SUPPLEMENTARY MATERIAL

PRENATAL STRESS IS ASSOCIATED WITH A SEX-SPECIFIC CAMKII MODULATION IN AGED MOUSE PREFRONTAL CORTEX

This supplementary document provides functional annotation and Gene Ontology (GO) enrichment analysis for biological processes, cellular components, and molecular functions associated with differentially expressed proteins in females datasets.

Contents of Supplementary Tables:

Table S1: GO ontology, Biological process, Down-regulated proteins

Table S2: GO ontology, Cellular component, Down-regulated proteins

Table S3: GO ontology, Molecular function, Down-regulated proteins

Table S4: GO ontology, Biological process, Up-regulated proteins

Table S5: GO ontology, Molecular function, Up-regulated proteins

Table S6: GO ontology, Cellular component, Up-regulated proteins

Table S7: KEGG pathways. – Up regulated proteins

Table S8: Reactome – Up regulated proteins

Table S1: GO ontology, Biological process, Down-regulated proteins

ID	Description	GeneRatio	BgRatio	RichFactor	FoldEnrichment	zScore	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID	Count
GO:0045019	negative regulation of nitric oxide biosynthetic process	2/24	19/28832	0,105263157894737	126,456140350877	15,7889555815637	0,000112575773060247	0,000112575773060247	0,0137059390919496	Wdr35/Gla	2
GO:0060396	growth hormone receptor signaling pathway	2/24	20/28832	0,1	120,133333333333	15,3829811531673	0,000125020599094534	0,000125020599094534	0,0137059390919496	A1bg/Stat6	2
GO:0007030	Golgi organization	3/24	138/28832	0,0217391304347826	26,1159420289855	8,53635343133857	0,000201720359138355	0,000201720359138355	0,0145663333019907	Cog2/Naglu/Dym	3
GO:0060416	response to growth hormone	2/24	33/28832	0,0606060606060606	72,8080808080808	11,9129825430829	0,000345137042078931	0,000345137042078931	0,0207687728829953	A1bg/Stat6	2
GO:0006958	complement activation, classical pathway	2/24	42/28832	0,0476190476190476	57,2063492063492	10,5212686445743	0,000560240479751643	0,000560240479751643	0,0288966142187689	Serping1/Igh g2c	2
GO:0006687	glycosphingolipid metabolic process	2/24	55/28832	0,0363636363636364	43,6848484848485	9,14557994135814	0,000959908570494594	0,000959908570494594	0,0414853155541472	Gla/Naglu	2
GO:0035904	aorta development	2/24	78/28832	0,0256410256410256	30,8034188034188	7,60752122124928	0,001918616 81716807	0,001918616 81716807	0,0485465702 04344	Gla/Naglu	2
GO:0006809	nitric oxide biosynthetic process	2/24	91/28832	0,0219780219 78022	26,4029304029304	7,00539288458237	0,002599099 34186329	0,002599099 34186329	0,0564589517221024	Wdr35/Gla	2
GO:0046209	nitric oxide metabolic process	2/24	98/28832	0,0204081632653061	24,5170068027211	6,73094371046262	0,003006043 5246727	0,003006043 5246727	0,0564589517221024	Wdr35/Gla	2
GO:2001057	reactive nitrogen species metabolic process	2/24	100/28832	0,02	24,0266666666667	6,65774358821149	0,003127463 79801733	0,003127463 79801733	0,0564589517221024	Wdr35/Gla	2
GO:0055013	cardiac muscle cell development	2/24	115/28832	0,0173913043478261	20,8927536231884	6,16954604211461	0,004110155 01247843	0,004110155 01247843	0,0674537401569427	Slc25a4/Naglu	2
GO:0055006	cardiac cell development	2/24	124/28832	0,0161290322580645	19,3763440860215	5,91898729400288	0,004759948 85502349	0,004759948 85502349	0,0703082945225168	Slc25a4/Naglu	2

GO:0008637	apoptotic mitochondrial changes	2/24	125/28832	0,016	19,2213333333333	5,89277928153898	0,00483489702661996	0,00483489702661996	0,0703082945225168	Wdr35/Slc25a4	2
GO:0010821	regulation of mitochondrion organization	2/24	128/28832	0,015625	18,7708333333333	5,815947635561	0,00506301712742322	0,00506301712742322	0,0703082945225168	Wdr35/Slc25a4	2
GO:0021549	cerebellum development	2/24	139/28832	0,0143884892086331	17,2853717026379	5,555152889003265	0,00594115528033567	0,00594115528033567	0,0730552593567947	Samd4b/Naglu	2
GO:0002449	lymphocyte mediated immunity	3/24	477/28832	0,00628930817610063	7,555555555555556	4,16708909107817	0,00703429811920208	0,00703429811920208	0,0730552593567947	Serping1/Igh g2c/Stat6	3
GO:0043603	amide metabolic process	3/24	479/28832	0,00626304801670146	7,52400835073069	4,15586733830416	0,00711559709537921	0,00711559709537921	0,0730552593567947	Gla/Hlcs/Naglu	3
GO:0002460	adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin superfamily domains	3/24	487/28832	0,00616016427104723	7,40041067761807	4,11162033864353	0,00744642079817991	0,00744642079817991	0,0730552593567947	Serping1/Igh g2c/Stat6	3
GO:0000301	retrograde transport, vesicle recycling within Golgi	1/24	10/28832	0,1	120,133333333333	10,8755231267347	0,00829426256878352	0,00829426256878352	0,0730552593567947	Cog2	1
GO:0032769	negative regulation of monooxygenase activity	1/24	10/28832	0,1	120,133333333333	10,8755231267347	0,00829426256878352	0,00829426256878352	0,0730552593567947	Gla	1
GO:0018158	protein oxidation	1/24	11/28832	0,0909090909090909	109,212121212121	10,3608801476408	0,00912005320435 15	0,00912005320435 15	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0035771	interleukin-4-mediated signaling pathway	1/24	11/28832	0,0909090909090909	109,212121212121	10,3608801476408	0,00912005320435 15	0,00912005320435 15	0,0730552593567947	Stat6	1
GO:1990845	adaptive thermogenesis	2/24	175/28832	0,0114285714285714	13,7295238095238	4,87522585327227	0,00926095959596496	0,00926095959596496	0,0730552593567947	Slc25a4/Stat6	2
GO:0015866	ADP transport	1/24	12/28832	0,0833333333333333	100,111111111111	9,91162584496769	0,00994518483486695	0,00994518483486695	0,0730552593567947	Slc25a4	1

GO:1901029	negative regulation of mitochondrial outer membrane permeabilization involved in apoptotic signaling pathway	1/24	13/28832	0,0769230769230769	92,4102564102564	9,514940339798 3	0,0107696579633877	0,0107696579633877	0,0730552593567947	Slc25a4	1
GO:1904816	positive regulation of protein localization to chromosome, telomeric region	1/24	13/28832	0,0769230769230769	92,4102564102564	9,514940339798 3	0,0107696579633877	0,0107696579633877	0,0730552593567947	Gnl3l	1
GO:0097696	cell surface receptor signaling pathway via STAT	2/24	194/28832	0,0103092783505155	12,3848797250859	4,592370190259 25	0,0112786855429559	0,0112786855429559	0,0730552593567947	Naglu/Stat6	2
GO:0007596	blood coagulation	2/24	197/28832	0,0101522842639594	12,1962774957699	4,551317079656 7	0,0116135163985 39	0,0116135163985 39	0,0730552593567947	Serping1/Gla	2
GO:0050817	coagulation	2/24	200/28832	0,01	12,0133333333333	4,511145749065 49	0,0119527154982624	0,0119527154982624	0,0730552593567947	Serping1/Gla	2
GO:0007599	hemostasis	2/24	201/28832	0,0099502487562189	11,9535655058043	4,497945612099 16	0,0120667487845811	0,0120667487845811	0,0730552593567947	Serping1/Gla	2
GO:0002829	negative regulation of type 2 immune response	1/24	15/28832	0,0666666666666667	80,0888888888889	8,843326103926 66	0,0124166307248398	0,0124166307248398	0,0730552593567947	Stat6	1
GO:0003183	mitral valve morphogenesis	1/24	15/28832	0,0666666666666667	80,0888888888889	8,843326103926 66	0,0124166307248398	0,0124166307248398	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0032536	regulation of cell projection size	1/24	15/28832	0,0666666666666667	80,0888888888889	8,843326103926 66	0,0124166307248398	0,0124166307248398	0,0730552593567947	Gla	1
GO:0046479	glycosphingolipid catabolic process	1/24	15/28832	0,0666666666666667	80,0888888888889	8,843326103926 66	0,0124166307248398	0,0124166307248398	0,0730552593567947	Gla	1
GO:0060040	retinal bipolar neuron differentiation	1/24	15/28832	0,0666666666666667	80,0888888888889	8,843326103926 66	0,0124166307248398	0,0124166307248398	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0007028	cytoplasm	1/24	16/28832	0,0625	75,0833333333333	8,555444498243 53	0,0132391313620543	0,0132391313620543	0,0730552593567947	Naglu	1

