

Sup. Table 7: Correlation between paternal stress during preschool and increased DNA methylation in adolescence in girls only (all CpG sites with FDR<20%). Sites with greater than 5% differential methylation are highlighted in grey.

Gene	CpG Site	Slope	Range	Differential Methylation	Spearman ρ	FDR
C11orf49	cg26198807	0.129	0.171	0.092	0.560	0.000
C19orf30	cg20893022	0.074	0.088	0.053	0.552	0.000
TRDN	cg14462830	0.193	0.334	0.137	0.551	0.000
SFRP1	cg22418909	0.020	0.028	0.014	0.550	0.000
METAP1	cg07829809	0.178	0.219	0.126	0.534	0.000
C19orf30	cg21300318	0.122	0.179	0.087	0.517	0.000
CNTNAP3	cg13059782	0.030	0.048	0.022	0.514	5.743
FAM113A	cg23462402	0.077	0.105	0.054	0.512	5.743
C15orf21	cg08057475	0.069	0.103	0.049	0.511	5.743
SLIT2	cg03742003	0.035	0.064	0.025	0.511	5.743
MGC42630	cg22543128	0.081	0.130	0.057	0.510	5.743
CD47	cg06806080	0.049	0.144	0.035	0.507	5.743
PRODH2	cg27039606	0.063	0.085	0.045	0.492	5.743
BCAN	cg21475402	0.023	0.041	0.016	0.492	5.743
NR2E1	cg19697981	0.025	0.035	0.017	0.491	5.743
FSTL3	cg10503234	0.108	0.154	0.076	0.490	5.743
PLIN	cg01348757	0.138	0.219	0.098	0.488	5.743
TK1	cg22061523	0.040	0.052	0.028	0.488	5.743
CNGB1	cg16480209	0.047	0.065	0.033	0.487	5.743
PGA5	cg11957986	0.160	0.482	0.114	0.486	5.743
C1orf33	cg18224761	0.108	0.200	0.076	0.484	5.743
CRELD2	cg15316289	0.069	0.117	0.049	0.484	5.743
CNGB3	cg06757810	0.151	0.288	0.107	0.482	5.743
PGK2	cg06403553	0.069	0.123	0.049	0.482	5.743
NA	cg27348440	0.177	0.254	0.125	0.479	5.743
AKR1A1	cg11323731	0.030	0.071	0.021	0.478	5.743
MPPED2	cg06790862	0.105	0.240	0.075	0.477	5.743
CDC14B	cg20811389	0.015	0.033	0.011	0.468	9.143
GABRD	cg06063714	0.087	0.176	0.062	0.468	9.143
PPP1R3C	cg09775312	0.053	0.114	0.037	0.463	9.143
TSC22D4	cg00834958	0.020	0.026	0.014	0.462	9.143
F13A1	cg03440267	0.048	0.083	0.034	0.462	9.143
PAPPA2	cg10994126	0.104	0.231	0.074	0.462	9.143
HNF4A	cg19717150	0.124	0.188	0.088	0.459	9.143
NEDD8	cg17391929	0.025	0.043	0.018	0.459	9.143
MAEL	cg13249256	0.058	0.088	0.041	0.457	11.730
TAS2R8	cg08507270	0.097	0.147	0.069	0.455	11.730
IL28RA	cg07509155	0.028	0.062	0.020	0.454	11.730
SAC	cg06933072	0.077	0.138	0.055	0.454	11.730
C12orf12	cg10967280	0.046	0.067	0.032	0.453	11.730
TRHDE	cg13663218	0.039	0.067	0.027	0.450	11.730
SCYL1	cg22417398	0.023	0.043	0.016	0.450	11.730
TXN2	cg06293195	0.087	0.163	0.062	0.445	11.730
LY86	cg20162076	0.198	0.329	0.141	0.442	15.770
KCNG3	cg27553955	0.091	0.133	0.065	0.441	15.770
TRIM43	cg27297176	0.139	0.251	0.099	0.440	15.770
ENPP3	cg08678755	0.170	0.281	0.120	0.440	15.770
LRRC51	cg23256971	0.059	0.112	0.042	0.438	15.770
APCS	cg26353877	0.058	0.088	0.041	0.437	15.770

