

cluster 1 Sir3D most similar to WT							cluster 1 Sir3D least similar to WT						
N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name	N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name
15	68	0.66671	9.14E-06	0.008	GO:0010927	cellular component assembly involved in morphogenesis	4	4	2.14209277	1.41E-05	0.018	GO:0000798	nuclear cohesin complex
35	238	0.45906	6.24E-07	<0.001	GO:1903046	meiotic cell cycle process	4	4	2.14209277	1.41E-05	0.018	GO:0008278	cohesin complex
43	337	0.38985	1.71E-06	0.002	GO:0044702	single organism reproductive process	4	4	2.14209277	1.41E-05	0.018	GO:0030892	mitotic cohesin complex
51	450	0.33286	6.28E-06	0.007	GO:0022414	reproductive process	4	4	2.14209277	1.41E-05	0.018	GO:0034990	nuclear mitotic cohesin complex
							5	7	1.53123477	1.62E-05	0.024	GO:0036297	interstrand cross-link repair
							7	12	1.32551433	1.90E-06	0.005	GO:0043596	nuclear replication fork
							10	22	1.11794238	2.28E-07	0.001	GO:0005657	replication fork
							12	27	1.10227341	1.84E-08	<0.001	GO:0007064	mitotic sister chromatid cohesion
							13	42	0.85632866	7.27E-07	0.001	GO:0007062	sister chromatid cohesion
							10	34	0.8248244	2.37E-05	0.032	GO:0015631	tubulin binding
							16	71	0.67053476	4.29E-06	0.007	GO:0071103	DNA conformation change
							15	72	0.62672619	2.35E-05	0.032	GO:0000725	recombinational repair
							21	106	0.60137223	1.33E-06	0.003	GO:0006302	double-strand break repair
							22	117	0.57350716	1.87E-06	0.005	GO:0051052	regulation of DNA metabolic process
							49	283	0.54796537	1.48E-11	<0.001	GO:0006281	DNA repair
							42	253	0.51965458	1.83E-09	<0.001	GO:0051276	chromosome organization
							28	171	0.50281025	1.41E-06	0.003	GO:0005856	cytoskeleton
							26	159	0.50097032	3.47E-06	0.007	GO:0005694	chromosome
							49	329	0.46673538	3.39E-09	<0.001	GO:0006974	cellular response to DNA damage stimulus
							40	274	0.44974193	1.84E-07	0.001	GO:1903047	mitotic cell cycle process
							34	253	0.40270182	1.05E-05	0.01	GO:0044454	nuclear chromosome part
							71	556	0.4008289	8.49E-10	<0.001	GO:0022402	cell cycle process
							51	389	0.40043458	1.22E-07	0.001	GO:0044427	chromosomal part
							63	489	0.39962215	6.37E-09	<0.001	GO:0006259	DNA metabolic process
							46	401	0.3272861	2.15E-05	0.03	GO:0007049	cell cycle
							59	568	0.28253726	2.97E-05	0.035	GO:0003677	DNA binding
							79	806	0.26276258	9.61E-06	0.01	GO:1902589	single-organism organelle organization
							99	1063	0.24618927	5.19E-06	0.008	GO:0006996	organelle organization
cluster 2 Sir3D most similar to WT							cluster 2 Sir3D least similar to WT						
N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name	N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name
102	231	0.26675	5.56E-06	0.009	GO:0044451	nucleoplasm part	119	693	0.2619964	1.16E-07	<0.001	GO:0006464	cellular protein modification process
							119	693	0.2619964	1.16E-07	<0.001	GO:0036211	protein modification process
							532	4129	0.25970467	7.60E-12	<0.001	GO:0043227	membrane-bounded organelle
							532	4129	0.25970467	7.60E-12	<0.001	GO:0043231	intracellular membrane-bounded organelle
							81	478	0.24313745	2.65E-05	0.025	GO:1902494	catalytic complex
							144	918	0.2164965	1.36E-06	<0.001	GO:0031326	regulation of cellular biosynthetic process
