

Table S1 Primers used in the present study

Gene ID	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
AP000695.2	GGACACTCTGAAGGAACTC	GATGACCATTAGCCAACAAG
LINC02381	TGCCTCCATCAGCCTCAAAG	GGTGTGGCCTTGGTGTGATA
AC005586.1	CTGATGGCCACTCACGCTAT	TTTGCCGAGCAGATGTGGAT
AP003392.1	AGAGATGGGGTTTCACTATG	CCGAGTAGCTGGAAC TACAGGT
AP001528.2	TCTCCCACTGGGCAAGAGTA	CTAGATTGAGAGCCCCACGC
GAPDH	GCACCGTCAAGGCTGAGAAC	TGGTGAAGACGCCAGTGGA

Table S2 Senescence-related genes of the CellAge database

<i>ACLY</i>	<i>AAK1</i>	<i>ABI3</i>	<i>ADCK5</i>	<i>AKR1B1</i>	<i>AGT</i>	<i>AKT1</i>
<i>ALOX15B</i>	<i>AR</i>	<i>ARPC1B</i>	<i>ASF1A</i>	<i>ASPH</i>	<i>ATF7IP</i>	<i>ATM</i>
<i>AURKA</i>	<i>AXL</i>	<i>BAG3</i>	<i>BHLHE40</i>	<i>BCL6</i>	<i>BLK</i>	<i>BLVRA</i>
<i>BMI1</i>	<i>BRAF</i>	<i>BRD7</i>	<i>BRCA1</i>	<i>BTG3</i>	<i>C11orf31</i>	<i>CAV1</i>
<i>CBX7</i>	<i>CBX8</i>	<i>CCND1</i>	<i>CDK1</i>	<i>CDK18</i>	<i>CDK2AP1</i>	<i>CDK6</i>
<i>CDK4</i>	<i>CDKN1A</i>	<i>CDKN1C</i>	<i>CDKN1B</i>	<i>CDKN2A</i>	<i>CDKN2AIP</i>	<i>CDKN2B</i>
<i>CENPA</i>	<i>CEBPB</i>	<i>CHEK1</i>	<i>CKB</i>	<i>CPEB1</i>	<i>CSNK1A1</i>	<i>CTNNAL1</i>
<i>CSNK2A1</i>	<i>CXCL1</i>	<i>DDB2</i>	<i>CYR61</i>	<i>DEK</i>	<i>DGCR8</i>	<i>DHCR24</i>
<i>DLX2</i>	<i>DHX9</i>	<i>DPY30</i>	<i>DUSP3</i>	<i>DUSP16</i>	<i>E2F1</i>	<i>EHF</i>
<i>ENDOG</i>	<i>EPHA3</i>	<i>ERRFI1</i>	<i>ETS1</i>	<i>ETS2</i>	<i>EWSR1</i>	<i>FASTK</i>
<i>EZH2</i>	<i>FBXO31</i>	<i>FOXM1</i>	<i>FOS</i>	<i>FOXO3</i>	<i>FXR1</i>	<i>G6PD</i>
<i>GAPDH</i>	<i>GKN1</i>	<i>GATA4</i>	<i>GNG11</i>	<i>GLB1</i>	<i>GRK6</i>	<i>HDAC4</i>
<i>HDAC1</i>	<i>HEPACAM</i>	<i>HJURP</i>	<i>HIVEP1</i>	<i>HK3</i>	<i>HMGB1</i>	<i>HRAS</i>
<i>HSPA5</i>	<i>HSPB2</i>	<i>ID1</i>	<i>ID4</i>	<i>IGFBP1</i>	<i>IFNG</i>	<i>IGFBP3</i>
<i>IGFBP6</i>	<i>IGFBP5</i>	<i>IL1A</i>	<i>IL8</i>	<i>ING1</i>	<i>ING2</i>	<i>IRF3</i>
<i>IRF5</i>	<i>IRF7</i>	<i>ITPK1</i>	<i>ITGB4</i>	<i>ITPKB</i>	<i>ITSN2</i>	<i>KCNJ12</i>
<i>KDM4A</i>	<i>KDM5B</i>	<i>KIAA1524</i>	<i>KL</i>	<i>KSR2</i>	<i>LATS1</i>	<i>LEO1</i>
