81	88/7946	0.001966	0.007093	0.00349	ADCY2/GN
KEGG_Patf hsa05320	Autoimmu 4/81	53/7946	0.002008	0.007107	0.003497	CD28/CD8
KEGG_Patf hsa04923	Regulator 4/81	55/7946	0.002304	0.007997	0.003935	ADCY2/AC
KEGG_Patf hsa05167	Kaposi sar 7/81	186/7946	0.002777	0.009368	0.004609	CCR5/CD8
KEGG_Patf hsa05213	Endometri 4/81	58/7946	0.0028	0.009368	0.004609	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa04064	NF-kappa 5/81	102/7946	0.003742	0.011871	0.005841	CCL21/CX
KEGG_Patf hsa05142	Chagas dis 5/81	102/7946	0.003742	0.011871	0.005841	CCL5/GNA
KEGG_Patf hsa05146	Amoebiasi 5/81	102/7946	0.003742	0.011871	0.005841	GNA15/GN
KEGG_Patf hsa04620	Toll-like re 5/81	104/7946	0.004067	0.012683	0.00624	CCL5/CD8
KEGG_Patf hsa05169	Epstein-B 7/81	201/7946	0.004268	0.013089	0.00644	CXCL10/H
KEGG_Patf hsa05223	Non-small 4/81	66/7946	0.004473	0.013494	0.006639	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05221	Acute mye 4/81	67/7946	0.004721	0.014011	0.006893	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05160	Hepatitis C 6/81	155/7946	0.004871	0.014227	0.006999	CXCL10/G
KEGG_Patf hsa05211	Renal cell 4/81	69/7946	0.005244	0.015076	0.007417	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05161	Hepatitis E 6/81	162/7946	0.006028	0.017065	0.008396	GRB2/JAK
KEGG_Patf hsa05166	Human T- 7/81	219/7946	0.006782	0.018908	0.009302	ADCY2/HL
KEGG_Patf hsa04022	cGMP-PKC 6/81	167/7946	0.00697	0.019054	0.009374	ADCY2/AC
KEGG_Patf hsa05214	Glioma 4/81	75/7946	0.007042	0.019054	0.009374	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa04722	Neurotrop 5/81	119/7946	0.007176	0.019137	0.009415	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05220	Chronic m 4/81	76/7946	0.007376	0.019389	0.009539	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa04380	Osteoclast 5/81	128/7946	0.009685	0.0251	0.012349	GRB2/JAK
KEGG_Patf hsa04930	Type II dia 3/81	46/7946	0.011307	0.028895	0.014216	PIK3CB/PII
KEGG_Patf hsa04910	Insulin sigr 5/81	137/7946	0.012743	0.032118	0.015802	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05418	Fluid sheat 5/81	139/7946	0.013502	0.033572	0.016517	PIK3CB/PII
KEGG_Patf hsa04550	Signaling p 5/81	140/7946	0.013892	0.034083	0.016768	DVL1/GRB
KEGG_Patf hsa05203	Viral carcir 6/81	201/7946	0.016399	0.039703	0.019533	CCR5/GRB
KEGG_Patf hsa05224	Breast can 5/81	147/7946	0.016843	0.040038	0.019698	DVL1/GRB
KEGG_Patf hsa05215	Prostate c 4/81	97/7946	0.016973	0.040038	0.019698	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05205	Proteoglyc 6/81	204/7946	0.017519	0.040804	0.020075	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05226	Gastric car 5/81	149/7946	0.017757	0.040841	0.020094	DVL1/GRB
KEGG_Patf hsa04916	Melanoge 4/81	101/7946	0.019402	0.043634	0.021468	ADCY2/DV
KEGG_Patf hsa04150	mTOR sigr 5/81	153/7946	0.019683	0.043634	0.021468	DVL1/GRB
KEGG_Patf hsa04921	Oxytocin s 5/81	153/7946	0.019683	0.043634	0.021468	ADCY2/GN
KEGG_Patf hsa05170	Human im 6/81	212/7946	0.020763	0.045481	0.022376	CCR5/GN/
KEGG_Patf hsa04625	C-type lec 4/81	104/7946	0.021358	0.046234	0.022747	PIK3CB/PII
KEGG_Patf hsa04931	Insulin resi 4/81	108/7946	0.024149	0.051668	0.02542	PIK3CB/PII
KEGG_Patf hsa04630	JAK-STAT 5/81	162/7946	0.024507	0.05183	0.0255	GRB2/JAK
KEGG_Patf hsa04213	Longevity 3/81	62/7946	0.025091	0.052462	0.025811	ADCY2/PII