							144	919	0.21584845	1.45E-06	<0.001	GO:0009889	regulation of biosynthetic process
							134	854	0.21377974	3.45E-06	0.002	GO:0043412	macromolecule modification
							145	936	0.20934357	2.60E-06	0.002	GO:0051171	regulation of nitrogen compound metabolic process
							137	886	0.20598633	5.90E-06	0.005	GO:0010556	regulation of macromolecule biosynthetic process
							171	1126	0.20492265	9.17E-07	<0.001	GO:0080090	regulation of primary metabolic process
							177	1179	0.19960865	1.21E-06	<0.001	GO:0031090	organelle membrane
							172	1148	0.19690455	2.10E-06	0.001	GO:0031323	regulation of cellular metabolic process
							129	849	0.19354415	2.88E-05	0.028	GO:0010468	regulation of gene expression
							132	872	0.19212737	2.74E-05	0.027	GO:2000112	regulation of cellular macromolecule biosynthetic process
							165	1108	0.19118772	5.39E-06	0.002	GO:0060255	regulation of macromolecule metabolic process
							546	4505	0.1850397	1.96E-06	0.001	GO:0043229	intracellular organelle
							546	4506	0.18468453	2.05E-06	0.001	GO:0043226	organelle
							192	1328	0.18037001	5.28E-06	0.002	GO:0019222	regulation of metabolic process
							230	1676	0.15689934	2.19E-05	0.024	GO:0050789	regulation of biological process
							259	1910	0.15683129	1.19E-05	0.007	GO:0065007	biological regulation
							212	1543	0.15293645	5.19E-05	0.047	GO:0050794	regulation of cellular process
cluster 3 Sir3D most similar to WT							cluster 3 Sir3D least similar to WT						
N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name	N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name
8	14	1.43252	5.23E-08	<0.001	GO:0005736	DNA-directed RNA polymerase I complex	8	18	1.11324985	3.88E-06	0.003	GO:0030173	integral component of Golgi membrane
6	13	1.25087	1.36E-05	0.015	GO:0005751	mitochondrial respiratory chain complex IV	8	18	1.11324985	3.88E-06	0.003	GO:0031228	intrinsic component of Golgi membrane
6	13	1.25087	1.36E-05	0.015	GO:0045277	respiratory chain complex IV	28	201	0.43238282	1.99E-05	0.028	GO:0000329	fungal-type vacuole membrane
11	34	1.00887	2.31E-07	<0.001	GO:0003899	DNA-directed RNA polymerase activity	28	201	0.43238282	1.99E-05	0.028	GO:0098852	lytic vacuole membrane
11	34	1.00887	2.31E-07	<0.001	GO:0034062	RNA polymerase activity	33	258	0.39100783	2.23E-05	0.028	GO:0005774	vacuolar membrane
9	29	0.98246	4.44E-06	0.002	GO:0006360	transcription from RNA polymerase I promoter	34	269	0.3854284	2.15E-05	0.028	GO:0044437	vacuolar part
11	36	0.97325	4.46E-07	<0.001	GO:0055029	nuclear DNA-directed RNA polymerase complex	365	5755	0.35845845	5.06E-05	0.05	GO:0044464	cell part
11	38	0.94032	8.21E-07	<0.001	GO:0000428	DNA-directed RNA polymerase complex	358	5576	0.33199011	2.12E-05	0.028	GO:0044424	intracellular part
11	38	0.94032	8.21E-07	<0.001	GO:0030880	RNA polymerase complex	74	782	0.25717406	2.42E-05	0.028	GO:0044711	single-organism biosynthetic process
8	29	0.91193	4.01E-05	0.039	GO:0098803	respiratory chain complex	80	857	0.25327759	1.73E-05	0.023	GO:0098588	bounding membrane of organelle
11	53	0.75019	2.75E-05	0.027	GO:0098781	ncRNA transcription	289	4129	0.24096136	1.17E-06	0.001	GO:0043227	membrane-bounded organelle
16	80	0.73172	6.98E-07	<0.001	GO:0098800	inner mitochondrial membrane protein complex	289	4129	0.24096136	1.17E-06	0.001	GO:0043231	intracellular membrane-bounded organelle