<i>LGALS3</i>	<i>LIMA1</i>	<i>LIMK1</i>	<i>MAGEA2</i>	<i>MAGOH</i>	<i>MAD2L1</i>	<i>MAGOHB</i>
<i>MAP2K1</i>	<i>MAP2K3</i>	<i>MAP2K2</i>	<i>MAP2K6</i>	<i>MAP3K6</i>	<i>MAP2K7</i>	<i>MAP4K1</i>
<i>MAP3K7</i>	<i>MAPK12</i>	<i>MAPKAPK5</i>	<i>44625</i>	<i>MAPK14</i>	<i>MAST1</i>	<i>MATK</i>
<i>MCL1</i>	<i>MDH1</i>	<i>MCRS1</i>	<i>MECP2</i>	<i>MOB3A</i>	<i>MMP9</i>	<i>MORC3</i>
<i>MORF4</i>	<i>MXD4</i>	<i>MVK</i>	<i>MYC</i>	<i>MYLK</i>	<i>NADK</i>	<i>NANOG</i>
<i>NDRG1</i>	<i>NEK1</i>	<i>NEK4</i>	<i>NEK6</i>	<i>NFE2L2</i>	<i>NINJ1</i>	<i>NOTCH3</i>
<i>NOX4</i>	<i>NR2E1</i>	<i>NTN4</i>	<i>NUAK1</i>	<i>OTX2</i>	<i>P3H1</i>	<i>PATZ1</i>
<i>PAK4</i>	<i>PBRM1</i>	<i>PCGF2</i>	<i>PDCD10</i>	<i>PDIK1L</i>	<i>PDZD2</i>	<i>PDPK1</i>
<i>PEBP1</i>	<i>PEX19</i>	<i>PIAS4</i>	<i>PIK3R5</i>	<i>PIK3C2A</i>	<i>PIM1</i>	<i>PLA2R1</i>
<i>PKM</i>	<i>PML</i>	<i>PNPT1</i>	<i>PMVK</i>	<i>POT1</i>	<i>POU5F1</i>	<i>PPM1B</i>
<i>PPM1D</i>	<i>PRMT6</i>	<i>PRKCH</i>	<i>PRKCD</i>	<i>PROX1</i>	<i>PRPF19</i>	<i>PSMB5</i>
<i>PTRF</i>	<i>PTTG1</i>	<i>PSMD14</i>	<i>RAD21</i>	<i>RAF1</i>	<i>RB1</i>	<i>RBP2</i>
<i>RBX1</i>	<i>RNASEL</i>	<i>RPS6KA6</i>	<i>RSL1D1</i>	<i>RUNX1</i>	<i>RUVBL2</i>	<i>SENP1</i>
<i>SENP2</i>	<i>SENP7</i>	<i>SERPINE1</i>	<i>SFN</i>	<i>SIK1</i>	<i>SGK1</i>	<i>SIN3B</i>
<i>SIRT1</i>	<i>SIRT6</i>	<i>SIX1</i>	<i>SLC13A3</i>	<i>SLC16A7</i>	<i>SMARCA4</i>	<i>SMG1</i>
<i>SMARCB1</i>	<i>SMURF2</i>	<i>SNAI1</i>	<i>SOCS1</i>	<i>SOD1</i>	<i>SORBS2</i>	<i>SOX2</i>
<i>SPIN1</i>	<i>SOX5</i>	<i>SP1</i>	<i>SPOP</i>	<i>SRC</i>	<i>SREBF1</i>	<i>SRSF1</i>
<i>STAT5B</i>	<i>STK32C</i>	<i>STK40</i>	<i>SUPT5H</i>	<i>SYK</i>	<i>TACC3</i>	<i>TERC</i>
<i>TBX2</i>	<i>TERF2</i>	<i>TERT</i>	<i>TFAP4</i>	<i>TFDP1</i>	<i>TGFB111</i>	<i>TLR3</i>
<i>TMSB4X</i>	<i>TNFSF13</i>	<i>TNFSF15</i>	<i>TOP1</i>	<i>TP63</i>	<i>TPR</i>	<i>TP53</i>
<i>TRIM28</i>	<i>TRPM8</i>	<i>TXN</i>	<i>TXNIP</i>	<i>UBTD1</i>	<i>TYK2</i>	<i>VENTX</i>
<i>USP1</i>	<i>VEGFA</i>	<i>WNT16</i>	<i>WNT2</i>	<i>WRN</i>	<i>WT1</i>	<i>XAF1</i>
<i>WWP1</i>	<i>YAP1</i>	<i>YPEL3</i>	<i>ZFP36</i>	<i>ZMAT3</i>	<i>ZNF148</i>	