	organization										
GO:0030202	heparin proteoglycan metabolic process	1/24	16/28832	0,0625	75,0833333333333	8,55544449824353	0,0132391313620543	0,0132391313620543	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0035721	intraciliary retrograde transport	1/24	16/28832	0,0625	75,0833333333333	8,55544449824353	0,0132391313620543	0,0132391313620543	0,0730552593567947	Wdr35	1
GO:0055002	striated muscle cell development	2/24	213/28832	0,00938967136150235	11,2801251956182	4,34650214045037	0,0134725210594262	0,0134725210594262	0,0730552593567947	Slc25a4/Naglu	2
GO:0060546	negative regulation of necroptotic process	1/24	17/28832	0,0588235294117647	70,6666666666667	8,29314196485985	0,0140609755058393	0,0140609755058393	0,0730552593567947	Slc25a4	1
GO:0030167	proteoglycan catabolic process	1/24	18/28832	0,0555555555555556	66,7407407407407	8,05281996149146	0,0148821636574222	0,0148821636574222	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0031987	locomotion involved in locomotory behavior	1/24	18/28832	0,0555555555555556	66,7407407407407	8,05281996149146	0,0148821636574222	0,0148821636574222	0,0730552593567947	Gla	1
GO:0061051	positive regulation of cell growth involved in cardiac muscle cell development	1/24	18/28832	0,0555555555555556	66,7407407407407	8,05281996149146	0,0148821636574222	0,0148821636574222	0,0730552593567947	Slc25a4	1
GO:0014004	microglia differentiation	1/24	19/28832	0,0526315789473684	63,2280701754386	7,83155159387591	0,0157026963176645	0,0157026963176645	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0016137	glycoside metabolic process	1/24	19/28832	0,0526315789473684	63,2280701754386	7,83155159387591	0,0157026963176645	0,0157026963176645	0,0730552593567947	Gla	1
GO:0050999	regulation of nitric-oxide synthase activity	1/24	19/28832	0,0526315789473684	63,2280701754386	7,83155159387591	0,0157026963176645	0,0157026963176645	0,0730552593567947	Gla	1
GO:1902170	cellular response to reactive	1/24	20/28832	0,05	60,0666666666667	7,62692854040638	0,0165225739870627	0,0165225739870627	0,0730552593567947	Stat6	1

	nitrogen species										
GO:0032211	negative regulation of telomere maintenance via telomerase	1/24	21/28832	0,0476190476190476	57,2063492063492	7,43694857040968	0,0173417971657494	0,0173417971657494	0,0730552593567947	Gnl3l	1
GO:0035795	negative regulation of mitochondrial membrane permeability	1/24	21/28832	0,0476190476190476	57,2063492063492	7,43694857040968	0,0173417971657494	0,0173417971657494	0,0730552593567947	Slc25a4	1
GO:0048143	astrocyte activation	1/24	21/28832	0,0476190476190476	57,2063492063492	7,43694857040968	0,0173417971657494	0,0173417971657494	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0002295	T-helper cell lineage commitment	1/24	23/28832	0,0434782608695652	52,231884057971	7,09445557189861	0,0189782820496907	0,0189782820496907	0,0730552593567947	Stat6	1
GO:0003214	cardiac left ventricle morphogenesis	1/24	23/28832	0,0434782608695652	52,231884057971	7,09445557189861	0,0189782820496907	0,0189782820496907	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0035633	maintenance of blood-brain barrier	1/24	23/28832	0,0434782608695652	52,231884057971	7,09445557189861	0,0189782820496907	0,0189782820496907	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0042730	fibrinolysis	1/24	23/28832	0,0434782608695652	52,231884057971	7,09445557189861	0,0189782820496907	0,0189782820496907	0,0730552593567947	Serping1	1
GO:1905709	negative regulation of membrane permeability	1/24	23/28832	0,0434782608695652	52,231884057971	7,09445557189861	0,0189782820496907	0,0189782820496907	0,0730552593567947	Slc25a4	1
GO:1901679	nucleotide transmembrane transport	1/24	24/28832	0,0416666666666667	50,0555555555556	6,93930833347762	0,0197955447533877	0,0197955447533877	0,0730552593567947	Slc25a4	1
GO:0034599	cellular response to oxidative stress	2/24	263/28832	0,0076045627376425 9	9,13561470215463	3,82560077649087	0,0200466872575157	0,0200466872575157	0,0730552593567947	Naglu/Stat6	2
GO:0033233	regulation of protein sumoylation	1/24	25/28832	0,04	48,0533333333333	6,79344873907 92	0,0206121549632 57	0,0206121549632 57	0,0730552593567947	Gnl3l	1
GO:0048025	negative regulatio	1/24	25/28832	0,04	48,0533333333333	6,79344873907 92	0,0206121549632 57	0,0206121549632 57	0,0730552593567947	Sfswap	1

	n of mRNA splicing, via spliceosome										
GO:1901136	carbohydrate derivative catabolic process	2/24	271/28832	0,00738007380073801	8,86592865928659	3,75514631768851	0,0212016212043765	0,0212016212043765	0,0730552593567947	Gla/Naglu	2
GO:0000289	nuclear-transcribed mRNA poly(A) tail shortening	1/24	26/28832	0,0384615384615385	46,2051282051282	6,65597712636959	0,0214281131776102	0,0214281131776102	0,0730552593567947	Samd4b	1
GO:0042474	middle ear morphogenesis	1/24	26/28832	0,0384615384615385	46,2051282051282	6,65597712636959	0,0214281131776102	0,0214281131776102	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:1901526	positive regulation of mitophagy	1/24	26/28832	0,0384615384615385	46,2051282051282	6,65597712636959	0,0214281131776102	0,0214281131776102	0,0730552593567947	Slc25a4	1
GO:0006376	mRNA splice site recognition	1/24	27/28832	0,0370370370037037	44,4938271604938	6,52611145189549	0,0222434198943965	0,0222434198943965	0,0730552593567947	Sfswap	1
GO:0045063	T-helper 1 cell differentiation	1/24	28/28832	0,0357142857142857	42,9047619047619	6,40316822301606	0,0230580756112003	0,0230580756112003	0,0730552593567947	Stat6	1
GO:0045292	mRNA cis splicing, via spliceosome	1/24	28/28832	0,0357142857142857	42,9047619047619	6,40316822301606	0,0230580756112003	0,0230580756112003	0,0730552593567947	Sfswap	1
GO:0090200	positive regulation of release of cytochrome c from mitochondria	1/24	28/28832	0,0357142857142857	42,9047619047619	6,40316822301606	0,0230580756112003	0,0230580756112003	0,0730552593567947	Wdr35	1
GO:0048588	developmental cell growth	2/24	286/28832	0,0069930069930069	8,40093249009324	3,63057776050163	0,0234405638481824	0,0234405638481824	0,0730552593567947	Flrt1/Slc25a4	2
GO:0045475	locomotor rhythm	1/24	29/28832	0,0344827586206897	41,4252873563218	6,28654707756932	0,0238720808252445	0,0238720808252445	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:1905962	glutamatergic neuron differentiation	1/24	29/28832	0,0344827586206897	41,4252873563218	6,28654707756932	0,0238720808252445	0,0238720808252445	0,0730552593567947	Naglu	1

GO:0048738	cardiac muscle tissue development	2/24	289/28832	0,0069204152249135	8,31372549019608	3,60675537815729	0,023899673434877	0,023899673434877	0,0730552593567947	Slc25a4/Naglu	2
GO:0007626	locomotory behavior	2/24	292/28832	0,00684931506849315	8,2283105022831	3,58327517755291	0,0243625102152828	0,0243625102152828	0,0730552593567947	Gla/Naglu	2
GO:0099022	vesicle tethering	1/24	30/28832	0,0333333333333333	40,0444444444444	6,17571821418293	0,0246854360333892	0,0246854360333892	0,0730552593567947	Naglu	1
GO:0045830	positive regulation of isotype switching	1/24	31/28832	0,032258064516129	38,752688172043	6,07021207059 72	0,0254981417321325	0,0254981417321325	0,0747981604412773	Stat6	1
GO:0060249	anatomical structure homeostasis	2/24	303/28832	0,0066006600660066	7,92959295929593	3,49997292371796	0,0260911475752012	0,0260911475752012	0,0747981604412773	Iqcb1/Naglu	2
GO:0033598	mammary gland epithelial cell proliferation	1/24	33/28832	0,0303030303030303	36,4040404040404	5,87354111879385	0,0271216065855948	0,0271216065855948	0,0754587361836 49	Stat6	1
GO:0051085	chaperone cofactor-dependent protein refolding	1/24	34/28832	0,0294117647058824	35,3333333333333	5,78166846506825	0,0279323663 731501	0,0279323663 731501	0,0754587361836 49	Tor2a	1
GO:0060586	multicellular organismal-level iron ion homeostasis	1/24	35/28832	0,0285714285714286	34,3238095238095	5,69369189 26365	0,0287424793503791	0,0287424793503791	0,0754587361836 49	Naglu	1
GO:0006959	humoral immune response	2/24	322/28832	0,0062111801242236	7,46169772256729	3,36554099385342	0,0291915539818682	0,0291915539818682	0,0754587361836 49	Serping1/Ighg2c	2
GO:0070198	protein localization to chromosome, telomeric region	1/24	36/28832	0,0277777777777778	33,3703703703704	5,60933988837608	0,0295519449369188	0,0295519449369188	0,0754587361836 49	Gnl3l	1
GO:0070266	necroptotic process	1/24	38/28832	0,0263157894736842	31,6140350877193	5,45054956 76515	0,0311689369899423	0,0311689369899423	0,0754587361836 49	Slc25a4	1
GO:0030431	sleep	1/24	39/28832	0,0256410256410256	30,8034188034188	5,37568546900816	0,0319764644 44004	0,0319764644 44004	0,0754587361836 49	Gla	1
GO:0035909	aorta morphogenesis	1/24	39/28832	0,0256410256410256	30,8034188034188	5,37568546900816	0,0319764644 44004	0,0319764644 44004	0,0754587361836 49	Naglu	1
GO:0061744	motor behavior	1/24	39/28832	0,0256410256410256	30,8034188034188	5,37568546900816	0,0319764644 44004	0,0319764644 44004	0,0754587361836 49	Naglu	1