PPAPDC3	cg18636641	0.088	0.187	0.062	0.437	15.770
ANAPC4	cg13918811	0.044	0.086	0.031	0.433	15.770
ENTPD5	cg12774845	0.037	0.079	0.026	0.430	15.770
KIAA0690	cg02238747	0.060	0.090	0.043	0.429	15.770
KRT4	cg12610744	0.139	0.268	0.098	0.428	15.770
BAG1	cg21614231	0.047	0.107	0.033	0.428	15.770
MRPL30	cg15612847	0.105	0.216	0.074	0.427	15.770
TMC1	cg14643978	0.049	0.079	0.035	0.427	15.770
IL19	cg05916196	0.092	0.139	0.065	0.426	15.770
ABCB1	cg16219122	0.085	0.174	0.060	0.425	17.895
CPM	cg20932053	0.071	0.150	0.050	0.425	17.895
CNTNAP4	cg25383242	0.092	0.194	0.065	0.424	17.895
DPCR1	cg20965815	0.097	0.209	0.069	0.423	17.895
KRTHA3A	cg18370227	0.046	0.075	0.032	0.423	17.895
CDH13	cg08977371	0.026	0.103	0.018	0.422	17.895
CHFR	cg17387870	0.112	0.205	0.080	0.422	17.895
FLJ10374	cg20395128	0.073	0.152	0.051	0.420	17.895
IFNA21	cg07373172	0.074	0.191	0.052	0.419	17.895
LOC349236	cg10645113	0.103	0.215	0.073	0.419	17.895
CART	cg20798152	0.085	0.160	0.060	0.418	17.895
FLRT2	cg26651233	0.033	0.054	0.023	0.417	17.895
EBF3	cg06139836	0.018	0.035	0.012	0.417	17.895
NGB	cg15501381	0.069	0.168	0.049	0.416	17.895
OR12D2	cg04737405	0.139	0.321	0.098	0.416	17.895
NRF1	cg20633959	0.047	0.708	0.033	0.416	17.895
UCN3	cg20587968	0.089	0.217	0.063	0.415	17.895
PLSCR2	cg03075662	0.090	0.188	0.064	0.415	17.895
MMP27	cg06259570	0.065	0.155	0.046	0.414	17.895
LYZL6	cg06548519	0.146	0.246	0.103	0.414	17.895
PRB4	cg14076161	0.095	0.213	0.067	0.414	17.895
SPINK1	cg16360372	0.115	0.216	0.082	0.413	17.895
VGLL2	cg03160135	0.024	0.072	0.017	0.412	17.895
ZDHHC19	cg03327494	0.075	0.135	0.053	0.411	17.895
FTS	cg24633242	0.026	0.082	0.019	0.411	17.895
RIC3	cg01043330	0.075	0.123	0.053	0.410	17.895
PENK	cg04598121	0.024	0.049	0.017	0.410	17.895
SIM2	cg02672220	0.049	0.084	0.035	0.410	17.895
DEFA6	cg27212977	0.080	0.185	0.057	0.409	17.895
NEIL3	cg09475757	0.059	0.104	0.042	0.409	17.895
SLC4A7	cg06798189	0.188	0.342	0.133	0.409	17.895
VPS16	cg00231920	0.022	0.047	0.015	0.408	17.895
MGC4399	cg18783781	0.047	0.071	0.033	0.407	17.895
GABRA1	cg24523000	0.135	0.291	0.096	0.406	17.895
GH2	cg02856727	0.052	0.191	0.037	0.406	17.895
SLC12A5	cg09015232	0.182	0.558	0.129	0.405	17.895
FKBP10	cg21416237	0.106	0.164	0.075	0.405	17.895
C16orf35	cg24399405	0.050	0.111	0.035	0.403	17.895
SYCP3	cg01127428	0.033	0.066	0.024	0.401	17.895
BTN1A1	cg27475152	0.025	0.054	0.018	0.401	17.895
RB1	cg19296958	0.075	0.122	0.053	0.401	17.895
BRF1	cg16313343	0.055	0.074	0.039	0.401	17.895
WISP1	cg03670238	0.175	0.293	0.124	0.401	17.895
CDK4	cg16807911	0.037	0.072	0.026	0.400	17.895
OPN1SW	cg18181161	0.034	0.054	0.024	0.400	17.895
PSKH2	cg17788832	0.073	0.118	0.052	0.400	17.895
