

Table S1. The results of logistic regression with gene mutations of which frequency is over 5 percent and age in the lower grade glioma. OR is odds ratio. 2.50% and 97.50% is boundary value of 95 percent confidence interval.

Gene	OR	2.50%	97.50%	<i>p-value</i>
<i>IDH1</i>	0.95	0.94	0.97	0
<i>TP53</i>	0.95	0.93	0.96	0
<i>ATRX</i>	0.95	0.93	0.96	0
<i>CIC</i>	1.01	1	1.03	0.103
<i>TTN</i>	1.03	1.01	1.05	0.01
<i>FUBP1</i>	1.03	1	1.05	0.017
<i>PIK3CA</i>	1.02	0.99	1.04	0.136
<i>NOTCH1</i>	1.02	1	1.05	0.099
<i>MUC16</i>	1	0.97	1.02	0.82
<i>EGFR</i>	1.1	1.07	1.13	0
<i>NF1</i>	1.03	1.01	1.06	0.019

Table S2. The results of logistic regression with gene mutations of which frequency is over 5 percent and age in the glioblastoma. OR is odds ratio. 2.50% and 97.50% is boundary value of 95 percent confidence interval.

Gene	OR	95% CI (Lower)	95% CI (Upper)	<i>p-value</i>
<i>TP53</i>	0.98	0.96	1.01	0.165
<i>PTEN</i>	1.02	0.99	1.05	0.14
<i>EGFR</i>	1	0.97	1.03	0.929
<i>TTN</i>	0.99	0.96	1.01	0.305
<i>MUC16</i>	0.98	0.95	1.02	0.368
<i>SPTA1</i>	1.01	0.98	1.06	0.472
<i>NF1</i>	1	0.96	1.04	0.855
<i>RYR2</i>	0.98	0.95	1.02	0.397
<i>OBSCN</i>	0.95	0.91	0.99	0.013
<i>PIK3CA</i>	0.99	0.95	1.03	0.633
<i>RB1</i>	0.99	0.95	1.03	0.509
<i>FLG</i>	0.98	0.94	1.02	0.253
<i>AHNAK2</i>	0.98	0.94	1.02	0.262
<i>PIK3R1</i>	0.99	0.95	1.03	0.558
<i>PCLO</i>	0.98	0.94	1.02	0.288
<i>MUC17</i>	1	0.96	1.05	0.907
<i>HYDIN</i>	0.98	0.94	1.03	0.458
<i>KEL</i>	1.01	0.97	1.07	0.635
<i>ATRX</i>	0.88	0.82	0.93	0
<i>DNAH17</i>	0.97	0.93	1.02	0.277
<i>DNAH5</i>	0.99	0.95	1.04	0.788
<i>PKHD1</i>	1.01	0.96	1.07	0.649
<i>DOCK5</i>	0.97	0.93	1.02	0.258
<i>COL6A3</i>	1.01	0.96	1.07	0.625
<i>SYNE1</i>	1	0.95	1.06	0.987
<i>GPR98</i>	0.95	0.91	1	0.051
<i>APOB</i>	0.99	0.94	1.04	0.648
<i>CALN1</i>	0.99	0.94	1.05	0.745
<i>SEMA3C</i>	1.01	0.96	1.07	0.589
<i>VWF</i>	0.97	0.92	1.02	0.259
<i>COL1A2</i>	0.97	0.92	1.02	0.17
<i>GRM3</i>	0.97	0.92	1.02	0.27
<i>USH2A</i>	0.96	0.92	1.02	0.154
<i>MROH2B</i>	1	0.95	1.06	0.956
<i>SLIT3</i>	0.97	0.92	1.02	0.179
<i>TCHH</i>	0.98	0.93	1.03	0.348