GO:0010667	negative regulation of cardiac muscle cell apoptotic process	1/24	40/28832	0,025	30,0333333333333	5,30358946005992	0,0327833468408829	0,0327833468408829	0,0757223761422457	Slc25a4	1
GO:0031069	hair follicle morphogenesis	1/24	40/28832	0,025	30,0333333333333	5,30358946005992	0,0327833468408829	0,0327833468408829	0,0757223761422457	Naglu	1
GO:0070670	response to interleukin-4	1/24	40/28832	0,025	30,0333333333333	5,30358946005992	0,0327833468408829	0,0327833468408829	0,0757223761422457	Stat6	1
GO:0016042	lipid catabolic process	2/24	347/28832	0,00576368876080692	6,924111431316 04	3,20448884515833	0,0334849762271607	0,0334849762271607	0,0757223761422457	Gla/Naglu	2
GO:0006790	sulfur compound metabolic process	2/24	351/28832	0,0056980056980057	6,84520417853751	3,18020083 40309	0,0341938355434881	0,0341938355434881	0,0757223761422457	Hlcs/Naglu	2
GO:0030201	heparan sulfate proteoglycan metabolic process	1/24	43/28832	0,0232558139534884	27,937984496124	5,10228785262723	0,0352001286155202	0,0352001286155202	0,0759639865241758	Naglu	1
GO:0010613	positive regulation of cardiac muscle hypertrophy	1/24	45/28832	0,0222222222222222	26,6962962962963	4,97917630285 28	0,0368081002060827	0,0368081002060827	0,0759639865241758	Slc25a4	1
GO:0048730	epidermis morphogenesis	1/24	46/28832	0,0217391304347826	26,1159420289855	4,92058396494 12	0,0376111225979 63	0,0376111225979 63	0,0759639865241758	Naglu	1
GO:1905710	positive regulation of membrane permeability	1/24	46/28832	0,0217391304347826	26,1159420289855	4,92058396494 12	0,0376111225979 63	0,0376111225979 63	0,0759639865241758	Slc25a4	1
GO:0009311	oligosaccharide metabolic process	1/24	47/28832	0,0212765957446809	25,5602836879433	4,86382690417149	0,0384135033753428	0,0384135033753428	0,0759639865241758	Gla	1
GO:0055023	positive regulation of cardiac muscle tissue growth	1/24	48/28832	0,0208333333333333	25,0277777777778	4,80880949095638	0,0392152430 28599	0,0392152430 28599	0,0759639865241758	Slc25a4	1

GO:0010639	negative regulation of organelle organization	2/24	384/28832	0,00520833333333333	6,256944444444444	2,993312433372248	0,0402639440525316	0,0402639440525316	0,0759639865241758	Slc25a4/Gnl3l	2
GO:0003298	physiological muscle hypertrophy	1/24	50/28832	0,02	24,0266666666667	4,703644729392 09	0,0408168009224653	0,0408168009224653	0,0759639865241758	Slc25a4	1
GO:0035640	exploration behavior	1/24	50/28832	0,02	24,0266666666667	4,703644729392 09	0,0408168009224653	0,0408168009224653	0,0759639865241758	Naglu	1
GO:1900047	negative regulation of hemostasis	1/24	50/28832	0,02	24,0266666666667	4,703644729392 09	0,0408168009224653	0,0408168009224653	0,0759639865241758	Serping1	1
GO:0001774	microglial cell activation	1/24	51/28832	0,0196078431372549	23,5555555555556	4,653337972138 69	0,0416166201420419	0,0416166201420419	0,0760829010607631	Naglu	1
GO:0050819	negative regulation of coagulation	1/24	51/28832	0,0196078431372549	23,5555555555556	4,653337972138 69	0,0416166201420419	0,0416166201420419	0,0760829010607631	Serping1	1
GO:0006767	water-soluble vitamin metabolic process	1/24	52/28832	0,0192307692307692	23,1025641025641	4,604450999150 1	0,0424158001954312	0,0424158001954312	0,0760829010607631	Hlcs	1
GO:0042092	type 2 immune response	1/24	52/28832	0,0192307692307692	23,1025641025641	4,604450999150 1	0,0424158001954312	0,0424158001954312	0,0760829010607631	Stat6	1
GO:0045907	positive regulation of vasoconstriction	1/24	53/28832	0,0188679245283019	22,6666666666667	4,556916879024 34	0,0432143415712238	0,0432143415712238	0,0764835869913817	Wdr35	1
GO:0042060	wound healing	2/24	403/28832	0,0049627791563275 4	5,961952026468 15	2,895364279343 53	0,0439323534305538	0,0439323534305538	0,0767668444031298	Serping1/Gla	2
GO:0008340	determination of adult lifespan	1/24	54/28832	0,0185185185185185	22,2469135802469	4,510673028874 96	0,0440122447576544	0,0440122447576544	0,0767668444031298	Naglu	1
GO:0002269	leukocyte activation involved in inflammatory response	1/24	55/28832	0,0181818181818182	21,8424242424242	4,465660857352 07	0,0448095102426018	0,0448095102426018	0,0770409123469295	Naglu	1
GO:0002891	positive regulation of immunoglobulin mediated immune response	1/24	55/28832	0,0181818181818182	21,8424242424242	4,465660857352 07	0,0448095102426018	0,0448095102426018	0,0770409123469295	Stat6	1

GO:0055010	ventricular cardiac muscle tissue morphogenesis	1/24	56/28832	0,0178571428571429	21,452380952381	4,42182544285506	0,0456061385135887	0,0456061385135887	0,0776708317287038	Naglu	1
GO:0060271	cilium assembly	2/24	414/28832	0,00483091787439614	5,80354267310789	2,84147597581686	0,0461118520425126	0,0461118520425126	0,0781634062297 1	Wdr35/Iqcb1	2
GO:0010951	negative regulation of endopeptidase activity	1/24	59/28832	0,0169491525423729	20,361581920904	4,29687965918665	0,0479922049126711	0,0479922049126711	0,0798512068156497	Serping1	1
GO:0051155	positive regulation of striated muscle cell differentiation	1/24	60/28832	0,0166666666666667	20,0222222222222	4,25726583970188	0,0487862891959262	0,0487862891959262	0,0802730723306 24	Slc25a4	1
GO:0002639	positive regulation of immunoglobulin production	1/24	61/28832	0,0163934426229508	19,6939890710383	4,21859995003948	0,0495797386975005	0,0495797386975005	0,0802730723306 24	Stat6	1
GO:0045190	isotype switching	1/24	61/28832	0,0163934426229508	19,6939890710383	4,21859995003948	0,0495797386975005	0,0495797386975005	0,0802730723306 24	Stat6	1
GO:0061900	glial cell activation	1/24	61/28832	0,0163934426229508	19,6939890710383	4,21859995003948	0,0495797386975005	0,0495797386975005	0,0802730723306 24	Naglu	1

