

Functional-Network-based Gene Set Analysis using Gene-Ontology: Supplementary Table S1

Billy Chang, Rafal Kustra, Weidong Tian

Table S1. p53 Data - Further Results

Pathway	KS	absM	GANPA	GOG _{0.3} ^{IEA}	GOG _{0.3}	GOG _{0.5} ^{IEA}	GOG _{0.5}	GOG _{0.7} ^{IEA}	GOG _{0.9}
p53 hypoxia	0.001	0.015	0.01	0	0.021	0.01	0.01	0.005	0.015
hsp 27	0.002	0.033	0.09	0.147	0.092	0.057	0.082	0.029	0.033
p53	0.006	0.015	0	0.026	0.026	0.015	0.015	0	0.01
p53 up	0.01	0.015	0	0.021	0	0	0	0	0
rad. sens.	0.064	0.015	0	0.021	0.026	0.014	0.015	0	0.014
ck1	0.474	0.178	0.157	0.157	0.209	0.151	0.196	0.139	0.145
bad	0.507	0.079	0.125	0.09	0.092	0.103	0.107	0.049	0.067
p53 sig.	0.517	0.22	0.125	0.242	0.225	0.136	0.107	0.041	0.209
st dictyostelium	0.788	0.178	0.157	0.157	0.209	0.136	0.107	0.106	0.145
g2	0.8	0.22	0.198	0.242	0.225	0.151	0.137	0.106	0.212
st interleukin 4	0.803	0.223	0.198	0.242	0.225	0.232	0.221	0.156	0.223
sa trka	0.805	0.232	0.313	0.269	0.238	0.281	0.305	0.156	0.234
bcl2family	0.828	0.22	0.125	0.242	0.225	0.151	0.107	0.08	0.141
chrebp	0.841	0.22	0.162	0.235	0.225	0.151	0.133	0.2	0.209
cr death	0.853	0.223	0.171	0.246	0.263	0.158	0.145	0.156	0.202
dna dam. sig.	0.862	0.178	0.198	0.242	0.225	0.203	0.164	0.2	0.141
st wnt ca2	0.867	0.22	0.151	0.242	0.225	0.232	0.162	0.203	0.209
ceramide	0.874	0.189	0.157	0.242	0.225	0.151	0.164	0.038	0.177
mitochondria	0.881	0.178	0.127	0.235	0.217	0.136	0.107	0.106	0.044
go ros	0.897	0.232	0.203	0.242	0.225	0.232	0.229	0.156	0.234
cc	0.899	0.178	0.151	0.235	0.209	0.136	0.107	0.107	0.145
map00910	0.918	0.178	0.158	0.221	0.225	0.151	0.239	0.2	0.166
cc arrest	0.958	0.22	0.157	0.242	0.225	0.151	0.107	0.095	0.209
cc regulator	0.969	0.178	0.125	0.235	0.209	0.126	0.107	0.078	0.152
il7	1	0.223	0.232	0.242	0.225	0.22	0.107	0.203	0.214
#sig.(q -value \leq 0.15)	5	6	10	6	6	11	17	16	12
#sig.(q -value \leq 0.16)	5	6	17	8	6	19	17	20	13

This table compares the 5 methods discussed in the main article, plus GOGANPA and GOGANPA^{IEA} with $\rho = 0.3$ and 0.5 , indicated by the subscripts of GOGANPA and GOGANPA^{IEA}. Gene sets with q -values ≤ 0.16 obtained by one of the methods are listed. Number of significant pathways discovered at FDR threshold at 0.15 and 0.16 are presented. q -value ≤ 0.15 are boldfaced. Abbreviation: GOG: GOGANPA; st dictyostelium: st dictyostelium discoideum camp chemotaxis pathway; rad. sens.: radiation sensitivity; p53 sig.: p53 signalling; st interleukin: st interleukin 4 pathway; sa trka: Sa trka receptor; bcl2family: bcl2family and regulatory network; dna dam. sig.: DNA damage signalling; st wnt ca2: st wnt Ca2 cyclic GMP pathway; cc: cell cycle; map00910: map00910 nitrogen metabolism. #sig.: number of significant pathways.