

Supporting information

Title

miR-101-5p acts as a tumor suppressor in HER2-positive breast cancer cells and improves targeted therapy

Journal

Breast Cancer: Targets and Therapy

Authors

Lisa Svartdal Normann^{1,2,3}

Mads Haugland Haugen²

Miriam Ragle Aure³

Vessela N. Kristensen³

Gunhild Mari Mælandsmo^{2,4}

Kristine Kleivi Sahlberg^{1,2}

Affiliations

1 Department of Research and Innovation, Vestre Viken Hospital Trust, Drammen, Norway.

2 Department of Tumor Biology, Institute for Cancer Research, Oslo University Hospital, Oslo, Norway.

3 Department of Medical Genetics, Institute of Clinical Medicine, Faculty of Medicine, University of Oslo and Oslo University Hospital, Oslo, Norway

4 Institute for Medical Biology, Faculty of Health Sciences, UiT – The Arctic University of Norway, Tromsø, Norway.

Correspondence

Dr. K. K. Sahlberg,

Department of Research and Innovation,
Vestre Viken Hospital Trust, Drammen, Norway.

E-mail: Kristine.Sahlberg@vestreviken.no

Supporting information

Supplementary Figure S1 HER2 Signaling in Breast Cancer Pathway with colored protein fold change values from KPL4 cells treated with miR-101-5p.

Supplementary Figure S2 Relative protein expression compared to scrambled negative control of selected apoptosis related proteins.

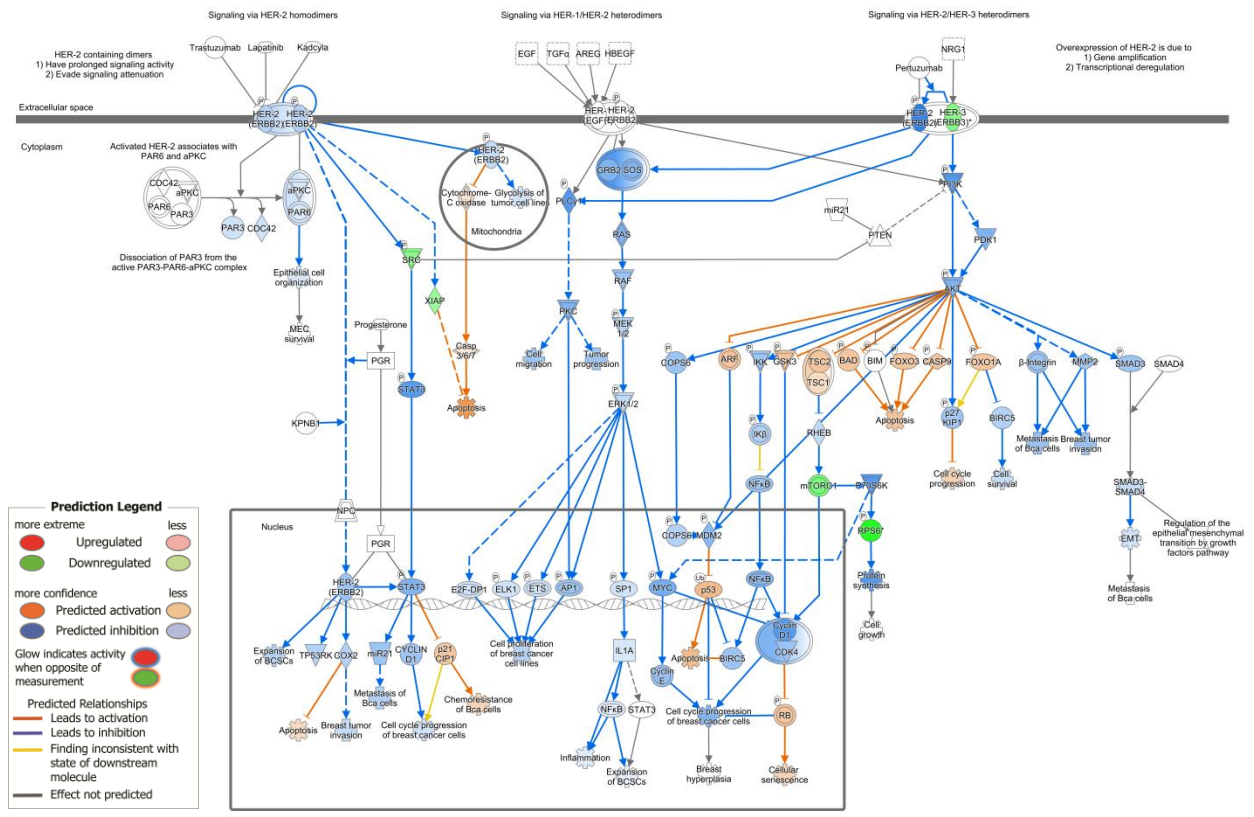
Supplementary Table S1: Protein clusters from the heatmap in Figure 2.

Supplementary Table S2: Proteomic data after miR-101-5p overexpression and treatment with lapatinib and trastuzumab.

Supplementary Table S3: HER2 signaling pathway analyses.

Supplementary Figure S1

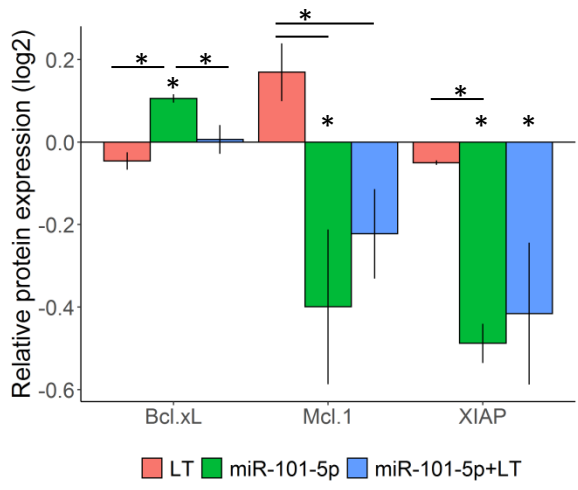
HER-2 Signaling in Breast Cancer



© 2000-2021 QIAGEN. All rights reserved.

Supplementary Figure S1 HER2 Signaling in Breast Cancer Pathway with colored protein fold change values from KPL4 cells treated with miR-101-5p. The figure is prepared using the IPA software.²⁹ The prediction tool suggested eg positive regulation (orange) of apoptosis and a negative regulation (blue) of cell survival, progression, metastasis, invasion and epithelial-to-mesenchymal transition (EMT).

Supplementary Figure S2



Supplementary Figure S2 Relative protein expression compared to scrambled negative control of selected apoptosis related proteins. Error bars are standard deviations of three biological replicates. * $p < 0.05$ (Student's t-test).

Supplementary Table S1

Chronological numbering of the clusters

Cluster 1 on top, cluster 5 at the bottom

Cluster	Protein
1	c.Kit
1	Rb_pS807_S811
1	EphA2_pS897
1	CD31
1	Chk2
1	Atg7
1	Lasu1
1	EphA2
1	Bad_pS112
1	ACC_pS79
1	PLC.gamma1_pS1248
1	DDR1_pY513
1	DUSP4
1	EphA2_pY588
1	VEGFR.2_pY1175
1	FRS2.alpha_pY196
1	SHP.2_pY542
1	DUSP6
1	HER2_pY1248
1	HSP60
1	PAK1
1	cdc25C
1	PAICS
1	eIF4E
1	X4E.BP1
1	Paxillin
1	TRIP13
1	Rad23A
1	p44.42.MAPK
1	MERIT40
1	AceCS1
1	DJ1
1	Heregulin
1	HSP70
1	PKA.a
1	eIF4E_pS209
1	IR.b

meanExpression log2 values

Mean log2 expression values of all proteins per cluster, divided by transfection of miR-101-5p or scrambled negative control (Scr)

Cluster	miR-101-5p	Scr
Cluster 1	0.10	-0.07
Cluster 2	0.03	0.00
Cluster 3	-0.02	-0.01
Cluster 4	-0.04	0.02
Cluster 5	-0.19	0.07

1 GRB7
1 EMA
1 Pcdcd4
1 MEK1
1 G6PD
1 PLC.gamma1
1 PHGDH
1 SDHA
1 Stathmin.1
1 Notch1
1 ATM
1 VASP
1 Sox2
1 Tuberin
1 WIPI2
1 INPP4b
1 A.Raf
1 DRP1
1 X4E.BP1_pT37_T46
1 RSK
1 PEA.15
1 TSC1
1 C.Raf
1 Enolase.1
1 CSK
1 Grp75
1 PKM2
1 NF.kB.p65_pS536
1 MMP2
1 DNMT1
1 COG3
1 Chk2_pT68
1 PD.L1
1 PCNA
1 Smad4
1 cdc2_pY15
1 Akt2
1 ERCC5
1 PTEN
1 eEF2K
1 MSH6
1 CHD1L
1 Mnk1

1 Akt1
1 Erk5
1 Gab2
1 RPA32
1 PKCa
1 MSH2
1 CtIP
1 SOD1
1 IRS2
1 Akt
1 Claudin.7
1 ATRX
1 Smad3
1 X53BP1
1 Calnexin
1 Dvl3
1 Chk1
1 c.Jun_pS73
1 Aurora.B
1 PAR
1 RRM2
1 Wee1_pS642
1 Wee1
1 MSI2
1 H2AX_pS139
1 Histone.H3
1 Caspase.7.cleaved.
1 FOXM1
1 Cyclin.B1
1 Annexin.I
1 Ambra1_pS52
1 Puma
1 p90RSK_pT573
1 Bcl.xL
1 Myt1
1 Bax
1 Glutaminase
1 Aurora.A
1 Stat3
1 MLH1
1 SFRP1
1 Granzyme.B
1 PD.1

2 B7.H3
2 MTCO1
2 U.Histone.H2B
2 PKC.delta_pS664
2 CD68
2 MelanA
2 MYH11
2 Stat3_pY705
2 RRM1
2 Rictor_pT1135
2 ERRalpha
2 c.Abl_pY412
2 YB1_pS102
2 p27_pT157
2 p38.a
2 SF2
2 Annexin.VII
2 H2AX_pS140
2 CD171
2 Rab11
2 Bim
2 Fibronectin
2 HMHA1
2 EGFR
2 Caveolin.1
2 Cox2
2 PDH
2 Notch1.cleaved
2 ZEB1
2 Enolase.2
2 HER2
2 PARG
2 DNA_POLG
2 PHLPP
2 Jak2
2 MMP14
2 VAV1
2 E.Cadherin
2 PREX1
2 CDT1
2 Akt2_pS474
2 IL.6
2 GATA3

2 N.Cadherin
2 Akt1_pS473
2 CD4
2 Melanoma.gp100
2 CDKN2A
2 IDO
2 Cyclin.D1
2 p38.MAPK._pT180_Y182
2 MITF
2 c.Met_pY1234_Y1235
2 CIITA
2 IRS1
2 X14.3.3.beta
2 HLA.DR.DP.DQ.DX
2 SOD2
2 PR
2 CA9
2 Rab25
2 UBQLN4
2 CD5
2 DNA.Ligase.IV
2 LAD1
2 MR1
2 CD38
2 b.Catenin_pT41_S45
2 CD44
2 FASN
2 PMS2
2 Glutamate.D1.2
2 IGFRb
2 Bcl2
2 GATA6
2 S100A4
2 GGPS1
2 B.Raf
2 Slfn11
2 MTSS1
2 TRAP1
2 TUFM
2 IGF1R_pY1135_Y1136
2 p21
2 IGFBP2
2 DDB.1