Table S2: GO ontology, Cellular component, Down-regulated proteins

ID	Description	GeneRatio	BgRatio	RichFactor	FoldEnrichment	zScore	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID	Count
GO:0019814	immunoglobulin complex	4/23	132/28779	0,0303030303030303	37,9169960474308	12,0227476406119	3,49920779025065E-06	3,49920779025065E-06	0,0001436516882313 42	Igkv12-46/Igkv6-23/Igkv5-39/Ighg2c	4
GO:0017119	Golgi transport complex	1/23	10/28779	0,1	125,126086956522	11,1027526892118	0,0079644987125562 2	0,0079644987125562 2	0,1096366211599 16	Cog2	1
GO:0005652	nuclear lamina	1/23	17/28779	0,0588235294117647	73,6035805626598	8,46843081001064	0,0135035071700131	0,0135035071700131	0,1096366211599 16	Hlcs	1
GO:0005697	telomerase holoenzyme complex	1/23	23/28779	0,0434782608695652	54,4026465028355	7,24590182265811	0,0182276721747707	0,0182276721747707	0,1096366211599 16	Gnl3l	1
GO:0042571	immunoglobulin complex,	1/23	23/28779	0,0434782608695652	54,4026465028355	7,24590182265811	0,0182276721747707	0,0182276721747707	0,1096366211599 16	Ighg2c	1

	circulating										
GO:0046930	pore complex	1/23	26/28779	0,0384615384615385	48,1254180602007	6,7987691083151	0,0205816322064881	0,0205816322064881	0,109636621159916	Slc25a4	1
GO:0030990	intraciliary transport particle	1/23	27/28779	0,037037037037037	46,3429951690821	6,6663489226922 1	0,0213650851491118	0,0213650851491118	0,109636621159916	Wdr35	1
GO:0043202	lysosomal lumen	1/23	33/28779	0,0303030303030303	37,9169960474308	6,0010134346938 9	0,0260532292468375	0,0260532292468375	0,110399697454132	Naglu	1
GO:0032809	neuronal cell body membrane	1/23	38/28779	0,0263157894736842	32,9279176201373	5,5698235852750 9	0,0299435986686731	0,0299435986686731	0,110399697454132	Flrt1	1
GO:0032391	photoreceptor connecting cilium	1/23	48/28779	0,0208333333333333	26,0679347826087	4,9157952822085 6	0,0376797914271045	0,0376797914271045	0,118988815032962	Iqcb1	1

Table S3: GO ontology, Molecular function, Down-regulated proteins

ID	Description	GeneRatio	BgRatio	RichFactor	FoldEnrichment	zScore	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID	Count
GO:0004553	hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds	2/20	98/28366	0,0204081632653061	28,9448979591837	7,3608594458059	0,0021555118881201	0,0021555118881201	0,0657443193693946	Gla/Naglu	2
GO:0015217	ADP transmembrane transporter activity	1/20	10/28366	0,1	141,83	11,8313198641864	0,0070294776702522	0,0070294776702522	0,0657443193693946	Slc25a4	1
GO:0034987	immunoglobulin receptor binding	1/20	21/28366	0,0476190476190476	67,5380952380952	8,1021873516709	0,0147076764626999	0,0147076764626999	0,0657443193693946	Ighg2c	1
GO:0005104	fibroblast growth factor receptor binding	1/20	27/28366	0,037037037037037	52,5296296296296	7,1155281781081 2	0,0188719771680 61	0,0188719771680 61	0,0657443193693946	Flrt1	1
GO:0001848	complement binding	1/20	29/28366	0,0344827586206897	48,9068965517241	6,8561546015399 5	0,0202563578597594	0,0202563578597594	0,0657443193693946	Serping1	1
GO:0030371	translation repressor activity	1/20	32/28366	0,03125	44,321875	6,5131156484889 9	0,0223294499411775	0,0223294499411775	0,0668979471921916	Samd4b	1
GO:0061631	ubiquitin conjugating enzyme activity	1/20	40/28366	0,025	35,4575	5,7927079789613 8	0,0278373417252552	0,0278373417252552	0,0686267062804464	Ube2g1	1

GO:0003729	mRNA binding	2/20	409/28366	0,00488997555012225	6,93545232273839	3,21166835057317	0,0332032947160146	0,0332032947160146	0,0686267062804464	Samd4b/Secisbp2l	2
GO:0016879	ligase activity, forming carbon-nitrogen bonds	1/20	50/28366	0,02	28,366	5,14447277632888	0,0346807585099479	0,0346807585099479	0,0686267062804464	Hlcs	1
GO:0001223	transcription coactivator binding	1/20	54/28366	0,0185185185185185	26,2648148148148	4,93614859293911	0,0374052902995567	0,0374052902995567	0,0686267062804464	Stat6	1
GO:1901505	carbohydrate derivative transmembrane transporter activity	1/20	54/28366	0,0185185185185185	26,2648148148148	4,93614859293911	0,0374052902995567	0,0374052902995567	0,0686267062804464	Slc25a4	1

Table S4: GO ontology, Biological process, Up-regulated proteins

ID	Description	GeneRatio	BgRatio	RichFactor	FoldEnrichment	zScore	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID	Count
GO:0097284	hepatocyte apoptotic process	2/18	27/28832	0,0740740740740741	118,650205761317	15,2863909696076	0,000128019829090683	0,000128019829090683	0,0276253315406212	Krt8/Casp6	2
GO:2001222	regulation of neuron migration	2/18	62/28832	0,032258064516129	51,6702508960573	9,98259146795463	0,000680834501387644	0,000680834501387644	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2
GO:0048168	regulation of neuronal synaptic plasticity	2/18	79/28832	0,0253164556962025	40,5513361462729	8,79827339169928	0,0011023345780317 8	0,0011023345780317 8	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2
GO:0010038	response to metal ion	3/18	386/28832	0,0077720207253886	12,4490500863558	5,66000525570239	0,0016732235425 5491	0,0016732235425 5491	0,0595137244329774	Camk2b/Cpne7/Casp6	3
GO:0007218	neuropeptide signaling pathway	2/18	106/28832	0,0188679245283019	30,2222222222222	7,53343288126441	0,0019713136098 4963	0,0019713136098 4963	0,0595137244329774	Pdyn/Nmb	2
GO:1903076	regulation of protein localization to plasma membrane	2/18	123/28832	0,0162601626601626	26,0451671183379	6,9571567219881	0,0026411904769 6709	0,0026411904769 6709	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2
GO:0060996	dendritic spine development	2/18	139/28832	0,0143884892086331	23,0471622701839	6,51233074581156	0,0033563259501 5871	0,0033563259501 5871	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2
GO:0008277	regulation of G protein-coupled receptor	2/18	157/28832	0,0127388535031847	20,4048124557679	6,09357123269298	0,0042570665560181 3	0,0042570665560181 3	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2

	signaling pathway										
GO:2001235	positive regulation of apoptotic signaling pathway	2/18	169/28832	0,0118343195266272	18,9559500328731	5,8513388445021	0,0049131507848725 8	0,0049131507848725 8	0,0595137244329774	Camk2b/Ctsc	2
GO:0033152	immunoglobulin V(D)J recombination	1/18	10/28832	0,1	160,177777777778	12,5830148791601	0,0062265224503073	0,0062265224503073	0,0595137244329774	Polb	1
GO:0046666	retinal cell programmed cell death	1/18	10/28832	0,1	160,177777777778	12,5830148791601	0,0062265224503073	0,0062265224503073	0,0595137244329774	Casp6	1
GO:0090129	positive regulation of synapse maturation	1/18	10/28832	0,1	160,177777777778	12,5830148791601	0,0062265224503073	0,0062265224503073	0,0595137244329774	Camk2b	1
GO:0046777	protein autophosphorylation	2/18	200/28832	0,01	16,0177777777778	5,32671129014705	0,0068090121997133 6	0,0068090121997133 6	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2
GO:0031642	negative regulation of myelination	1/18	11/28832	0,0909090909090909	145,616161616162	11,9901048229713	0,0068471567781088 8	0,0068471567781088 8	0,0595137244329774	Ctsc	1
GO:0150078	positive regulation of neuroinflammatory response	1/18	11/28832	0,0909090909090909	145,616161616162	11,9901048229713	0,0068471567781088 8	0,0068471567781088 8	0,0595137244329774	Ctsc	1
GO:0033210	leptin-mediated signaling pathway	1/18	12/28832	0,0833333333333333	133,481481481481	11,4726340401193	0,0074674250261914 7	0,0074674250261914 7	0,0595137244329774	Acbd7	1
GO:1904672	regulation of somatic stem cell population maintenance	1/18	12/28832	0,0833333333333333	133,481481481481	11,4726340401193	0,0074674250261914 7	0,0074674250261914 7	0,0595137244329774	Taf5l	1
GO:0002158	osteoclast proliferation	1/18	13/28832	0,0769230769230769	123,213675213675	11,0158079737928	0,0080873273977922 8	0,0080873273977922 8	0,0595137244329774	Nmb	1
GO:0009415	response to water	1/18	13/28832	0,0769230769230769	123,213675213675	11,0158079737928	0,0080873273977922 8	0,0080873273977922 8	0,0595137244329774	Krt8	1
GO:0000082	G1/S transition of mitotic cell cycle	2/18	223/28832	0,0089686098654708 5	14,3657199800698	5,0079245889684 1	0,0083980561950675 8	0,0083980561950675 8	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2
GO:0007343	egg activation	1/18	14/28832	0,0714285714285714	114,412698412698	10,6086009319860	0,0087068640960416	0,0087068640960416	0,0595137244329774	Camk2b	1
GO:0016081	synaptic vesicle docking	1/18	15/28832	0,0666666666666667	106,785185185185	10,2426050445129	0,0093260353239640 3	0,0093260353239640 3	0,0595137244329774	Camk2a	1
GO:0016446	somatic hypermuta	1/18	15/28832	0,0666666666666667	106,785185185185	10,2426050445129	0,0093260353239640 3	0,0093260353239640 3	0,0595137244329774	Polb	1

