

S6 Table. Average cumC value for five functional gene sets. The P values are calculated by the Wilcoxon rank-sum test over the corresponding gene set and human essential genes identified in cancer cell lines. The standard deviation (\pm) was shown.

(PDF)

Cancer Types	Driver Genes		CGC		CRF		DDR		Essential
	Ave cumC	P value	Ave cumC	P value	Ave cumC	P value	Ave cumC	P value	Ave cumC
BLCA	0.29 ± 0.03	2.9e-10	0.23 ± 0.02	1.7e-5	0.21 ± 0.03	4.1e-3	0.25 ± 0.06	2.6e-6	0.18 ± 0.03
BRCA	0.16 ± 0.02	2.2e-11	0.12 ± 0.01	2.1e-5	0.12 ± 0.02	2.0e-4	0.12 ± 0.03	1.2e-4	0.09 ± 0.02
COAD	0.31 ± 0.04	5.4e-9	0.25 ± 0.02	4.8e-11	0.25 ± 0.03	1.6e-5	0.25 ± 0.05	1.2e-9	0.17 ± 0.03
GBM	0.28 ± 0.03	1.4e-5	0.23 ± 0.02	7.4e-7	0.23 ± 0.03	0.024	0.24 ± 0.05	6.4e-7	0.17 ± 0.03
HNSC	0.12 ± 0.02	1.0e-12	0.09 ± 0.01	1.5e-10	0.07 ± 0.01	5.1e-4	0.09 ± 0.02	2.7e-7	0.05 ± 0.01
KIRC	0.14 ± 0.03	4.0e-8	0.10 ± 0.02	1.3e-4	0.09 ± 0.03	0.031	0.10 ± 0.05	3.8e-3	0.07 ± 0.03
LAML	0.19 ± 0.09	1.3e-11	0.06 ± 0.02	2.6e-3	0.04 ± 0.02	0.312	0.05 ± 0.04	0.015	0.04 ± 0.03
LUAD	0.21 ± 0.02	8.9e-10	0.19 ± 0.02	2.5e-10	0.16 ± 0.02	3.4e-3	0.18 ± 0.04	1.0e-7	0.13 ± 0.02
LUSC	0.22 ± 0.03	4.3 e-8	0.20 ± 0.02	1.3e-10	0.18 ± 0.02	2.9e-4	0.19 ± 0.04	9.2e-9	0.13 ± 0.02
OV	0.20 ± 0.05	8.4e-6	0.16 ± 0.02	2.3e-5	0.16 ± 0.03	1.2e-4	0.15 ± 0.05	9.2e-4	0.11 ± 0.03
PRAD	0.15 ± 0.03	3.4e-17	0.08 ± 0.02	3.3e-7	0.07 ± 0.02	3.4e-4	0.07 ± 0.03	0.0457	0.04 ± 0.02
SKCM	0.19 ± 0.02	1.1e-9	0.17 ± 0.01	9.5e-9	0.16 ± 0.02	6.1e-4	0.17 ± 0.03	5.4e-8	0.12 ± 0.02
THCA	0.21 ± 0.10	4.3e-14	0.05 ± 0.01	5.5e-6	0.04 ± 0.02	3.3e-3	0.04 ± 0.02	0.108	0.02 ± 0.02
UCEC	0.30 ± 0.04	2.8e-6	0.26 ± 0.02	1.7e-5	0.25 ± 0.03	0.033	0.25 ± 0.05	1.3e-4	0.20 ± 0.03