ADCY5	cg13878010	0.037	0.069	0.026	0.399	17.895

NMUR1	cg18250832	0.065	0.277	0.046	0.399	17.895
NPTX2	cg00548268	0.089	0.118	0.063	0.399	17.895
LRRRC8D	cg26783856	0.029	0.051	0.021	0.399	17.895
FOXA2	cg10003443	0.070	0.138	0.049	0.399	17.895
SCRT1	cg13302823	0.091	0.175	0.065	0.397	17.895
HDC	cg16831889	0.175	0.299	0.124	0.397	17.895
RIPK3	cg10318258	0.143	0.383	0.101	0.396	17.895
TLL7	cg17237813	0.109	0.197	0.078	0.395	17.895
FBXO38	cg02376163	0.027	0.045	0.019	0.395	17.895
ANK3	cg12354377	0.082	0.183	0.058	0.395	17.895
SULT2A1	cg19139729	0.103	0.199	0.073	0.395	17.895
OTUB2	cg22981461	0.054	0.098	0.038	0.394	17.895
FLJ21820	cg02946570	0.226	0.385	0.160	0.394	17.895
CD79B	cg25729716	0.045	0.085	0.032	0.394	17.895
ZNF187	cg26450541	0.024	0.039	0.017	0.394	17.895
OR7C2	cg03544379	0.098	0.484	0.069	0.393	17.895
PHLDB1	cg06290096	0.049	0.113	0.035	0.393	17.895
OSBPL5	cg11219178	0.089	0.260	0.063	0.393	17.895
STK24	cg10057295	0.024	0.039	0.017	0.393	17.895
LCE5A	cg01868128	0.065	0.164	0.046	0.393	17.895
RAXL1	cg25058957	0.050	0.128	0.036	0.393	17.895
ARL3	cg18151487	0.053	0.106	0.038	0.392	17.895
GAS8	cg15936718	0.052	0.077	0.037	0.392	17.895
EEF1B2	cg24330485	0.013	0.049	0.009	0.392	17.895
FLJ20581	cg10938486	0.098	0.228	0.070	0.391	17.895
EDNRB	cg18003135	0.100	0.179	0.071	0.391	19.998
SLC22A18	cg03336167	0.181	0.427	0.129	0.391	19.998
ADH1A	cg15677344	0.113	0.289	0.080	0.390	19.998
ADCY5	cg13384396	0.039	0.100	0.028	0.389	19.998
PRX	cg26200585	0.142	0.371	0.101	0.389	19.998
SSTR1	cg27590397	0.014	0.027	0.010	0.389	19.998
PAK2	cg21840599	0.016	0.048	0.011	0.388	19.998
DPT	cg26220985	0.044	0.198	0.031	0.388	19.998
ADCY9	cg03945800	0.026	0.056	0.018	0.388	19.998
VMO1	cg24182328	0.083	0.146	0.059	0.388	19.998
CDC23	cg23112213	0.033	0.050	0.023	0.388	19.998
EMR1	cg22889448	0.107	0.700	0.076	0.387	19.998
GPR85	cg13383491	0.218	0.370	0.155	0.387	19.998
DDX28	cg06042828	0.063	0.123	0.045	0.387	19.998
RFX4	cg01920232	0.020	0.049	0.014	0.387	19.998
C1orf56	cg11852073	0.037	0.073	0.026	0.387	19.998
DDC	cg03843951	0.075	0.142	0.053	0.386	19.998
GLB1	cg27034836	0.025	0.080	0.018	0.385	19.998
TMEM39A	cg26519339	0.014	0.030	0.010	0.385	19.998
CEACAM3	cg13322449	0.124	0.268	0.088	0.384	19.998
MYH3	cg18190433	0.154	0.299	0.109	0.384	19.998
PRKCABP	cg23621115	0.091	0.215	0.064	0.384	19.998
C1orf182	cg18993334	0.048	0.083	0.034	0.383	19.998
RARRES1	cg09503974	0.042	0.081	0.030	0.383	19.998
AMPD1	cg15740508	0.127	0.244	0.090	0.383	19.998
CHFR	cg17524886	0.050	0.104	0.036	0.383	19.998
STON1	cg27016609	0.085	0.344	0.060	0.382	19.998
PKD2L1	cg10365880	0.058	0.121	0.041	0.382	19.998
DCN	cg04088433	0.214	0.424	0.151	0.382	19.998