2 ACC1
2 JNK_pT183_Y185
2 Syk
2 Caspase.3.cleaved
2 VHL
2 Histone.H3_pS10
2 ENY2
2 Rad51
2 VHL.EPPK1
2 Transglutaminase
2 Complex.II.Subunit
2 Myosin.IIa_pS1943
2 p38.MAPK
2 UQCRC2
3 Rad50
3 Elk1_pS383
3 EGFR_pY1173
3 Caspase.8
3 GAPDH
3 MAPK_pT202_Y204
3 Chk1_pS345
3 PKC.b.II_pS660
3 Atg5
3 HSP27_pS82
3 MEK1_p_S217_S221
3 Cox.IV
3 S6
3 AMPKa
3 Merlin
3 MDM2_pS166
3 Aurora.ABC_pT288_pT232_pT198
3 Cdc6
3 KAP1
3 TFRC
3 PRC1_pT481
3 ADAR1
3 TRIM25
3 RBM15
3 HNRNPK
3 RPA32_pS4_S8
3 BRD4
3 TIGAR
3 Mitofusin.2

3 IGFBP3
3 UGT1A
3 PARP
3 STING
3 Stat1_pY701
3 BAP1
3 ER.a_pS118
3 DM.K9.Histone.H3
3 Axl
3 b.Catenin
3 TTF1
3 Tau
3 Stat5a
3 ATR_pS428
3 Gli1
3 p53
3 RIP3
3 BRCA1
3 MRAP
3 c.IAP2
3 PERK
3 P.Cadherin
3 Lck
3 Porin
3 CREB_pS133
3 AMPK.a2_pS345
3 Pyk2_pY402
3 B7.H4
3 SCD
4 EVI1
4 Cyclophilin.F
4 BiP.GRP78
4 MIF
4 FoxO3a_pS318_S321
4 IRF.1
4 Ets.1
4 MIG6
4 PKC.a.b.II_pT638_T641
4 LDHA
4 GCLM
4 PDHA1
4 FABP5
4 HSP27

4 ATR
4 Jagged1
4 Gli3
4 Connexin.43
4 A.Raf_pS299
4 c.Myc
4 PAK4
4 YAP
4 PAX6
4 CD45
4 N.Ras
4 CD49b
4 Rheb
4 C.Raf_pS338
4 CRABP2
4 XPF
4 CD20
4 X14.3.3.zeta
4 CD134
4 Myosin.IIa
4 Cyclin.E1
4 PRAS40
4 CD29
4 BMK1.Erk5_pT218_Y220
4 E2F1
4 IRF.3
4 p27.Kip1
4 Src_pY416
4 CDK1_pT14
4 GCN5L2
4 Lyn
4 YES1
4 Src
4 Collagen.VI
4 MEK2
4 PAI.1
4 b.Actin
4 AMPKa_pT172
4 PDK1_pS241
4 PI3K.p85
4 Atg4B
4 Cdc42
4 NRF2

4 DAPK2
4 LRP6_pS1490
4 NDUFB4
4 Sox17
4 PLC.gamma2_pY759
4 Mitofusin.1
4 ATM_pS1981
4 XRCC1
4 Cyclin.D3
4 HLA.DQA1
4 D.a.Tubulin
4 Oct.4
4 UVRAG
4 Bak
4 B.Raf_pS445
4 p70.S6K1
4 RSK1
4 Bid
4 Atg3
4 UBAC1
4 ASNS
4 X4E.BP1_pS65
4 Gys
4 MCT4
4 SLC1A5
4 ATP5H
4 ZAP.70
4 Tyro3
4 Coup.TFII
4 BCL2A1
4 Creb
4 ACVRL1
4 c.Abl
4 Patched
4 CD26
4 PDK1
4 Chk1_pS296
4 Beclin
4 MLKL
4 Notch3
4 RIP
4 PDHK1
4 WIPI1

4 PYGB
4 NAPSIN.A
5 X14.3.3.epsilon
5 Rb
5 HES1
5 Snail
5 LC3A.B
5 FAK
5 Tuberin_pT1462
5 GCLC
5 NQO1
5 PLK1
5 Src_pY527
5 ATP5A
5 p27_pT198
5 PRAS40_pT246
5 HER3_pY1289
5 eIF4G
5 Rictor
5 GSK.3B
5 Gys_pS641
5 S6_pS235_S236
5 S6_pS240_S244
5 FAK_pY397
5 mTOR_pS2448
5 ULK1_pS757
5 XIAP
5 HER3
5 ARID1A
5 Mcl.1
5 TAZ
5 GSK.3a.b
5 SHP2
5 Vinculin
5 eEF2
5 Raptor
5 Smad1
5 FN14
5 PI3K.p110.a
5 Hexokinase.I
5 Hexokinase.II
5 FGF.basic
5 VEGFR.2

5 PEA.15_pS116
5 JNK2
5 Shc_pY317
5 PAX8
5 Akt_pS473
5 Twist
5 JAB1
5 Akt_pT308
5 ERCC1
5 GSK.3a.b_pS21_S9
5 PYGM
5 Smac
5 DDR1
5 ACLY_pS455
5 Hif.1.alpha
5 ACSL1
5 ER.a
5 SGK3
5 XPA
5 AR
5 PTPN12
5 mTOR
5 SGK1
5 p70.S6K_pT389
5 NDRG1_pT346
5 MERIT40_pS29
5 YAP_pS127
5 FOXO3
5 TFAM
5 PI3K.p110.b

Supplementary Table S2**Fold change (FC) and p-values (Student's t-test) upon treatment of KPL4 cells with miR-101-5p overexpression and/or lapatinib and trastuzumab.****101 = miR-101-5p****LT = Lapatinib and Trastuzumab****Ctr = scrambled negative control**

		FC	p-value	FC	p-value	FC	p-value	FC	p-value	FC	p-value	FC	p-value
Protein	Gene Name	101vsCtr	101vsCtr	LTvsCtr	LTvsCtr	101LTvsCtr	101LTvsCtr	101LTvsLT	101LTvsLT	101LTvs101	101LTvs101	101vsLT	101vsLT
14-3-3-beta	YWHAB	0.08	0.13	0.12	0.10	0.19	0.26	0.08	0.60	0.11	0.47	-0.03	0.56
14-3-3-epsilon	YWHAE	-0.06	0.73	0.00	0.93	-0.05	0.61	-0.06	0.59	0.00	1.00	-0.06	0.71
14-3-3-zeta	YWHAZ	-0.13	0.09	-0.19	0.05	-0.13	0.11	0.06	0.23	0.00	0.98	0.06	0.14
4E-BP1	EIF4EBP1	0.28	0.06	-0.25	0.06	0.04	0.69	0.30	0.04	-0.24	0.09	0.54	0.01
4E-BP1_pS65	EIF4EBP1	-0.17	0.08	-0.12	0.07	-0.29	0.01	-0.16	0.05	-0.12	0.16	-0.04	0.52
4E-BP1_pT37_T46	EIF4EBP1	-0.04	0.77	-0.14	0.13	-0.13	0.15	0.01	0.79	-0.09	0.56	0.10	0.51
53BP1	TP53BP1	0.34	0.01	0.05	0.63	0.30	0.07	0.25	0.11	-0.04	0.74	0.29	0.03
A-Raf	ARAF	-0.04	0.80	-0.13	0.18	0.00	0.98	0.13	0.05	0.04	0.80	0.09	0.52
A-Raf_pS299	ARAF	-0.04	0.72	-0.10	0.10	-0.05	0.45	0.05	0.47	-0.01	0.96	0.05	0.65
ACC1	ACACA	0.18	0.22	0.03	0.88	0.07	0.50	0.04	0.83	-0.12	0.42	0.16	0.45
ACC_pS79	ACACA	0.03	0.85	-0.35	0.12	-0.43	0.07	-0.08	0.58	-0.46	0.03	0.38	0.07
AceCS1	ACSS2	0.26	0.21	-0.04	0.77	0.25	0.13	0.29	0.12	-0.02	0.93	0.31	0.18
ACLY_pS455	ACLY	-0.13	0.01	0.05	0.49	-0.07	0.34	-0.12	0.22	0.05	0.45	-0.18	0.09
ACSL1	ACSL1	-0.16	0.05	0.24	0.29	-0.06	0.42	-0.30	0.21	0.10	0.22	-0.40	0.14
ACVRL1	ACVRL1	-0.05	0.46	0.02	0.52	-0.02	0.67	-0.05	0.38	0.02	0.74	-0.07	0.28
ADAR1	ADAR	0.07	0.48	0.11	0.36	0.05	0.79	-0.06	0.72	-0.03	0.88	-0.04	0.73
Akt	AKT1	0.47	0.02	0.25	0.11	0.42	0.05	0.17	0.31	-0.05	0.73	0.22	0.16
Akt1	AKT1	0.28	0.05	0.15	0.03	0.30	0.00	0.15	0.02	0.03	0.77	0.13	0.23
Akt1_pS473	AKT1	0.00	0.96	0.14	0.21	0.12	0.18	-0.02	0.82	0.12	0.19	-0.14	0.22
Akt2	AKT2	0.30	0.01	0.02	0.72	0.27	0.04	0.24	0.05	-0.04	0.65	0.28	0.00
Akt2_pS474	AKT2	-0.01	0.48	0.13	0.05	0.10	0.14	-0.03	0.65	0.11	0.12	-0.13	0.05

