

Supplementary Table 1: SNP association with psoriasis

SNP ID	Chr	B36 Region (bp)	Gene Symbol	Allele	Allele	Case Count				Control Count				Allelic Test*				
						Samples	1	2	11	12	22	Sum	11	12	22	Sum	P	OR
rs35667974	2	162,832,883	IFIH1	ALL	C	T	3	37	2,058	2,098	2	72	1,674	1,748	4.09E-05	0.45	0.31	0.67
				SS1	C	T	0	6	457	463	0	23	435	458	1.32E-03	0.25	0.10	0.62
				SS2	C	T	0	11	482	493	1	20	474	495	5.49E-02	0.50	0.24	1.03
				SS3	C	T	0	7	473	480	1	15	410	426	1.86E-02	0.36	0.15	0.87
rs28725418	17	69,817,886	DNAI2	ALL	A	G	3	112	1,323	1,438	4	166	1,209	1,379	1.44E-04	0.63	0.50	0.80
				SS1	A	G	1	27	435	463	2	54	402	458	1.21E-03	0.48	0.30	0.75
				SS2	A	G	0	37	456	493	1	54	440	495	4.57E-02	0.65	0.43	0.99
				SS3	A	G	2	48	432	482	1	58	367	426	1.45E-01	0.75	0.51	1.10
rs61746943	14	44,727,774	FANCM	ALL	T	C	1	81	1,351	1,433	0	40	1,339	1,379	1.51E-04	2.05	1.40	3.00
				SS1	T	C	0	40	420	460	0	15	443	458	6.59E-04	2.73	1.50	4.98
				SS2	T	C	1	27	463	491	0	14	481	495	1.93E-02	2.12	1.11	4.04
				SS3	T	C	0	14	468	482	0	11	415	426	7.68E-01	1.13	0.51	2.50
rs10804166	2	208,744,957	LOC389073	ALL	T	C	13	238	1,186	1,437	13	153	1,208	1,374	2.16E-04	1.45	1.19	1.76
				SS1	T	C	5	83	374	462	1	47	409	457	1.59E-04	1.98	1.38	2.83
				SS2	T	C	5	79	409	493	3	57	433	493	2.82E-02	1.45	1.04	2.03
				SS3	T	C	3	76	403	482	9	49	366	424	6.40E-01	1.08	0.77	1.52
rs10888748	1	52,400,877	ZFYVE9	ALL	A	G	20	312	1,103	1,435	12	230	1,125	1,367	3.50E-04	1.36	1.15	1.62
				SS1	A	G	4	96	362	462	3	66	387	456	1.45E-02	1.48	1.08	2.03
				SS2	A	G	8	114	371	493	4	92	399	495	3.26E-02	1.35	1.02	1.78
				SS3	A	G	8	102	370	480	5	72	339	416	1.02E-01	1.28	0.95	1.73
rs10930046	2	162,846,229	IFIH1	ALL	C	T	3	39	2,056	2,098	4	65	1,675	1,744	5.70E-04	0.52	0.36	0.76
				SS1	C	T	0	7	454	461	2	23	432	457	4.87E-04	0.25	0.11	0.58
				SS2	C	T	0	12	481	493	1	20	474	495	8.58E-02	0.54	0.27	1.10
				SS3	C	T	2	11	466	479	0	10	416	426	4.76E-01	1.34	0.60	3.00
rs10152105	14	35,304,962	GARNL1	ALL	T	C	26	371	1,034	1,431	18	285	1,071	1,374	5.94E-04	1.31	1.12	1.53
				SS1	T	C	11	106	341	458	7	81	366	454	2.21E-02	1.39	1.05	1.84
				SS2	T	C	7	142	344	493	5	118	371	494	6.97E-02	1.26	0.98	1.63
				SS3	T	C	8	123	349	480	6	86	334	426	6.07E-02	1.30	0.99	1.72
rs2273137	20	2,583,212	NOL5A	ALL	G	A	3	120	833	956	5	173	775	953	6.37E-04	0.66	0.52	0.84
				SS1	G	A	1	54	408	463	5	93	360	458	7.15E-05	0.51	0.36	0.71
				SS2	G	A	2	66	425	493	0	80	415	495	4.10E-01	0.87	0.62	1.21
rs11085959	19	15,502,030	CYP4F22	ALL	C	T	294	764	379	1,437	264	651	464	1,379	1.08E-03	1.19	1.07	1.32
				SS1	C	T	103	254	106	463	94	218	146	458	2.14E-02	1.24	1.03	1.49
				SS2	C	T	95	268	129	492	96	221	178	495	3.08E-02	1.22	1.02	1.45