<i>ARHGEF5</i>	0.95	0.91	1	0.07
<i>RYR3</i>	0.97	0.93	1.03	0.321

Table S4 Multiple logistic regression analysis between age and age-dependent somatic mutations with adjusted gender and KPS

subtype	Gene	Disturbance variable	OR	95% CI (Lower)	95% CI(Upper)	p-value
LGG	IDH1	karnofsky performance score	0.953	0.945	0.961	1.33E-09
		gender	0.992	0.990	0.993	1.34E-09
	ATRX	karnofsky performance score	0.949	0.941	0.957	4.25E-12
		gender	0.949	0.942	0.957	4.02E-12
	TP53	karnofsky performance score	0.947	0.940	0.955	4.15E-14
		gender	0.948	0.941	0.955	5.44E-14
	EGFR	karnofsky performance score	1.099	1.082	1.116	2.36E-12
		gender	1.099	1.082	1.116	2.38E-12
GBM	ATRX	karnofsky performance score	0.876	0.847	0.906	1.58E-07
		gender	0.879	0.851	0.908	6.18E-08

OR; Odds ratio, CI; Confidence interval

Table S5. The log-rank *p-value* in Grade and IDH1 mutation. Grade compares groups of IDH1 mutation and IDH1 wild-type in each grade. Mutation compares groups of grades in IDH1 mutation and IDH1 wild-type

	Grade			Mutation	
	G2	G3	G4	<i>IDH1</i> wild-type	<i>IDH1</i> mutation
Log-rank <i>p-value</i>	0.0023443	9.50E-12	0.015408	3.30E-13	1.95E-08

Table S6. The results of multi-label feature selection information gain of IDH1 and grade

Gene	Clusters	
<i>ACAA2</i>	1	
<i>ADAM12</i>	1	
<i>ALG3</i>	1	
<i>ANKRD53</i>	1	
<i>ANXA1</i>	1	
<i>ANXA2</i>	1	
<i>ANXA2P1</i>	1	
<i>ANXA2P2</i>	1	
<i>ANXA5</i>	1	
<i>AQP5</i>	1	
<i>ARAP3</i>	1	
<i>ARL9</i>	1	
<i>ARSD</i>	1	
<i>ASF1B</i>	1	
<i>ATP5EP2</i>	1	
<i>ATP6V1C2</i>	1	
<i>AURKA</i>	1	
<i>B3GNT5</i>	1	
<i>B3GNT7</i>	1	
<i>BCL2L12</i>	1	
<i>BGN</i>	1	
<i>BOLA3</i>	1	
<i>BUB1</i>	1	
<i>BZW1</i>	1	
<i>C11orf63</i>	1	
<i>C12orf48</i>	1	
<i>C1orf85</i>	1	
<i>C2orf28</i>	1	
<i>C5orf35</i>	1	
<i>C5orf62</i>	1	
<i>C6orf115</i>	1	
<i>C9orf64</i>	1	
<i>CA3</i>	1	
<i>CALU</i>	1	
<i>CAPZA1</i>	1	
<i>CASP3</i>	1	
<i>CASP4</i>	1	
<i>CASP6</i>	1	

<i>CCDC109B</i>	1
<i>CCDC8</i>	1
<i>CCNA2</i>	1
<i>CCNB1</i>	1
<i>CCNB2</i>	1
<i>CCNYL1</i>	1
<i>CD101</i>	1
<i>CD151</i>	1
<i>CD248</i>	1
<i>CD276</i>	1
<i>CD58</i>	1
<i>CD63</i>	1
<i>CD97</i>	1
<i>CDC20</i>	1
<i>CDCA8</i>	1
<i>CDK2</i>	1
<i>CDKN3</i>	1
<i>CENPA</i>	1
<i>CENPK</i>	1
<i>CENPL</i>	1
<i>CEP55</i>	1
<i>CHI3L1</i>	1
<i>CKLF</i>	1
<i>CKS1B</i>	1
<i>CKS2</i>	1
<i>CLIC1</i>	1
<i>CNIH4</i>	1
<i>COL4A1</i>	1
<i>COL5A2</i>	1
<i>DAP</i>	1
<i>DCTD</i>	1
<i>DDB2</i>	1
<i>DDOST</i>	1
<i>DEDD2</i>	1
<i>DEPDC1</i>	1
<i>DMRTA2</i>	1
<i>DPYD</i>	1
<i>E2F7</i>	1
<i>ECT2</i>	1
<i>EDARADD</i>	1
<i>EDEM2</i>	1