Akt_pS473	AKT1	-0.39	0.03	-0.12	0.59	-0.26	0.12	-0.14	0.54	0.14	0.34	-0.28	0.26
Akt_pT308	AKT1	-0.12	0.16	0.03	0.77	-0.10	0.44	-0.14	0.40	0.02	0.91	-0.15	0.28
Ambra1_pS52	AMBRA1	0.16	0.27	-0.07	0.45	0.08	0.22	0.15	0.17	-0.08	0.54	0.23	0.16
AMPK-a2_pS345	PRKAA2	-0.08	0.11	0.00	0.98	-0.02	0.59	-0.02	0.71	0.06	0.25	-0.08	0.21
AMPKa	PRKAA1	-0.02	0.61	0.04	0.50	-0.02	0.82	-0.06	0.51	0.00	1.00	-0.06	0.31
AMPKa_pT172	PRKAA1	-0.38	0.03	-0.36	0.08	-0.58	0.01	-0.22	0.20	-0.21	0.07	-0.02	0.90
Annexin-I	ANXA1	0.10	0.22	-0.05	0.38	0.10	0.40	0.15	0.25	0.00	0.99	0.15	0.11
Annexin-VII	ANXA7	-0.01	0.94	0.06	0.69	0.15	0.46	0.09	0.57	0.17	0.39	-0.07	0.54
AR	AR	-0.46	0.02	0.16	0.40	-0.22	0.11	-0.38	0.11	0.24	0.11	-0.62	0.03
ARID1A	ARID1A	-0.60	0.01	0.01	0.90	-0.49	0.01	-0.50	0.01	0.11	0.40	-0.61	0.01
ASNS	ASNS	-0.23	0.06	-0.39	0.02	-0.68	0.03	-0.28	0.18	-0.44	0.07	0.16	0.12
Atg3	ATG3	-0.10	0.26	-0.14	0.20	-0.19	0.09	-0.06	0.56	-0.09	0.29	0.04	0.67
Atg4B	ATG4B	-0.27	0.03	-0.17	0.08	-0.35	0.02	-0.18	0.13	-0.08	0.39	-0.09	0.18
Atg5	ATG5	-0.05	0.49	-0.05	0.52	-0.11	0.22	-0.06	0.47	-0.06	0.39	0.00	0.95
Atg7	ATG7	0.07	0.08	-0.12	0.03	0.02	0.83	0.14	0.22	-0.05	0.58	0.20	0.01
ATM	ATM	0.29	0.08	0.16	0.41	0.36	0.20	0.21	0.44	0.08	0.74	0.13	0.45
ATM_pS1981	ATM	-0.07	0.22	-0.06	0.50	-0.07	0.21	-0.01	0.93	0.00	1.00	-0.01	0.93
ATP5A	ATP5F1A	-0.11	0.11	0.00	0.95	-0.12	0.09	-0.12	0.05	-0.01	0.79	-0.10	0.06
ATP5H	ATP5PD	-0.07	0.21	-0.06	0.35	-0.09	0.13	-0.03	0.63	-0.02	0.51	-0.01	0.89
ATR	ATR	-0.08	0.15	-0.08	0.15	-0.09	0.31	-0.01	0.88	-0.01	0.90	0.00	0.96
ATRX	ATRX	0.62	0.02	0.33	0.09	0.71	0.02	0.38	0.10	0.09	0.65	0.29	0.14
ATR_pS428	ATR	0.02	0.75	0.01	0.93	-0.08	0.34	-0.09	0.51	-0.10	0.20	0.01	0.93
Aurora-A	AURKA	0.01	0.83	-0.09	0.41	0.11	0.30	0.19	0.17	0.10	0.35	0.10	0.37
Aurora-ABC_pT288_pT232_pT198	AURKA	-0.11	0.47	-0.01	0.96	0.03	0.89	0.04	0.85	0.14	0.53	-0.10	0.45
Aurora-B	AURKB	0.32	0.02	0.13	0.30	0.40	0.06	0.27	0.14	0.08	0.53	0.18	0.20
Axl	AXL	0.03	0.66	0.08	0.49	0.06	0.47	-0.01	0.93	0.03	0.74	-0.04	0.70
b-Actin	ACTB	-0.07	0.16	-0.08	0.27	-0.10	0.03	-0.02	0.74	-0.04	0.31	0.02	0.80
b-Catenin	CTNNB1	0.00	0.96	0.03	0.80	0.06	0.58	0.03	0.83	0.06	0.51	-0.03	0.75
b-Catenin_pT41_S45	CTNNB1	0.11	0.30	0.13	0.25	0.02	0.92	-0.11	0.49	-0.09	0.56	-0.02	0.79

B-Raf	BRAF	0.00	0.96	0.18	0.30	0.16	0.06	-0.02	0.89	0.16	0.10	-0.18	0.29
B-Raf_pS445	BRAF	-0.11	0.17	-0.02	0.77	-0.13	0.27	-0.11	0.31	-0.02	0.80	-0.09	0.06
B7-H3	CD276	0.07	0.27	0.08	0.20	-0.05	0.40	-0.13	0.04	-0.12	0.05	-0.01	0.68
B7-H4	VTCN1	-0.09	0.17	0.12	0.06	0.03	0.52	-0.09	0.11	0.12	0.07	-0.21	0.02
Bad_pS112	BAD	0.06	0.30	-0.13	0.06	-0.08	0.14	0.05	0.38	-0.14	0.05	0.19	0.03
Bak	BAK1	0.01	0.84	0.02	0.74	-0.03	0.24	-0.05	0.39	-0.04	0.43	-0.01	0.91
BAP1	BAP1	0.05	0.67	0.15	0.23	0.07	0.54	-0.08	0.26	0.02	0.87	-0.10	0.35
Bax	BAX	0.18	0.06	-0.05	0.59	0.12	0.17	0.17	0.10	-0.06	0.29	0.23	0.06
Bcl-xL	BCL2L1	0.11	0.03	-0.05	0.14	0.01	0.83	0.05	0.10	-0.10	0.03	0.15	0.00
Bcl2	BCL2	0.00	0.97	0.06	0.34	0.02	0.65	-0.03	0.41	0.03	0.54	-0.06	0.24
BCL2A1	BCL2A1	-0.10	0.33	0.04	0.55	-0.03	0.78	-0.07	0.50	0.07	0.58	-0.14	0.17
Beclin	BECN1	-0.08	0.02	-0.08	0.10	-0.09	0.32	-0.01	0.90	-0.01	0.94	0.00	0.91
Bid	BID	-0.09	0.26	-0.13	0.17	-0.17	0.10	-0.04	0.64	-0.08	0.28	0.04	0.52
Bim	BCL2L11	-0.11	0.38	0.32	0.04	0.32	0.30	0.00	0.99	0.43	0.20	-0.43	0.03
BiP-GRP78	HSPA5	-0.11	0.20	-0.14	0.37	-0.08	0.61	0.06	0.75	0.03	0.83	0.02	0.87
BMK1-Erk5_pT218_Y220	MAPK7	-0.07	0.12	-0.10	0.30	-0.02	0.80	0.08	0.42	0.06	0.43	0.02	0.78
BRCA1	BRCA1	-0.08	0.42	0.01	0.93	-0.04	0.12	-0.05	0.60	0.04	0.69	-0.09	0.49
BRD4	BRD4	0.28	0.40	0.21	0.54	0.27	0.41	0.06	0.75	-0.01	0.94	0.07	0.74
c-Abl	ABL1	-0.12	0.14	0.01	0.80	-0.11	0.22	-0.12	0.17	0.01	0.89	-0.14	0.10
c-Abl_pY412	ABL1	0.01	0.94	0.04	0.54	0.01	0.94	-0.03	0.68	0.00	0.99	-0.04	0.55
c-IAP2	BIRC3	0.00	0.94	0.03	0.70	-0.02	0.59	-0.05	0.50	-0.02	0.47	-0.03	0.66
c-Jun_pS73	JUN	0.24	0.03	0.03	0.81	0.31	0.00	0.28	0.12	0.07	0.26	0.21	0.19
c-Kit	KIT	-0.03	0.74	-0.10	0.32	-0.08	0.45	0.02	0.80	-0.05	0.49	0.07	0.26
c-Met_pY1234_Y1235	MET	0.01	0.78	0.07	0.28	0.05	0.46	-0.02	0.74	0.04	0.54	-0.06	0.33
c-Myc	MYC	-0.08	0.39	-0.13	0.13	-0.09	0.15	0.04	0.57	-0.01	0.89	0.05	0.58
C-Raf	RAF1	-0.06	0.35	-0.01	0.80	-0.02	0.77	-0.01	0.89	0.05	0.52	-0.05	0.40
C-Raf_pS338	RAF1	-0.11	0.14	-0.25	0.04	-0.33	0.09	-0.08	0.57	-0.22	0.18	0.14	0.16
CA9	CA9	0.09	0.28	0.16	0.05	0.18	0.13	0.03	0.78	0.09	0.41	-0.06	0.40
Calnexin	CANX	0.54	0.02	0.12	0.35	0.61	0.03	0.49	0.06	0.07	0.65	0.42	0.01
Caspase-3-cleaved	CASP3	0.07	0.53	0.10	0.37	0.16	0.19	0.06	0.61	0.09	0.45	-0.03	0.78

Caspase-7-cleaved-	CASP7	0.11	0.02	-0.08	0.05	0.21	0.03	0.30	0.01	0.10	0.15	0.19	0.00
Caspase-8-M-Q	CASP8	-0.01	0.89	-0.13	0.19	-0.14	0.17	-0.01	0.65	-0.13	0.03	0.12	0.04
Caveolin-1	CAV1	-0.01	0.93	0.17	0.07	0.21	0.05	0.04	0.38	0.22	0.08	-0.18	0.11
CD134	TNFRSF4	-0.14	0.07	-0.08	0.14	-0.09	0.25	-0.01	0.93	0.06	0.45	-0.06	0.30
CD171	L1CAM	0.20	0.06	0.53	0.02	0.95	0.01	0.42	0.06	0.75	0.02	-0.33	0.09
CD20	MS4A1	-0.10	0.27	-0.18	0.01	-0.12	0.23	0.06	0.50	-0.02	0.85	0.08	0.36
CD26	DPP4	-0.01	0.61	-0.03	0.25	-0.08	0.44	-0.05	0.61	-0.07	0.50	0.02	0.43
CD29	ITGB1	-0.10	0.35	-0.08	0.24	-0.06	0.40	0.02	0.77	0.04	0.70	-0.02	0.86
CD31	PECAM1	-0.07	0.26	-0.29	0.16	-0.16	0.05	0.13	0.45	-0.09	0.08	0.22	0.25
CD38	CD38	0.09	0.44	0.13	0.27	-0.02	0.88	-0.15	0.30	-0.11	0.43	-0.04	0.53
CD4	CD4	0.03	0.45	0.12	0.10	0.09	0.34	-0.03	0.75	0.06	0.51	-0.09	0.17
CD44	CD44	0.06	0.61	0.00	0.99	-0.07	0.53	-0.07	0.47	-0.13	0.16	0.06	0.57
CD45	PTPRC	-0.12	0.05	-0.08	0.03	-0.09	0.25	0.00	0.94	0.03	0.63	-0.04	0.37
CD49b	ITGA2	-0.12	0.17	-0.11	0.04	-0.17	0.11	-0.06	0.48	-0.05	0.60	-0.01	0.92
CD5	CD5	0.10	0.40	0.10	0.42	0.06	0.67	-0.04	0.79	-0.04	0.77	0.00	0.98
CD68	CD68	-0.01	0.82	0.06	0.21	0.01	0.87	-0.04	0.60	0.02	0.77	-0.07	0.04
cdc25C	CDC25C	0.06	0.35	-0.15	0.30	-0.02	0.91	0.13	0.45	-0.07	0.62	0.21	0.19
cdc2_pY15	CDK1	0.13	0.06	-0.04	0.45	0.14	0.06	0.19	0.03	0.01	0.79	0.17	0.02
Cdc42	CDC42	-0.08	0.23	-0.04	0.52	-0.08	0.20	-0.04	0.38	-0.01	0.85	-0.04	0.42
Cdc6	CDC6	0.01	0.90	0.04	0.66	0.08	0.54	0.04	0.74	0.07	0.55	-0.03	0.65
CDK1_pT14	CDK1	-0.16	0.10	-0.07	0.44	-0.15	0.11	-0.08	0.36	0.01	0.88	-0.09	0.31
CDKN2A	CDKN2A	0.04	0.54	0.21	0.07	0.24	0.12	0.03	0.79	0.19	0.17	-0.16	0.11
CDT1	CDT1	0.07	0.26	0.17	0.06	0.17	0.03	0.00	0.96	0.10	0.13	-0.10	0.19
CHD1L	CHD1L	0.21	0.12	0.06	0.32	0.25	0.00	0.19	0.04	0.04	0.70	0.15	0.22
Chk1	CHEK1	0.14	0.03	0.04	0.37	0.19	0.05	0.15	0.09	0.05	0.50	0.10	0.07
Chk1_pS296	CHEK1	-0.06	0.21	-0.02	0.55	-0.07	0.30	-0.05	0.49	-0.02	0.80	-0.03	0.52
Chk1_pS345	CHEK1	-0.02	0.53	-0.03	0.63	-0.03	0.47	0.00	0.97	0.00	0.90	0.01	0.92
Chk2	CHEK2	0.02	0.80	-0.14	0.02	-0.03	0.61	0.11	0.15	-0.05	0.57	0.16	0.09
Chk2_pT68	CHEK2	0.14	0.16	0.12	0.19	0.10	0.32	-0.02	0.73	-0.04	0.57	0.02	0.62
CIITA	CIITA	-0.04	0.31	0.03	0.45	0.02	0.68	-0.01	0.91	0.06	0.29	-0.07	0.07