KEGG_Patf hsa04668	TNF signal 4/81	112/7946	0.027152	0.054901	0.027011	CCL5/CXC
KEGG_Patf hsa04725	Cholinergi 4/81	112/7946	0.027152	0.054901	0.027011	ADCY2/GN
KEGG_Patf hsa05145	Toxoplasr 4/81	112/7946	0.027152	0.054901	0.027011	CCR5/HLA
KEGG_Patf hsa05225	Hepatocel 5/81	168/7946	0.028113	0.056227	0.027663	DVL1/GRB
KEGG_Patf hsa04924	Renin secr 3/81	69/7946	0.033052	0.065393	0.032173	ADORA1/C
KEGG_Patf hsa05310	Asthma 2/81	31/7946	0.039436	0.077194	0.037979	HLA-DPB1
KEGG_Patf hsa04971	Gastric aci 3/81	75/7946	0.040802	0.079028	0.038881	ADCY2/CC
KEGG_Patf hsa05140	Leishmani: 3/81	77/7946	0.043573	0.083514	0.041088	HLA-DPB1
KEGG_Patf hsa04068	FoxO sign: 4/81	131/7946	0.044381	0.084187	0.041419	GRB2/PIK3
KEGG_Patf hsa05322	Systemic li 4/81	133/7946	0.046483	0.087274	0.042938	CD28/CD8
KEGG_Patf hsa05169	Epstein-B: 6/38	201/7946	0.000342	0.007416	0.006265	CCNA1/DI
KEGG_Patf hsa03440	Homologc 3/38	41/7946	0.000949	0.018031	0.015234	POLD2/PC
KEGG_Patf hsa03022	Basal trans 3/38	45/7946	0.001247	0.021055	0.017789	ERCC3/GT
KEGG_Patf hsa04210	Apoptosis 4/38	136/7946	0.00386	0.058677	0.049575	NFKBIA/P/
KEGG_Patf hsa01524	Platinum c 3/38	73/7946	0.004984	0.068869	0.058186	ERCC1/TP!
KEGG_Patf hsa05220	Chronic m 3/38	76/7946	0.005578	0.070657	0.059696	DDB2/NFK
KEGG_Patf hsa05161	Hepatitis E 4/38	162/7946	0.007165	0.083772	0.070777	CCNA1/DI
KEGG_Patf hsa05222	Small cell l 3/38	92/7946	0.009456	0.102663	0.086737	DDB2/NFK
KEGG_Patf hsa04064	NF-kappa 3/38	102/7946	0.012513	0.126795	0.107126	NFKBIA/P/
KEGG_Patf hsa05216	Thyroid ca 2/38	37/7946	0.013349	0.126816	0.107144	DDB2/TP5
KEGG_Patf hsa04962	Vasopressi 2/38	44/7946	0.018568	0.159285	0.134576	DYNC1H1,
KEGG_Patf hsa04722	Neurotrop 3/38	119/7946	0.018878	0.159285	0.134576	NFKBIA/NI
KEGG_Patf hsa05166	Human T- 4/38	219/7946	0.019911	0.159285	0.134576	CCNA1/Nf
KEGG_Patf hsa04340	Hedgehog 2/38	50/7946	0.023618	0.179494	0.15165	KIF3A/PRK
KEGG_Patf hsa03460	Fanconi ar 2/38	54/7946	0.027262	0.197326	0.166716	ERCC1/RP,
KEGG_Patf hsa05213	Endometri 2/38	58/7946	0.031119	0.215001	0.181649	DDB2/TP5
KEGG_Patf hsa05217	Basal cell c 2/38	63/7946	0.036224	0.236348	0.199684	DDB2/TP5
KEGG_Patf hsa04137	Mitophagy 2/38	65/7946	0.038351	0.236348	0.199684	RAB7A/TP
KEGG_Patf hsa05223	Non-small 2/38	66/7946	0.039432	0.236348	0.199684	DDB2/TP5
KEGG_Patf hsa04218	Cellular se 3/38	160/7946	0.040428	0.236348	0.199684	CCNA1/R/
KEGG_Patf hsa04920	Adipocyto 2/38	69/7946	0.042745	0.240636	0.203308	NFKBIA/NI
KEGG_Patf hsa04115	p53 signal 2/38	72/7946	0.046158	0.241934	0.204404	DDB2/TP5
KEGG_Patf hsa05218	Melanoma 2/38	72/7946	0.046158	0.241934	0.204404	DDB2/TP5
KEGG_Patf hsa05214	Glioma 2/38	75/7946	0.04967	0.249387	0.210701	DDB2/TP5