<i>EFEMP2</i>	1
<i>EMP3</i>	1
<i>EPR1</i>	1
<i>EVC2</i>	1
<i>F11R</i>	1
<i>FAM109B</i>	1
<i>FAM176B</i>	1
<i>FBXO17</i>	1
<i>FBXO39</i>	1
<i>FKBP9</i>	1
<i>FMOD</i>	1
<i>FSTL1</i>	1
<i>FUCA2</i>	1
<i>G0S2</i>	1
<i>GDF15</i>	1
<i>GGH</i>	1
<i>GJC1</i>	1
<i>GLA</i>	1
<i>GLB1</i>	1
<i>GNG12</i>	1
<i>GPN1</i>	1
<i>GPR1</i>	1
<i>GPX7</i>	1
<i>GPX8</i>	1
<i>GSTK1</i>	1
<i>GUSB</i>	1
<i>HAUS1</i>	1
<i>HDAC3</i>	1
<i>HDHD3</i>	1
<i>HEBP2</i>	1
<i>HEXB</i>	1
<i>HFE</i>	1
<i>HIST1H2BH</i>	1
<i>HJURP</i>	1
<i>HOTAIR</i>	1
<i>HOXA1</i>	1
<i>HOXA2</i>	1
<i>HOXA3</i>	1
<i>HOXA5</i>	1
<i>HOXB3</i>	1
<i>HOXC10</i>	1



<i>IFNGR2</i>	1
<i>IGF2BP3</i>	1
<i>IGFBP2</i>	1
<i>IKBIP</i>	1
<i>ITGA5</i>	1
<i>KDELC2</i>	1
<i>KDELR1</i>	1
<i>KDELR2</i>	1
<i>KDELR3</i>	1
<i>KIAA0101</i>	1
<i>KIAA0495</i>	1
<i>KIF20A</i>	1
<i>KIF23</i>	1
<i>KIF4A</i>	1
<i>KPNA2</i>	1
<i>LAMC1</i>	1
<i>LATS2</i>	1
<i>LDHA</i>	1
<i>LEPRE1</i>	1
<i>LGALS1</i>	1
<i>LGALS3</i>	1
<i>LOC100130776</i>	1
<i>LOC284276</i>	1
<i>LOC407835</i>	1
<i>LOC493754</i>	1
<i>LOC541471</i>	1
<i>LOC647946</i>	1
<i>LOX</i>	1
<i>LOXL1</i>	1
<i>LSP1</i>	1
<i>LYPLA1</i>	1
<i>MAP1LC3C</i>	1
<i>MARVELD1</i>	1
<i>MDK</i>	1
<i>MED8</i>	1
<i>MELK</i>	1
<i>MEOX2</i>	1
<i>METTL7B</i>	1
<i>MIR155HG</i>	1
<i>MLX</i>	1
<i>MMP11</i>	1

<i>MSN</i>	1	
<i>MYD88</i>	1	
<i>MYL12A</i>	1	
<i>NANP</i>	1	
<i>NCRNA00152</i>	1	
<i>NNMT</i>	1	
<i>NOX4</i>	1	
<i>NSUN7</i>	1	
<i>NTAN1</i>	1	
<i>NUP37</i>	1	
<i>OCIAD2</i>	1	
<i>OSTC</i>	1	
<i>OTP</i>	1	
<i>PA2G4P4</i>	1	
<i>PCNA</i>	1	
<i>PCOLCE</i>	1	
<i>PDIA3P</i>	1	
<i>PDIA4</i>	1	
<i>PDIA6</i>	1	
<i>PDLIM1</i>	1	
<i>PDLIM4</i>	1	
<i>PDPN</i>	1	
<i>PGCP</i>	1	
<i>PION</i>	1	
<i>PLA2G2A</i>	1	
<i>PLAT</i>	1	
<i>PLAUR</i>	1	
<i>PLEK2</i>	1	
<i>PLP2</i>	1	
<i>PMM2</i>	1	
<i>PMS2L2</i>	1	
<i>POC1A</i>	1	
<i>POLR1D</i>	1	
<i>POSTN</i>	1	
<i>PPCS</i>	1	
<i>PPIA</i>	1	
<i>PPIC</i>	1	
<i>PPIL5</i>	1	
<i>PPPDE1</i>	1	
<i>PRDX4</i>	1	
<i>PRICKLE3</i>	1	