Claudin-7	CLDN7	0.31	0.07	0.18	0.21	0.39	0.13	0.21	0.33	0.09	0.67	0.13	0.19
COG3	COG3	0.15	0.27	0.10	0.52	0.08	0.52	-0.03	0.84	-0.07	0.33	0.05	0.73
Collagen-VI	COL6A1	-0.15	0.20	-0.09	0.48	-0.16	0.15	-0.07	0.58	-0.02	0.88	-0.06	0.66
Complex-II-Subunit	SDHB	0.04	0.59	-0.04	0.81	0.05	0.68	0.08	0.61	0.01	0.94	0.08	0.61
Connexin-43	GJA1	-0.02	0.81	-0.05	0.33	-0.01	0.84	0.03	0.64	0.01	0.95	0.03	0.76
Coup-TFII	NR2F2	-0.13	0.09	0.04	0.44	0.02	0.81	-0.01	0.90	0.16	0.20	-0.17	0.05
Cox-IV	COX4I1	-0.34	0.07	0.04	0.82	-0.25	0.57	-0.28	0.53	0.09	0.84	-0.37	0.09
Cox2	PTGS2	0.05	0.46	0.07	0.28	0.10	0.21	0.03	0.64	0.04	0.54	-0.02	0.76
CRABP2	CRABP2	-0.22	0.13	-0.31	0.05	-0.40	0.14	-0.09	0.66	-0.18	0.41	0.09	0.23
Creb	CREB1	-0.03	0.60	0.04	0.33	-0.02	0.73	-0.06	0.33	0.01	0.89	-0.07	0.25
CREB_pS133	CREB1	-0.16	0.01	0.02	0.85	-0.06	0.58	-0.08	0.60	0.10	0.38	-0.18	0.25
CSK	CSK	0.03	0.82	0.02	0.84	0.04	0.70	0.02	0.86	0.00	0.98	0.01	0.93
CtIP	RBBP8	0.43	0.05	0.34	0.03	0.67	0.00	0.32	0.04	0.24	0.18	0.09	0.59
Cyclin-B1	CCNB1	0.21	0.33	-0.21	0.45	0.13	0.51	0.34	0.22	-0.08	0.59	0.42	0.16
Cyclin-D1	CCND1	0.02	0.62	0.06	0.21	0.08	0.38	0.02	0.81	0.06	0.48	-0.04	0.27
Cyclin-D3	CCND3	-0.02	0.71	-0.05	0.35	-0.09	0.25	-0.04	0.58	-0.07	0.32	0.03	0.47
Cyclin-E1	CCNE1	-0.09	0.08	-0.07	0.40	-0.06	0.28	0.02	0.84	0.04	0.48	-0.02	0.80
Cyclophilin-F	PPIF	-0.01	0.81	-0.14	0.16	-0.16	0.37	-0.02	0.91	-0.15	0.41	0.13	0.19
D-a-Tubulin	TUBA4A	-0.03	0.68	-0.01	0.92	-0.05	0.43	-0.04	0.40	-0.02	0.68	-0.02	0.72
DAPK2	DAPK2	-0.11	0.07	-0.03	0.55	-0.10	0.07	-0.07	0.16	0.00	0.93	-0.08	0.16
DDB-1	DDB1	0.29	0.19	0.19	0.29	0.23	0.00	0.04	0.79	-0.05	0.76	0.09	0.67
DDR1	DDR1	-0.04	0.65	0.12	0.29	-0.05	0.49	-0.17	0.15	-0.01	0.91	-0.16	0.19
DDR1_pY513	DDR1	-0.04	0.50	-0.24	0.02	-0.28	0.01	-0.04	0.56	-0.24	0.02	0.20	0.03
DJ1	PARK7	0.06	0.49	-0.09	0.14	0.05	0.63	0.14	0.22	-0.01	0.91	0.16	0.15
DM-K9-Histone-H3	HC31	-0.01	0.97	0.04	0.81	0.14	0.38	0.10	0.37	0.15	0.40	-0.05	0.79
DNA-Ligase-IV	LIG4	0.00	0.96	0.08	0.25	0.02	0.81	-0.06	0.46	0.02	0.80	-0.08	0.28
DNA_POLG	POLG	0.06	0.43	0.15	0.07	0.20	0.05	0.05	0.49	0.14	0.14	-0.09	0.22
DNMT1	DNMT1	0.24	0.22	0.06	0.74	0.22	0.24	0.15	0.28	-0.03	0.80	0.18	0.26
DRP1	DNM1L	0.00	0.97	-0.14	0.03	-0.03	0.73	0.11	0.23	-0.02	0.85	0.13	0.30
DUSP4	DUSP4	0.02	0.90	-0.77	0.01	-0.90	0.03	-0.13	0.60	-0.92	0.03	0.79	0.01

DUSP6	DUSP6	0.32	0.03	-0.25	0.06	-0.29	0.10	-0.03	0.80	-0.60	0.02	0.57	0.01
Dvl3	DVL3	0.20	0.05	0.01	0.73	0.29	0.14	0.28	0.14	0.08	0.57	0.20	0.04
E-Cadherin	CDH1	-0.02	0.78	0.24	0.18	0.33	0.11	0.10	0.61	0.35	0.10	-0.26	0.15
E2F1	E2F1	-0.05	0.09	-0.05	0.40	0.03	0.59	0.08	0.29	0.08	0.21	0.00	0.99
eEF2	EEF2	-0.20	0.15	-0.14	0.09	-0.25	0.01	-0.11	0.15	-0.05	0.66	-0.06	0.60
eEF2K	EEF2K	0.10	0.17	0.10	0.00	0.19	0.06	0.08	0.25	0.08	0.32	0.00	1.00
EGFR	EGFR	-0.03	0.75	0.49	0.01	0.38	0.02	-0.11	0.38	0.41	0.02	-0.52	0.01
EGFR_pY1173	EGFR	0.04	0.65	-0.05	0.56	-0.10	0.30	-0.05	0.35	-0.15	0.05	0.10	0.15
eIF4E	EIF4E	0.17	0.07	-0.12	0.02	0.01	0.91	0.12	0.14	-0.17	0.09	0.29	0.03
eIF4E_pS209	EIF4E	0.23	0.05	-0.33	0.02	0.08	0.34	0.41	0.01	-0.15	0.07	0.56	0.00
eIF4G	EIF4G1	-0.31	0.05	-0.08	0.47	-0.33	0.05	-0.25	0.04	-0.02	0.77	-0.23	0.04
Elk1_pS383	ELK1	-0.01	0.84	-0.01	0.85	-0.03	0.59	-0.02	0.64	-0.02	0.72	0.00	0.98
EMA	MUC1	0.63	0.01	0.21	0.40	0.55	0.02	0.34	0.21	-0.08	0.56	0.43	0.15
Enolase-1	ENO1	-0.02	0.83	0.00	0.97	0.02	0.69	0.02	0.51	0.04	0.65	-0.02	0.84
Enolase-2	ENO2	0.06	0.43	0.17	0.07	0.17	0.08	-0.01	0.92	0.10	0.12	-0.11	0.13
ENY2	ENY2	0.07	0.24	-0.01	0.73	0.10	0.49	0.11	0.44	0.03	0.83	0.08	0.21
EphA2	EPHA2	0.09	0.12	-0.12	0.27	-0.07	0.25	0.05	0.60	-0.15	0.04	0.20	0.10
EphA2_pS897	EPHA2	-0.02	0.85	-0.53	0.06	-0.27	0.10	0.26	0.25	-0.26	0.12	0.51	0.08
EphA2_pY588	EPHA2	0.08	0.18	-0.36	0.01	-0.32	0.00	0.05	0.50	-0.40	0.00	0.44	0.00
ER-a	ESR1	-0.24	0.04	0.27	0.01	-0.04	0.48	-0.31	0.01	0.20	0.07	-0.51	0.00
ER-a_pS118	ESR1	-0.03	0.89	0.04	0.80	0.23	0.20	0.19	0.17	0.25	0.19	-0.07	0.70
ERCC1	ERCC1	-0.08	0.16	0.04	0.55	0.00	0.97	-0.04	0.60	0.08	0.18	-0.12	0.15
ERCC5	ERCC5	0.30	0.01	0.12	0.07	0.24	0.10	0.12	0.30	-0.06	0.55	0.18	0.01
Erk5	MAPK7	0.22	0.05	0.10	0.18	0.25	0.03	0.15	0.11	0.02	0.80	0.13	0.18
ERRalpha	ESRRA	-0.06	0.39	0.06	0.33	0.00	0.98	-0.06	0.44	0.06	0.49	-0.12	0.13
Ets-1	ETS1	-0.05	0.55	-0.11	0.18	-0.07	0.43	0.04	0.67	-0.02	0.79	0.06	0.44
EVI1	MECOM	0.02	0.84	0.02	0.86	-0.05	0.70	-0.06	0.59	-0.07	0.57	0.00	0.96
FABP5	FABP5	-0.06	0.15	-0.06	0.29	-0.03	0.64	0.03	0.70	0.03	0.69	0.00	0.96
FAK	PTK2	-0.07	0.29	0.04	0.66	-0.09	0.40	-0.13	0.29	-0.02	0.82	-0.11	0.27
FAK_pY397	PTK2	-0.58	0.01	-0.18	0.01	-0.54	0.04	-0.37	0.08	0.04	0.78	-0.40	0.01

