

**Table S4. Comparison of microarray and RT-QPCR expression results for select genes.**

Color-highlighted cells indicate statistically significant from the control. Green represents down-regulated whereas red up-regulated genes relative to control samples. The BAGEL inferred microarray results are presented as mean values along with 97.5% upper and lower confidence boundaries. The mean value and its standard error (SE) are presented for the RT-QPCR data.

Putative gene name	Primer set #*	Microarray			RT-QPCR						
		Control	2 ppm	10.6 ppm	38.7 ppm	Control	2 ppm	10.6 ppm	38.7 ppm		
cytochrome oxidase subunit II	1	Mean	1.00	0.99	0.90	1.07	Mean	1.00	1.15	0.97	1.09
		(-) 97.5%	0.08	0.08	0.08	0.08	SE	0.03	0.08	0.03	0.04
		(+) 97.5%	0.08	0.09	0.08	0.09					
NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta	2	Mean	1.00	1.05	1.11	1.21	Mean	1.00	1.11	0.91	0.99
		(-) 97.5%	0.09	0.09	0.10	0.10	SE	0.13	0.16	0.03	0.05
		(+) 97.5%	0.09	0.10	0.10	0.11					
centrin 1	3	Mean	1.00	0.89	1.15	1.41	Mean	1.00	0.93	1.35	1.58
		(-) 97.5%	0.11	0.10	0.13	0.14	SE	0.09	0.10	0.16	0.13
		(+) 97.5%	0.12	0.11	0.14	0.15					
centrin 2	4	Mean	1.00	0.68	0.81	1.14	Mean	1.00	0.93	0.88	0.77
		(-) 97.5%	0.16	0.11	0.14	0.17	SE	0.10	0.11	0.14	0.04
		(+) 97.5%	0.18	0.13	0.17	0.18					
lumbrokinase	5	Mean	1.00	0.82	1.29	1.67	Mean	1.00	0.97	1.44	1.39
		(-) 97.5%	0.20	0.19	0.29	0.31	SE	0.18	0.17	0.46	0.18
		(+) 97.5%	0.23	0.23	0.33	0.33					
	6	Mean	1.00	0.89	1.22	1.67	Mean	1.00	0.96	1.15	1.08
		(-) 97.5%	0.20	0.20	0.27	0.30	SE	0.12	0.24	0.28	0.05
		(+) 97.5%	0.22	0.25	0.31	0.31					
metallothionein	7	Mean	1.00	1.00	1.02	1.15	Mean	1.00	0.96	0.74	1.51
		(-) 97.5%	0.15	0.16	0.15	0.18	SE	0.14	0.13	0.19	0.06
		(+) 97.5%	0.17	0.17	0.17	0.20					
myohemerytherin	8	Mean	1.00	1.15	1.35	1.61	Mean	1.00	1.17	1.35	1.25
		(-) 97.5%	0.17	0.21	0.23	0.26	SE	0.06	0.26	0.14	0.06
		(+) 97.5%	0.19	0.24	0.26	0.28					
ADP ribosylation factor	9	Mean	1.00	1.15	0.96	0.95	Mean	1.00	0.95	0.99	1.10
		(-) 97.5%	0.09	0.10	0.09	0.09	SE	0.04	0.04	0.11	0.06