<i>PRPS2</i>	1
<i>PSMC2</i>	1
<i>PSRC1</i>	1
<i>PTGFRN</i>	1
<i>PTTG1</i>	1
<i>PTX3</i>	1
<i>PVT1</i>	1
<i>PYGL</i>	1
<i>RAB32</i>	1
<i>RAB34</i>	1
<i>RAB36</i>	1
<i>RAB42</i>	1
<i>RABL5</i>	1
<i>RAD54B</i>	1
<i>RAET1K</i>	1
<i>RAP1B</i>	1
<i>RARRES2</i>	1
<i>RARS</i>	1
<i>RBP1</i>	1
<i>RFC2</i>	1
<i>RINL</i>	1
<i>RPA3</i>	1
<i>RPS2P32</i>	1
<i>RRM2</i>	1
<i>S100A4</i>	1
<i>SAA1</i>	1
<i>SDF4</i>	1
<i>SEC24D</i>	1
<i>SEC61G</i>	1
<i>SERPINH1</i>	1
<i>SH2D4A</i>	1
<i>SHOX2</i>	1
<i>SHQ1</i>	1
<i>SKA1</i>	1
<i>SLC25A24</i>	1
<i>SLC27A3</i>	1
<i>SLC2A10</i>	1
<i>SLC35A2</i>	1
<i>SLC43A3</i>	1
<i>SMC4</i>	1
<i>SPAG4</i>	1

<i>SPON2</i>	1
<i>SPRY1</i>	1
<i>STAC</i>	1
<i>STEAP3</i>	1
<i>SUMO1P3</i>	1
<i>TAGLN2</i>	1
<i>TBL2</i>	1
<i>TCEA3</i>	1
<i>TEAD3</i>	1
<i>TGIF1</i>	1
<i>TICAM2</i>	1
<i>TIMP1</i>	1
<i>TMBIM1</i>	1
<i>TMEM106C</i>	1
<i>TMEM159</i>	1
<i>TMEM165</i>	1
<i>TMEM214</i>	1
<i>TMEM60</i>	1
<i>TMEM71</i>	1
<i>TMSB10</i>	1
<i>TMSL3</i>	1
<i>TNFAIP6</i>	1
<i>TNFRSF11B</i>	1
<i>TNFRSF12A</i>	1
<i>TOM1L1</i>	1
<i>TPM4</i>	1
<i>TTC26</i>	1
<i>TTYH3</i>	1
<i>TUBA1C</i>	1
<i>TXNDC5</i>	1
<i>TYMS</i>	1
<i>UBE2A</i>	1
<i>UBE2MP1</i>	1
<i>ULBP3</i>	1
<i>VASN</i>	1
<i>VAV3</i>	1
<i>WEE1</i>	1
<i>XKR8</i>	1
<i>YIPF1</i>	1
<i>ZCCHC9</i>	1
<i>ZNF90</i>	1

<i>AARS</i>	2
<i>ABI1</i>	2
<i>ABLIM1</i>	2
<i>ACBD5</i>	2
<i>ACVR2B</i>	2
<i>AKAP6</i>	2
<i>ALCAM</i>	2
<i>ALDH2</i>	2
<i>ALDH5A1</i>	2
<i>ANKRD16</i>	2
<i>ANKRD26</i>	2
<i>ARPP21</i>	2
<i>ASB13</i>	2
<i>ATP6V1G2</i>	2
<i>ATP9A</i>	2
<i>BEND7</i>	2
<i>BMP2</i>	2
<i>BRD7</i>	2
<i>C10orf4</i>	2
<i>C5orf53</i>	2
<i>CBARA1</i>	2
<i>CDC26</i>	2
<i>CDH20</i>	2
<i>CDHR1</i>	2
<i>CPEB3</i>	2
<i>CRTAC1</i>	2
<i>CSDC2</i>	2
<i>CSMD3</i>	2
<i>CYTH1</i>	2
<i>DDX42</i>	2
<i>DGCR2</i>	2
<i>DHTKD1</i>	2
<i>DIP2C</i>	2
<i>DNAJB12</i>	2
<i>DNAJC12</i>	2
<i>DNM3</i>	2
<i>DSCAML1</i>	2
<i>DST</i>	2
<i>DUSP26</i>	2
<i>DYNC1H1</i>	2
<i>EEF1A1P9</i>	2