FASN	FASN	-0.02	0.88	0.08	0.39	0.00	0.99	-0.08	0.45	0.02	0.88	-0.11	0.49
FGF-basic	FGF2	-0.15	0.33	0.06	0.69	-0.08	0.64	-0.14	0.37	0.07	0.58	-0.21	0.14
Fibronectin	FN1	0.06	0.53	0.20	0.13	0.22	0.10	0.02	0.77	0.15	0.07	-0.13	0.05
FN14	TNFRSF12A	-0.19	0.02	0.16	0.06	0.00	0.99	-0.16	0.35	0.19	0.29	-0.35	0.02
FOXM1	FOXM1	0.21	0.08	-0.05	0.68	0.16	0.19	0.20	0.16	-0.05	0.66	0.25	0.08
FOXO3	FOXO3	-0.43	0.09	0.19	0.45	-0.08	0.77	-0.27	0.41	0.35	0.26	-0.62	0.07
FoxO3a_pS318_S321	FOXO3	-0.09	0.11	-0.15	0.03	-0.07	0.31	0.08	0.25	0.02	0.76	0.06	0.27
FRS2-alpha_pY196	FRS2	0.13	0.33	-0.37	0.01	-0.34	0.00	0.03	0.66	-0.47	0.04	0.50	0.03
G6PD	G6PD	0.01	0.93	0.00	0.96	-0.03	0.77	-0.03	0.67	-0.04	0.75	0.01	0.95
Gab2	GAB2	0.14	0.24	0.09	0.23	0.36	0.00	0.27	0.01	0.22	0.11	0.05	0.65
GAPDH	GAPDH	-0.06	0.50	-0.10	0.17	-0.17	0.07	-0.07	0.10	-0.11	0.24	0.04	0.62
GATA3	GATA3	-0.08	0.36	0.11	0.25	0.16	0.16	0.04	0.63	0.24	0.05	-0.19	0.05
GATA6	GATA6	0.01	0.88	0.07	0.42	0.06	0.48	-0.01	0.76	0.04	0.44	-0.06	0.40
GCLC	GCLC	-0.13	0.09	0.02	0.89	-0.14	0.20	-0.16	0.28	-0.01	0.91	-0.15	0.27
GCLM	GCLM	-0.15	0.15	-0.24	0.16	-0.15	0.09	0.08	0.54	0.00	0.99	0.08	0.56
GCN5L2	KAT2A	-0.25	0.30	-0.16	0.55	-0.18	0.29	-0.01	0.96	0.08	0.69	-0.09	0.75
GGPS1	GGPS1	-0.03	0.61	0.07	0.61	0.02	0.47	-0.05	0.73	0.05	0.36	-0.10	0.50
Gli1	GLI1	0.03	0.55	0.04	0.68	-0.02	0.74	-0.06	0.57	-0.05	0.46	-0.01	0.93
Gli3	GLI3	0.00	0.98	-0.09	0.10	-0.05	0.55	0.04	0.65	-0.05	0.65	0.09	0.38
Glutamate-D1-2	GLUD1	0.05	0.79	0.18	0.38	0.19	0.24	0.01	0.94	0.14	0.48	-0.12	0.58
Glutaminase	GLS	0.10	0.06	-0.04	0.60	0.01	0.66	0.05	0.48	-0.09	0.10	0.14	0.13
Granzyme-B	GZMB	-0.02	0.88	-0.07	0.54	0.06	0.37	0.13	0.27	0.08	0.51	0.05	0.72
GRB7	GRB7	0.35	0.03	-0.07	0.67	0.41	0.04	0.48	0.07	0.05	0.47	0.43	0.06
Grp75	HSPA9	0.08	0.52	0.04	0.69	0.04	0.68	0.01	0.93	-0.04	0.74	0.05	0.67
GSK-3a-b	GSK3A	-0.19	0.01	-0.07	0.21	-0.15	0.00	-0.08	0.17	0.04	0.31	-0.12	0.08
GSK-3a-b_pS21_S9	GSK3A	-0.20	0.01	0.04	0.79	-0.10	0.56	-0.14	0.52	0.10	0.55	-0.24	0.21
GSK-3B	GSK3B	-0.45	0.00	-0.12	0.12	-0.40	0.00	-0.27	0.02	0.05	0.15	-0.33	0.01
Gys	GYS1	-0.18	0.15	-0.18	0.01	-0.44	0.02	-0.25	0.08	-0.25	0.09	0.00	0.99
Gys_pS641	GYS1	-0.28	0.01	-0.12	0.08	-0.36	0.00	-0.24	0.01	-0.08	0.12	-0.16	0.03
H2AX_pS139	H2AX	0.36	0.00	-0.01	0.93	0.54	0.01	0.55	0.01	0.18	0.14	0.37	0.04

H2AX_pS140	H2AX	0.13	0.26	0.18	0.05	0.47	0.00	0.29	0.02	0.34	0.05	-0.04	0.68
HER2	ERBB2	0.32	0.54	1.22	0.10	0.90	0.16	-0.32	0.36	0.58	0.15	-0.90	0.01
HER2_pY1248	ERBB2	0.27	0.22	-0.18	0.15	-0.30	0.06	-0.12	0.24	-0.57	0.05	0.45	0.10
HER3	ERBB3	-0.78	0.01	0.22	0.01	-0.51	0.02	-0.72	0.01	0.28	0.08	-1.00	0.00
HER3_pY1289	ERBB3	-0.33	0.01	-0.14	0.25	-0.46	0.01	-0.33	0.04	-0.13	0.17	-0.19	0.13
Heregulin	NRG1	0.12	0.14	-0.11	0.24	0.05	0.70	0.17	0.32	-0.06	0.67	0.23	0.06
HES1	HES1	-0.28	0.07	-0.04	0.75	-0.32	0.11	-0.29	0.15	-0.04	0.81	-0.25	0.12
Hexokinase-I	HK1	-0.21	0.03	0.10	0.21	-0.14	0.15	-0.25	0.04	0.06	0.48	-0.31	0.01
Hexokinase-II	HK2	-0.11	0.38	0.10	0.40	-0.02	0.82	-0.13	0.06	0.08	0.04	-0.21	0.02
Hif-1-alpha	HIF1A	-0.14	0.08	0.10	0.29	-0.12	0.27	-0.21	0.09	0.03	0.76	-0.24	0.04
Histone-H3	H3C1	0.49	0.01	-0.21	0.18	0.68	0.02	0.88	0.01	0.18	0.33	0.70	0.01
Histone-H3_pS10	H3C1	0.17	0.07	0.11	0.21	0.23	0.18	0.12	0.42	0.06	0.68	0.06	0.38
HLA-DQA1	HLA-DQA1	-0.02	0.67	-0.03	0.56	-0.06	0.25	-0.03	0.59	-0.03	0.61	0.00	0.97
HLA-DR-DP-DQ-DX	HLA-DRA	0.09	0.24	0.13	0.11	0.21	0.13	0.08	0.46	0.11	0.34	-0.03	0.68
HMHA1	ARHGAP45	0.01	0.93	0.18	0.17	0.29	0.09	0.12	0.35	0.28	0.10	-0.17	0.19
HNRNPK	HNRNPK	0.03	0.88	0.05	0.78	0.06	0.67	0.01	0.96	0.03	0.85	-0.02	0.91
HSP27	HSBP1	-0.10	0.26	-0.01	0.82	-0.03	0.70	-0.02	0.82	0.07	0.52	-0.09	0.32
HSP27_pS82	HSBP1	0.03	0.72	0.09	0.58	0.04	0.80	-0.05	0.77	0.01	0.95	-0.06	0.68
HSP60	HSPD1	0.20	0.07	-0.18	0.32	0.09	0.30	0.27	0.17	-0.11	0.10	0.38	0.10
HSP70	HSPA1A	0.23	0.05	-0.08	0.49	0.09	0.37	0.17	0.23	-0.14	0.25	0.30	0.06
IDO	IDO1	0.03	0.57	0.09	0.13	0.13	0.20	0.04	0.64	0.10	0.29	-0.06	0.35
IGF1R_pY1135_Y1136	IGF1R	0.22	0.16	0.14	0.33	0.16	0.19	0.03	0.81	-0.06	0.60	0.08	0.55
IGFBP2	IGFBP2	0.16	0.20	0.20	0.15	0.10	0.37	-0.11	0.35	-0.06	0.52	-0.05	0.69
IGFBP3	IGFBP3	-0.02	0.88	-0.01	0.89	0.04	0.66	0.05	0.49	0.06	0.61	0.00	0.97
IGFRb	IGF1R	-0.08	0.51	0.12	0.34	0.08	0.33	-0.03	0.74	0.16	0.18	-0.19	0.18
IL-6	IL6	-0.01	0.79	0.14	0.07	0.13	0.23	-0.01	0.91	0.14	0.21	-0.15	0.00
INPP4b	INPP4B	-0.02	0.84	0.06	0.59	0.27	0.07	0.22	0.07	0.30	0.03	-0.08	0.34
IR-b	INSR	0.47	0.03	-0.23	0.44	0.35	0.06	0.58	0.13	-0.12	0.29	0.70	0.08
IRF-1	IRF1	-0.05	0.57	-0.09	0.18	0.02	0.85	0.10	0.30	0.06	0.56	0.04	0.65
IRF-3	IRF3	-0.04	0.59	-0.10	0.48	0.04	0.78	0.14	0.42	0.08	0.54	0.06	0.65

IRS1	IRS1	0.02	0.51	0.03	0.54	0.12	0.16	0.09	0.25	0.10	0.20	-0.01	0.84
IRS2	IRS2	0.16	0.01	0.15	0.06	0.16	0.04	0.01	0.86	0.00	0.93	0.01	0.90
JAB1	COPS5	-0.02	0.48	0.00	0.99	-0.03	0.32	-0.03	0.75	-0.01	0.70	-0.02	0.83
Jagged1	JAG1	-0.07	0.35	-0.03	0.21	-0.05	0.51	-0.02	0.78	0.02	0.84	-0.04	0.57
Jak2	JAK2	0.09	0.15	0.15	0.04	0.17	0.08	0.02	0.77	0.08	0.34	-0.06	0.28
JNK2	MAPK9	-0.26	0.47	-0.18	0.68	-0.37	0.31	-0.19	0.61	-0.11	0.63	-0.08	0.83
JNK_pT183_Y185	MAPK8	0.20	0.07	0.17	0.19	0.22	0.17	0.04	0.77	0.02	0.87	0.02	0.85
KAP1	TRIM28	0.13	0.39	0.19	0.40	0.24	0.23	0.05	0.81	0.10	0.51	-0.05	0.79
LAD1	LAD1	0.02	0.91	0.08	0.26	-0.01	0.94	-0.09	0.29	-0.02	0.88	-0.07	0.61
Lasu1	HUWE1	-0.04	0.42	-0.10	0.07	-0.03	0.77	0.07	0.52	0.01	0.96	0.07	0.17
LC3A-B	MAP1LC3A	-0.18	0.06	0.05	0.66	-0.25	0.02	-0.30	0.06	-0.07	0.38	-0.23	0.11
Lck	LCK	0.03	0.50	0.08	0.43	0.04	0.54	-0.04	0.73	0.01	0.85	-0.05	0.62
LDHA	LDHA	-0.06	0.32	-0.08	0.18	-0.09	0.19	-0.01	0.86	-0.03	0.59	0.02	0.66
LRP6_pS1490	LRP6	-0.16	0.04	-0.09	0.14	-0.27	0.01	-0.18	0.03	-0.10	0.14	-0.08	0.19
Lyn	LYN	-0.25	0.09	-0.13	0.33	-0.19	0.13	-0.06	0.63	0.05	0.67	-0.12	0.42
MAPK_pT202_Y204	MAPK1	-0.20	0.69	-0.13	0.80	-0.30	0.54	-0.18	0.39	-0.10	0.67	-0.07	0.80
Mcl-1	MCL1	-0.40	0.05	0.17	0.09	-0.22	0.06	-0.39	0.01	0.18	0.25	-0.57	0.02
MCT4	SLC16A3	-0.11	0.34	-0.16	0.19	-0.48	0.03	-0.32	0.09	-0.37	0.06	0.05	0.69
MDM2_pS166	MDM2	-0.05	0.38	-0.04	0.67	0.02	0.87	0.06	0.65	0.07	0.54	-0.01	0.86
MEK1	MAP2K1	0.01	0.97	-0.18	0.47	0.02	0.92	0.19	0.46	0.01	0.96	0.18	0.48
MEK1_p_S217_S221	MAP2K1	-0.02	0.38	-0.03	0.52	-0.03	0.67	0.00	0.99	-0.01	0.93	0.01	0.87
MEK2	MAP2K2	-0.06	0.15	-0.06	0.47	-0.10	0.06	-0.04	0.62	-0.04	0.24	0.00	0.97
MelanA	MLANA	0.00	0.96	0.11	0.20	0.09	0.43	-0.02	0.83	0.09	0.38	-0.11	0.04
Melanoma-gp100	PMEL	0.00	0.92	0.13	0.05	0.13	0.24	0.00	0.98	0.13	0.25	-0.13	0.02
MERIT40	BABAM1	0.14	0.19	-0.07	0.02	0.09	0.14	0.16	0.05	-0.05	0.57	0.21	0.10
MERIT40_pS29	BABAM1	-0.28	0.06	-0.11	0.25	-0.39	0.01	-0.28	0.02	-0.11	0.36	-0.17	0.16
Merlin	NF2	-0.05	0.56	0.03	0.72	-0.02	0.88	-0.06	0.71	0.03	0.85	-0.08	0.33
MIF	MIF	-0.05	0.27	-0.18	0.10	-0.05	0.68	0.13	0.35	0.00	0.99	0.13	0.20
MIG6	ERRF1	0.03	0.70	-0.05	0.43	0.02	0.78	0.07	0.44	0.00	0.98	0.07	0.32
MITF	MITF	0.02	0.70	0.10	0.28	0.06	0.62	-0.04	0.75	0.05	0.70	-0.09	0.34