2
3
4
2
4
3
2
4
4
2
2
2
2
3
5
2
7
6
5
3
3
6
4
2
4
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
6
2
3
2
2
4
3
2
2
3
3
4
2
4
5
2
2

2
2
3
2
4
2
2
2
2
4
4
4
4
4
4
4
2
4
4
4
4
3
3
4
4
2
2
2
2
2
2
4
2
2
4
3
2
2
3
4
4
2
4
2
2
2
2
3
4
4
4
1
1
2
2
2
2
2
4
2
2
4

1
2
2
2
1
1
1
1
1
2
1
1
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
1
2
1
2
1
3
3
1
1
1
2
3
3
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
2
1
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1

2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
1
2
1
2
2
1
2
1
1
1
1
1
2
3
2
2
2
2
2
1
1
1
2
2
2
2
3
3
3
1
2
1
2
2
3
1

2
2
2
1
1
1
2
2
1
1
2
2
1
2
1
1
1
2
2
2
2
1
1
1
2
2
2
2
1
1
2
1
2
1
2
1
2
1
1
1
2
1
1
1
2
1
1
1
1
2
1
1
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
11
3
7
10
7
3
3
3
3
7
5
7
12
9
3
3
8
6
6
12
10
3
5
6
6
9
8
9
11
7
3
3
3
5

8
9
6
6
10
3
3
5
2
2
9
8
3
3
3
9
7
6
6
5
4
6
6
6
5
5
5
7
5
5
5
4
7
3
3
3
3
9
10
2
2
2
4
5
6
3
3
3
8
6
9
3
4
3
3
3
4

5
6
5
11
6
9
7
10
5
4
8
3
3
3
6
6
9
5
10
9
5
6
4
3
3
3
10
6
6
9
6
2
2
2
2
2
2
2
3
6
6
3
3
3
3
3
3
3
6
6
7
9
8
3
3
3
3
3
6
6
6

8
9
9
2
2
2
2
3
3
9
6
8
7
4
4
4
7
3
3
2
4
5
6
4
4
5
5
3
3
3
3
3
8
8
6
8
2
2
2
2
2
2
7
3
3
3
3
3
4
10
8
6
4
9
7
4
4
5
2
2

2
2
2
2
7
8
8
3
4
4
3
3
4
6
2
2
2
2
2
3
3
3
3
4
3
3
3
5
8
2
2
10
10
10
6
6
9
4
3
3
8
3
3
3
4
8
7
7
2
2
2
2
2
3
5
5
7
4

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
6
2
2
2
2
6
6
4
6
3
3
5
6
3
6
4
5
5
2
2
2
2
2
2
2
2
2
3
3
3
5
4
4
5
5
9
2
2
2
2

3
3
3
3
9
5
8
8
4
4
3
3
3
9
9
7
5
2
8
4
9
6
3
5
4
5
2
2
2
4
3
3
3
3
9
2
2
2
2
2
2
3
5
7
4
3
3
6
3
3
3
2
2
2
2
2
4
8
8
4
4

2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
4
5
2
3
3
3
3
4
3
2
2
2

2
2
2
2
2
3
3
6
5
8
3
7
7
5
4
2
2
2
2
2
2
8
3
3
7
3
7
2
3
3
4
4
4
4
3
7
2
2
4
4
3
5
4
4
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
5
4
6
8
6
4
2
2
2
3
6
4
4
4
6
5
3
3
3
2
2
2
2
7
7
6
4
8
6
6
4
5
3
3
3
3
3
2
2
2
2
2
2

2
5
5
5
3
3
5
2
2
2
3
3
3
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
6
2
2
3
3
3
3
3
3
3
2
2
2
2
5