<i>FAM133A</i>	2
<i>FAM171A1</i>	2
<i>FAM190B</i>	2
<i>FAM192A</i>	2
<i>FAM21C</i>	2
<i>FAM71D</i>	2
<i>FBXO18</i>	2
<i>FCHSD2</i>	2
<i>FLRT1</i>	2
<i>FOXO3B</i>	2
<i>FOXO4</i>	2
<i>FRY</i>	2
<i>FTHL3</i>	2
<i>GALNT13</i>	2
<i>GCSH</i>	2
<i>GLUD1</i>	2
<i>GUSBL1</i>	2
<i>H2AFY2</i>	2
<i>H3F3C</i>	2
<i>HDAC4</i>	2
<i>HDAC5</i>	2
<i>HERC1</i>	2
<i>HIPK2</i>	2
<i>HMX1</i>	2
<i>HNRNPA3P1</i>	2
<i>HNRNPH3</i>	2
<i>HNRNPUL2</i>	2
<i>JMY</i>	2
<i>JPH3</i>	2
<i>JPH4</i>	2
<i>KCNB1</i>	2
<i>KCNIP3</i>	2
<i>KIAA0427</i>	2
<i>KIAA0430</i>	2
<i>KIAA1279</i>	2
<i>LARP4B</i>	2
<i>LOC254559</i>	2
<i>LOC339674</i>	2
<i>LOC341056</i>	2
<i>LOC399744</i>	2
<i>LOC442454</i>	2

<i>LOC643387</i>	2
<i>LOC644936</i>	2
<i>LOC728643</i>	2
<i>LRIT2</i>	2
<i>LRRC37A4</i>	2
<i>MAPT</i>	2
<i>MCF2L2</i>	2
<i>MGEA5</i>	2
<i>MIPOL1</i>	2
<i>MLL</i>	2
<i>MLLT6</i>	2
<i>MTPAP</i>	2
<i>MXI1</i>	2
<i>MYO18A</i>	2
<i>MYST4</i>	2
<i>NACA2</i>	2
<i>NACAP1</i>	2
<i>NALCN</i>	2
<i>NAP1L3</i>	2
<i>NCAM1</i>	2
<i>NCRNA00093</i>	2
<i>NET1</i>	2
<i>NLGN2</i>	2
<i>NOG</i>	2
<i>NRG3</i>	2
<i>NSUN6</i>	2
<i>NTNG2</i>	2
<i>NUMA1</i>	2
<i>OPHN1</i>	2
<i>PABPC5</i>	2
<i>PCDH15</i>	2
<i>PDCD4</i>	2
<i>PHLPP1</i>	2
<i>PHYHIPL</i>	2
<i>PIP4K2B</i>	2
<i>PLCB1</i>	2
<i>PPIAL4C</i>	2
<i>PRLHR</i>	2
<i>RABGAP1</i>	2
<i>RANBP17</i>	2
<i>RASL10A</i>	2