				SS3	C	T	96	242	144	482	74	212	140	426	2.35E-01	1.12	0.93	1.35
rs5050	1	228,916,509	AGT	ALL	G	T	27	361	1,045	1,433	48	391	940	1,379	1.18E-03	0.79	0.69	0.91
				SS1	G	T	6	129	328	463	18	120	320	458	2.93E-01	0.88	0.68	1.12
				SS2	G	T	11	119	359	489	22	131	342	495	4.89E-02	0.78	0.62	1.00
				SS3	G	T	10	113	358	481	8	140	278	426	9.20E-03	0.72	0.56	0.92
rs62617118	7	149,059,745		ALL	A	G	0	41	914	955	2	71	878	951	1.22E-03	0.53	0.36	0.79
				SS1	A	G	0	26	437	463	0	37	421	458	1.46E-01	0.69	0.41	1.14
				SS2	A	G	0	15	477	492	2	34	457	493	1.40E-03	0.39	0.21	0.71
rs9176	5	73,968,071	ENC1	ALL	T	C	181	670	583	1,434	136	607	633	1,376	1.29E-03	1.20	1.07	1.34
				SS1	T	C	58	226	177	461	45	211	202	458	5.71E-02	1.20	0.99	1.46
				SS2	T	C	66	225	201	492	51	205	238	494	1.44E-02	1.26	1.05	1.52
				SS3	T	C	57	219	205	481	40	191	193	424	2.31E-01	1.13	0.93	1.37
rs4065	10	75,346,470	C10orf55	ALL	C	T	215	671	532	1,418	260	656	450	1,366	1.33E-03	0.84	0.75	0.93
				SS1	C	T	70	221	172	463	92	225	140	457	1.22E-02	0.79	0.66	0.95
				SS2	C	T	70	224	197	491	100	222	170	492	8.45E-03	0.78	0.65	0.94
				SS3	C	T	75	226	163	464	68	209	140	417	7.17E-01	0.97	0.80	1.17
rs2269715	1	156,491,643	CD1A	ALL	G	C	1	69	395	465	1	36	421	458	1.49E-03	1.91	1.27	2.86
				SS1	G	C	1	69	395	465	1	36	421	458	1.49E-03	1.91	1.27	2.86

rs62620995	8	105,436,440	DPYS	ALL	T	C	0	19	937	956	1	36	916	953	1.08E-02	0.49	0.28	0.86
				SS1	T	C	0	9	454	463	1	18	439	458	3.68E-02	0.44	0.20	0.97
				SS2	T	C	0	10	483	493	0	18	477	495	1.31E-01	0.55	0.25	1.20
rs3006453	1	151,584,347	PGLYRP4	ALL	C	T	3	117	834	954	2	83	867	952	1.11E-02	1.44	1.09	1.91
				SS1	C	T	1	59	401	461	1	35	421	457	1.44E-02	1.68	1.10	2.55
				SS2	C	T	2	58	433	493	1	48	446	495	2.34E-01	1.26	0.86	1.85
rs13084057	3	46,159,729	CCR3	ALL	G	C	5	122	829	956	4	166	782	952	1.11E-02	0.74	0.58	0.93
				SS1	G	C	3	57	403	463	2	75	381	458	1.43E-01	0.77	0.55	1.09
				SS2	G	C	2	65	426	493	2	91	401	494	3.51E-02	0.71	0.51	0.98
rs1801046	12	7,133,440	C1R	ALL	A	G	64	366	526	956	42	340	567	949	1.17E-02	1.21	1.04	1.41
				SS1	A	G	37	178	248	463	13	168	274	455	3.23E-03	1.38	1.11	1.71
				SS2	A	G	27	188	278	493	29	172	293	494	5.10E-01	1.07	0.87	1.32
rs2291533	3	63,792,470	C3orf49	ALL	C	G	28	290	636	954	40	326	585	951	1.26E-02	0.82	0.70	0.96
				SS1	C	G	14	142	305	461	24	159	273	456	2.40E-02	0.77	0.61	0.97
				SS2	C	G	14	148	331	493	16	167	312	495	2.02E-01	0.86	0.69	1.08
rs3204850	3	46,425,301	CCRL2	ALL	G	A	7	141	807	955	8	183	760	951	1.27E-02	0.76	0.61	0.94
				SS1	G	A	4	60	399	463	3	79	376	458	1.32E-01	0.77	0.56	1.08
				SS2	G	A	3	81	408	492	5	104	384	493	4.61E-02	0.74	0.55	1.00
