Table S5: Correlation of the expression level of significant shared genes and proteins as deter-mined by RT-qPCR and LC-MS/MS with basic semen parameters.

Gene RT-qPCR	Count (10^6/mL)		Motility (% motile)		Morphology (%)	
	r	*p*-value	r	*p*-value	r	*p*-value
ANXA5	0.42	<0.0001	0.34	<0.0001	0.25	0.0008
ATP1A4	0.20	0.0085	0.18	0.0169	0.18	0.0176
CCDC39	0.14	0.0821	0.13	0.0930	0.23	0.0028
CFAP157	0.25	0.0027	0.21	0.0129	0.17	0.0420
CFAP206	0.37	<0.0001	0.32	<0.0001	0.19	0.0111
CFAP251	0.20	0.0081	0.18	0.0146	0.18	0.0188
CFAP43	0.26	0.0005	0.26	0.0004	0.19	0.0121
CFAP44	0.16	0.0320	0.16	0.0310	0.19	0.0094
CFAP65	0.15	0.0894	0.22	0.0132	0.11	0.2150
CFAP69	0.30	<0.0001	0.24	0.0014	0.16	0.0347
DNAH1	0.44	<0.0001	0.35	<0.0001	0.19	0.0109
DNAI1	0.28	0.0002	0.26	0.0005	0.19	0.0112
DPCD	0.25	0.0026	0.16	0.0467	0.14	0.0893
DRC7	0.18	0.0152	0.23	0.0025	0.19	0.0097
ENKUR	0.39	<0.0001	0.29	0.0001	0.18	0.0156
FSIP2	0.21	0.0066	0.22	0.0031	0.20	0.0095
IQCG	0.27	0.0002	0.25	0.0007	0.22	0.0033
NME8	0.21	0.0117	0.15	0.0734	0.20	0.0169
ODAD3	0.36	0.0040	0.03	0.8184	0.11	0.4177
QRICH2	0.29	0.0001	0.26	0.0004	0.21	0.0040
ROPN1L	0.32	<0.0001	0.31	<0.0001	0.25	0.0008
SEPTIN12	0.41	<0.0001	0.38	<0.0001	0.25	0.0006
SLC26A8	0.31	<0.0001	0.31	<0.0001	0.22	0.0034
SMCP	0.17	0.0251	0.15	0.0400	0.11	0.1339
SPEF2	0.19	0.0093	0.15	0.0416	0.06	0.4339
TEKT2	0.22	0.0024	0.18	0.0174	0.10	0.1779
TEKT3	0.16	0.0272	0.14	0.0540	0.17	0.0237
TPPP2	0.39	<0.0001	0.38	<0.0001	0.17	0.0237
TXNDC2	0.27	0.0003	0.26	0.0005	0.19	0.0130

Protein LC-MS/MS	Count (10^6/mL)		Motility (% motile)		Morphology (%)	
	r	*p*-value	r	*p*-value	r	*p*-value
ANXA5	**-0.70**	**0.0082**	**-0.48**	**0.0941**	**-0.54**	**0.0548**
ATP1A4	0.71	0.0063	0.61	0.0269	0.53	0.0624
CCDC39	0.77	0.0019	0.53	0.0640	0.59	0.0336
CFAP157	0.80	0.0012	0.66	0.0142	0.66	0.0146
CFAP206	0.78	0.0017	0.61	0.0269	0.52	0.0664
CFAP251	0.92	<0.0001	0.66	0.0142	0.49	0.0892
CFAP43	0.79	0.0014	0.59	0.0325	0.66	0.0146
CFAP44	0.72	0.0054	0.62	0.0252	0.58	0.0362
CFAP65	0.89	<0.0001	0.65	0.0153	0.46	0.1170
CFAP69	0.47	0.1024	0.55	0.0518	0.57	0.0418
DNAH1	0.70	0.0082	0.62	0.0252	0.52	0.0706
DNAI1	0.72	0.0052	0.60	0.0287	0.54	0.0548
DPCD	0.68	0.0102	0.65	0.0153	0.34	0.2523
DRC7	0.68	0.0106	0.37	0.2159	0.56	0.0480
ENKUR	0.62	0.0249	0.43	0.1383	0.64	0.0175
FSIP2	0.78	0.0016	0.62	0.0252	0.54	0.0585
IQCG	0.72	0.0054	0.52	0.0673	0.74	0.0035
NME8	0.75	0.0031	0.61	0.0269	0.56	0.0448
ODAD3	0.74	0.0038	0.50	0.0819	0.60	0.0311
QRICH2	0.65	0.0163	0.63	0.0205	0.51	0.0750
ROPN1L	0.72	0.0054	0.74	0.0041	0.38	0.1971
SEPTIN12	0.80	0.0012	0.80	0.0010	0.35	0.2425
SLC26A8	0.79	0.0014	0.59	0.0325	0.63	0.0208
SMCP	0.60	0.0293	0.42	0.1497	0.64	0.0175
SPEF2	0.79	0.0014	0.66	0.0142	0.49	0.0892
TEKT2	0.76	0.0026	0.61	0.0269	0.54	0.0585
TEKT3	0.83	0.0005	0.76	0.0024	0.30	0.3274
TPPP2	0.82	0.0007	0.63	0.0220	0.44	0.1362
TXNDC2	0.64	0.0189	0.71	0.0067	0.50	0.0795

- Spearman correlation analysis was used.
- An Unpaired two-tailed t-test was used to calculate the *p*-value.
- $p < 0.05$ was considered statistically significant.