

Table S2. Significant KEGG pathways via STRING enrichment in Cytoscape for xerostomia/dry mouth intersection

| KEGG pathway name | KEGG ID | FDR adjusted p-value | Genes |
|---|----------|------------------------|---|
| Cytokine-cytokine receptor interaction | hsa04060 | 1.06x10 ⁻⁴⁹ | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>THPO</i> ; <i>CCL17</i> ; <i>TNFRSF10A</i> ; <i>TGFB1</i> ; <i>HGF</i> ; <i>CCL2</i> ; IL2 ; <i>IL23A</i> ; IFNG ; IL4 ; <i>IL5</i> ; <i>TNFSF10</i> ; CCR7 ; <i>EPO</i> ; CCL21 ; <i>TNFRSF13B</i> ; IL1B ; <i>EGF</i> ; EGFR ; <i>IFNA1</i> ; IL18 ; CXCL13 ; <i>KIT</i> ; <i>TNFRSF13C</i> ; CXCR5 ; CCR5 ; CXCR1 ; <i>PPBP</i> ; <i>CCR1</i> ; <i>IL15</i> ; <i>CSF2</i> ; <i>PRL</i> ; CCL11 ; CXCL10 ; CXCL8 ; <i>LEP</i> ; CXCR2 ; IL23R ; <i>CCR8</i> ; CCR4 ; IL17A ; FAS ; <i>CXCL9</i> ; FASLG ; IL6R ; CD40LG ; CD40 ; CXCR3 ; TNFSF13B ; TNFRSF1B ; <i>TNFRSF25</i> ; <i>IL2RA</i> ; CXCL12 ; <i>TNFSF11</i> ; IL6 ; CXCR4 ; TNF ; IL10 ; <i>TNFSF14</i> ; <i>CCL5</i> ; <i>CCL3</i> ; <i>VEGFA</i> ; <i>CCL4</i> |
| Hepatitis B | hsa05161 | 1.89x10 ⁻²⁵ | <i>MAPK1</i> ; NFKBIA ; <i>TGFB1</i> ; NFKB1 ; <i>TLR2</i> ; STAT3 ; RB1 ; <i>TP53</i> ; <i>IFNA1</i> ; <i>BAX</i> ; <i>TLR3</i> ; <i>FADD</i> ; <i>PRKCB</i> ; <i>FOS</i> ; CXCL8 ; CYCS ; CASP3 ; E2F1 ; FAS ; <i>STAT1</i> ; FASLG ; <i>MMP9</i> ; <i>TLR4</i> ; <i>HSPG2</i> ; <i>STAT4</i> ; <i>MAPK8</i> ; <i>BCL2</i> ; IL6 ; TNF ; <i>MYD88</i> ; <i>PRKCA</i> ; <i>AKT1</i> ; <i>IRF3</i> ; <i>CREB3L1</i> |
| Pathways in cancer | hsa05200 | 1.29x10 ⁻²³ | <i>MAPK1</i> ; NFKBIA ; <i>MMP2</i> ; <i>TGFB1</i> ; <i>HGF</i> ; NFKB1 ; IL2 ; <i>IL23A</i> ; IFNG ; IL4 ; <i>IL5</i> ; <i>EPO</i> ; <i>CDH1</i> ; STAT3 ; <i>FGF10</i> ; <i>EGF</i> ; RB1 ; <i>FGF7</i> ; <i>TP53</i> ; EGFR ; <i>IFNA1</i> ; <i>KIT</i> ; <i>BAX</i> ; <i>IL15</i> ; <i>FADD</i> ; <i>PRKCB</i> ; <i>FOS</i> ; CXCL8 ; CYCS ; CASP3 ; <i>EDNRA</i> ; IL23R ; <i>NOS2</i> ; E2F1 ; FAS ; <i>STAT1</i> ; <i>TPR</i> ; FASLG ; IL6R ; <i>MMP9</i> ; <i>BAK1</i> ; <i>IL2RA</i> ; <i>STAT4</i> ; <i>MAPK8</i> ; CXCL12 ; <i>BCL2</i> ; <i>IL6</i> ; CXCR4 ; <i>ESR1</i> ; <i>PRKCA</i> ; <i>AKT1</i> ; <i>VEGFA</i> |
| Chagas disease | hsa05142 | 1.29x10 ⁻²³ | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>MAPK1</i> ; NFKBIA ; <i>TGFB1</i> ; <i>CCL2</i> ; NFKB1 ; IL2 ; IFNG ; <i>TLR2</i> ; IL1B ; ACE ; <i>CD3D</i> ; <i>FADD</i> ; <i>FOS</i> ; CXCL8 ; <i>CFLAR</i> ; <i>CALR</i> ; <i>NOS2</i> ; FAS ; FASLG ; <i>TLR4</i> ; <i>MAPK8</i> ; IL6 ; TNF ; <i>MYD88</i> ; IL10 ; <i>AKT1</i> ; <i>CCL5</i> ; <i>CCL3</i> |