12	61	0.72118	2.11E-05	0.016	GO:0009144	purine nucleoside triphosphate metabolic process	249	3399	0.22862563	6.52E-07	<0.001	GO:0044444	cytoplasmic part
33	195	0.65738	7.76E-11	<0.001	GO:0042254	ribosome biogenesis	303	4505	0.21337202	3.77E-05	0.042	GO:0043229	intracellular organelle
36	217	0.65006	1.81E-11	<0.001	GO:0022613	ribonucleoprotein complex biogenesis	303	4506	0.21033318	3.87E-05	0.043	GO:0043226	organelle
14	82	0.64618	2.39E-05	0.023	GO:0030687	preribosome, large subunit precursor	254	3609	0.19431442	2.36E-05	0.028	GO:0044699	single-organism process
19	120	0.60926	2.72E-06	0.001	GO:0098798	mitochondrial protein complex							
16	105	0.58766	2.77E-05	0.027	GO:0006457	protein folding							
294	5755	0.57524	5.50E-07	<0.001	GO:0044464	cell part							
17	115	0.57247	2.34E-05	0.023	GO:0035770	ribonucleoprotein granule							
17	115	0.57247	2.34E-05	0.023	GO:0036464	cytoplasmic ribonucleoprotein granule							
38	277	0.5518	1.53E-09	<0.001	GO:0044085	cellular component biogenesis							
43	343	0.51002	2.03E-09	<0.001	GO:0005730	nucleolus							
21	170	0.48308	4.32E-05	0.04	GO:0044455	mitochondrial membrane part							
288	5576	0.46843	1.01E-06	<0.001	GO:0044424	intracellular part							
38	330	0.46105	1.93E-07	<0.001	GO:0098796	membrane protein complex							
55	545	0.40911	2.86E-08	<0.001	GO:0034660	ncRNA metabolic process							
257	4505	0.38821	9.33E-10	<0.001	GO:0043229	intracellular organelle							
257	4506	0.38787	9.66E-10	<0.001	GO:0043226	organelle							
285	5572	0.38765	1.88E-05	0.016	GO:0008150	biological process							
241	4129	0.34663	2.34E-09	<0.001	GO:0043227	membrane-bounded organelle							
241	4129	0.34663	2.34E-09	<0.001	GO:0043231	intracellular membrane-bounded organelle							
154	2160	0.32648	1.89E-10	<0.001	GO:0032991	macromolecular complex							
83	1062	0.29862	7.06E-07	<0.001	GO:0043232	non-membrane-bounded organelle							
83	1062	0.29862	7.06E-07	<0.001	GO:0043232	intracellular non-membrane-bounded organelle							
112	1509	0.29817	4.60E-08	<0.001	GO:0043234	protein complex							
52	638	0.29467	4.64E-05	0.042	GO:1902582	single-organism intracellular transport							
266	5087	0.28326	4.39E-05	0.04	GO:0009987	cellular process							
137	2130	0.23327	5.09E-06	0.003	GO:0005634	nucleus							
138	2169	0.22682	8.62E-06	0.007	GO:0003824	catalytic activity							
cluster 4 Sir3D most similar to WT							cluster 4 Sir3D least similar to WT						
N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name	N	X	LOD	P	P adj	attrib ID	attrib name
8	17	1.64781	6.02E-10	<0.001	GO:0006094	gluconeogenesis	4	14	1.47640083	3.84E-05	0.05	GO:0004298	threonine-type endopeptidase activity
8	17	1.64781	6.02E-10	<0.001	GO:0019319	hexose biosynthetic process	4	14	1.47640083	3.84E-05	0.05	GO:0010499	proteasomal ubiquitin-independent protein catabolic process
8	18	1.60427	1.06E-09	<0.001	GO:0046364	monoxoaccharide biosynthetic process	4	14	1.47640083	3.84E-05	0.05	GO:0070083	threonine-type peptidase activity
7	18	1.50692	3.85E-08	<0.001	GO:0006464	rRNA export from nucleus	10	89	0				

48	222	1.29358	2.19E-37	<0.001	GO:0044445	cytosolic part																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																	
----	-----	---------	----------	--------	------------	----------------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--