	tion of immunoglobulin genes										
GO:0098970	postsynaptic neurotransmitter receptor diffusion trapping	1/18	15/28832	0,0666666666666667	106,785185185185	10,2426050445129	0,00932603532396403	0,00932603532396403	0,0595137244329774	Camk2a	1
GO:0099628	neurotransmitter receptor diffusion trapping	1/18	15/28832	0,0666666666666667	106,785185185185	10,2426050445129	0,00932603532396403	0,00932603532396403	0,0595137244329774	Camk2a	1
GO:0002566	somatic diversification of immune receptors via somatic mutation	1/18	16/28832	0,0625	100,111111111111	9,91128166153475	0,00994484128447914	0,00994484128447914	0,0595137244329774	Polb	1
GO:0044843	cell cycle G1/S phase transition	2/18	253/28832	0,00790513833992095	12,6622749231445	4,6567653113704	0,010696573495765	0,010696573495765	0,0595137244329774	Camk2b/Camk2a	2
GO:0055093	response to hyperoxia	1/18	19/28832	0,0526315789473684	84,3040935672515	9,0784819351506	0,01179906958919	0,01179906958919	0,0595137244329774	Polb	1
GO:1903978	regulation of microglial cell activation	1/18	19/28832	0,0526315789473684	84,3040935672515	9,0784819351506	0,01179906958919	0,01179906958919	0,0595137244329774	Ctsc	1
GO:0045836	positive regulation of meiotic nuclear division	1/18	21/28832	0,0476190476190476	76,2751322751323	8,62474648186406	0,0130333991707311	0,0130333991707311	0,0595137244329774	Camk2b	1
GO:0038166	angiotensin-activated signaling pathway	1/18	23/28832	0,0434782608695652	69,6425120772947	8,2310895137805	0,0142662725437346	0,0142662725437346	0,0595137244329774	Camk2a	1
GO:0060544	regulation of necroptotic process	1/18	24/28832	0,0416666666666667	66,7407407407407	8,0528199614914	0,0148821636574213	0,0148821636574213	0,0595137244329774	Casp6	1
GO:0031645	negative regulation of nervous system process	1/18	25/28832	0,04	64,0711111111111	7,8852560381834	0,0154976913252282	0,0154976913252282	0,0595137244329774	Ctsc	1
GO:0044321	response to leptin	1/18	25/28832	0,04	64,0711111111111	7,8852560381834	0,0154976913252282	0,0154976913252282	0,0595137244329774	Acbd7	1
GO:0016540	protein autoprocessing	1/18	26/28832	0,0384615384615385	61,6068376068376	7,7273600644456	0,0161128557749019	0,0161128557749019	0,0595137244329774	Casp6	1

GO:0098877	neurotransmitter receptor transport to plasma membrane	1/18	26/28832	0,0384615384615385	61,6068376068376	7,72736006444565	0,016112855749019	0,016112855749019	0,0595137244329774	Camk2a	1
GO:0010666	positive regulation of cardiac muscle cell apoptotic process	1/18	27/28832	0,037037037037037	59,3251028806584	7,57823006094121	0,016727657 1305544	0,016727657 1305544	0,0595137244329774	Camk2a	1
GO:0043576	regulation of respiratory gaseous exchange	1/18	27/28832	0,037037037037037	59,3251028806584	7,57823006094121	0,016727657 1305544	0,016727657 1305544	0,0595137244329774	Nmb	1
GO:0032727	positive regulation of interferon-alpha production	1/18	28/28832	0,0357142857142857	57,2063492063492	7,43707774569397	0,017342095 6714904	0,017342095 6714904	0,0595137244329774	Nmb	1
GO:0035235	ionotropic glutamate receptor signaling pathway	1/18	30/28832	0,0333333333333333	53,3925925925926	7,17601806949028	0,018569885 0376569	0,018569885 0376569	0,0595137244329774	Camk2a	1
GO:0097193	intrinsic apoptotic signaling pathway	2/18	343/28832	0,00583090379008746	9,33981211532232	3,88355136627316	0,019040191 0076142	0,019040191 0076142	0,0595137244329774	Polb/Casp6	2
GO:0060004	reflex	1/18	31/28832	0,0322580645161 29	51,6702508960573	7,05495824552933	0,019183236265673	0,019183236265673	0,0595137244329774	Nmb	1
GO:0010623	programmed cell death involved in cell development	1/18	32/28832	0,03125	50,0555555555556	6,93954942801489	0,019796225 45866	0,019796225 45866	0,0595137244329774	Casp6	1
GO:0043032	positive regulation of macrophage activation	1/18	32/28832	0,03125	50,0555555555556	6,93954942801489	0,019796225 45866	0,019796225 45866	0,0595137244329774	Ctsc	1
GO:0051446	positive regulation of meiotic cell cycle	1/18	32/28832	0,03125	50,0555555555556	6,93954942801489	0,019796225 45866	0,019796225 45866	0,0595137244329774	Camk2b	1
GO:0061003	positive regulation of dendritic spine morphogenesis	1/18	32/28832	0,03125	50,0555555555556	6,93954942801489	0,019796225 45866	0,019796225 45866	0,0595137244329774	Camk2b	1
GO:0048535	lymph node development	1/18	33/28832	0,0303030303030303	48,5387205387205	6,82936122786869	0,020408852 8177478	0,020408852 8177478	0,0595137244329774	Polb	1

GO:0051923	sulfation	1/18	33/28832	0,0303030303030303	48,5387205387205	6,82936122786869	0,0204088528177478	0,0204088528177478	0,0595137244329774	Sult1d1	1
GO:0060706	cell differentiation involved in embryonic placenta development	1/18	33/28832	0,0303030303030303	48,5387205387205	6,82936122786869	0,0204088528177478	0,0204088528177478	0,0595137244329774	Krt8	1
GO:1902473	regulation of protein localization to synapse	1/18	34/28832	0,0294117647058824	47,1111111111111	6,72400785007518	0,0210211185439637	0,0210211185439637	0,0599867935581408	Camk2a	1
GO:0007271	synaptic transmission, cholinergic	1/18	35/28832	0,0285714285714286	45,7650793650794	6,62314232109586	0,0216330228382279	0,0216330228382279	0,0599867935581408	Camk2b	1
GO:0032607	interferon-alpha production	1/18	36/28832	0,0277777777777778	44,4938271604938	6,52645160424886	0,0222445659013559	0,0222445659013559	0,0599867935581408	Nmb	1
GO:0050482	arachidonate secretion	1/18	36/28832	0,0277777777777778	44,4938271604938	6,52645160424886	0,0222445659013559	0,0222445659013559	0,0599867935581408	Nmb	1
GO:0099637	neurotransmitter receptor transport	1/18	37/28832	0,0270270270027027	43,2912912912913	6,43365244599917	0,0228557479340061	0,0228557479340061	0,0599867935581408	Camk2a	1
GO:0070266	necroptotic process	1/18	38/28832	0,0263157894736842	42,1520467836257	6,34448782731034	0,0234665691369499	0,0234665691369499	0,0599867935581408	Casp6	1
GO:0006904	vesicle docking involved in exocytosis	1/18	39/28832	0,0256410256410256	41,0712250712251	6,25872391856826	0,0240770297105256	0,0240770297105256	0,0599867935581408	Camk2a	1
GO:0071312	cellular response to alkaloid	1/18	40/28832	0,025	40,0444444444445	6,1761474557372	0,0246871298551863	0,0246871298551863	0,0599867935581408	Casp6	1
GO:0051402	neuron apoptotic process	2/18	396/28832	0,0050505050505050505	8,08978675645342	3,55067434923515	0,0248996609699929	0,0248996609699929	0,0599867935581408	Polb/Casp6	2
GO:0007435	salivary gland morphogenesis	1/18	41/28832	0,0243902439024390	39,0677506775068	6,0965634705636	0,0252968697712257	0,0252968697712257	0,0599867935581408	Polb	1
GO:1902108	regulation of mitochondrial membrane permeability involved in apoptotic process	1/18	41/28832	0,0243902439024390	39,0677506775068	6,0965634705636	0,0252968697712257	0,0252968697712257	0,0599867935581408	Camk2a	1
GO:0006284	base-excision repair	1/18	42/28832	0,0238095238095238	38,1375661375661	6,01979331971203	0,0259062496588335	0,0259062496588335	0,0601107094517359	Polb	1
GO:1990776	response to	1/18	47/28832	0,0212765957446809	34,080378250591	5,6728409648556	0,0289477556697365	0,0289477556697365	0,0630971814172885	Camk2a	1