4
3
2
2
2
4
7
3
5
4
3
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
5
3
4
2
2
3
3
2
2
2
5
5
3
2
2
2
2
2
2
4
3
3
2
2
2
2
2
2
3
3

3
3
3
2
4
2
2
3
3
2
2
4
2
2
2
2
4
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
4
4
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
3
2
4
3
2
4
4
4
3
4
2
2
2
2
3

2
2
2
4
2
3
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
3
2
3
4
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
3
4
4
4
4
2
4

3
2
2
3
2
2
4
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
3
3
3
3
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
2
3
2
3
2
2
2
2
3
2
2
1

1
1
2
2
2
2
3
2
3
3
2
2
2
2
3
2
3
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
2
3
3
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
3
2
2
2
2
3
2
2
3
1
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
3
2
3
3
2
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
3
2
2
2
3
3
1
1
1
1
1
1

1
1
1
1
1
3
2
2
3
1
1
1
1
1
2
3
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
2
3
2
2
2
3
3
2
2
1
1
1
1

1
1
1
1
3
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
2
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
3
2
3
2
1
1
1
1
2
2
2
3
3
3
3
1
1
1

1
1
1
1
2
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
1
1
1
2
2
2
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
1
6

6
5
3
4
5
5
5
6
5
4
4
5
7
6
2
2
2
2
4
3
5
6
5
5
3
4
4
7
2
2
9
6
3
8
6
2
2
4
5
3
4
5
6
5
5
5
3
5
2
2
5
5
8
5
10
6
3

4
6
2
2
2
5
3
8
2
5
5
3
5
5
5
6
3
8
5
3
4
2
2
2
5
5
5
3
8
8
5
2
2
2
7
5
3
5
8
5
2
2
2
4
5
3
3
6
6
4
2
5
5
5
2
5
7
4
7
7
2

2
7
5
7
5
5
5
5
5
7
2
2
2
5
5
7
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
5
5
5
3
2
5
7
5
2
5
3
5
3
3
7
3
5
3
3
3
3
2
2
2
2
3
4
2
3
3
5
3
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
4
5
2
2
2
3
8
2
5
7
2
3
4
3
2
5
1
1
1
1
1
1
1
1
1
7
3
4
3
5
3
7
2
3
7
4
5
3
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
1
5
2
2
2
2
5
2
3
3
7
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
2
6
4
3
3
3
3
4
4
4
3
4
2
2
7
3
3
3
3
2
7
6
3
3
3
3
6
3
3
5
6
4
2
2
3
5
2

3
6
4
3
4
4
4
4
4
4
4
2
2
3
4
2
5
3
2
4
3
3
5
2
2
3
3
4
5
3
2
4
3
1
1
1
1
1
1
2
2
2
3
3
2
4
4
2
3
5
3
3
4
2
1
1
1
1
2

4
2
2
2
2
2
2
5
2
2
4
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
3
2
2
2
2
4
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
4
3
2
2
3
3
3
2
4
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
4
3
2
3
2
3
2
2
2
3
4
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
4
3
2
2
3
1
1
1
1
1
1
1
4
4
3
3
3
3
3
4
4
2
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
2
3
3
1
1
1
1
1
1
2
3
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
4
2
2
2
3
3
2
3

1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
3
3
2
1
1
1
1
1
1
2
3
3
2
1
1
1
1
1
1
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1

1
2
3
3
2
1
3
1
3
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
1
1
1
2
1
1
1
1
1
1
2
2
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
1
1
1
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
2
1
1
1
1
3
6
7
6
8
11
5
7
7
6
4
11
4
3
3
5

6
9
5
6
5
5
3
3
10
7
6
4
4
7
4
3
3
3
5
7
8
6
5
5
5
9
6
6
6
2
2
2
2
7
6
6
6
3
3
3
3
5
6
3
3
3
3
3
6
7
4
4
3
3
3
3
3
3
4
4
9
5

6
5
6
8
10
3
3
4
2
2
10
5
9
7
3
3
3
4
4
7
7
4
3
3
3
3
3
3
3
4
6
7
6
6
6
6
4
8
4
2
2
2
2
2
2
3
3
3
3
3
3
3
7
7
5
3
3
3
3
7
4
5
5