<i>RBM17</i>	2
<i>REPS2</i>	2
<i>RICTOR</i>	2
<i>RPL12</i>	2
<i>RPL13AP3</i>	2
<i>RPL17</i>	2
<i>RPL23P8</i>	2
<i>RPL7</i>	2
<i>RPS27A</i>	2
<i>SCAPER</i>	2
<i>SH3GL2</i>	2
<i>SIRT1</i>	2
<i>SLC25A21</i>	2
<i>SLC6A10P</i>	2
<i>SMC3</i>	2
<i>SMOC1</i>	2
<i>SOX8</i>	2
<i>SPIRE1</i>	2
<i>SPTAN1</i>	2
<i>SSTR1</i>	2
<i>SUFU</i>	2
<i>SYT15</i>	2
<i>TAPT1</i>	2
<i>TARSL2</i>	2
<i>TCEAL2</i>	2
<i>TEF</i>	2
<i>TMOD2</i>	2
<i>TNK2</i>	2
<i>TNRC6C</i>	2
<i>TOM1L2</i>	2
<i>TOP1P2</i>	2
<i>TRIM8</i>	2
<i>TTC3</i>	2
<i>TUB</i>	2
<i>UPF2</i>	2
<i>USP34</i>	2
<i>WAC</i>	2
<i>WBP11P1</i>	2
<i>WDR37</i>	2
<i>X..10357</i>	2
<i>X..653553</i>	2

<i>ZCCHC24</i>	2	
<i>ZDHHC22</i>	2	
<i>ZMYND11</i>	2	
<i>ZNF248</i>	2	
<i>ZNF25</i>	2	
<i>ZNF33A</i>	2	
<i>ZNF638</i>	2	
<i>ZRANB1</i>	2	

Table S7. The proportion of patients divided by mutation status. The mutation status information is suggested as *IDH1-TP53-ATRX-EGFR*. WT is wild-type. MT is mutation.

WT-WT-WT-WT	MT-WT-WT-WT	MT-MT-WT-WT	MT-MT-MT-WT	WT-WT-WT-MT
64	154	58	171	29
0.13	0.32	0.12	0.36	0.06

Table S8. The log-rank p-value in each four age-related mutation. OS is overall survival. PFI is progression free interval

	<i>IDH1</i>	<i>TP53</i>	<i>ATRX</i>	<i>EGFR</i>
OS	2.82E-18	0.05141	0.066567	2.12E-14
PFI	1.10E-17	0.5545189	0.5479266	1.63E-19

Table S9. The results of multi-label feature selection information gain of *ATRX*, *TP53*, and grade

Gene	Clusters	
<i>AKIRIN1</i>	1	
<i>ARHGEF10L</i>	1	
<i>ASAP3</i>	1	
<i>BSDC1</i>	1	
<i>BTF3L4</i>	1	
<i>C19orf2</i>	1	
<i>C1orf109</i>	1	
<i>C1orf144</i>	1	
<i>C1orf174</i>	1	
<i>C2orf67</i>	1	
<i>CAPZB</i>	1	
<i>CCDC123</i>	1	
<i>CCDC146</i>	1	

<i>CDC42</i>	1
<i>CMPK1</i>	1
<i>CNN3</i>	1
<i>CSDE1</i>	1
<i>CYB561D1</i>	1
<i>DDOST</i>	1
<i>DDX20</i>	1
<i>DNAJC8</i>	1
<i>DNALI1</i>	1
<i>DOCK7</i>	1
<i>DR1</i>	1
<i>EIF3I</i>	1
<i>EVI5</i>	1
<i>EXOSC10</i>	1
<i>FAM54B</i>	1
<i>FBXO42</i>	1
<i>FOXJ3</i>	1
<i>GDAP2</i>	1
<i>GNAI3</i>	1
<i>GNL2</i>	1
<i>GPATCH1</i>	1
<i>GPBP1L1</i>	1
<i>GTF2B</i>	1
<i>H6PD</i>	1
<i>HDAC1</i>	1
<i>HP1BP3</i>	1
<i>HS3ST1</i>	1
<i>INPP5B</i>	1
<i>KDM1A</i>	1
<i>KDM4A</i>	1
<i>KIAA0467</i>	1
<i>KIAA2013</i>	1
<i>KPNA6</i>	1
<i>LEFTY2</i>	1
<i>LOC148189</i>	1
<i>LRRC41</i>	1
<i>LRRC42</i>	1
<i>LSM14A</i>	1
<i>MFN2</i>	1
<i>MIER1</i>	1
<i>MIIP</i>	1