	angiotensin										
GO:0070269	pyroptotic inflammatory response	1/18	48/28832	0,0208333333333333	33,3703703703704	5,60992485412498	0,0295549795848984	0,0295549795848984	0,0637765348937281	Casp6	1
GO:0001774	microglial cell activation	1/18	51/28832	0,0196078431372549	31,4074074074074	5,43220149784243	0,0313745003475748	0,0313745003475748	0,0641789674072835	Ctsc	1
GO:0032094	response to food	1/18	54/28832	0,0185185185185185	29,6625514403292	5,26921297578213	0,0331907988192515	0,0331907988192515	0,0641789674072835	Acbd7	1
GO:0032715	negative regulation of interleukin-6 production	1/18	54/28832	0,0185185185185185	29,6625514403292	5,26921297578213	0,0331907988192515	0,0331907988192515	0,0641789674072835	Nmb	1
GO:0002269	leukocyte activation involved in inflammatory response	1/18	55/28832	0,0181818181818182	29,1232323232323	5,21780867610997	0,0337955165071123	0,0337955165071123	0,0641789674072835	Ctsc	1
GO:0045214	sarcomere organization	1/18	55/28832	0,0181818181818182	29,1232323232323	5,21780867610997	0,0337955165071123	0,0337955165071123	0,0641789674072835	Krt8	1
GO:0006816	calcium ion transport	2/18	470/28832	0,0042553191489361 7	6,8160756501182	3,17742186018776	0,0341500647233295	0,0341500647233295	0,0641789674072835	Camk2b/Camk2a	2
GO:0032309	icosanoid secretion	1/18	56/28832	0,0178571428571429	28,6031746031746	5,16775794487213	0,0343998769582666	0,0343998769582666	0,0641789674072835	Nmb	1
GO:0006383	transcription by RNA polymerase III	1/18	58/28832	0,0172413793103448	27,6168582375479	5,07148328415692	0,0356075269448749	0,0356075269448749	0,0641789674072835	Polr2l	1
GO:0010332	response to gamma radiation	1/18	59/28832	0,0169491525423729	27,1487758945386	5,02515110782544	0,0362108168772788	0,0362108168772788	0,0641789674072835	Polb	1
GO:0045815	transcription initiation-coupled chromatin remodeling	1/18	60/28832	0,0166666666666667	26,6962962962963	4,97995548179001	0,0368137503668768	0,0368137503668768	0,0641789674072835	Ash2l	1
GO:0061900	glial cell activation	1/18	61/28832	0,0163934426229508	26,2586520947177	4,93584984911908	0,0374163276118861	0,0374163276118861	0,0641789674072835	Ctsc	1
GO:0140353	lipid export from cell	1/18	63/28832	0,0158730158730159	25,4250440917108	4,85073531599411	0,0386204141604849	0,0386204141604849	0,0641789674072835	Nmb	1
GO:0141137	positive regulation of gene expression, epigenetic	1/18	63/28832	0,0158730158730159	25,4250440917108	4,85073531599411	0,0386204141604849	0,0386204141604849	0,0641789674072835	Ash2l	1
GO:0002931	response to ischemia	1/18	65/28832	0,0153846153846154	24,642735042735	4,76948444322756	0,0398230781067425	0,0398230781067425	0,0641789674072835	Camk2a	1

GO:0046427	positive regulation of receptor signaling pathway via JAK-STAT	1/18	65/28832	0,0153846153846154	24,642735042735	4,76948444322756	0,0398230781067425	0,0398230781067425	0,0641789674072835	Camk2a	1
GO:0006584	catecholamine metabolic process	1/18	66/28832	0,0151515151515152	24,2693602693603	4,7302163290951	0,0404238770984369	0,0404238770984369	0,0641789674072835	Sult1d1	1
GO:0009712	catechol-containing compound metabolic process	1/18	66/28832	0,0151515151515152	24,2693602693603	4,7302163290951	0,0404238770984369	0,0404238770984369	0,0641789674072835	Sult1d1	1
GO:0010770	positive regulation of cell morphogenesis	1/18	67/28832	0,0149253731343284	23,9071310116086	4,69180810899061	0,0410243210326732	0,0410243210326732	0,0641789674072835	Camk2b	1
GO:0140374	antiviral innate immune response	1/18	68/28832	0,0147058823529412	23,5555555555556	4,65422821332439	0,0416244101069445	0,0416244101069445	0,0641789674072835	Nmb	1
GO:0051785	positive regulation of nuclear division	1/18	69/28832	0,0144927536231884	23,2141706924316	4,6174467928416	0,0422241445186422	0,0422241445186422	0,0641789674072835	Camk2b	1
GO:0035458	cellular response to interferon-beta	1/18	70/28832	0,0142857142857143	22,8825396825397	4,5814350434343424	0,0428235244650543	0,0428235244650543	0,0641789674072835	Camk2a	1
GO:0050885	neuromuscular process controlling balance	1/18	75/28832	0,0133333333333333	21,357037037037	4,4120227124134	0,0458151141115727	0,0458151141115727	0,0650004138532943	Camk2b	1
GO:0010659	cardiac muscle cell apoptotic process	1/18	76/28832	0,0131578947368421	21,0760233918129	4,3801056035383 1	0,0464123714077228	0,0464123714077228	0,0650004138532943	Camk2a	1
GO:0062237	protein localization to postsynapse	1/18	77/28832	0,0129870129870 13	20,8023088023088	4,3487939917291 1	0,0470092756125728	0,0470092756125728	0,0650004138532943	Camk2a	1
GO:0090559	regulation of membrane permeability	1/18	77/28832	0,0129870129870 13	20,8023088023088	4,3487939917291 1	0,0470092756125728	0,0470092756125728	0,0650004138532943	Camk2a	1
GO:0035456	response to interferon-beta	1/18	79/28832	0,0126582278481013	20,2756680731364	4,2879107013704 6	0,0482020255465985	0,0482020255465985	0,0650004138532943	Camk2a	1
GO:0001913	T cell mediated cytotoxicity	1/18	82/28832	0,0121951219512195	19,5338753387534	4,2006700363313 1	0,0499885072023765	0,0499885072023765	0,0661778752114122	Ctsc	1

Table S5: GO ontology, Molecular function, Up-regulated proteins

ID	Description	GeneRatio	BgRatio	RichFactor	FoldEnrichment	zScore	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID	Count
GO:0016591	RNA polymerase II, holoenzyme	2/19	70/28779	0,0285714285714286	43,2766917293233	9,10235242055161	0,000970919153804038	0,000970919153804038	0,0233758359753025	Taf5l/Polr2l	2
GO:0000428	DNA-directed RNA polymerase complex	2/19	96/28779	0,0208333333333333	31,5559210526316	7,70781661046827	0,00181464343431921	0,00181464343431921	0,0233758359753025	Taf5l/Polr2l	2
GO:0043197	dendritic spine	2/19	244/28779	0,0081967213114754 1	12,4154443485764	4,60268718432198	0,011132055 0590616	0,011132055 0590616	0,0405233185388289	Camk2a/Pdyn	2
GO:0044309	neuron spine	2/19	249/28779	0,0080321285140562 2	12,1661382371592	4,54846075195314	0,011571241 7746912	0,011571241 7746912	0,0405233185388289	Camk2a/Pdyn	2
GO:0016010	dystrophin-associated glycoprotein complex	1/19	20/28779	0,05	75,7342105263158	8,59330491904987	0,013125890 7419577	0,013125890 7419577	0,0405233185388289	Krt8	1
GO:0043034	costamere	1/19	20/28779	0,05	75,7342105263158	8,59330491904987	0,013125890 7419577	0,013125890 7419577	0,0405233185388289	Krt8	1
GO:0034774	secretory granule lumen	1/19	22/28779	0,0454545454545455	68,8492822966507	8,18271591135642	0,014429464 576458	0,014429464 576458	0,0405233185388289	Pdyn	1
GO:1990391	DNA repair complex	1/19	23/28779	0,0434782608695652	65,8558352402746	7,99763170941517	0,015080639 6007322	0,015080639 6007322	0,0405233185388289	Ascc1	1
GO:0090665	glycoprotein complex	1/19	25/28779	0,04	60,5873684210526	7,66104017515914	0,016381767 0688883	0,016381767 0688883	0,0405233185388289	Krt8	1
GO:0016327	apicolateral plasma membrane	1/19	29/28779	0,0344827586206897	52,2304900181488	7,0944910979013	0,018979138 4263245	0,018979138 4263245	0,0426803591405383	Krt8	1
GO:0032839	dendrite cytoplasm	1/19	37/28779	0,0270270270270027	40,9374110953058	6,24791254632319	0,024154400 6547695	0,024154400 6547695	0,0445066070974803	Camk2a	1
GO:0033017	sarcoplasmic reticulum membrane	1/19	40/28779	0,025	37,8671052631579	5,99716326586863	0,026088447 3518209	0,026088447 3518209	0,0445066070974803	Camk2b	1
GO:0051233	spindle midzone	1/19	40/28779	0,025	37,8671052631579	5,99716326586863	0,026088447 3518209	0,026088447 3518209	0,0445066070974803	Camk2b	1