| Rheumatoid arthritis | hsa05323 | 5.30x10 ⁻²² | <i>TGFB1</i> ; <i>CCL2</i> ; <i>IL23A</i> ; IFNG ; <i>TLR2</i> ; IL1B ; <i>ICAM1</i> ; IL18 ; <i>IL15</i> ; <i>CSF2</i> ; <i>MMP3</i> ; <i>CTLA4</i> ; <i>FOS</i> ; CXCL8 ; <i>CD28</i> ; IL17A ; <i>HLA-DRB1</i> ; <i>TLR4</i> ; TNFSF13B ; CXCL12 ; <i>TNFSF11</i> ; IL6 ; TNF ; <i>CCL5</i> ; <i>CCL3</i> ; <i>VEGFA</i> |
| Toll-like receptor signaling pathway | hsa04620 | 1.96x10 ⁻²¹ | <i>MAPK1</i> ; NFKBIA ; NFKB1 ; <i>TLR2</i> ; IL1B ; <i>IFNA1</i> ; <i>TLR3</i> ; <i>FADD</i> ; CXCL10 ; <i>FOS</i> ; CXCL8 ; <i>TLR8</i> ; <i>IRF5</i> ; <i>STAT1</i> ; <i>CXCL9</i> ; <i>TLR1</i> ; CD40 ; <i>TLR4</i> ; <i>MAPK8</i> ; IL6 ; TNF ; <i>MYD88</i> ; <i>AKT1</i> ; <i>IRF3</i> ; <i>CCL5</i> ; <i>CCL3</i> ; <i>CCL4</i> |
| Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus infection | hsa05167 | 9.37x10 ⁻²¹ | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>MAPK1</i> ; NFKBIA ; NFKB1 ; STAT3 ; <i>ICAM1</i> ; RB1 ; <i>TP53</i> ; <i>IFNA1</i> ; CCR5 ; <i>BAX</i> ; <i>CCR1</i> ; <i>TLR3</i> ; <i>CSF2</i> ; <i>FADD</i> ; <i>FOS</i> ; CXCL8 ; CYCS ; CASP3 ; <i>CCR8</i> ; CCR4 ; E2F1 ; FAS ; <i>STAT1</i> ; <i>BAK1</i> ; <i>HLA-C</i> ; <i>MAPK8</i> ; IL6 ; <i>MICA</i> ; <i>AKT1</i> ; <i>IRF3</i> ; <i>VEGFA</i> |
| Influenza A | hsa05164 | 9.37x10 ⁻²¹ | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>MAPK1</i> ; NFKBIA ; <i>TNFRSF10A</i> ; <i>CCL2</i> ; NFKB1 ; IFNG ; <i>TNFSF10</i> ; IL1B ; <i>ICAM1</i> ; <i>IFNA1</i> ; IL18 ; <i>TLR3</i> ; <i>PRKCB</i> ; CXCL10 ; CXCL8 ; CYCS ; FAS ; <i>HLA-DRB1</i> ; <i>STAT1</i> ; FASLG ; <i>TLR4</i> ; <i>MAPK8</i> ; <i>IL6</i> ; TNF ; <i>MYD88</i> ; <i>PRKCA</i> ; <i>AKT1</i> ; <i>IRF3</i> ; <i>CCL5</i> ; <i>FURIN</i> |
| Tuberculosis | hsa05152 | 1.54x10 ⁻²⁰ | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>MAPK1</i> ; <i>TGFB1</i> ; NFKB1 ; <i>IL23A</i> ; IFNG ; <i>TLR2</i> ; IL1B ; <i>IFNA1</i> ; IL18 ; <i>BAX</i> ; <i>FADD</i> ; CYCS ; CASP3 ; <i>NOS2</i> ; <i>HLA-DRB1</i> ; <i>STAT1</i> ; <i>TLR1</i> ; <i>CR1</i> ; <i>FCGR1A</i> ; <i>BCL10</i> ; <i>TLR4</i> ; <i>HSPD1</i> ; <i>MAPK8</i> ; <i>BCL2</i> ; IL6 ; TNF ; <i>MYD88</i> ; IL10 ; <i>VDR</i> ; <i>AKT1</i> |
| Chemokine signaling pathway | hsa04062 | 3.89x10 ⁻¹⁹ | <i>MAPK1</i> ; NFKBIA ; <i>CCL17</i> ; <i>CCL2</i> ; <i>NFKB1</i> ; CCR7 ; CCL21 ; STAT3 ; CXCL13 ; CXCR5 ; CCR5 ; CXCR1 ; <i>PPBP</i> ; <i>CCR1</i> ; CCL11 ; <i>PRKCB</i> ; CXCL10 ; CXCL8 ; CXCR2 ; <i>CCR8</i> ; CCR4 ; <i>STAT1</i> ; <i>CXCL9</i> ; CXCR3 ; CXCL12 ; CXCR4 ; <i>AKT1</i> ; <i>CCL5</i> ; <i>CCL3</i> ; <i>CCL4</i> |
