

Haplotype analysis improved evidence for candidate genes for intramuscular fat percentage from a genome wide association study of cattle

W. Barendse

Supplementary Tables

Table S7. Haplotype associations of candidate genes for IMF in the GWAS

Haplotype	<i>b</i> (%)	s.e.	<i>P</i>
ADIPOQ			
h222	-0.985	0.238	3.8e-05
h122	-0.879	0.224	9.2e-05
CXCR4			
h222	-0.307	0.120	0.0105
h221	-0.518	0.148	5.0e-04
h122	-0.485	0.291	0.0960
<i>or</i>			
h212	0.337	0.119	0.0048
RORC			
h222	0.180	0.200	0.3677
h221	0.064	0.207	0.7593
h212	0.179	0.189	0.3415
h122	0.035	0.209	0.8657
LEP			
h221	0.114	0.196	0.5616
h212	0.168	0.175	0.3370
h122	0.402	0.205	0.0506
h112	0.220	0.168	0.1908
CAST			
h222	-0.079	0.119	0.5073
h212	-0.100	0.097	0.2987
h211	0.261	0.250	0.2960
h122	0.110	0.122	0.3680
h121	0.151	0.176	0.3885
CAPN3			
h222	-0.154	0.362	0.6711
h221	0.005	0.340	0.9874
h211	0.106	0.342	0.7558
h122	-0.010	0.363	0.9774
h121	0.065	0.341	0.8490
DGAT1			
h222	-0.053	0.104	0.6077
h122	0.280	1.050	0.7901
TG			
h222	-0.128	0.270	0.6360
h221	-0.257	0.283	0.3635

h212	-0.067	0.253	0.7902
h121	-0.061	0.252	0.8085
h112	-0.188	0.251	0.4537
CRH			
h222	0.092	0.100	0.3610
h221	-0.018	0.130	0.8892
h122	0.124	0.098	0.2053
h121	0.085	0.166	0.6097
FABP4			
h222	-0.060	0.236	0.8001
h221	0.008	0.236	0.9715
h212	-0.137	0.222	0.5382
h211	-0.018	0.252	0.9435
h122	-0.142	0.240	0.5550
h121	0.029	0.262	0.9119
DECR1			
h222	0.227	0.205	0.2690
h221	0.078	0.195	0.6897
h211	0.104	0.206	0.6123
h112	0.066	0.193	0.7347
h111	0.079	0.210	0.7083
CPE			
h222	0.099	0.198	0.6157
h212	-0.141	0.172	0.4133
h122	-0.043	0.159	0.7871
h112	-0.151	0.152	0.3211
h111	-0.193	0.199	0.3341
CEBPA			
h221	0.192	0.284	0.4997
h212	-0.292	0.097	0.0028
h211	-0.126	0.163	0.4413
h122	0.026	0.212	0.9007
h121	-0.374	0.231	0.1054
<i>or</i>			
h212	-0.236	0.078	0.0027
SREBF1			
h222	0.354	0.205	0.0840
h211	0.443	0.252	0.0786
TCAP			
h221	-0.168	0.283	0.5527
h211	-0.150	0.251	0.5515
h122	-0.455	0.270	0.0920
h121	0.004	0.250	0.9866
h112	-0.148	0.241	0.5395
GHI			
h222	-0.109	0.303	0.7198
h221	-0.123	0.301	0.6840
h211	-0.188	0.325	0.5631

h122	-0.103	0.310	0.7398
h121	-0.061	0.316	0.8476
h112	-0.237	0.301	0.4315
h111	0.000	0.307	0.9994
FASN			
h222	0.302	0.224	0.1781
h221	0.224	0.205	0.2737
h212	0.051	0.205	0.8018
h121	0.338	0.264	0.2004
h112	0.519	0.229	0.0238
<i>or</i>			
h221	-0.102	0.091	0.2623
h212	-0.287	0.100	0.0042
<i>or</i>			
h212	-0.239	0.090	0.0081
GHR			
h212	0.481	0.373	0.1976
h122	0.419	0.365	0.2517
h112	0.607	0.388	0.1185
h111	0.360	0.372	0.3333
SCD			
h222	-0.083	0.117	0.4776
h212	0.204	0.142	0.1521
h122	-0.169	0.195	0.3843
FGF8			
h211	-0.405	0.439	0.3567
h121	-0.521	0.440	0.2361
h112	-0.428	0.452	0.3441
h111	-0.485	0.431	0.2602
CAPN1			
h222	0.168	0.232	0.4674
h221	0.156	0.230	0.4985
h122	-0.102	0.208	0.6230
h121	0.080	0.203	0.6936
h112	0.186	0.210	0.3762
<i>or</i>			
h222	0.003	0.135	0.9847
h221	-0.007	0.138	0.9564
h122	-0.263	0.102	0.0100
h121	-0.074	0.102	0.4684
IGF2			
h222	0.042	0.133	0.7510
h212	-0.000	0.170	0.9982
h122	0.126	0.135	0.3505

Note that for the gene *CXCR4*, this gene is the closest gene to the significant SNPs, but these are not located within the gene itself.