GO:0098992	neuronal dense core vesicle	1/19	40/28779	0,025	37,8671052631579	5,99716326586863	0,0260884473518209	0,0260884473518209	0,0445066070974803	Pdyn	1
GO:0099524	postsynaptic cytosol	1/19	47/28779	0,0212765957446809	32,2273236282195	5,50697909647664	0,0305871106030837	0,0305871106030837	0,0494928281133223	Camk2a	1
GO:0016607	nuclear speck	2/19	438/28779	0,0045662100456621	6,91636625811103	3,20698689710122	0,0333137918366689	0,0333137918366689	0,0494928281133223	Taf5l/Ascc1	2
GO:0045095	keratin filament	1/19	53/28779	0,0188679245283019	28,578947368421	5,16524238979179	0,0344274320052294	0,0344274320052294	0,0494928281133223	Krt8	1
GO:0000315	organellar large ribosomal subunit	1/19	57/28779	0,0175438596491228	26,5734072022161	4,9674253186973	0,0369796343390073	0,0369796343390073	0,0494928281133223	Mrpl48	1
GO:0005762	mitochondrial large ribosomal subunit	1/19	57/28779	0,0175438596491228	26,5734072022161	4,9674253186973	0,0369796343390073	0,0369796343390073	0,0494928281133223	Mrpl48	1
GO:0014069	postsynaptic density	2/19	464/28779	0,0043103448275862 1	6,5288112522686	3,08599440887825	0,0370143171953889	0,0370143171953889	0,0494928281133223	Camk2b/Camk2a	2
GO:0032279	asymmetric synapse	2/19	488/28779	0,0040983606557377	6,20772217428818	2,98226500576947	0,0405660654555139	0,0405660654555139	0,0503602731536525	Camk2b/Camk2a	2
GO:0005874	microtubule	2/19	489/28779	0,0040899795501022 5	6,1950274459154	2,97809444408253	0,0407168165923148	0,0407168165923148	0,0503602731536525	Polb/Nicn1	2
GO:0098686	hippocampal mossy fiber to CA3 synapse	1/19	67/28779	0,0149253731343284	22,6072270227808	4,55111047091266	0,0433322092002536	0,0433322092002536	0,0522879032711661	Pdyn	1
GO:0000791	euchromatin	1/19	73/28779	0,0136986301369863	20,7490987743331	4,34245208872122	0,0471246767525854	0,0471246767525854	0,0542193432978	Ash2l	1

Table S6: GO ontology, Cellular component, Up-regulated proteins

ID	Description	GeneRatio	BgRatio	RichFactor	FoldEnrichment	zScore	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID	Count
GO:0004683	calcium/calmodulin-dependent protein kinase activity	2/17	24/28366	0,0833333333333333	139,049019607843	16,5680227950517	9,2582437106277 9E-05	9,2582437106277 9E-05	0,0010017390700 2411	Camk2b/Camk2a	2
GO:0005184	neuropeptide hormone activity	2/17	28/28366	0,0714285714285714	119,18487394958	15,3215709527774	0,0001266190396075 62	0,0001266190396075 62	0,0010017390700 2411	Pdyn/Nmb	2
GO:0160041	neuropeptide activity	2/17	29/28366	0,0689655172413793	115,075050709939	15,0508045850414	0,0001359503023604 15	0,0001359503023604 15	0,0010017390700 2411	Pdyn/Nmb	2

GO:0004197	cysteine-type endopeptidase activity	2/17	84/28366	0,0238095238095238	39,7282913165266	8,70482216579652	0,00114489816006065	0,00114489816006065	0,00632706877928255	Ctsc/Casp6	2
GO:0016779	nucleotidyltransferase activity	2/17	139/28366	0,0143884892086331	24,0084638171815	6,659009656697758	0,00308956363376665	0,00308956363376665	0,0120326435575946	Polr2l/Polb	2
GO:0005516	calmodulin binding	2/17	198/28366	0,0101010101010101	16,8544266191325	5,482165118521	0,00615356356292815	0,00615356356292815	0,0144198900262995	Camk2b/Camk2a	2
GO:0003906	DNA-(apurinic or apyrimidinic site) endonuclease activity	1/17	14/28366	0,0714285714285714	119,18487394958	10,8313115191048	0,0083596283824409	0,0083596283824409	0,0144198900262995	Polb	1
GO:0016505	peptidase activator activity involved in apoptotic process	1/17	15/28366	0,0666666666666667	111,239215686275	10,4579012330003	0,0089542208738879	0,0089542208738879	0,0144198900262995	Ctsc	1
GO:0003713	transcription coactivator activity	2/17	242/28366	0,0082644628099173	13,7899854156539	4,8931234212914	0,0090597555218388	0,0090597555218388	0,0144198900262995	Taf5l/Asc1	2
GO:0031404	chloride ion binding	1/17	16/28366	0,0625	104,2867647058	10,1198742608269	0,0095484778046890	0,0095484778046890	0,0144198900262995	Ctsc	1
GO:0032794	GTPase activating protein binding	1/17	20/28366	0,05	83,4294117647059	9,030219142071364	0,0119221534710291	0,0119221534710291	0,0144198900262995	Camk2a	1
GO:0042800	histone H3K4 methyltransferase activity	1/17	20/28366	0,05	83,4294117647059	9,030219142071364	0,0119221534710291	0,0119221534710291	0,0144198900262995	Ash2l	1
GO:0000062	fatty-acyl-CoA binding	1/17	22/28366	0,0454545454545455	75,8449197860963	8,599834246108024	0,0131069825523412	0,0131069825523412	0,0144198900262995	Acbd7	1
GO:1901567	fatty acid derivative binding	1/17	23/28366	0,0434782608695652	72,5473145780051	8,405844081565844	0,0136988955249845	0,0136988955249845	0,0144198900262995	Acbd7	1
GO:0099186	structural constituent of postsynapse	1/17	28/28366	0,0357142857142857	59,5924369747899	7,595965121461917	0,0166534517827545	0,0166534517827545	0,0151616091059089	Camk2b	1
GO:0001664	G protein-coupled receptor binding	2/17	338/28366	0,0059171597633136	9,87330316742081	4,018783387901458	0,0171083498814472	0,0171083498814472	0,0151616091059089	Pdyn/Nmb	2
GO:0043274	phospholipase binding	1/17	30/28366	0,0333333333333333	55,6196078431373	7,329712087188322	0,0178329402340929	0,0178329402340929	0,0151616091059089	Camk2b	1
GO:0140938	histone H3 methyltransferase activity	1/17	47/28366	0,0212765957446809	35,5018773466834	5,796951699603786	0,0278049696882183	0,0278049696882183	0,0200460861494966	Ash2l	1
GO:0005544	calcium-dependent	1/17	53/28366	0,0188679245283019	31,4827968923418	5,439347251925225	0,0313017005084607	0,0313017005084607	0,0209676461627361	Cpne7	1

	phospholipid binding										
GO:0008146	sulfotransferase activity	1/17	62/28366	0,0161290322580645	26,9127134724858	5,00186323281459	0,0365246093953367	0,0365246093953367	0,0222563242363513	Sult1d1	1
GO:0042054	histone methyltransferase activity	1/17	68/28366	0,0147058823529412	24,538062283737	4,75876518455951	0,0399918118686222	0,0399918118686222	0,0226674237312029	Ash2l	1
GO:0005200	structural constituent of cytoskeleton	1/17	74/28366	0,0135135135135135	22,5484896661367	4,54514616144265	0,0434472685902501	0,0434472685902501	0,0238454694606323	Camk2b	1
GO:0016835	carbon-oxygen lyase activity	1/17	78/28366	0,0128205128205128	21,3921568627451	4,41627720273455	0,0457443994171963	0,0457443994171963	0,0238454694606323	Polb	1
GO:0035254	glutamate receptor binding	1/17	80/28366	0,0125	20,8573529411765	4,35539514428376	0,0468910168719763	0,0468910168719763	0,0238454694606323	Camk2a	1
GO:0003684	damaged DNA binding	1/17	81/28366	0,0123456790123457	20,5998547567175	4,32577825959538	0,0474638392121157	0,0474638392121157	0,0238454694606323	Polb	1

Table S7: KEGG pathways. – Up regulated proteins

category	**subcategory**	**ID**	**Description**	**GeneRatio**	**BgRatio**	**RichFactor**	**FoldEnrichment**	**zScore**	**pvalue**	**p.adjust**	**qvalue**	**geneID**	**Count**
Human Diseases	Substance dependence	mmu05031	Amphetamine addiction	3/12	69/11159	0,04347826086956522	40,43115942028986	10,779611781745	4,783333205175 38E-05	0,00243949993463945	0,000755263137659271	Camk2b/Camk2a/Pdyn	3
Human Diseases	Endocrine and metabolic disease	mmu04934	Cushing syndrome	3/12	162/11159	0,01851851851851851	17,220679012345757	6,823296223566668	0,000600107657438254	0,01530274526467655	0,004737692032407027	Camk2b/Camk2a/Ash2l	3
Human Diseases	Cardiovascular disease	mmu05417	Lipid and atherosclerosis	3/12	217/11159	0,01382488479262667	12,855990783410101	5,786609367214522	0,001401462531782 01	0,02095865435649 53	0,006488747478791 11	Camk2b/Camk2a/Casp6	3
Organismal Systems	Nervous system	mmu04720	Long-term potentiation	2/12	67/11159	0,02985074626865 67	27,75870646766 17	7,207794356794 39	0,002254667525545 95	0,02095865435649 53	0,006488747478791 11	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Digestive system	mmu04971	Gastric acid secretion	2/12	75/11159	0,02666666666666667	24,797777777778	6,784589547247 67	0,002816315329953 53	0,02095865435649 53	0,006488747478791 11	Camk2b/Camk2a	2
Human Diseases	Cancer: specific types	mmu05214	Glioma	2/12	75/11159	0,02666666666666667	24,797777777778	6,784589547247 67	0,002816315329953 53	0,02095865435649 53	0,006488747478791 11	Camk2b/Camk2a	2