8
3
6
10
8
10
4
4
5
2
2
2
3
3
3
5
4
3
3
3
3
4
6
3
3
3
3
5
6
5
5
5
2
2
2
2
2
2
3
3
6
4
9
6
6
3
4
4
6
4
6
2
2
2
3
3
3
3
4
8

8
3
3
3
3
5
5
7
7
7
5
4
2
2
2
2
2
2
2
5
7
3
3
8
5
6
6
3
3
3
3
6
9
3
2
2
2
2
2
2
5
3
3
4
6
5
4
4
4
3
5
9
4
3
3
2
2
2
2
2
2
6

4
3
3
3
3
3
3
3
4
6
3
8
7
9
2
2
2
2
2
2
4
3
3
5
5
8
7
3
7
4
5
3
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
5
3
5
5
3
5
2
2
2
2
2
5
6
4
4
5
6
2

2
2
2
2
2
3
3
8
7
4
4
6
3
8
3
3
6
4
4
2
2
2
5
3
4
8
5
3
3
3
3
3
2
2
2
2
3
3
3
8
6
8
3
3
4
2
2
2
2
2
3
3
3
3
3
3
3
3
6
4
3
8

1
1
1
1
1
3
2
2
2
5
4
4
3
5
5
4
4
5
6
2
2
2
2
4
4
4
3
3
3
3
3
3
3
3
4
2
2
2
2
4
3
4
4
4
4
4
2
2
3
3
3
3
5
4
2
2
2
2
2
2
2
2
2
3

5
5
4
4
4
7
5
3
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
5
3
3
3
7
2
2
2
2
2
2
5
3
7
6
3
3
4
2
2
2
2
2
2
2
2
4
3
3
6
5
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
3
3
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
4
3
2
2
2
2
2
4
3
3
3
3
7
3
3
2
2
2
5
3
6
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
5
4
5
5
3
3
5
5
4
4
2

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
3
3
2
3
3
3
2
2
5
3
5
2
2
2
2
2
2
3
3
4
4
3
6
7
2
3
3
3
3
4
3
2
4
4
2
2
3
6
4
4
6
6
6
4
7
4
2

2
2
3
7
3
2
2
2
5
3
6
7
3
5
7
2
5
2
4
4
2
3
4
2
3
3
3
3
4
6
2
3
3
3
5
2
2
2
5
2
2
4
3
2
2
4
3
4
3
3
2
2
3
3
2
2
3
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
1
4
2
2
4
2
4
3
2
2
2
2
5
4
4
2
2
3
5
4
2
2
2
2
4
4
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
2
2
3
4
2
2
2
3
2
2
2
4
2
2
2
2

1
1
1
4
2
3
2
3
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
2
3
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
4
3
4
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
2
4
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
3
2
3
3
4
3
3
2
3
3
2
3
1
1
1
3
3
1
1
1
2
3
1
3
3
1
1
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
5
2
5
2
3
2
5
1
1
1
1
2
5
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
2
2
1
1

5
3
3
5
4
2
4
10
5
4
6
4
2
2
2
2
2
6
4
2
2
3
10
2
2
3
2
2
2
2
4
2
7
2
7
3
1
1
1
1
1
4
2
2
5
2
5
4
7
5
1
1
1
2
2
2
2
8
2
3
4

2
3
2
3
3
7
2
2
1
1
1
1
1
1
4
2
7
1
1
1
1
1
2
3
1
1
1
6
4
5
4
1
1
1
5
2
3
1
1
1
1
2
1
2
1
1
2
3
2
3
3
3
2
3
3
1
1
1

1
1
3
1
1
2
1
3
3
3
2
2
1
3
1
2
3
1
1
2
3
10
2
5
9
2
2
2
2
2
4
3
1
1
1
1
2
3
6
3
3
1
1
1
1
1
1
1
1
8
2
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
2

3
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
2
2
2
4
6
4
3
3
3
3
3
6
4
4
2
2
4
4
2
2
4
2
2
3
4
5
3
3
2
3
2
1
1
2
4
3
3
2

3
2
2
2
1
1
1
1
1
3
3
3
3
5
3
2
1
1
1
2
4
2
4
2
2
1
1
4
4
3
4
1
1
1
4
3
2
1
1
4
1
2
2
2
2
1
1
1
3
2
1
1
2
2
2
1
1
1
1
1