rs937838	3	44,918,108	TGM4	ALL	C	G	5	139	811	955	11	170	771	952	1.38E-02	0.76	0.60	0.94
				SS1	C	G	2	55	406	463	5	80	372	457	6.29E-03	0.62	0.44	0.88
				SS2	C	G	3	84	405	492	6	90	399	495	3.86E-01	0.88	0.65	1.18
rs1844463	22	32,971,743		ALL	C	T	26	255	671	952	36	292	622	950	1.42E-02	0.81	0.69	0.96
				SS1	C	T	14	123	324	461	15	140	302	457	2.10E-01	0.86	0.67	1.09
				SS2	C	T	12	132	347	491	21	152	320	493	2.79E-02	0.77	0.61	0.97
rs1135889	17	71,437,716	FBF1	ALL	A	C	47	368	542	957	36	326	593	955	1.45E-02	1.21	1.04	1.41
				SS1	A	C	26	176	262	464	12	163	285	460	2.89E-02	1.28	1.03	1.59
				SS2	A	C	21	192	280	493	24	163	308	495	1.98E-01	1.15	0.93	1.42
rs4848669	2	121,436,862	GLI2	ALL	T	C	3	113	837	953	2	81	868	951	1.49E-02	1.42	1.07	1.90
				SS1	T	C	1	52	409	462	1	38	418	457	1.53E-01	1.36	0.89	2.06
				SS2	T	C	2	61	428	491	1	43	450	494	4.60E-02	1.49	1.00	2.20
rs34284214	10	74,551,957	ECD	ALL	A	G	4	111	839	954	4	77	870	951	1.54E-02	1.42	1.07	1.89
				SS1	A	G	2	53	407	462	1	40	416	457	1.35E-01	1.37	0.91	2.06
				SS2	A	G	2	58	432	492	3	37	454	494	5.40E-02	1.48	0.99	2.20
rs1539567	9	129,281,987	LRSAM1	ALL	A	G	55	328	572	955	44	288	620	952	1.59E-02	1.21	1.04	1.41
				SS1	A	G	29	148	286	463	15	126	317	458	4.85E-03	1.39	1.11	1.76
				SS2	A	G	26	180	286	492	29	162	303	494	4.89E-01	1.08	0.87	1.33
hDV70663683	5	158,692,781		ALL	C	T	306	726	408	1,440	354	664	363	1,381	1.70E-02	0.88	0.79	0.98
				SS1	C	T	102	220	143	465	118	225	117	460	5.18E-02	0.83	0.70	1.00
				SS2	C	T	99	264	130	493	135	239	121	495	4.27E-02	0.83	0.70	0.99
rs6165	2	49,044,545	FSHR	ALL	C	T	206	491	258	955	181	465	306	952	1.71E-02	1.17	1.03	1.33
				SS1	C	T	104	246	113	463	71	234	153	458	5.78E-04	1.38	1.15	1.66
				SS2	C	T	102	245	145	492	110	231	153	494	9.61E-01	1.00	0.84	1.19
rs35903413	1	17,541,150	PADI4	ALL	A	G	16	222	717	955	28	249	675	952	1.73E-02	0.80	0.67	0.96
				SS1	A	G	7	106	350	463	18	127	313	458	4.01E-03	0.69	0.53	0.89
				SS2	A	G	9	116	367	492	10	122	362	494	6.29E-01	0.94	0.73	1.21
rs1059840	19	10,231,490	MRPL4	ALL	A	T	18	214	722	954	26	249	677	952	1.75E-02	0.80	0.67	0.96
				SS1	A	T	9	97	355	461	15	121	321	457	1.37E-02	0.72	0.55	0.94
				SS2	A	T	9	117	367	493	11	128	356	495	3.56E-01	0.89	0.69	1.14
rs41293076	20	33,611,736		ALL	G	T	4	112	838	954	11	136	806	953	1.76E-02	0.74	0.58	0.95
				SS1	G	T	1	52	408	461	5	63	390	458	7.42E-02	0.72	0.50	1.03
				SS2	G	T	3	60	430	493	6	73	416	495	1.13E-01	0.76	0.55	1.07
rs16995309	20	48,631,280	PTPN1	ALL	T	C	0	11	947	958	0	25	928	953	1.81E-02	0.43	0.21	0.88
				SS1	T	C	0	7	458	465	0	14	446	460	1.18E-01	0.49	0.20	1.22
				SS2	T	C	0	4	489	493	0	11	482	493	6.96E-02	0.36	0.11	1.14
rs1860961	12	5,711,994	TMEM16B	ALL	C	A	9	162	785	956	5	129	818	952	1.85E-02	1.32	1.05	1.66