<i>MTF2</i>	1
<i>NADK</i>	1
<i>NFIA</i>	1
<i>NFYC</i>	1
<i>NRAS</i>	1
<i>NRD1</i>	1
<i>NSUN4</i>	1
<i>OR4N2</i>	1
<i>PABPC4</i>	1
<i>PARS2</i>	1
<i>PGD</i>	1
<i>PHACTR4</i>	1
<i>PHC2</i>	1
<i>PHF13</i>	1
<i>PKN2</i>	1
<i>PNRC2</i>	1
<i>PPP1R8</i>	1
<i>PRPF38A</i>	1
<i>psiTPTE22</i>	1
<i>PSMA5</i>	1
<i>PSMB2</i>	1
<i>RBBP4</i>	1
<i>RLF</i>	1
<i>RPAP2</i>	1
<i>RPF1</i>	1
<i>S100PBP</i>	1
<i>SCP2</i>	1
<i>SERBP1</i>	1
<i>SF3A3</i>	1
<i>SFRS4</i>	1
<i>SNIP1</i>	1
<i>SNRNP40</i>	1
<i>SNX7</i>	1
<i>SRRM1</i>	1
<i>ST7L</i>	1
<i>STX12</i>	1
<i>TCEB3</i>	1
<i>THRAP3</i>	1
<i>TMEM167B</i>	1
<i>TMEM69</i>	1
<i>TRNAU1AP</i>	1



<i>TTC4</i>	1	
<i>TXLNA</i>	1	
<i>TXNDC12</i>	1	
<i>UBA2</i>	1	
<i>UBIAD1</i>	1	
<i>UROD</i>	1	
<i>USP48</i>	1	
<i>UTP11L</i>	1	
<i>VCAM1</i>	1	
<i>WASF2</i>	1	
<i>WDR77</i>	1	
<i>WDR78</i>	1	
<i>X15.Sep</i>	1	
<i>YTHDF2</i>	1	
<i>ZNF362</i>	1	
<i>ZZZ3</i>	1	
<i>C1orf230</i>	2	
<i>C6orf138</i>	2	
<i>CHGB</i>	2	
<i>DRAM1</i>	2	
<i>DRG2</i>	2	
<i>EDA2R</i>	2	
<i>GRPEL2</i>	2	
<i>TERT</i>	2	
<i>TRIM67</i>	2	

Table S10. The results of multi-label feature selection information gain of *EGFR* and grade

Gene	Clusters	
<i>ABLIM1</i>	1	
<i>C10orf4</i>	1	
<i>C5orf53</i>	1	
<i>CDC26</i>	1	
<i>CPEB3</i>	1	
<i>DYNC1H1</i>	1	
<i>EEF1A1P9</i>	1	
<i>FAM171A1</i>	1	
<i>FAM190B</i>	1	
<i>FAM71D</i>	1	
<i>FRY</i>	1	
<i>FTHL3</i>	1	

<i>GCSH</i>	1
<i>GUSBL1</i>	1
<i>H3F3C</i>	1
<i>HERC1</i>	1
<i>HNRNPA3P1</i>	1
<i>HNRNPUL2</i>	1
<i>KIAA0427</i>	1
<i>KIAA0430</i>	1
<i>KIAA1279</i>	1
<i>LARP4B</i>	1
<i>LOC341056</i>	1
<i>LOC442454</i>	1
<i>LOC643387</i>	1
<i>LOC644936</i>	1
<i>LOC728643</i>	1
<i>LRRC37A4</i>	1
<i>MLLT6</i>	1
<i>MYO18A</i>	1
<i>NACA2</i>	1
<i>NACAP1</i>	1
<i>NALCN</i>	1
<i>NUMA1</i>	1
<i>PPIAL4C</i>	1
<i>RICTOR</i>	1
<i>RPL13AP3</i>	1
<i>RPL17</i>	1
<i>RPL23P8</i>	1
<i>SCAPER</i>	1
<i>SLC6A10P</i>	1
<i>SPTAN1</i>	1
<i>TARSL2</i>	1
<i>TEF</i>	1
<i>TMOD2</i>	1
<i>TNRC6C</i>	1
<i>TOM1L2</i>	1
<i>TOP1P2</i>	1
<i>TTC3</i>	1
<i>UPF2</i>	1
<i>WBP11P1</i>	1
<i>X..10357</i>	1
<i>X..653553</i>	1