Mitofusin-1	MFN1	-0.11	0.35	-0.05	0.55	-0.13	0.14	-0.08	0.32	-0.02	0.81	-0.05	0.63
Mitofusin-2	MFN2	-0.02	0.92	0.11	0.51	0.05	0.80	-0.07	0.60	0.06	0.67	-0.13	0.34
MLH1	MLH1	0.06	0.54	0.11	0.49	0.29	0.08	0.18	0.32	0.23	0.14	-0.05	0.77
MLKL	MLKL	-0.10	0.19	-0.01	0.78	-0.09	0.66	-0.08	0.69	0.01	0.97	-0.09	0.23
MMP14	MMP14	-0.01	0.92	0.13	0.04	0.21	0.13	0.08	0.45	0.22	0.19	-0.14	0.33
MMP2	MMP2	0.12	0.27	0.02	0.88	0.03	0.84	0.01	0.95	-0.09	0.48	0.10	0.36
Mnk1	MKKN1	0.12	0.16	0.06	0.25	0.21	0.06	0.15	0.13	0.09	0.34	0.06	0.38
MR1	MR1	0.01	0.95	0.02	0.91	-0.01	0.98	-0.03	0.91	-0.02	0.94	-0.01	0.98
MRAP	MRAP	-0.05	0.59	0.04	0.71	-0.04	0.33	-0.08	0.47	0.01	0.94	-0.09	0.49
MSH2	MSH2	0.26	0.10	0.13	0.29	0.33	0.01	0.20	0.15	0.07	0.55	0.13	0.39
MSH6	MSH6	0.20	0.31	0.07	0.24	0.25	0.15	0.18	0.24	0.04	0.83	0.13	0.47
MSI2	MSI2	0.41	0.01	-0.01	0.94	0.44	0.01	0.45	0.03	0.03	0.78	0.42	0.04
MTCO1	MT-CO1	-0.31	0.34	-0.09	0.65	-0.09	0.83	0.00	1.00	0.22	0.62	-0.22	0.49
mTOR	MTOR	-0.20	0.16	0.01	0.87	-0.15	0.13	-0.17	0.17	0.05	0.70	-0.21	0.15
mTOR_pS2448	MTOR	-0.47	0.01	-0.06	0.42	-0.56	0.03	-0.50	0.03	-0.09	0.56	-0.41	0.01
MTSS1	MTSS1	0.07	0.13	0.06	0.48	0.04	0.59	-0.02	0.86	-0.03	0.73	0.01	0.91
MYH11	MYH11	-0.01	0.79	0.07	0.28	0.04	0.58	-0.03	0.66	0.06	0.39	-0.08	0.04
Myosin-IIa	MYH9	-0.11	0.08	-0.05	0.45	-0.03	0.70	0.01	0.86	0.08	0.35	-0.06	0.26
Myosin-IIa_pS1943	MYH9	-0.04	0.72	-0.03	0.77	0.06	0.56	0.09	0.40	0.10	0.41	-0.01	0.91
Myt1	PKMYT1	0.30	0.00	-0.04	0.63	0.10	0.14	0.14	0.17	-0.20	0.03	0.34	0.03
N-Cadherin	CDH2	0.01	0.93	0.13	0.13	0.11	0.35	-0.02	0.81	0.10	0.34	-0.12	0.05
N-Ras	NRAS	-0.12	0.05	-0.12	0.03	-0.13	0.20	0.00	0.96	0.00	0.98	0.00	0.98
NAPSIN-A	NAPSA	-0.03	0.62	-0.02	0.72	-0.08	0.30	-0.06	0.43	-0.05	0.51	-0.01	0.88
NDRG1_pT346	NDRG1	-0.45	0.04	-0.05	0.80	-0.42	0.07	-0.37	0.17	0.03	0.86	-0.40	0.13
NDUFB4	NDUFB4	-0.12	0.12	-0.11	0.20	-0.17	0.01	-0.06	0.44	-0.05	0.44	-0.01	0.92
NF-kB-p65_pS536	RELA	-0.04	0.55	-0.12	0.49	-0.16	0.16	-0.04	0.82	-0.12	0.28	0.08	0.65
Notch1	NOTCH1	0.07	0.41	0.02	0.79	0.06	0.54	0.03	0.71	-0.01	0.89	0.04	0.56
Notch1-cleaved	NOTCH1	0.11	0.52	0.35	0.04	0.17	0.19	-0.18	0.08	0.05	0.73	-0.23	0.21
Notch3	NOTCH3	-0.06	0.12	0.05	0.19	-0.06	0.55	-0.11	0.31	0.01	0.95	-0.11	0.02
NQO1	NQO1	-0.13	0.11	0.05	0.55	-0.11	0.17	-0.17	0.11	0.01	0.86	-0.18	0.09

NRF2	NFE2L2	-0.09	0.11	-0.06	0.37	-0.11	0.09	-0.05	0.41	-0.01	0.77	-0.04	0.53
Oct-4	POU5F1	-0.03	0.48	0.00	0.97	-0.05	0.26	-0.05	0.44	-0.02	0.56	-0.03	0.64
P-Cadherin	CDH3	-0.03	0.44	0.06	0.42	0.04	0.28	-0.02	0.75	0.07	0.17	-0.09	0.26
p21	CDKN1A	0.18	0.16	0.28	0.07	0.20	0.02	-0.08	0.43	0.02	0.85	-0.10	0.44
p27-Kip1	CDKN1B	0.00	1.00	-0.04	0.47	-0.04	0.43	-0.01	0.87	-0.04	0.55	0.04	0.60
p27_pT157	CDKN1B	-0.02	0.92	-0.05	0.75	-0.12	0.68	-0.07	0.80	-0.10	0.70	0.04	0.47
p27_pT198	CDKN1B	-0.24	0.09	-0.04	0.74	-0.24	0.17	-0.20	0.21	0.00	0.99	-0.20	0.09
p38-a	MAPK14	-0.01	0.85	0.01	0.86	-0.01	0.94	-0.02	0.84	0.01	0.95	-0.02	0.66
p38-MAPK	MAPK11	-0.04	0.56	-0.10	0.41	-0.02	0.74	0.08	0.51	0.02	0.77	0.06	0.65
p38-MAPK- pT180_Y182	MAPK11	0.05	0.27	0.13	0.15	0.05	0.57	-0.07	0.48	0.00	0.99	-0.07	0.34
p44-42-MAPK	MAPK1	0.07	0.46	-0.08	0.09	0.06	0.50	0.14	0.17	-0.01	0.91	0.15	0.18
p53	TP53	0.06	0.19	0.06	0.34	0.00	0.99	-0.06	0.37	-0.06	0.26	0.00	0.97
p70-S6K1	RPS6KB1	-0.10	0.22	-0.06	0.40	-0.20	0.11	-0.13	0.23	-0.10	0.34	-0.03	0.62
p70-S6K_pT389	RPS6KB1	-0.26	0.15	-0.06	0.70	-0.14	0.33	-0.08	0.41	0.11	0.32	-0.20	0.17
p90RSK_pT573	RPS6KA1	0.29	0.11	-0.11	0.44	0.19	0.24	0.30	0.05	-0.09	0.47	0.40	0.02
PAI-1	SERPINE1	-0.12	0.04	-0.09	0.36	-0.13	0.00	-0.04	0.64	-0.01	0.89	-0.04	0.69
PAICS	PAICS	0.16	0.14	-0.13	0.19	-0.06	0.58	0.07	0.48	-0.22	0.09	0.29	0.03
PAK1	PAK1	0.11	0.21	-0.20	0.25	0.12	0.38	0.31	0.12	0.00	0.97	0.31	0.12
PAK4	PAK4	-0.09	0.25	-0.13	0.22	-0.04	0.38	0.09	0.37	0.05	0.52	0.04	0.71
PAR	[PAR Modification]	1.26	0.05	-0.08	0.87	1.18	0.13	1.26	0.12	-0.08	0.89	1.34	0.06
PARG	PARG	0.07	0.50	0.20	0.06	0.24	0.03	0.04	0.60	0.17	0.13	-0.13	0.24
PARP	PARP1	0.16	0.26	0.09	0.49	0.11	0.41	0.02	0.76	-0.05	0.53	0.07	0.30
Patched	PTCH1	-0.01	0.59	0.04	0.30	-0.10	0.46	-0.15	0.33	-0.09	0.52	-0.06	0.18
PAX6	PAX6	-0.08	0.24	-0.11	0.12	-0.03	0.57	0.08	0.28	0.05	0.49	0.03	0.71
PAX8	PAX8	-0.12	0.22	-0.07	0.36	-0.13	0.04	-0.06	0.45	-0.01	0.91	-0.05	0.62
Paxillin	PXN	0.12	0.17	-0.05	0.50	0.08	0.33	0.13	0.10	-0.04	0.56	0.17	0.06
PCNA	PCNA	0.16	0.25	0.19	0.18	0.12	0.34	-0.07	0.28	-0.03	0.55	-0.04	0.23
PD-1	PDCD1	0.01	0.86	0.00	0.95	0.00	0.95	0.00	1.00	0.00	0.95	0.00	0.95
PD-L1	CD274	0.25	0.44	0.37	0.28	0.27	0.40	-0.11	0.06	0.02	0.90	-0.12	0.36