Table S3 senescence-related DEGs in the GC tumor tissues

Gene	conMean	treatMean	logFC	pValue	FDR
<i>RBP2</i>	595.5996	10.23257	-5.8631	0.010406	0.015834
<i>GKN1</i>	8913.007	346.7103	-4.68411	2.68E-07	1.04E-06
<i>CKB</i>	305.6661	54.6779	-2.48293	1.50E-11	1.47E-10
<i>IGFBP6</i>	80.27928	15.8146	-2.34377	7.88E-13	9.65E-12
<i>MYLK</i>	77.30705	19.8484	-1.96158	4.79E-06	1.33E-05
<i>CPEB1</i>	0.353778	0.100298	-1.81855	2.43E-08	1.19E-07
<i>TGFB111</i>	48.70851	14.49903	-1.74822	7.49E-05	0.000157
<i>SORBS2</i>	8.772022	2.627061	-1.73946	2.58E-09	1.58E-08
<i>HSPB2</i>	0.356572	0.108417	-1.7176	4.60E-05	0.000102
<i>ZFP36</i>	662.9793	203.2009	-1.70606	4.00E-09	2.33E-08
<i>CBX7</i>	12.19258	3.750364	-1.7009	1.02E-11	1.09E-10
<i>AR</i>	1.363997	0.420616	-1.69727	6.13E-07	2.18E-06
<i>HEPACAM</i>	0.144325	0.05053	-1.51411	1.75E-06	5.22E-06
<i>PDZD2</i>	3.067025	1.110776	-1.46527	0.000251	0.000481
<i>ID4</i>	13.79923	5.025467	-1.45726	3.60E-13	5.19E-12
<i>PIM1</i>	53.58653	19.62554	-1.44914	2.04E-10	1.61E-09
<i>ITPKB</i>	25.68544	9.570171	-1.42433	7.06E-05	0.000149
<i>CAV1</i>	78.96738	29.51137	-1.41999	1.51E-06	4.68E-06
<i>TXNIP</i>	434.0639	164.4469	-1.40029	2.68E-09	1.60E-08
<i>FOS</i>	296.9624	113.1299	-1.3923	7.87E-07	2.68E-06
<i>RPS6KA6</i>	0.783331	0.305248	-1.35964	3.19E-13	4.88E-12
<i>SLC16A7</i>	3.184316	1.246087	-1.35358	6.28E-09	3.42E-08
<i>CDKN1A</i>	114.5921	45.49703	-1.33266	1.58E-09	9.92E-09
<i>BAG3</i>	85.31362	36.04645	-1.24292	3.82E-05	8.58E-05
<i>SOX5</i>	0.904659	0.406346	-1.15466	1.21E-05	3.08E-05
<i>ID1</i>	206.7498	93.29828	-1.14796	2.36E-07	9.32E-07
<i>KL</i>	1.457341	0.684287	-1.09067	9.01E-08	4.09E-07
<i>SGK1</i>	22.84858	11.25385	-1.02169	1.34E-05	3.35E-05
<i>TFAP4</i>	1.600713	3.211712	1.004628	9.30E-13	1.08E-11
<i>P3H1</i>	3.162263	6.441668	1.026477	7.44E-13	9.65E-12
<i>LIMK1</i>	4.636884	9.7058	1.065691	7.53E-13	9.65E-12
<i>PTTG1</i>	9.642075	20.37779	1.079582	7.32E-07	2.53E-06
<i>PNPT1</i>	4.051006	8.642129	1.093107	3.80E-16	3.10E-14
<i>STK32C</i>	1.694922	3.673817	1.116061	1.34E-06	4.26E-06
<i>TNFSF15</i>	1.546181	3.582742	1.212355	8.86E-08	4.09E-07