RNASEH2A	cg05657090	0.039	0.081	0.028	0.382	19.998
SETD4	cg12218747	0.148	0.275	0.105	0.382	19.998

MGC50559	cg08647727	0.026	0.059	0.018	0.382	19.998
SFTPG	cg09408780	0.136	0.237	0.096	0.381	19.998
GALNT13	cg01161611	0.160	0.350	0.113	0.381	19.998
EIF2B2	cg23911465	0.028	0.046	0.020	0.380	19.998
ANKRD2	cg13271963	0.052	0.098	0.037	0.380	19.998
POPDC2	cg19868730	0.089	0.220	0.063	0.380	19.998
FLT3	cg24454143	0.117	0.406	0.083	0.379	19.998
CHAF1B	cg26024531	0.034	0.058	0.024	0.379	19.998
RGS11	cg01344518	0.076	0.137	0.054	0.379	19.998
CPLX2	cg19885761	0.057	0.788	0.040	0.379	19.998
HISPPD2A	cg03533811	0.017	0.036	0.012	0.378	19.998
LINCR	cg03102516	0.115	0.218	0.081	0.378	19.998
TMEM117	cg16863447	0.030	0.054	0.021	0.377	19.998
TNIP3	cg20950277	0.209	0.392	0.148	0.377	19.998
C1orf201	cg03140978	0.074	0.121	0.052	0.377	19.998
C5orf13	cg05869964	0.069	0.114	0.049	0.377	19.998
NRXN3	cg15572745	0.124	0.275	0.088	0.377	19.998
KCNA10	cg07830847	0.053	0.109	0.037	0.377	19.998
ZFR	cg13954292	0.108	0.285	0.077	0.377	19.998
MGC14376	cg11099291	0.015	0.035	0.010	0.376	19.998
MGMT	cg07453748	0.061	0.133	0.043	0.376	19.998
LRAP	cg11769360	0.135	0.229	0.096	0.376	19.998
GUCA2A	cg06003187	0.032	0.140	0.023	0.375	19.998
KIAA1409	cg16034652	0.105	0.187	0.075	0.375	19.998
ZMYND17	cg23599056	0.072	0.177	0.051	0.375	19.998
ELF2	cg05088386	0.082	0.192	0.058	0.375	19.998
UPK2	cg00693307	0.074	0.152	0.052	0.375	19.998
ERG	cg17274064	0.049	0.086	0.035	0.375	19.998
TRIM54	cg25218351	0.144	0.602	0.102	0.374	19.998
ATF7IP2	cg00461841	0.144	0.333	0.102	0.374	19.998
C4orf17	cg27563778	0.163	0.365	0.116	0.374	19.998
FLJ33708	cg17774418	0.098	0.233	0.070	0.374	19.998
RRM2	cg18623836	0.079	0.174	0.056	0.374	19.998
ZNF142	cg21781546	0.110	0.194	0.078	0.373	19.998
SMBP	cg10377211	0.016	0.029	0.011	0.373	19.998
CAMK1	cg23243617	0.020	0.047	0.014	0.373	19.998
RHOC	cg00016968	0.085	0.219	0.060	0.373	19.998
PLCB4	cg24736099	0.087	0.159	0.061	0.373	19.998
MGC33367	cg07804582	0.069	0.156	0.049	0.373	19.998
CORO2B	cg08290628	0.065	0.176	0.046	0.372	19.998
DIO1	cg03886898	0.055	0.124	0.039	0.372	19.998
NPFF	cg01657380	0.086	0.203	0.061	0.371	19.998
C9orf66	cg08909157	0.036	0.060	0.026	0.371	19.998
SCGN	cg16954341	0.027	0.049	0.019	0.371	19.998
APOBEC1	cg16879115	0.112	0.222	0.080	0.371	19.998
TUSC3	cg12089439	0.039	0.065	0.028	0.370	19.998
HSD3B1	cg16175792	0.112	0.220	0.080	0.370	19.998
ARHGAP22	cg20506783	0.026	0.057	0.018	0.370	19.998
FLT4	cg13927251	0.026	0.047	0.019	0.369	19.998
SNTG1	cg15585987	0.116	0.270	0.082	0.369	19.998
TNFRSF13B	cg18152830	0.033	0.059	0.024	0.369	19.998
RANBP1	cg11594228	0.066	0.170	0.047	0.369	19.998