				SS1	C	A	5	81	377	463	2	63	392	457	5.60E-02	1.38	0.99	1.92
				SS2	C	A	4	81	408	493	3	66	426	495	1.54E-01	1.27	0.91	1.75
rs2470911	15	42,834,426	TRIM69	ALL	G	A	74	360	521	955	80	410	460	950	1.92E-02	0.84	0.73	0.97
				SS1	G	A	41	179	242	462	45	202	209	456	7.83E-02	0.84	0.68	1.02
				SS2	G	A	33	181	279	493	35	208	251	494	1.21E-01	0.85	0.70	1.04
rs930571	17	74,010,287	DNAHL1	ALL	C	T	45	294	618	957	31	264	657	952	1.93E-02	1.22	1.03	1.43
				SS1	C	T	22	145	298	465	15	114	329	458	1.01E-02	1.37	1.08	1.74
				SS2	C	T	23	149	320	492	16	150	328	494	4.31E-01	1.09	0.87	1.37
rs3792234	2	48,663,097	SALF	ALL	T	G	213	488	253	954	238	508	206	952	1.96E-02	0.86	0.76	0.98
				SS1	T	G	104	233	124	461	119	251	88	458	1.73E-02	0.80	0.67	0.96
				SS2	T	G	109	255	129	493	119	257	118	494	3.44E-01	0.92	0.77	1.10

rs33917740	3	168,989,631	SERPIN1	ALL	G	C	6	175	774	955	4	141	808	953	3.17E-02	1.28	1.02	1.60
				SS1	G	C	3	92	367	462	1	66	391	458	1.72E-02	1.48	1.07	2.05
				SS2	G	C	3	83	407	493	3	75	417	495	5.03E-01	1.11	0.81	1.53
rs1057564	14	36,711,410	SLC25A21	ALL	C	G	1	92	863	956	1	65	886	952	3.17E-02	1.42	1.03	1.95
				SS1	C	G	1	40	422	463	1	31	425	457	3.16E-01	1.27	0.80	2.02
				SS2	C	G	0	52	441	493	0	34	461	495	4.51E-02	1.57	1.01	2.43
rs16981869	2	17,809,724	FLJ40869	ALL	G	A	13	185	756	954	9	153	791	953	3.20E-02	1.26	1.02	1.56
				SS1	G	A	5	89	369	463	4	80	374	458	4.41E-01	1.13	0.83	1.52
				SS2	G	A	8	96	387	491	5	73	417	495	2.46E-02	1.41	1.04	1.90
rs3748993	2	226,200,014	KIAA1486	ALL	A	C	1	84	871	956	3	109	839	951	3.26E-02	0.73	0.55	0.98
				SS1	A	C	0	34	429	463	1	58	397	456	4.67E-03	0.54	0.35	0.83
				SS2	A	C	1	50	442	493	2	51	442	495	7.82E-01	0.95	0.64	1.40
rs41307479	9	115,122,468	WDR31	ALL	G	C	78	480	877	1,435	56	435	887	1,378	3.31E-02	1.15	1.01	1.31
				SS1	G	C	31	152	279	462	12	152	294	458	3.84E-02	1.27	1.01	1.59
				SS2	G	C	25	175	292	492	21	146	327	494	3.63E-02	1.26	1.01	1.57
rs15772	10	15,185,861	NMT2	SS3	G	C	22	153	306	481	23	137	266	426	6.01E-01	0.94	0.75	1.18
				ALL	G	C	51	378	525	954	46	332	575	953	3.44E-02	1.17	1.01	1.36
				SS1	G	C	23	187	252	462	22	155	281	458	7.73E-02	1.21	0.98	1.51
rs62621429	12	1,781,047	CACNA2D4	SS2	G	C	28	191	273	492	24	177	294	495	2.16E-01	1.14	0.93	1.40
				ALL	T	C	3	61	892	956	0	45	908	953	3.55E-02	1.51	1.03	2.21
				SS1	T	C	0	29	434	463	0	13	445	458	1.38E-02	2.25	1.16	4.35
rs656610	6	153,259,954		SS2	T	C	3	32	458	493	0	32	463	495	4.55E-01	1.20	0.74	1.94
				ALL	T	C	151	629	655	1,435	171	622	582	1,375	3.56E-02	0.89	0.80	0.99
				SS1	T	C	45	202	214	461	59	217	182	458	2.67E-02	0.80	0.66	0.98
rs6073969	20	44,016,243	ZNF335	SS2	T	C	45	209	238	492	60	222	210	492	3.86E-02	0.82	0.68	0.99