Table S3 (continued)

Table S3 (continued)

Gene	conMean	treatMean	logFC	pValue	FDR
<i>TACC3</i>	3.701869	9.091055	1.296194	2.30E-11	2.17E-10
<i>HK3</i>	0.539691	1.332207	1.303614	1.66E-05	4.02E-05
<i>IGFBP3</i>	25.0186	63.81827	1.350969	2.17E-07	8.85E-07
<i>BRCA1</i>	1.36565	3.749137	1.456971	4.75E-15	1.68E-13
<i>MMP9</i>	7.708578	21.22046	1.460919	1.14E-06	3.77E-06
<i>POU5F1</i>	0.621238	1.726346	1.474504	2.00E-05	4.70E-05
<i>RUNX1</i>	3.418019	9.673994	1.500951	3.11E-15	1.52E-13
<i>EZH2</i>	2.45965	7.163449	1.542201	1.02E-13	1.78E-12
<i>NOX4</i>	0.232331	0.733914	1.659428	1.90E-10	1.55E-09
<i>CHEK1</i>	1.613138	5.257369	1.704472	1.04E-16	1.28E-14
<i>CENPA</i>	1.716997	5.945273	1.791856	2.29E-13	3.74E-12
<i>MAD2L1</i>	2.014388	7.198506	1.837356	2.89E-14	6.44E-13
<i>E2F1</i>	3.208741	11.54854	1.847631	1.85E-15	1.14E-13
<i>CDK6</i>	4.021363	14.71261	1.871296	2.97E-11	2.69E-10
<i>CDK1</i>	4.002344	15.1491	1.920315	1.16E-14	3.15E-13
<i>AURKA</i>	4.595781	17.56078	1.933975	5.57E-14	1.14E-12
<i>IFNG</i>	0.222647	0.851363	1.935018	1.07E-06	3.59E-06
<i>FOXM1</i>	4.224738	16.28732	1.946816	9.28E-15	2.84E-13
<i>HJURP</i>	1.520228	6.358131	2.064315	4.81E-15	1.68E-13
<i>SERPINE1</i>	9.893372	43.19005	2.126165	9.51E-10	6.47E-09
<i>AGT</i>	8.046128	36.83063	2.194539	1.93E-05	4.58E-05
<i>SIX1</i>	0.1736	0.872446	2.3293	2.35E-07	9.32E-07
<i>TRPM8</i>	0.012819	0.072697	2.503642	1.26E-05	3.17E-05
<i>CXCL1</i>	10.60405	70.00515	2.722846	3.41E-10	2.54E-09
<i>WT1</i>	0.026959	0.178426	2.72647	1.98E-07	8.38E-07
<i>CDKN2A</i>	1.075256	8.612098	3.001684	1.59E-05	3.90E-05
<i>TERT</i>	0.06055	0.580026	3.259919	1.13E-09	7.46E-09
<i>WNT2</i>	0.085194	2.036317	4.57907	3.75E-17	9.19E-15
<i>IGFBP1</i>	0.048281	1.914126	5.309079	2.31E-08	1.18E-07

DEGs, differentially expressed genes; GC, gastric cancer; FC, fold change; FDR, false discovery rate.