1
1
1
1
3
3
2
1
1
2
2
1
1
1
1
1
3
3
1
2
2
2
1
2
1
1
1
1
1
9
9
3
6
3
6
6
6
3
3
4
8
3
4
2
6
9
6
9
3
5
6
2
2
5
7
4
4
5
3
2
2

7
4
5
4
5
5
4
1
1
1
1
1
1
6
3
2
6
3
7
2
2
4
3
2
3
2
2
1
1
1
1
3
2
2
3
4
3
3
4
5
2
1
1
1
2
3
2
3
3
1
1
5
5
2
4
4
1
1

1
5
6
5
3
1
1
1
1
3
3
2
1
1
6
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
5
2
1
2
7
4
6
4
3
3
6
2
4
3
4
2
3
4
1
1
1
1
3
3
1
1
5
3
2
1
1
1
1
1

1
1
1
3
2
1
1
2
2
2
1
1
1
1
1
1
3
1
1
1
1
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
1
1
1
1
1
2
1
1
1
1
2
1
1
2
1
2
1
2
1
1
5
5
2
2
2
3
9
3
3
3
2
2
2
3
2

5
2
5
2
2
2
9
3
2
1
1
1
1
2
2
2
1
1
1
2
3
2
2
4
4
2
1
1
1
2
2
2
2
2
1
1
1
6
2
6
1
1
1
2
2
1
1
1
2
5
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
1
2
1
2
1
1
2
1
1
3
12
7
2
2
2
2
2
2
2
2
2
7
5
3
8
3
3
2
2
3
2
7
4
4
2
4
3
2
3
3
2
2
2
2
4
6
3
3
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
3
3
2
2
2
2
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
4
6
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
4
4
2
4
2
2
2
2
4
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
4
2
3
1
1
1
1
1
1
4
2
2
5
2
1
1
2
2
2
2
2
3
3
3
2
3
2
3
3
3
3
2
2
2
1
1
1
1
1
2
2
3
1
1
1
1
1
1

1
2
1
1
1
3
3
2
3
2
9
2
1
1
1
1
1
1
3
3
1
1
1
1
1
6
7
3
1
1
1
3
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
2
4
1
1
1
1
3
1
1
1
2
3
3
3
2
2
2
5
2
3
3

1
4
3
3
1
1
1
1
1
5
5
4
4
2
3
4
4
1
1
1
1
1
4
1
1
2
3
3
1
2
1
1
3
2
2
2
2
3
2
3
1
1
3
1
3
1
1
1
1
1
1
1
1
3
1
1
1
1
4
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
2
2
1
2
3
3
3
3
3
3
3
3
2
2
1
2
1
1
2
3
2
1
3
3
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
2
2
2
2
2
1
1
1
1
1
1
3
1
1
1
1
1
3
1
1
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
2
2
2
1
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
7
6
6
5
3
2
2
2
2
2
7
2
3
3
2
2
3
6
2
6
7
7
2
2
2
3
2
1
1
1

1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
5
1
1
1
1
1
2
1
1
1
1
1
1
3
1
1
1
2
2
2
3
7
5
2
3
4
3
2
2
4
3
3
2
3
2
2
2
5
5
2

4
1
1
5
2
3
2
3
1
1
2
2
2
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
3
1
1
3
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
1
2
1
1
3
1
1
2
2
2
1

2
2
1
1
2
7
4
2
2
2
2
10
10
6
9
11
5
7
5
7
4
5
5
8
7
6
10
5
7
5
9
5
5
4
7
7
4
6
4
4
4
4
3
5
4
4
4
3
4
3
3
5
4
4
5
4
3
3
3
4
3

3
4
3
4
4
3
3
3
2
2
2
3
2
3
3
2
2
2
2
2
6
5
6
7
4
4
4
2
2
3
2
2
2
3
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
2
1
3
2
2
10
10
9
6
6
7
6

5
6
6
6
6
8
6
4
5
7
6
5
4
5
4
5
6
7
7
5
5
4
4
7
4
5
5
5
5
7
4
4
6
4
6
7
6
4
5
4
5
3
5
5
5
6
5
4
6
5
4
5
5
6
4
4
5
3