<i>ZMYND11</i>	1
<i>ZNF33A</i>	1
<i>ZNF638</i>	1
<i>ZRANB1</i>	1
<i>ADAM12</i>	2
<i>ALG3</i>	2
<i>ANXA2P1</i>	2
<i>ARAP3</i>	2
<i>ASF1B</i>	2
<i>ATP5EP2</i>	2
<i>ATP6V1C2</i>	2
<i>AURKA</i>	2
<i>C12orf48</i>	2
<i>C2orf28</i>	2
<i>CALU</i>	2
<i>CAPZA1</i>	2
<i>CASP4</i>	2
<i>CCDC109B</i>	2
<i>CCNB1</i>	2
<i>CCNB2</i>	2
<i>CCNYL1</i>	2
<i>CD58</i>	2
<i>CDCA8</i>	2
<i>CDK2</i>	2
<i>CDKN3</i>	2
<i>CENPA</i>	2
<i>CENPK</i>	2
<i>CENPL</i>	2
<i>CEP55</i>	2
<i>CHI3L1</i>	2
<i>CKLF</i>	2
<i>CLIC1</i>	2
<i>CNIH4</i>	2
<i>COL5A2</i>	2
<i>DDOST</i>	2
<i>DEPDC1</i>	2
<i>EDARADD</i>	2
<i>EDEM2</i>	2
<i>EMP3</i>	2
<i>FKBP9</i>	2
<i>FSTL1</i>	2



<i>GGH</i>	2
<i>GLA</i>	2
<i>GLB1</i>	2
<i>GPN1</i>	2
<i>GPX7</i>	2
<i>GPX8</i>	2
<i>GUSB</i>	2
<i>IFNGR2</i>	2
<i>IGFBP2</i>	2
<i>IKBIP</i>	2
<i>KDEL2</i>	2
<i>KPNA2</i>	2
<i>LDHA</i>	2
<i>LOC100130776</i>	2
<i>LOC407835</i>	2
<i>LOC541471</i>	2
<i>LOX</i>	2
<i>LYPLA1</i>	2
<i>MED8</i>	2
<i>MLX</i>	2
<i>NCRNA00152</i>	2
<i>NNMT</i>	2
<i>NOX4</i>	2
<i>NUP37</i>	2
<i>OSTC</i>	2
<i>PA2G4P4</i>	2
<i>PCNA</i>	2
<i>PDPN</i>	2
<i>PLA2G2A</i>	2
<i>PLEK2</i>	2
<i>PMS2L2</i>	2
<i>PPIA</i>	2
<i>PPIL5</i>	2
<i>PRDX4</i>	2
<i>PSMC2</i>	2
<i>PTTG1</i>	2
<i>RAB32</i>	2
<i>RAB42</i>	2
<i>RAP1B</i>	2
<i>RPA3</i>	2
<i>SEC61G</i>	2

<i>SERPINH1</i>	2	
<i>SHOX2</i>	2	
<i>SHQ1</i>	2	
<i>SLC43A3</i>	2	
<i>SMC4</i>	2	
<i>SUMO1P3</i>	2	
<i>TAGLN2</i>	2	
<i>TBL2</i>	2	
<i>TGIF1</i>	2	
<i>TIMP1</i>	2	
<i>TMEM106C</i>	2	
<i>TMSL3</i>	2	
<i>TNFAIP6</i>	2	
<i>TPM4</i>	2	
<i>TUBA1C</i>	2	
<i>UBE2A</i>	2	
<i>UBE2MP1</i>	2	
<i>WEE1</i>	2	
<i>ZCCHC9</i>	2	
<i>ZNF90</i>	2	