MOGAT2	cg12531542	0.045	0.104	0.032	0.368	19.998
TEB1	cg26530497	0.058	0.119	0.041	0.368	19.998
C6orf182	cg08550724	0.084	0.158	0.060	0.367	19.998
MGC42630	cg05174079	0.119	0.246	0.085	0.367	19.998

CRNN	cg16713808	0.167	0.332	0.118	0.367	19.998
SSRP1	cg01511567	0.032	0.123	0.023	0.366	19.998
CHFR	cg06462703	0.020	0.049	0.014	0.365	19.998
ACTA1	cg13547644	0.040	0.120	0.028	0.364	19.998
LMCD1	cg20595215	0.029	0.042	0.020	0.364	19.998
BTBD6	cg23034818	0.021	0.048	0.015	0.364	19.998
PLEKHB1	cg02254407	0.141	0.351	0.100	0.363	19.998
CHFR	cg00338702	0.022	0.044	0.015	0.363	19.998
CGA	cg07981495	0.109	0.168	0.078	0.363	19.998
ACRV1	cg00066153	0.075	0.178	0.053	0.363	19.998
SLCO1C1	cg04091078	0.125	0.298	0.089	0.361	19.998
SLC25A16	cg08620470	0.052	0.097	0.037	0.361	19.998
RASSF7	cg14896003	0.074	0.112	0.052	0.361	19.998
PSTPIP1	cg12703269	0.048	0.079	0.034	0.360	19.998
KCNJ13	cg13982505	0.226	0.362	0.160	0.360	19.998
SETX	cg06353948	0.084	0.207	0.060	0.360	19.998
ZBTB32	cg12497692	0.015	0.025	0.011	0.360	19.998
CYP2A6	cg05910970	0.062	0.137	0.044	0.360	19.998
INDO	cg08465774	0.167	0.286	0.119	0.360	19.998
ADH7	cg06425515	0.116	0.294	0.083	0.360	19.998
C3orf24	cg13560548	0.160	0.269	0.114	0.360	19.998
H1FOO	cg14519134	0.033	0.067	0.024	0.359	19.998
LOC205251	cg24912023	0.136	0.295	0.096	0.359	19.998
NUP210	cg24642820	0.101	0.158	0.071	0.359	19.998
SLC39A12	cg19856444	0.146	0.309	0.103	0.358	19.998
WNT8B	cg26109803	0.138	0.350	0.098	0.358	19.998
RCHY1	cg14178991	0.144	0.404	0.102	0.358	19.998
GALC	cg24058132	0.092	0.188	0.065	0.358	19.998
DCAKD	cg09214551	0.174	0.389	0.123	0.358	19.998
KCNK7	cg17918700	0.086	0.193	0.061	0.358	19.998
LRCH4	cg20500081	0.049	0.124	0.035	0.357	19.998
TAS2R38	cg25481253	0.151	0.324	0.107	0.357	19.998
CCL25	cg21274570	0.070	0.179	0.050	0.357	19.998
C5orf14	cg22197830	0.068	0.281	0.048	0.357	19.998
ERBB2	cg11993754	0.013	0.028	0.009	0.356	19.998
ARL10	cg27092035	0.016	0.026	0.012	0.356	19.998
NOS3	cg25007250	0.034	0.097	0.024	0.356	19.998
FBXL19	cg04368877	0.051	0.108	0.036	0.356	19.998
CGREF1	cg22740783	0.022	0.057	0.016	0.356	19.998
ZDHHC21	cg04217218	0.079	0.256	0.056	0.356	19.998
C9orf65	cg11195662	0.016	0.030	0.011	0.356	19.998
CAPZB	cg13319175	0.158	0.331	0.112	0.355	19.998
PXMP4	cg27194921	0.020	0.061	0.014	0.355	19.998
FOXJ1	cg01294702	0.035	0.067	0.025	0.355	19.998
NEU4	cg20791593	0.092	0.192	0.065	0.355	19.998
RB1	cg01738359	0.013	0.039	0.009	0.355	19.998
PLA2G5	cg19521927	0.108	0.214	0.077	0.355	19.998
G3BP	cg20775840	0.011	0.041	0.008	0.354	19.998
PGM3	cg25383093	0.064	0.163	0.045	0.354	19.998
BIK	cg26453588	0.063	0.136	0.044	0.354	19.998
STXBP5	cg01135200	0.016	0.095	0.012	0.354	19.998