Pdcd4	PDCD4	0.08	0.52	-0.04	0.72	0.12	0.34	0.16	0.26	0.04	0.75	0.12	0.38
PDH	DLAT	0.10	0.48	0.26	0.13	0.20	0.22	-0.07	0.49	0.09	0.37	-0.16	0.14
PDHA1	PDHA1	-0.19	0.11	-0.17	0.32	-0.15	0.10	0.02	0.89	0.04	0.69	-0.02	0.91
PDHK1	PDK1	-0.04	0.21	-0.02	0.61	-0.03	0.60	-0.01	0.80	0.02	0.74	-0.03	0.19
PDK1	PDPK1	-0.16	0.05	-0.08	0.03	-0.23	0.23	-0.15	0.38	-0.07	0.66	-0.08	0.21
PDK1_pS241	PDPK1	-0.20	0.08	-0.11	0.27	-0.25	0.05	-0.14	0.14	-0.05	0.56	-0.09	0.19
PEA-15	PEA15	-0.02	0.86	0.03	0.80	-0.02	0.85	-0.05	0.37	0.00	0.97	-0.05	0.61
PEA-15_pS116	PEA15	-0.07	0.42	0.05	0.57	-0.05	0.60	-0.10	0.37	0.03	0.80	-0.12	0.27
PERK	EIF2AK3	-0.02	0.84	0.23	0.04	0.00	1.00	-0.23	0.11	0.02	0.87	-0.25	0.07
PHGDH	PHGDH	0.11	0.63	-0.16	0.43	0.00	0.99	0.16	0.47	-0.11	0.64	0.27	0.22
PHLPP	PHLPP1	0.14	0.18	0.19	0.05	0.32	0.01	0.13	0.12	0.18	0.10	-0.06	0.54
PI3K-p110-a	PIK3CA	-0.13	0.02	0.07	0.11	0.00	0.97	-0.07	0.21	0.14	0.04	-0.20	0.00
PI3K-p110-b	PIK3CB	-0.01	0.74	0.06	0.66	0.03	0.78	-0.02	0.90	0.05	0.72	-0.07	0.61
PI3K-p85	PIK3R1	-0.18	0.06	-0.11	0.08	-0.19	0.03	-0.07	0.25	0.00	0.97	-0.07	0.34
PKA-a	PRKAR1A	0.46	0.00	-0.24	0.01	0.24	0.04	0.47	0.01	-0.22	0.05	0.70	0.00
PKC-a-b-II_pT638_T641	PRKCA	0.01	0.95	-0.01	0.80	0.01	0.90	0.02	0.71	0.00	0.98	0.02	0.84
PKC-b-II_pS660	PRKCA	-0.09	0.26	0.01	0.97	-0.10	0.21	-0.11	0.45	-0.01	0.87	-0.10	0.49
PKC-delta_pS664	PRKCD	-0.06	0.04	-0.02	0.62	-0.03	0.71	-0.01	0.93	0.03	0.67	-0.04	0.37
PKCa	PRKCA	0.10	0.34	0.03	0.68	0.22	0.06	0.19	0.02	0.12	0.25	0.07	0.45
PKM2	PKM	-0.05	0.82	-0.18	0.35	-0.35	0.03	-0.17	0.38	-0.30	0.23	0.13	0.60
PLC-gamma1	PLCG1	0.08	0.68	-0.12	0.50	-0.06	0.77	0.06	0.62	-0.14	0.39	0.20	0.17
PLC-gamma1_pS1248	PLCG1	0.00	0.99	-0.24	0.15	-0.32	0.09	-0.08	0.31	-0.32	0.01	0.24	0.02
PLC-gamma2_pY759	PLCG2	-0.06	0.27	-0.07	0.25	-0.10	0.03	-0.03	0.59	-0.05	0.30	0.02	0.76
PLK1	PLK1	-0.34	0.06	-0.18	0.36	-0.32	0.06	-0.14	0.43	0.02	0.83	-0.16	0.36
PMS2	PMS2	0.07	0.64	0.21	0.06	0.21	0.19	0.01	0.97	0.14	0.45	-0.14	0.41
Porin	VDAC1	0.05	0.57	0.19	0.18	0.07	0.33	-0.11	0.37	0.03	0.74	-0.14	0.29
PR	PGR	0.01	0.91	0.02	0.56	0.08	0.37	0.05	0.50	0.07	0.44	-0.02	0.76
PRAS40	AKT1S1	-0.08	0.13	-0.08	0.21	-0.07	0.26	0.01	0.84	0.01	0.83	0.00	0.99
PRAS40_pT246	AKT1S1	-0.35	0.02	-0.14	0.17	-0.36	0.06	-0.22	0.17	-0.01	0.93	-0.21	0.00
PRC1_pT481	PRC1	0.03	0.80	0.10	0.39	0.12	0.46	0.02	0.89	0.09	0.51	-0.07	0.34

PREX1	PREX1	0.02	0.89	0.50	0.00	0.48	0.00	-0.02	0.82	0.47	0.03	-0.48	0.03
PTEN	PTEN	0.22	0.02	0.15	0.06	0.29	0.03	0.13	0.18	0.06	0.46	0.07	0.12
PTPN12	PTPN12	-0.19	0.08	-0.01	0.89	-0.12	0.05	-0.12	0.13	0.07	0.38	-0.18	0.07
Puma	BBC3	0.17	0.08	-0.07	0.14	0.09	0.04	0.16	0.01	-0.08	0.31	0.24	0.04
PYGB	PYGB	0.03	0.52	0.01	0.91	0.01	0.92	0.00	0.97	-0.02	0.71	0.02	0.80
PYGM	PYGM	-0.08	0.09	-0.01	0.89	-0.04	0.56	-0.03	0.66	0.04	0.55	-0.07	0.23
Pyk2_pY402	PTK2B	-0.15	0.03	-0.01	0.93	-0.04	0.33	-0.03	0.55	0.11	0.07	-0.14	0.06
Rab11	RAB11A	0.05	0.33	0.08	0.20	0.22	0.16	0.14	0.30	0.17	0.24	-0.03	0.59
Rab25	RAB25	0.27	0.02	0.19	0.09	0.30	0.11	0.11	0.44	0.03	0.81	0.08	0.40
Rad23A	RAD23A	0.09	0.47	-0.11	0.20	0.00	0.99	0.11	0.34	-0.09	0.54	0.20	0.17
Rad50	RAD50	0.09	0.79	0.02	0.94	-0.06	0.78	-0.08	0.55	-0.15	0.59	0.07	0.81
Rad51	RAD51	0.14	0.78	-0.25	0.13	0.30	0.60	0.56	0.37	0.16	0.81	0.39	0.46
Raptor	RPTOR	-0.03	0.76	0.01	0.59	-0.08	0.01	-0.09	0.04	-0.05	0.69	-0.05	0.68
Rb-M-Q	RB1	-0.36	0.24	-0.10	0.04	-0.20	0.11	-0.10	0.32	0.16	0.55	-0.26	0.36
RBM15	RBM15	0.09	0.85	0.18	0.76	0.00	1.00	-0.18	0.80	-0.09	0.88	-0.09	0.88
Rb_pS807_S811	RB1	0.02	0.86	-0.20	0.09	-0.09	0.55	0.11	0.49	-0.11	0.50	0.22	0.13
Rheb	RHEB	-0.18	0.10	-0.18	0.06	-0.21	0.04	-0.03	0.63	-0.03	0.69	0.00	1.00
Rictor	RICTOR	-0.72	0.01	-0.06	0.15	-0.62	0.00	-0.56	0.00	0.10	0.38	-0.66	0.01
Rictor_pT1135	RICTOR	-0.06	0.32	0.03	0.62	-0.01	0.85	-0.05	0.54	0.05	0.48	-0.10	0.19
RIP	RIPK1	-0.14	0.10	0.02	0.74	-0.09	0.57	-0.11	0.48	0.05	0.75	-0.16	0.01
RIP3	RIPK3	-0.01	0.82	0.00	0.97	-0.03	0.47	-0.03	0.73	-0.02	0.78	-0.01	0.91
RPA32	RPA2	0.25	0.18	0.11	0.26	0.48	0.00	0.37	0.02	0.23	0.20	0.14	0.41
RPA32_pS4_S8	RPA2	0.02	0.93	0.08	0.72	0.11	0.58	0.03	0.90	0.09	0.64	-0.06	0.77
RRM1	RRM1	-0.09	0.09	0.03	0.35	-0.04	0.68	-0.07	0.44	0.05	0.57	-0.12	0.03
RRM2	RRM2	0.89	0.01	0.07	0.19	0.79	0.00	0.72	0.00	-0.10	0.41	0.82	0.01
RSK	RPS6KA1	-0.04	0.66	-0.08	0.18	-0.09	0.26	-0.01	0.93	-0.04	0.68	0.04	0.69
RSK1	RPS6KA1	0.00	0.96	-0.03	0.74	-0.16	0.48	-0.12	0.57	-0.16	0.46	0.04	0.66
S100A4	S100A4	-0.06	0.49	0.08	0.23	0.03	0.58	-0.05	0.32	0.09	0.30	-0.13	0.16
S6	RPS6	-0.07	0.25	0.03	0.80	-0.06	0.70	-0.10	0.62	0.01	0.96	-0.10	0.47
S6_pS235_S236	RPS6	-1.45	0.01	-0.52	0.10	-1.93	0.01	-1.41	0.02	-0.48	0.24	-0.93	0.01

S6_pS240_S244	RPS6	-1.55	0.01	-0.49	0.15	-1.90	0.01	-1.41	0.03	-0.35	0.40	-1.06	0.03
SCD	SCD	0.00	0.99	0.24	0.23	0.18	0.34	-0.05	0.58	0.19	0.24	-0.24	0.15
SDHA	SDHA	0.06	0.78	-0.01	0.95	-0.02	0.94	0.00	0.99	-0.07	0.68	0.07	0.75
SF2	SRSF1	-0.04	0.73	0.07	0.43	-0.01	0.94	-0.08	0.47	0.03	0.82	-0.10	0.31
SFRP1	SFRP1	0.00	0.98	0.00	0.99	0.07	0.34	0.07	0.35	0.07	0.42	0.00	0.99
SGK1	SGK1	-0.13	0.13	-0.02	0.82	-0.09	0.20	-0.07	0.24	0.04	0.49	-0.11	0.15
SGK3	SGK3	-0.27	0.01	0.22	0.04	-0.05	0.48	-0.27	0.02	0.21	0.03	-0.49	0.00
Shc_pY317	SHC1	-0.39	0.28	-0.02	0.95	-0.28	0.42	-0.26	0.30	0.11	0.35	-0.37	0.17
SHP-2_pY542	PTPN11	0.12	0.46	-0.46	0.00	-0.43	0.00	0.03	0.61	-0.55	0.03	0.58	0.04
SHP2	PTPN11	-0.11	0.33	0.05	0.52	-0.07	0.29	-0.12	0.17	0.04	0.72	-0.16	0.20
SLC1A5	SLC1A5	-0.07	0.46	-0.04	0.69	-0.21	0.05	-0.18	0.10	-0.14	0.18	-0.04	0.72
Slfn11-G-C	SLFN11	0.01	0.87	0.01	0.92	0.04	0.52	0.03	0.69	0.03	0.50	0.00	0.99
Smac-M-Q	DIABLO	-0.02	0.75	0.01	0.85	0.00	0.98	-0.01	0.90	0.02	0.79	-0.03	0.54
Smad1	SMAD1	-0.03	0.46	0.07	0.01	-0.02	0.67	-0.09	0.10	0.01	0.80	-0.10	0.07
Smad3	SMAD3	0.11	0.02	0.08	0.07	0.15	0.06	0.06	0.27	0.03	0.51	0.03	0.44
Smad4	SMAD4	0.25	0.19	0.05	0.80	0.32	0.24	0.27	0.29	0.06	0.77	0.21	0.21
Snail-M-Q	SNAI1	-0.05	0.30	0.00	0.99	-0.11	0.05	-0.10	0.16	-0.06	0.16	-0.05	0.46
SOD1	SOD1	0.08	0.07	0.05	0.24	0.05	0.33	0.01	0.91	-0.03	0.58	0.03	0.37
SOD2	SOD2	0.07	0.37	0.05	0.51	0.11	0.35	0.07	0.55	0.04	0.70	0.02	0.70
Sox17	SOX17	-0.10	0.09	-0.10	0.27	-0.23	0.02	-0.13	0.21	-0.13	0.08	0.00	0.97
Sox2	SOX2	0.22	0.06	0.10	0.08	0.03	0.87	-0.07	0.73	-0.19	0.37	0.12	0.18
Src	SRC	-0.13	0.07	-0.01	0.92	-0.10	0.02	-0.09	0.30	0.03	0.52	-0.12	0.20
Src_pY416	SRC	-0.28	0.13	-0.43	0.07	-0.44	0.04	-0.02	0.92	-0.16	0.16	0.15	0.38
Src_pY527	SRC	-0.46	0.02	-0.08	0.68	-0.48	0.02	-0.40	0.12	-0.02	0.88	-0.38	0.13
Stat1_pY701	STAT1	0.20	0.22	0.21	0.14	0.23	0.21	0.02	0.91	0.03	0.87	-0.01	0.94
Stat3	STAT3	-0.07	0.41	0.02	0.86	0.23	0.11	0.22	0.16	0.31	0.06	-0.09	0.44
Stat3_pY705	STAT3	-0.05	0.60	-0.02	0.86	0.00	0.98	0.02	0.88	0.05	0.67	-0.04	0.49
Stat5a	STAT5A	0.05	0.23	0.02	0.84	0.03	0.57	0.01	0.93	-0.02	0.71	0.03	0.79
Stathmin-1	STMN1	-0.04	0.78	-0.13	0.35	-0.15	0.31	-0.02	0.88	-0.12	0.35	0.10	0.40
STING	STING1	0.08	0.67	0.15	0.40	0.20	0.31	0.05	0.66	0.12	0.37	-0.07	0.49

