

Table 1. Significantly altered canonical pathways and the related altered genes in the different treatment groups.

Canonical pathway	Treatment group		
	Carb	Carb UV	UV
Estrogen-mediated S-phase entry			
p-value	4.1e - 2	1.55e - 5	9.31e - 2
Altered genes (mean fold change)	E2F5 (- 1.98) ESR2 (- 1.53)	CCNE2 (+ 2.32) CDC25A (+ 1.82) CDKN1A (+ 1.62) E2F2 (+ 2.20) E2F5 (- 2.58) ESR1 (- 2.06) ESR2 (- 2.02) MYC (- 1.65)	CDKN1A (+ 1.45) E2F2 (+ 2.07)
NRF2-mediated oxidative stress response			
p-value	1.66e - 3	1.41e - 1	2.76e - 1
Altered genes (mean fold change)	DNAJB4 (+ 1.86) DNAJB9 (+ 2.37) DNAJC3 (+ 1.56) ENC1 (- 1.77) FOS (- 1.81) GCLM (+ 2.18) HERPUD1 (+ 1.72) HMOX1 (+ 2.46)	DNAJB4 (+ 1.89) DNAJB9 (+ 2.02) ENC1 (- 2.07) FOS (- 1.95) GCLM (+ 2.26) HMOX1 (+ 2.58) MAP3K5 (- 2.68) PRKCA (- 1.85) PRKCB (- 1.55) PRKCE (- 1.98) PRKCH (- 1.69) PRKD1 (- 1.73)	MAP3K5 (- 1.68) PRKCA (- 1.73) PRKCE (- 1.82) PRKCH (- 1.55) PRKD1 (- 1.64)
GADD45 signaling			
p-value	2.46E - 1	3.38e - 3	3.63e - 1
Altered genes (mean fold change)	GADD45B (- 2.21)	BRCA1 (+ 1.28) CCNE2 (+ 2.32) CDKN1A (+ 1.62) GADD45B (- 1.67) PCNA (+ 1.62)	CDKN1A (+ 1.45)
Cell cycle: G1/S checkpoint regulation			
p-value	5.59e-2	1.56e-3	1.5e-1

Altered genes (mean fold change)	E2F5 (- 1.98) FOXO1 (- 1.64) TGFB2 (+ 2.87)	CCNE2 (+ 2.32) CDC25A (+ 1.82) CDK6 (- 1.88) CDKN1A (+ 1.62) E2F2 (+ 2.20) E2F5 (- 2.58) HDAC9 (- 2.95) MDM2 (+ 1.77) MYC (- 1.65) TGFB2 (+ 2.25)	CDK6 (- 1.79) CDKN1A (+ 1.45) E2F2 (+ 2.07)

Endoplasmic reticulum stress pathway

p-value	3.42e - 3	3.34e - 1	3.93e - 1
Altered genes (mean fold change)	DNAJC3 (+ 1.56) HSPA5 (+ 1.52) XBP1 (+ 1.63)	MAP3K5 (- 2.68) XBP1 (+ 1.55)	MAP3K5 (- 1.68)

Molecular mechanisms of carcinogenesis

p-value	2.95e - 1	4.26e - 3	1.31e - 2
----------------	-----------	-----------	-----------

Altered genes (mean fold change)	BCL2L11 (- 1.41) E2F5 (- 1.98) FOS (- 1.81) FOXO1 (- 1.64) TGFB2 (+ 2.87) WNT6 (- 1.50)	ARHGEF3 (+ 1.71) BBC3 (+ 1.66) BMPR1B (- 1.82) BRCA1 (+ 1.28) CCNE2 (+ 2.32) CDC25A (+ 1.82) CDK6 (- 1.88) CDKN1A (+ 1.62) E2F2 (+ 2.20) E2F5 (- 2.58) FNBP1 (- 1.16) FOS (- 1.95) FZD8 (+ 1.56) GNAQ (- 1.28) HHAT (- 1.64) ITGA2 (- 2.48) MAP3K5 (- 2.68) MDM2 (+ 1.77) MYC (- 1.65) PRKAR2B (- 1.53) PRKCA (- 1.85) PRKCB (- 1.55) PRKCE (- 1.98) PRKCH (- 1.69) PRKD (- 1.73) TCF4 (- 2.28) TGFB2 (+ 2.25) WNT6 (- 1.83)	BCL2L11 (- 1.55) BMPR1B (- 1.99) CAMK2D (- 1.67) CDK6 (- 1.79) CDKN1A (+ 1.45) E2F2 (+ 2.07) GNAQ (- 1.15) HHAT (- 1.57) MAP3K5 (- 1.68) PRKCA (- 1.73) PRKCE (- 1.82) PRKCH (- 1.55) PRKD1 (- 1.64) TCF4 (- 2.03)
Unfolded protein response			
p-value	6.81e - 5	1.32e - 1	3.11e - 1
Altered genes (fold change)	CEBPA (- 1.71) DNAJB9 (+ 2.37) DNAJC3 (+ 1.56) HSPA5 (+ 1.52) HSPA6 (- 1.65) XBP1 (+ 1.63)	DNAJB9 (+ 2.02) HSPA6 (- 1.54) MAP3K5 (- 2.68) PPARG (- 1.75) XBP1 (+ 1.55)	CEBPA (+ 1.53) MAP3K5 (- 1.68)
Cyclins and cell cycle regulation			
p-value	2.64e - 1	3.68e - 2	2.14e - 1

Altered genes (mean fold change)	E2F5 (- 1.98) TGFB2 (+ 2.87)	CCNE2 (+ 2.32) CDC25A (+ 1.82) CDK6 (- 1.88) CDKN1A (+ 1.62) E2F2 (+ 2.20) E2F5 (- 2.58) HDAC9 (- 2.95) TGFB2 (+ 2.25)	CDK6 (- 1.79) CDKN1A (+ 1.45) E2F2 (+ 2.07)
Other significantly altered genes			
	GPX5 (+ 2.14)	BRCA2 (+ 1.68) E2F7 (+ 1.54) E2F8 (+ 1.80) EXO1 (+ 1.96) GPX5 (+ 2.50) MITF (- 1.64)	E2F8 (+ 1.80) EXO1 (+ 1.59)

p-values indicate the statistical significance of the altered canonical pathway for each treatment group in comparison to the vehicle control (DMSO).