| Apoptosis | hsa04210 | 4.55x10 ⁻¹⁸ | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>MAPK1</i> ; <i>GZMB</i> ; NFKBIA ; <i>TNFRSF10A</i> ; NFKB1 ; <i>CTSC</i> ; <i>TNFSF10</i> ; <i>TP53</i> ; <i>ATM</i> ; <i>BAX</i> ; <i>FADD</i> ; <i>FOS</i> ; CYCS ; CASP3 ; <i>CFLAR</i> ; FAS ; <i>PARP1</i> ; FASLG ; <i>NGF</i> ; <i>BAK1</i> ; <i>MAPK8</i> ; <i>BCL2</i> ; TNF ; <i>DDIT3</i> ; <i>AKT1</i> |
| Herpes simplex infection | hsa05168 | 2.42x10 ⁻¹⁶ | <i>TNFRSF1A</i> ; NFKBIA ; <i>CCL2</i> ; NFKB1 ; IFNG ; <i>TLR2</i> ; IL1B ; <i>TP53</i> ; <i>IFNA1</i> ; <i>IL15</i> ; <i>TLR3</i> ; <i>FADD</i> ; <i>FOS</i> ; CYCS ; CASP3 ; FAS ; <i>HLA-DRB1</i> ; <i>STAT1</i> ; FASLG ; <i>HLA-C</i> ; <i>MAPK8</i> ; IL6 ; TNF ; <i>MYD88</i> ; <i>TNFSF14</i> ; <i>IRF3</i> ; <i>CCL5</i> |
| PI3K-Akt signaling pathway | hsa04151 | 1.80x10 ⁻¹² | <i>MAPK1</i> ; <i>HGF</i> ; NFKB1 ; IL2 ; IL4 ; <i>EPO</i> ; <i>TLR2</i> ; <i>THBS1</i> ; <i>FGF10</i> ; <i>EGF</i> ; <i>FGF7</i> ; <i>TP53</i> ; EGFR ; <i>IFNA1</i> ; <i>KIT</i> ; <i>NOS3</i> ; <i>PRL</i> ; FASLG ; IL6R ; <i>NGF</i> ; <i>TLR4</i> ; <i>IL2RA</i> ; <i>BCL2</i> ; <i>IL6</i> ; <i>PRKCA</i> ; <i>BDNF</i> ; CD19 ; <i>AKT1</i> ; <i>VEGFA</i> ; <i>CREB3L1</i> |
| MAPK signaling pathway | hsa04010 | 6.06x10 ⁻¹² | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>MAPK1</i> ; <i>TGFB1</i> ; <i>HGF</i> ; NFKB1 ; IL1B ; <i>FGF10</i> ; <i>EGF</i> ; <i>FGF7</i> ; <i>TP53</i> ; EGFR ; <i>KIT</i> ; <i>PRKCB</i> ; <i>FOS</i> ; CASP3 ; FAS ; FASLG ; <i>NGF</i> ; <i>MAPK8</i> ; TNF ; <i>MYD88</i> ; <i>PRKCA</i> ; <i>BDNF</i> ; <i>FLNB</i> ; <i>DDIT3</i> ; <i>AKT1</i> ; <i>VEGFA</i> |
| Human papillomavirus infection | hsa05165 | 1.45x10 ⁻¹⁰ | <i>TNFRSF1A</i> ; <i>MAPK1</i> ; <i>NFKB1</i> ; <i>IRF1</i> ; <i>THBS1</i> ; <i>EGF</i> ; RB1 ; <i>TP53</i> ; EGFR ; <i>IFNA1</i> ; <i>ATM</i> ; <i>BAX</i> ; <i>TLR3</i> ; <i>FADD</i> ; CASP3 ; E2F1 ; FAS ; <i>STAT1</i> ; FASLG ; <i>BAK1</i> ; <i>HLA-C</i> ; TNF ; <i>AKT1</i> ; <i>IRF3</i> ; <i>VEGFA</i> ; <i>CREB3L1</i> |

Footnote. Table showing FDR significant ($p < 1.0 \times 10^{-4}$) KEGG pathways with more than 25 genes via Cytoscape_{v3.8.1}:stringApp_{v1.6.0} STRING enrichment for xerostomia/dry mouth interaction network. Genes in bold are in the gene xerostomia/dry mouth gene set.