				SS3	T	C	61	218	203	482	52	183	190	425	5.01E-01	1.07	0.88	1.30
				ALL	C	T	3	91	860	954	8	111	834	953	3.82E-02	0.75	0.57	0.99
rs458017	6	111,802,784	REV3L	SS1	C	T	2	31	430	463	5	62	391	458	1.81E-04	0.46	0.30	0.70
				SS2	C	T	1	60	430	491	3	49	443	495	4.76E-01	1.15	0.79	1.67
				ALL	C	T	10	202	1,225	1,437	5	164	1,208	1,377	3.88E-02	1.24	1.01	1.52
rs17703895	19	6,542,146	CD70	SS1	C	T	1	63	399	463	1	41	415	457	3.47E-02	1.53	1.03	2.27
				SS2	C	T	6	81	405	492	2	61	431	494	1.88E-02	1.48	1.07	2.06
				SS3	C	T	3	58	421	482	2	62	362	426	3.61E-01	0.85	0.59	1.21
rs940389	2	48,661,656	SALF	ALL	A	C	125	612	702	1,439	102	556	722	1,380	4.11E-02	1.13	1.00	1.27
				SS1	A	C	40	211	214	465	27	184	248	459	1.07E-02	1.30	1.06	1.59
				SS2	A	C	52	210	231	493	39	200	256	495	6.77E-02	1.20	0.99	1.45
rs574584	8	26,779,601	ADRA1A	SS3	A	C	33	191	257	481	36	172	218	426	3.61E-01	0.91	0.74	1.12
				ALL	C	G	92	400	463	955	89	463	401	953	4.28E-02	0.87	0.76	1.00
				SS1	C	G	46	189	227	462	43	245	170	458	9.17E-03	0.77	0.64	0.94
rs2278221	5	178,514,465	ADAMTS2	SS2	C	G	46	211	236	493	46	218	231	495	7.79E-01	0.97	0.80	1.18
				ALL	C	T	5	109	1,323	1,437	3	140	1,236	1,379	4.37E-02	0.77	0.60	0.99
				SS1	C	T	1	32	429	462	2	47	409	458	5.37E-02	0.65	0.42	1.01
rs10493753	1	84,764,257	CTBS	SS2	C	T	2	37	454	493	1	58	436	495	5.49E-02	0.67	0.45	1.01
				SS3	C	T	2	40	440	482	0	35	391	426	6.34E-01	1.12	0.71	1.76
				ALL	A	G	88	536	807	1,431	77	471	830	1,378	4.68E-02	1.13	1.00	1.28
rs4834268	4	113,499,417	ALPK1	SS1	A	G	29	173	259	461	23	149	285	457	5.91E-02	1.23	0.99	1.53
				SS2	A	G	38	200	253	491	32	165	298	495	1.14E-02	1.30	1.06	1.59
				SS3	A	G	21	163	295	479	22	157	247	426	2.64E-01	0.88	0.71	1.10
rs28372855	19	38,263,929	GPATCH1	ALL	C	G	2	52	901	955	0	37	916	953	4.70E-02	1.53	1.00	2.32
				SS1	C	G	2	24	437	463	0	14	444	458	3.16E-02	2.01	1.05	3.84
				SS2	C	G	0	28	464	492	0	23	472	495	4.65E-01	1.23	0.70	2.15
rs28372855	19	38,263,929	GPATCH1	ALL	G	C	146	465	345	956	170	474	308	952	4.72E-02	0.88	0.77	1.00
				SS1	G	C	67	228	168	463	82	239	136	457	2.96E-02	0.81	0.68	0.98
				SS2	G	C	79	237	177	493	88	235	172	495	5.11E-01	0.94	0.79	1.13
rs28372855	19	38,263,929	GPATCH1	ALL	C	G	27	285	644	956	12	268	670	950	4.85E-02	1.19	1.00	1.41
				SS1	C	G	8	132	323	463	5	118	333	456	2.43E-01	1.17	0.90	1.51
				SS2	C	G	19	153	321	493	7	150	337	494	1.09E-01	1.21	0.96	1.52

* adjusted for sample set

Note 1: rs3789604 also had P<0.05 (published in J Invest Dermatol 129: 629-634, 2009)

Note 2: Bonferroni P=0.05 corresponds to uncorrected P=1.98x10⁻⁶, based on 25,215 markers tested in the initial pooled cases and control.