Environmental Information Processing	Signal transduction	mmu04012	ErbB signaling pathway	2/12	84/11159	0,02380952380952	22,14087301587	6,381099170712	0,003518932597070	0,02095865435649	0,006488747478791	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Endocrine system	mmu04911	Insulin secretion	2/12	86/11159	0,02325581395348	21,62596899224	6,299930192238	0,003685124336510	0,02095865435649	0,006488747478791	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Endocrine system	mmu04912	GnRH signaling pathway	2/12	90/11159	0,02222222222222	20,66481481481	6,145563677216	0,004028373329023	0,02095865435649	0,006488747478791	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Environmental adaptation	mmu04713	Circadian entrainment	2/12	100/11159	0,02	18,59833333333	5,799872032510	0,004949241362093	0,02095865435649	0,006488747478791	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Endocrine system	mmu04916	Melanogenesis	2/12	100/11159	0,02	18,59833333333	5,799872032510	0,004949241362093	0,02095865435649	0,006488747478791	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Endocrine system	mmu04922	Glucagon signaling pathway	2/12	104/11159	0,01923076923076	17,88301282051	5,675342129550	0,005342402090871	0,02095865435649	0,006488747478791	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Endocrine system	mmu04925	Aldosterone synthesis and secretion	2/12	104/11159	0,01923076923076	17,88301282051	5,675342129550	0,005342402090871	0,02095865435649	0,006488747478791	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Nervous system	mmu04725	Cholinergic synapse	2/12	114/11159	0,01754385964912	16,31432748538	5,392278276059	0,006386396895619	0,02219856880191	0,006872621920098	Camk2b/Camk2a	2
Environmental Information Processing	Signal transduction	mmu04066	HIF-1 signaling pathway	2/12	117/11159	0,01709401709401	15,89601139601	5,314272945283	0,006716430008309	0,02219856880191	0,006872621920098	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Nervous system	mmu04722	Neurotrophin signaling pathway	2/12	121/11159	0,01652892561983	15,37052341597	5,214646559569	0,007168429285265	0,02219856880191	0,006872621920098	Camk2b/Camk2a	2
Cellular Processes	Cell growth and death	mmu04114	Oocyte meiosis	2/12	123/11159	0,01626016260162	15,12059620596	5,166596493757	0,007399522933972	0,02219856880191	0,006872621920098	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Sensory system	mmu04750	Inflammatory mediator regulation of TRP	2/12	130/11159	0,01538461538461	14,30641025641	5,006904617110	0,008234870793146	0,02323316974704	0,007192931810231	Camk2b/Camk2a	2

			channels										
Cellular Processes	Cell growth and death	mmu04210	Apoptosis	2/12	136/11159	0,01470588235294 12	13,675245098039 2	4,879560616465 95	0,008983400294187 49	0,023233169747046 2	0,007192931810231 04	Ctsc/Casp6	2
Organismal Systems	Nervous system	mmu04728	Dopaminergic synapse	2/12	137/11159	0,01459854014598 54	13,575425790754 3	4,859119502174 88	0,009111046959625 98	0,023233169747046 2	0,007192931810231 04	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Endocrine system	mmu04921	Oxytocin signaling pathway	2/12	154/11159	0,012987012987013	12,076839826839 8	4,541360871562 1	0,011405488160472 9	0,027101110827676 7	0,008390436788752 54	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Circulatory system	mmu04261	Adrenergic signaling in cardiomyocytes	2/12	156/11159	0,012820512820512 8	11,922008547008 5	4,507274994713 12	0,011690675258995 2	0,027101110827676 7	0,008390436788752 54	Camk2b/Camk2a	2
Cellular Processes	Transport and catabolism	mmu04148	Efferocytosis	2/12	163/11159	0,012269938650306 7	11,410020449897 8	4,392712908123 74	0,012713687152708 6	0,027810517888382 1	0,008610067457703 42	Camk2b/Camk2a	2
Human Diseases	Neurodegenerative disease	mmu05022	Pathways of neurodegeneration - multiple diseases	3/12	481/11159	0,006237006237006 24	5,799896049896 05	3,530727604048 52	0,013087302535709 2	0,027810517888382 1	0,008610067457703 42	Camk2b/Camk2a/Pdyn	3
Cellular Processes	Cell growth and death	mmu04217	Necroptosis	2/12	177/11159	0,011299435028248 6	10,507532956685 5	4,183295602188 63	0,014873955380206 7	0,028266185126077 4	0,008751140905906 32	Camk2b/Camk2a	2
Environmental Information Processing	Signal transduction	mmu04310	Wnt signaling pathway	2/12	179/11159	0,011173184357541 9	10,390130353813 75	4,155294102565 65	0,015194810366347 7	0,028266185126077 4	0,008751140905906 32	Camk2b/Camk2a	2
Human Diseases	Infectious disease: bacterial	mmu05152	Tuberculosis	2/12	180/11159	0,011111111111111 11	10,332407407407 4	4,141458851958 82	0,015356372816977 1	0,028266185126077 4	0,008751140905906 32	Camk2b/Camk2a	2
Organismal Systems	Development and regeneration	mmu04360	Axon guidance	2/12	181/11159	0,011049723756906 1	10,275322283609 6	4,127731920902 89	0,015518689873140 5	0,028266185126077 4	0,008751140905906 32	Camk2b/Camk2a	2
Human Diseases	Cancer: overview	mmu05205	Proteoglycans in cancer	2/12	204/11159	0,009803921568627 45	9,116830065359 48	3,838841201913 95	0,019456776553858 6	0,034217089801613 4	0,010593526254369 5	Camk2b/Camk2a	2
Human Diseases	Cardiovascular disease	mmu05415	Diabetic cardiomyopathy	2/12	216/11159	0,009259259259259 26	8,610339506172 84	3,705676544109 1	0,021663487556694 9	0,036827928846381 2	0,011401835556155 2	Camk2b/Camk2a	2

Environmental Information Processing	Signal transduction	mmu04024	cAMP signaling pathway	2/12	224/11159	0,00892857142857143	8,3028273809523825	3,622517162318251	0,023190865577352 1	0,03815271433693 4	0,011811985862827 9	Camk2b/Camk2a	2
Environmental Information Processing	Signal transduction	mmu04020	Calcium signaling pathway	2/12	255/11159	0,00784313725490196	7,2934640522875858	3,335582799742 97	0,029519615476940 1	0,04704688716637 32	0,014565599741911 2	Camk2b/Camk2a	2

Table S8: Reactome – Up regulated proteins

ID	Description	GeneRatio	BgRatio	RichFactor	FoldEnrichment	zScore	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID	Count
R-MMU-877300	Interferon gamma signaling	2/12	19/8731	0,105263157894737	76,5877192982456	12,2358322630915	0,000292315213605463	0,0139900062037993	0,0090519595910628 3	Camk2b/Camk2a	2
R-MMU-3371571	HSF1-dependent transactivation	2/12	22/8731	0,090909090909090 9	66,1439393939394	11,3492096569529	0,000393978049408007	0,0139900062037993	0,0090519595910628 3	Camk2b/Camk2a	2
R-MMU-438066	Unblocking of NMDA receptors, glutamate binding and activation	2/12	22/8731	0,090909090909090 9	66,1439393939394	11,3492096569529	0,000393978049408007	0,0139900062037993	0,0090519595910628 3	Camk2b/Camk2a	2
R-MMU-399719	Trafficking of AMPA receptors	2/12	28/8731	0,071428571428571 4	51,9702380952381	10,0213352765672	0,000641743403844006	0,0139900062037993	0,0090519595910628 3	Camk2b/Camk2a	2
R-MMU-399721	Glutamate binding, activation of AMPA receptors and synaptic plasticity	2/12	28/8731	0,071428571428571 4	51,9702380952381	10,0213352765672	0,000641743403844006	0,0139900062037993	0,0090519595910628 3	Camk2b/Camk2a	2
R-MMU-5673000	RAF activation	2/12	34/8731	0,058823529411764 7	42,7990196078431	9,05910357504 52	0,000948073853379583	0,0156456289668263	0,0101231978829296	Camk2b/Camk2a	2

R-MMU-442755	Activation of NMDA receptors and postsynaptic events	2/12	35/8731	0,0571428571428571	41,5761904761905	8,92298028138367	0,00100476516300719	0,0156456289668263	0,0101231978829296	Camk2b/Camk2a	2
R-MMU-5578775	Ion homeostasis	2/12	52/8731	0,0384615384615385	27,9839743589744	7,23997637733804	0,00221030753479616	0,0288449326995809	0,0186635489219886	Camk2b/Camk2a	2
R-MMU-936837	Ion transport by P-type ATPases	2/12	54/8731	0,0370370370370370	26,9475308641975	7,09532878078823	0,00238169169079108	0,0288449326995809	0,0186635489219886	Camk2b/Camk2a	2