Syk	SYK	0.09	0.38	0.03	0.78	0.17	0.21	0.14	0.28	0.08	0.44	0.06	0.53
Tau	MAPT	0.10	0.05	-0.06	0.71	0.07	0.47	0.13	0.49	-0.04	0.68	0.16	0.37
TAZ	WWTR1	-0.28	0.02	0.02	0.81	-0.23	0.06	-0.24	0.05	0.06	0.49	-0.30	0.01
TFAM	TFAM	-0.14	0.27	0.08	0.71	0.03	0.92	-0.05	0.89	0.18	0.58	-0.22	0.35
TFRC	TFRC	0.09	0.64	0.19	0.29	0.09	0.66	-0.10	0.55	0.00	0.99	-0.11	0.49
TIGAR	TIGAR	0.54	0.62	0.69	0.51	0.57	0.61	-0.12	0.84	0.02	0.97	-0.15	0.81
Transglutaminase	TGM2	-0.02	0.94	-0.01	0.96	0.08	0.77	0.09	0.75	0.10	0.75	-0.01	0.97
TRAP1	TRAP1	0.13	0.25	0.02	0.85	0.05	0.64	0.03	0.77	-0.08	0.50	0.11	0.33
TRIM25	TRIM25	-0.08	0.46	0.02	0.87	0.04	0.72	0.02	0.82	0.12	0.27	-0.10	0.32
TRIP13	TRIP13	0.09	0.49	-0.11	0.14	-0.02	0.79	0.09	0.15	-0.10	0.41	0.20	0.18
TSC1	TSC1	-0.10	0.37	0.01	0.82	-0.06	0.42	-0.07	0.28	0.04	0.69	-0.11	0.32
TTF1	NKX2-1	-0.02	0.89	0.17	0.40	0.04	0.86	-0.13	0.60	0.06	0.80	-0.19	0.38
Tuberin	TSC2	0.01	0.93	0.00	0.99	0.01	0.95	0.01	0.96	0.00	1.00	0.01	0.92
Tuberin_pT1462	TSC2	-0.05	0.34	0.04	0.63	-0.11	0.24	-0.15	0.18	-0.06	0.46	-0.09	0.29
TUFM	TUFM	0.08	0.52	0.07	0.52	0.09	0.43	0.02	0.80	0.01	0.92	0.01	0.92
Twist	TWIST1	-0.04	0.16	0.02	0.66	-0.07	0.34	-0.08	0.26	-0.02	0.70	-0.06	0.22
Tyro3	TYRO3	-0.04	0.30	-0.01	0.89	-0.09	0.36	-0.08	0.44	-0.04	0.62	-0.03	0.61
U-Histone-H2B	H2BC3	-0.10	0.28	-0.03	0.74	-0.03	0.85	0.00	0.99	0.07	0.64	-0.07	0.44
UBAC1	UBAC1	-0.10	0.12	-0.15	0.03	-0.17	0.11	-0.02	0.82	-0.07	0.40	0.06	0.25
UBQLN4	UBQLN4	0.06	0.36	0.05	0.67	0.10	0.44	0.05	0.74	0.04	0.73	0.01	0.95
UGT1A	UGT1A1	0.06	0.70	-0.09	0.42	0.06	0.61	0.15	0.04	-0.01	0.97	0.15	0.32
ULK1_pS757	ULK1	-0.43	0.01	0.00	0.91	-0.41	0.08	-0.41	0.09	0.02	0.89	-0.43	0.02
UQCRC2	UQCRC2	-0.20	0.18	-0.15	0.14	-0.07	0.11	0.08	0.36	0.13	0.32	-0.06	0.66
UVRAG	UVRAG	-0.02	0.56	-0.01	0.80	-0.04	0.20	-0.02	0.67	-0.01	0.72	-0.01	0.87
VASP	VASP	0.10	0.59	-0.01	0.90	0.15	0.57	0.16	0.53	0.05	0.84	0.11	0.50
VAV1	VAV1	0.02	0.80	0.17	0.04	0.19	0.15	0.02	0.82	0.18	0.18	-0.15	0.06
VEGFR-2	KDR	-0.15	0.43	0.23	0.44	-0.02	0.92	-0.25	0.40	0.13	0.51	-0.39	0.21
VEGFR-2_pY1175	KDR	0.09	0.35	-0.48	0.01	-0.43	0.02	0.05	0.56	-0.53	0.01	0.58	0.01
VHL	VHL	0.02	0.65	0.08	0.15	0.14	0.16	0.05	0.54	0.11	0.23	-0.06	0.34
VHL-EPPK1	EPPK1	0.13	0.90	-0.33	0.55	0.58	0.62	0.91	0.45	0.46	0.75	0.45	0.67

Vinculin	VCL	-0.33	0.05	-0.05	0.65	-0.28	0.02	-0.24	0.09	0.05	0.67	-0.29	0.08
Wee1	WEE1	0.71	0.00	0.08	0.46	0.77	0.00	0.69	0.00	0.06	0.51	0.62	0.00
Wee1_pS642	WEE1	0.47	0.00	0.10	0.26	0.50	0.01	0.40	0.01	0.02	0.72	0.38	0.02
WIPI1	WIPI1	-0.02	0.65	0.03	0.51	0.02	0.78	-0.01	0.91	0.05	0.57	-0.06	0.14
WIPI2	WIPI2	0.02	0.72	-0.03	0.58	0.07	0.46	0.10	0.32	0.05	0.58	0.05	0.31
XIAP	XIAP	-0.49	0.01	-0.05	0.47	-0.42	0.03	-0.37	0.07	0.07	0.55	-0.44	0.00
XPA	XPA	-0.31	0.04	0.12	0.07	-0.08	0.23	-0.20	0.02	0.23	0.07	-0.43	0.02
XPF	ERCC4	-0.11	0.24	-0.11	0.07	-0.11	0.28	-0.01	0.93	0.00	0.98	0.00	0.95
XRCC1	XRCC1	-0.09	0.02	-0.09	0.27	-0.12	0.05	-0.03	0.65	-0.03	0.50	-0.12	0.15
YAP	YAP1	-0.06	0.37	-0.08	0.21	-0.03	0.69	0.05	0.54	0.03	0.77	0.03	0.69
YAP_pS127	YAP1	-0.13	0.17	0.11	0.38	-0.18	0.09	-0.29	0.07	-0.06	0.40	-0.24	0.12
YB1_pS102	YBX1	-0.04	0.52	-0.05	0.41	-0.05	0.58	-0.01	0.94	-0.02	0.83	0.01	0.76
YES1	YES1	-0.22	0.03	-0.10	0.21	-0.17	0.03	-0.07	0.35	0.05	0.51	-0.12	0.19
ZAP-70	ZAP70	-0.12	0.12	-0.16	0.31	-0.20	0.15	-0.04	0.82	-0.08	0.47	0.04	0.74
ZEB1	ZEB1	0.04	0.36	0.14	0.03	0.11	0.08	-0.03	0.60	0.07	0.20	-0.10	0.07

Supplementary Table S3

HER2 Signaling Pathway in Breast Cancer

Extracted from Ingenuity Pathway Analyses (IPA) software
(version 57662101; QIAGEN Inc.) May 12 2021.

Content Version: 62089861 (Release Date: 2021-02-17)

Gene	Symbol
AKT	AKT
AP1	AP1
aPKC	aPKC
AREG	AREG
CDKN2A	ARF
BAD	BAD
BIM	BIM
BIRC5	BIRC5
CASP3	Casp3/6/7
CASP6	Casp3/6/7
CASP7	Casp3/6/7
CASP9	CASP9
CDC42	CDC42
CDK4	CDK4
COPS6	COPS6
PTGS2	COX2
CCND1	CyclinD1
CCNE1	CyclinE
E2F1	E2F-DP1
EGF	EGF
ELK1	ELK1
MAPK1	ERK1/2
ETS1	ETS
FOXO1	FOXO1A
FOXO3	FOXO3
GRB2	GRB2
GSK3B	GSK3
HBEGF	HBEGF
EGFR	HER-1(EGFR)
ERBB2	HER-2(ERBB2)
ERBB3	HER-3(ERBB3)
IKKB	IKK family
CHUK	Ikb
IL1A	IL1A
KPNB1	KPNB1
MDM2	MDM2

MAP2K1	MEK1/2
MAP2K2	MEK1/2
MMP2	MMP2
MTOR	mTORC1
MYC	MYC
NFKB1	NFKB
NPC1	NPC
NRG1	NRG1
CDKN1A	p21CIP1
CDKN1B	p27KIP1
TP53	p53
RPS6KB1	P70S6K
PARD3	PAR3
PARD6A	PAR6
PDK1	PDK1
PGR	PGR
PIK3CA	PI3K
PRKCA	PKC
PLCG1	PLCgamma
PTEN	PTEN
RAF1	RAF
HRAS	RAS
KRAS	RAS
RB1	RB
RHEB	RHEB
RPS6	RPS6
SMAD3	SMAD3
SMAD4	SMAD4
SOS1	SOS
SP1	SP1
SRC	SRC
STAT3	STAT3
TGFA	TGFa
TP53RK	TP53RK
TSC1	TSC1
TSC2	TSC2
XIAP	XIAP
ITGB3	B-Integrin
ITGB5	B-Integrin
ITGB7	B-Integrin

Supplementary Table S3

Overlapping elements in mRNAs encoding for the regulated proteins (Tables 1-3) and HER2 Signaling Pathway in Breast Cancer:

6 common elements in "HER2pathway" and "miR-101-5p":

GSK3B

ERBB3

MTOR

RPS6

SRC

XIAP

5 common elements in "HER2pathway" and "miR-101-5p + Lapatinib and Trastuzumab":

ERBB3

MTOR

RPS6

SRC

XIAP

1 common elements in "HER2pathway" and "Lapatinib and Trastuzumab":

EGFR

Supplementary Table S3

List of 10 proteins that exclusively have their expression level altered upon treatment with miR-101-5p and Trastuzumab and Lapatinib

(proteins not altered by either monotreatment)

Gene	Protein	FC	p-value
ASNS	ASNS	-0.68	0.03
PRKAA1	AMPKa_pT172	-0.58	0.01
SLC16A3	MCT4	-0.48	0.03
ERBB3	HER3_pY1289	-0.46	0.01
SRC	Src_pY416	-0.44	0.04
GYS1	Gys	-0.44	0.02
GRB7	GRB7	0.41	0.04
H2AX	H2AX_pS140	0.47	0.00
RPA2	RPA32	0.48	0.00
H2AX	H2AX_pS139	0.54	0.01

Pathway analysis on the 10 proteins

Pathway analysis performed in Ingenuity Pathway Analyses (IPA) software (version 57662101; QIAGEN Inc.) © 2000-2021 QIAGEN. All rights reserved.

Top 10 Ingenuity Canonical Pathways

Neuregulin Signaling
Agrin Interactions at Neuromuscular Junction
Asparagine Biosynthesis I
IL-15 Production
Ferroptosis Signaling Pathway
Endocannabinoid Cancer Inhibition Pathway
HER-2 Signaling in Breast Cancer
Glycogen Biosynthesis II (from UDP-D-Glucose)
Integrin Signaling
AMPK Signaling