		(+)	97.5%	0.10	0.11	0.10	0.09					
serine-type endopeptidase inhibitor	10	Mean	1.00	1.62	0.91	1.15	Mean	1.00	1.55	0.99	1.05	
		(-)	97.5%	0.16	0.24	0.15	0.18	SE	0.16	0.32	0.02	0.09
		(+)	97.5%	0.18	0.25	0.17	0.20					
macrophage mannose receptor	11	Mean	1.00	1.57	0.97	0.79	Mean	1.00	1.34	0.94	0.64	
		(-)	97.5%	0.16	0.24	0.16	0.13	SE	0.10	0.29	0.07	0.05
		(+)	97.5%	0.19	0.25	0.18	0.16					
chitinase	12	Mean	1.00	0.92	0.66	0.43	Mean	1.00	1.28	0.76	0.63	
		(-)	97.5%	0.24	0.26	0.16	0.13	SE	0.14	0.45	0.17	0.18
		(+)	97.5%	0.26	0.30	0.20	0.18					
	13	Mean	1.00	1.11	0.64	0.48	Mean	1.00	1.35	0.91	0.88	
		(-)	97.5%	0.25	0.33	0.16	0.15	SE	0.12	0.49	0.21	0.28
		(+)	97.5%	0.29	0.35	0.21	0.20					
	14	Mean	1.00	1.02	0.57	0.43	Mean	1.00	1.49	0.80	0.67	
		(-)	97.5%	0.25	0.29	0.15	0.14	SE	0.12	0.63	0.18	0.20
		(+)	97.5%	0.28	0.32	0.19	0.19					
	15	Mean	1.00	1.06	0.65	0.46	Mean	1.00	1.19	0.66	0.56	
		(-)	97.5%	0.24	0.29	0.15	0.13	SE	0.11	0.46	0.13	0.14
		(+)	97.5%	0.27	0.32	0.20	0.18					
	16	Mean	1.00	1.11	0.68	0.43	Mean	1.00	1.62	0.81	0.58	
		(-)	97.5%	0.25	0.30	0.17	0.13	SE	0.11	0.41	0.16	0.13
		(+)	97.5%	0.27	0.32	0.21	0.18					
	17	Mean	1.00	1.10	0.64	0.49	Mean	1.00	1.51	0.81	0.52	
		(-)	97.5%	0.25	0.29	0.16	0.14	SE	0.12	0.58	0.19	0.15
		(+)	97.5%	0.28	0.31	0.20	0.20					
	18	Mean	1.00	0.89	0.57	0.46	Mean	1.00	1.27	0.71	0.71	
		(-)	97.5%	0.23	0.25	0.14	0.13	SE	0.13	0.51	0.17	0.22
		(+)	97.5%	0.25	0.28	0.18	0.18					
ferritin	19	Mean	1.00	1.19	0.64	0.51	Mean	1.00	1.36	0.60	0.63	
		(-)	97.5%	0.23	0.31	0.15	0.15	SE	0.17	0.45	0.14	0.22
		(+)	97.5%	0.27	0.32	0.19	0.20					
	20	Mean	1.00	1.01	0.53	0.42	Mean	1.00	1.44	0.69	0.43	
		(-)	97.5%	0.24	0.27	0.13	0.13	SE	0.10	0.56	0.13	0.13

		(+)	97.5%	0.27	0.30	0.17	0.18			
21	Mean	1.00		1.13	0.69	0.43	Mean	1.00	1.61	0.64
	(-)	0.24		0.28	0.16	0.13	SE	0.14	0.60	0.12
	(+)	0.27		0.31	0.18	0.19				0.11
dopamine beta-monooxygenase	22	Mean	1.00	0.89	0.61	0.53	Mean	1.00	1.39	0.78
	(-)	0.23		0.25	0.15	0.15	SE	0.12	0.56	0.18
	(+)	0.25		0.29	0.19	0.19				0.28
18S rRNA	23	Mean	1.00	1.00	0.94	0.96	Mean	1.00	0.62	1.10
	(-)	0.10		0.10	0.09	0.09	SE	0.08	0.05	0.08
	(+)	0.10		0.10	0.10	0.10				0.03
Fatty acid binding protein 11	24	Mean	1.00	0.60	1.01	1.21	Mean	1.00	0.54	1.00
	(-)	0.19		0.13	0.21	0.22	SE	0.14	0.08	0.14
	(+)	0.22		0.16	0.24	0.26				0.14
Actin	25	Mean	1.00	0.94	1.22	1.18	Mean	1.00	0.94	1.09
	(-)	0.12		0.11	0.14	0.14	SE	0.05	0.11	0.13
	(+)	0.13		0.13	0.15	0.15				0.05

\* See Table S2 for primer sequences and their target clones.