BAG1	cg07711515	0.042	0.088	0.030	0.354	19.998
FBXW10	cg05127924	0.139	0.243	0.098	0.354	19.998
EFTUD2	cg20902737	0.023	0.045	0.017	0.354	19.998
FUT9	cg01837719	0.029	0.047	0.020	0.353	19.998
GM632	cg26760212	0.064	0.162	0.046	0.353	19.998

GIF	cg18538812	0.054	0.136	0.038	0.353	19.998
CD81	cg23125689	0.080	0.197	0.057	0.353	19.998
FOXG1B	cg10300684	0.024	0.053	0.017	0.353	19.998
PDCD1LG2	cg14440664	0.106	0.221	0.075	0.352	19.998
HOXA3	cg25426743	0.173	0.392	0.122	0.352	19.998
THYN1	cg09360083	0.150	0.255	0.107	0.352	19.998
IFT140	cg10536625	0.092	0.198	0.065	0.352	19.998
PIK4CA	cg10568796	0.056	0.114	0.039	0.352	19.998
P2RY5	cg13506226	0.083	0.165	0.059	0.352	19.998
SBF1	cg15764655	0.041	0.088	0.029	0.352	19.998
GRB10	cg25915982	0.074	0.205	0.053	0.351	19.998
CLDN19	cg11172423	0.034	0.066	0.024	0.351	19.998
EGLN1	cg18979762	0.107	0.293	0.076	0.351	19.998
PPP2R2D	cg21750602	0.143	0.372	0.102	0.351	19.998
PARK2	cg21926612	0.022	0.070	0.016	0.351	19.998
MIP	cg03986640	0.047	0.197	0.033	0.351	19.998
UNQ9356	cg18582689	0.208	0.466	0.148	0.351	19.998
MYLPF	cg00256074	0.050	0.103	0.036	0.351	19.998
MRV11	cg24365867	0.069	0.202	0.049	0.351	19.998
RPL9	cg07027075	0.048	0.099	0.034	0.350	19.998
C10orf65	cg13985639	0.047	0.090	0.033	0.350	19.998
FABP6	cg13599007	0.092	0.211	0.065	0.350	19.998
WT1	cg04456238	0.046	0.118	0.033	0.350	19.998
SLC30A3	cg03875195	0.036	0.079	0.026	0.350	19.998
EVI5	cg00519208	0.151	0.382	0.107	0.349	19.998
TREM2	cg20095587	0.052	0.156	0.037	0.348	19.998
ZNF124	cg21918500	0.019	0.105	0.014	0.348	19.998
C20orf149	cg01531431	0.098	0.235	0.069	0.348	19.998
PTCRA	cg20790540	0.035	0.122	0.025	0.348	19.998
GALR1	cg00662556	0.065	0.141	0.046	0.348	19.998
TAS2R7	cg06496654	0.155	0.410	0.110	0.348	19.998
CHAT	cg12052765	0.029	0.050	0.021	0.348	19.998
NMBR	cg08109815	0.055	0.149	0.039	0.347	19.998
ASF1A	cg04183425	0.134	0.319	0.095	0.347	19.998
RAPGEF1	cg07285276	0.077	0.163	0.054	0.346	19.998
ADRB3	cg01386493	0.066	0.197	0.047	0.346	19.998
K6IRS4	cg27222589	0.092	0.201	0.065	0.346	19.998
COL16A1	cg02989257	0.156	0.348	0.111	0.346	19.998
RUNX3	cg14182690	0.099	0.153	0.070	0.346	19.998
CPSF1	cg18511989	0.012	0.062	0.008	0.346	19.998
TEC	cg21152662	0.044	0.160	0.031	0.345	19.998
SLC35C1	cg10516359	0.105	0.244	0.075	0.345	19.998
OR8B8	cg16612699	0.051	0.080	0.036	0.345	19.998
ELA3A	cg14238120	0.099	0.163	0.070	0.345	19.998
ATOH8	cg15649452	0.013	0.034	0.009	0.345	19.998
IGF2AS	cg25574024	0.186	0.782	0.132	0.345	19.998
PPP3R2	cg15765694	0.114	0.264	0.081	0.344	19.998

Note. FDR = false discovery rate (%). Slope = slope of least squared line. Range = range of average beta.